

Variasi Genetik dan Identifikasi Penanda Molekular Terpaud Gen Ketahanan Terhadap Penyakit Bulai pada Jagung (*Zea mays* L.)

Polikarpia Wilhelmina Bani
14/372646/PBI/1292

ABSTRAK

Jagung merupakan salah satu komoditas pertanian yang penting di Indonesia. Keanekaragaman genetik dalam varietas jagung di Indonesia berpotensi menjadi sumber karakter-karakter unggulan guna mengatasi berbagai kendala dalam budidaya jagung di Indonesia. Kendala utama pengembangan jagung di Indonesia adalah keberadaan berbagai patogen lokal. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik tanaman jagung (*Zea mays* L.) berdasarkan karakter fenotip agronomis dan molekular serta mengidentifikasi penanda molekular terpaud gen ketahanan terhadap penyakit bulai (*Peronosclerospora maydis* L.). Karakter fenotip yang diamati meliputi 12 karakter fenotip agronomis. Karakter molekular yang akan diamati adalah polimorfik pita DNA. Data karakter fenotip 12 kultivar jagung di Pusat Inovasi Agro Teknologi UGM yang diperoleh dianalisis menggunakan *Microsoft excel*. Data karakter molekular dan deteksi gen terpaud ketahanan terhadap penyakit bulai dideskripsikan dengan indikator pita polimorfik DNA dengan penanda molekular *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR). Dendogram hubungan kekerabatan dianalisis dengan menggunakan program *Multi Variate Statistical Package* (MVSP). Hasil penelitian menunjukkan berdasarkan karakter morfologi dan penanda molekular ISSR, 12 kultivar jagung diklasifikasikan dalam 2 grup. Koefisien kemiripan berdasarkan karakter morfologi adalah 0,50%–1%, sedangkan koefisien kemiripan berdasarkan karakter molekular 0,78%–1%. Tingkat kemiripan morfologi (0,50%) lebih rendah dibandingkan dengan kemiripan berdasarkan penanda molekular ISSR (0,78%). Kultivar yang paling tahan terhadap infeksi penyakit bulai di lapangan adalah kultivar Talenta, Pena Molo dan Lagaligo, sedangkan kultivar yang paling rentan adalah Pulut, Gama SG dan Gama GS. Penanda molekular ISSR yang dapat digunakan sebagai pembeda ketahanan terhadap infeksi penyakit bulai secara molekular adalah ISSR 808.

Kata kunci : Variasi Genetik, Gen Ketahanan, jamur patogen, ISSR.

Genetic Variation and Identification of Molecular Markers Resistance to Downy Mildew Resistance Gene in Maize (*Zea mays* L.)

Polikarpia Wilhelmina Bani
14/372646/PBI/1292

ABSTRACT

Corn is one of the importance crop in Indonesia. The genetic diversity of corn varieties in Indonesia potentially to be the superior characters to face the cultivation problems of maize in Indonesia. The main problem of corn development in Indonesia is the existence of the local pathogens. The aim of this study is to determine the genetic variation of maize (*Zea mays* L.) based on agronomic phenotypic and molecular characters and molecular identifying markers linked to downy mildew resistance gene (*Peronosclerospora maydis* L.). The observed morphological characters 12 agronomic phenotypes characters. Molecular characters to be observed is DNA polymorphic bands. The data obtained analyzed using Microsoft Excel for 12 morphological characters of corn cultivars in Agro Technology Innovation Center Universitas Gadjah Mada. Molecular data and detection of gene linked to downy mildew described by DNA polymorphic band indicator with Inter Simple Sequence Repeat (ISSR). Dendogram relationship analyzed using Multi Variate Statistical Package (MVSP). The results showed that based on morphological characters and ISSR molecular markers, 12 maize cultivars were classified into two groups. Similarity coefficient based on morphological characters is 0.50%–1%, whereas based on molecular characters similarity coefficient is 0.78%–1%. Morphologies similarity (0.50%) is lower than the ISSR molecular markers (0.78%). Cultivars are the most resistant to downy mildew infection in the field is a cultivar Talenta, Pena Molo and Lagaligo, while kultivar most vulnerable is Pulut, Gama SG and Gama GS. ISSR markers that can be used to differentiate the resistance to downy mildew infection according to molecular is ISSR 808.

Key word: Genetic variation, resistance gene, fungus pathogens, ISSR.