

**KESTABILAN FENOTIP DAN VARIASI GENETIK LABU SUSU
(*Cucurbita moschata* (Duch.) Poir. ‘Butternut’) BERDASARKAN
INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT**

oleh :

Hetty Nopianasanti (14/364630/BI/09221)

Dosen Pembimbing : Dr. Budi Setiadi Daryono., M.Agr.Sc.

INTISARI

Tanaman labu susu (*Cucurbita moschata* (Duch.) Poir. ‘Butternut’) merupakan komoditas tanaman hortikultura yang berpotensi besar untuk dikembangkan sebagai bahan pangan dan obat. Diperlukan peningkatan hasil produksi labu susu yang unggul untuk memenuhi kebutuhan yang terus meningkat. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui kestabilan adaptasi karakter fenotip tanaman labu susu yang dibudidayakan di 3 lokasi yang berbeda menggunakan analisis data kuantitatif sidik ragam (*One Way ANOVA*) dengan RAK serta analisis kualitatif melalui deskripsi fenotipik. Analisis variasi genetik dilakukan dengan menggunakan metode PCR-ISSR dengan menggunakan primer UBC 807, UBC 809, UBC 810, dan UBC 841. Analisis hubungan kekerabatan fenetik menggunakan program MVSP 3.1. Berdasarkan hasil yang diperoleh tanaman labu susu memiliki karakter fenotip kualitatif dan kuantitatif yang seragam tetapi belum stabil dalam bentuk buah dan ukuran. Hasil analisis PCR-ISSR diperoleh 42 pita DNA teramplifikasi dengan 14 pita DNA polimorfik dan 28 pita DNA monomorfik. Variasi genetik tertinggi dihasilkan oleh primer UBC 810 dan UBC 841 dengan persentase polimorfik $\geq 50\%$. Berdasarkan analisis hubungan kekerabatan fenetik, tanaman labu susu terbagi menjadi 2 kluster. Labu susu G₂ LH PIAT dan G₃ SH Jamusan memiliki kekerabatan dekat dengan tingkat similaritas $\geq 80\%$ dan tidak berbeda nyata dalam taraf signifikansi 95% sedangkan labu susu G₁ SH PIAT berkerabat cukup jauh karena berbeda nyata dengan G₂ dan G₃. Penelitian ini dapat digunakan sebagai sumber informasi ilmiah dan pedoman pemilihan bibit unggul dalam pemuliaan tanaman labu susu.

Kata kunci : *Cucurbita moschata* ‘Butternut’, karakter fenotip, variasi genetik, hubungan kekerabatan fenetik

**PHENOTYPE STABILITY AND GENETIC VARIATION OF
BUTTERNUT PUMPKIN (*Cucurbita moschata* (Duch.) Poir. ‘Butternut’)
USING THE INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT**

By:

Hetty Nopianasanti (14/364630/BI/09221)

Supervisor : Dr. Budi Setiadi Daryono., M.Agr.Sc.

ABSTRACT

Butternut pumpkin (*Cucurbita moschata* (Duch.) Poir. ‘Butternut’) is a horticulture crop that has great potential to be developed as a food and medicine. To supply of butternut pumpkin, required an increase in production which has superior characters. The purpose of this research is to determine the stability phenotypic characters of butternut pumpkin in different locations using quantitative data analysis of variance (*One Way ANOVA*) with RAK and qualitative analysis through descriptive phenotype. Analysis of genetic variation using PCR-ISSR methods with UBC 807, UBC 809, UBC 810, and UBC 841 primers and fenetic relationship using MVSP 3.1. Based on the results, butternut pumpkin have a uniform qualitative and quantitative phenotype characters but unstable in fruit’s shape and size of plant. PCR-ISSR produce 42 band DNA amplified with 14 bands of polymorphic DNA and 28 band of monomorphic DNA. The highest genetic variations were detected using UBC 810 and UBC 841 primers with polymorphic percentage $\geq 50\%$. Analysis of phenetic relationship, butternut pumpkin divided into 2 clusters. Butternut pumpkin G₂ LH PIAT and G₃ SH Jamusan has close relationship with indeks similarity $\geq 80\%$ and is not different in 95% significance level while butternut pumpkin G₁ SH PIAT has far relationship because its different with G₂ and G₃. This research could be used as a source of scientific information and guidelines for the selection of seeds in plant breeding butternut pumpkin.

Keywords: *Cucurbita moschata* ‘Butternut’, phenotypic characters genetic variation, fenetic realtionship