

RINGKASAN
HIBAH KOMPETITIF PENELITIAN
UNTUK PUBLIKASI INTERNASIONAL



**Amplified Fragment Length Polymorphism-Based Genetic Diversity
among Cultivated and Weedy Rye (*Secale cereale* L.) Accessions**

Oleh
Dr. Ir. Tatik Chikmawati, MSi
Dr. Ir. Miftahudin, MSi

Dibiayai oleh
Direktorat Jendral Pendidikan Tinggi, Departemen Pendidikan Nasional sesuai dengan Surat
Perjanjian Pelaksanaan Hibah Kompetitif Penelitian Untuk Publikasi Internasional Nomor:
469/SP2H/PP/DP2M/VI/2009, tanggal 25 Juni 2009

Lembaga Penelitian dan pengabdian kepada Masyarakat
Institut Pertanian Bogor
2009

RINGKASAN

Informasi tentang keanekaragaman genetika dalam suatu jenis tanaman pangan dan kekerabatan dengan tanaman liarnya adalah penting sebagai dasar dalam program pemuliaan tanaman untuk mendisain perbaikan tanaman. Pengetahuan tersebut juga berperan penting bagi para pemulia tanaman sebagai dasar untuk membuat keputusan dalam rangka mengorganisasi sumber daya genetika tanaman, perlindungan varietas, dan juga evaluasi genetika.

Penanda Amplified fragment length polymorphism (AFLP) merupakan penanda molekular yang memiliki beberapa kelebihan dibandingkan penanda lain, antara lain memiliki jumlah data yang dihasilkan lebih banyak, data stabil, dan tidak memerlukan informasi sekuen terlebih dahulu. Penanda ini sudah banyak digunakan untuk mengevaluasi keanekaragaman genetika dan kekerabatan tumbuhan, dan hasilnya lebih baik dari penanda lain seperti RAPD, ITS, dan RFLP.

Rye (*Secale cereale* L.) terdiri dari gulma setahun, allogamous setahun dan tanaman self-incompatible yang tersebar luas di daerah beriklim sedang dan daerah subtropik. Gulma rye umumnya ditemukan di sekitar daerah pertanian dan tempat-tempat terbuka di Asia Tengah dan Asia Tenggara. Pengetahuan rinci tentang keanekaragaman genetika dan kekerabatan antara aksesori dalam koleksi rye sangat penting khususnya dalam program perbaikan tanaman rye dan triticale. Namun demikian sejauh ini belum ada penelitian yang mengevaluasi keanekaragamannya dalam skala dunia. Tulisan ini melaporkan hasil evaluasi keanekaragaman genetika dan kekerabatan di dalam tanaman rye budidaya dan rye gulma kerabatnya yang berasal dari berbagai wilayah di dunia menggunakan penanda AFLP.

Biji-biji dari 114 aksesori rye budidaya dan 9 aksesori gulma rye diperiksa dengan sembilan kombinasi primer AFLP (PACA-MAAC, PACA-MACT, PACA-MATC, PACA-MCCA, PAGT-MAAC, PAGT-MACG, PAGT-MAGA, PAGT-MCTG, and PAGT-MATG). Rye budidaya berasal dari banyak Negara mewakili sembilan wilayah yaitu Eropa Utara, Eropa Tengah. Ekstraksi DNA menggunakan metode CTAB, dan analisa AFLP menggunakan metode yang dikembangkan Vos et al. (1995). Struktur dan keanekaragaman genetika rye dianalisa menggunakan Wright's F-test. Jarak genetik dihitung berdasarkan Nei and Li (1979). Analisa kekerabatan dan koordinat dilakukan menggunakan software NTSYS-PC (Numerical Taxonomy SYStems) version 2.10.

Sejumlah 531 pita dihasilkan dari sembilan kombinasi primer AFLP, dan 75% diantaranya menunjukkan polimorfisme. Jumlah pita yang dihasilkan dari masing-masing kombinasi primer bervariasi antara 50 – 70 pita per kombinasi primer, dan primer PACA-MACT menghasilkan jumlah pita tertinggi.

Keanekaragaman genetik dari rye budidaya lebih tinggi ($H_t=0.32$) dibandingkan keanekaragaman genetik rye gulma ($H_t=0.31$), akan tetapi rye budidaya memiliki jarak genetik yang lebih kecil. Keanekaragaman genetik rata-rata rye budidaya bervariasi dari satu wilayah dengan wilayah lainnya ($H_t= 0.18-0.31$). Aksesori dari Amerika Utara memiliki rata-rata keanekaragaman genetik paling tinggi, tetapi jarak genetik antara aksesori paling kecil. Aksesori dari Asia Timur memiliki tingkat keanekaragaman genetik paling rendah dari semua area. Di Eropa, keanekaragaman genetik cenderung menurun dari Eropa Timur ke Eropa Utara. Keanekaragaman genetik rye dari Eropa Timur paling tinggi dari Eropa lainnya, tetapi jarak genetik paling rendah. Adanya banyak program pemuliaan rye yang difokuskan pada keseragaman untuk kultivar komersial merupakan kemungkinan faktor penyebabnya. Aksesori dari Rusia menunjukkan pola yang berbeda dimana memiliki keanekaragaman tinggi dan jarak genetiknya juga tinggi. Analisa struktur genetik di dalam rye budidaya menggambarkan adanya pengaruh lingkungan terhadap tingkat keanekaragaman genetik rye dalam masing-masing wilayah. Sebaran yang luas akan meningkatkan keanekaragaman rye, akan tetapi jika antara wilayahnya saling berhubungan seperti aksesori dari Amerika Utara maka jarak genetik antara aksesori kecil karena aliran gen mudah terjadi.

Hasil analisa pengelompokkan dengan Neighbor-joining menyatukan semua aksesori rye budidaya dan memisahkannya dari rye gulma dan rye liar. Rye budidaya dikelompokkan lebih dekat ke rye gulma daripada rye liar. Rye budidaya dipisahkan terakhir dari garis evolusi yang mengindikasikan rye budidaya secara evolusi adalah kelompok yang termuda, dan kemungkinan rye gulma adalah nenek moyang paling dekat ke tanaman budidaya. Jarak genetik antara rye budidaya dan gulma bervariasi. Jarak genetik antara *S. cereale* ssp. *cereale* (rye budidaya) and *S. cereale* ssp. *afghanicum* (rye gulma) yang tertinggi, sedangkan jarak genetik antara *S. cereale* ssp. *cereale* and *S. cereale* ssp. *segetale* yang paling kecil. Oleh karena itu ada kemungkinan *S. cereale* ssp. *segetale* adalah nenek moyang yang sebenarnya. Hasil ini juga mengindikasikan bahwa semua tanaman budidaya merupakan hasil seleksi pada sifat tertentu yang membedakannya dengan rye gulma maupun rye liar. Dengan

demikian, rye gulma dapat menjadi sumber gen untuk memperluas keanekaragaman rye budidaya. Analisa di dalam tanaman rye budidaya memperlihatkan aksesori dari wilayah berbeda bersatu.