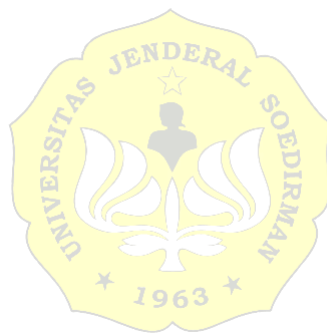


RINGKASAN

Tanaman ubi kayu di Indonesia merupakan salah satu komoditas pangan yang diminati oleh masyarakat Indonesia sejak awal penjajahan karena mudah untuk dibudidayakan serta berperan sebagai sumber bahan pangan pengganti beras. Kebutuhan ubi kayu dalam negeri akan semakin meningkat di masa yang akan datang sejalan dengan semakin meningkatnya dan berkembangnya industri berbahan baku ubi kayu. Upaya peningkatan produksi ubi kayu demi kecukupan kebutuhan permintaan ubi kayu dapat dilakukan melalui perakitan varietas atau galur superior ubi kayu dengan pemuliaan tanaman. Akan tetapi, perakitan galur superior ubi kayu oleh pemulia tanaman di Indonesia masih sangat sedikit. Informasi genetuk mengenai keragaman kultivar ubi kayu akan sangat dibutuhkan dengan adanya perakitan galur superior ubi kayu bagi pemulia tanaman. Karakterisasi secara morfologi merupakan informasi awal yang diperlukan dalam upaya mencari karakter unggul dan keragaman yang diperlukan. Didukung dengan karakterisasi secara molekuler untuk menguatkan informasi mengenai hubungan kekerabatan antar kultivar ubi kayu. Salah satu upaya untuk mengetahui informasi keragaman genetik ubi kayu di Indonesia adalah dengan teknologi PCR (*Polymerase Chain Reaction*) menggunakan penanda molekuler *Simple Sequence Repeat* (SSR). Penanda SSR mudah dideteksi, sangat informatif, stabil, dan relatif murah digunakan dalam penelitian. Ditambah dengan marka fungsional yaitu GBSS (*Granule Bound Starch Synthase*), yang merupakan enzim utama yang terlibat dalam sintesis amilosa di amiloplas tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman morfologi, informasi genetik, dan parameter genetik pada 15 sampel ubi kayu yang berasal dari delapan wilayah Kabupaten Banyumas menggunakan karakter morfologi berdasarkan acuan dari IPGRI dan penanda SSR. Penelitian ini dilakukan pada bulan Agustus 2024 sampai Februari 2025 di *experimental farm* Fakultas Pertanian, Laboratorium Bioteknologi Peternakan Gedung *Integrated Academic Building*, Laboratorium Riset, Laboratorium Kultur Jaringan Tanaman dan Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi Fakultas Pertanian Universitas Jenderal Soedirman. Karakter morfologi yang didapatkan dari 15 sampel ubi kayu bervariasi terutama pada bagian bentuk daun tengah, warna apikal, urat daun, dan daun. Bentuk daun tengah yang ditemukan pada penelitian ini yaitu *elips-lanset*, *lanset*, *linear-pandurat*, *ovoid*, dan *obovat-lanset*. Sementara itu untuk warna apikal, urat daun, dan warna daun didominasi oleh warna hijau tua, hijau keunguan, hijau muda, ungu, hijau kemerahan, merah kehijauan, dan hijau kuning. Untuk panjang stipula didominasi berukuran pendek, dan tepi stipula didominasi berbentuk utuh. Enam dari delapan primer SSR yang digunakan sangat informatif dengan nilai polimorfisme 0,851 (SSRY164), diikuti 0,843 (SSRY69), 0,834 (SSRY182), 0,824 (SSRY161), 0,809 (SSRY19), dan 0,799 (SSRY9). Adapun nilai heterozigositas paling tinggi dihasilkan oleh primer SSRY182 dengan nilai 0,118, diikuti oleh SSR69 (0,102), SSR19 (0,059), SSR161 (0,059), SSRY164 (0,059), GBSS-I (0,059) dan terakhir SSRY9 (0,043). Adapun dendrogram hasil analisis filogenetik mengelompokkan tanaman ubi kayu menjadi dua klaster dengan rentang koefisien kemiripan Jaccard 0,07-0,33, dengan jarak

genetik dan jarak identitas tanaman ubi kayu berkisar antara 0,714-1,000 dan 0,000-0,336. Berdasarkan polimorfisme dan rentang koefisien kemiripan pada penelitian ini, diketahui bahwa terdapat keragaman genetik ubi kayu yang luas.



SUMMARY

Cassava plants in Indonesia have been one of the food commodities sought after by the Indonesian people since the beginning of colonization because they are easy to cultivate and serve as a substitute for rice. Domestic demand for cassava is expected to increase in the future, in line with the growing and developing cassava-based industry. Efforts to increase cassava production to meet demand can be achieved through the development of superior cassava varieties or strains through plant breeding. However, the development of superior cassava strains by plant breeders in Indonesia is still very limited. Genetic information regarding the diversity of cassava cultivars will be crucial for the development of superior cassava strains by plant breeders. Morphological characterization provides the initial information needed in the search for superior traits and diversity. This is supported by molecular characterization to strengthen information regarding the genetic relationships among cassava cultivars. One way to find out about the genetic diversity of cassava in Indonesia is through PCR (Polymerase Chain Reaction) technology using Simple Sequence Repeat (SSR) molecular markers. SSR markers are easy to detect, highly informative, stable, and relatively inexpensive to use in research. Additionally, functional markers such as GBSS (Granule Bound Starch Synthase), which is the primary enzyme involved in amylose synthesis in plant amyloplasts, are also utilized. This study aims to determine the morphological diversity, genetic information, and genetic parameters of 15 cassava samples from eight districts in Banyumas Regency using morphological characteristics based on IPGRI references and SSR markers. The study was conducted from August 2024 to February 2025 at the Experimental Farm of the Faculty of Agriculture, the Animal Biotechnology Laboratory in the Integrated Academic Building, the Research Laboratory, the Plant Tissue Culture Laboratory, and the Plant Breeding and Biotechnology Laboratory of the Faculty of Agriculture at Jenderal Soedirman University. The morphological characteristics obtained from the 15 cassava samples varied significantly, particularly in terms of the shape of the central leaf, apical color, leaf veins, and leaf shape. The central leaf shapes identified in this study were elliptic-lanceolate, lanceolate, linear-pandurate, ovoid, and obovate-lanceolate. Meanwhile, the apical color, leaf veins, and leaf color are dominated by dark green, purplish green, light green, purple, reddish green, greenish red, and yellowish green. The length of the stipules is predominantly short, and the edges of the stipules are predominantly entire. Six out of eight SSR primers used were highly informative with polymorphism values of 0.851 (SSRY164), followed by 0.843 (SSRY69), 0.834 (SSRY182), 0.824 (SSRY161), 0.809 (SSRY19), and 0.799 (SSRY9). The highest heterozygosity value was produced by the SSRY182 primer with a value of 0.118, followed by SSR69 (0.102), SSR19 (0.059), SSR161 (0.059), SSRY164 (0.059), GBSS-I (0.059), and finally SSRY9 (0.043). The dendrogram from the phylogenetic analysis grouped cassava plants into two clusters with a Jaccard similarity coefficient range of 0.07–0.33, with genetic distances and identity distances for cassava plants ranging from 0.714–1.000 and 0.000–0.336,

respectively. Based on the polymorphism and similarity coefficient range in this study, it is known that there is extensive genetic diversity in cassava.

