

RINGKASAN

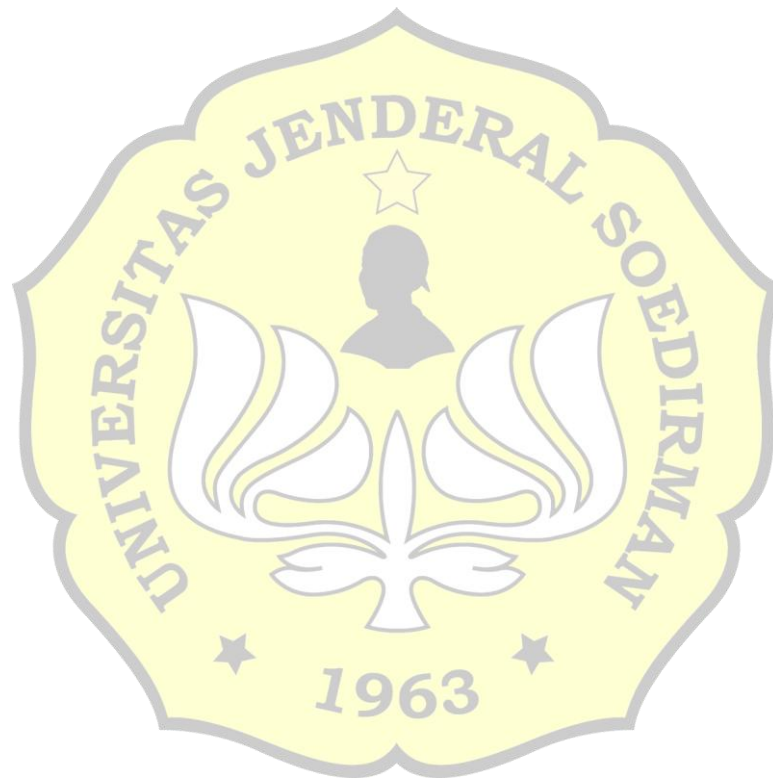
Pisang (*Musa spp.*) merupakan salah satu komoditas hortikultura penting di Indonesia yang memiliki keanekaragaman spesies tinggi, baik dari segi morfologi maupun genetik. Di wilayah Purwokerto dan sekitarnya tanaman pisang dapat tumbuh dengan baik sehingga keberadaannya cukup melimpah. Hal ini disebabkan oleh kondisi lingkungan yang mendukung bagi pertumbuhannya. Namun, data mengenai tingkat keanekaragaman pisang sering kali tidak didokumentasikan. Untuk itu, perlu dilakukan penelitian tentang keanekaragaman pisang, baik melalui pendekatan morfologi maupun molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik sepuluh kultivar pisang (*Musa spp.*) liar dan budidaya di wilayah penelitian menggunakan pendekatan morfologi dan molekuler.

Metode analisis morfologi dilakukan berdasarkan karakter standar yang mencakup bentuk, struktur pangkal daun, ujung buah, penampang melintang buah dan warna buah. Pendekatan morfologi dianalisis menggunakan MVSP 3.1 dengan metode UPGMA. Pendekatan molekuler menggunakan penanda IGS *atpB-rbcL* yang dianalisis dengan MEGA XI dengan metode Neighbor-Joining. Data sekuens DNA dianalisis menggunakan metode *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST).

Hasil karakterisasi morfologi menunjukkan adanya variasi di antara kultivar-kultivar yang diamati. Beberapa kultivar memiliki kemiripan morfologi yang tinggi sehingga membentuk kelompok yang relatif dekat, sementara kultivar lain menunjukkan ciri morfologi yang lebih berbeda. Hasil amplifikasi penanda IGS *atpB-rbcL* menghasilkan pita berukuran sekitar 1000 bp, sesuai dengan karakteristik penanda ini pada genus *Musa*. Analisis sekuens menunjukkan bahwa kesepuluh kultivar pisang (*Musa spp.*) yang dianalisis memiliki variasi genetik pada daerah IGS *atpB-rbcL*, dengan tingkat polimorfisme 100%, yang mengonfirmasi bahwa setiap kultivar memiliki identitas genetik yang unik. Tingkat keanekaragaman genetik yang sangat tinggi ini memungkinkan pemisahan kultivar ke dalam kelompok genetik yang jelas. Hasil pengelompokan secara morfologi tidak sepenuhnya sesuai dengan hasil pengelompokan secara molekuler. Kesamaan terlihat pada kelompok ambon–cavendish dan kepok–susu–raja yang konsisten

pada kedua analisis. Namun, terdapat perbedaan pada penempatan kultivar liar, yang secara morfologi berada pada posisi terpisah, tetapi secara molekuler lebih dekat dengan kelompok ulin–mas–pulo.

Kata kunci: *atpB-rbcL*, keanekaragaman genetik, morfologi, *Musa*.



SUMMARY

Banana (*Musa* spp.) is one of the important horticultural commodities in Indonesia with high species diversity, both in terms of morphology and genetics. In the Purwokerto region and its surroundings, banana plants can grow well and are relatively abundant. This is due to the favorable environmental conditions for their growth. However, data on the level of banana diversity is often not well documented. Therefore, research on banana diversity needs to be conducted using both morphological and molecular approaches. This study aims to analyze the genetic diversity of ten banana (*Musa* spp.) cultivars, both wild and cultivated, in the research area using morphological and molecular approaches.

Methodology for morphological analysis was carried out based on standard characters including shape, leaf base structure, fruit apex, fruit cross-section, and fruit color. Morphological data were analyzed using MVSP 3.1 with the UPGMA method. The molecular approach used the IGS *atpB-rbcL* marker, analyzed with MEGA XI using the Neighbor-Joining method. DNA sequence data were further analyzed using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).

The results of morphological characterization showed variations among the observed banana cultivars. Some cultivars exhibited high morphological similarity, forming relatively close groups, while others displayed more distinct morphological traits. Amplification of the IGS *atpB-rbcL* marker produced bands of approximately 1000 bp, consistent with the characteristics of this marker in the *Musa* genus. Sequence analysis revealed that all ten banana (*Musa* spp.) cultivars analyzed exhibited genetic variation in the IGS *atpB-rbcL* region, with a polymorphism level of 100%, confirming that each cultivar possesses a unique genetic identity. This very high level of genetic diversity enabled the cultivars to be clearly separated into distinct genetic groups. The grouping based on morphology did not fully correspond to the grouping based on molecular analysis. Similarities were observed in the Ambon–Cavendish and Kepok–Susu–Raja groups, which were consistent in both analyses. However, differences were found in the placement of wild cultivars, which were morphologically positioned separately but were genetically closer to the Ulin–Mas–Pulo group.

Keywords: atpB-rbcL, genetic diversity, morphology, Musa

