

KERAGAMAN GENETIK DAN ANALISIS FILOGENETIK STROBERI (*Fragaria* spp.) DARI NURSERY BERDASARKAN GEN *rbcL*

Muhammad Sena Budiman

21/474810/BI/10717

Dosen Pembimbing: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

INTISARI

Stroberi (*Fragaria* spp.) merupakan salah satu tanaman yang memiliki keragaman yang banyak di Indonesia. Keragaman stroberi yang berhasil dibudidayakan di Indonesia sendiri merupakan hasil kultivasi dari luar negeri yang mencapai 23 kultivar. Identifikasi pada kultivar stroberi perlu dilakukan sebagai basis data genetik persilangan stroberi yang lebih unggul. Penggunaan teknologi DNA *barcoding* telah diusulkan sebagai alat bantu dalam identifikasi genetik antar spesies stroberi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi variasi keragaman genetik dengan gen *rbcL*, merekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan pendekatan *Maximum-Likelihood* (ML) dan *Bayesian Inference* (BI), mengetahui jarak genetik serta golongan *haplotype* untuk mengetahui filogeografi dari 16 kultivar stroberi dari 3 *nursery*. Metode yang digunakan meliputi pengumpulan sampel daun dari berbagai kultivar stroberi, isolasi DNA, uji kuantitatif, uji kualitatif, amplifikasi sekuens DNA target, analisis pohon filogenetik dengan pendekatan ML dan BI, mengetahui jarak genetik, menganalisis situs polimorfik, mengetahui tingkat *haplotype* dan *principal coordinate analysis* (PCoA) serta menganalisis *haplotype network*. Hasil dari penelitian ini didapatkan 15 kultivar stroberi yang dapat di amplifikasi dengan gen *rbcL*, dengan tidak adanya situs polimorfik stroberi Indonesia memiliki keseragaman genetik. Konstruksi pohon filogenetik menggunakan pendekatan ML dan BI menunjukkan hasil yang mirip, yang di konfirmasi dengan analisis jarak genetik berada pada 0 % - 1,3 % yang berkelompok dalam satu golongan *haplotype*, hasil filogeografi menunjukkan sampel stroberi Indonesia membentuk satu populasi menunjukkan tidak adanya pola demografis diantara sampel.

KATA KUNCI: *Bayesian Inference*, DNA *barcoding*, jarak genetik *maximum-likelihood*, *rbcL*.

GENETIC DIVERSITY AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF STRAWBERRY (*Fragaria* spp.) FROM NURSERY BASED ON THE *rbcL* GENE

Muhammad Sena Budiman

21/474810/BI/10717

Supervisor: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Strawberry (*Fragaria* spp.) is one of the plants that has a lot of diversity in Indonesia. The diversity of strawberries that are successfully cultivated in Indonesia itself is the result of cultivation from abroad which reaches 23 cultivars. Identification of strawberry cultivars needs to be done as a genetic database for superior strawberry crosses. The use of DNA barcoding technology has been proposed as a tool in genetic identification between strawberry species. This study aims to identify variations in genetic diversity with the *rbcL* gene, reconstruct phylogenetic trees based on Maximum-Likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI) approaches, determine genetic distances and haplotype classes to determine the phylogeography of 16 strawberry cultivars from 3 nurseries. The methods used include collecting leaf samples from various strawberry cultivars, DNA isolation, quantitative tests, qualitative tests, amplification of target DNA sequences, phylogenetic tree analysis with ML and BI approaches, knowing the genetic distance, analyzing polymorphic sites, knowing the level of haplotype and principal coordinate analysis (PCoA) and analyzing the haplotype network. The results of this study obtained 15 strawberry cultivars that can be amplified with the *rbcL* gene, with the absence of polymorphic sites Indonesian strawberries have genetic uniformity. Construction of phylogenetic trees using ML and BI approaches shows similar results, which are confirmed by genetic distance analysis at 0% - 1.3% which are grouped in one haplotype group, the results of phylogeography show Indonesian strawberry samples form one population showing no demographic patterns among samples.

KEYWORDS: Bayesian Inference, DNA barcoding, genetic distance, maximum-likelihood, *rbcL*.