

## Variabilitas Genetik dan Hubungan Keekerabatan Pisang Liar (*Musa spp.*) di Pulau Sulawesi Berdasarkan Karakter Morfologis, Anatomis dan Molekuler

Hastuti

14/373698/SBI/123

Program Doktor, Program Studi Ilmu Biologi  
Fakultas Biologi  
Universitas Gadjah Mada

### INTISARI

Pisang merupakan salah satu buah favorit yang murah, bergizi dan mudah ditemukan. Pisang budidaya (*Musa x paradisiaca*) merupakan salah satu komoditas andalan di dunia dengan tingkat produksi tertinggi keempat setelah padi, gandum dan jagung. Pisang budidaya umumnya dikembangkan secara vegetatif menyebabkan terjadinya erosi genetik dan berakibat pada terjadinya kerentanan terhadap serangan hama dan penyakit. Pisang liar diduga memiliki kemampuan resisten terhadap hama dan penyakit. Kepulauan Sulawesi memiliki flora dan fauna endemik termasuk jenis pisang liar. Penelitian ini bertujuan untuk mengeksplorasi dan mengidentifikasi keragaman *Musa spp.* di pulau Sulawesi serta mengungkap variabilitas genetik dan hubungan kekerabatannya berdasarkan karakter morfologis, anatomis dan molekuler.

Parameter yang digunakan dalam pengamatan morfologis adalah karakter berdasarkan pada *Descriptors for Banana (Musa spp.)* dari *International Plant Genetic Resource Institute (IPGRI)*, karakter anatomis menggunakan pengamatan mikroskopis penampang lintang daun dengan metode *embedding* paraffin. Pengamatan permukaan atas dan bawah daun dengan pembuatan preparat menggunakan metode *leaf clearing* dan pengamatan pada tangkai dan pelepah daun menggunakan metode *free hand section*. Identifikasi karakter molekuler menggunakan metode *Simple Sequence Repeat (SSR)* dan *Internal Transcribed Spacer (ITS)*. Data morfologis, anatomis dan SSR dianalisis secara kualitatif dan kuantitatif dengan metode analisis cluster menggunakan *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average (UPGMA)* pada program MVSP ver. 3.1. Jarak Genetik (*genetic distance*) antar spesies dianalisis dengan menggunakan model Kimura 2 parameter. Hubungan filogenetik antar spesies *Musa spp.* dianalisis dengan menggunakan metode *Neighbour Joining* menggunakan perangkat lunak Mega X.

Hasil penelitian ini menunjukkan ditemukan 34 aksesi pisang liar pada 16 titik sampling di Pulau Sulawesi. Hasil identifikasi ke 34 aksesi terdiri atas empat spesies

yaitu *M. balbisiana*, *M. textilis*, *M. borneensis* dan *M. acuminata*. *M. acuminata* terdiri dari lima subspecies/varietas yaitu *M. acuminata* var. *zebrina*, *M. acuminata* var. *banksii*, *M. acuminata* var. *lutraensis*, *M. acuminata* var. *sigiensis* dan *M. acuminata* ssp. *microcarpa*. Analisis hubungan kekerabatan dengan menggunakan pendekatan morfologis menunjukkan ke 34 aksesi dibagi dalam dua klaster utama dengan nilai koefisien 0,642. Klaster pertama terdiri dari spesies *M. acuminata* bersama subspecies dan varietasnya. Klaster ke dua terdiri atas *M. borneensis*, *M. textilis* dan *M. balbisiana*. Nilai koefisien kemiripannya berada dalam kisaran 0,576-0,986. Berdasarkan hasil pengamatan secara anatomis keberadaan trikoma, jumlah lapisan hipodermis dan jumlah lapisan palisade dapat digunakan sebagai karakter pembeda antar spesies. Analisis hubungan kekerabatan menunjukkan sampel dibagi menjadi dua klaster utama. Klaster pertama terdiri atas *M. textilis*, *M. borneensis* dan *M. balbisiana*. Klaster ke dua terdiri dari *M. acuminata* bersama subspecies dan varietasnya. Nilai koefisien similaritas antar spesies *Musa spp.* berkisar antara 0,45-0,80. Analisis hubungan kekerabatan dengan menggunakan SSR menunjukkan pengelompokan sampel dalam dua klaster utama. Klaster pertama terdiri dari *M. borneensis* dan klaster kedua terdiri dari *M. textilis*, *M. balbisiana* dan *M. acuminata*. Nilai koefisien similaritas antar spesies *Musa spp.* berkisar antara 0,51-1. Hasil analisis filogenetik dengan menggunakan ITS menghasilkan pohon yang sama dengan hasil penelitian yang telah banyak dilaporkan sebelumnya yaitu *M. acuminata* & *M. balbisiana* bersama dalam satu klad dan *M. textilis* serta *M. borneensis* berada dalam satu klad.

Kata kunci : *Musa spp.*, karakter morfologis, karakter anatomis, SSR, ITS, hubungan kekerabatan

**Genetic Variability and Phylogenetic Relationship of Wild Bananas (*Musa spp.*)  
in Sulawesi Island Based on Morphological, Anatomical dan Molecular  
Characters**

**Hastuti**

**14/373698/SBI/123**

Doctoral Program, Biological Science Study Program  
Faculty of Biology  
Universitas Gadjah Mada

**ABSTRACT**

Bananas are one of the favorite fruits that are cheap, nutritious and easy to find. Banana cultivation (*Musa x paradisiaca*) is one of the mainstay commodities in the world with the fourth highest production rate after rice, wheat, and corn. Cultivated bananas are generally vegetatively developed which cause genetic erosion and result in susceptibility to pests and diseases. Wild bananas are thought to have the ability to be resistant to pests and diseases. The Sulawesi Islands have endemic flora and fauna including wild banana species. This study aims to explore and identify the diversity of *Musa spp.* on the island of Sulawesi and reveal genetic variability and relationship based on morphological, anatomical and molecular characters.

The parameters used in the observation are morphological, anatomical and molecular characters. Observation of morphological characters based on Descriptors for Banana (*Musa spp.*) from IPGRI, anatomical characters used microscopic observations of transverse leaf with paraffin embedding method. Observation of upper and lower leaf surfaces using leaf clearing method and observation on leaf stems and midribs using free hand section method. Identification of molecular characters using the Simple Sequence Repeat (SSR) and Internal Transcribed Spacer (ITS) methods. Morphological, anatomical and SSR data were analyzed qualitatively and quantitatively by cluster analysis using the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average (UPGMA) in the MVSP program ver. 3.1. Genetic distance between species was analyzed using the Kimura 2 parameter model. Phylogenetic

relationship between *Musa* species spp. were analyzed using the Neighbor Joining method using Mega X software.

The results of this study showed 34 accessions of wild bananas at 16 sampling points on Sulawesi Island. The identification results showed that 34 accessions consisted of four species, namely *M. balbisiana*, *M. textilis*, *M. borneensis* and *M. acuminata*. *M. acuminata* consisted of five subspecies/variety are *M. acuminata* var. *banksii*, *M. acuminata* var. *lutraensis*, *M. acuminata* var. *sigiensis*, *M. acuminata* spp. *microcarpa* and *M. acuminata* var. *zebrina*. Analysis of relationship using a morphological approach showed that 34 accessions are divided into two main clusters. The first cluster consisted of species of *M. acuminata* along with their subspecies and variety. The second cluster consisted of *M. borneensis*, *M. textilis* and *M. balbisiana*. The similarity coefficient value was in the range of 0,576-0,986. Based on the anatomical observations of the existence of trichomes, the number of hypodermic layers and the number of palisade layers can be used as distinguishing characteristics between species. Analysis of relationship showed the distribution of samples in the two main clusters. The first cluster consisted of *M. textilis*, *M. borneensis* and *M. balbisiana*. The second cluster consisted of *M. acuminata* along with subspecies and varieties. The coefficient of similarity between *Musa* spp. species ranged from 0,45 to 0,80. Analysis of relationship using the SSR showed the grouping of samples in the two main clusters. The first cluster consisted of *M. borneensis* and the second cluster consisted of *M. textilis*, *M. balbisiana* and *M. acuminata*. Coefficient of similarity between *Musa* spp. ranging from 0,51-1. The results of phylogenetic analysis using the ITS method produced the same tree with the results of many previously reported studies, namely *M. acuminata* & *M. balbisiana* in one clade and *M. textilis* & *M. borneensis* also in the same clade.

Key words : *Musa* spp., morphological characters, anatomical characters, SSR, ITS, relationship