

## Microsatellite markers for classifying and analysing genetic relationship between banana cultivars in indonesia

**Authors:** A. Retnoningsih, R. Megia, A. Hartana

**Keywords:** *Musa acuminata*, *Musa balbisiana*, SSR

### **Abstract:**

In this study, microsatellite markers were used to identify *Musa* genomic groups and to investigate genetic relationships among banana accessions from various areas in Indonesia. One hundred sixteen banana accessions were analysed using MaCIR108 and Ma-3-90 primer pairs for identifying genomic groups. Six additional SSR primer pairs were used for genetic relationship analysis. The results showed that 73 accessions should be classified in the AA/AAA and AAA genomic groups, two accessions in the BB genomic group, 21 accessions in the AAB genomic group and 20 accessions in the ABB genomic group. Ninety-nine out of the 116 accessions were unique genotypes while the rest were synonyms. The dendrogram generated by UPGMA analysis separated the 116 banana accessions into two main clusters with a similarity of 0.13. All banana accessions belonging to the BB, ABB and AAB genomic groups clustered in the first main cluster, together with the majority of the accessions containing the pure A genome. The second main cluster was formed of 11 accessions of AA/AAA and AAA genome. Within the first main cluster, the accessions containing the B genome were clustered according to their genomic group, except four AAB accessions clustering with accessions containing the A genome alone. The ABB genomic group appeared closer to the BB than to the AAB genomic group. The AA and AAA banana accessions could not be significantly distinguished, although the majority of accessions tended to be clustered according to their ploidy level.

## MIKROSATELIT PENANDA UNTUK KLASIFIKASI DAN MENGANALISIS HUBUNGAN ANTARA GENETIK kultivar PISANG DI INDONESIA

**Penulis:** A. Retnoningsih, R. Megia, A. Hartana

**Kata kunci:** *Musa acuminata*, *Musa balbisiana*, RSK

### **Abstrak:**

Dalam studi ini, mikrosatelit penanda digunakan untuk mengidentifikasi *Musa* kelompok genomik dan untuk menyelidiki hubungan genetik di antara aksesori pisang dari berbagai daerah di Indonesia. Satu aksesori pisang ratus enam belas dianalisis menggunakan MaCIR108 dan Ma-3-90 pasang primer untuk mengidentifikasi kelompok genom. Enam pasang RSK tambahan primer digunakan untuk analisis hubungan genetik. Hasil penelitian menunjukkan bahwa 73 aksesori harus diklasifikasikan dalam AA / kelompok genom AAA dan AAA, dua aksesori pada kelompok genom BB, 21 aksesori pada kelompok genom AAB dan 20 aksesori pada kelompok genom ABB. Sembilan puluh sembilan dari 116 aksesori genotipe unik sementara sisanya adalah sinonim. Para dendrogram yang dihasilkan oleh analisis UPGMA memisahkan 116 aksesori pisang menjadi dua kelompok utama dengan kesamaan 0,13. Semua aksesori pisang milik kelompok genom BB, ABB dan AAB berkerumun di cluster utama pertama, bersama dengan sebagian besar aksesori yang berisi genom A murni. Cluster utama kedua dibentuk dari 11 aksesori AA / AAA dan genom AAA. Dalam cluster utama pertama, aksesori yang berisi genom B dikelompokkan menurut kelompok genom mereka, kecuali empat aksesori AAB clustering dengan aksesori yang berisi genom A saja. Kelompok genom ABB muncul lebih dekat dengan BB daripada kelompok genom AAB. AA dan aksesori pisang AAA tidak dapat dibedakan secara signifikan, meskipun sebagian besar aksesori cenderung dikelompokkan sesuai dengan tingkat ploidi mereka.