

## INTISARI

### **Penggunaan Penanda Khusus SSR (*Simple sequence repeat*) untuk Uji Kebenaran Hasil Persilangan Dalam dan Antar Spesies Tebu (*Saccharum* sp.)**

Varietas tebu komersial yang saat ini digunakan dan ditanam secara luas oleh para petani khususnya di Indonesia berasal dari persilangan dalam dan antar spesies dan hibridanya *Saccharum* spp. Identifikasi hasil persilangan adalah hal penting yang harus dilakukan setelah kegiatan persilangan. Namun, sifat poliploid, aneuploid dan tingginya segregasi kromosom tebu menghasilkan keragaman sifat yang tinggi terhadap hasil persilangan, sehingga menjadi faktor pembatas dalam melakukan identifikasi hasil persilangan berdasarkan morfologi. SSR sebagai salah satu penanda molekuler yang bersifat kodominan, multialelik, tersedia dalam jumlah yang berlimpah dalam genom tanaman dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan menjadi pilihan terbaik dalam membantu uji kebenaran hasil persilangan yang lebih akurat. Penelitian ini bertujuan untuk mengenali keberadaan penanda khusus *Simple Sequence Repeat* (SSR) tetua jantan dan tetua betina yang selanjutnya digunakan untuk uji kebenaran hasil persilangan dalam dan antar spesies tebu (*Saccharum* sp.) dan membedakan hasil silangan sebagai hasil persilangan yang dimaksud, penyerbukan sendiri atau kontaminan. Penelitian dilakukan di Laboratorium Genetika Molekuler Balai Penelitian Tanaman Pemanis Dan Serat (Balittas) Malang pada Agustus 2016-Juli 2017 menggunakan 86 genotipe F1, tiga varietas komersial tebu (PSJT941, PS881 dan VMC7616) dan dua kerabat liar tebu (*S.spontaneum* dan *Erianthus* sp.). Identifikasi penanda SSR dan hasil persilangan ditentukan dengan membandingkan visualisasi hasil elektroforesis tetua jantan dan tetua betina pada F1. Ketiga penanda SSR mampu mengenali satu hingga tujuh penanda genetik *Saccharum* spp. and *Erianthus* sp. dengan hasil ditemukan 2-11 alel khusus PS881, 2-3 alel khusus VMC7616, 1-5 alel khusus PSJT941; 2 alel khusus *S.spontaneum* dan 1-2 alel khusus *Erianthus* sp. Dalam uji kebenaran keberhasilan persilangan, seluruh primer dapat mengenali masing-masing 62.7%; 52.44% dan 38.99% tanaman F1 sebagai hibrida pada persilangan di antara varietas tebu komersial, antara varietas tebu komersial dan *S.spontaneum* dan antara varietas tebu komersial dan *Erianthus* sp. Selain itu primer juga dapat mengenali masing-masing 8.02%; 30.21% dan 24.44% tanaman F1 sebagai hasil penyerbukan sendiri serta 29.24%; 17.46% dan 36.11% tanaman F1 sebagai kontaminan pada persilangan di antara varietas tebu komersial, antara varietas tebu komersial dan *S.spontaneum* dan antara varietas tebu komersial dan *Erianthus* sp. Penanda genetik SSR cukup efektif untuk mengkaji kebenaran hasil persilangan dan membedakan bibit F1 sebagai bibit hasil persilangan yang dimaksud, penyerbukan sendiri atau kontaminan.

Kata kunci: *Erianthus* sp, intraspesifik, interspesifik, F1, PSJT941, PS881, *Saccharum spontaneum*, SSR, Tebu, VMC7616

## ABSTRACT

### SSR Specific Marker For Confirming The Hybridity Of Intraspecific And Interspecific Sugarcane (*Saccharum* sp.) Crosses

Commercial sugarcane varieties which widely planted in Indonesia and around the world were originated from intraspecific and/or interspecific hybridization of *Saccharum* spp and it hybrid. Hybrid identification is the important step that should be done after hybridization. However, polyploidy, aneuploidy and the high chromosome segregation which results various phenotypic variations and due to environmental effects become limiting factors to identify the hybrids based on morphological characteristics. Microsatellite as one of molecular marker which has codominance inheritance, multiallelic, abundant in the genome and was not influenced by environmental factor is the best tool to assess accurately the crossing fidelity. This research aimed to identify specific *Simple Sequence Repeat* (SSR) genetic marker of male and female parents which were then used to fidelity test of intra and interspecific hybridization of sugarcane (*Saccharum* sp.) and distinguished the hybrid as true hybrid, selfed or contaminant. This study was carried out in Molecular Genetic laboratory, Indonesian Sweetener and Fiber Crops Research Institute (ISFCRI) Malang, from August 2016 to July 2017. Eighty six (86) F1 intra- and interspecific hybrids, three commercial sugarcane varieties (PSJT941, PS881 and VMC7616) and two wild types (*S.spontaneum* dan *Erianthus* sp.) were assessed genetically by three selected SSR markers. Identification of SSR genetic markers and fidelity test were conducted by comparing the band results from electrophoresis of each male and female parent through their hybrids. All primers could identify *Saccharum* spp. and *Erianthus* sp. genetic markers. There were one to eleven *Saccharum* spp. and *Erianthus* sp. genetic markers which could be identified as many as 2-11 PS881-specific alleles; 2-3 VMC7616-specific alleles; 1-5 PSJT941-specific alleles; two *S.spontaneum*-specific alleles and 1-2 *Erianthus* -specific alleles. Moreover, all primers could identify 62.7%; 52.44% and 38.89 % true hybrid, in crosses among sugarcane commercial varieties, between sugarcane commercial varieties and *S.spontaneum* and between sugarcane commercial varieties and *Erianthus* sp. Further. The primers also identified 8.02 %; 30.21% and 24.44% selfed hybrid among sugarcane commercial varieties, between sugarcane commercial varieties and *S.spontaneum* and between sugarcane commercial varieties and *Erianthus* sp, even 29.42 %; 17.46% and 36.11% contaminants from crosses among sugarcane commercial varieties, between sugarcane commercial varieties and between *S.spontaneum* and crossing sugarcane commercial varieties and *Erianthus* sp.

**Key words:** *Erianthus* sp, intraspecific, interspecific, F1, PSJT941, PS881, *Saccharum spontaneum*., SSR, Sugarcane, VMC7616