

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK DAN FILOGENETIK TEBU (*Saccharum spp. hybrid*) BERDASARKAN SEKUENS INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) PADA NUKLEAR RIBOSOMAL DNA (nrDNA)

Thoriq Abdul Halim

21/474275/BI/10705

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

INTISARI

Tebu (*Saccharum spp. hybrid*) merupakan tanaman pertanian yang penting dan banyak dibudidayakan di dunia. Kultivar tebu saat ini merupakan hasil persilangan konvensional antara *S. officinarum* dengan *wild type S. spontaneum*. Proses pemilihan kultivar unggul dalam domestikasi tebu berperan dalam penyempitan *genetic pool* pada tebu. Integrasi antara teknik *breeding* konvensional dan molekuler berupa DNA *barcoding* dibutuhkan dalam upaya peningkatan hasil tebu. Belakangan ini telah banyak penelitian yang meneliti tentang informasi sekuens tebu menggunakan berbagai macam marker, namun belum ada penelitian menggunakan marker *Internal Transcribed Spacer* (ITS) nrDNA dalam analisis kekerabatan tebu di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik daerah intergenik ITS nrDNA pada kultivar tebu Indonesia, menganalisis hubungan filogenetik tebu Indonesia, serta mengetahui pola filogeografinya. Sekuens ITS nrDNA diamplifikasi menggunakan primer spesifik ITS1 dan ITS4. Sampel pembanding ditambahkan dalam analisis menghasilkan total 35 sekuens ditambah 2 sampel sebagai *outgroup* dalam konstruksi pohon filogenetik. Analisis menghasilkan panjang sekuens ITS nrDNA sebesar 575-693 bp, rentang komposisi G+C (%) sebesar 64,63-66,14% dengan total jumlah variasi sebanyak 26 situs setelah disejajarkan. Analisis filogenetik menunjukkan hubungan kekerabatan tebu Indonesia yang dekat dengan spesies luar negeri dengan nilai jarak genetik (*p-distance*) intra dan antar spesies tebu berada pada angka dibawah 2%. Analisis filogeografi menunjukkan bahwa kultivar tebu Indonesia masuk ke dalam kelompok *haplotype* yang berbeda. Kelompok H11 merupakan kelompok *haplotype* dengan anggota kultivar Indonesia terbanyak dan berisi juga kultivar dari luar negeri (China, Meksiko, dan Taiwan) menandakan hubungan yang dekat.

Kata Kunci: DNA *barcoding*, ITS, pohon filogenetik, *p-distance*, *Saccharum officinarum*.

ANALYSIS GENETIC VARIATION AND PHYLOGENETIC OF SUGARCANE (*Saccharum* spp. hybrid) BASED ON INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) REGION NUCLEAR RIBOSOMAL DNA (nrDNA)

Thoriq Abdul Halim

21/474275/BI/10705

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

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum* spp. hybrid) is an important and widely cultivated agricultural crop in the world. Current sugarcane cultivars are the result of conventional crosses between *S. officinarum* and wild type *S. spontaneum*. The process of selecting superior cultivars in sugarcane domestication plays a role in narrowing the genetic pool in sugarcane. The integration between conventional and molecular breeding techniques in the form of DNA barcoding is needed in an effort to increase sugarcane yield. Recently, many studies have examined sugarcane sequence information using various markers, but there has been no research using the Internal Transcribed Spacer (ITS) marker in the analysis of sugarcane relationship in Indonesia. This study aims to determine the genetic variation of the intergenic ITS region in sugarcane cultivars, determine the phylogenetic pattern of sugarcane in Indonesia, and identify the pattern of phylogeography of sugarcane cultivars based on haplotype network analysis based on ITS sequences. ITS sequences were amplified using specific primers ITS1 and ITS4. Comparison samples were added in the analysis resulting in a total of 35 sequences plus 2 samples as outgroups in phylogenetic tree construction. The analysis resulted in an ITS sequence length of 575-693 bp, a G+C content (%) of 64.63-66.14% with a total number of variations of 26 sites. ITS sequences showed sugarcane relationship up to species level in ML and BI trees, but bootstrap and posterior probability values were low (>60 and >0.5). Intra- and inter-species genetic distances (*p-distance*) of sugarcane were below 2%. Finally, Indonesian sugarcane cultivars fall into different haplotype groups. Group H11 is a haplotype group with the most Indonesian cultivar members and contains also cultivars from abroad (China, Mexico, and Taiwan) indicating a close relationship.

Keyword: DNA barcoding, ITS, *p-distance*, phylogenetic tree, *Saccharum officinarum*.