

SKRINING DAN KARAKTERISASI PENANDA MOLEKULER KETAHANAN TEBU (*Saccharum officinarum* L.) TERHADAP PENGGEREK BATANG

**BENING LARASATI
15/3772226/BI/09393**

INTISARI

Tebu (*Saccharum officinarum* L.) merupakan komoditi tanaman sebagai sumber utama penghasil gula bagi konsumsi masyarakat. Hal ini merupakan tantangan tersendiri bagi pemerintah khususnya dan kalangan terkait untuk menjamin ketersediaan gula. Kenyataan saat ini produksi tebu pada lahan pertanian mengalami penurunan 52 - 73% karena adanya hama penggerek batang. Teknik pengendalian yang dapat dilakukan yaitu pembentukan kultivar yang memiliki ketahanan baik. Penelitian ini bertujuan untuk melakukan skrining dan karakterisasi penanda molekuler gen ketahanan terhadap serangan hama penggerek batang (*SacBBI4*) dengan metode PCR serta mempelajari hubungan kekerabatan sekuens nukleotidanya. Sampel yang digunakan berupa 18 kultivar tebu dari Balai Penelitian Tanaman Pemanis dan Serat (BALITTAS) Malang serta 4 kultivar tebu dari PT. Madu Baru Bantul DIY. Pada penelitian ini dihasilkan 3 desain primer yang telah melewati skrining atau seleksi yang selanjutnya disebut sebagai P-SacBBI4-A, P-SacBBI4-B dan P-SacBBI4-C. Ketiga primer tersebut merupakan hasil seleksi menggunakan indikator karakter primer yang baik. Ketiga primer hasil desain berhasil dapat mengamplifikasi gen *SacBBI4* yang dikonfirmasi dengan pengujian secara kualitatif pada gel elektroforesis dan telah dilakukan *sequencing* pada sampel tebu kultivar Kidang Kencana (KK). Analisis hasil sekuens didapatkan bahwa sekuens nukleotida tebu kultivar Kidang Kencana menggunakan primer P-SacBBI4-A memiliki panjang 729 bp, primer P-SacBBI4-B 624 bp, sedangkan primer P-SacBBI4-C yaitu 671 bp. Berdasarkan pohon filogenetik, terbentuk dua kluster besar. Seluruh sekuens nukleotida mengkode pembentukan gen yang sama yaitu gen *BBI* atau *Bowman Birk Inhibitor* dan mengelompok menjadi dua kluster dikarenakan perbedaan tingkat takson. Berdasarkan hasil amplifikasi dan pohon filogenetik yang terbentuk, P-SacBBI4-B merupakan desain primer yang paling mendekati dengan gen target *SacBBI4* data NCBI.

Kata kunci: Desain primer, PCR, penggerek batang, *Saccharum officinarum* L.

SCREENING AND CHARACTERIZATION OF MOLECULAR MARKERS OF SUGARCANE (*Saccharum officinarum* L.) RESISTANCE AGAINST STEM BORERS

**BENING LARASATI
15/3772226/BI/09393**

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) is a plant commodity which as main source of sugar-production for public consumption. This is a particular challenge for the special government and related policy marker to guarantee the stocks of sugar. Recently, sugarcane production on agricultural land has decreased from 52 to 73% because against of stem borers pest. Control techniques that can to do is fertilizing plants with enrichment of varieties that have good reinforcement. This study aimed to study screening and characterization of molecular markers of resistance genes against the attack of stem borer (*SacBBI4*) by PCR method and research on the kinship relationship of its nucleotide sequence. The sample used consisted of 18 sugarcane cultivars from Malang Sweetener and Fiber Plant Research Institute and four sugarcane cultivars from PT. Madu Baru DIY Bantul. In this study three primary designs were produced which passed the screening or selection, such as P-SacBBI4-A, P-SacBBI4-B and P-SacBBI4-C. The three primers are the results of the selection using good primary character indicators. That primers designed were able to amplify the *SacBBI4* gene that was approved by testing the gel electrophoresis and sequencing of Kidang Kencana (KK) cultivar samples. Analysis of the results obtained by Kidang Kencana cultivar nucleotide sequences using P-SacBBI4-A primers had a length of 729 bp, P-SacBBI4-B primers 624 bp with P-SacBBI4-C primers of 671 bp. Based on the phylogenetic tree, two large clusters were formed. All nucleotide sequences encode the formation of the same gene, namely the *BBI* or *Bowman Birk Inhibitor* gene and group into two clusters due to differences in taxon levels. Based on the result of amplification and phylogenetic tree, the P-SacBBI4-B primer is the primary design closest to the *SacBBI4* target gene NCBI data

Keywords: Primer design, PCR, stem borer, *Saccharum officinarum* L.