

Keragaman dan Hubungan Keekerabatan Genetik Bawang Merah (*Allium cepa* L.) di Indonesia Berdasarkan Karakter Morfologis, Kromosom, dan Molekuler

Oleh:

Dewi Masithoh

19/450138/SBI/00166

INTISARI

Data keragaman spesies *Allium cepa* L. yang ada di Indonesia memiliki potensi manfaat sebagai upaya mengembangkan sumber daya genetik untuk meningkatkan produktivitas. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman dan hubungan kekerabatan genetik bawang merah di Indonesia berdasarkan karakteristik morfologis, kromosom, dan molekuler. Bawang merah yang digunakan ada 21 kultivar yang dirilis BALITSA tahun 1984-2019. Pengamatan morfologis dilakukan dengan menggunakan 48 karakter. Analisis fenetik karakter morfologis menggunakan *software* MVSP v.3.2.2 dengan metode *Gower's General Similarity Coefficient*. Pengamatan kromosom menggunakan metode *squash*, pembuatan idiogram dan karyotipe dianalisis menggunakan *software* Ideokar v.1.3 dan CoreIDRAW Graphics Suite 2018 v.20.1.0.708. Analisis molekuler marka ISSR menggunakan metode UPGMA, data fenetik dianalisis menggunakan *software* MVSP v.3.2.2 metode *Jaccard's Coefficient*. Analisis molekuler gen kloroplas *MatK* menggunakan *software* GeneStudio, EMBOSS Transeq, NCBI BLAST, BOLD System, Mesquite v.3.61, MEGA 11.0.11, dan DnaSP v.6.12.03. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman 21 bawang merah Indonesia baik secara morfologis, kromosom, dan molekuler. Terdapat variasi morfologis pada organ daun, umbi, dan akar dengan persentase polimorfisme sebesar 72,28% sebanyak 71 lokus teramplifikasi menggunakan molekuler ISSR, hasil hubungan fenetik berdasarkan karakter morfologis dan molekuler ISSR diperoleh 1 klaster dengan nilai koefisien similaritas diatas 70%, memiliki jumlah kromosom diploid $2n = 2x = 16$ dengan lima variasi formula karyotipe yang berbeda. Penanda gen kloroplas *MatK* menghasilkan variasi genetik sebanyak 4 situs polimorfik dan hasil hubungan filogenetik diperoleh 2 *clade* yang sangat kuat dan tegas didukung dengan nilai *bootstrap* 97% pada *Neighbour-Joining* dan *Maximum Likelihood*. Hasil ini diharapkan dapat digunakan dalam pemuliaan selektif benih unggul untuk meningkatkan produksi bawang merah Indonesia.

Kata kunci: *bawang merah, kultivar, morfologis, kromosom, molekuler.*

Diversity and Genetic Relationship of Shallots (*Allium cepa* L.) in Indonesia Based on Morphological, Chromosomal, and Molecular Characteristics

By:

Dewi Masithoh

19/450138/SBI/00166

ABSTRACT

The biodiversity of *Allium cepa* L. in Indonesia could boost genetic resources and productivity. This study identifies Indonesian shallot diversity using morphological, cytological, and molecular characteristics. The shallots used were 21 cultivars released by BALITSA from 1984 to 2019. Morphological observations were conducted using 48 characters. Phenetic analysis of morphological characters was performed using MVSP v.3.2.2 software with Gower's General Similarity Coefficient method. Chromosome observations used the squash method, and idiogram and karyotype creation were analyzed using Ideokar v.1.3 and CorelDRAW Graphics Suite 2018 v.20.1.0.708 software. Molecular analysis of ISSR markers used the UPGMA method, and phenetic data were analyzed using MVSP v.3.2.2 software with the Jaccard's Coefficient method. Molecular analysis of the MatK chloroplast gene was performed using GeneStudio, EMBOSS Transeq, NCBI BLAST, BOLD System, Mesquite v.3.61, MEGA 11.0.11, and DnaSP v.6.12.03 software. The results showed that there was diversity in 21 Indonesian shallots in terms of morphology, chromosome, and molecular characteristics. There was morphological variation in the leaves, bulbs, and root, with a polymorphism percentage of 72.28% in 71 loci amplified using molecular ISSR. The results of the phenetic relationship based on morphological and molecular ISSR characters obtained 1 cluster with a similarity coefficient value above 70%, having a diploid chromosome number of $2n = 2x = 16$ with five different karyotype formula variations. The chloroplast MatK gene marker produced genetic variation in 4 polymorphic sites, and the phylogenetic relationship results obtained 2 very strong and clear clades supported by a bootstrap value of 97% in Neighbour-Joining and Maximum Likelihood. These results are expected to be used in selective breeding of superior seeds to increase Indonesian shallot production.

Keywords: shallot, cultivar, morphology, chromosome, molecular.