

# IDENTIFIKASI GEN KEGENJAHAN PADI GENERASI F<sub>2</sub> HASIL PERSILANGAN KULTIVAR CIAPUS X KITAAKE MENGUNAKAN DUA MARKA SSR SERTA KORELASINYA DENGAN KARAKTER UMUR KELUAR MALAI

Nono Carsono<sup>1</sup>, Ahmad Zaelani<sup>2</sup>, dan Meddy Rachmadi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Staf Pengajar Program Studi Agroteknologi Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran

<sup>2</sup>Mahasiswa Program Studi S-1 Agroteknologi, Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran

Jl. Raya Bandung-Sumedang KM.21 Jatinangor 45363 Telp/Fax (022) 7796316

Penulis untuk korespondensi: ncarsono@unpad.ac.id

## ABSTRACT

Identification Of Early Maturing Gene in F<sub>2</sub> Generation of Rice Derived from Cross between Cv. Ciapus x Kitaake by using Two Ssr Markers and its Correlation with Heading Date. Developing of early maturing rice is very important for increasing rice crop productivity in Indonesia. The use of molecular markers, such as SSR markers, in selecting desired genotype will be tremendously helpful. SSR markers are widely used since they are simple, economic, accurate, codominant and has high polymorphic level. The objective of current experiment was to obtain genotype with molecularly (SSR profile) as well as phenotypically characterized (early heading date). One hundred two plants of F<sub>2</sub> generation of rice derived from cross between cv. Ciapus (high productivity) and Kitaake (earliest of heading date) were selected based on molecular and phenotypic markers of early flowering traits. Heading date was used as phenotypic marker, whereas molecular markers used were SSR markers of RM7601 (detecting *Hd2*) and RM19414 (detecting *Hd3*). PCR analysis was conducted at Lab of Plant Analysis and Biotechnology, meanwhile field experiment was performed at Ciparanje Experimental Station, Faculty of Agriculture, Universitas Padjadjaran. Results indicated that thirty-seven plants were selected on the basis of the presence of SSR markers. Genotypes # 136 and # 300 were the promising ones based on both molecular and phenotypic markers. However correlation coefficient were 0.012 for RM7601 and -0.142 for RM19414, respectively, indicating a weak relationship between molecular markers with phenotypic markers. This could be due to a large effect of environmental factors on heading date. Two plants (# 136 and 300) are highly recommended for future research in the development of early maturing rice lines.

**Key words:** Correlation, early mature, heading date, rice, SSR markers.

## ABSTRAK

Pengembangan padi yang berumur genjah sangat penting untuk peningkatan produktifitas tanaman padi di Indonesia. Pemanfaatan marka molekuler seperti marka SSR sangat membantu dalam proses seleksi tanaman yang diinginkan. Marka SSR digunakan karena sederhana, murah, akurat, kodominan dan tingkat polimorfisnya tinggi. Percobaan ini bertujuan untuk mendeteksi genotip yang mempunyai sifat genjah secara molekuler (profil SSR) dan fenotipik (umur keluar malai cepat). Seratus dua tanaman padi generasi F<sub>2</sub> persilangan kultivar Ciapus (produktifitas tinggi) dengan Kitaake (umur keluar malai cepat) diseleksi berdasarkan marka molekuler dan marka fenotip kegenjahan. Umur keluar malai digunakan sebagai marka fenotipik, sedangkan marka molekuler menggunakan marka RM7601 (mendeteksi *Hd2*) dan RM19414 (mendeteksi *Hd3*). Analisis PCR dilakukan di Laboratorium Analisis dan Bioteknologi Tanaman, sedangkan percobaan lapangan dilakukan di Kebun Percobaan Ciparanje, Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran. Diperoleh tiga puluh tujuh genotip yang terseleksi berdasarkan profil marka SSR. Genotip 136 dan 300 merupakan genotip yang terpilih berdasarkan kedua marka molekuler dan marka fenotip. Nilai koefisien korelasi, yaitu 0,012 untuk RM7601 dan -0,142 untuk RM19414 menunjukkan lemahnya hubungan antara marka molekuler dengan marka fenotip. Hal tersebut disebabkan oleh pengaruh faktor lingkungan yang besar pada karakter umur keluar malai. Kedua genotipe terpilih (136 dan

300) direkomendasikan untuk dilanjutkan ke generasi berikutnya dalam proses perakitan padi berumur genjah.

**Kata kunci:** Korelasi, umur genjah, umur keluar malai, padi, marka SSR.

## PENDAHULUAN

Beras merupakan makanan pokok yang sangat penting di dunia setelah gandum. Seiring dengan pertumbuhan jumlah penduduk Indonesia yang terus mengalami peningkatan dari 205,1 juta pada tahun 2000 menjadi 273,2 juta pada tahun 2025 (Badan Pusat Statistika, 2009), serta semakin sempitnya luas lahan sawah merupakan masalah untuk ketahanan pangan di Indonesia yang akan dihadapi pada masa yang akan datang. Salah satu upaya antisipasi yang dilakukan oleh Badan Litbang Pertanian dalam menghadapi masalah tersebut, yaitu program Indeks Pertanaman Padi 400 (IP Padi 400). Program pengembangan IP Padi 400 adalah suatu sistem pola tanam empat kali tanam padi secara berturut-turut dalam satu siklus 12 tahun kalender. Dengan program ini diharapkan dapat meningkatkan produksi padi dari rata-rata 10 ton menjadi 20 ton per hektar per tahun tanpa memperluas areal sawah (Sudana, 2010). Beberapa upaya pemuliaan tanaman padi yang sudah dilakukan untuk merakit varietas unggul baru berumur genjah (105-120 hari), salah satunya, yaitu perakitan varietas Dodokan dan Silugonggo (Moeljopawiro *et al.*, 2010). Akan tetapi, padi-padi berumur genjah tersebut dikhususkan untuk padi gogo dengan potensi hasil yang rendah, sehingga diperlukan perakitan galur-galur padi berumur genjah untuk lahan sawah.

Laboratorium Pemuliaan Tanaman Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran berupaya merakit tanaman padi yang memiliki karakter umur genjah. Perakitan dilakukan dengan menggunakan persilangan antara padi kultivar Ciapus (*Indica*) dengan Kitaake (*Japonica*). Carsono *et al.* (2011) melaporkan bahwa kultivar Kitaake mempunyai umur keluar malai 57 hari setelah tanam dan umur panen kurang dari 90 hari setelah tanam. Pada kultivar Ciapus yang termasuk padi jenis *indica* mempunyai potensi produktifitas tinggi dengan potensi hasil mencapai 8,2 t/ha (Balai Besar Padi, 2009).

Pada umumnya di Indonesia metode seleksi yang digunakan berbasis fenotipik. Metode yang digunakan yaitu metode bulk sampai dengan tahun 1950-an, kemudian beralih ke metode pedigree (Harahap dan Silitonga 1989; Susanto *et al.*, 2003). Diperkirakan tenaga lebih besar, biaya mahal, dan waktu yang cukup lama dengan menggunakan metode-metode tersebut, sehingga diperlukan alternatif cara yang cepat dan efektif dalam perakitan padi selanjutnya. Seiring perkembangan kemajuan teknologi, teknik marka molekuler dapat membantu mengatasi permasalahan seperti di atas yaitu dengan menggunakan *marker assisted selection* (MAS).

*Marker assisted selection* adalah metode seleksi materi pemuliaan tanaman yang berbasis DNA dengan dibantu teknologi marka molekuler (Susanto *et al.*, 2007). Kelebihan dari teknologi tersebut, yaitu seleksi dapat dilakukan pada tahap pembibitan sehingga kegiatan perakitan tanaman lebih efektif karena tidak perlu menunggu tanaman tumbuh menjadi besar untuk melakukan seleksi (Francia, 2005). *Marker assisted selection* akan sangat membantu dalam proses seleksi yang akan dilakukan pada generasi F<sub>2</sub> hasil persilangan kultivar Ciapus dengan Kitaake yang mengalami segregasi maksimal sehingga sangat potensial untuk dideteksi keberadaan gen-gen kegenjahan yang diduga terpaut dengan marka-marka molekuler yang akan diujikan pada penelitian ini.

Marka yang digunakan dalam penelitian ini yaitu RM7601 dan RM19414 yang mendeteksi QTL (*quantitative traits loci*) *Hd2* dan *Hd3*. *Hd3* adalah QTL untuk karakter umur keluar malai yang letaknya berada di kromosom 6 (Yamamoto *et al.*, 1998), sedangkan *Hd2* merupakan QTL pengendali fotoperiodesitas (Lin *et al.*, 2000). Kedua marka tersebut merupakan marka tipe SSR yang memiliki sifat relatif praktis (*PCR base*), akurat, tingkat polimorfisnya tinggi, dan memungkinkan multipleks (aplikasi beberapa marka sekaligus).

Hasil analisis pola pita dari marka RM7601 dan RM19414 dengan marka fenotip (umur keluar malai) akan digunakan dalam penelitian ini untuk mengidentifikasi tanaman-tanaman tunggal yang memiliki karakter kegenjahan di lapangan, sedangkan untuk marka molekuler, pengujian dilakukan dengan membandingkan profil pita keturunan tanaman F<sub>2</sub> dengan tetua Ciapus dan Kitaake.

Data molekuler dan data fenotip dikorelasikan untuk mengetahui keeratan hubungan antara kedua primer. Hasil korelasi digunakan sebagai acuan untuk mengetahui sejauh mana kehandalan kedua marka tersebut dalam mengidentifikasi gen *Hd2* dan *Hd3*.

## BAHAN DAN METODE

Percobaan dilakukan di Laboratorium Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran. Penelitian dilaksanakan dari bulan Februari 2012 sampai dengan Juli 2012. Bahan-bahan yang digunakan dalam percobaan ini yaitu :

- Tahap ekstraksi DNA : 102 sampel daun tanaman padi generasi F<sub>2</sub> hasil persilangan padi kultivar Ciapus x Kitaake, CTAB, SDS, fenol, potasium asetat 5%, isopropanol, alkohol 70%, dan bufer TE.
- Tahap spektrofotometri: bufer TE, cetakan DNA hasil ekstraksi.
- Tahap amplifikasi PCR: cetakan DNA, 2 primer SSR (Tabel 1), Go Taq® Green Master Mix, nuclease-Free water.
- Tahap Elektroforesis: Top Vision Agarose (Fermentas), Larutan TBE 0,5X 6X Loading Dye #R0611 (Fermentas), Gen Ruller #SM0311 1kb (Fermentas), Gen Ruller #SM0311 100 bp (Fermentas), alumunium foil dan Ethidium Bromide (EtBr).
- Tahap Visualisasi DNA: Alkohol 70%, plastik wrap dan tisu.

Metode penelitian yang digunakan adalah metode eksperimental dengan menggunakan analisis molekuler berbasis PCR untuk mendeteksi gen umur keluar malai. Materi genetik yang digunakan, yaitu daun padi dari 102 tanaman generasi F<sub>2</sub> hasil persilangan kultivar Ciapus x Kitaake yang telah ditanam di Kebun Percobaan Ciparanje Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran. Ekstraksi DNA menggunakan metode Dellaporta dengan modifikasi (Dellaporta *et al.*, 1983). Setelah ekstraksi DNA, untuk mengetahui konsentrasi DNA yang didapat dari hasil ekstraksi, di-lakukan uji kuantitas DNA menggunakan spektrofotometer dengan panjang gelombang 260 nm (Sambrook and Russell, 1989).

**Tabel 1.** Marka SSR yang digunakan dalam penelitian.

| No. | Primer  | Sekuen DNA   | Produk PCR | Target QTL | Referensi                             |
|-----|---------|--|------------|------------|---------------------------------------|
| 1   | RM7601  | F 5'TGGGTTAGCTGACCTAGATTCAA-3'<br>R 5'GCCAACCACAAGAGGATCGT-3'    | 133        | <i>Hd2</i> | Moeljopawiro dkk. (2010)              |
| 2   | RM19414 | F 5'GTCAGAACTTCAACACCAAGG-3'<br>R 5'CTGTATAGCTTGATCTAGGAGTAGC-3' | 504        | <i>Hd3</i> | (Anas dkk, 2010 tidak dipublikasikan) |

Amplifikasi DNA dengan PCR dilakukan menggunakan komponen reaksi dengan volume total reaksi 25 µl yang terdiri atas 12,5 µl Go Taq® *green master mix*, 9,5 µl *nuclease-free water*, 1 µl *primer forward*, 1 µl *primer reverse*, dan 1 µl *template DNA* dengan konsentrasi 50 ng/µl. Program PCR untuk *primer RM7601* *initial denaturation* 94°C selama 5 menit, 35 siklus untuk *denaturation* 94°C selama 1 menit, *annealing* 55°C 1 menit, *extension* 72°C selama 2 menit, dan *final extension* 72° selama 7 menit. Program PCR untuk *primer RM19414* yaitu *initial denaturation* 95°C selama 2 menit, 35 siklus untuk *denaturation* 95°C selama 1 menit, *annealing* 57°C 1 menit, *extension* 72°C selama 2 menit, dan *final extension* 72°C selama 5 menit. Separasi DNA pada agarose gel 1,5% dan pewarnaan DNA dengan *EtBr* divisualisasi dengan *gel documentation* Syngene.

Pengamatan yang dilakukan yaitu analisis DNA profil hasil PCR yang menggunakan *primer SSR*, diantaranya RM7601 dan RM19414. Analisis profil DNA 102 genotip menggunakan perbandingan pola pita antara dua tetua (Ciapus dan Kitaake) dengan dibantu perangkat lunak *gen tools*. Skoring pola pita menggunakan symbol sebagai berikut:

- = Pola pita sesuai dengan tetua Ciapus (umur dalam)
- + = Pola pita sesuai dengan tetua Kitaake (genjah)

Hasil data molekuler tersebut dikorelasikan dengan data fenotip umur keluar malai dari lapangan dan diolah dengan program SPSS 17.0 dengan menggunakan rumus Korelasi Spearman (Gomez & Gomez, 1995):

$$p = 1 - \frac{6\sum d^2}{N(N^2 - 1)}$$

Keterangan:

p(rho) = koefisien korelasi.

d = perbedaan rank.

N = jumlah total subjek.

Umur keluar malai diklasifikasikan berdasarkan interval antara umur keluar malai dari tetua Ciapus dengan tetua Kitaake sehingga dapat membedakan umur keluar malai yang cepat dengan tanaman yang umur keluar malainya lama. Klasifikasi umur panen dari Balai Besar Padi (BB Padi) menjadi acuan dalam klasifikasi umur keluar malai pada penelitian ini. Hal tersebut dikarenakan belum ada acuan khusus dalam klasifikasi umur tanaman padi berdasarkan umur keluar malai. Klasifikasi tersebut terdiri atas ultra genjah, sangat genjah, genjah, sedang dan umur dalam.

**Tabel 2.** Klasifikasi umur keluar malai.

| Klasifikasi   | Umur keluar malai |
|---------------|-------------------|
| Dalam         | ≥77 HST           |
| Sedang        | 69-76 HST         |
| Genjah        | 61-68 HST         |
| Sangat genjah | 53-60 HST         |
| Ultra genjah  | 45-52 HST         |

HST = hari setelah tanam.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

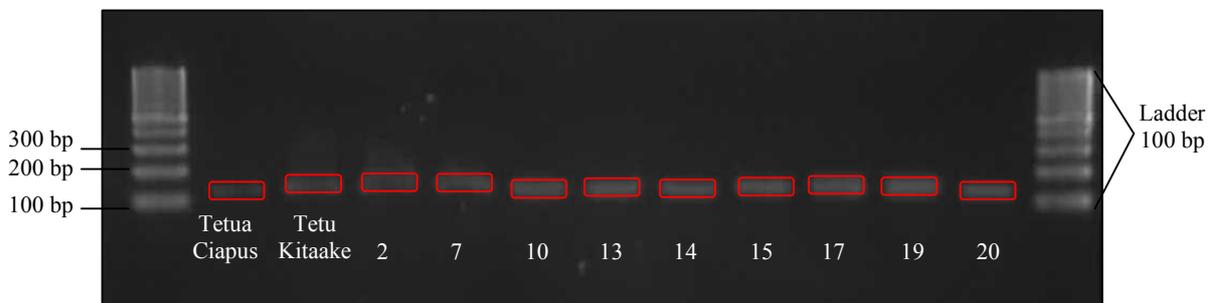
Seratus dua genotip, diamplifikasi menggunakan marka SSR gen *Hd2*, yaitu RM7601. Moeljopawiro (2010) dalam penelitiannya menggunakan *Primer* RM7601 untuk menyeleksi keturunan hasil persilangan Cihayang dengan Nipponbare dalam perakitan tanaman berumur genjah dan produktivitas tinggi. Profil pita yang dihasilkan, yaitu perbedaan ukuran antara tetua Kitaake dengan tetua Ciapus.

Pada Gambar 5 di atas dapat dilihat bahwa tetua Ciapus dan Kitaake mempunyai profil pita yang berbeda. Identifikasi dengan menggunakan perangkat lunak *gen tools* didapatkan genotip 2, 7, 10, 17, dan 19 memiliki pola pita yang sama dengan tetua Kitaake sehingga diduga genotip-genotip tersebut memiliki gen *Hd2*.

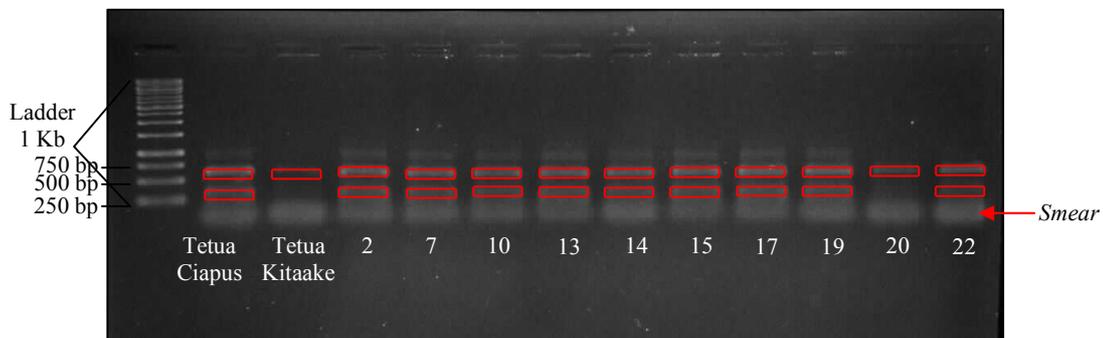
Berdasarkan *primer* RM7601, genotip yang memiliki pola pita yang sama dengan tetua Ciapus sejumlah 62 genotip, sedangkan 40 genotip memiliki pola pita sama dengan tetua Kitaake. Empat puluh genotip mempunyai pola pita yang sama dengan tetua Kitaake diduga mempunyai gen *Hd2* dan berumur genjah.

Selain diamplifikasi dengan *primer* RM7601, seratus dua genotip diamplifikasi juga dengan menggunakan *primer Hd3*, yaitu RM19414. Hasil profil pita DNA dengan menggunakan *primer* tersebut terdapat bagian yang disebut *smear*. Hal tersebut dapat disebabkan oleh beberapa faktor diantaranya kualitas *primer*, suhu annealing pada program PCR yang digunakan, dan faktor teknis lain terkait dengan kegiatan PCR (Dualembang *et al.*, 2009).

Genotip dengan pola pita yang sama dengan tetua Ciapus sejumlah 83, sedangkan 19 genotip yang memiliki pola pita sama dengan tetua Kitaake. Sembilan belas genotip tersebut diduga mempu-



Gambar 5. Profil Pita DNA Hasil PCR Menggunakan *Primer* RM7601.



Gambar 6. Profil Pita DNA Hasil PCR Menggunakan *Primer* RM19414.

nyai gen *Hd3*, yaitu gen mayor yang mengontrol karakter *heading date* sehingga mempunyai keluar malai yang cepat.

Hubungan antara marka molekuler dan marka fenotip dapat diketahui dengan melakukan analisis korelasi data skoring marka molekuler dengan data umur keluar malai. Analisis dilakukan pada 102 genotip yang sudah dianalisis secara molekuler dengan menggunakan 2 *primer* dan dilakukan skoring terhadap profil pita DNA-nya.

Hasil uji korelasi Spearman dengan menggunakan program SPSS 17 menghasilkan nilai koefisien korelasi 0,012 untuk *primer* RM7601 dan -0,142 untuk *primer* RM19414. Nilai koefisien korelasi tersebut menunjukkan bahwa lemahnya hubungan antara marka-marka yang digunakan dengan umur keluar malai yang terdapat di lapangan. Hasil negatif (-) pada koefisien korelasi menunjukkan korelasi tidak langsung yang terjadi antara *primer* RM19414 dengan karakter umur keluar malai di lapangan. Lingkungan sangat berpengaruh pada karakter umur keluar malai yang menyebabkan data dari hasil marka molekuler dengan data di lapangan banyak yang tidak sesuai.

Setelah diketahui korelasinya, kemudian dilakukan seleksi pada individu-individu tanaman. Kegiatan seleksi terbagi ke dalam dua kegiatan, yaitu seleksi tanaman  $F_2$  berdasarkan marka fenotip, yaitu karakter keluar malai dan seleksi berdasarkan marka molekuler. Metode seleksi yang digunakan, yaitu pengkodean pada data molekuler dan data umur keluar malai. Lambang tanda positif (+) pada data molekuler menunjukkan bahwa genotip tersebut diduga mempunyai sifat umur keluar malai yang cepat secara genetik, sedangkan tanda positif (+) pada data fenotipik merupakan pengkategorian perhitungan umur keluar malai yang cepat di lapangan. Selain itu, tanda negatif (-) pada data molekuler dan data fenotipik menunjukkan bahwa genotip tersebut tidak berumur genjah.

Berdasarkan perbandingan data analisis molekuler dan fenotipik umur keluar malai (data tidak ditampilkan) terdapat enam kelompok data. Pada Kelompok pertama terdapat beberapa genotip yang mempunyai data molekuler berdasarkan 2 *primer* termasuk dalam kategori genjah, tetapi pada data fenotip menunjukkan tidak genjah yang terlihatnya pada genotip 132, 153, 283, 292, dan 299. Gen pengendali umur keluar malai *Hd2* dan *Hd3* tidak terekspresikan pada genotip-genotip tersebut sehingga tanaman tersebut tidak genjah di lapangan.

Kelompok dua memperlihatkan genotip yang berdasarkan molekuler dengan 1 *primer* dan fenotipik bersifat genjah yaitu pada genotip 2, 7, 10, 17, 19, 22, 38, 42, 43, 46, 48, 49, 50, 53, 55, 56, 127, 131, 137, 145, 149, 151, 164, 187, 190, 207, 208, 276, dan 284. Pada hasil kedua, gen yang berpengaruh pada tanaman, salah satunya yaitu gen *Hd2* atau *Hd3* terekspresikan di lapangan sehingga genotip tersebut berumur genjah.

**Tabel 3.** Korelasi antara data molekuler dengan karakter umur keluar malai.

| Primer  |                   | Umur keluar malai | Data molekuler |
|---------|-------------------|-------------------|----------------|
| RM7601  | Umur keluar malai | 1,000             | 0,012          |
|         | Data molekuler    | 0,012             | 1,000          |
| RM19414 | Umur keluar malai | 1,000             | -0,142         |
|         | Data molekuler    | -0,142            | 1,000          |

<0,20 : Hubungan yang sangat kecil dan bisa diabaikan; 0,20-<0,40 : Hubungan yang kecil (tidak erat); 0,40-<0,70 : Hubungan yang cukup erat; 0,70-<0,90 : Hubungan yang erat (reliabel); 0,90-< 1,00 : Hubungan yang sangat erat (sangat reliabel); 1,00 : Hubungan yang sempurna,

Pada kelompok tiga terdeteksi 1 *primer* yang menunjukkan genjah sedangkan *primer* lainnya tidak, fenotipik menunjukkan genotip-genotip tidak berumur genjah diantaranya genotip 20, 24, 39, 44, 47, 62, 71, 72, 74, 112, 148, 150, 162, 172, 202, 242, 254, dan 266. Hasil ketiga tersebut kebalikan dari hasil kedua. Walaupun terdapat gen pengendali pada genotip-genotip tersebut tetapi gen tersebut tidak dapat terekspresikan di lapangan.

Kelompok empat terdapat beberapa genotip yang secara molekuler menunjukkan sifat umur yang tidak genjah, akan tetapi pada fenotip masuk dalam kategori umur genjah. Genotip yang mempunyai sifat tersebut ditunjukkan pada genotip 15, 26, 28, 37, 40, 51, 52, 54, 56, 59, 63, 65, 69, 81, 83, 108, 110, 122, 134, 139, 140, 142, 143, 154, 157, 163, 195, 205, 210, 247, 273, 279, dan 300. Gen yang mengendalikan umur genjah pada genotip-genotip tersebut selain gen *Hd2* dan *Hd3*.

Kelompok lima, terdapat beberapa genotip yang mempunyai sifat tidak genjah secara molekuler dan fenotip diantaranya yaitu genotip 13, 14, 23, 26, 29, 31, 34, 41, 60, 133, 146, 212, 223, 245, 259, dan 271. Genotip-genotip tersebut tidak mempunyai gen *Hd2* dan *Hd3* dan di lapangan tidak memperlihatkan berumur tidak genjah juga. Walaupun tidak genjah secara molekuler dan fenotipik, akan tetapi tidak menutup kemungkinan terdapat gen pengendali umur keluar malai yang lain pada genotip-genotip tersebut. Hal sebaliknya terjadi pada kelompok enam, yaitu genotip 136 dan 300 merupakan genotip yang mempunyai sifat umur genjah baik secara molekuler maupun fenotipik.

Faktor-faktor yang dapat mempengaruhi dalam aplikasi MAS ini diantaranya, yaitu *primer* yang digunakan dan faktor lingkungan. *Primer* yang digunakan belum sesuai terutama faktor jumlah dalam mendeteksi gen pengendali umur keluar malai. Gen mayor umur keluar malai atau *heading date (Hd)* pada padi berjumlah 14 gen dan terdapat 24 gen minor lainnya yang mengendalikan karakter umur keluar malai, sedangkan hanya 2 *primer* yang digunakan pada penelitian ini. Selain faktor *primer*, faktor lingkungan seperti suhu, curah hujan, dan cahaya sangat berpengaruh pada karakter umur keluar malai (Kinoshita, 1998).

Suhu yang rendah dapat menginisiasi proses keluarnya malai untuk tanaman di daerah tropis, sedangkan tanaman daerah subtropis dapat menginisiasi pembungaannya pada suhu yang lebih tinggi (Salisbury dan Ross, 1995). Curah hujan berpengaruh pada proses inisiasi malai di daerah tropis. Proses inisiasi pembungaan banyak terjadi pada saat transisi antara musim hujan menuju kemarau. Kondisi transisi menuju kemarau berhubungan dengan meningkatnya intensitas cahaya, lama penyinaran dan suhu udara sehingga dapat meningkatkan metabolisme di dalam tanaman (Marrewijk, 1991). Selain suhu dan curah hujan, cahaya juga berperan penting dalam proses inisiasi pembungaan. Pada padi, intensitas cahaya lebih berperan penting dalam pembungaan dibandingkan dengan fotoperiodesitas. Hal tersebut dikarenakan padi merupakan tanaman berhari netral (*neutral day-plant*) sehingga pengaruh panjang hari tidak terlalu berpengaruh terhadap pembungaannya (Campbell, 1998).

## KESIMPULAN

Terdapat korelasi yang lemah antara *primer* RM7601 dan RM19414 dengan umur keluar malai, hal tersebut dikarenakan karakter umur keluar malai sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Tanaman yang terseleksi dari *primer-primer* yang digunakan serta data umur keluar malai yang telah diamati di lapangan mendapatkan genotip 136 dan 300 merupakan genotip yang paling baik

untuk dilanjutkan ke penelitian selanjutnya. Selain 2 genotip tersebut, tiga puluh lima genotip lainnya yang dapat dijadikan pertimbangan untuk dilanjutkan ke penelitian selanjutnya, yaitu genotip 2, 7, 10, 17, 19, 22, 38, 42, 43, 46, 48, 49, 50, 53, 55, 56, 127, 131, 132, 137, 145, 149, 151, 153, 164, 187, 190, 207, 208, 276, 283, 284, 292, dan 299.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih dan penghargaan yang setinggi-tingginya kepada: Santika Sari dan Rinrin Risyanti, yang telah banyak membantu dalam pelaksanaan penelitian hingga penulisan artikel.

### DAFTAR PUSTAKA

- Badan Pusat Statistik (BPS). 2009. Produksi Padi, Jagung, dan Kedelai. No. 66/11/Th. XII.
- Balai Besar Padi. 2012. Ciapus. <http://bbpadi.litbang.deptan.go.id> diakses pada tanggal 12 Januari 2012.
- Campbell, N.A. 1998. *Biology*. The Benjamin/Cummings Publishing. California.
- Carsono, N., T. Aryanti, and M.H Karmana. 2012. The success of hand-pollination by using hot-water emasculation method for three Indica rice genotypes. *Proceeding of International Conference on Sustainable Agriculture and Food Security: Challenges and Opportunities*. 27-28 Sept 2011, Bandung.
- Francia E., G. Tacconi, C. Crosatti, D. Barabaschi, D. Bulgarelli, E. Dall'Aglio, and G. Vale. 2005. Marker assisted selection in crop plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* (2005) 82:317-342
- Kinoshita, T. 1998. Report of the committee on gene symbolization, nomenclature and linkage groups. II. Linkage mapping using mutant genes in rice. *Rice Genet. Newsl.* 15:13-74.
- Lin, H.X., T. Yamamoto, T. Sasaki, and M. Yano. 2000. Characterization and detection of epistatic interactions of 3 QTLs, Hd1, Hd2, and Hd3, controlling heading date in rice using nearly isogenic lines. *Theor. Appl. Genet.* 101:1021-1028.
- Marrewijk, G.A.M. 1991. *Flowering and Pollination*. Department of Plant Breeding Agriculture University. Wageningen, Netherlands.
- Moeljopawiro, S., M. Bustamam, Tasliah, A. Dadang, dan J. Prasetyono. 2010. Aplikasi Marka Molekuler Terkait Dengan Umur Genjah 90 Hari dan Produktivitas 7 t/ha Pada Padi. Laporan Akhir Program Riset Intensif 2010. BB Biogen. Bogor.
- Sambrook, J. and R. David. 1989. *Molecular Cloning: Laboratory Manual*. Cold Spring Harbour Laboratory Press. New York.
- Sudana, W. 2010. Respon terhadap Kebijakan IP Padi 400: Pola Penelitian vs Pola Tanam Petani. *Analisis Kebijakan Pertanian*. Juni 2010. 8(2):103-117.
- Susanto, U., A.A. Daradjat, and B. Suprihatno. 2003. Advance in lowland rice breeding in Indonesia. *Journal Litbang Pertanian* 22:125-131. Target gene. *Crop Sci.* 39:967-975.
- Susanto, U., Sutrisno, dan H. Aswidinoor. 2007. Pemanfaatan Teknik Markah Molekuler Untuk Perbaikan Varietas Padi. Balai Besar Penelitian Tanaman Padi. Subang.
- Yamamoto, T., Y. Kuboki, S.Y. Lin, T. Sasaki, and M. Yano. 1998. Fine mapping of quantitative trait loci Hd-1, Hd-2, and Hd-3, controlling heading date of rice, as single Mendelian factors. *Theor. Appl. Genet.* 97:37-44.