

**Rojaunnajah Kartika Ainiyah. 2020.** Keragaman dan Kekerabatan Genetik Berbagai Kultivar Pisang (*Musa acuminata*) Diploid (AA) dan Triploid (AAA) Berdasarkan DNA Barcode Sekuen Gen *rbcL* dan *matK*

Tesis ini di bawah bimbingan : Dr. Sucipto Hariyanto, DEA. dan Prof. Dr. Edy Setiti Wida Utami, M.S.. Departemen Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Airlangga, Surabaya.

---

### ABSTRAK

Pisang termasuk dalam genus *Musa* yang merupakan tumbuhan herba dan partenokarpi. Penanda molekuler banyak digunakan untuk evaluasi keragaman genetik karena didasarkan pada genotipe. CBoL (2009) merekomendasikan dua kombinasi lokus plastida untuk DNA *barcoding* tumbuhan yaitu *rbcL* dan *matK*. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis dan mengevaluasi keragaman dan kekerabatan genetik berbagai kultivar pisang (*M. acuminata*) diploid (AA) dan triploid (AAA) berdasarkan sekuen gen *rbcL* dan *matK*. Material daun pisang yang digunakan dalam penelitian adalah 10 kultivar pisang (*M. acuminata*) koleksi Kebun Raya Purwodadi. Amplikon gen *rbcL* menghasilkan sekuen dengan ukuran 748-756 bp. Sekuen gen *rbcL* pada sembilan belas OTU tanaman pisang mempunyai *sequence conservation* yang tinggi (0,934) dan membentuk sembilan haplotipe. Topologi pohon filogeni sekuen gen *rbcL* menunjukkan pola pemisahan pada famili Musaceae menjadi dua klad meliputi genom B yaitu *M. balbisiana* (klad 1) dan genom A yaitu pisang kultivar dan liar (*M. acuminata*) (klad 2). Amplikon gen *matK* menghasilkan sekuen dengan ukuran 757-767 bp. Sekuen gen *matK* pada sepuluh OTU kultivar pisang (*M. acuminata*) mempunyai *sequence conservation* yang tinggi (0,983) dan membentuk sepuluh haplotipe. Topologi pohon dengan sekuen gen *matK* mengelompokkan kultivar pisang (*M. acuminata*) menjadi tiga klad, yaitu klad pertama terdiri atas subgrup Sucrier dan *Red banana*; klad kedua subgrup Gros Michel dan Inarnibal; sedangkan klad ketiga subgrup Cavendish dan Inarnibal. Seluruh kultivar pisang (*M. acuminata*) dalam penelitian ini berkerabat sangat dekat dan memungkinkan sebagai duplikasi. Pisang liar (*M. acuminata* dan *M. balbisiana*) direkomendasikan sebagai prioritas konservasi karena berpotensi sebagai tetua donor genom A dan B.

Kata kunci: *M. acuminata*, DNA barcode, genetik, *rbcL*, *matK*.

**Rojaunnajah Kartika Ainiyah. 2020.** Genetic Diversity and Relationship of Various Banana Cultivars (*M. acuminata*) Diploid (AA) and Triploid (AAA) Based on DNA Barcode of the *rbcL* and *matK* Genes Sequences

This thesis is under guidance of : Dr. Sucipto Hariyanto, DEA. and Prof. Dr. Edy Setiti Wida Utami, M.S.. Department of Biology, Faculty of Science and Technology, Airlangga University, Surabaya.

---

### ABSTRACT

Bananas belong to the genus *Musa* which are a herbaceous and parthenocarpic. Molecular markers have been widely used as effective tools for evaluating genetic diversity because they are based on genotypes. CBoL (2009) has been recommended 2-locus combination of *rbcL* and *matK* as the plant barcode. This study aimed to analyze and evaluate genetic diversity and relationship of various banana cultivars (*M. acuminata*) diploid (AA) and triploid (AAA) based of the *rbcL* and *matK* genes sequences. Material studied are 10 banana cultivars (*M. acuminata*) collection of Purwodadi Botanic Garden. Direct sequencing on *rbcL* amplicons resulted in DNA sequences with length 748-756 bp. Using *rbcL* gene sequences in nineteen OTU of banana showed high sequence conservation (0.934) and were produced nine haplotypes. The topology of phylogenetic tree in *rbcL* gene resulted the pattern of separation in the Musaceae family into two clads including B genome of *M. balbisiana* (clad 1) and A genome of banana cultivars and wild (*M. acuminata*) (clad 2). Direct sequencing on *matK* amplicons resulted in DNA sequences with length 757-767 bp. The sequence of the *matK* gene in the ten OTU of banana cultivars showed high sequence conservation (0.983) and were produced ten haplotypes. The topology of phylogenetic tree in *matK* sequence the *M. acuminata* resulted the pattern of separation in the Musaceae family into three clads, the first clad consisting of Sucrier and Red banana subgroups; the second clad of the Gros Michel and Inarnibal subgroups; while the third clad is the Cavendish and Inarnibal subgroups. All various banana cultivars (*M. acuminata*) in this study were closely related and possible as duplication. Wild bananas (*M. acuminata* and *M. balbisiana*) are recommended as conservation priorities because they are potential as ancestral parents of donor of A genome and B genome.

Keywords: *M. acuminata*, DNA barcode, genetic, *rbcL*, *matK*.