

APLIKASI PENANDA SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) UNTUK DETEKSI DINI TINGKAT TOLERANSI CEKAMAN KEKERINGAN PADA PADI (*Oryza sativa* L.)

INTISARI

Kekeringan merupakan faktor pembatas budidaya padi yang berpengaruh langsung terhadap pertumbuhan dan produktivitas tanaman padi. Kultivar padi yang toleran terhadap kekeringan perlu dikembangkan untuk mengatasi masalah yang timbul dalam budidaya padi pada kondisi kekeringan. Marka Simple Sequence Repeat (SSR) adalah penanda molekuler yang berpotensi untuk digunakan dalam pengembangan kultivar padi toleran kekeringan. Tujuan dari penelitian ini adalah mengaplikasikan marka SSR untuk deteksi dini tingkat toleransi cekaman kekeringan pada plasma nutfah padi dan untuk mengidentifikasi marka molekuler yang berasosiasi dengan sifat fenotipe tertentu. Materi genetik yang digunakan adalah 45 genotipe padi koleksi Departemen Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada (UGM) yang terdiri dari 41 aksesori lokal dan 4 kultivar pembanding. Sembilan marka SSR yang berasosiasi dengan toleransi kekeringan pada padi digunakan dalam penelitian untuk mendeteksi tingkat toleransi kekeringan secara dini. Marka yang digunakan pada penelitian ini antara lain : RM20A, RM72, RM6909, RM518, RM228, RM24393, RM27933, RM7424, dan DRO. Parameter polimorfisme berupa Jumlah Alel (Na), Indeks diversitas (He), Polymorphic Information Content (PIC), Marker Index (MI), Effective Multiplex Ratio (EMR), Discriminating Power (DP), dan Resolving Power (RP) diestimasi untuk menentukan informativitas dari marka yang digunakan. Hasil penelitian menunjukkan bahwa sembilan marka SSR yang dianalisis memiliki kisaran ukuran alel antara 85-520 bp, dengan jumlah alel rata-rata 3. Nilai diversitas gen sebesar 0 hingga 0,627 dengan rerata 0,467 dan nilai Polymorphic Information Content (PIC) dengan rentang dari 0 hingga 0,589 dengan rerata 0,419. Hasil konstruksi filogenetik menggunakan metode *neighbor-joining* dan hasil analisis *Principal Coordinate* (PcoA) menunjukkan hasil yang sejalan. Hasil analisis dendrogram membagi kedalam 3 kluster. Kelompok pertama terdiri dari 24 aksesori, kelompok kedua terdiri dari 12 aksesori, dan terakhir kelompok ketiga terdiri dari 9 aksesori. Aksesori pada kluster I sub kluster 1 bagian 1 yang berjumlah 9 aksesori diduga merupakan aksesori yang memiliki ketahanan terhadap cekaman kekeringan. Sembilan aksesori diduga tahan terhadap cekaman kekeringan antara lain : 'bluebonnet' (varietas pembanding), padi beton, padi lobak, hitam temen, ireng bulu, mayangan, putho, reket dodoh, dan raket putih. Analisis keterpautan marka dengan karakter agronomi dilakukan dengan menggunakan aplikasi Rstudio. Hasil amplifikasi marka dianalisis regresi dengan 13 karakter agronomi. Hasil yang didapatkan bahwa setiap lokus pada masing-masing marka memiliki asosiasi dengan beberapa karakter agronomi tersebut.

Kata kunci : Padi; Kekeringan, Marka Simple Sequence Repeat; Deteksi Dini; Toleran, Asosiasi Marka, Karakter Agronomi.

APPLICATION OF SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) MARKER FOR EARLY DETECTION OF DROUGHT TOLERANCE LEVEL IN RICE (*Oryza sativa* L.)

ABSTRACT

Drought is a limiting factor in rice cultivation, which has an immediate effect on growth and productivity in rice. Drought tolerant rice cultivar needs to be developed to overcome problems that arise in rice cultivation in drought conditions. The *Simple Sequence Repeat* (SSR) marker is a molecular marker that has the potential to be used in the development of drought tolerant rice cultivars. The aim of this study was to apply SSR markers for early detection of drought stress tolerance levels in rice germplasm and to identify molecular markers associated with certain phenotypic traits. Genetic material that used was 45 rice genotypes collected by the Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Universitas Gadjah Mada (UGM) consisting of 41 local accessions and 4 comparable cultivars. Nine SSR markers associated with drought tolerance in rice were used in this study to detect drought tolerance levels. The markers used in this study included: RM20A, RM72, RM6909, RM518, RM228, RM24393, RM27933, RM7424, and DRO. Polymorphism parameters in the form of Number of Alleles (Na), Diversity Index (He), Polymorphic Information Content (PIC), Marker Index (MI), Effective Multiplex Ratio (EMR), Discriminating Power (DP), and Resolving Power (RP) are estimated to determine informativeness of the markers used. The results showed that the nine SSR markers analyzed had a range of allele size between 85-520 bp, with an average number of alleles is 3. The value of gene diversity was 0 to 0.627 with a mean of 0.467 and the Polymorphic Information Content (PIC) value ranging from 0 to 0.589 with a mean of 0.419. The results of phylogenetic construction using the neighbor-joining method and the results of the Principal Coordinate (PcoA) analysis showed similar results. The results of the dendrogram analysis were divided into 3 clusters. The first group consisted of 24 accessions, the second group consisted of 12 accessions, and the third group consisted of 9 accessions. Accessions in cluster I, sub-cluster 1 part 1, totaling 9 accessions, are thought to be accessions that have resistance to drought stress. Nine accessions were thought to be tolerant of drought stress, including: 'bluebonnet' (comparison varieties), rice beton, rice lobak, hitam temen, ireng bulu, mayangan, putho, reket dodoh, dan raket putih. Analysis of the linkage of markers with agronomic characters was carried out using the Rstudio application. The results of the amplification of the markers were re-analyzed with 13 agronomic characters. The results show that each locus in each marker has an association with some of these agronomic characters.

Key words: Rice; Drought; *Simple Sequence Repeat* Marker; Early detection; Tolerant; Marker Association, Agronomic Character.