

**BASELANG**

Jurnal Ilmu Pertanian, Peternakan, Perikanan dan Lingkungan
e-journal.faperta.universitasmuarabungo.ac.id

Teknologi Marka Molekular Pada Program Pemuliaan Tanaman Jagung (*zea mays l.*) Untuk Diterapkan Pada Sistem Agroforestri

Molecular Technology In Maize (zea mays l.) Breeding To Be Applied The Agroforestry System

Ramlah

Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Sulawesi Barat

Article Info

Keywords : Jagung; Teknologi molekular; Marka Molekuler; Pemuliaan tanaman

Email:
ramlah@unsulbar.ac.id

Program Studi Pendidikan Biologi,
Fakultas Keguruan dan Ilmu
Pendidikan, Universitas Sulawesi
Barat. Jl. Nedan No. 1 Lutang Kec.
Tande Timur Kab. Majene,
Sulawesi Barat, 91413, Indonesia

ABSTRAK

Jagung merupakan sumber pangan serbaguna yang memiliki kemampuan adaptasi baik pada daerah tropis maupun subtropis. Upaya optimalisasi produksi dan kualitas jagung dalam mendukung ketahanan pangan. Agroforestri merupakan integrasi budidaya tanaman yang memadukan jenis pohon dan semak kedalam sistem pertanian untuk menciptakan manfaat bagi lingkungan, ekonomi, dan sosial. Optimalisasi program pemuliaan tanaman merupakan upaya untuk memperoleh varietas jagung yang memiliki karakter spesifik sesuai dengan yang diinginkan dan dibutuhkan oleh petani. Penggunaan teknologi marka molekuler merupakan metode yang saat ini banyak dan terbukti membantu efisiensi introgresi gen spesifik. Penggunaan marka molekuler dapat dijadikan sebagai alat bantu seleksi tanaman dengan tingkat akurasi yang lebih baik, akurat dan spesifik. Teknologi penanda molekuler bervariasi dalam implementasi untuk pengumpulan data, baik teknis maupun level data target yang diinginkan, tergantung pada kemudahan penyebaran, sumber daya manusia yang tersedia, fasilitas dan pendanaan. Penanda molekuler yang dapat digunakan untuk tanaman jagung adalah RFLP, RAPD, AFLP, STS, SCARs, SSR, ISSR, Transposon, dan SNPs.

Kata Kunci: Jagung, Teknologi Molekuler, Marka Molekuler, Pemuliaan tanam

ABSTRACT

Maize is a versatile food source adaptable in tropical and subtropical regions. Efforts to optimize corn production and quality in supporting food security. Agroforestry is the integration of crop cultivation that combines tree and shrub species into agricultural systems to create environmental, economic, and social benefits. Optimization of the plant breeding program is an effort to obtain corn varieties that have specific characteristics that are desired and needed by farmers. The use of molecular marker technology is a method

that is currently widely used and is proven to help the efficiency of specific gene introgression. Molecular markers can be used as a tool for plant selection with better accuracy, accuracy, and specificity. Molecular marker technologies vary in implementation for data collection, both technical and target data levels desired, depending on the ease of deployment, available human resources, facilities, and funding. Molecular markers used for maize are RFLP, RAPD, AFLP, STS, SCARs, SSR, ISSR, Transposons, and SNPs.

Keywords: Maize, Molecular Technology, Molecular Marker, Plant Breeding

Pendahuluan

Jagung merupakan sumber karbohidrat bahan pangan di Indonesia. Tingginya minat pasar terhadap jagung memotivasi petani untuk giat membudidayakan jagung sebagai tanaman pertanian esensial (Parazulfa, *et al.*, 2017). Jagung tergolong pangan serealisa strategis dan bernilai ekonomi dan berpeluang untuk terus dikembangkan karena memiliki kemampuan tumbuh baik pada berbagai jenis tanah, daerah beriklim tropis, maupun subtropics (Abidin, 2022). Selain perannya sebagai sumber pangan, jagung juga diperlukan untuk menyusun sumber pakan ternak khususnya unggas (Siswati *et al.*, 2015), juga dimanfaatkan sebagai sumber energy pada konsentrat pada ternak ruminansia dan non-ruminansia (Cooke *et al.*, 2008).

Di Indonesia, jagung merupakan pangan serealisa yang mendapat prioritas dalam pembangunan pertanian. Adapun daerah penghasil jagung di Indonesia diantaranya Sumatera Utara, Riau, Sumatera Selatan, Lampung, Jawa Barat, Jawa Tengah, D.I. Yogyakarta, Jawa Timur, Nusa Tenggara Timur, Sulawesi Utara, Sulawesi Selatan, dan Maluku (Amzeri, 2018).

Di tahun 2014, di Indonesia, produksi jagung mencapai 19,03 juta ton pipilan kering atau mengalami peningkatan sebanyak 0,52 juta ton (2,81%) dibanding tahun 2013. Peningkatan tersebut terjadi di Jawa dan Luar Jawa masing masing sebanyak 0,06 juta ton dan 0,46 juta ton. Terjadinya peningkatan produksi karena adanya penambahan luas areal panen seluas 16,51 ribu hektar (0,43%) dan peningkatan produktivitas sebesar 1,15 kuintal/hektar area (2,37%) (BPS, 2015).

Upaya optimalisasi produksi jagung terus digalakkan melalui intensifikasi program pemuliaan tanaman. Program pemuliaan tanaman secara konvensional pada umumnya didasarkan pada karakteristik tanaman secara fenotipik baik secara individu maupun populasi. Kegiatan pemuliaan tanaman dapat dilakukan melalui tahapan mengoleksi plasma nutfah, mengidentifikasi dan mengkarakterisasi, menginduksi keragaman, seleksi, pemeriksaan dan penilaian, dan pelepasan, distribusi, dan komersialisasi (Carsono, 2008).

Penggunaan penanda molekuler sebagai alat bantu dalam menyeleksi tanaman Marker Assisted Selection (MAS) mengefesienkan kegiatan pemuliaan tanaman menjadi lebih efisien. Studi ini bertujuan untuk mengidentifikasi teknologi marka molekuler pada program pemuliaan jagung (*Zea mays* L.) untuk diterapkan pada sistem agroforestry.

Metode Penelitian

Studi ini menggunakan metode systematic review dengan analisis teknik sintesis (*meta-sintesis*).

Hasil dan Diskusi

Pendekatan marka molekuler berbasis fingerprint DNA sukses membangun teknologi molekuler yang mampu menemukan gen gen spesifik pada tanaman. Pemanfaatan marka molekuler penting dilakukan guna mengintensifkan program pemuliaan tanaman dalam hal melakukan analisis genetik, analisis hubungan kekerabatan, pemetaan genetik, dan seleksi tanaman (Vigouroux *et al.*, 2005).

Pemuliaan tanaman menggunakan penanda molekuler berperan dalam

menanggulangi masalah yang biasa dihadapi dalam metode konvensional termasuk karakter yang dikendalikan oleh gen resesif (Azrai, 2006). Identifikasi molekuler dibutuhkan dalam operasi pemuliaan tanaman untuk mendapatkan hasil yang konsisten dengan waktu yang efisien (Nuraida, 2012).

Pemanfaatan penanda molekuler pada tanaman jagung semakin berkembang seiring dengan semakin banyaknya seleksi marka DNA, antara lain Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD), Sequence Tagged Sites (STSs), Sequence Characterized Amplified Regions (SCARs), Simple Sequence Repeats (SSRs) (Ramlah *et al.*, 2018) dan Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) (Azrai, 2006), Inter Simple Sequence Repeats (ISSRs) (Bani *et al.*, 2017), Transposon (Weising *et al.*, 2005).

- RFLP

RFLP merupakan marka molekuler yang memanfaatkan enzim restriksi dalam mengidentifikasi sekuen DNA pada genom tanaman. Jenis enzim yang digunakan yaitu restriction endonuclease. Enzim ini memotong DNA pada urutan nukleotida spesifik yang disebut restriction endonuclease recognition site (Marks *et al.*, 1996).

- RAPD

RAPD merupakan marka berbasis PCR bersifat dominan dan polimorfik (Poerba *et al.*, 2012), digunakan sebagai penanda DNA fingerprinting. RAPD dapat digunakan untuk mendeteksi tingkat polimorfisme pada urutan nukleotida dengan memanfaatkan primer tunggal yang mengandung urutan nukleotida secara acak pada genom (Sari *et al.*, 2014). RAPD bersifat dominan

- AFLP

AFLP mempunyai tingkat pengulangan dengan derajat konsistensi yang optimal, spesifik, dan mampu membedakan homozigot, dan heterozigot (Wooten *et al.*, 2009). Teknik AFLP berbasiskan amplifikasi selektif dari fragmen fragmen DNA hasil restriksi endonuclease. Teknik ini terdiri dari tiga tahap yaitu restriksi DNA dan ligase adapter, amplifikasi selektif dari fragmen fragmen restriksi, dan analisis gel dari produk amplifikasi (Setiawan, 2001). Marka ini tidak membutuhkan sekuen dari genom tanaman

yang dianalisis. Selain itu, marka ini juga mampu menghasilkan pita DNA polimorfis.

- STS

STS memiliki panjang 18-25 nukleotida, dapat digunakan dalam pemetaan genetic mendeteksi keragaman genetic yang polimorfis, kodominan, dan menghasilkan amplifikasi yang stabil (Jaenudin, (2019). Marka STS berbasis PCR, tersusun atas urutan nukleotida pendek yang spesifik dan mampu mengenali satu atau lebih lokus spesifik (Nugroho *et al.*, 2015).

- SCARs

SCAR merupakan fragmen pita DNA yang dapat dibuat berdasarkan fragmen hasil RAPD yang terhubung dengan gen spesifik. Marka SCAR mampu mendeteksi gen spesifik, cepat, dan memiliki tingkat spesifitas yang tinggi (Kalqutny *et al.*, 2020). SCAR bersifat kodominan, memiliki reproduksibilitas yang tinggi, dapat dimanfaatkan untuk pemetaan genetic berbasis PCR, dan bersifat spesifik (Anwar *et al.*, 2021).

- SSR

SSR tersusun atas fragmen DNA motif pendek 1 - 6 pasang basa, diulang secara tandem lima-enam kali atau lebih didalam genom (Vigourux *et al.*, 2002). Marka SSRs bersifat polimorfis, dapat digunakan tanpa merusak bahan tanaman karena membutuhkan sedikit sampel seperti biji untuk tahapan isolasi DNA (Andayani *et al.*, 2016). Marka SSR menyebar dan melimpah di dalam genom tanaman, memiliki variasi tinggi, bersifat kodominan, dan lokus genom dapat diketahui, memiliki reproduksibilitas yang tinggi, alat bantu yang akurat dalam melakukan evaluasi kemurnian benih, pemetaan genetik, dan seleski (Powel *et al.*, 1996).

- ISSR

ISSR merupakan penanda molekuler berbasis PCR yang mengamplifikasi daerah diantara dua ulangan nukleotida pendek (mikrosatelit). Marka ini mampu menganalisis multi lokus dalam reaksi tunggal (Narayanan *et al.*, 2007). Marka ISSR hanya membutuhkan 5-50 ng DNA, tersebar diseluruh genom tanaman, mampu memproduksi pita polimorfis yang lebih tinggi dibandingkan RAPD, bersifat dominan, dan dapat dimanfaatkan untuk menganalisis

variabilitas genetik pada suatu populasi (Rakoczy-Trojanowska, M., & Bolibok, H, 2004).

- Transposon

Transposon adalah untai DNA yang memiliki kemampuan untuk bergerak dan berpindah dari satu posisi ke posisi yang lain didalam genom sebuah sel. Perpindahan ini disebut juga transposisi. Selama proses ini, transposisi dapat menyebabkan terjadinya mutase dan perubahan ukuran DNA. Transposon juga biasa disebut “gen lompat” atau “*jumping genes*”, dan merupakan contoh elemen gen bergerak (*Mobile genetic element*). Transposon ditemukan pertamakali oleh Barbara McClintock dengan menganalisis variasi warna pada tanaman jagung (Weising *et al.*, 2005).

- SNPs

SNP merupakan marka molekuler yang saat ini banyak diteliti. SNP bersifat kodominan, diartikan sebagai suatu disimilaritas urutan nukleotida tunggal pada genom suatu tanaman yang menimbulkan variabilitas genetik (Putri *et al.*, 2019). Nukleotida tunggal tersebut merupakan satu basa nukleotida *Adenine* (A), *Guanine* (G), *Cytosine* (C), dan *Thymine* (T). SNP berada pada coding region yang disebut cSNP yang mempunyai potensi mempengaruhi fungsi gen karena adanya perubahan susunan asam amino dan struktur protein (Meng *et al.*, 2001). SNP dapat digunakan dalam seleksi, dan pemetaan genomik (Reshma *et al.*, 2021). Perkembangan SNP didukung oleh teknologi sekuensing DNA. Next Generation Sequencing (NGS) merupakan teknologi sekuensing DNA yang populer digunakan. NGS dapat memberikan hasil dengan spesifitas yang tinggi dan hasil yang sangat baik (Hasibuan, 2015).

Kesimpulan

Pemanfaatan teknologi marka molekuler untuk program pemuliaan tanaman jagung untuk diaplikasikan pada sistem agroforestry mampu meningkatkan efisiensi dalam perbaikan karakter tanaman jagung dengan memaksimalkan potensi genetik tanaman yang berdaya hasil dan kualitas tinggi. Marka molekuler yang umumnya dilakukan pada tanaman jawawut yaitu menggunakan marka

RFLP, RAPD, AFLP, STS, SCARs, SSR, ISSR, Transposon, dan SNPs.

Daftar Pustaka

- Abidin, Z. (2022). Paradigma Usaha Tani Tanaman Ternak Terintegrasi Optimal: Perspektif Sumber Daya Terbatas dan Musim Berbeda. Penerbit NEM.
- Andayani, N. N., HG, M. Y., & Pabendon, M. B. (2016). Keragaman genetik inbrida jagung QPM dan provit-A berdasarkan marka SSRs (Simple Sequence Repeats).
- Anwar, A., & Sutanto, A. (2021). Seleksi Marka SCAR untuk Identifikasi Dini Jenis Kelamin Tanaman Pepaya (The Selection of SCAR Markers for Early Sex Identification of Papaya).
- Amzeri, A. (2018). Tinjauan perkembangan pertanian jagung di madura dan alternatif pengolahan menjadi biomaterial. *Rekayasa*, 11(1), 74-86.
- Azrai, M. (2006). Sinergi teknologi marka molekuler dalam pemuliaan tanaman jagung. *Jurnal Litbang Pertanian*, 25(3), 81-89.
- Bani, P. W., Daryono, B. S., & Purnomo, P. (2017). Penanda molekuler inter simple sequence repeat untuk menentukan ketahanan tanaman jagung terhadap penyakit bulai. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*, 13(4), 127-127.
- [BPS] Badan Pusat Statistik. Berita Resmi Statistik Produksi Padi, Jagung, dan Kedelai. No.28/03/Th. XVIII, 2015.
- Carsono N. (2008). Peran Pemuliaan Tanaman dalam Meningkatkan Produksi Pertanian di Indonesia”. Disampaikan dalam Seminar on Agricultural Sciences Mencermati Perjalanan Revitalisasi Pertanian, Perikanan dan Kehutanan dalam Kajian Terbatas Bidang Produksi Tanaman, Pangan. Tokyo.
- Cooke K.M, Bernard JK, and West JW. (2008). Performance of Dairy Cows Fed Annual Ryegrass Silage and Corn Silage with Steam-Flaked or Ground Corn”. *Journal. Dairy Sci.* 91. 2417 – 2422.
- Hasibuan, L. S. (2015). Pengaruh teknik penyeimbangan data terhadap performa model identifikasi Single Nucleotide Polymorphism (SNP): Studi kasus

- genom Kedelai (Doctoral dissertation, Bogor Agricultural University (IPB)).
- Jaenuidin, J. (2019). Keragaman Genotip Padi Lokal Menggunakan Marka Molekuler Sequence Tagged Site (STS) Gen Terkait Ketahanan Terhadap Penyakit Blas (Doctoral dissertation, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa).
- Kalqutny, S. H., Pakki, S., & Muis, A. Potensi Pemanfaatan Teknik Molekuler Berbasis DNA dalam Penelitian Penyakit Bulai pada Jagung The Potential Use of DNA Based Molecular Techniques in The Study of Maize Downy Mildew.
- Marks, D.B., Marks, A.D., Smith, C.M. (1996). Basic Medical Biochemistry. Williams & Wilkins. Baltimore
- Meng, K. O. U., XU, J. L., Qiang, L. I., LIU, Y. J., Xin, W. A. N. G., Wei, T. A. N. G & ZHANG, Y. G. (2017). Development of SNP markers using RNA-seq technology and tetra-primer ARMS-PCR in sweetpotato. *Journal of integrative agriculture*, 16(2), 464-470.
- Narayanan, C., Wali, S. A., Shukla, N., Kumar, R., Mandal, A. K., & Ansari, S. A. (2007). RAPD and ISSR markers for molecular characterization of teak (*Tectona grandis*) plus trees. *Journal of Tropical Forest Science*, 218-225.
- Nugroho, K., Reflinur, R., Lestari, P., Rosdianti, I., Terryana, R. T., Kusmana, K., & Tasma, I. (2015). Keragaman Genetika Empat Belas Aksesori Kentang (*Solanum tuberosum* L.) Berdasarkan Marka SSR dan STS (Genetic Diversity of Fourteen Potato Accessions Based on SSR and STS Markers).
- Nuraida, D. (2012). Pemuliaan tanaman cepat dan tepat melalui pendekatan marka molekuler. *El-Hayah*, 2(2).
- Parazulfa, A. (2017). Karakter Fenotip dan Seleksi Ketahanan Jagung (*Zea mays* L.) Terhadap Penyakit Bulai (*Peronosclerospora maydis* (Racib.) CG Shaw) (Doctoral dissertation, Universitas Gadjah Mada).
- Poerba, Y. S., Imelda, M., & Martanti, D. (2012). Analisa kestabilan genetik pisang kepok 'Unti Sayang' hasil mikroprogasi dengan marka RAPD dan ISSR. *Berita Biologi*, 11(2), 275-282.
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular breeding*, 2, 225-238.
- Putri, A., & Wathon, S. (2019). Aplikasi single nucleotide polymorphism (SNP) dalam studi farmakogenomik untuk pengembangan obat. *Biotrends*, 9(2), 69-74.
- Rakoczy-Trojanowska, M., & Bolibok, H. (2004). Characteristics and a comparison of three classes of microsatellite-based markers and their application in plants. *Cellular and Molecular Biology Letters*., 9(2), 221-238.
- Ramlah, R., Aziz, I. R., Muthiadin, C., Masri, M., Mustami, M. K., & Pabendon, M. B. (2018). Genetic Diversity Of Local Maize Germplasm Of Tana Toraja South Sulawesi Using SSR (Simple Sequence Repeat) Markers. *Ilmu Pertanian (Agricultural Science)*, 2(3), 144-153.
- Reshma, R. S., & Das, D. N. (2021). Molecular markers and its application in animal breeding. In *Advances in Animal Genomics* (pp. 123-140). Academic Press.
- Sari, A. K., Nuryanto, A., & Susanto, A. H. (2014). Karakterisasi beberapa strain gurami *Osphronemus gouramy* Lac. menggunakan marka RAPD. *Scripta Biologica*, 1(1), 109-112.
- Setiawan, A. (2001). Pemetaan marker AFLP untuk membuat peta genetik bit gula. *Jurnal Agronomi Indonesia (Indonesian Journal of Agronomy)*, 29(2).
- Siswati A, Basuki N, dan Sugiharto A. Karakterisasi Beberapa Galur Inbrida Jagung Pakan (*Zea mays* L.). *Jurnal Produksi Tanaman* vol.3 no.1 (2015): 19-26.
- Vigouroux, Y., Jaqueth, J. S., Matsuoka, Y., Smith, O. S., Beavis, W. D., Smith, J. S. C., & Doebley, J. (2002). Rate and pattern of mutation at microsatellite loci in maize. *Molecular Biology and Evolution*, 19(8), 1251-1260.
- Vigouroux, Y., Mitchell, S., Matsuoka, Y., Hamblin, M., Kresovich, S., Smith, J. S.

- C., & Doebley, J. (2005). An analysis of genetic diversity across the maize genome using microsatellites. *Genetics*, 169(3), 1617-1630.
- Wooten JA, Tolley-Jordan LR. (2009). Validation of phylogenetic signals in amplified fragment length data: testing the utility and reliability in closely related taxa. *BMC Res Notes* 2:26. doi: 10.1186/1756-0500-2-26.
- Weising, K., Nybom, H., Pfenninger, M., Wolff, K., & Kahl, G. (2005). *DNA fingerprinting in plants: principles, methods, and applications*. CRC press.