

APLIKASI MARKA DNA UNTUK KARAKTERISASI DAN PEMBENTUKAN “CORE COLLECTION” SUMBER DAYA GENETIK TANAMAN

*Puji Lestari, Andari Risliawati, Nurul Hidayatun, dan M. Sabran
Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber
Daya Genetik Pertanian
Jl. Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111, Indonesia*

PENDAHULUAN

Sumber daya genetik (SDG) tanaman yang merupakan bagian penting agrobiodiversitas mencakup berbagai spesies tanaman budi daya dan landrace, kultivar modern, tanaman langka, galur-galur persilangan, dan spesies liar maupun tipe weedy. SDG penting untuk membantu menjamin keamanan pangan, mengurangi kemiskinan, proteksi lingkungan, dan pembangunan pertanian berkelanjutan. Namun demikian SDG ini rentan terhadap kepunahan dan tererosi genetiknya dikarenakan beberapa faktor seperti introduksi kultivar baru, urbanisasi, bencana alam, dan lainnya. Untuk itu penyimpanan SDG dalam bank gen sangat diperlukan mengingat variasi genetik SDG merupakan kunci penting dalam pengelolaan SDG yang harus dijaga dan ditingkatkan (Alvares *et al.* 2010).

Lebih dari 1.400 bank gen telah didirikan di beberapa negara di dunia untuk menyimpan koleksi SDG dengan jumlah melebihi 6 juta aksesori. Secara umum bank gen tersebut bertanggung jawab

melakukan koleksi, karakterisasi, evaluasi, pemeliharaan, konservasi, dokumentasi, dan distribusi plasma nutfah ke pengguna seperti pemulia tanaman, peneliti ataupun pengguna lainnya (FAO 1998; Upadhyaya *et al.* 2008). Koleksi SDG plasma nutfah dapat menghadapi permasalahan berupa jumlah yang terlalu besar sehingga memerlukan usaha lebih dalam pengelolaannya.

Sebuah pendekatan dengan pembentukan *core collection* (koleksi inti) dipercaya dapat meningkatkan efisiensi karakterisasi dan pemanfaatan koleksi di bank gen, disamping menyimpan sebanyak mungkin variasi genetik seluruh koleksi. *Core collection* didefinisikan sebagai sekelompok aksesori dalam jumlah terbatas namun mewakili variasi genetik total aksesori dalam koleksi spesies tanaman maupun kerabat liarnya. *Core collection* menjadikan pengelolaan bank gen menjadi lebih efektif karena ukuran jumlah aksesori yang lebih kecil dari total koleksi. Pembentukan *core collection* dapat dilakukan berdasarkan beberapa kriteria seperti karakter morfoagronomi, biokimia, dan marka DNA/molekuler (Brown dan Spillane, 1999).

Marka DNA telah banyak dimanfaatkan dalam pengelolaan plasma nutfah dengan menitikberatkan pada identifikasi genetik dan variasinya. Penentuan variasi pada level molekuler sangat sesuai untuk menduga kekerabatan genetik antara individu dan pembentukan *core collection* (McKhann *et al.* 2004). Perkembangan teknik molekuler berbasis sekuen DNA secara luas telah membantu memberi keuntungan melebihi metode tradisional dalam pengelolaan SDG (Odong *et al.* 2013). Sampai saat ini terhitung ada beberapa marka DNA yang umum digunakan seperti RFLP (*Restriction fragment length polymorphism*), RAPD (*random amplified polymorphic DNA*), AFLP (*amplified fragment length polymorphism*), STS (*Sequence tagged site*), SSR (*single sequence repeat*), dan terbaru adalah SNP (*single nucleotide polymorphism*). Marka DNA tidak terpengaruh oleh lingkungan sehingga dapat melihat variasi yang dikontrol secara genetik.

Karena itu marka DNA merupakan metode cepat dan efektif untuk karakterisasi dalam rangka pembentukan *core collection* (Odong *et al.* 2011; 2013). Bab dalam tulisan ini mendiskusikan tentang perlunya membuat *core collection* serta peranan marka DNA dalam membantu efektivitas pembentukannya dan karakterisasinya. Secara singkat dalam bab ini juga dibicarakan perspektif pemanfaatan marka DNA terhadap pengelolaan SDG koleksi bank gen Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian (Balitbangtan) di bawah pengelolaan Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen) sebagai contoh dalam inisiasi pembentukan *core collection*.

MENGAPA "CORE COLLECTION" DIPERLUKAN?

Pengelolaan bank gen yang meliputi banyak aktivitas akan memunculkan beberapa masalah utama seperti: a) aktivitas bank gen menjadi lebih berat dan sulit karena ukuran koleksi yang besar, b) aktivitas bank gen dan manfaat koleksi menjadi terbatas karena kurangnya pengetahuan tentang pemilihan variasi genetik yang didistribusikan, c) kesukaran memutuskan skala prioritas karena adanya perbedaan yang muncul atau ketika materi genetik baru ditambahkan dalam koleksi, dan d) ada kemungkinan pengguna tidak menyadari bahwa adanya variasi dalam koleksi SDG yang berinteraksi bagus dengan lingkungan, bermanfaat untuk program pemuliaan, ataupun penting untuk proyek penelitian. Berdasarkan kemungkinan permasalahan pengelolaan SDG tersebut, upaya tepat untuk mengatasinya adalah dengan membentuk sebuah *core collection*. *Core collection* menyediakan 5–20% bagian yang mewakili koleksi total termasuk keragamannya dan secara umum sekitar 10% dari total koleksi (van Hintum *et al.* 2000).

Ide *core collection* yang diperkenalkan sejak tahun 1984 telah diaplikasikan dalam pengelolaan SDG yang beragam dari berbagai spesies tanaman. Engels *et al* (2003) menyimpulkan bahwa cara untuk mengidentifikasi kluster dalam memilih aksesori yang representatif dari sebuah *core collection* dapat digambarkan sebagai berikut:

- Memisahkan aksesori ke dalam grup tertentu menggunakan prosedur hirarkis, misalnya memisahkan tipe liar dari spesies budi daya, menggunakan taksonomi dan pengetahuan tentang domestikasi, distribusi, sejarah pemuliaan, pola tanam, dan pemanfaatannya.
- Membuat grup aksesori yang mirip berdasarkan data hasil karakterisasi menggunakan analisis multivariat, karakteristik morfo-agronomi atau karakter lain, dengan selang kluster yang berbeda, ataupun metode PCA (*principal component analysis*), dan marka genetik.

Metode ini dapat digunakan secara individu atau bersama-sama dan pilihan metode akan tergantung pada jumlah informasi yang tersedia dan jenis keragaman genetik dalam koleksi. Langkah terakhir adalah memilih entri yang mewakili dari masing-masing grup. Hal ini dapat dilakukan secara acak atau sistematis, berdasarkan beberapa prosedur analitis formal atau jumlah bahan atau informasi (Engels *et al.* 2003).

Dalam *core collection*, *database* umumnya dibuat berdasarkan data paspor dan karakter morfologi yang utama maupun karakter pengembangan lainnya. *Database* biasanya juga menyediakan informasi koleksi genetik bagi pengguna yang memerlukan evaluasi secara ekstensif pada karakter yang mempunyai nilai ekonomi yang dianggap penting. Dengan informasi *database* yang lengkap, *core collection* dan seluruh koleksi menjadi lebih bermanfaat bagi pemulia tanaman maupun peneliti dalam pengembangan tanaman (Upadhyaya *et al.* 2008). Karena itu *The Global Plan of*

Action for the Conservation and Sustainable Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture merekomendasikan pembuatan *core collection* sebagai salah satu aktivitas penting untuk meningkatkan pemanfaatan SDG (FAO 1998).

Tiap negara dengan kespesifikan SDG-nya perlu melakukan konservasi dan karakterisasi SDG-nya melalui bank gen. Beberapa contoh institusi yang memiliki bank gen yang mengedepankan pembuatan *core collection* baik berdasarkan spesies tanaman ataupun karakter spesifik untuk tujuan pemuliaan antara lain USDA (*United States Department of Agriculture*) USA, RDA (*Rural Development and Administration*) Korea Selatan, NIAS (*National Institute of Agrobiological Science*) Jepang, CIMMYT (*International Maize and Wheat Improvement Center*) Meksiko, World Vegetable Center (*Asian Vegetable Research and Development, AVRDC*) Taiwan, Chinese National Genebank di Cina, ICRISAT (*International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics*) India, dan lainnya. Sebagai contoh, ICRISAT berhasil membuat *core collection* pada beberapa tanaman dalam koleksi bank gen yang dimandatkan seperti sorgum, beberapa jenis millet (jenis rumput yang menghasilkan biji kecil dan dapat dikonsumsi manusia), kacang tanah, buncis, dan kacang gude dengan proporsi kurang lebih 10% dari total koleksi. Selain itu *mini-core collection* yang mewakili seluruh koleksi plasma nutfah di ICRISAT juga berhasil dikembangkan (Tabel 1.10). *Mini-core collection* terdiri dari sekitar 10% dari 1% koleksi, semuanya tercakup dalam *core collection*. Efisiensi *core collection* juga ditunjukkan pada rumput bermuda yang terdiri sekitar 13% dari total koleksi plasma nutfah di Australia (Jewell *et al.* 2012) dan jelai (barley) di Eropa yang telah lama diinisiasi oleh ECP/GR (*European Cooperative Programme for the Conservation and Exchange of Crop Genetic Resources*). Beberapa studi dari beberapa peneliti tentang keberhasilan pembuatan *core collection* untuk mendeteksi plasma nutfah dengan karakter spesifik, seperti ketahanan terha-

Tabel 1.10. Core dan mini-core collection tanaman yang dikembangkan ICRISAT*

Tanaman	Total aksesori	Jumlah karakter	Jumlah aksesori untuk core	Referensi
Core				
Sorgum	22,474	20	2,247	Grenier <i>et al.</i> 2001
Pearl millet	16,063	11	1,600	Bhattacharjee <i>et al.</i> 2007
Chickpea	16,991	13	1,956	Upadhyaya <i>et al.</i> 2001a
Pigeon pea	12,153	14	1,290	Upadhyaya <i>et al.</i> 2008
Kacang tanah	14,310	14	1,704	Upadhyaya <i>et al.</i> 2003
Kacang tanah (Asia)	4,738	15	504	Upadhyaya <i>et al.</i> 2001b
Finger millet	5,940	14	622	Upadhyaya <i>et al.</i> 2006
Mini-core				
Sorgum	2,247	21	242	Upadhyaya <i>et al.</i> 2008
Pearl miller	2,094	18	238	Upadhyaya <i>et al.</i> 2008
Buncis	1,956	16	211	Upadhyaya and Ortiz 2001
Pigeonpea	1,290	16	146	Upadhyaya <i>et al.</i> 2006b
Kacang tanah	1,704	34	184	Upadhyaya <i>et al.</i> 2002
Kacang tanah (Asia)	504	30	60	Upadhyaya <i>et al.</i> 2008

*Diringkaskan oleh Upadhyaya *et al.* 2008

dap cekaman biotik (*common bean*, kacang tanah, lentil, kubis, *Triticum monococcum*), ketahanan terhadap cekaman abiotik (alfalfa, quinoa), kandungan kimia (*safflower*, kacang tanah, *Medicago sativa*, *Lolium perenne*) dan faktor fisiologi (kopi, *Poa pratensis*, kentang) telah banyak dilakukan dan diringkaskan oleh van Hintum *et al.* (2000).

PERAN MARKA DNA DALAM PEMBENTUKAN "CORE COLLECTION"

Berbagai penelitian tentang pembuatan *core collection* secara ekstensif banyak dilakukan dengan melibatkan berbagai aspek seperti strategi dan ukuran koleksi (Diwan *et al.* 1995). Mengingat *core collection* yang dibuat berdasarkan nilai genotipe dianggap lebih representatif, pendugaan karagaman dalam grup atau

divergensinya dapat dijadikan strategi dalam pembuatan *core collection* (Schoen & Brown 1995).

Perwakilan keragaman genetik yang efektif dari *core collection* tergantung pada pemisahan awal aksesori menjadi grup dengan sistem stratifikasi. Keragaman genetik terbesar (maksimal) antar grup dan minimal dalam grup, merupakan kunci penting keberhasilan *core collection*. Pada setiap tahap dalam proses stratifikasi, identifikasi subgrup dengan genetik yang berbeda satu sama lain sangat penting. Pengelompokan morfo-agronomi dapat berdasarkan geografi, jenis varietas (modern atau landrace), dan zona produksi agroekologi. *Core collection* yang telah dikembangkan adalah untuk barley khusus musim semi dan musim dingin (Knupffer & van Hintum 1995), untuk jagung berdasarkan geografi di Cina (Li *et al.* 2005), atau spesies liar *Medicago arabica* (Diwan *et al.* 1995). Stratifikasi dapat diakhiri misalnya dengan membuat grup tanaman biji-bijian yang mempunyai photoperiod pendek, kering, dan dataran rendah. Selain data agromorfologi tersebut, data molekuler marka DNA diperlukan untuk mendukung pengelompokan aksesori dengan dibuat pengklasteran dalam bentuk dendrogram. Khususnya, penekanan pada data yang menghasilkan grup genetik secara konsisten dan mencerminkan sifat genetik (van Hintum *et al.* 2000).

Strategi marka DNA yang dilakukan berdasarkan dugaan frekuensi alel di lokus polimorfik untuk menghitung indeks keragaman gen cukup sering digunakan. Indeks ini ekuivalen dengan heterosigositas yang diharapkan jika populasi yang digunakan sepenuhnya merupakan aksesori *outbreeding*. Teori ini didasarkan pada maksimalisasi kekayaan alel dari core total (jumlah total alel dalam sampel gabungan) yang menunjukkan kontribusi relatif dari masing-masing grup pada core. Strategi lain adalah sebuah pendekatan alternatif menggunakan data marka DNA yang berfokus pada jenis alel di berbagai lokus setiap aksesori.

Penggunaan data molekuler tertentu lebih diutamakan daripada menggunakan statistik. Dengan menggunakan program linear, kombinasi aksesori dengan jumlah alel maksimal ditelusuri pada lokus core sekaligus mempertahankan jumlah sampel dengan batas tertentu dan memastikan jumlah minimum dari setiap grup. Strategi ini menitikberatkan jumlah alel maksimum pada marka lokus dan memperhitungkan langsung jumlah variasi dan pola di lokus. Perlu dicatat bahwa strategi ini tidak hanya menentukan jumlah aksesori yang harus berasal dari grup yang berbeda, namun juga mengidentifikasi aksesori yang harus dimasukkan dalam grup yang sama. Kedua strategi berasumsi bahwa semua unsur keragaman baik frekuensi ataupun jenis alel setara dengan indikator total keragaman dalam grup. Penghitungan dapat berdasarkan jarak genetik (Zhang *et al.* 2009), rataan dari dua algoritma yang berbeda, dan strategi maksimalisasi seperti disebutkan di atas, yang ditentukan melalui bantuan beberapa perangkat lunak, atau metode lainnya. Efektivitas dari strategi yang berbeda tergantung pada klasifikasi yang menghasilkan grup genetik paling signifikan. Pengelompokan tersebut harus meyakinkan bahwa komponen utama sesuai target yang diinginkan terwakili secara genetik (van Hintum *et al.* 2000; Belaj *et al.* 2012).

Banyak studi menunjukkan peran marka DNA yang mendukung data fenotipe dalam pembentukan *core collection* untuk memfasilitasi pemanfaatan SDG. Di antara marka DNA, SSR paling sering digunakan dalam pengelolaan SDG karena menyediakan sistem penanda dengan diferensiasi tinggi antar genotipe (Belaj *et al.* 2012). *Core collection* kentang dari 306 aksesori dibuat berdasarkan 25 deskriptor morfologi dan divalidasi dengan 38 isozim (Chandra *et al.* 2002). Marka RAPD dan SSR membantu pembuatan *core collection* kentang (Ghislain *et al.* 2006) dan SSR khusus untuk identifikasi duplikasi aksesornya (Del Rio *et al.* 2006). SSR juga telah digunakan dalam membuat *core collection*

dari berbagai spesies tanaman seperti kacang tanah (Wang *et al.* 2011), pea (Zong *et al.* 2009), padi (Li *et al.* 2010), kedelai (Kuroda *et al.* 2009), buncis (Blair *et al.* 2009), persimmon Jepang (Zhang *et al.* 2009) dan millet mutiara (Upadhyaya *et al.* 2011). Profil molekuler yang dihasilkan oleh marka DarTs, SSR, dan SNP membantu melengkapi data agronomi untuk pembuatan *core collection* olive (Belaj *et al.* 2012) dan spesies tanaman lainnya.

KARAKTERISASI “CORE COLLECTION” BERDASARKAN MARKA DNA

Karakterisasi merupakan deskripsi plasma nutfah yang menunjukkan ekspresi karakter yang dapat diturunkan. Karakterisasi SDG umumnya berdasarkan karakter morfologi dan agronomi yang utama, dan berkembang pada keragaman genetik untuk sifat yang bernilai ekonomi penting. Manfaat karakterisasi plasma nutfah tidak hanya berperan dalam membantu membuat “*core collection*” dari sebuah koleksi besar di bank gen namun juga selama pemeliharaan dan pengelolaan *core collection* terutama untuk tujuan pemuliaan. Karakterisasi penting untuk menyediakan informasi karakter aksesori agar dapat digunakan secara optimal sampai ke pengguna akhir. Sejumlah sampel yang mewakili keragaman genetik total koleksi dalam *core collection* sangat penting dijaga karakteristiknya dari pencampuran ataupun duplikasi (Hu *et al.* 2000).

Sebagian besar karakter fenotipe varietas tanaman bersifat kuantitatif yang dipengaruhi oleh lingkungan dan interaksinya. Karena itu pemisahan secara genetik berdasarkan data fenotipe tidak mampu secara benar mencerminkan keragaman genetik SDG. Varietas dengan fenotipe yang sama mungkin memiliki genotipe berlainan, dan mungkin secara evolusi tidak berhubungan (Diwan *et al.* 1995). Karakter genotipe dalam *core collection* mempunyai variabilitas genetik lebih akurat daripada berdasar-

kan karakter fenotipe, karena itu penggunaan marka DNA untuk karakterisasi *core collection* dianggap lebih menjanjikan. Apabila karakter genotipe dapat diprediksi dengan fenotipe, jarak genetik berdasarkan nilai genotipe dapat diduga secara tepat. Marka DNA dapat mencerminkan perubahan langsung pada level sekuen DNA spesies tanaman. Marka DNA mempermudah identifikasi SDG yang mempunyai informasi karakter spesifik seperti cekaman biotik dan abiotik, kegenjahan dan lainnya. Karakter fenotipe dan genotipe memfasilitasi lingkup lebih luas terhadap identifikasi SDG yang penting dan unik untuk dimanfaatkan dalam pengembangan kultivar baru (Upadhyaya *et al.* 2008).

Informasi molekuler dalam *core collection* dapat digunakan untuk menentukan struktur genetik *core collection* secara fungsional maupun comparative genomics. Keragaman genetik secara maksimal dan variabilitas fenotipe tinggi pada *core collection* yang mengkoleksi karakter spesifik, sangat bermanfaat untuk pemetaan asosiasi QTL karakter target dan mendapatkan MAS ataupun allele mining (Bordes *et al.* 2011). Marka DNA juga dapat digunakan untuk identifikasi tetua dengan karakter genetik spesifik dan galur-galur dengan karakter mirip ataupun memiliki karakter agronomi unggul yang penting sebagai tetua pemuliaan. Keragaman genetik di *gene pool* juga penting untuk memanfaatkan heterosis potensial dan isolasi gen untuk tujuan pemuliaan (van Hintum *et al.* 2000) maupun *association mapping* yang menitikberatkan pada pemetaan QTL (*quantitative trait loci*) berdasarkan *linkage disequilibrium* antara fenotipe dan genotipe (Persegui *et al.* 2015).

Sejumlah marka DNA baik universal ataupun spesifik lokus telah banyak digunakan untuk evaluasi dan karakterisasi *core collection*. Hasil karakterisasi menunjukkan bahwa identifikasi karakter spesifik, keragaman genetik, dan SDG dengan karakter agronomi unggul dapat digunakan untuk program pengembang-

an kultivar. Cukup banyak penelitian yang menunjukkan efektivitas aplikasi marka DNA untuk karakterisasi *core collection*. Di antaranya, dua belas marka SSR sudah cukup untuk identifikasi 112 aksesori kacang tanah berdasarkan subspecies dan menghasilkan pola kluster yang tidak berbeda jauh dengan total 67 SSR (Kottapalli *et al.* 2007). Enam belas marker SSR berbasis EST (*express sequence tagged*) mampu mencakup 93% keragaman alel dalam *core collection* dan menurunkan *redundancy* aksesori secara drastis dari total koleksi bermudagrass (*Cynodon*) (Jewell *et al.* 2012). Gabungan SSR, SNP, dan DArt mampu meningkatkan efisiensi terhadap data fenotipe dalam menentukan jumlah sampel aksesori *core collection* yang paling representatif dari total 361 koleksi plasma nutfah olive (Belaj *et al.* 2012). Dua puluh empat marka SSR yang terseleksi cukup efektif menghasilkan keragaman genetik secara maksimal pada *core collection* kentang dari pada karakter morfo-agronomi (Tiwari *et al.* 2013). Efektivitas marka DNA tersebut menunjukkan bahwa strategi *core collection* harus diiringi dengan identifikasi sumber genetik baru yang keragamannya tinggi untuk menghasilkan kultivar yang berkarakter agronomi unggul dengan dasar genetik luas. Dimensi lain kebutuhan pemulia, adalah menyediakan galur-galur plasma nutfah dengan sifat agronomi yang diinginkan. Jadi karakterisasi dengan marka DNA bersamaan dengan data fenotipe *core collection* penting untuk mendukung program pemuliaan.

PERSPEKTIF *CORE COLLECTION* SDG BALITBANGTAN

The Global Plan of Action (GPA) untuk konservasi dan pemanfaatan Sumber Daya Genetik Tanaman untuk Pangan dan Pertanian (SDGTPP) menggarisbawahi pentingnya keamanan SDGTPP. FAO menyoroti penangan SDG dalam jangka panjang dengan kontrol teratur untuk memastikan integritas genetik. Sesuai pesan GPA dan FAO, peranan marka DNA diharapkan

juga dapat mendukung pengelolaan SDG unit kerja di bawah Balitbangtan termasuk BB Biogen, terutama sebagai dasar program pengembangan tanaman untuk menunjang pertanian berkelanjutan di Indonesia.

Paling sedikit ada 60 spesies koleksi SDG di bawah Balitbangtan termasuk dari serealia, kacang-kacangan, buah-buahan, tanaman industri dan obat maupun jenis tanaman hias. Beberapa koleksi spesies yang tersebar di unit-unit kerja menunjukkan jumlah mendekati 1.000 aksesi atau bahkan lebih seperti jagung, padi budi daya, kedelai, kacang hijau, dan tembakau (Tabel 1.11). Apabila jumlah aksesi yang cukup besar tersebut berada di bank gen sebuah unit kerja seperti BB Biogen tentu membutuhkan pengelolaan ekstra. Untuk menunjang efisiensi pengelolaan koleksi, perlu dibuat *core collection* untuk memudahkan pengelolaan koleksi SDG. Penentuan aksesi dalam *core collection* ini membutuhkan informasi karakteristik dari keragaman koleksi. Ada 19 spesies tanaman koleksi bank gen BB Biogen dan beberapa spesies memiliki jumlah aksesi ribuan (Tabel 1.12). Namun, berdasarkan data karakterisasi morfo-agronomi, masih banyak aksesi yang belum terkarakterisasi secara lengkap. Kelemahan karakterisasi fenotipe yang dapat menjadi kendala dalam pembuatan *core collection* tersebut dapat dibantu dengan aplikasi marka DNA. *Core collection* tersebut dapat dibuat berbasis karakter morfo-agronomi tertentu yang disesuaikan dengan marka DNA ataupun *core collection* untuk total koleksi spesies tertentu dengan marka universal.

Sejumlah marka DNA baik dari jenis (SSR, STS, SNP, RAPD) untuk berbagai spesies tanaman telah dimiliki BB Biogen. Marka DNA tersebut merupakan adopsi hasil penelitian orang lain ataupun hasil pengembangan baru. Marka DNA tersebut terdiri dari marka universal dan marka fungsional yang berasosiasi dengan gen tertentu seperti cekaman abiotik dan biotik pada padi dan kedelai, sifat genjah dan produktivitas padi, mutu rasa,

Tabel 1.11. Jenis spesies dan jumlah aksesi SDG tanaman koleksi Balitbangtan

Tanaman	Tipe penyimpanan	Jumlah aksesi	Tanaman	Tipe penyimpanan	Jumlah aksesi
Gandum	benih	66	Kedelai	benih	1.182
Padi budi daya	benih	6.765	Kacang tanah	benih	692
Padi liar	benih	81	Kacang hijau	benih	1.230
Jagung	benih	820	Kacang tunggak	benih	230
Sorgum	benih	228	Kacang koro	benih	72
Ubi kayu	<i>In vitro</i> , lapang	852	Kacang gude	benih	9
Ubijalar	<i>In vitro</i> , lapang	412	Cengkeh	lapang	1
Talas	<i>In vitro</i> , lapang	264	Panili	lapang	2
Gembili	lapang	92	Jambu Mete	lapang	85
Gadung	lapang	35	Lada	lapang	17
Patat	lapang	31	Makadamia	lapang	10
Ubi kelapa	lapang	90	Pala	lapang	50
Xanthossoma	lapang	106	Kemiri	lapang	7
Suweg	lapang	43	Kayu manis	lapang	14
Ganyong	lapang	70	Melinjo	lapang	18
Jeruk	lapang	213	Asam	lapang	11
Apel	lapang	72	Mindi	lapang	1
Anggur	lapang	46	Tembakau	benih	1.367
Lengkeng	lapang	30	Kapuk	lapang	146
Strawberi	lapang	21	Abaka	<i>In vitro</i> , lapang	5
Mangga	lapang	53	Rami	lapang	100
Sirsak	lapang	46	Jarak kepyar	lapang	175
Rambutan	lapang	229	Bunga matahari	lapang	70
Durian	lapang	68	Wijen	lapang	75
Belimbing	lapang	247	Jarak pagar	lapang	421
Salak	lapang	28	Anggrek dan tanaman hias lainnya	Lapang, <i>In vitro</i>	72
Alpukat	lapang	31	Dukuh/kokosan	lapang	114
Nangka	lapang	64	Kemang	lapang	61
Manggis	lapang	21	Sawo	lapang	31
Menteng	lapang	53	Jambu	lapang	109

dan lainnya. Kemajuan terbaru adanya sikuen total genom yang mampu mempercepat pengembangan marka termasuk chip SNP berbasis total genom yang dapat menjadi strategi alternatif. Marka DNA yang terseleksi dari hasil studi asosiasi dengan karakter tertentu telah diidentifikasi. Potensi marka DNA tersebut sudah selayaknya dimanfaatkan secara maksimal untuk *core collection* SDG.

Penerapan pembuatan *core collection* di Balitbangtan dapat berdasarkan pertimbangan pentingnya komoditas tersebut secara nasional dan jumlah aksesinya yang besar. Dalam hal ini padi dapat menjadi contoh model pembuatan *core collection*. Berdasarkan informasi koleksi bank gen, koleksi padi lebih dari 3.000 aksesori (Tabel 1.12) dan merupakan tanaman pangan prioritas pertama di Indonesia. Hal pertama yang perlu dilakukan adalah melengkapi informasi karakter morfo-agronomi termasuk ketahanan terhadap hama penyakit dan lingkungan. Aksesori padi lokal dapat menjadi prioritas untuk dilengkapi karakternya berdasarkan deskriptor padi. Aksesori lokal yang mirip secara fenotipe dipilih yang mewakili untuk menghindari redundansi. Analisis keragaman genetik dapat dilakukan dengan marka universal seperti SSR dalam jumlah layak untuk *core collection*. Analisis data dan pembuatan *core collection* dilakukan berdasarkan metode di atas.

Tabel 1.12. Koleksi plasma nutfah tanaman Balai Besar Biogen dan konfirmasi data karakterisasi fenotipiknya

Nama Komoditas	Jumlah Deskriptor	Jumlah Aksesori	Jumlah Aksesori yang Belum dikarakterisasi	Data karakterisasi tidak lengkap	Data karakterisasi lengkap	Persentase karakterisasi (%)
Padi	47	3.300	14	3.276	0	0.00
Jagung	24	1.284	3	691	590	45.95
Sorgum	16	259	4	75	180	69.50
Kedelai	20	915	170	690	55	6.01
Kacang tanah	17	783	49	734	0	0.00
Kacang hijau	21	1.039	3	849	187	18.00
Ubikayu	25	577	0	577	0	0.00
Ubijalar	29	1.332	0	0	1332	100.00
Gandum	14	80	0	13	67	83.75
Padi liar	12	94	0	0	94	100.00
Kacang tunggak	17	130	4	102	24	18.46
Talas	22	220	1	23	196	89.09
Belitung	-	58	58	0	0	0.00
Ubi kelapa	-	34	34	0	0	0.00
Ganyong	14	62	12	0	50	80.65
Gembili	27	33	1	2	30	90.91
Gadung	-	19	19	0	0	0.00
Patat	28	20	0	0	20	100.00
Suweg	-	21	21	0	0	0.00

Aksesi yang terpilih dalam *core collection* adalah yang memiliki variasi tinggi untuk karakter agronomi penting. *Core collection* yang telah terbentuk harus secara periodik diperbaharui mengingat dengan penambahan aksesi dalam koleksi dan melengkapi analisis dengan marka DNA. Tanaman padi model selanjutnya dapat diperluas implementasinya pada komoditas lain di bank gen untuk mendukung konservasi dan persilangan dalam menghasilkan kultivar elit.

KESIMPULAN

Pengembangan *core collection* diperlukan untuk membantu membantu pengelolaan bank gen yang memiliki koleksi SDG dalam jumlah besar untuk pertanian yang berkelanjutan. Marka DNA berperan untuk mendukung data fenotipe SDG sehingga meningkatkan efisiensi dan efektivitas pengembangan *core collection*. Karakterisasi dengan marka DNA bersamaan dengan data fenotipe di *core collection* penting untuk mendukung program pemuliaan. Penerapan pengembangan *core collection* di bank gen Balitbangtan, dapat menggunakan padi sebagai tanaman model mengingat pentingnya sebagai komoditas strategis nasional dan jumlahnya yang tinggi dalam koleksi.

DAFTAR PUSTAKA

Alvarez JB, Caballero L, Martin A, Martin LM. (2010). The Role of Plant genetic Resources in the Sustainable Agriculture. In: Salazar A, Rios I, editors. Sustainable agriculture: Technology, planning and management. Nova Science Publishers, Inc. pp. 145-176.

- Belaj A, Dominguez-Garcia Md.C, Atienza SG, Urdirroz NM, Rosa RD, Satovic Z, Martin A, Kilian A, Trujillo I, Valpuesta V, Rio CD. (2012). Developing a *core collection* of olive (*Olea europaea* L.) based on molecular markers (DArTs, SSRs, SNPS) and agronomic traits. *Tree Genet Genome*. 8:365-378.
- Blair MW, Díaz LM, Buendía HF, Duque MC. (2009). Genetic diversity, seed size associations and population structure of a *core collection* of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor Appl Genet*. 119:955-972.
- Bordes J, Ravel CG, Le Gouis J, Lapierre A, Charmet G, Balfourier F. (2011). Use of a global wheat core collection for association analysis of flour and dough quality traits. *J Cereal Sci*. 54(1):137-147.
- Brown AHD, Spillane C. (1999). Implementing *core collections*-principles, procedures, progress, problems and promise. In: Johnsonm RC, Hodgkin T, editors. *Core collections for today and tomorrow*. Madison (USA): Crop Science Society of America. pp. 1-10.
- Chandra S, Huaman Z, Krishna HS, Ortiz R. (2002). Optimal sampling strategy and *core collection* size of Andean tetraploid potato based on isozyme data - a simulation study. *Theor Appl Genet*. 104:1325-1334.
- Del Rio A, Bamberg J, Huamán Z. (2006). Genetic equivalence of putative duplicate germplasm collections held at CIP and US potato genebanks. *Am J Potato Res*. 83:279-285.
- Diwan N, McIntosh MS, Bauchan GR. (1995). Methods of developing a *core collection* of annual Medicago species. *Theor Appl Genet*. 90:755-761.

- Engels JMM, Visser L. (2003). A guide to effective management of germplasm collections. IPGRI Handbooks for Genebanks No. 6. Rome (Italy): IPGRI.
- FAO. (1998). The state of ex situ conservation. In: The state of world's plant genetic resources for food and agriculture. Rome (Italy): Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- Ghislain M, Andrade D, Rodríguez F, Hijmans RJ, Spooner, DM. (2006). Genetic analysis of the cultivated potato *Solanum tuberosum* L. Phureja Group using RAPDs and nuclear SSRs. *Theor Appl Genet.* 113:1515-1527.
- Hu J, Zhu J, Xu HM. (2000). Methods of constructing *core collections* by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. *Theor Appl Genet.* 101:264-268.
- Jewell MC, Zhou Y, Loch DS, Godwin ID, Lambrides CJ. (2012). Maximizing genetic, morphological, and geographic diversity in a *core collection* of Australian Bermudagrass. *Crop Sci.* 52:879-889.
- Knupffer, van Hintum THJL. (1995). The barley core collection: an international effort. In: Hodgkin T, Brown AHD, van Hintum THJL, Morales EAV, editors. Core collection of plant genetic resources. United Kingdom: John Wiley & Sons.
- Kottapalli KR, Burrow MD, Burrow G, Burke J, Puppala N. (2007). Molecular characterization of the U.S. peanut mini core collection using microsatellite markers. *Crops Sci.* 47:1718-1727.

- Kuroda Y, Tomooka N, Kaga A, Wanigadeva SMSW, Vaughan DA. (2009) Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) and Japanese cultivated soybeans [*G. max* (L.) Merr.] based on microsatellite (SSR) analysis and the selection of a core collection. *Genet Resour Crop Evol.* 56:1045-1055.
- Li Y, Shi Y, Cao Y, Wang T. (2005). Establishment of *core collection* for maize germplasm preserved in Chinese National Genebank using geographic distribution and characterization. *Genet Res Crop Evol.* 51:845-852.
- Li X, Yan W, Agrama H, Hu B, Jia L, Jia M, Jackson A, Moldenhauer K, McClung A, Wu D. (2010). Genotypic and phenotypic characterization of genetic differentiation and diversity in the USDA rice mini-core collection. *Genetica.* 138:1221-1230.
- McKhann HI, Camilleri C, Bérard A, Bataillon T, David JL, Reboud X, Le Corre V, Caloustian C, Gut IG, Brunel D. (2004). Nested core collections maximizing genetic diversity in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 38(1):193-202.
- Odong TL, van Heerwaarden J, Jansen J, van Hintum TJL, van Eeuwijk FA. (2011). Determination of genetic structure of germplasm collections: are traditional hierarchical clustering methods appropriate for molecular marker data. *Theor Appl Genet.* 123(2):195-205.
- Odong TL, Jansen J, van Eeuwijk FA, van Hintum TJL. (2013). Quality of *core collections* for effective utilization of genetic resources review, discussion and interpretation. *Theor Appl Genet.* 126:289-305.

- Perseguini JMKS, Silva GMB, Rosa JRBF, Gazaffi R, Maecal JF, Carbonel SAM, Chiorato AF, Zucchi MI, Garcia AAF, Benchimol-Reis LL. (2015). Developing a common bean *core collection* suitable for association mapping studies. *Genet Molec Biol.* 38:67-78.
- Schoen DJ, Brown AHD. (1995). Maximizing genetic diversity in core collection of wild relative of crop species. In: Hodgkin T, Brown, AHD, van Hintum THJL, Morales EAV, editors. *Core collection of plant genetic resources*. United Kingdom, John Wiley & Sons.
- Tiwari JK, Singh BP, Gopal J, Poonam, Patil VU. (2013). Molecular characterization of the Indian Andigena potato core collection using microsatellite markers. *African J Biotechnol.* 12:1025-1033.
- Upadhyaya HD, Gowda CLL, Sastry DVSSR. (2008). Plant genetic resources management: collection, characterization, conservation and utilization. *SAT ejournal ICRISAT.* 6:1-16.
- Upadhyaya HD, Yadav D, Reddy KN, Gowda CLL, Singh S. (2011). Development of pearl millet mini core collection for enhanced utilization of germplasm. *Crop Sci.* 51:217-223.
- Van Hintum THJL, Brown AHD, Spilane C, Hodkin T. (2000). Core collection of Plant Genetic Resources. IPGRI technical bulletin. No.3. International Rome (Italy): Plant Genetic Resources Institute.
- Wang ML, Sukumaran S, Barkley NA, Chen Z, Chen CY, Guo B, Pittman RN, Stalker HT, Holbrook CC, Pederson GA, Yu J. (2011). Population structure and marker-trait association analysis of the US peanut (*Arachis hypogaea* L.) mini-core collection. *Theor Appl Genet.* 123:1307-1317.

- Zhang YF, Zhang QL, Yang Y, Luo ZR. (2009). Development of Japanese persimmon *core collection* by genetic distance sampling based on SSR markers. *J Biotechnol Biotechnol Equip.* 23:1474-1478.
- Zong X, Redden RJ, Liu Q, Wang S, Guan J, Liu J, Xu Y, Liu X, Gu J, Yan L, Ades P, Ford R. (2009) Analysis of a diverse global *Pisum* sp. collection and comparison to a Chinese local *P. sativum* collection with microsatellite markers. *Theor Appl Genet.* 118:193-204.