

VARIASI GENETIK DAN HUBUNGAN KEKERABATAN PLASMA NUTFAH JEWAWUT (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) DI INDONESIA BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGIS DAN MOLEKULER

Ramlah
17/417038/PBI/01475

INTISARI

Jewawut (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) merupakan salah satu tanaman serealia non-beras yang telah lama didomestikasi oleh masyarakat dunia termasuk Indonesia sebagai tanaman pangan alternatif, terutama karena kemampuannya untuk tumbuh dan beradaptasi baik pada daerah beriklim tropis, dan sub-tropis. Jewawut memiliki kandungan nilai gizi yang sangat baik, dan manfaatnya bagi kesehatan. Informasi variabilitas genetik dijadikan sebagai dasar rujukan dalam pemuliaan untuk pemilihan tetua dalam persilangan. Plasma nutfah jewawut dari wilayah geografis berbeda memberikan kontribusi terhadap variasi genetik. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui variasi genetik dan hubungan kekerabatan pada plasma nutfah jewawut di Indonesia. Karakterisasi morfologis menggunakan deskriptor IBPGR untuk tanaman jewawut yang telah dimodifikasi dan dianalisis dengan program NTSYS-pc 2.0. Karakterisasi Molekuler dengan penanda SSR menggunakan 30 primer SSR jewawut. Analisis kluster dan PCA menggunakan program NTSYS-pc 2.0 dengan teknik UPGMA, sedangkan analisis korelasi kofenetik (r) menggunakan program *winboot*. Berdasarkan hasil penelitian diketahui bahwa dari 28 karakter morfologis terdapat delapan karakter bervariasi yaitu warna biji, kerapatan malai, jumlah cabang batang, umur berbunga, umur panen, panjang malai, diameter malai dan panjang bulu malai. Analisis variasi genetik menggunakan penanda SSR dengan nilai PIC berkisar 0,06-0,78, dengan rata-rata 0,54 (sangat informatif) dan nilai r sebesar 0,81 (*good fit*). Hasil pengelompokan secara morfologis menunjukkan kongruensi yang tinggi dengan pengelompokan secara molekuler. Koefisien similaritas yang lebih sempit terdapat pada penanda morfologis, sedangkan pada pengelompokan secara molekuler menghasilkan jarak koefisien similaritas yang lebih luas.

Keywords : Jewawut, Variasi genetik, Morfologis, SSR

GENETIC VARIATION AND RELATIONSHIP OF FOXTAIL MILLET (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) GERMPLASM IN INDONESIA BASED ON MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERS

Ramlah
17/417038/PBI/01475

ABSTRACT

Foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) is one of the non-rice cereal food that have long been domesticated by the world community including Indonesia as an alternative food crop, foxtail millet is found in everywhere because of its ability to grow and adapt both to tropical climates, and subtropical. Millet has a very good nutritional value, and its benefits for health. Information on genetic variability is used as a reference basis in breeding for the selection of elders in crosses. Millet germplasm from different geographical regions contribute to genetic variation. The aim of this study was to study the genetic variation and relationship of germplasm millet in Indonesia. Morphological characterization using the IBPGR descriptor for millet plants that have been modified and analyzed with the NTSYS-pc 2.0 program. Molecular characterization with SSR markers using 30 millet SSR primers. Cluster and PCA analysis used the NTSYS-pc 2.0 program with the UPGMA technique, while the cophenetic correlation analysis (r) used the *WinBoot* program. Based on the results of the study, it was found that from 28 morphological characters there were eight varied characters, namely seed color, panicle density, number of stem branches, flowering age, harvest age, panicle length, panicle diameter and fur panicle length. Analysis of genetic variation using SSR markers with PIC values ranged from 0.06 to 0.78, with an average of 0.54 (*highly informative*) and a r value of 0.81 (*good fit*). Morphological grouping results showed high congruence with molecular grouping. A narrower similarity coefficient exist in morphological markers, while molecularly grouping resulted in a wider range of similarity coefficients.

Keywords: *Foxtail millet*, Genetic variation, Morphological, SSR