

KERAGAMAN GENETIK GEN *rbcL* PADA TEBU *Saccharum* ‘BULULAWANG’ BERBASIS *COMPLETE CHLOROPLAST GENOME*

Aliyah Syahidah

22/503367/BI/11095

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

INTISARI

Kebutuhan terhadap tebu semakin tinggi seiring dengan meningkatnya permintaan gula nasional. Peningkatan tersebut belum diimbangi dengan produktivitas tebu nasional yang cenderung menurun dan masih tertinggal dibandingkan negara-negara produsen lainnya. Kondisi tersebut menimbulkan urgensi terhadap pengembangan kultivar tebu unggul. Tebu ‘Bululawang’ merupakan salah satu kultivar dominan di Indonesia dengan sifat agronomis yang menguntungkan seperti rendemen gula yang tinggi dan adaptabilitas yang luas. Pendekatan molekuler, termasuk sekuensing dan analisis gen fungsional seperti *rbcL*, menjadi penting untuk memahami perannya dalam proses fotosintesis. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi keragaman genetik gen *rbcL*, menganalisis pola bias penggunaan kodon dan mengidentifikasi marka molekuler potensial dalam genom kloroplas tebu ‘Bululawang’. Metode yang digunakan meliputi koleksi sampel, isolasi *high molecular weight* DNA, sekuensing *long-read*, perakitan dan anotasi genom, klasifikasi gen, dan analisis data. Analisis data yang dilakukan mencakup analisis tingkat keragaman genetik pada gen *rbcL*, analisis bias penggunaan kodon, serta identifikasi marka dan polimorfisme sekuens dalam genom kloroplas tebu. Hasil tingkat keragaman genetik pada gen *rbcL* menunjukkan bahwa gen *rbcL* bersifat terkonservasi ($\pi < 0,0005$), meskipun terdeteksi substitusi asam amino seperti asam glutamat menjadi asam aspartat dan glisin. Profil penggunaan kodon mengindikasikan adanya preferensi kodon ACT (2,25), CGT (2,22), TTA (2,21), dan CGC (1,71). Analisis identifikasi marka dan polimorfisme sekuens menunjukkan region intergenik *trnR*-UCU-*trnM*-CAU dan *petA-psbJ* sebagai marka potensial yang efektif untuk studi evolusioner.

Kata Kunci: Bululawang, genom kloroplas, keragaman genetik, *rbcL*, tebu

**GENETIC DIVERSITY OF THE *rbcL* GENE IN SUGARCANE
Saccharum ‘BULULAWANG’ BASED ON THE COMPLETE
CHLOROPLAST GENOME**

Aliyah Syahidah

22/503367/BI/11095

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

ABSTRACT

The demand for sugarcane is increasing in line with rising national sugar demand. This increase has not been matched by national sugarcane productivity, which tends to decline and still falls short of other producing countries. This situation has created an urgent need for the development of superior sugarcane cultivars. Sugarcane ‘Bululawang’ is one of the dominant cultivars in Indonesia with favorable agronomic traits such as high sugar yield and broad adaptability. Molecular approaches, including sequencing and functional gene analysis such as *rbcL*, are important for understanding its role in photosynthesis. This study aims to detect genetic diversity in the *rbcL* gene, analyze codon usage bias patterns, and identify potential molecular markers in the chloroplast genome of sugarcane ‘Bululawang’. The methods used included sample collection, isolation of high molecular weight DNA, long-read sequencing, genome assembly and annotation, gene classification, and data analysis. The data analysis included analysis of the level of genetic diversity in the *rbcL* gene, analysis of codon usage bias, and identification of markers and sequence polymorphisms in the sugarcane chloroplast genome. The results of genetic diversity at the *rbcL* gene showed that the *rbcL* gene is conserved ($\pi < 0.0005$), although amino acid substitutions such as glutamic acid to aspartic acid and glycine were detected. The codon usage profile indicates a preference for the codons ACT (2.25), CGT (2.22), TTA (2.21), and CGC (1.71). Marker identification and sequence polymorphism analysis showed the intergenic regions *trnR*-UCU-*trnM*-CAU and *petA-psbJ* as effective potential markers for evolutionary studies.

Keywords: Bululawang, chloroplast genome, genetic diversity, *rbcL*, sugarcane