

**HUBUNGAN KEKERABATAN TEBU (*Saccharum officinarum* L.)
BERDASARKAN GEN PENGKODE SUKROSA (SUS2)**

DEA FEBIANSI

15/377230/BI/09397

INTISARI

Tebu (*Saccharum officinarum* L.) merupakan salah satu jenis tanaman budidaya penghasil gula dan komoditas penting untuk menunjang perekonomian masyarakat. Pemulia tanaman terus melakukan persilangan pada tanaman ini untuk mendapatkan kultivar dengan sifat yang diinginkan sehingga memunculkan fenotip-fenotip baru yang bervariasi. Analisis variasi sampai tingkat gen dilakukan sebagai langkah penting dalam program pemuliaan tanaman. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui hubungan kekerabatan, polimorfisme dan persentase similaritas kultivar - kultivar tebu di Indonesia serta mengkarakter gen pengkode tinggi sukrosa berdasarkan penanda molekuler dengan metode PCR. Sampel yang digunakan berupa dua puluh kultivar tebu dari Balai Penelitian Tanaman Pemanis dan Serat (BALITTAS) Malang serta empat kultivar tebu dari PT. Madu Baru di Kebun Polosio A, Desa Poncosari, Kecamatan Srandakan, Kabupaten Bantul, DIY. Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan dua pasang primer yaitu AI, dan SMC226CG. Analisis variasi genetik kedua puluh empat kultivar tebu dilakukan dengan mengkonstruksi dendrogram pada hasil amplifikasi DNA dan pohon filogenetik. Pada hasil penelitian ini menunjukkan adanya variasi genetik berdasarkan Gen *Sus2*. Terdapat pula hubungan similaritas pada semua sampel tebu dan dikelompokkan menjadi tiga kluster besar yaitu kluster A diisi oleh 'PS 865', 'PS 951', 'PS 921', dan 'PS 58', dengan indeks similaritas 57%. kluster B merupakan tebu 'Kentung' dengan indeks similaritas 33%, dan kluster C terdiri dari tebu 'PSDK 923', 'PSBM 901', 'TLH 2', 'BL', 'PSJT 941', 'KK', 'PS 80.1649', 'PSCO 902', 'PS 80.910', 'PS 882', 'PS 862', 'PS 851', 'PS 881', 'PS 865', 'PS 384', 'VMC 76-16', 'BZ 132', 'PS 891', dan 'PS 41' dengan indeks similaritas 60%. Karakterisasi gen pengkode tinggi sukrosa bila dideteksi dengan penanda molekuler primer AI akan menghasilkan amplikon pada ukuran 500bp sedangkan primer SMC226CG akan menunjukkan tanaman rendah sukrosa bila terdapat amplikon pada ukuran 920bp. Berdasarkan hal tersebut, semua sampel tebu dideteksi memiliki kandungan rendah sukrosa kecuali sampel kultivar Bulu Lawang dan Kentung.

Kata Kunci: PCR, polimorfisme, *Saccharum officinarum*, variasi genetik

RELATIONSHIP OF SUGARCANE (*Saccharum officinarum* L.) BASED ON SUCROSE CODING GENE *SUS2*

DEA FEBIANSI

15/377230/BI/09397

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) is one of the sugar-producing plants and an important commodity to support the community's economy. Plant breeders continuously cross-breed these plants in order to obtain cultivars with desirable traits to produce a variety of new phenotypes. An analysis of variation at gene-level is carried out as an important step in plant breeding programs. The purpose of the study were to determine relationship, polymorphisms, and the percentage of similarity of sugarcane cultivars in Indonesia and characterize the high-sucrose encoding gene based on molecular markers. Twenty sugarcane cultivars were sampled from Indonesian Sweetener and Fiber Crops Research Institute (ISFCRI) Malang and four sugarcane cultivars from open nursery of Polosio A, Poncosari, Srandakan, Bantul, Special Region of Yogyakarta. DNAs were amplified using two primer pairs, AI, and SMC226CG. The genetic variations of the twenty-four sugarcane cultivars were analyzed by constructing a dendrogram of the Amplified DNA using Multi Variate Statistical Package (MVSP) software. The results showed that there were three large clusters, namely Cluster A consists of 'PS 865', 'PS 951', 'PS 921', and 'PS 58', with a similarity index of 57%; Cluster B consists of the sugarcane 'Kentung', with a similarity index of 33%; and cluster C consists of the sugarcane 'PSDK 923', 'PSBM 901', 'TLH 2', 'BL', 'PSJT 941', 'KK', 'PS 80.1649', 'PSCO 902', 'PS 80,910', 'PS 882', 'PS 862', 'PS 851', 'PS 881', 'PS 865', 'PS 384', 'VMC 76-16', 'BZ 132', 'PS 891', 'PS 41' with a similarity index of 60%. Characterization of *Sus2* gene obtained heterozygous size of DNA after amplification. In sugarcane with high level of sucrose, *Sus2* gene will be detected by AI primer, whereas in sugarcane with low level of sucrose, *Sus2* gene will be detected by SMC226CG primer. Result of the study showed that all sugarcane samples have low level of sucrose except Bulu Lawang and Kentung.

Keywords: Molecular markers, polymorphisms, *Saccharum officinarum*, genetic variations