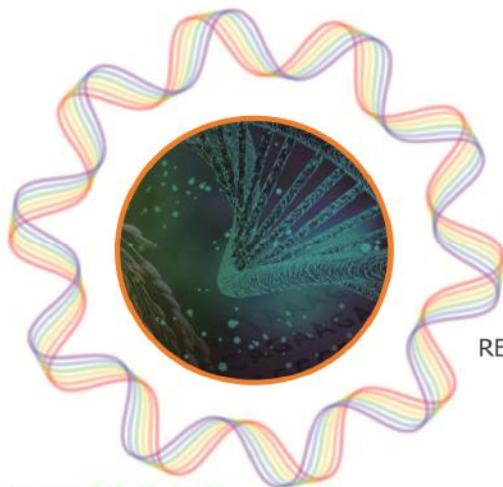


SITUS WEB

PUSAT  
GENOM  
PERTANIAN  
INDONESIA

MEDIA AKSES INFORMASI GENOMIK  
PERTANIAN INDONESIA



**IAARD**  
**PRESS**

PUJI LESTARI  
HAKIM KURNIAWAN  
HABIB RIJZAANI  
DANI SATYAWAN  
ENDO KRISTIYONO  
RERENSTRADIKA TIZAR TERRYANA  
KRISTIANTO NUGROHO  
DWINITA WIKAN UTAMI  
I MADE TASMA  
MASTUR  
SUSTIPRIJATNO  
MUHAMMAD ABRAR ISTIADI

**SITUS WEB  
PUSAT GENOM  
PERTANIAN INDONESIA**

**Media Akses Informasi Genomik  
Pertanian Indonesia**



**SITUS WEB**  
**PUSAT GENOM PERTANIAN INDONESIA**  
**Media Akses Informasi Genomik Pertanian Indonesia**

**Puji Lestari**  
**Hakim Kurniawan**  
**Habib Rijzaani**  
**Dani Satyawan**  
**Endo Kristiyono**  
**Rerenstradika Tizar Terryana**  
**Kristianto Nugroho**  
**Dwinita Wikan Utami**  
**I Made Tasma**  
**Mastur**  
**Sustiprijatno**  
**Muhammad Abrar Istiadi**











# KATA PENGANTAR

Penulis memanjatkan puji syukur ke hadirat Allah SWT yang telah memberikan rahmat, kemampuan, dan semangat yang tinggi pada penulis untuk menyelesaikan buku panduan teknis ini berjudul **“Situs Web Pusat Genom Pertanian Indonesia: Media Akses Informasi Genomik Pertanian Indonesia”**. Buku panduan ini memberi informasi tentang seluk beluk situs web Pusat Genom Pertanian Indonesia (PGPI) pada pengguna secara umum di Indonesia. Buku ini terbagi menjadi empat bagian utama yang intinya tentang sistem situs web khususnya terkait struktur basis data dan analisis proses bisnis, fitur utama PGPI yang mencakup *database* molekuler dan penjelajah genom, dan konten data serta informasi PGPI yang terdiri dari pengelolaan data genomik, data molekuler, dan contoh cara pemanfaatan data serta informasi terkait.

Buku panduan ini dibuat sederhana dan singkat agar mudah diterapkan oleh pekerja dan pengguna yang ingin mengakses data genom maupun molekuler (tanaman pangan, hortikultura, perkebunan dan peternakan) di PGPI dan tautannya sebagai informasi pendukung. Pemikiran ini merupakan salah satu upaya untuk membantu peneliti/pemulia/akademisi/mahasiswa dalam mengarahkan kegiatan penelitian molekuler dan genomik dalam mencapai target yang diharapkan. Penulis mengucapkan terima kasih kepada pejabat berwenang di Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen) yang telah memfasilitasi penyusunan buku ini.

Bogor, Desember 2020

**Penulis**



# DAFTAR ISI

	Halaman
KATA PENGANTAR	vii
DAFTAR ISI	ix
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xiii
I. SISTEM SITUS WEB	1
A. Struktur basis data	1
B. Analisis proses bisnis	4
II. FITUR UTAMA PGPI	9
A. Basis data molekuler	9
B. Penjelajah genom	13
III. KONTEN DATA DAN INFORMASI	17
A. Pengelolaan data genomik	17
B. Data molekuler	23
C. Data publikasi	64
D. Statistik kunjungan	74
IV. CONTOH PEMANFAATAN DATA PGPI	77
A. Pemanfaatan data genom sebagai pencari calon varietas unggul	77
B. Pemetaan gen pembawa sifat unggul tanaman menggunakan marka SNP	80
DAFTAR PUSTAKA	83
DAFTAR ISTILAH	85
BIOGRAFI PENULIS	91



# DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 1. Tabel-tabel dalam basis data 'genom' PGPI	3
Tabel 2. Macam dan jumlah primer yang telah dihimpun dalam basis data molekuler PGPI ( <a href="http://genom.litbang.pertanian.go.id/">http://genom.litbang.pertanian.go.id/</a> )	13
Tabel 3. Daftar publikasi 2015-2019	65
Tabel 4. Statistik kunjungan tahun 2015 hingga tahun pertengahan 2019	75
Tabel 5. Daftar negara yang tercatat terbanyak mengunjungi situs web PGPI tahun 2015 sampai dengan tahun 2019	75



# DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 1. Skema pengelolaan basis data PGPI	2
Gambar 2. Siklus hidup manajemen proses bisnis	5
Gambar 3. Skema proses bisnis PGPI	7
Gambar 4. Diagram <i>business process model and notation</i> (BPMN)	8
Gambar 5. Model tampilan basis data molekuler pada halaman situs web	10
Gambar 6. Tampilan daftar primer dari suatu komoditas/ spesies tertentu dengan navigasi pencarian berdasarkan macam primer	11
Gambar 7. Tampilan detail profil dan karakteristik dari suatu primer	11
Gambar 8. Tampilan pencarian primer dengan menggunakan "Pencarian Tingkat Lanjut"	12
Gambar 9. Tampilan aplikasi penjelajah genom dan fitur-fitur dasar untuk penelusuran data genomik	15
Gambar 10. Diagram alur penyiapan data yang ditampilkan dalam PGPI	18
Gambar 11. Tampilan data primer SNP sapi	27
Gambar 12. Tampilan data primer SNAP sapi	27
Gambar 13. Tampilan data varian SNP sapi	28
Gambar 14. Tampilan data varian SSR sapi	29

Gambar 15. Tampilan data varian SNP tanaman kedelai	34
Gambar 16. Tampilan data varian SNP tanaman padi ( <i>Indica-Tropical Japonica</i> )	34
Gambar 17. Tampilan data varian SNP tanaman padi ( <i>Japonica-Tropical Japonica</i> )	35
Gambar 18. Tampilan data varian SNP tanaman padi ( <i>Tropical Japonica</i> )	36
Gambar 19. Tampilan data varian SNP tanaman jagung	37
Gambar 20. Tampilan data primer SNP tanaman jarak pagar	40
Gambar 21. Tampilan data primer SSR tanaman jarak pagar	41
Gambar 22. Tampilan data primer SNP tanaman kakao	42
Gambar 23. Tampilan data primer SSR tanaman kakao	43
Gambar 24. Tampilan data primer InDel tanaman kakao	43
Gambar 25. Tampilan data varian SNP tanaman kakao	44
Gambar 26. Tampilan data primer SNP tanaman cabai	48
Gambar 27. Tampilan data primer SSR tanaman cabai	49
Gambar 28. Tampilan data primer SNP tanaman kentang	50
Gambar 29. Tampilan data primer SSR tanaman kentang	51
Gambar 30. Tampilan data varian SNP tanaman cabai	52
Gambar 31. Tampilan data varian SNP tanaman kentang	53
Gambar 32. Tampilan data primer SNP tanaman kelapa sawit	56
Gambar 33. Tampilan data primer SNAP tanaman kelapa	57
Gambar 34. Tampilan data primer SNP tanaman aren	58
Gambar 35. Tampilan data primer SSR tanaman aren	58
Gambar 36. Tampilan data primer SNAP tanaman aren	59

Gambar 37. Tampilan data varian SNP tanaman kelapa sawit	60
Gambar 38. Tampilan data varian SSR tanaman aren	61
Gambar 39. Pola pita DNA marka SSR dan dendrogram individu aren Bengkulu, aren Genjah Kutim (KT), dan aren Dalam Toumuung (TM) berdasarkan marka SSR	79
Gambar 40. Distribusi 1536 SNP yang ditampilkan dalam PGPI pada 12 kromosom padi, dibandingkan dengan SNP yang didesain tim peneliti lain. Baris pertama adalah 1536 SNP PGPI (Utami et al. 2013), baris kedua adalah SNP 44k dari Tung et al. (2010), baris ketiga adalah 384-plex SNP dari Feltus et al. (2004), dan baris keempat adalah 384-plex SNP dari Thomson et al. (2011). Angka dalam kotak kuning adalah segmen genom berisikan gen dan QTL untuk karakter daya hasil dan pembungaan, yang diisi lebih banyak SNP dari daerah lain dalam genom padi	80
Gambar 41. Analisis lintas genom menemukan gen-gen yang secara signifikan terpaut dengan karakter pembungaan dalam populasi padi koleksi BB Biogen	81



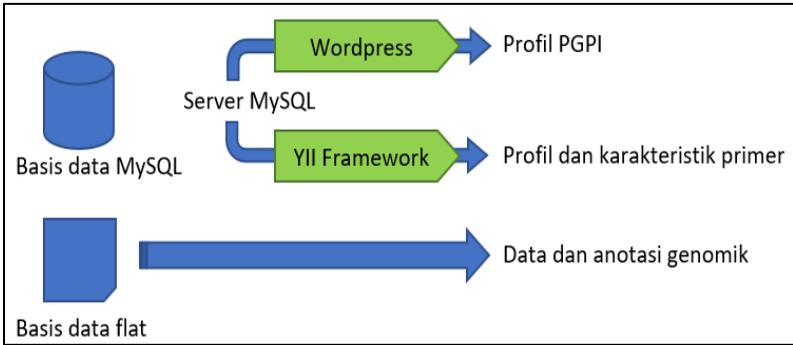
# BAB I. SISTEM SITUS WEB

## A. Struktur basis data

Situs web (*website*) Pusat Genom Pertanian Indonesia (PGPI) v2.0 dikembangkan berbasis *content management system (CMS)* *Wordpress* versi 5.2.2 (<http://www.wordpress.org>). Versi stabil paling mutakhir saat ini adalah *Wordpress* 5.3. *Wordpress* merupakan salah satu *CMS* yang paling populer hingga saat ini dengan fitur dan kinerja yang terus dikembangkan oleh komunitas *open source*. Dengan dukungan *customized addons (plugins)* dari komunitas *open source*, maka *Wordpress* membuka lebar kemampuan implementasi bahasa pemrograman (*script*) dalam berbagai format, misalnya *PHP* dan *Java*. Oleh karena itu, dengan menggunakan *Wordpress* sebagai sistem dasar maka akan lebih memudahkan untuk mengembangkan lebih lanjut terhadap sistem basis data (*database*) web (*web-based database*) yang merupakan fitur utama dalam situs web PGPI.

Pengelolaan basis data dalam situs web PGPI dilakukan dengan menggunakan server *MySQL* dan akses langsung pada basis data *flat*. *MySQL* merupakan salah satu aplikasi server basis data *open source* yang sangat populer hingga saat ini. Secara skematis, pengelolaan basis data PGPI ditampilkan pada Gambar 1.

Basis data dalam PGPI dapat dikelompokkan menjadi dua. Basis data yang pertama diberi nama 'genom', berformat *MySQL*, merupakan basis data yang berisi tabel-tabel untuk mengelola *CMS Wordpress* itu sendiri, dan tabel-tabel untuk mengelola data molekuler. Tabel-tabel utama *CMS Wordpress* diberi nama dengan



**Gambar 1.** Skema pengelolaan basis data PGPI.

awalan 'pgpi\_', digunakan untuk menyimpan data terkait profil dan publikasi. Sementara itu, tabel-tabel data molekuler diberi nama dengan awalan nama kelompok komoditas dan diikuti dengan jenis data yang disimpan dalam tabel tersebut. Daftar tabel-tabel dalam basis data 'genom' PGPI ditampilkan pada Tabel 1.

Basis data yang kedua berisi data genom hasil sekuensing (*sequencing data*) yang disimpan dalam format teks, yaitu *TXT* (menyimpan data sekuensing) dan *JSON* (menyimpan anotasi/informasi posisi gen). Basis data ini merupakan basis data flat, sehingga dapat dikelola tanpa melibatkan server *MySQL* dan *CMS Wordpress*. Data dalam basis data ini ditampilkan dengan menggunakan aplikasi penjelajah genom (*genome browser*). Uraian lebih lanjut mengenai penjelajah genom diuraikan pada bagian lain dari buku ini.

**Tabel 1.** Tabel-tabel dalam basis data 'genom' PGPI.

No.	Nama tabel	Keterangan
Tabel-tabel utama <i>CMS Wordpress</i>		
1.	pgpi_commentmeta	Metadana komentar
2.	pgpi_comments	Komentar terhadap konten profil (jika diaktifkan)
3.	pgpi_links	Link situs web (jika diaktifkan)
4.	pgpi_options	Opsi pengaturan pengelolaan konten yang diterapkan dalam <i>CMS Wordpress</i>
5.	pgpi_postmeta	Metadana postingan
6.	pgpi_posts	Konten posting
7.	pgpi_termmeta	Metadana terminologi dalam pengelolaan konten
8.	pgpi_terms	Konten terminologi dalam pengelolaan konten
9.	pgpi_term_relationships	Tata hubungan antar konten terminologi
10.	pgpi_term_taxonomy	Arsitektur konten terminologi
11.	pgpi_usermeta	Meta data pengguna
12.	pgpi_users	Data pengguna
Tabel-tabel data molekuler		
1.	hortikultura_plant	Daftar tanaman dari kelompok tanaman hortikultura
2.	hortikultura_primer	Daftar primer dari kelompok tanaman hortikultura
3.	hortikultura_snp	Data primer SNP dari kelompok tanaman hortikultura
4.	industri_plant	Daftar tanaman dari kelompok tanaman industri
5.	industri_primer	Daftar primer dari kelompok tanaman industri
6.	industri_snp	Daftar primer SNP dari kelompok tanaman industri
7.	mikroba_plant	Daftar spesies mikroba
8.	mikroba_primer	Daftar primer dari kelompok mikroba
9.	mikroba_snp	Daftar primer SNP dari kelompok mikroba
10.	palma_plant	Daftar tanaman dari kelompok tanaman palma

**Tabel 1.** Lanjutan.

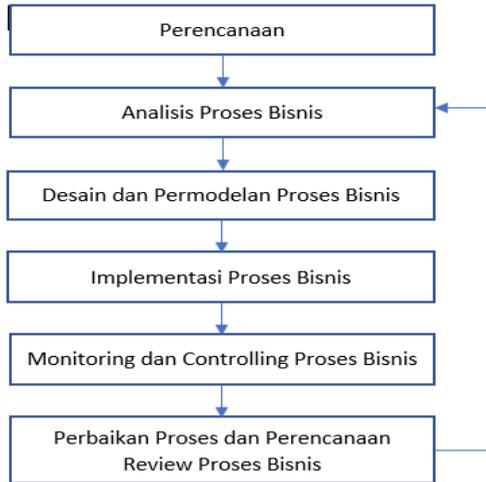
No.	Nama tabel	Keterangan
11.	palma_primer	Daftar primer dari kelompok tanaman palma
12.	palma_snp	Daftar primer SNP dari kelompok tanaman palma
13.	palma_ssr	Daftar primer SSR dari kelompok tanaman palma
14.	pangan_plant	Daftar tanaman dari kelompok tanaman pangan
15.	pangan_primer	Daftar primer dari kelompok tanaman pangan
16.	pangan_snp	Daftar primer SNP dari kelompok tanaman pangan
17.	ternak_plant	Daftar jenis ternak
18.	ternak_primer	Daftar primer dari kelompok ternak
19.	ternak_snp	Daftar primer SNP dari kelompok ternak
20.	ternak_ssr	Daftar primer SSR dari kelompok ternak

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>.

## **B. Analisis proses bisnis**

Proses bisnis adalah kumpulan berbagai kegiatan yang terstruktur dan saling terkait untuk menghasilkan layanan atau produk tertentu dengan tujuan untuk mewujudkan tujuan bisnis. Tujuan bisnis adalah target yang ingin dicapai organisasi dengan menjalankan proses bisnis dengan benar. Proses bisnis merupakan alur kerja perpindahan secara prosedural dari informasi, material dan tugas dari para aktor atau partisipan yang terlibat. Alur proses bisnis tunggal secara sekuensial terdiri dari langkah-langkah yang saling terkait dan bergantung pada penyelesaian langkah sebelumnya ataupun secara paralel dengan beberapa langkah yang terjadi secara bersamaan. Alur proses bisnis tunggal dapat saling dihubungkan menjadi proses bisnis lainnya untuk mencapai tujuan proses secara keseluruhan. Kombinasi dari proses bisnis yang saling terhubung dikenal dengan orkestrasi dan komposisi proses bisnis.

Proses bisnis dalam sebuah organisasi perlu dikelola agar dapat dikontrol dan dimonitor, meningkatkan efisiensi dan



**Gambar 2.** Siklus hidup manajemen proses bisnis.

efektifitas serta menjamin proses bisnis yang ada sejalan dengan tujuan bisnis sebuah organisasi. Tata kelola proses bisnis tersebut mengikuti suatu siklus yang diberi nama siklus hidup manajemen proses bisnis (Gambar 2).

Analisis proses adalah istilah umum untuk analisis alur kerja dalam sebuah organisasi dengan tujuan untuk memperoleh pemahaman, melakukan peningkatan dan tata kelola proses bisnis. Analisis proses bisnis terdiri dari pemetaan atau pemodelan proses dan sub proses secara rinci sampai dengan uraian tugas (Gambar 3). Analisis proses membantu dalam mengidentifikasi setiap proses, mendeskripsikannya, memvisualisasikan dan menemukan hubungan yang ada dari setiap aktor dalam proses tersebut.

Proses analisis dilakukan dengan melakukan:

1. Wawancara dengan pemangku kepentingan yang terlibat baik internal dan eksternal organisasi,

2. Menyebarkan formulir dan matrik yang diperlukan kepada pemangku kepentingan,
3. Mempelajari dokumen proposal dan laporan dari penelitian terkait,
4. Mempelajari *standard operational procedure* (SOP) terkait,
5. Mempelajari metode penelitian terkait,
6. Melakukan pemetaan dan pemodelan.

Berdasarkan metode rantai nilai (*value chain*), proses bisnis dapat dikelompokkan menjadi tiga antara lain:

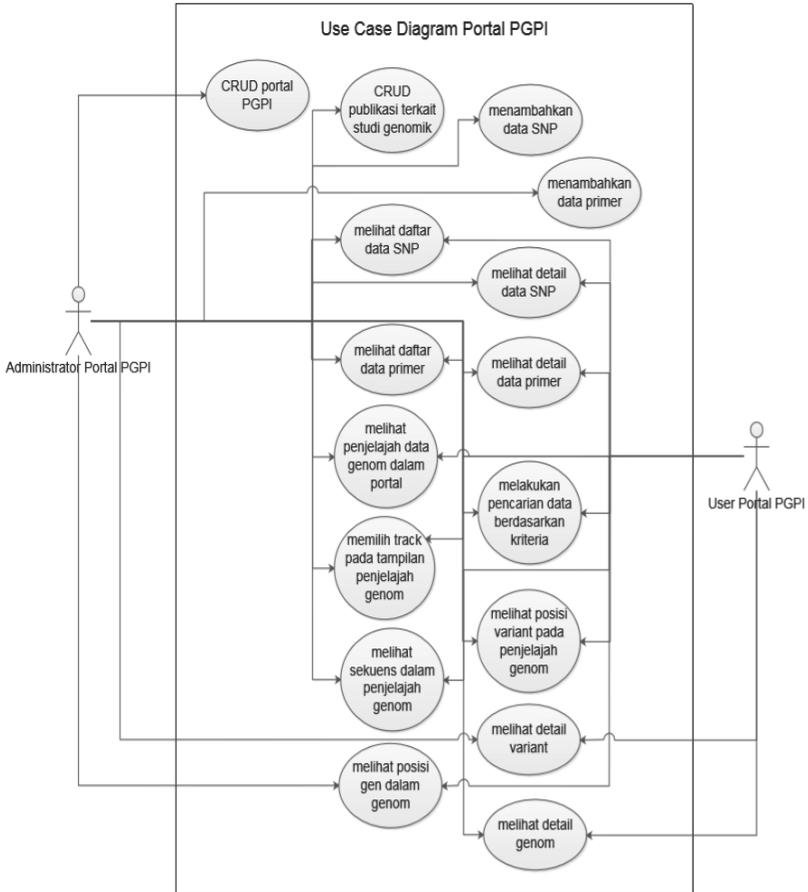
1. *Operational processes*,
2. *Management processes*,
3. *Supporting processes*.

*Unified modeling language* (UML) *use case diagram* digunakan untuk memodelkan layanan, tugas dan fungsi yang dilakukan sistem dari sudut pandang bagaimana aktor menggunakan atau menangani sistem tersebut. *Use case* akan menggambarkan bagaimana para aktor berinteraksi dengan sistem.

Identifikasi aktor terdiri dari:

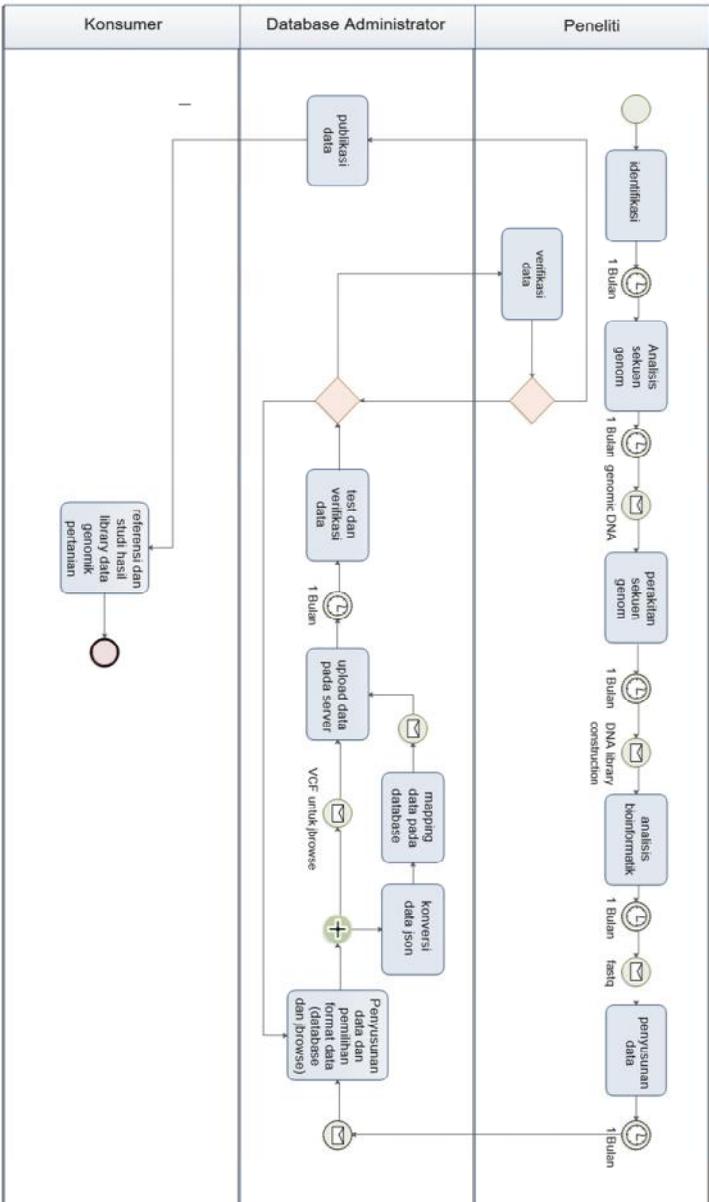
1. Peneliti,
2. Teknisi,
3. Administrasi,
4. Pengguna *platform*.

Model proses merupakan suatu pandangan formal dari proses bisnis yang direpresentasikan sebagai seperangkat kegiatan yang dilakukan secara paralel dan/atau sekuensial yang terkoordinasi dari proses yang saling terhubung untuk mencapai tujuan bisnis. Proses bisnis dapat dimodelkan dengan berbagai metode dan teknik seperti dengan menggunakan diagram UML dan *business*



**Gambar 3.** Skema proses bisnis PGPI.

*process model and notation* (BPMN). BPMN adalah cara menggambarkan proses bisnis secara visual dengan cara standar dan formal sehingga dapat ditafsirkan dengan mudah oleh berbagai pemangku kepentingan (Gambar 4).



Gambar 4. Diagram business process model and notation (BPMN).

# BAB II. FITUR UTAMA PGPI

## A. Basis data molekuler

Basis data molekuler menampung data dari analisis genomik dan menampilkan hasil analisis molekuler jenis komoditas dari berbagai kelompok komoditas. Melalui fitur ini pengguna mendapatkan informasi mengenai variasi nukleotida khususnya *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP) dan *Simple Sequence Repeats* (SSR), dan jenis primer yang dapat sebagai marka/penanda molekuler, seperti primer pengapit SNP basis sekuensing dalam bentuk STS (*sequence tagged site*), *Single Nucleotide-Amplified Polymorphism* (SNAP), SSR, dan *Insertion or Deletion* (InDel). Jumlah varian SSR dan SNP bervariasi tiap komoditas. Macam atau jenis dan jumlah primer yang ada juga bervariasi antar jenis komoditas yang berbeda. Basis data molekuler juga memfasilitasi pengguna untuk melihat secara lebih detail mengenai profil dan karakteristik dari primer (jenis primer, nama primer, lokasi pada kromosom, gen terasosiasi, serta komposisi basa sekuens *forward* dan komposisi basa sekuens *reverse*) maupun varian SNP dan SSR (lokasi di kromosom, alel referensi/*Ref* dan alel alternatif/*Alt* gen terasosiasi, dan sebagian sekuens pengapit yang mengandung varian tersebut).

Sebagian besar primer tersebut di PGPI telah dikonfirmasi secara molekuler di laboratorium dan teruji polimorfismenya, yaitu kemampuan untuk membedakan antara individu organisme satu dengan yang lainnya, sehingga siap digunakan untuk mendukung penelitian molekuler lanjutan. Sebagian primer yang lainnya masih memerlukan kajian dan pengujian

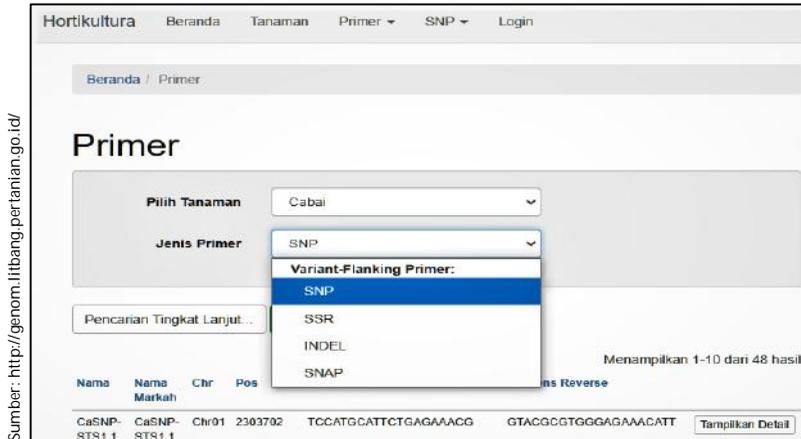
untuk digunakan sebagai marka dalam penelitian biologi molekuler.

Model tampilan basis data molekuler pada halaman situs web adalah dengan pengelolaan menu halaman terkategori, yaitu mulai dari menampilkan daftar kelompok komoditas, diikuti dengan nama komoditas (spesies), untuk selanjutnya akan ditampilkan daftar primer pada komoditas/spesies yang bersangkutan (Gambar 5). Pengguna juga dapat menemukan informasi profil dan karakteristik dari masing-masing primer mulai dari pemilihan jenis primer, untuk selanjutnya memilih komoditas/spesies sebagaimana ditampilkan pada Gambar 6. Detil profil dan karakteristik dari masing-masing primer dapat ditampilkan dengan cara mengklik tombol 'Tampilkan Detil' di sebelah kanan pada masing-masing baris data primer yang ditampilkan (Gambar 7).

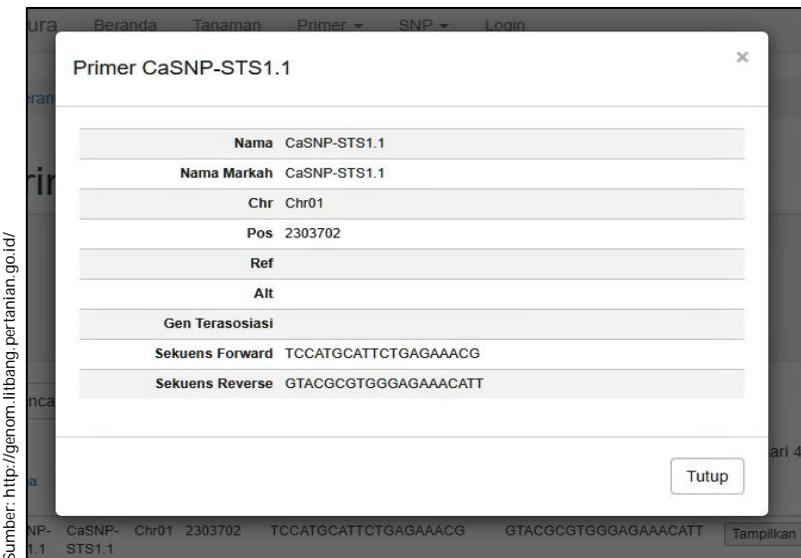
Halaman tampilan basis data molekuler juga memfasilitasi pengguna untuk pencarian suatu primer dengan kriteria pencarian sesuai dengan yang diinginkan pengguna. Pencarian dapat dilakukan dengan mengklik tombol 'Pencarian Tingkat Lanjut', untuk selanjutnya tinggal menyetikkan kriteria nama primer, posisi pada kromosom, posisi target, gen terasosiasi, komposisi sekuens *forward* ataupun *reverse* (Gambar 8).



**Gambar 5.** Model tampilan basis data molekuler pada halaman situs web.



**Gambar 6.** Tampilan daftar primer dari suatu komoditas/spesies tertentu dengan navigasi pencarian berdasarkan macam primer.



**Gambar 7.** Tampilan detail profil dan karakteristik dari suatu primer.

The image shows a web browser window with a search form titled "Pencarian Tingkat Lanjut". The form contains the following fields and buttons:

- Instruction: "Anda dapat memasukkan operator (<, <=, >, >=, <> or =) di depan nilai yang dicari." (You can enter operators (<, <=, >, >=, <> or =) in front of the value to be searched.)
- Fields: Nama, Nama Markah, Chr, Pos, Ref, Alt, Gen Terasosiasi, Sekuens Forward, and Sekuens Reverse.
- Buttons: Cari (Search) and Reset.

**Gambar 8.** Tampilan pencarian primer dengan menggunakan "Pencarian Tingkat Lanjut".

Hingga saat ini basis data molekuler telah menampung data profil dan karakteristik dari total sebanyak 705 primer pada 9 macam komoditas/spesies, dengan perincian sebagaimana diuraikan pada Tabel 2. Data profil dan karakteristik berbagai macam primer tersebut akan terus bertambah seiring dengan capaian kegiatan penelitian genomik pertanian yang dikoordinasi oleh Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen) melalui PGPI.

Seluruh koleksi primer yang terhimpun dalam basis data molekuler PGPI saat ini disimpan di Laboratorium Biologi Molekuler, BB Biogen. Koleksi primer tersebut dapat diakses oleh pengguna (melalui peraturan yang berlaku) untuk tujuan kegiatan penelitian dan pengembangan komoditas pertanian.

**Tabel 2.** Macam dan jumlah primer yang telah dihimpun dalam basis data molekuler PGPI (<http://genom.litbang.pertanian.go.id/>).

No.	Komoditas/spesies	Macam primer	Jumlah
1.	Pisang	SSR	60
2.	Cabai	SSR	24
		SNP	48
3.	Kentang	SSR	24
		SNP	36
4.	Kelapa sawit	InDel	32
		SNP	96
5.	Kelapa	SNAP	78
6.	Aren	SNP	7
		SNAP	23
		SSR	140
7.	Jarak pagar	SNP	25
		SSR	15
8.	Kakao	InDel	20
		SSR	19
		SNP	33
9.	Sapi	SNP	6
		SNAP	19
Total			705

## B. Penjelajah genom

Dengan semakin berkembangnya teknologi *Next-Generation Sequencing* (NGS), telah memungkinkan semakin cepatnya capaian penelitian untuk mensekuensing genom organisme, baik prokariotik maupun eukariotik. Seluruh data hasil sekuensing berikut anotasinya saat ini bahkan telah banyak tersedia untuk diakses oleh publik melalui portal situs web seperti *NCBI* (*National Center for Biotechnology Information, USA*) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>).

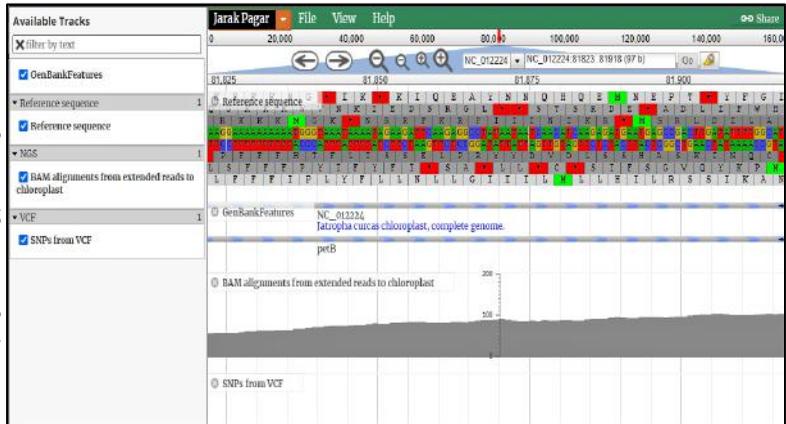
Hasil integrasi secara sistematis antara data sekuensing dan anotasinya, akan menghasilkan sekumpulan data berukuran sangat besar (*big data*) dan lebih bervariasi. Dalam hal ini, penjelajah genom (*genome browser*) memberikan fitur unik bagi para peneliti di bidang biologi dan bioinformatik untuk melakukan pencarian (*searching*), penelusuran (*browsing*), menampilkan (*retrieving*) dan menganalisis secara lebih efektif dan efisien.

Perangkat penjelajah genom memfasilitasi pengguna dengan antar muka (*interface*) grafis yang intuitif untuk melakukan ekstraksi data/informasi yang diperlukan secara terseleksi. Lebih jauh lagi, berbagai tipe anotasi yang berbeda dari berbagai sumber memungkinkan untuk diintegrasikan ke dalam satu perangkat penjelajah genom, sedemikian rupa sehingga pengguna akan sangat terbantu untuk melakukan analisis data dari berbagai sumber yang berbeda secara efektif. Pengguna dimudahkan dalam mengarahkan keinginan keseluruhan data genom dengan menggunakan sistem koordinat genomik yang sama, sehingga dapat dilakukan analisis komparatif antar kelompok organisme yang berbeda.

Secara umum, perangkat penjelajah genom dapat dibagi menjadi dua macam, yaitu penjelajah genom berbasis *web* (*web-based browser*) dan aplikasi *offline* (*stand-alone application*). Penjelajah genom berbasis web terdiri atas penjelajah genom umum (*general genome browser*) yang dapat menelusuri antar spesies, dan penjelajah genom spesifik (*species-specific genome browser*) yang digunakan untuk menelusuri genom dari spesies tertentu.

Aplikasi penjelajah genom yang diimplementasikan di situs web PGPI adalah *JBrowse* v1.11.6. *JBrowse* merupakan aplikasi penjelajah genom berbasis web yang menggunakan *platform Javascript*, yang dapat diunduh pada situs web <http://jbrowse.org>. Aplikasi *open source* yang cukup sederhana dan kompak ini

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>



**Gambar 9.** Tampilan aplikasi penjelajah genom dan fitur-fitur dasar untuk penelusuran data genomik.

sangat fleksibel untuk diimplementasikan ke dalam aplikasi lain berbasis web.

Tampilan aplikasi penjelajah genom beserta fitur-fitur dasar yang ada disajikan pada Gambar 9. Sebanyak 9 komoditas/spesies telah terhimpun data genomiknya pada situs web PGPI dan dapat diakses melalui aplikasi penjelajah genom.

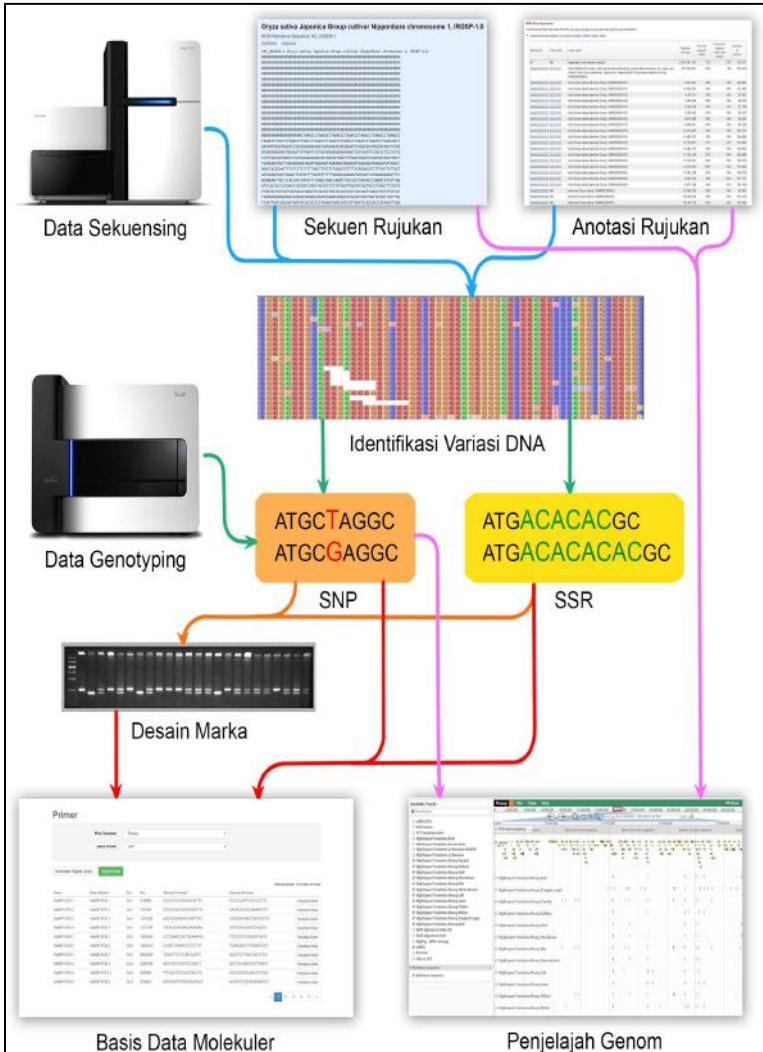


# BAB III. KONTEN DATA DAN INFORMASI

## A. Pengelolaan data genomik

Data yang ditampilkan dalam PGPI adalah hasil dari analisis genom komoditas pertanian yang dilakukan dengan menggunakan beberapa pendekatan, yaitu sekuensing keseluruhan genom, sekuensing RNA, dan analisis *genotyping* menggunakan berbagai macam jenis marka DNA. Skema analisis genom untuk menghasilkan data yang ditampilkan di PGPI dapat dilihat di Gambar 10.

Komponen data terpenting adalah peta dan sekuens rujukan genom masing-masing komoditas, karena data tersebut adalah rujukan utama yang diperlukan untuk mendapatkan data lain seperti variasi sekuens DNA, marka DNA, dan kuantitas ekspresi gen. Sekuens rujukan genom yang digunakan dalam PGPI berasal dari hasil perakitan sekuens rujukan oleh pihak lain yang boleh dimanfaatkan secara bebas, maupun sekuens rujukan yang dikembangkan sendiri atau bekerja sama dengan pihak lain. Data sekuens genom rujukan juga berfungsi sebagai peta dasar untuk menjelajah genom, sebagai kerangka acuan untuk meletakkan fitur-fitur yang ada dalam genom seperti gen, regulator, dan variasi DNA. Fitur-fitur yang ada dalam masing-masing genom, terutama gen dan segmen-segmen pengatur ekspresinya, biasanya telah dikemas dalam file anotasi rujukan oleh pembuat sekuens rujukan genom dan disediakan bersama-sama dengan sekuens rujukan dalam pangkalan data mereka.



**Gambar 10.** Diagram alur penyiapan data yang ditampilkan dalam PGPI.

Data sekuens rujukan juga berfungsi sebagai pembanding bagi data sekuens yang diperoleh dari varietas-varietas tanaman yang ada di Indonesia. Dari penjajaran dan perbandingan antar

sekuens tersebut dapat diidentifikasi segmen-segmen DNA yang memiliki perbedaan dengan sekuens rujukan. Segmen DNA yang berbeda ini merupakan bagian yang menarik untuk dikaji, karena variasi DNA inilah yang menyebabkan adanya sifat-sifat unik pada varietas tanaman Indonesia, yang tidak dapat ditemukan pada tanaman rujukan. Ketersediaan data anotasi yang lengkap dan akurat menjadi modal awal dalam meneliti fungsi suatu variasi baru DNA. Dari data anotasi, dampak dari perubahan sekuens DNA dapat diprediksi dari lokasi varian DNA tersebut. Sebagai contoh, varian yang terletak dalam segmen genom yang mengkode protein berpeluang untuk mengubah fungsi protein, sedangkan variasi DNA di daerah pengatur ekspresi gen tentu tidak akan mengubah komposisi dan fungsi protein, melainkan hanya mengatur kuantitas dan waktu sintesis produk gen yang diatur.

Selain memiliki fungsi biologis, variasi DNA tersebut juga dapat digunakan sebagai penciri setiap varietas untuk membedakan antar varietas. Setiap varietas memiliki pola mutasi DNA yang berbeda, dan sebagian dari kombinasi variasi DNA yang dimilikinya tersebut menyebabkan munculnya sifat baru yang unik pada varietas tersebut. Namun untuk menjadi penciri, sebuah varian DNA tidak harus terpaut pada sifat-sifat tertentu, apalagi untuk varietas yang telah diverifikasi keunikan sifatnya melalui pengamatan dengan metode yang telah baku. Setiap variasi DNA atau kombinasi dari variasi yang unik yang ditemukan pada varietas tertentu dan bersifat stabil dapat dijadikan sebagai penciri dari varietas tersebut.

Dua jenis variasi DNA yang menjadi perhatian utama dalam PGPI adalah SNP dan SSR, mengingat deteksi kedua jenis variasi DNA tersebut dapat dilakukan menggunakan berbagai metode dengan biaya yang relatif murah. SNP adalah variasi DNA yang terjadi pada satu basa DNA, dimana satu jenis basa DNA pada

varietas tertentu digantikan oleh basa DNA yang lain di posisi yang sama pada varietas lain. Sebagai contoh, pada Gambar 10, basa kelima pada varietas 1 adalah T, sedangkan basa kelima pada varietas 2 adalah G. Tergantung pada posisi SNP, perubahan basa DNA tersebut dapat memiliki berbagai macam dampak, antara lain perubahan komposisi protein, degradasi protein, perubahan aktivitas protein, tingkat ekspresi gen, dan lain-lain.

Variasi SSR biasanya terjadi di segmen DNA yang mengandung ulangan basa DNA. Sebagai contoh, pada Gambar 10 ditampilkan ulangan basa AC sebanyak empat kali pada varietas 1, namun jumlah ulangan basa AC yang berbeda (lima ulangan) ditemukan pada varietas 2. Akibatnya, fragmen DNA pada posisi ini dari varietas 2 akan lebih panjang dari varietas 1, karena adanya tambahan satu ulangan basa AC pada varietas 2. Perbedaan panjang fragmen ini dapat dideteksi dengan peralatan yang relatif sederhana dan biaya yang relatif murah, sehingga variasi DNA jenis ini banyak digunakan untuk analisis penciri spesifik berbasis DNA maupun marka dari segmen-segmen DNA yang membawa sifat-sifat tertentu. Kelemahan SSR adalah jumlahnya relatif jarang di dalam gen, sehingga kebanyakan SSR tidak mengakibatkan perubahan sifat dan hanya digunakan sebagai penanda saja (marka DNA).

Data SNP dan SSR yang ditampilkan di PGPI diperoleh dari penjajaran data sekuens, baik yang diperoleh dari DNA keseluruhan genom maupun RNA, dengan sekuens rujukan. SNP dan SSR diidentifikasi berdasarkan perbedaan sekuens antara sampel dan sekuens rujukan, sehingga jumlah SNP dan SSR yang diperoleh tergantung pada kuantitas dan kualitas data yang diperoleh dari kegiatan sekuensing. Sumber lain dari data SNP adalah dari kegiatan *genotyping* menggunakan analisis SNP berbasis chip. Setiap chip yang digunakan berisikan ribuan SNP yang diketahui memiliki keragaman yang tinggi. Setelah chip

tersebut dihibridisasi dengan DNA sampel, maka basa-basa DNA yang terletak di posisi SNP yang dituju pada sampel yang diperiksa dapat diketahui dengan cepat. Analisis ini jauh lebih cepat dibandingkan dengan sekuensing, dan biaya yang harus dikeluarkan untuk setiap SNP juga lebih murah, meskipun hanya terbatas pada SNP yang termuat dalam chip.

Data SNP dan SSR ini ditampilkan baik pada laman penjelajah genom maupun pada laman basis data molekuler. Tampilan pada penjelajah genom menempatkan setiap variasi DNA pada posisinya dalam kromosom. Berdasarkan tampilan letak varian DNA pada kromosom yang dilengkapi dengan data anotasi, pengguna dapat melihat gen-gen apa saja yang bersinggungan atau berdekatan dengan variasi DNA tersebut pada penjelajah genom. Kekurangan penjelajah genom adalah waktu untuk menampilkan data pada *browser* seringkali agak lama, mengingat volume data yang harus diunduh oleh *browser* cukup besar. Laman basis data molekuler hanya menampilkan ringkasan data varian dalam bentuk tabel, sehingga dapat lebih cepat ditampilkan dalam *browser*. Namun data gen apa yang berdekatan atau bersinggungan dengan setiap varian DNA tidak selalu tersedia pada laman basis data molekuler.

Fungsi utama ditampilkannya data SNP dan SSR dalam PGPI adalah untuk membantu para pengguna dalam menemukan lokasi dalam kromosom yang memiliki keragaman pada aksesori yang telah disekuensing atau yang memiliki data *genotyping*. Data keragaman DNA memiliki banyak peran dalam pemuliaan dan penelitian komoditas pertanian, antara lain untuk identifikasi varietas secara molekuler, membantu pemilihan tetua persilangan, memetakan DNA pembawa sifat unggul, dan melacak pewarisan sifat unggul. Untuk menerapkan data keragaman DNA dalam kegiatan-kegiatan tersebut, pengguna terkadang harus mendeteksi keragaman tersebut pada organisme yang

diteliti atau dimulikan menggunakan metode yang lebih murah dan sederhana dari sekuensing dan *genotyping* berbasis *chip*.

Salah satu metode deteksi keragaman DNA yang paling populer karena kemudahan dan rendahnya biaya yang diperlukan adalah deteksi berdasarkan penggandaan DNA menggunakan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) diikuti dengan visualisasi DNA yang telah digandakan menggunakan *gel electrophoresis*. PGPI berusaha untuk memfasilitasi penggunaan metode ini dengan membantu mendesain primer DNA yang diperlukan untuk menggandakan segmen DNA yang diinginkan secara spesifik. Beberapa primer yang didesain untuk menggandakan SNP maupun SSR telah dipublikasikan di situs web PGPI. Dengan demikian, pengguna dapat mengunduh sekuens primer PCR yang ada di PGPI, memesan primer tersebut dari penyedia, dan menggunakannya secara bebas untuk keperluan pemuliaan maupun penelitian.

Untuk varian DNA yang berjenis SNP, selain menampilkan sekuens primer untuk mendeteksi SNP menggunakan PCR dan *gel electrophoresis*, PGPI juga memfasilitasi deteksi SNP yang menggunakan metode-metode lain dengan menampilkan sekuens DNA yang mengapit SNP-SNP tersebut. SNP dapat dideteksi antara lain dengan metode hibridisasi, *real-time PCR*, *mass spectroscopy*, oligonukleotida yang spesifik alel, dan deteksi perubahan *melting temperature*. Metode-metode tersebut membutuhkan bagian yang berbeda dari sekuens DNA yang ada di sekitar SNP, sehingga untuk alasan kepraktisan PGPI menyediakan sekuens DNA pengapit SNP daripada mendesain sekuens pelacak untuk setiap metode-metode yang sangat bervariasi tersebut.

## B. Data molekuler

Beranda situs web PGPI (<http://genom.litbang.pertanian.go.id/>) terdiri 6 menu utama, yaitu *Home*, *About us*, *Database*, *Genome browser*, *Partners*, dan *Contact us*.

### 1. *Home*

Beranda *Home* yang muncul pada awal situs web menampilkan secara bergilir informasi data komoditas yang tersedia dalam situs web secara berurutan antara lain mikroba, ternak, tanaman pangan, tanaman industri, tanaman palma, dan spesies laut. Data mikroba yang tersedia dalam situs web terdiri dari spesies *Agrobacterium*, *Bacillus*, dan *Gluconobacter*, dimana saat ini data sedang dalam proses dilengkapi. *Database* hewan ternak yang tersedia di situs web yaitu sapi ras *Bos taurus* lokal dari Indonesia. Data komoditas tanaman pangan yang tersedia antara lain padi, jagung, kedelai. Data komoditas tanaman industri yang tersedia dalam situs web yaitu jarak dan kakao. Data komoditas tanaman hortikultura yang tersedia yaitu pisang, cabai, dan kentang, adapun pengembangan data terkait spesies laut sedang dilakukan saat ini.

### 2. *About us*

*Pembacaan genom, merencanakan masa depan!*

Tampilan di *About us* adalah narasi singkat tentang pentingnya PGPI sebagai situs web genom pertanian. Bagian laman ini memberikan keterangan bahwa informasi genetik dalam setiap sel makhluk hidup dapat menjadi kunci utama program pemuliaan beragam komoditas. Keberagaman tipe gen, marka molekuler dan variasi genom dapat berasosiasi dengan sifat-sifat unggul sehingga dapat digunakan sebagai target pemuliaan. PGPI merupakan sebuah situs web yang

telah menjadi pusat data dan jaringan untuk riset genom dan bioinformatik, terutama dalam bidang pertanian. Pada situs web ini telah tersedia seluruh sekuens genom dari berbagai plasma nutfah pertanian di Indonesia yang telah dilengkapi dengan informasi gen yang telah teridentifikasi dan variasi genomnya.

### 3. **Database**

#### 3.1. **Database mikroba**

*Database* genom mikroba berisi informasi genom beberapa mikroba endofit maupun yang diisolasi dari rizosfer indigenous Indonesia dan berpotensi sebagai bioprospeksi. Beberapa mikroba bakteri tersebut berfungsi sebagai penghasil hormon tumbuh tanaman, anti-fungi, pelarut fosfat (P) dan fiksasi nitrogen (N). Bakteri berasal dari genus *Bacillus*, *Rhizobium*, dan lainnya.

*Database* genom mikroba terdiri dari menu utama yaitu Beranda, Mikroba, dan *Login*. Beranda berisi tentang deskripsi singkat tentang *database* genom mikroba. Menu mikroba yang nantinya akan berisi *database* genom dan masih dalam pengembangan. Menu *login* digunakan untuk masuk untuk mengembangkan kelanjutan situs web.

#### 3.2. **Database ternak**

Menu utama dalam situs web *database* ternak antara lain Beranda, Hewan, Primer, SNP, SSR, dan *Login*.

### 3.2.1. Beranda

Menu Beranda berisi deskripsi singkat *database* genom hewan ternak. Deskripsi singkat tersebut tersaji sebagai berikut:

Sapi merupakan hewan ternak dari anggota suku Bovidae dan anak suku Bovinae. Sapi dipelihara terutama untuk dimanfaatkan susu dan dagingnya untuk memenuhi kebutuhan pangan manusia. Ada beberapa ras sapi ternak diantaranya *Bos taurus*, *Bos indicus*, *Bos javanicus domesticus*, dan lainnya.

Di Indonesia cukup banyak sapi lokal yang memiliki potensi besar untuk ditingkatkan populasi dan produktivitasnya. Sapi Peranakan Ongole (PO) adalah salah satu rumpun sapi potong lokal yang memiliki jumlah populasi besar dan tersebar pada berbagai agroekosistem di Indonesia. Sapi PO dicirikan dengan karakteristik antara lain: warna bulu putih atau kelabu, bermata besar dan terang dengan kulit sekitar mata kira-kira 1 cm berwarna hitam, berpuncuk besar di bagian gumba, berkaki panjang dengan urat kuat, bergelambir sebagai lipatan-lipatan kulit dibawah leher sampai perut.

*Database* genom ini bertujuan untuk membantu peneliti dan pemulia sapi dalam menyediakan navigasi dan *tool* anotasi untuk genom sapi. Dalam *database* ini, sejumlah informasi genom berdasarkan resequensing sapi lokal Indonesia telah tersedia. Sebaran alel pada sapi PO dan sapi perah berdasarkan *genotyping* dengan Bovine kit juga telah diidentifikasi.

Proyek genom sapi ini merupakan kolaborasi antara BB Biogen, Balai Penelitian Ternak (Balitnak) dan Loka Penelitian Sapi Potong (Lolit Sapo)-Balitbangtan.

### 3.2.2. Hewan

Menu Hewan berisi informasi hewan ternak yang tersedia dalam *database*. Berikut data hewan ternak yang tersedia dalam *database* tersebut yaitu,

#### Sapi

ID : 1  
Nama : Sapi  
Nama ilmiah : *Bos taurus*  
Nama sampel : -

### 3.2.3. Hewan

Menu Primer terdiri dari sub menu hewan sapi. Sub menu Primer sapi berisi tampilan *database* dengan dua kolom pencarian yaitu berdasarkan Pilih Hewan dan Jenis Primer. Kolom pencarian Pilih Hewan saat ini hanya terdapat pilihan Sapi, sedangkan kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP.

Jika kolom pencarian dengan Pilih Hewan: Sapi, maka akan muncul pilihan *variant-flanking* primer yang tersedia pada pilihan Jenis Primer. Data Primer dengan *variant-flanking* primer SNP sapi terdiri atas 6 primer yang berasal dari 4 kromosom yang berbeda-beda posisinya. Informasi primer SNP yang tersedia terdiri dari nama lokus, nama marka, kromosom, posisi dalam kromosom, sekuens *forward* dan *reverse* (Gambar 11). Sebagai

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Pilih Hewan:

Jenis Primer:

Pencarian Tingkat Lanjut...

Menampilkan 1-6 dari 6 hasil

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
Hapmap46397-BTA-105989	BvSNP 4.2	4	2070739	ATGCGCACTGATGTTATCDG	TTGCGTAGTGTGCGCACTCA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
BTB-01238585	BvSNP 4.9	4	19084426	ACTGCCACCATCCTAGTCA	GGGACAACATGAACAAGGCT	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
ARS-BFOL-MDS-90522	BvSNP 5.1	5	102174236	AGCTTGCTCCTGGATCML	AGCAGMCAACACACTTCGCT	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>

Gambar 11. Tampilan data primer SNP sapi.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Pilih Hewan:

Jenis Primer:

Pencarian Tingkat Lanjut...

Menampilkan 1-10 dari 10 hasil

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
Hapmap46397-BTA-105989	BvSNAP 4.2_L_REF_2	4	2070739	CAACAAATTTATAAGGGATATAITCAGCAATCTT	TTGCGTAGTGCAGTACTCCTAGTGGC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
BTB-01238565	BvSNAP 4.8_L_REF_1	4	19084426	ATCAATCCCTCCCTTGGCTGCAC	TGGTAAGTACAGAGAMAAAGGGACAAAGATGTAC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
ARS-BFOL-MDS-90522	BvSNAP 5.1_L_REF_2	5	102174236	CCTTGCTCCATGATGATGAAAGGCT	CTGTGCTGGCAGATTTCCGTGC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
BTB-00291042	BvSNAP 7.1_L_REF_2	7	4650763	CCTTGGCTCCATGGTGTGAAAGGCT	CTGTGGCTGGCAGATTTCCGTGC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
ARS-BFOL-MDS-59719	BvSNAP 7.5_L_REF_1	7	4619633	GGCCTCCCTGCACCTGCTCCTAAGTACTA	GGCAGTGGAGACATCAGCTGCC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
ARS-BFOL-MDS-118951	BvSNAP 13.8_L_REF_1	13	54895475	AAAGGC GGCTGCATGGAGGAGTA	CATTACGACAGCCCCGAAATG	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>

Gambar 12. Tampilan data primer SNAP sapi.

contoh, lokus Hapmap46397-BTA-105989 dan BTB-01238565 sama-sama berada pada kromosom 4, namun berbeda posisi yaitu 2070739 bp dan 19084426 bp. Data *variant-flanking* primer tersebut dapat diambil dengan pilihan *Export Excel*.

Data *variant-flanking* untuk primer SSR dan InDel pada pilihan hewan sapi saat ini masih dalam tahap pengembangan. Data *variant-flanking* primer SNAP berisi data 19 primer SNAP yang diperoleh dari 7

kromosom yang berbeda, antara lain kromosom 4, 5, 7, 13, 17, 18, dan 25 (Gambar 12). Data primer variant-flanking primer SNAP juga dapat disimpan dalam format *Microsoft Excel* dengan *Export Excel*. Susunan tabel dalam format *Microsoft Excel* akan memiliki kolom nama, nama marka, kromosom, posisi, referensi, alternatif, gen terasosiasi, sekuens *forward* dan sekuens *reverse*.

### 3.2.4. SNP

Dalam menu SNP sapi terdapat pilihan pencarian Pilih Hewan yang pada saat ini baru terdapat satu pilihan hewan yaitu sapi. Terdapat informasi 143 SNP dalam *database* dengan informasi yang ditampilkan terdiri atas data kromosom, posisi dalam kromosom, ID, referensi, alternatif, serta gen terasosiasi (Gambar 13). Adapun varian SNP yang tersedia dalam *database* berasal dari kromosom 1 hingga 29, serta dua kromosom X. Sebagai contoh, SNP ditemukan dalam kromosom 8 pada posisi 9566976 dengan ID lokus BTB-00696278, alel

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terasosiasi
8	9566976	BTB-00696278	A	G	Ovis canadensis canadensis isolate 43U chromosome 2 sequence
10	423475	BovineHD1000000078	G	T	Bos taurus isolate Dommedie_000065F genomic sequence
4	75357127	ARS-BFGL-NGS-21458	A	G	Bos taurus isolate Dommedie_000065F genomic sequence
13	1887736	ARS-BFGL-NGS-95344	A	G	Ovis canadensis canadensis isolate 43U chromosome 13 sequence

**Gambar 13.** Tampilan data varian SNP sapi.

referensi A dan alel alternatif G, serta gen terasosiasi dengan *Ovis canadensis canadensis isolate 43U chromosome 2 sequence*.

### 3.2.5. SSR

Dalam menu SSR sapi terdapat pilihan pencarian Pilih Tanaman yang pada saat ini baru terdapat satu pilihan hewan yaitu sapi, serta pilihan Sumber SSR. Terdapat dua pilihan dalam Sumber SSR yaitu *Scaffold* dan *Contig*. Terdapat informasi 100 SSR dalam *database* yang bersumber dari *Scaffold* dengan informasi yang ditampilkan terdiri atas kolom kromosom, posisi, ID, motif, panjang motif, SSR dan panjang sekuens SSR (Gambar 14). Adapun varian SSR yang bersumber dari *Scaffold* yang tersedia dalam *database* berasal dari kromosom 1 hingga 27, serta empat kromosom X. Sedangkan untuk data varian SSR yang bersumber dari *Contig* masih dalam proses pengembangan.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

The screenshot shows a web interface for searching SSRs. At the top, there are two dropdown menus: 'Pilih Tanaman' set to 'Sapi' and 'Sumber SSR' set to 'Scaffold'. Below these is a search bar with the text 'Pencarian Tingkat Lanjut...' and a green 'Export Excel' button. The main area displays a table of results with the following columns: Chr, Pos, ID, Motif, Panjang Motif, SSR, and Panjang SSR. The table shows 4 rows of data, with a 'Tampilkan Detail' button next to each row. A note at the top right of the table area says 'Menampilkan 1-10 dari 100 hasil'.

Chr	Pos	ID	Motif	Panjang Motif	SSR	Panjang SSR	
1	1308961	SNP_2111308961 TG	AGA	3	AGAAGAAGAAGA	15	Tampilkan Detail
2	120910922	SNP_82120910922 TIA	TG	2	TGTGTGTGTGTG	12	Tampilkan Detail
2	133294953	SNP_1112133294953 A/C	TG	2	TGTGTGTGTGTGTGTG	16	Tampilkan Detail
3	54364087	SNP_19354364087 GT	TGC	3	TGCTGCTGCTGCTGC	15	Tampilkan Detail

Gambar 14. Tampilan data varian SSR sapi.

### 3.3. Database tanaman pangan

*Database* genom tanaman pangan terdiri atas menu Beranda, Tanaman, Primer, SNP, dan *Login*.

#### 3.3.1. Beranda

Menu Beranda berisi deskripsi singkat informasi *database* genom terkait komoditas padi dan kedelai. Data terkait komoditas padi berasal dari kegiatan studi keragaman genetik dan pencarian alel pada 467 aksesori plasma nutfah padi menggunakan 1536 SNP-*chip* dan 288 aksesori plasma nutfah padi menggunakan 384 SNP-*chip*, deteksi sidik jari DNA plasma nutfah padi, pemetaan *Genome Wide Association Study/GWAS*, serta pemetaan gen/QTL dengan populasi persilangan. Hanya sebagian data varian pada komoditas padi yang ditampilkan di PGPI. Sedangkan data terkait komoditas kedelai berupa informasi genom berdasarkan sekuens 3 genotipe kedelai Indonesia (Wilis, Anjasmoro dan Tanggamus), serta hasil kegiatan validasi variasi SNP pada plasma nutfah kedelai.

#### 3.3.2. Tanaman

Menu Tanaman berisi informasi tanaman pangan yang tersedia dalam *database*. Berikut informasi tanaman yang tersedia dalam *database* tersebut yaitu,

##### **Kedelai**

ID : 5  
Nama : Kedelai  
Nama ilmiah : *Glycine*  
Nama sampel : Anjasmoro, Tanggamus, Wilis

**Padi (*Indica - Tropical Japonica*)**

ID : 6  
Nama : Padi (*Indica - Tropical Japonica*)  
Nama ilmiah : *Oryza*  
Nama sampel : Ciherang, Ciherang (kontrol indica), IR64 (kontrol indica), 49-Cek IR64, Fatmawati, Inpago4, Inpago7, Inpago5, Inpago8, Inpari1\_6924950059\_R08C01, Inpari1\_6924 950097\_R04C03, Inpari13\_6924950033\_R04 C04, Inpari13\_6924950074\_R01C01, Inpari6, IR30, Adan, Kelabit, Banun, Menthik Putih, Aen Metan (NTB), Ase Pulut Jawa, Azelapan, Bintang

**Padi (*Indica - Tropical Japonica*)**

ID : 7  
Nama : Padi (*Japonica - Tropical Japonica*)  
Nama ilmiah : *Oryza*  
Nama sampel : Kinamaze (kontrol J), Waseoikoku (kontrol J), Adan Kelabit, Banun, Menthik Putih, Pandan Wangi

**Padi (*Tropical Japonica*)**

ID : 8  
Nama : Padi (*Tropical Japonica*)  
Nama ilmiah : *Oryza*  
Nama sampel : Adan Kelabit, Banun, Menthik Putih, Aen Metan (NTB), Ase Pulut Jawa, Azelapan, Bintang, Bugis, Cantik Manis, Super Win Aromatik, Cempo Putih, Java 14,

Jawa Bali, Lestari, Lokal Lampung Selatan, Lokal Sumbar-1 (M), Slegreng, Pulut Mandailing, Ramos Simalungun, Rodjolele Gepyok

### **Jagung**

ID : 9  
Nama : Jagung  
Nama ilmiah : *Zea mays*  
Nama sampel : Jagung LBP54, Jagung LK245, Jagung PSG, Jagung Pulu24, Jagung SP070

### **Jagung 2**

ID : 10  
Nama : Jagung 2  
Nama ilmiah : *Zea mays*  
Nama sampel : -

### **3.3.3. Primer**

Menu Primer terdiri dari sub menu pilihan tanaman, antara lain kedelai, padi (*Indica - Tropical Japonica*), padi (*Japonica - Tropical Japonica*), Padi (*Tropical Japonica*), jagung dan jagung 2. Sub menu Primer berisi tampilan *database* dengan dua pilihan pencarian yaitu berdasarkan Pilih Tanaman dan Jenis Primer. Kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP, namun saat ini belum tersedia untuk seluruh tanaman dalam *database* karena masih dalam proses pengembangan.

### 3.3.4. Primer

Menu Primer terdiri dari sub menu pilihan tanaman, antara lain kedelai, padi (*Indica - Tropical Japonica*), padi (*Japonica - Tropical Japonica*), Padi (*Tropical Japonica*), jagung dan jagung 2. Sub menu Primer berisi tampilan *database* dengan dua pilihan pencarian yaitu berdasarkan Pilih Tanaman dan Jenis Primer. Kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP, namun saat ini belum tersedia untuk seluruh tanaman dalam *database* karena masih dalam proses pengembangan.

### 3.3.5. SNP

Dalam menu SNP terdapat pilihan sub menu pilihan tanaman yaitu terdiri dari sub menu pilihan tanaman, yaitu kedelai, padi (*Indica - Tropical Japonica*), padi (*Japonica - Tropical Japonica*), padi (*Tropical Japonica*), jagung dan jagung 2.

Informasi varian SNP pada pilihan tanaman kedelai, ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, kedelai varietas Anjasmoro, Tanggamus dan Wilis (Gambar 15). Total data sebanyak 9517 SNP berada dalam *database* ini.

Laman pilihan tanaman Padi (*Indica - Tropical Japonica*) menampilkan, total terdapat sebanyak 1534 SNP dalam *database*. *Database* varian SNP tersebut disajikan dalam bentuk tabel yang secara berurutan berisi kolom ID, Ciherang, Ciherang (kontrol *Indica*), IR64 (kontrol *Indica*), 49-Cek IR64,

Fatmawati, Inpago 4, Inpago 7, Inpago 5, Inpago 8, Inpari 1 6924950059 R08C01, Inpari 1 6924950097 R04C03, Inpari 13 6924950033, Inpari 13 6924950074 R01C01, Inpari 6, IR30, Adan Kelabit, Banun, Menthik Putih, Ase Pulut Jawa, Azelapan, dan Bintang (Gambar 16).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terasosiasi	Anjasmoro	Tanggamus	Wilis
Gen01	59802	.	T	A	Glyma01g030270 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP binding domain	AA	AA	AA
Gen01	59811	.	C	A	Glyma01g030270 Thiamine pyrophosphate enzyme, N-terminal TPP binding domain	AA	AA	AA
Gen01	283678	.	T	G	Glyma01g030480 Universal stress protein family	GG	GG	GG
Gen01	284867	.	A	T	Glyma01g030480 Universal stress protein family	TT	TT	TT

**Gambar 15.** Tampilan data varian SNP tanaman kedelai.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

ID	Ciharang (control)	Ciharang (indica)	IR64 (control)	IR64 (indica)	Fatmawati	Inpago 4	Inpago 7	Inpago 5	Inpago 8	Inpari 1	Inpari 13	Inpari 13	Inpari 13	Inpari 13	Adan Kelabit	Banun	Menthik Putih	Ase Pulut Jawa	Azelapan	Bintang		
IR0002564	AA	AA	GG	-	AA	AA	-	GG	AA	AA	AA	AG	AG	AA	AA	AA	AG	GG	AA	AA	GG	AA
xt12004178	AA	AA	GG	-	AG	GG	-	GG	GG	AA	GG	AA	GG	AG	AG	AG	AG	GG	GG	GG	AA	AA
TBG059007	AA	AA	AA	-	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
xt12007407	AA	AA	AA	-	TT	AA	TT	TT	AA	AA	AA	AT	AT	AA	TT	AA	AT	TT	AA	AA	TT	TT

**Gambar 16.** Tampilan data varian SNP tanaman padi (*Indica-Tropical Japonica*).

Menu SNP pada pilihan tanaman Padi (*Japonica - Tropical Japonica*) menampilkan total 1536 SNP dalam *database*. *Database* varian SNP tersebut disajikan dalam bentuk tabel yang secara berurutan berisi kolom ID, Kinamaze (kontrol J), Waseoikoku (kontrol J0, Adan Kelabit, Banun, Menthik Putih dan Pandan Wangi (Gambar 17). *Database* varian SNP Padi (*Japonica-Tropical Japonica*) ID id12007407 dengan pasangan basa AA ditunjukkan pada Kinamaze (kontrol J) dan Adan Kelabit, sedangkan dengan pasangan basa TT ditunjukkan pada Waseoikoku (kontrol J), Menthik Putih, dan Pandan Wangi, serta pasangan basa AT ditunjukkan pada Banun.

Menu pilihan tanaman Padi (*Tropical Japonica*) terdapat 1536 SNP dalam *database*. *Database* varian SNP tersebut disajikan dalam bentuk tabel yang secara berurutan berisi kolom ID, Adan Kelabit, Banun, Menthik Putih, Aen Metan (NTB) Ase Pulut

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

ID	Kinamaze (kontrol J)	Waseoikoku (kontrol J)	Adan Kelabit	Banun	Menthik Putih	Pandan Wangi
#1002254	GG	GG	AA	AG	GG	AA
#12004178	GG	AA	AG	AG	GG	GG
TBGI355007	AA	AA	AA	AA	AA	AA
#12007407	AA	TT	AA	AT	TT	TT
#5906147	AA	AA	AA	AT	AA	AA
TBGI047595	AA	GG	AA	-	AA	AA
TBGI041294	GG	GG	GG	GG	GG	GG

**Gambar 17.** Tampilan data varian SNP tanaman padi (*Japonica-Tropical Japonica*).

Jawa, Azelapan, Bintang, Bugis, Cantik manis, super Win Aromatik, Cempo Putih, Java 14, Jawa bali, Lokal Lampung Selatan Lokal Sumbar-1 (M), Slegreng, Pulut Mandailing, Ramos Simalungun, dan Rodjolele Gepyok (Gambar 18).

Menu SNP pada tanaman Jagung terdapat dua pilihan yaitu jagung dan jagung 2. Terdapat 564 varian SNP jagung dan 56110 varian SNP jagung 2 dalam *database*. Data varian SNP tanaman Jagung diperoleh dari 3 kromosom, yaitu kromosom 1, 2, dan 3. varian SNP pada kromosom 1 berada pada posisi 4440415 bp hingga 300513455 bp, varian SNP pada kromosom 2 berada pada posisi 1076352 bp hingga 237309812 bp, dan varian SNP pada kromosom 3 berada pada posisi 1610680 bp hingga 212101491 bp.

*Database* varian SNP jagung tersebut disajikan dalam bentuk tabel yang secara berurutan berisi kolom kromosom, posisi, ID, referensi, alternatif,

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

ID	Adin Kelabit	Barun	Mantik Putih	Aen Metan (NTB)	Ase Pulut Jawa	Azelapan	Bintang	Bugis	Cantik Manis	Super Win Aromatik	Cempo Putih	Java 14	Jawa Bali	Lestari	Lokal Lampung Selatan	Lokal Sumban-1 (M)	Slegreng	Pulut Mandailing	Ramos Simalungun	Rodjolele Gepyok
h8002554	AA	AG	GG	AA	AA	GG	AA	AA	AA	AA	AA	-	GG	AA	AA	AA	GG	GG	AA	AA
h112004178	AG	AG	GG	GG	GG	AA	AA	AA	GG	GG	GG	GG	AG	AA	-	AA	-	GG	GG	GG
TBG1396007	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	TT	TT	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
h112907407	AA	AT	TT	AA	AA	TT	TT	AA	TT	TT	TT	TT	TT	TT	AA	-	AA	AT	AA	TT
h8000147	AA	AT	AA	-	AA	AA	AA	TT	AA	AA	TT	AA	AT	AT	TT	-	TT	AA	TT	TT
TBG067595	AA	-	AA	AA	AA	AG	AA	AA	AG	AA	AG	AA	AA	AG	-	GG	AA	AA	AA	AG
TBG041284	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG	GG
h4007444	GG	GG	GG	GG	AG	GG	GG	GG	AA	AA	GG	AA	AG	AG	GG	GG	GG	GG	GG	AA

**Gambar 18.** Tampilan data varian SNP tanaman padi (*Tropical Japonica*).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terasosiasi	JagungLBP54	JagungLK245	JagungPSG	JagungPulu24	JagungSP070	
1	4440415		T	C	GRMZM2G5437776	CC	CC	TT	TT	CC	Tampilkan Detail
1	5652072		A	G	AC217946.3_FG005	GG	GG	GG	GG	AG	Tampilkan Detail
1	6208844		A	C	GRMZM2G302703	CC	CC	CC	CC	CC	Tampilkan Detail
1	6503099		C	A	AC214047.2_FG005	AA	CC	CC	CA	AA	Tampilkan Detail
1	6553618		G	A	GRMZM2G137367	AA	GG	GG	GG	GG	Tampilkan Detail
1	6557381		A	T	GRMZM2G137367	TT	AA	AA	AA	AA	Tampilkan Detail

**Gambar 19.** Tampilan data varian SNP tanaman jagung.

gen terasosiasi, jagung LBP54, jagung Lk245, jagung PSG, jagungPulu24, dan jagung SP070 (Gambar 19). Salah satu contoh antara lain varian SNP tanaman jagung pada kromosom 1 dengan posisi 170545481, basa referensi C dan basa alternatif T mengasosiasi gen GRMZM2G009820 mengkode pasangan basa Jagung LBP54 TT, Jagung LK254 CC, Jagung PSG CC, Jagung Pulu24, dan Jagung SP070.

### 3.4. Database tanaman industri

Menu utama dalam *database* tanaman industri antara lain Beranda, Tanaman, Primer, SNP, dan *Login*.

#### 3.4.1. Beranda

Menu Beranda berisi deskripsi singkat *database* genom jarak pagar dan kakao. Jarak pagar dan kakao merupakan tanaman industri yang mempunyai nilai ekonomi penting. Jarak pagar (*Jatropha curcas* L., *Euphorbiaceae*) merupakan tumbuhan semak berkayu yang banyak ditemukan di daerah

tropik. Tumbuhan ini dikenal sangat tahan kekeringan dan mudah diperbanyak dengan stek. Jarak pagar merupakan penghasil minyak nabati yang dapat dimanfaatkan sebagai suplemen atau pengganti bahan bakar solar untuk menghadapi krisis energi yang mungkin terjadi seiring dengan menipisnya persediaan minyak bumi. Kendala budidaya jarak pagar adalah rendahnya produktivitas minyak karena kadar minyak yang rendah pada biji jarak pagar, rasio bunga betina dan bunga jantan yang rendah, kematangan buah yang tidak seragam menyebabkan biaya panen yang tinggi.

Kakao (*Theobroma cacao* L.) merupakan tanaman pohon perkebunan yang berasal dari Amerika Selatan dan sekarang banyak dibudidayakan di daerah tropis. Kakao merupakan tanaman ekspor yang tidak hanya memberi devisa negara tetapi juga sebagai penyerap tenaga kerja. Kendala utama budidaya kakao di Indonesia adalah produktivitasnya yang relatif masih rendah terutama karena serangan hama dan penyakit utama.

Teknologi *high throughput sequencing* dan *genotyping* akan mampu menganalisis materi genetik dalam jumlah besar untuk mengidentifikasi varian-varian gen untuk mendukung program pemuliaan kakao dan jarak pagar nasional. Informasi sekuens genom, gen-gen dan marka molekuler yang dikembangkan pada kedua komoditas ini akan bermanfaat tidak hanya bagi kalangan peneliti akademisi namun juga pemulia dan publik.

Proyek konsorsium genom jarak dan kakao merupakan kolaborasi antara BB Biogen-Balitbangtan,

Balai Penelitian Tanaman Industri dan Penyegar (Balittri)-Balitbangtan, *Seoul National University* (SNU)-Korea Selatan, dan *Kasetsart University*-Thailand.

### 3.4.2. Tanaman

Menu Tanaman berisi informasi tanaman yang tersedia dalam *database*. Berikut informasi tanaman yang tersedia dalam *database* tersebut yaitu,

#### Jarak Pagar

ID : 4  
Nama : Jarak Pagar  
Nama ilmiah : *Jatropha*  
Nama sampel : -

#### Kakao

ID : 5  
Nama : Kakao  
Nama ilmiah : *Theobroma cacao*  
Nama sampel : DR1, DR38, DRC15, DRC16, GC7, ICCR1, ICS13, NIC7, PA300, RCC70, Sca12, SD6225, TSH858, Criollo

### 3.4.3. Primer

Menu Primer terdiri dari sub menu pilihan tanaman jarak pagar dan kakao. Sub menu Primer berisi tampilan *database* dengan dua pilihan pencarian yaitu Pilih Tanaman dan Jenis Primer. Kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP.

Sub menu primer tanaman jarak pagar menampilkan pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP. Data jenis primer pada tanaman jarak pagar yang saat ini tersedia adalah SNP dan SSR, sedangkan data jenis primer InDel dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan dan validasi. Pada pilihan primer SNP, terdapat 25 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer SNP yang tersedia yaitu JcSTS-SNP1 dengan sekuens *forward* CCTGTCCATTGTAACCATTTTCG dan sekuens *reverse* CCACAAAAACCCAAAAGCAT (Gambar 20).

Menu pilihan primer SSR memberikan informasi adanya 15 jenis primer SSR beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer SSR yang

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

The screenshot shows a web interface for searching SNP primers. At the top, there are two dropdown menus: 'Pilih Tanaman' (selected: Jarak Pagar) and 'Jenis Primer' (selected: SNP). Below these are buttons for 'Pencarian Tingkat Lanjut...' and 'Export Excel'. A message indicates 'Menampilkan 1-10 dari 25 hasil'. The main content is a table with columns: Nama, Nama Markah, Chr, Pos, Sekuens Forward, and Sekuens Reverse. Each row includes a 'Tampilkan Detail' button.

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
JcSTS-SNP1	JcSTS-SNP1	-	-	CCTGTCCATTGTAACCATTTTCG	CCACAAAAACCCAAAAGCAT
JcSTS-SNP2	JcSTS-SNP2	-	-	AGAACTCCGTGGCTTTGTGC	ATGGGCCAGCATTTCCTTA
JcSTS-SNP3	JcSTS-SNP3	-	-	CGTTCGCTCCATGACTT	AAATAGAGGCAGBAGCAGCA
JcSTS-SNP4	JcSTS-SNP4	-	-	AITGTAATGGGCGCTGTAG	TCTCCCAAAATGTGTCTTTG
JcSTS-SNP5	JcSTS-SNP5	-	-	GGTTTCATTGTGCAATCCTG	TGCAAAATGCGTTACCAGAG

**Gambar 20.** Tampilan data primer SNP tanaman jarak pagar.

tersedia yaitu JcSTS-SSR4 dengan sekuens *forward* AAATCTTTACACATCCTTTG dan sekuens *reverse* AAATCTTTACACATCCTTTG (Gambar 21).

Sub menu primer tanaman kakao menampilkan pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP. Data jenis primer pada tanaman kakao yang saat ini tersedia adalah SNP, SSR dan InDel, sedangkan data jenis primer SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP, terdapat 33 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer SNP yang tersedia yaitu TcSNP-STS3.1 dan TcSNP-STS3.2 pada posisi 22100981 bp sampai 23439930 bp. Marka TcSNP-STS3.1 memiliki sekuens *forward* AGAGCGGTTGTCAATAGGGT dan sekuens *reverse* GCCATTTAGAGCACAAGGACA. Marka TcSNP-STS3.2 memiliki sekuens *forward* TGGCCAAACATGTATCTGG dan sekuens *reverse*

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

The screenshot shows a web interface for searching SSR primers. At the top, there are two dropdown menus: 'Pilih Tanaman' (selected: Jarak Pagar) and 'Jenis Primer' (selected: SSR). Below these are two buttons: 'Pencarian Tingkat Lanjut...' and 'Export Excel'. A message on the right says 'Menampilkan 1-10 dari 15 hasil'. The main part of the image is a table with the following data:

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
JcSTS-SSR1	JcSTS-SSR1	-	-	CCGTGTCATATGTAACCAATTCGG	CCACAAAACCCAAAAGCAT	Tampilkan Detail
JcSTS-SSR2	JcSTS-SSR2	-	-	AGAGTCGGTGGCTTGTGCG	ATGGGCACGCAATTTCTTA	Tampilkan Detail
JcSTS-SSR3	JcSTS-SSR3	-	-	GATTTGACGGATATCTCACA	AGAGCTGAAMGAGAGACCT	Tampilkan Detail
JcSTS-SSR4	JcSTS-SSR4	-	-	AAATCTTTACACATCCTTTG	AGATCTATGCAAGTCAATGCT	Tampilkan Detail
JcSTS-SSR5	JcSTS-SSR5	-	-	TGTTCAATGTAGGCACTCAC	CCACGTTTGACAGAAATAGAAA	Tampilkan Detail

**Gambar 21.** Tampilan data primer SSR tanaman jarak pagar.

ATCCAACCTCTTCCA ACCGT (Gambar 22).

Menu pilihan primer SSR mengarahkan pengguna tentang informasi 19 jenis primer SSR beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer SSR yang tersedia yaitu SSRc1.1 dengan sekuens *forward* TGTGTCATGTTGAATTTTAAGG dan sekuens *reverse* GCACACACGATGAATGTAAT (Gambar 23).

Menu pilihan primer InDel menampilkan total 20 jenis primer InDel beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer InDel yang tersedia yaitu IDCc1.1, terletak pada kromosom 1 dengan sekuens *forward* CAAATTTTCGTGGTCTC-TGTG dan sekuens *reverse* GTGTGTTGAAGAAGG-CTAGA (Gambar 24).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
TcSNP-ST51.1	TcSNP-ST51.1	1	3204094	ACTTTGTGTCGCCATGATT	ATCTGTGTGACAGCTGTAGT	Tampilkan Detail
TcSNP-ST51.2	TcSNP-ST51.2	1	8043292	TGGATTGTGCTGGAGCATG	TCCAAGAGTTACGGACCGA	Tampilkan Detail
TcSNP-ST51.3	TcSNP-ST51.3	1	19024138	TGCTATTACTGGCCAGGCTT	GGCCACATAAGACACAGCT	Tampilkan Detail
TcSNP-ST52.1	TcSNP-ST52.1	2	8758014	GAGGGCCGAAGATAGGATATT	TAATGGAGTTACCGTGGCC	Tampilkan Detail
TcSNP-ST52.2	TcSNP-ST52.2	2	12128688	AGTTCCCTTCACTGACGCA	GTGTACCACTACCAAGCTGTT	Tampilkan Detail
TcSNP-ST52.3	TcSNP-ST52.3	2	3837555	ACGATTGGTGCAGAGAGTGG	TCTCCTCTGCCACAGCTTT	Tampilkan Detail
TcSNP-ST53.1	TcSNP-ST53.1	3	22100901	AGAGGGGTTGTCAATAGGOT	GCCATTTAGAGCACAAAGACA	Tampilkan Detail
TcSNP-ST53.2	TcSNP-ST53.2	3	23439930	TGGCCCAACATGTATCTGG	ATCCAAGCTCTTCCAACCGT	Tampilkan Detail

Gambar 22. Tampilan data primer SNP tanaman kakao.

Pilih Tanaman:

Jenis Primer:

Pencarian Tingkat Lanjut...

Menampilkan 1-10 dari 19 hasil

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
SSRCc1.11	SSRCc1.11	1	-	ACATAGACCAATCAAGCTC	CTGACTCCAATCAGAAGAAA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc1.12	SSRCc1.12	1	-	CCAATTATTGACTCCAAGAG	GACTGTATACATGGGTTTG	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc2.4	SSRCc2.4	2	-	TCCTTAAATCATTACCCCTA	AGGTGGCAGTATACAAATT	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc2.5	SSRCc2.5	2	-	GGGAAGCCATAMATGTAGAATC	CGTTTDCCTTTTCATCTTTT	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc3.4	SSRCc3.4	3	-	CAATTTCAATACTCA CCTTGC	GTCTTTAAATCGAGCTTGACA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc3.8	SSRCc3.8	3	-	CGAATTTCAGACACCACATCTT	AATAGCCCATCATATCCAC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
SSRCc4.8	SSRCc4.8	4	-	GCAATAATTTTCCAGAGAGG	CTTGGAGATGCTTACAGATG	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>

**Gambar 23.** Tampilan data primer SSR tanaman kakao.

Pilih Tanaman:

Jenis Primer:

Pencarian Tingkat Lanjut...

Menampilkan 1-10 dari 20 hasil

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
IDCc1.1	IDCc1.1	1	-	CAATTTCTGGTCTCTGTG	GTGTGTTGAAGAGGCTAGA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc1.2	IDCc1.2	1	-	AGACATCATCAACCCAAT	TTTGAGGTTTGGAAGAGAC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc2.1	IDCc2.1	2	-	TACTTAAGTACAAGCCAG	ABAATCCCTCTGTGAAT	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc2.2	IDCc2.2	2	-	TGTATATCAGGTGGTGTCT	CTAACAGGGTGTGAAGAGG	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc3.1	IDCc3.1	3	-	AGGGAAGGATGCTTACTTG	GCCCAATTACTGCATAACC	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc3.2	IDCc3.2	3	-	TGGGATTGATAATGGCCTT	CCBACATCTTTCGCAATA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>
IDCc4.1	IDCc4.1	4	-	TCTGGGTATAGATGBCCTCA	TATGTCCAGAAGAGGGCAA	<input type="button" value="Tampilkan Detail"/>

**Gambar 24.** Tampilan data primer InDel tanaman kakao.

### 3.4.4. SNP

Menu SNP berisi pilihan sub menu pilihan tanaman yang terdiri atas sub pilihan tanaman, yaitu jarak pagar dan kakao, namun saat ini belum ada informasi data varian SNP tanaman jarak

Chr	Pos	ID	Ref	Ali	Gen Terasosiasi	DR1	DR38	DRC15	DRC16	GC7	ICCR1	ICS13	NIC7	PA300	RCC70	Sca12	SD6225	TSH858	Criollo		
chr10	2995091	.	G	A	Thecc1EG042921	GG	GG	GG	GA	GG	GG	GG	GA	GG	GG	GG	GG	GG	GG	Tampilkan Detail	
chr10	9719577	.	A	G	Thecc1EG043789	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AG	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	Tampilkan Detail
chr10	1403116	.	C	T	Thecc1EG044225	CT	CT	CC	CC	CT	TT	TT	CT	CC	TT	CC	TT	TT	TT	TT	Tampilkan Detail
chr10	16012075	.	G	A	Thecc1EG044423	GG	GG	GG	GA	GG	GG	GG	GG	GA	GA	GG	GG	GA	GG	GG	Tampilkan Detail
chr10	16612506	.	T	C	Thecc1EG044423	TC	TC	TC	CC	CC	CC	CC	TC	CC	CC	TT	CC	CC	CC	CC	Tampilkan Detail

**Gambar 25.** Tampilan data varian SNP tanaman kakao.

pagar dalam *database* karena masih dalam tahap pengembangan.

Menu pilihan tanaman kakao menginformasikan varian SNP ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, DR1, DR38, DRC15, DCR16, GC7, ICCR1, ICS13, NIC7, PA300, RCC70, Sca12, SD6225, TSH858, dan Criollo (Gambar 25). Total data sebanyak 279 SNP tanaman kakao yang ditemukan dalam kromosom 1 hingga kromosom 10, serta kromosom *scaffold\_43*, *scaffold\_68*, *scaffold\_73*, *scaffold\_93*, *scaffold\_184*, *scaffold\_248*, dan *scaffold\_311* berada dalam *database* ini.

### 3.5. *Database hortikultura*

Menu utama dalam *database* tanaman industri antara lain Beranda, Tanaman, Primer, SNP, dan *Login*.

### 3.5.1. Beranda

Menu Beranda berisi deskripsi singkat *database* genom cabai, kentang dan pisang. Cabai (*Capsicum annuum*) termasuk spesies dalam genus *Capsicum* yang mempunyai nilai ekonomi penting dari famili *Solanaceae*. Cabai mempunyai variasi yang tinggi pada bentuk, ukuran dan warna buah. Cabai merupakan komoditas hortikultura yang penting, karena merupakan ikon nasional, pemicu inflasi, sebaran wilayah luas, potensi pasar di dalam dan luar negeri cukup besar. Produktivitas yang banyak mengalami kendala cekaman abiotik dan biotik, perlu dicari terobosan melalui genomik untuk percepatan pemuliaan.

Kentang (*Solanum tuberosum* L.) adalah tanaman dari suku *Solanaceae* yang memiliki umbi batang yang dapat dimakan. Tanaman ini merupakan herba semusim dan menyukai iklim yang sejuk. Tanaman kentang merupakan sayuran dataran tinggi yang banyak diusahakan oleh para petani, karena memiliki nilai ekonomi tinggi. Varietas kentang yang berkembang dipetani saat ini hanya beberapa dan didominasi oleh varietas Granola. Varietas kentang yang berkembang sekarang karena tekanan iklim serta OPT (Organisme Pengganggu Tanaman) yang semakin kompleks produktivitasnya sudah semakin menurun. Terjadinya cuaca ekstrim seperti hujan yang berlebihan serta kemarau yang panjang perlu diantisipasi dengan ketersediaan materi genetik yang memadai.

Pisang termasuk dalam suku *Musaceae*, dan ada beberapa jenis (*Musa acuminata*, *M. balbisiana*, dan

*M. paradisiaca*). Tanaman pisang mendapat julukan "kalpatharu" yang artinya tanaman dengan segala manfaat. Tanaman pisang juga adaptif pada berbagai kondisi lingkungan dan berbuah tanpa mengenal musim sehingga merupakan sumber bahan makanan sepanjang tahun. Indonesia merupakan salah satu *center of origin* dan *center of diversity* keluarga pisang-pisangan.

Informasi genom *database* ini berdasarkan re-sequensing genom total dari masing-masing 6 genotipe cabai, 6 genotipe kentang dan 12 genotipe pisang menggunakan *platform Illumina*. Genom ketiga komoditas ini akan sangat bermanfaat sebagai sumber penelitian baru maupun pemuliaan.

*Database* genom tanaman hortikultura ini dikembangkan berdasarkan proyek konsorsium genom yang merupakan kerjasama antara BB Biogen, Balai Penelitian Tanaman Sayuran (Balitsa), Balai Penelitian Tanaman Buah Tropika (Balitbu Tropika) di bawah Balitbangtan.

### 3.5.2. Tanaman

Menu Tanaman berisi informasi tanaman hortikultura yang tersedia dalam *database*, antara lain,

#### **Pisang**

ID : 4  
Nama : Pisang  
Nama ilmiah : *Musa*  
Nama sampel : Bile, BSN30, FHIA17, Jaran, Kalkuta, Kole, Lidi, Manis Kerinci, Mas Kirana, Muli, Tanduk, Tongkat Langit Maluku

### **Cabai**

ID : 5  
Nama : Cabai  
Nama ilmiah : *Capsicum*  
Nama sampel : 6719, 6741, 7558, Lembang, Perisai,  
Tanjung

### **Kentang**

ID : 6  
Nama : Kentang  
Nama ilmiah : *Solanum*  
Nama sampel : Amudera, CIP392081, Margahayu,  
Merbabu, PP29, Repita

### **3.5.3. Primer**

Menu Primer terdiri dari sub menu pilihan tanaman pisang, cabai, kentang. Sub menu Primer berisi tampilan *database* dengan dua pilihan pencarian yaitu Pilih Tanaman dan Jenis Primer. Kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP.

Sub menu primer tanaman pisang, cabai, kentang menginformasikan pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP. Data jenis primer pada tanaman pisang yang saat ini tersedia adalah SNP dan SSR, sedangkan data jenis primer InDel dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP tanaman pisang, terdapat 44 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*.

Menu pilihan primer SSR tanaman pisang menampilkan 22 jenis primer SSR yang berasal dari 11

kromosom, dilengkapi dengan informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu contoh primer SSR yang tersedia yaitu MaSSR.6.1 dengan sekuens *forward* TCCTCCATGAAGATTTGTAGA dan sekuens *reverse* GACTTCTCTGCTGGTCTGATA.

Data jenis primer pada tanaman cabai yang saat ini tersedia adalah SNP dan SSR, sedangkan data jenis primer InDel dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP, terdapat 48 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. *Variant-flanking* primer SNP terdiri dari kromosom 1 hingga kromosom 12. Salah satu primer SNP yang tersedia yaitu CaSNP-ST1.1 dengan sekuens *forward* TCCATGCATTCTGAGAAACG dan sekuens *reverse* GTACGCGTGGGAGAAACATT (Gambar 26).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
CaSNP-ST1.1	CaSNP-ST1.1	Chr01	2303702	TCCATGCATTCTGAGAAACG	GTACGCGTGGGAGAAACATT	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
CaSNP-ST1.2	CaSNP-ST1.2	Chr01	9429096	CTTCATTGCTTGGTGTGGA	CCCATGCTCGACCAACTGATT	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
CaSNP-ST1.3	CaSNP-ST1.3	Chr01	194637172	TGCACATTAACACCCAAITCA	AGCTCACAACCCACACATCA	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
CaSNP-ST1.4	CaSNP-ST1.4	Chr01	225884417	TTCCATATGTGGCTCCATGA	GGCCGATAAGTAAGGCCATC	<a href="#">Tampilkan Detail</a>

**Gambar 26.** Tampilan data primer SNP tanaman cabai.

Menu pilihan primer SSR menampilkan adanya 24 jenis primer SSR yang berasal dari 12 kromosom, dilengkapi dengan informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Salah satu primer SSR yang tersedia yaitu CaSSRBio1.1 yang terletak pada posisi 2319603 bp di kromosom 1 dengan sekuens *forward* CAGAATTTGTAGCTCATTTCG dan sekuens *reverse* TGGGTGGAAATACAATGG (Gambar 27).

Data jenis primer pada tanaman kentang yang saat ini tersedia adalah SNP dan SSR, sedangkan data jenis primer InDel dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP, terdapat 36 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Contoh primer SNP yang tersedia antara lain StSNP-STS2.1 dengan sekuens *forward* GTTCCTCAGGCAGGC-TCATA dan sekuens *reverse* TCAGGAGAGCAT-

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Marka	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
CaSSRBio1.1	CaSSRBio1.1	Chr01	2319603	CAGAATTTGTAGCTCATTTCG	TGCTTCCGTTATCATTACT
CaSSRBio1.2	CaSSRBio1.2	Chr01	67791909	CAAGACGCGTGAATATTTAGT	CTTTGATGCAATTTTGTGA
CaSSRBio2.1	CaSSRBio2.1	Chr02	94497004	BGCATGGTACTGTATTGAAAC	CAATATAAAGTTTACCGCTCA
CaSSRBio2.2	CaSSRBio2.2	Chr02	154481204	GTGAATTAAGATCTGCTCCA	ATTCAATGTCCTCAACTTT

**Gambar 27.** Tampilan data primer SSR tanaman cabai.

CAGTGTCCG, dan StSNP-STS2.2 dengan sekuens *forward* GATGACATAGCTGCTTCCA dan sekuens *reverse* TGCTTTCTAAACTTTGGCTCCT (Gambar 28).

Menu pilihan primer SSR menitik beratkan pada informasi 24 jenis primer SSR yang berasal dari 12 kromosom, dilengkapi dengan informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Contoh primer SSR yang tersedia antara lain StSSR1.1 pada posisi 35879293 bp di kromosom 1 dengan sekuens *forward* CAGTGG-GAGCAATAATAATCA dan sekuens *reverse* TGAGCTAGACTTGGTCTCAAA, dan StSSR1.2 dengan sekuens *forward* GTGAAAACAT-AAGCCAAAAC dan sekuens *reverse* ACAGA-GTTCCATGAAAAATGA (Gambar 29).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
SISNP-STS1.1	SISNP-STS1.1	chr1	1283142	AATGCTTGCGTAGCCTGTT	CCATTATTTTGCGGATTCA	Tampilkan Detail
SISNP-STS1.2	SISNP-STS1.2	chr1	32092819	CTTGGCCAGGACTTTTGGTT	CAGTTCAACCGCTGCACCATA	Tampilkan Detail
SISNP-STS1.3	SISNP-STS1.3	chr1	60198876	CTGCTGCCTCTTCCAACTC	TAGGATGGGTGTTGCATTCC	Tampilkan Detail
SISNP-STS2.1	SISNP-STS2.1	chr2	8521741	GTTCCCTCAGGCAGGCTCAIA	TCAGGAGAGATCAGTGTGG	Tampilkan Detail
SISNP-STS2.2	SISNP-STS2.2	chr2	11091040	CGATGACATAGTCTCCCA	TGCTTTCTAAACTTTGGCTCCT	Tampilkan Detail

**Gambar 28.** Tampilan data primer SNP tanaman kentang.

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
SISSR1.1	SISSR1.1	chr01	35875293	CACTGGGAGCCAAATAAATCA	TGAGCTAGACTTGGTCTCAA
SISSR1.2	SISSR1.2	chr01	56558889	GTGAAAACATAAGCCAAAAC	ACAGAGTTCATGAAAAATGA
SISSR2.1	SISSR2.1	chr02	19579638	AAC TTGGATCTACCTCGTTC	ACAAAAGATGAGATTGACGTA
SISSR2.2	SISSR2.2	chr02	34167806	TCATGTGCAGTTTGTATGTG	TGGTACCAGGAATAGTCATA
SISSR3.1	SISSR3.1	chr03	54483783	GTGATCTTGATGTTGCTAAC	TCTTGAGTTTCTCTATTATG

**Gambar 29.** Tampilan data primer SSR tanaman kentang.

### 3.5.4. SNP

Dalam menu SNP terdapat pilihan sub menu pilihan tanaman yaitu terdiri dari sub menu pilihan tanaman, yaitu pisang, cabai dan kentang Pada pilihan tanaman pisang, informasi varian SNP ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, dan genotipe.

Total data SNP tanaman pisang yang ditemukan dalam kromosom 1 hingga kromosom 11 berada dalam *database* ini. Pada pilihan tanaman cabai, informasi varian SNP ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, *flanking*-sekuens, serta beberapa varietas cabai yaitu 6719, 6741, 7558, Lembang, Perisai, dan Tanjung. Sebagai contoh, pada posisi 1503480 bp di kromosom 1 dengan basa referensi G dan basa alternatif T *flanking*-sekuens 2.313 gen terasosiasi

Capana01g003293 genotipe pada masing-masing galur yaitu {"6719":"GT","6741":"GT", "7558":"GT", "Lembang":"GT", "Perisai":"GT", "Tanjung":"GT"} (Gambar 30).

Menu pilihan tanaman kentang menginformasikan varian SNP yang ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, *flanking*-sekuens, serta beberapa varietas kentang yaitu Amudera, CIP392081, Margahayu, Merbabu, PP29, dan Repita. Total data sebanyak 291 SNP tanaman kentang yang ditemukan dalam kromosom 1 hingga kromosom 12. Sebagai contoh, pada posisi 1283142 bp di kromosom ST4.03ch01 dengan basa referensi A dan basa alternatif C *flanking*-sekuens gen terasosiasi Importin\_beta-3 genotipe pada masing-masing galur yaitu "Amudera":"AA","CIP392081":"AA", "Margahayu":"AA", "Merbabu":"AA", "PP29":"AC", "Repita":"AA". (Gambar 31).

Sumber: <http://genom.itbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terasosiasi	6719	6741	7558	Lembang	Perisai	Tanjung
Chr01	1503480	...	G	T	Capana01g000097	GT	GT	GT	GT	GT	GT
Chr01	2500130	...	C	T	Capana01g000171	CC	CC	CC	CT	CC	CC
Chr01	2600002	...	G	A	Capana01g000182	GA	GA	GA	GA	GA	GA
Chr01	4310424	...	C	T	Capana01g000252	CT	CT	CT	CT	CT	CT
Chr01	4310650	...	C	A	Capana01g000252	CA	CA	CA	CA	CA	CA

**Gambar 30.** Tampilan data varian SNP tanaman cabai.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terselesasi	Amudera	CIP392001	Murgahayu	Merbabu	PP29	Repito	
ST4.03ch01	1283142	.	A	C	"Importin_beta-3"	AA	AA	AA	AA	AC	AA	Tampilkan Detail
ST4.03ch01	3729726	.	T	C	"Conserved_gene_of_unknown_function"	TT	TT	TT	TT	TC	TT	Tampilkan Detail
ST4.03ch01	32092019	.	T	C	"F0E320"	TT	TT	TT	TT	CC	TT	Tampilkan Detail
ST4.03ch01	35479095	.	G	T	"Boron_transporter"	GG	GG	GG	GG	TT	GG	Tampilkan Detail
ST4.03ch01	35870203	.	T	A	"EMB1441"	TT	TT	TT	TT	TA	TT	Tampilkan Detail

**Gambar 31.** Tampilan data varian SNP tanaman kentang.

### 3.6. Database Palma

Menu utama dalam *database* tanaman palma antara lain Beranda, Tanaman, Primer, SNP, dan *Login*.

#### 3.6.1. Beranda

Tanaman palma asli Indonesia atau menjadi tanaman penting yang dikembangkan di Indonesia di antaranya kelapa (*Cocos nucifera* L.) dan aren (*Arenga pinnata* Merr.). Kelapa sebelumnya merupakan tanaman perkebunan penting yang berfungsi sebagai penyedia minyak nabati. Sedangkan aren merupakan tanaman yang tergolong *underutilized* tetapi mempunyai potensi penting sebagai penghasil gula (bahan pangan) dan dapat dikonversi sebagai bahan bakar nabati serta alternatif energi terbarukan. Kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.), meskipun bukan palma asli Indonesia, saat ini merupakan palma yang menempati posisi penting sebagai salah satu penghasil devisa utama untuk

menghasilkan minyak nabati maupun berbagai bahan dasar industri.

*Database* palma ini menyediakan informasi genom ketiga tanaman palma tersebut dan akan penting sekali bagi peneliti sehingga dapat akses menggunakan *tool* genomik, mengefisienkan penelitian, dan mengakselerasi proses pemuliaan. *Genome browser*, sekuen genom rujukan kelapa dan aren dan analisis lanjutannya, variasi genom kelapa sawit yang terintegrasi dengan transkriptom merupakan sumber berharga baik secara keilmuan maupun aplikasinya tidak hanya di Indonesia namun juga di dunia.

Proyek genom palma ini merupakan kolaborasi antara BB Biogen-Balitbangtan, Balai Penelitian Tanaman Palma (Balitpalma)-Balitbangtan, Pusat Penelitian Kelapa Sawit (PPKS), dan Institut Pertanian Bogor (IPB).

### 3.6.2. Tanaman

Menu Tanaman berisi informasi tanaman palma yang tersedia dalam *database*. Berikut informasi tanaman yang tersedia dalam *database* tersebut yaitu,

#### **Kelapa Sawit**

ID : 1  
Nama : Kelapa Sawit  
Nama ilmiah : *Elaeis guineensis*  
Nama sampel : Dura, Pisifera, Oleifera

### **Kelapa**

ID : 2  
Nama : Kelapa  
Nama ilmiah : *Cocos nucifera*  
Nama sampel : -

### **Aren**

ID : 3  
Nama : Aren  
Nama ilmiah : *Arenga pinnata*  
Nama sampel : -

### **Sagu**

ID : 4  
Nama : Sagu  
Nama ilmiah : *Metroxylon sago*  
Nama sampel : -

#### **3.6.3. Primer**

Menu Primer terdiri dari sub menu pilihan tanaman kelapa sawit, kelapa, aren dan sagu. Sub-menu Primer berisi tampilan *database* dengan dua pilihan pencarian yaitu Pilih Tanaman dan Jenis Primer. Kolom pencarian Jenis Primer terdapat pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP.

Sub menu primer tanaman kelapa sawit, kelapa, dan aren, sagu, memberi informasi pilihan primer SNP, SSR, InDel dan SNAP. Data jenis primer pada tanaman kelapa sawit yang saat ini tersedia adalah SNP dan InDel, sedangkan data jenis primer SSR dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP kelapa sawit, terdapat 96 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi,

sekuens *forward*, sekuens *reverse* (Gambar 32). Masing-masing kromosom terdiri atas 6 kromosom yang berbeda posisi, misalnya pada kromosom 7 terdapat 6 marka SNP pada posisi 7149602 bp sampai 23155053 bp. Primer OPEGSNP7.1 dengan nama marka OPEG-STS-SNP7.1 terletak pada posisi 7149602 bp di kromosom 7, dengan alel alternatif A dan alel referensi G dimana gen terasosiasi *Elaeis guineensis* ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic-like (LOC105048 182), mRNA, sekuens *forward* GCATGGCTAAGGAA TTGAAC serta sekuens *reverse* GGTCTGAACTGTGAA CATCT. Pada pilihan primer InDel kelapa sawit, terdapat 32 primer InDel dalam *database*.

Data jenis primer pada tanaman kelapa yang saat ini tersedia adalah SNAP, sedangkan data jenis primer SNP, SSR, InDel dan SNAP belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer InDel, terdapat 78 primer InDel dalam *database*. Primer InDel dalam *database* dapat

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
OPEGSNP1.1	OPEG-STS-SNP1.1	EG5_Chr1	2288373	TGTC TGAAGTTCTAAAGCC	ATTGATGGTGTGATGATGCT	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
OPEGSNP1.2	OPEG-STS-SNP1.2	EG5_Chr1	5124267	ATCATCAATTABCTGGGACT	TCAACAAGCATGABGAAATG	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
OPEGSNP1.3	OPEG-STS-SNP1.3	EG5_Chr1	8618884	COTGGAACATGATTTGGAG	TACCAAGCAAAATCTGGCC	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
OPEGSNP1.4	OPEG-STS-SNP1.4	EG5_Chr1	13088784	AACAGGAGCAGGATCAAG	GCCTTCAGATTGACACCC	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
OPEGSNP1.5	OPEG-STS-SNP1.5	EG5_Chr1	48231272	GCTGTGAGTCAAGGCATCAA	TCCCATGCTTCTTGTCTGC	<a href="#">Tampilkan Detail</a>

**Gambar 32.** Tampilan data primer SNP tanaman kelapa sawit.

dikelompokkan berdasarkan gen terasosiasi 4 kelompok besar, yaitu SUS (*sucrose synthase*), AB13, SACPD (*stearoyl acil carrier protein desaturase*), dan WRKY. Dalam setiap kromosom terdapat gen referensi dan gen alternatif, namun dalam tabel tidak ditampilkan dalam kolom tersendiri sehingga tersusun dalam nama marka. Gen terasosiasi juga tidak ditampilkan, namun dalam file export file akan ditampilkan secara lengkap (Gambar 33).

Data jenis primer pada tanaman aren yang saat ini tersedia adalah SNP, SSR dan SNAP, sedangkan data jenis primer InDel belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan primer SNP aren, terdapat 7 jenis primer SNP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Varian primer SNP dibagi menjadi 3 yaitu Galaktoside, PTO Like Kinase, dan SUS. Pada Galaktoside terdapat lima marka yaitu CnDgal\_1, CnDgal\_2, CnDgal\_3, CnDgal\_4, dan CnDgal\_5 (Gambar 34).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
SUS_SNP6_(C1A)_L_REF	SUS_SNP6_(C1A)_L_REF	-	-	GTGCTTTGGAGAAATGAGATCCTC	AAACATCCTCAGCATAAGGTCGCCAA
SUS_SNP6_(C1A)_L_ALT	SUS_SNP6_(C1A)_L_ALT	-	-	CGTGCTTTGGAGAAATGAGATCCTA	AAACATCCTCAGCATAAGGTCGCCAA
SUS_SNP7_(JAG)_L_REF	SUS_SNP7_(JAG)_L_REF	-	-	GAATGAGATGCTCCAAAGATAAATAAG	AGTTCATGTGCAACATCCTCAGC
SUS_SNP7_(JAG)_L_ALT	SUS_SNP7_(JAG)_L_ALT	-	-	GAATGAGATGCTCCAAAGATAAATAAG	AGTTCATGTGCAACATCCTCAGC
SUS_SNP8_(TIC)_L_REF	SUS_SNP8_(TIC)_L_REF	-	-	CACTAAGCCACCACCTTGGGGT	AGTAAGCCCACTTCAAAAACGTGAG

**Gambar 33.** Tampilan data primer SNAP tanaman kelapa.

Menu pilihan primer SSR aren menampilkan 140 primer SSR beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Sebagai contoh primer SSR AD13 dengan nama marka 5955\_len\_6724, terletak pada posisi 3462 bp di kromosom 5955\_len\_6724 dengan sekuens *forward* GGAAAATAACTGCATTGACA dan sekuens *reverse* CTTGTTGATTTGAGGGTTATG (Gambar 35).

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
Gaiantoidase	CnDgal_1	-	-	TGTGTCTATCCTCTCTCTTC	CCTTCCCAAGACACATAGT
Gaiantoidase	CnDgal_2	-	-	TTGGCACTATGGAGATACC	ACACTTAGCGTGCATGGAC
Gaiantoidase	CnDgal_3	-	-	AGACTTGGTTTATTGGCAAG	GGATTGGGABAAAAGAACTT
Gaiantoidase	CnDgal_4	-	-	GACTCGGTACTGGATTAAACA	CTACTACTGGGTTGCTCAAA
Gaiantoidase	CnDgal_5	-	-	TGTTGTCTACTACTGCCTC	CCCAATTAGAACCACACAAC

**Gambar 34.** Tampilan data primer SNP tanaman aren.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Nama Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse
Cnc2	CnZ_51F	-	-	CTTTAAGGAAAAAGACTGAG	ATCCATGAOCTGAOCTTGAAC
AD13	5955_len_6724	5955_len_6724	3462	GGAAAATAACTGCATTGACA	CTTGTGATTTGAGGGTTATG
AD33	11048_len_4073	11048_len_4073	923	CAAAATGGTTTAGGATGAATG	TAAGTTTGACAGCATGGAAAAT
AD37	11498_len_3313	11498_len_3313	171	TCATCTACGTGGATCAAATC	CTGGACTAAATGTGCTCTTT
AD41	118_len_5293	118_len_5293	4098	CCACAAAGATCTTCTTCTC	TCCACAAAGATTAATTCCTA

**Gambar 35.** Tampilan data primer SSR tanaman aren.

Menu pilihan primer SNAP aren menampilkan adanya 23 primer SNAP beserta informasi nama, nama marka, kromosom, posisi, sekuens *forward*, sekuens *reverse*. Sebagai contoh primer SNAP ABI3 dengan nama marka ABI3\_P#1\_Ref, dengan sekuens *forward* CACCAGAAGGAAGCAGTT dan sekuens *reverse* ACCACATCATTATT TGCTCTCCT (Gambar 36). Data jenis primer SNP, SSR, SNAP, dan InDel saat belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan.

### 3.6.4. SNP

Dalam menu SNP terdapat pilihan sub menu pilihan tanaman yaitu terdiri dari sub menu pilihan tanaman, yaitu kelapa sawit, kelapa, aren dan sagu. Informasi varian SNP pada tanaman kelapa, aren dan sagu hingga saat ini belum tersedia karena masih dalam tahap pengembangan. Pada pilihan tanaman kelapa sawit, informasi varian SNP ditampilkan dalam tabel berupa kolom dengan urutan

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Nama	Name Markah	Chr	Pos	Sekuens Forward	Sekuens Reverse	
WRKY	WRKY_2_P#1_Ref	-	-	TCAAAAAGTGTACGTGAACCAACBGG	GCCCTCTCAACGTGCTCCGG	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
WRKY	WRKY_2_P#1_All	-	-	CATCAAAAAGTGTACGTGAACCAACBGG	GCCCTCTCAACGTGCTCCGG	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
WRKY	WRKY_2_P#2_Ref	-	-	TGATGATGTTACCCCTGGGGG	GCCCTCTCAACGTGCTCCGG	<a href="#">Tampilkan Detail</a>
WRKY	WRKY_2_P#2_All	-	-	TGATGATGTTACCCCTGGGGC	GCCCTCTCAACGTGCTCCGG	<a href="#">Tampilkan Detail</a>

**Gambar 36.** Tampilan data primer SNAP tanaman aren.

informasi kromosom, posisi, ID, alel referensi, alel alternatif, gen terasosiasi, dan gen pada varietas kelapa sawit Dura, Pisifera dan Oleifera.

Total sebanyak 2381 SNP tanaman kelapa sawit yang ditemukan berada dalam *database* ini. Salah satunya adalah SNP pada posisi 854996 bp di posisi kromosom EG5-Chr1 dengan basa referensi T dan basa alternatif C, yang berasosiasi dengan gen Gene\_p5\_sc0010 5.V1.gene302, basa pada Dura dan Pisifera yaitu TT, dan basa pada Oleifera adalah CC (Gambar 37).

### 3.6.5. SSR

Dalam menu SSR tanaman palma terdapat pilihan pencarian Pilih Tanaman yang pada saat ini terdapat empat pilihan tanaman yaitu kelapa sawit, kelapa, aren dan sagu, serta pilihan Sumber SSR. Terdapat dua pilihan untuk setiap tanaman dalam Sumber SSR yaitu *Scaffold* dan *Contig*, namun informasi SSR pada tanaman kelapa sawit, kelapa dan sagu saat ini masih dalam tahap pengembangan.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Ref	Alt	Gen Terasosiasi	Dura	Pisifera	Oleifera
EG5_Chr1	854996	.	T	C	Gene_p5_sc00105.V1.gene302	TT	TT	CC
EG5_Chr1	1381465	.	G	A	PREDICTED: Manihot esculenta ABC transporter G family member 29-like (LOC110626193), mRNA	GG	GG	AA
EG5_Chr1	1381466	.	T	C	PREDICTED: Manihot esculenta ABC transporter G family member 29-like (LOC110620193), mRNA	TT	TT	CC
EG5_Chr1	1779622	.	C	A	Gene_p5_sc00105.V1.gene107	CC	CC	AA

**Gambar 37.** Tampilan data varian SNP tanaman kelapa sawit.

Sub menu pilihan tanaman aren menginformasikan 1081 SSR dalam *database* yang bersumber dari *Scaffold* dengan tampilam kolom kromosom, posisi, ID, motif, panjang motif, sekuens SSR dan panjang sekuens SSR (Gambar 38). Misalnya SSR pada posisi 3072 bp di kromosom *scaffold-67*, dengan motif sepanjang 5 basa yaitu AAAAG dan motif sepanjang 15 basa yaitu AAAAGAAAAGAAAAG.

Selain itu terdapat informasi 431 SSR dalam *database* yang bersumber dari *Contig* dengan informasi yang ditampilkan terdiri dari kolom kromosom, posisi, ID, motif, panjang motif, sekuens SSR dan panjang sekuens SSR. Misalnya SSR pada posisi 1483 bp di kromosom 5303\_len\_411, dengan motif 3 sekuens yaitu ATG dan 12 sekuens yaitu ATGATGATGATG.

Sumber: <http://genom.litbang.pertanian.go.id/>

Chr	Pos	ID	Motif	Panjang Motif	SSR	Panjang SSR
scaffold_67	3072	scaffold_67	AAAAG	5	AAAAGAAAAGAAAAG	15
scaffold_100	7023	scaffold_100	AC	2	ACACACACACACACAC	16
scaffold_100	7835	scaffold_100	TACA	4	TACATCATAACA	12
scaffold_150	148	scaffold_150	TTG	3	TTGTTGTTGTTGTTG	15
scaffold_150	3158	scaffold_150	AGG	3	AGGAGGAGGAGG	12

**Gambar 38.** Tampilan data varian SSR tanaman aren.

#### 4. *Genome browser*

*Pembacaan sekuens genom DNA dengan ATGC!*

*Genome browser* merupakan grafik penghubung untuk menampilkan informasi dari *database* biologi untuk data genom. *Genome browser* memungkinkan peneliti untuk menggambar dan membaca seluruh genom bernetasi termasuk prediksi gen dan struktur, protein, ekspresi, regulasi, variasi, analisis komparatif, dsb.

Hal ini membutuhkan file besar, seperti file FASTA seluruh genom dan tampilan yang dapat kita gunakan sebagai informasi.

*Track* yang tersedia:

- *GenBankFeatures*
- *Reference sequence*
- *BAM alignments from extended reads to chloroplast*
- *SNPs from VCF*

Data yang tersedia:

##### 1) *Physic nut (Jatropha curcas L.)*

*Track* yang tersedia dalam *Physic nut* berdasarkan *GenBankFeature* yang berisi gen serta produk dari gen tersebut digambarkan dalam pita serta arah gen tersebut berjalan. Salah satu contoh gen NC\_012224 pada *Jatropha curcas chloroplast, complete genome* menunjukkan panjang pita 163856 bp dengan *class region* terdapat pada *plastid chloroplast*. Setiap pita gen yang terdapat pada *GenBankFeature* dapat dilihat secara lengkap ketika pita tersebut diklik, informasi berisi data primer (Nama, Tipe, Deskripsi, Posisi, Panjang), *Attribute (Comment1, Tanggal, Dbxref, ID, Mol\_type, Note2, Organelle, Organism, Phase,*

*Seq\_id*, *Source*, serta *Region sequence*). *GenBankFeature* yang tersedia antara lain informasi gen *clpP*, *petB*, *petD*, *psbH*, *psbN*, *rpoA*, *rpl36*, *rps11*, dsb.

- 2) *Physic nut (Jatropha curcas L.) – Chloroplast*
- 3) *Cocoa (Theobroma cacao L.)*
- 4) *Oil palm (Elaeis guineensis Jacq.)*
- 5) *Potato (Solanum tuberosum L.)*
- 6) *Chili-pepper (Capsicum spp.)*
- 7) *Banana (Musa paradisiaca L.)*
- 8) *Soybean (Glycine max L. Merr.)*
- 9) *Mays (Zea mays L.)*
- 10) *Cow (Bos taurus)*

## 5. **Partners**

Kemitraan terjalin dari beberapa negara diantaranya Indonesia, Korea Selatan, dan Thailand. Kemitraan Indonesia terdiri BB Biogen, Balitpalma, PPKS, Balittri, Balitsa, Balitbu-Tropika, Balitnak, Lolitsapo, dan IPB. Kemitraan dari Korea Selatan bekerja sama dengan *Seoul National University*, sedangkan kemitraan dengan Thailand bekerja sama dengan *Kasetsart University*. Setiap instansi kemitraan tersebut terhubung langsung dengan situs web terkait informasi di masing-masing instansi.

## 6. **Contact us**

Beranda kontak kami berisi informasi pengelola situs web.

*Mari bekerja sama!*

Mengungkap semua rahasia genom pertanian bukanlah masalah sederhana. Gagasan, kreativitas, keahlian anda dalam pertanian dapat memainkan peran di dalamnya.

Apakah anda memiliki plasma nutfah yang unik?

Apakah anda memperhatikan silsilah silang dan fenotip?

Apakah anda seorang ahli komputer dan statistik?

Mari kita baca genom pertanian Indonesia!

Kontak kami:

Telp.+62-251-8337975

E-mail: [Indonesia-genome@pertanian.go.id](mailto:Indonesia-genome@pertanian.go.id)

### **C. Data publikasi**

Beberapa karya tulis ilmiah yang menunjukkan kemajuan publikasi terkait biologi molekuler, bioinformatik dan genomik disajikan di PGPI. Di laman PGPI, publikasi tahun 2015 berjumlah 11, 3 publikasi diantaranya merupakan publikasi internasional dan 8 publikasi lainnya publikasi nasional. Publikasi-publikasi tersebut sebagian besar ditulis oleh peneliti BB Biogen. Beberapa publikasi terkait peternakan merupakan hasil kerjasama dengan Balai Penelitian Tanaman Ternak dan Lolit Sapo-Balitbangtan.

Publikasi terkait komoditas kedelai paling banyak disajikan pada tahun 2015. Selain itu, terdapat publikasi terkait padi, tanaman serealisa secara umum, tanaman perkebunan, hewan ternak, serta sumber daya genetiknya. Dari total 11 publikasi di tahun 2015, 6 publikasi diantaranya membahas hasil penelitian di bidang molekuler. Selain bidang molekuler, terdapat juga publikasi yang berupa tinjauan atau ulasan mengenai suatu topik baik itu molekuler maupun bukan molekuler yang diterbitkan dalam publikasi semi ilmiah. Publikasi di tahun 2015 juga tidak hanya terbatas pada hasil penelitian laboratorium saja tetapi terdapat juga publikasi di bidang bioinformatik.

**Tabel 3.** Daftar publikasi 2015-2019.

---

---

No.	Publikasi
	2015
1.	Lestari, P. & Reflinur. 2015. Genotyping SNP pada kedelai. <i>Warta Biogen</i> . 11(2):6-9.
2.	Lestari, P., et al. 2015. Identifikasi <i>single nucleotide polymorphisms</i> pada bangsa sapi di Indonesia menggunakan <i>Bovine 50K</i> . <i>Indonesian J. of Agricultural Science</i> .16(2):59-70.
3.	Lestari, P., et al. 2015. Morphological variability of rice germplasm in Indonesia and the associated SNP markers. <i>Proceedings of SABRAO 13<sup>th</sup> Congress and International Conference</i> . Bogor: 14-16 September.
4.	Nugroho, K., et al. 2015. Keragaman genetika empat belas aksesi kentang ( <i>Solanum tuberosum</i> L.) berdasarkan marka SSR dan STS. <i>Jurnal AgroBiogen</i> . 11(2):41-48.
5.	Reflinur & Lestari, P. 2015. Penentuan lokus gen dalam kromosom tanaman dengan bantuan marka DNA. <i>Jurnal Penelitian dan Pengembangan Pertanian</i> . 34(4):177-186.
6.	Risliawati, A., et al. 2015. Pengembangan set marka SSR untuk identifikasi empat puluh dua varietas unggul kedelai Indonesia. <i>Jurnal AgroBiogen</i> . 11(2):49-58.
7.	Tasma, I.M. 2015. Gen dan QTL pengendali toleransi tanaman terhadap keracunan aluminium dan aplikasinya untuk pemuliaan tanaman di Indonesia. <i>Jurnal AgroBiogen</i> . 11(3):111-124.
8.	Tasma, I.M. 2015. Pemanfaatan teknologi sekuensing untuk mempercepat program pemuliaan tanaman. <i>Jurnal Penelitian dan Pengembangan Pertanian</i> . 34(4):159-168.
9.	Tasma, I.M. 2015. The use of advanced genomic platforms to accelerate breeding programs of the Indonesian Agency for Agricultural Research and Development (a review). <i>International Journal of Biosciences and Biotechnology</i> . 2(2).
10.	Tasma, I.M., et al. 2015. Pembentukan pustaka genom, resekuensing, dan identifikasi SNP berdasarkan sekuens genom total genotipe kedelai Indonesia. <i>Jurnal AgroBiogen</i> . 11(1):7-16.
11.	Utami, D.W., et al. 2015. Klasterisasi bayes plasma nutfah padi Indonesia. <i>Informatika Pertanian</i> . 24(2):133-267.

---

1. Kang, Y.J., *et al.* 2016. Mungbean genome sequence and its application in breeding program. *Prosiding pre-breeding and gene discovery for food and renewable energy security*. 55-62.
2. Lestari, P. & Reflinur. 2016. Genetic diversity of japonica rice (*Oryza sativa* L.) based on markers corresponding to starch synthesizing genes. *Makara Journal of Science*. 20(2):49-54.
3. Lestari, P., *et al.* 2016. Duplikasi gen mengungkap petunjuk adaptasi tanaman terhadap cekaman lingkungan: studi kasus gen NBS-LRR pada kedelai. *Jurnal AgroBiogen*. 12(2):119–130.
4. Lestari, P., *et al.* 2016. Identifikasi gen pada kedelai mutan nodul super SS2-2 dan jenis liarnya berdasarkan kategori fungsional. *Prosiding Seminar Nasional II: Kerjasama Prodi Pendidikan Biologi FKIP dengan Pusat Studi Lingkungan dan Kependudukan (PSLK)*. Malang: 26 Maret, Universitas Muhammadiyah Malang.
5. Lestari, P., *et al.* 2016. Pengembangan identitas spesifik berbasis marka SSR pada 29 varietas kedelai lokal Indonesia. *Jurnal Biologi Indonesia*. 12(2):219-229.
6. Lestari, P., *et al.* 2016. Studi penentuan kondisi optimum cDNA-AFLP untuk identifikasi transkrip terkait simbiosis pada kedelai nodul super. *Prosiding Seminar Nasional dan Kongres Perhimpunan Agronomi Indonesia*. Bogor: 27 April.
7. Mulya, K., *et al.* 2016. Genomic-based crops improvement to support GSIAD 2015–2045. *Prosiding pre-breeding and gene discovery for food and renewable energy security*: 33-41.
8. Nugraha, Y., *et al.* 2016. Markers-traits association for iron toxicity tolerance in selected Indonesian rice varieties. *Biodiversitas*. 17(2):753-763.
9. Nugroho, K., *et al.* 2016. Metode ekstraksi DNA pada *Jatropha* spp. tanpa menggunakan nitrogen cair. *Jurnal Penelitian Tanaman Industri*. 22(4):159-166.
10. Reflinur, *et al.* 2016. The potential use of SSR markers to support the morphological identification of Indonesian mungbean varieties. *Indonesian Journal of Agricultural Science*. 17(2):65-74.
11. Rijzaani, H., *et al.* 2016. Pusat genom komoditas pertanian Indonesia. *Warta Penelitian dan Pengembangan Pertanian*. 38(4).

12. Roostika, I., *et al.* 2016. Abnormalitas tidak dijumpai pada tanaman pisang ayam yang dihasilkan dari eksplan jantung. *Warta Biogen*. 12(3):3-5.
  13. Setyowati, M. 2016. Kecipir (*Psophocarpus tetragonolobus* L.) dan pemanfaatannya. *Warta Biogen*. 12(3):5-8.
  14. Setyowati, M. 2016. Koro pedang (*Canavalia ensiformis*), alternatif pengganti kedelai. *Warta Biogen*. 12(3):8-9.
  15. Tasliah, *et al.* 2016. Eksplorasi lokus Pup1 pada 55 genotipe padi berdasarkan analisis marka molekuler dan sekuensing. *Jurnal AgroBiogen*. 12(2):63–72.
  16. Tasma, I.M. 2016. Aplikasi teknologi DNA untuk akselerasi program pemuliaan ketahanan tanaman kakao terhadap hama dan penyakit utama. *Jurnal Penelitian dan Pengembangan Pertanian*. 35(4):155-166.
  17. Tasma, I.M. 2016. Genotyping-by-sequencing (GBS): metode genotyping cepat populasi tanaman menggunakan teknologi NGS. *Warta Biogen*. 12(3):9-12.
  18. Tasma, I.M. 2016. Pemanfaatan teknologi genomik dan transformasi genetik untuk meningkatkan produktivitas kelapa sawit. *Perspektif*. 15(1):50-72.
  19. Tasma, I.M. 2016. Resekuensing genom, metode baru karakterisasi variasi SDG tanaman secara komprehensif mendukung akselerasi pemuliaan tanaman. *Warta Biogen*. 12(1):2-6.
  20. Tasma, I.M., *et al.* 2016. Variasi genom lima varietas kakao (*Theobroma cacao* L.) Indonesia berdasarkan analisis menggunakan *next generation sequencing*. *Indonesian Journal of Agricultural Science*. 17(2):57-64.
  21. Utami, D.W., *et al.* 2016. Identifikasi gen/QTL (*quantitative trait loci*) sifat toleran cekaman aluminium pada galur-galur padi gogo. *Berita Biologi*. 15(2):107-206.
  22. Utami, D.W., *et al.* 2016. STS marker associated with iron toxicity tolerance in rice. *The Journal of Tropical Life Science*. 6(1):59-64.
  23. Yuriyah, S., *et al.* 2016. Evaluasi dan identifikasi marka terkait gen ketahanan penyakit hawar daun bakteri pada padi lokal Sulawesi Selatan. *Jurnal AgroBiogen*. 12(1):11-20.
-

1. Hadiarto, T. 2017. Miraculin, protein yang berasa manis. *Warta Biogen*. 13(2):1-2.
2. Herlina, L. 2017. Mengintip capaian kajian genetika pada bawang. *Warta Biogen*. 13(2):2-3.
3. Kang, Y.J., *et al.* 2017. Genome-wide DNA methylation profile in mungbean. *Scientific Reports*. 7:40503.
4. Lestari, P., *et al.* 2017. Keragaman genetik rizobakteri penghasil asam indol asetat berdasarkan 16S rRNA dan *amplified ribosomal DNA restriction analysis*. *Jurnal AgroBiogen*. 13(1):25-34.
5. Lestari, P., *et al.* 2017. Konfirmasi penurunan alel tetua persilangan kedelai pada generasi F1 berdasarkan marka SSR. *Prosiding Seminar Nasional III: Biologi, Pembelajaran, dan Lingkungan Hidup Perspektif Interdisipliner*. Malang: 29 April, Universitas Muhammadiyah Malang.
6. Lestari, P., *et al.* 2017. Variasi alel pada sucrose synthase 3 (RSUS3) dalam lima varietas padi japonica (*Oryza sativa* L.). *Prosiding Seminar Nasional III: Biologi, Pembelajaran, dan Lingkungan Hidup Perspektif Interdisipliner*. Malang: 29 April, Universitas Muhammadiyah Malang.
7. Lestrasi, P. & Priyatno, T.P. 2017. Penandatanganan MoU pengembangan kit marka deteksi sapi kembar. *Warta Biogen*. 13(2):4-5.
8. Manzila, I. 2017. Mikrobia endofitik untuk pemicu vigor dan provitas tanaman cabai. *Warta Biogen*. 13(2):5-6.
9. Nugroho, K., *et al.* 2017. Keragaman genetik 24 varietas padi sawah dan padi gogo (*Oryza sativa* L.) Indonesia berdasarkan marka SSR. *Scripta Biologica*. 4(1):5-10.
10. Nugroho, K., *et al.* 2017. Keragaman genetik dua puluh aksesori plasma nutfah *Jatropha* spp. menggunakan marka simple sequence repeat. *Jurnal AgroBiogen*. 13(1):17-24.
11. Nugroho, K., *et al.* 2017. Metode ekstraksi DNA cabai (*Capsicum annum* L.) menggunakan modifikasi bufer CTAB (*cetyl trimethyl ammonium bromide*) tanpa nitrogen cair. *Scripta Biologica*. 4(2):91-94.
12. Prasetyono, J., *et al.* 2017. Evaluasi molekuler dan agronomis galur padi generasi BC<sub>1</sub>F<sub>3</sub>, BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>, dan BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> Code x NIL-qDTH8 untuk sifat umur genjah dan hasil tinggi. *Prosiding Seminar Nasional Perhimpunan Agronomi Indonesia*. Bogor: 19 Juli.

13. Rijzaani, H., *et al.* 2017. Perakitan draft genom aren (*Arenga pinnata* Wurmb Merr.). *Warta Penelitian dan Pengembangan Pertanian*. 39(1):10-12.
14. Satyawan, D., *et al.* 2017. Stochastic alternative splicing is prevalent in mungbean (*Vigna radiata*). *Plant Biotechnology Journal*. 15:174-182.
15. Sutoro, *et al.* 2017. Evaluasi keragaman genetik jagung inbrida berdasarkan sepuluh marka *simple sequence repeat*. *Jurnal AgroBiogen*. 13(2):83-90.
16. Tasliah. 2017. Analisis sekuensing marka spesifik lokus Pup1. *Warta Biogen*. 13(2):6-8.
17. Tasma, I.M. 2017. Pendekatan bioteknologi dan genomik untuk perbaikan genetik tanaman jarak pagar sebagai penghasil bahan bakar nabati. *Jurnal AgroBiogen*. 13(2):123-136.
18. Tasma, I.M. 2017. Sekuen genom acuan (*reference genome sequence*), kunci sukses program pemuliaan tanaman berbasis data genom. *Warta Biogen*. 13(1):9-12.
19. Terryana, R.T. & Priyatno, T.P. 2017. Perkembangan terkini konsorsium riset genom Balitbangtan. *Warta Biogen*. 13(2):8-10.
20. Terryana, R.T., *et al.* 2017. Keragaman genotipik dan fenotipik 48 aksesori kedelai introduksi asal Cina. *Jurnal AgroBiogen*. 13(1):1-16.
21. Toding, M.M., *et al.* 2017. Simple sequence repeat (SSR) and single nucleotide polymorphism (SNP) markers for genetic characterization of North Sulawesi local rice varieties, Super Win and Burungan. *Pakistan Journal of Biological Sciences*. 20(9):447-456.
22. Utami, S., *et al.* 2017. Molecular marker-assisted selection of rice grain quality on rice (*Oryza sativa* L.) lines tolerant to Fe toxicity stress. *The Journal of Tropical Life Science*. 7(3):268-276.
23. Yuliasti & Reflinur. 2017. Field performance of five soybean mutants under drought stress conditions and molecular analysis using SSR markers. *Atom Indonesia*. 43(2):103-109.

---

2018

---

1. Anggraeni, T.D.A., *et al.* 2018. Genetic diversity of *Jatropha curcas* collections from different islands in Indonesia. *Plant Genetic Resources*. 16(4):334-342.
2. Lestari, P. & Mastur. 2018. Training HKI dan SDG untuk mendukung inovasi. *Warta Biogen*. 14(2):1-3.

3. Lestari, P., *et al.* 2018. Analisis sidik jari DNA kedelai dengan marka SSR. *Bunga Rampai Pemanfaatan SDG dan Bioteknologi untuk Mendukung Pertanian Berkelanjutan*. 37-57.
  4. Lestari, P., *et al.* 2018. Aplikasi marka DNA untuk karakterisasi dan pembentukan "core collection" sumber daya genetik tanaman. *Bunga Rampai Pemanfaatan SDG dan Bioteknologi untuk Mendukung Pertanian Berkelanjutan*. 59-78.
  5. Lestari, P., *et al.* 2018. Keragaman genetik varietas padi japonica dan indica berdasarkan marka DNA terkait mutu rasa. *Scripta Biologica*. 5(1):21-25.
  6. Mastur, *et al.* Seminar internasional 2018: 1<sup>st</sup> ICGRB. *Warta Biogen*. 14(2):3-4.
  7. Pardamean, B., *et al.* 2018. Information technology infrastructure for agriculture genotyping studies. *Journal of Information Processing Systems*. 14(3):655-665.
  8. Prasetyono, J., *et al.* 2018. Analisis diversitas genetik 53 genotipe padi Indonesia menggunakan 6K marka *single nucleotide polymorphism*. *Jurnal AgroBiogen*. 14(1):1-10.
  9. Reflinur & Lestari, P. 2018. Seleksi dengan bantuan marka DNA untuk perakitan tanaman pertanian unggul. *Bunga Rampai Pemanfaatan SDG dan Bioteknologi untuk Mendukung Pertanian Berkelanjutan*. 271-299.
  10. Reflinur, *et al.* 2018. Identification of QTLs Associated with indica-japonica differentiation-related traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breeding Biotechnology*. 6(3):193-205.
  11. Tasma, I.M., *et al.* 2018. Genetic diversity analysis and F2 population development for breeding of long juvenile trait in soybean. *Jurnal AgroBiogen*. 14(1):11-22.
  12. Tasma, I.M., *et al.* 2018. Sekuensing genom untuk karakterisasi sumber daya genetik tanaman. *Bunga Rampai Pemanfaatan SDG dan Bioteknologi untuk Mendukung Pertanian Berkelanjutan*. 79-106.
  13. Utami, D.W. 2018. Penelitian dan pengembangan tanaman produk rekayasa genetik untuk mendukung pencapaian kedaulatan pangan nasional. *Warta Biogen*. 14(2):4-6
-

1. Ha, J., *et al.* 2019. Genome sequence of *Jatropha curcas* L., a non-edible biodiesel plant, provides a resource to improve seed-related traits. *Plant Biotechnology Journal*. 17:517-530.
  2. Lestari, P., *et al.* 2019. Assessment of genetic variability in introduced and Indonesian soybean genotypes using morphological and SNP markers. *Journal of Advanced Agricultural Technologies*. 6(1).
  3. Nugroho, K., *et al.* 2019. Metode ekstraksi DNA tanaman tanpa presipitasi etanol untuk kegiatan *polymerase chain reaction* (PCR). *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia*. 6(1).
  4. Nugroho, K., *et al.* 2019. The use of molecular markers to analyze the genetic diversity of Indonesian pepper (*Capsicum* spp.) varieties based on anthracnose resistance. *Makara Journal of Science*. 23(3):137-147.
  5. Terryana, R.T., *et al.* 2019. Keragaman genetik plasma nutfah *Jatropha* spp. berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler. *Jurnal AgroBiogen*. 15(1):23-34.
  6. Utami, D.W., *et al.* 2019. Pemuliaan molekuler untuk perakitan varietas unggul baru padi gogo 'Bio Patenggang Agritan'. *Jurnal AgroBiogen*. 15(1):1-10.
  7. Yuriyah, S., *et al.* 2019. Seleksi berbantuan marka molekuler untuk pembentukan calon varietas padi turunan esensial Situ Patenggang. *Berita Biologi*. 18(1):87-97.
- 

Publikasi pada tahun 2016 lebih banyak dibandingkan tahun 2015 yaitu mencapai 23 publikasi. Terdapat 5 publikasi yang diterbitkan di jurnal atau prosiding seminar internasional sedangkan 18 tulisan lainnya diterbitkan di jurnal nasional, prosiding seminar nasional, atau publikasi semi ilmiah. Sebanyak 14 publikasi di tahun ini berkaitan dengan bidang molekuler. Selain itu, terdapat beberapa publikasi yang berupa tinjauan terhadap beberapa komoditas seperti kakao, kelapa sawit, industri palma, hortikultura, pangan, hewan ternak, mikroba, pisang ayam, kecipir, koro pedang, dan tanaman pangan secara umum. Berbeda dengan tahun 2015, sebagian besar publikasi di tahun 2016 menyajikan informasi mengenai komoditas padi sedangkan

publikasi lainnya membahas komoditas kacang hijau, kedelai, dan jarak pagar. Publikasi-publikasi tersebut sebagian besar ditulis oleh peneliti BB Biogen. Namun, terdapat beberapa publikasi yang ditulis oleh gabungan beberapa penulis selain dari BB Biogen seperti SNU-Korea Selatan, Balittri, BB Padi, dan IPB.

Jumlah publikasi tahun 2017 tidak berbeda dengan tahun sebelumnya, yaitu sebanyak 23 publikasi. Sebanyak 5 publikasi diterbitkan di jurnal internasional dan ditulis oleh gabungan penulis dari BB Biogen dengan institusi lainnya, seperti SNU-Korea Selatan, Universitas Sam Ratulangi, *University of Tokyo*, dan Badan Tenaga Nuklir Nasional. Sebanyak 18 publikasi lainnya diterbitkan di jurnal nasional, prosiding seminar nasional, dan publikasi semi ilmiah, 12 di antaranya berkaitan dengan bidang molekuler dan 11 publikasi lainnya tidak membahas bidang molekuler. Di antara publikasi nasional tersebut terdapat juga gabungan penulis dari BB Biogen dan institusi lain seperti Balai Penelitian Tanaman Sereal. Sebagian besar informasi komoditas yang disajikan dalam publikasi tahun 2017 ini adalah padi. Komoditas lainnya yang terdapat dalam publikasi-publikasi tersebut adalah kacang hijau, kedelai, aren, jagung, jarak pagar, cabai, dan bawang merah. Selain tanaman, publikasi tahun 2017 juga menyajikan informasi mengenai bidang lainnya seperti mikrobiologi, peternakan, dan protein.

Publikasi tahun 2018 tidak sebanyak publikasi pada tahun sebelumnya. Pada tahun 2018, tulisan yang diterbitkan sebanyak 13 publikasi. Sebanyak 3 tulisan dimuat dalam publikasi internasional dengan penulis yang merupakan gabungan dari penulis BB Biogen dengan institusi lainnya seperti Balai Penelitian Tanaman Pemanis dan Serat, Universitas Bina Nusantara, SNU-Korea Selatan, dan *International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics*. Publikasi nasional pada tahun

2018 berjumlah 18 tulisan yang dimuat dalam jurnal nasional dan publikasi semi ilmiah. Dari total 13 publikasi, sebanyak 9 publikasi berkaitan dengan bidang molekuler, 3 publikasi berupa artikel semi ilmiah bukan molekuler, dan 1 publikasi mengenai bioinformatik. Sama dengan tahun-tahun sebelumnya, sebagian besar informasi komoditas yang paling banyak disajikan dalam publikasi tahun 2018 adalah padi. Komoditas lainnya yang juga terdapat dalam publikasi-publikasi tersebut adalah jarak pagar, kedelai, serta sumber daya genetik tanaman pangan dan pertanian secara umum.

Tahun 2019 sementara terdapat publikasi sebanyak 7 publikasi, 3 publikasi di antaranya merupakan publikasi internasional, 4 publikasi lainnya merupakan publikasi nasional. Penulis publikasi internasional ini merupakan gabungan penulis dari BB Biogen dan institusi lain, yaitu Universitas Brawijaya, SNU-Korea Selatan, *Gyeongsang National University*, *CI Food R&D*, *Kasetsart University*, *Dankook University*, dan *International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics*. Sebanyak 4 publikasi merupakan publikasi nasional dan terdapat 2 publikasi yang ditulis oleh gabungan penulis BB Biogen dan institusi lain, seperti Institut Teknologi Sepuluh Nopember dan BB Padi. Semua publikasi tahun 2019 berkaitan dengan bidang molekuler. Sebagian besar informasi komoditas yang disajikan dalam publikasi tahun 2019 yaitu padi dan jarak pagar. Komoditas lainnya dalam publikasi-publikasi tersebut yaitu kedelai, cabai, dan tanaman pertanian secara umum.

Sebagai kesimpulan, total publikasi yang dicatat dari tahun 2015-2019 yaitu sebanyak 77 publikasi yang terdiri atas 19 publikasi internasional dan 58 publikasi nasional. Publikasi internasional termuat dalam jurnal internasional dan prosiding seminar internasional sedangkan publikasi nasional termuat dalam jurnal nasional, prosiding seminar nasional, dan publikasi

semi ilmiah. Publikasi yang dihasilkan dari tahun 2015-2019 sebagian besar berkaitan dengan bidang analisis molekuler dengan komoditas padi sebagai publikasi terbanyak. Selain analisis molekuler dan bioinformatik, beberapa publikasi juga menyajikan tinjauan terhadap suatu topik atau suatu komoditas yang diterbitkan pada jurnal nasional atau publikasi semi ilmiah. Secara umum, publikasi-publikasi tersebut ditulis oleh penulis BB Biogen atau gabungan dengan institusi lain baik institusi di Indonesia maupun institusi di luar Indonesia.

#### **D. Statistik kunjungan**

Data statistik kunjungan terhadap situs web Pusat Genom Pertanian Indonesia (PGPI) yang ditampilkan pada Tabel 4 menunjukkan adanya peningkatan jumlah pengunjung sejak situs web dibuka untuk umum pada tahun 2015 hingga pada bulan November tahun 2019. Berdasarkan data tersebut, pada tahun 2015 hanya ada 74 pengunjung, namun meningkat menjadi 123 pengunjung pada tahun 2016, 1.112 pengunjung tahun 2017, 2.423 pengunjung pada tahun 2018, hingga akhirnya meningkat sangat drastis menjadi 16.258 pengunjung pada tahun 2019.

Peningkatan jumlah pengunjung tersebut selaras dengan data pada kolom *bandwidth* yang menunjukkan jumlah data yang diunduh oleh pengunjung. Terjadi peningkatan jumlah *bandwidth* data yang diunduh oleh pengunjung sejak tahun 2015 hingga 2019. Pada tahun 2015, tercatat hanya 342,04 MB, namun pada tahun 2016 meningkat menjadi 353,10 MB. Pada tahun 2017 sebanyak 4,57 GB data telah diunduh, dan sebanyak 7,11 GB data telah diunduh pada tahun 2018. Peningkatan jumlah pengunduhan data yang cukup signifikan terjadi pada tahun 2019 yaitu sejumlah 30,96 GB.

Berikut adalah 10 negara yang tercatat terbanyak mengunjungi situs web PGPI. Selain Indonesia yang tercatat banyak mengunjungi situs web PGPI sejak tahun 2015 hingga 2019, ternyata beberapa negara seperti Cina dan Amerika Serikat tercatat banyak berkunjung ke situs web PGPI sejak tahun 2015, bahkan jumlah kunjungan dari negara tersebut tercatat melebihi Indonesia dengan masing-masing 411.001 untuk pengunjung asal Cina dan 371.892 pengunjung asal Amerika Serikat di tahun 2019 (Tabel 5).

**Tabel 4.** Statistik kunjungan tahun 2015 hingga tahun pertengahan 2019.

<i>Year</i>	<i>Unique visitors</i>	<i>Number of visits</i>	<i>Pages</i>	<i>Hits</i>	<i>Bandwidth</i>
2015	74	148	4.351	14.023	342,04 MB
2016	123	187	5.069	13.028	353,10 MB
2017	1.112	1.605	13.279	28.486	4,57 GB
2018	2.423	3.588	41.476	85.768	7,11 GB
2019	16.258	38.533	833.823	915.455	30,96 GB

**Tabel 5.** Daftar negara yang tercatat terbanyak mengunjungi situs web PGPI tahun 2015 sampai dengan tahun 2019.

Negara	2015	2016	2017	2018	2019
Cina	0	20	403	1.733	411.001
Amerika Serikat	50	22	5.190	29.742	371.892
Inggris	0	0	201	206	38.801
Indonesia	11.307	8.913	16.607	34.095	64.446
Swiss	0	0	992	615	1.203
Hongkong	0	104	54	11	93
Rusia	0	0	713	873	2.559
Perancis	0	0	191	340	3.479
Australia	0	22	727	216	679
Swedia	0	0	610	577	290



# BAB IV. CONTOH PEMANFAATAN DATA PGPI

Beberapa peneliti ataupun pemulia yang selama ini belum terbiasa untuk memanfaatkan data genom kemungkinan tidak melihat adanya manfaat yang dapat diperoleh dari situs semacam PGPI dalam mendukung kegiatan yang selama ini mereka lakukan. Ilustrasi-ilustrasi berikut berusaha menggambarkan bagaimana para *stakeholder* dapat memaksimalkan penggunaan PGPI untuk membantu mereka dalam mengerjakan tugas-tugas mereka dalam melaksanakan penelitian dan pemuliaan komoditas pertanian.

## A. Pemanfaatan data genom sebagai penciri calon varietas unggul

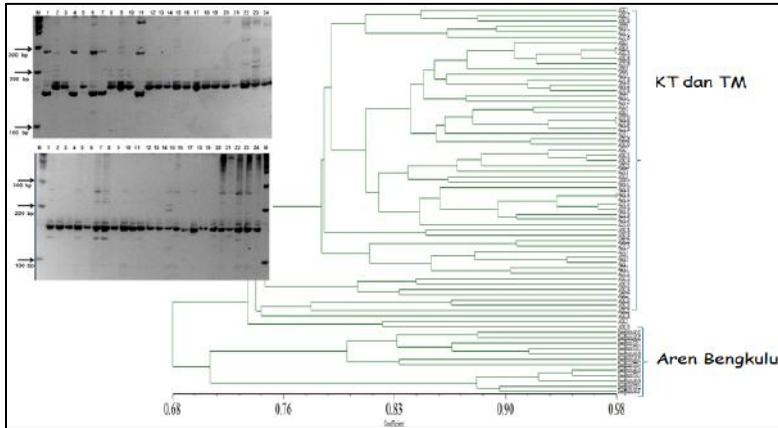
Salah satu jenis data yang dapat diakses dalam PGPI adalah data marka DNA, yaitu bagian genom yang memiliki variasi tinggi dan dapat dimanfaatkan untuk berbagai macam keperluan. Salah satu kegunaan marka DNA adalah untuk mengukur tingkat keragaman genetik antar individu, yang secara tidak langsung juga menggambarkan hubungan kekerabatan antara individu-individu tersebut. Individu yang masih berkeluarga dekat biasanya memiliki perbedaan genetik yang rendah, karena masing-masing membawa DNA yang diwariskan dari tetua dan nenek moyang yang sama. Semakin jauh hubungannya, semakin banyak proporsi DNA yang diwarisi dari nenek moyang

yang berbeda, sehingga secara keseluruhan terdapat lebih banyak DNA yang berbeda dibandingkan dengan kerabat dekat.

Data mengenai hubungan kekerabatan suatu calon varietas, beserta data sifat-sifat unggul yang dimilikinya, sangat membantu dalam proses pelepasan suatu varietas karena dapat mengukuhkan keunikan calon varietas yang diajukan. Data marka yang digunakan untuk analisis kekerabatan juga dapat digunakan sebagai penciri suatu varietas, dengan menyaring alel-alel marka yang hanya dapat ditemukan di varietas tersebut namun tidak ada di varietas lain.

Saat ini PGPI menyediakan 140 pasang primer marka SSR untuk tanaman aren yang dapat diakses dan digunakan secara bebas oleh publik. Sebagian dari marka-marka tersebut, sebanyak 14 pasang marka SSR, telah dimanfaatkan oleh peneliti BB Biogen untuk menyelidiki keragaman genetik populasi aren Smulen ST-1 dari daerah Rejang Lebong di Provinsi Bengkulu, dan membandingkannya dengan populasi aren Dalam dari Tomohon (TM) dan aren Genjah dari Kutai Timur (KT). Berdasarkan pola pita DNA yang dihasilkan dari masing-masing aksesori yang dipelajari, kemiripan dan perbedaan pola DNA antar aksesori (gambar 10) dapat dihitung dan dapat divisualisasikan dalam bentuk diagram pohon (dendrogram), di mana setiap individu yang paling mirip akan ditempatkan pada ranting yang berdekatan dalam satu cabang dan individu yang pola DNA-nya sangat berbeda akan ditempatkan dalam cabang yang berjauhan. Analisis tersebut dilakukan menggunakan perangkat lunak NTSYS, dan hasilnya dapat dilihat pada Gambar 39.

Dari pola yang ada dalam dendrogram di Gambar 39, dapat disimpulkan bahwa secara genetik aren Bengkulu memiliki keunikan tersendiri yang jauh berbeda dari aren yang berasal dari Tomohon (Sulawesi Utara) dan Kutai Timur (Kalimantan Timur). Aren Bengkulu secara genetik membentuk gerombol

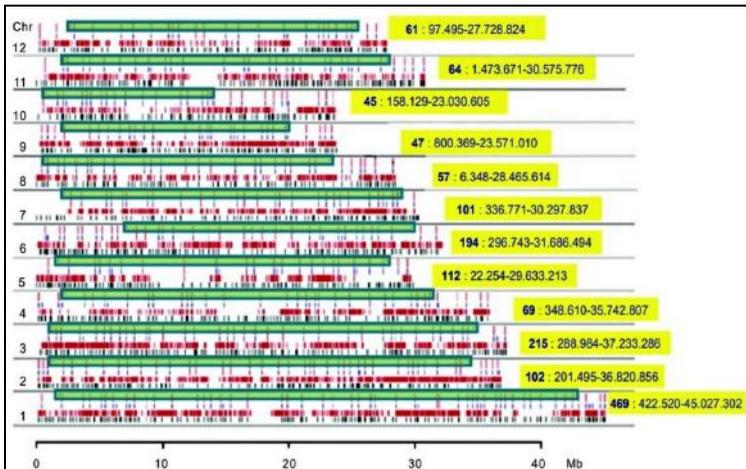


**Gambar 39.** Pola pita DNA marka SSR dan dendrogram individu aren Bengkulu, aren Genjah Kutim (KT), dan aren Dalam Toumuung (TM) berdasarkan marka SSR (Lestari et al. 2018).

tersendiri dalam cabang yang terpisah dari jenis aren lainnya, sehingga sangat kecil kemungkinannya bahwa aren tersebut adalah aren TM atau aren KT yang diintroduksi ke daerah Bengkulu. Dengan demikian, data DNA dari analisis marka SSR membuktikan bahwa aren Bengkulu adalah aren lokal yang bukan berasal dari daerah lain, terutama Kalimantan dan Sulawesi. Selain sifat-sifat morfologinya yang unik, aren Bengkulu juga secara genetik memiliki keunikan dan berbeda dari aren yang dapat ditemukan di pulau lain seperti Kalimantan dan Sulawesi. Faktor-faktor tersebut berperan penting dalam proses disetujuinya aren Bengkulu Smulen-ST1 yang dilepas sebagai varietas unggul aren (Lestari et al. 2017; 2018). Selain itu marka SSR tersebut juga telah dimanfaatkan dalam analisis keragaman genetik populasi aren yang berasal dari Kabupaten Cianjur dan Provinsi Banten. Marka SSR yang digunakan terbukti informatif dan dapat mengelompokkan sampel populasi aren berdasarkan wilayah asalnya (Terryana et al. 2020).

## B. Pemetaan gen pembawa sifat unggul tanaman menggunakan marka SNP

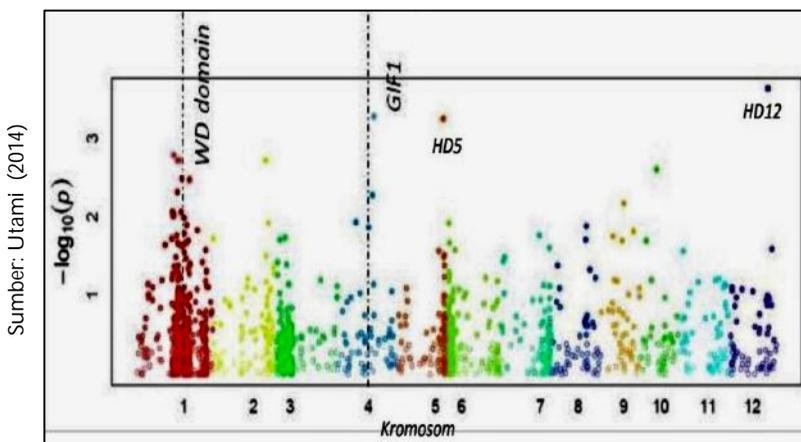
Selain marka SSR, situs web PGPI juga menyediakan data marka SNP. Untuk komoditas padi, tersedia data 1536 marka SNP dan jenis alel-alelnya pada puluhan padi lokal dari jenis *Indica*, *Tropical Japonica*, maupun *Japonica*. Marka-marka tersebut didesain berdasarkan data sekuen beberapa plasma nutfah padi, dan dipilih untuk mewakili seluruh segmen genom padi secara merata, di samping juga untuk mengamati variasi DNA pada gen-gen dan QTL yang telah diketahui berperan dalam pembentukan sifat unggul pada tanaman padi (Gambar 40).



**Gambar 40.** Distribusi 1536 SNP yang ditampilkan dalam PGPI pada 12 kromosom padi, dibandingkan dengan SNP yang didesain tim peneliti lain. Baris pertama adalah 1536 SNP PGPI (Utami et al. 2013), baris kedua adalah SNP 44K dari Tung et al. (2010), baris ketiga adalah 384-*plex* SNP dari Feltus et al. (2004), dan baris keempat adalah 384-*plex* SNP dari Thomson et al. (2011). Angka dalam kotak kuning adalah segmen genom berisikan gen dan QTL untuk karakter daya hasil dan pembungaan, yang diisi lebih banyak SNP dari daerah lain dalam genom padi.

Marka-marka SNP tersebut telah dikemas dalam bentuk *chip*, sehingga keseluruhan 1536 marka SNP di dalamnya dapat diassay dalam waktu 3 hari saja. *Chip* marka SNP ini telah dimanfaatkan di BB Biogen untuk memeriksa 467 aksesi padi yang merupakan sebagian dari koleksi Bank Gen di BB Biogen. Dari hasil analisis 1536 marka SNP tersebut, diperoleh profil sidik jari DNA masing-masing aksesi dan pola kekerabatan antar aksesi. Data-data tersebut sangat bermanfaat dalam pengelolaan koleksi Bank Gen tanaman padi, antara lain untuk menghilangkan duplikasi, membentuk koleksi inti, dan perlindungan dari *biopiracy* dengan mendata komposisi genetik unik tiap aksesi dalam koleksi Bank Gen.

Selain untuk analisis komposisi genetik, data dari 1536 marka SNP di atas juga diselidiki keterpautannya dengan beberapa sifat unggul tanaman padi, yang salah satunya adalah karakter kegenjahan. Dengan melakukan analisis asosiasi lintas genom secara statistik menggunakan perangkat lunak seperti *TASSEL*,



**Gambar 41.** Analisis lintas genom menemukan gen-gen yang secara signifikan terpaut dengan karakter pembungaan dalam populasi padi koleksi BB Biogen.

marka-marka SNP yang memiliki keterkaitan kuat dengan karakter kegenjahan dapat diidentifikasi. Gambar 41 menggambarkan hasil dari analisis asosiasi, di mana titik-titik yang memiliki nilai  $y$  tertinggi mewakili marka SNP yang memiliki peluang yang tertinggi untuk menyebabkan perbedaan sifat kegenjahan padi-padi yang dianalisis dari koleksi Bank Gen BB Biogen. Marka-marka tersebut perlu diteliti lebih lanjut besaran dampaknya, dan jika efeknya besar selanjutnya dapat digunakan dalam program pemuliaan untuk menyeleksi sifat kegenjahan pada tanaman padi.

# DAFTAR PUSTAKA

- Feltus, F.A., J. Wan, S.R. Schulze, J.C. Estill, N. Jiang, dan A.H. Paterson. 2004. "An SNP Resource for Rice Genetics and Breeding Based on Subspecies Indica and Japonica Genome Alignments". *Genome Res.*, 14, 1812-1819.
- Lestari, P., I. Maskromo, D. Satyawan, Sudarsono, T.P. Priyatno, K. Nugroho, R.T. Terryana, D.S. Pandin, E.T. Tenda, dan Kustono. 2017. "Finalisasi Perakitan Genom De Novo dan Pengembangan Marka Molekuler untuk Seleksi Aren Berdasarkan Kegenjahan". Laporan Akhir Tahun Kerjasama Penelitian, Pengkajian dan Pengembangan Pertanian Strategis (KP4S).
- Lestari, P., I. Maskromo, D. Satyawan, Sudarsono, T.P. Priyatno, K. Nugroho, R.T. Terryana, D.S. Pandin, E.T. Tenda, dan Kustono. 2018. "Finalisasi Perakitan Genom De Novo dan Pengembangan Marka Molekuler untuk Seleksi Aren Berdasarkan Kegenjahan". Laporan Akhir Tahun Kerjasama Penelitian, Pengkajian dan Pengembangan Pertanian Strategis (KP4S).
- Terryana, R.T., K. Nugroho, dan P. Lestari. 2019. "Genetic Diversity of Sugar Palm Populations from Cianjur and Banten Revealed by Simple Sequence Repeat (SSR) Markers". *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*, 418, 012038.
- Thomson, M.J., K. Zhao, M. Wright, K.L. McNally, H. Leung, dan S.R. McCouch. 2011. "Development and Application of 96- and 384-Plex Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Marker

Sets for Diversity Analysis, Mapping and Marker-Assisted Selection in Rice". *Proceeding of Second Africa Rice Congress: Innovation and Partnerships to Realize Africa's Rice Potential, Bamako, Mali, 22-26 March 2011.*

Tung, C.W., K. Zhao, M.K. Wright, M.L. Ali, J. Jung, J. Kimball, W. Tyagi, M.J. Thomson, K. McNally, H. Leung, H. Kim, S.N. Ahn, A. Reynolds, B. Scheffler, G. Eizenga, A. McClung, C. Bustamante, dan S.R. McCouch. 2010. "Development of a Research Platform for Dissecting Phenotype-Genotype Associations in Rice (*Oryza sp.*)". *Rice* 3: 205-217.

Utami, D.W., I. Rosdianti, P. Lestari, D. Satyawan, H. Rijzaani, dan I.M. Tasma. 2013. "Development and Application of 1536-Plex Single Nucleotide polymorphism Marker Chip for Genome Wide Scanning of Indonesian Rice Germplasm". *Indones. J. Agric. Sci.*, 14(2), 71-78.

Utami, D.W. 2014. "Teknologi Genome Scanning Menggunakan 1536- dan 384-SNP Chip untuk Mendukung Program Pemuliaan Padi". *Forum Tahunan Pengembangan Iptek dan Inovasi Nasional IV Tahun 2014*, h. 1-7.

# DAFTAR ISTILAH

**Alel:** sepasang gen yang terletak pada lokus bersesuaian dalam kromosom yang homolog.

**Basis data (*database*):** kumpulan data yang terorganisir dan disimpan secara sistematis di dalam komputer. Basis data dapat diakses secara elektronik dari suatu sistem komputer.

***Business Process Model and Notation (BPMN):*** standar yang digunakan dalam pemodelan proses bisnis yang menyediakan notasi grafis untuk menentukan proses bisnis dalam sebuah diagram berdasarkan teknik *flowchart* sangat mirip dengan diagram aktivitas dari *Unified Modeling Language (UML)*. BPMN bertujuan untuk mendukung manajemen proses bisnis dengan menyediakan notasi yang intuitif untuk pengguna bisnis, namun dapat mewakili proses yang kompleks.

***Content management system (CMS):*** sebuah perangkat lunak yang digunakan untuk memanipulasi maupun menambahkan konten dari sebuah situs web.

***Contig:*** sekumpulan segmen DNA yang tumpang tindih yang bersama-sama mewakili wilayah konsensus DNA.

**Deoxyribonucleic acid (DNA):** polimer asam nukleat yang tersusun secara sistematis dan merupakan pembawa informasi genetik yang dapat diturunkan kepada keturunannya.

**FASTA:** merujuk pada format teks untuk mewakili urutan nukleotida atau asam amino (protein) urutan, di mana

nukleotida atau asam amino yang diwakili menggunakan kode huruf tunggal.

Gen: unit terkecil yang tersusun atas DNA yang terpintal dengan protein histon dan terdapat di dalam lokus kromosom. Gen mengandung informasi tertentu terkait sifat yang tampak pada individu.

Genom: keseluruhan informasi genetik dalam asam nukleat yang dimiliki suatu sel atau organisme.

*Genotyping*: proses identifikasi perbedaan dalam susunan genetik individu dengan pemeriksaan urutan DNA individu dan membandingkannya dengan urutan individu lain atau referensi.

*Genome Wide Association Study (GWAS)*: merujuk pada identifikasi variasi genetik dalam jumlah banyak yang terdapat pada variasi individu yang berbeda QTL. GWAS terfokus pada analisis asosiasi antara keragaman nukleotida tunggal (SNP) dengan karakter fenotipe yang penting.

*Hypertext Preprocessor (PHP)*: bahasa pemrograman *script server-side* yang didesain untuk mengembangkan sebuah situs web.

*Insertion or deletion (InDel)*: istilah biologi molekuler untuk penyisipan (*insertion*) atau penghapusan (*deletion*) basa DNA dalam genom suatu organisme.

Java: bahasa pemrograman tingkat yang berorientasi pada *object* dan tersusun dari *class*. *Class* terdiri dari metode yang melakukan pekerjaan dan mengembalikan informasi setelah melakukan tugasnya.

*JavaScript Object Notation (JSON)*: sebuah format data yang digunakan untuk pertukaran dan penyimpanan data. JSON merupakan bagian (subset) dari *Javascript*. JSON bisa dibaca

dengan berbagai macam bahasa pemrograman seperti C, C++, C#, Java, Javascript Perl, dan Python,

**Kromosom:** sebuah struktur yang berbentuk menyerupai pita pada DNA dan protein histon dalam inti sel yang membawa gen dan mentransfer informasi genetik pada organisme eukariotik.

**Marka molekuler:** merujuk pada metode dalam biologi molekuler yang dapat menunjukkan keberadaan urutan DNA pada suatu genom tertentu.

**MySQL:** sebuah sistem manajemen basis data yang menggunakan perintah dasar *Structured Query Language* (SQL).

**Next Generation Sequencing** (NGS): merujuk pada proses sekuensing dengan presisi tinggi modern, dan menggambarkan teknologi sekuensing modern yang berbeda guna merevolusi studi dalam bidang genomik.

**Penjelajah genom** (*genome browser*): merujuk pada fitur dalam situs web yang bersifat interaktif dan menawarkan akses data urutan genom dari berbagai organisme yang menjadi model utama.

**Polymerase Chain Reaction** (PCR): merujuk pada metode sintesis enzimatik untuk mengamplifikasi nukleotida secara *in vitro*. Metode PCR dapat meningkatkan jumlah urutan DNA hingga ribuan atau jutaan kali dari jumlah semula.

**Primer:** merujuk pada sekuens DNA pendek yang dirancang secara khusus untuk sekuens DNA target.

**Proses bisnis:** merujuk pada suatu kumpulan aktivitas terstruktur yang saling terkait dalam penyelesaian suatu masalah tertentu atau yang menghasilkan produk atau layanan untuk meraih tujuan tertentu. Proses bisnis dapat dipecah menjadi beberapa

sub proses yang memiliki atribut sendiri dan berkontribusi untuk mencapai tujuan tertentu.

*Real time PCR*: merujuk pada metode PCR dalam biologi molekuler yang tidak hanya dapat mendeteksi keberadaan suatu gen tertentu namun juga mengetahui kuantitas gen target pada sampel hingga membandingkan ekspresi gen didalamnya.

*RNA*: suatu makromolekul polinukleotida yang menyerupai rantai tunggal atau ganda yang tidak berpilin. RNA banyak terdapat dalam ribosom atau sitoplasma namun keberadaannya tidak tetap karena mudah terdegradasi.

*Scaffold*: bagian dari urutan genom yang direkonstruksi dari *end-sequenced whole-genome shotgun clones*.

Sekuens *forward*: merujuk pada arah sintesis maju pada primer.

Sekuens *reverse*: merujuk pada arah sintesis terbalik pada primer.

Sekuensing genom: merujuk pada aktivitas penentuan urutan nukleotida DNA dalam genom suatu organisme yang menghasilkan urutan huruf yang menyatakan basa nukleotida dalam suatu DNA tertentu

*SNP chip*: sebuah lempengan kecil yang didalamnya tersusun ratusan ribu probe berisi SNP oligonukleotida berdensitas tinggi yang memungkinkan identifikasi SNP dalam jumlah banyak pada waktu yang bersamaan.

*Simple Sequence Repeat (SSR)*: merujuk pada istilah untuk suatu urutan basa DNA yang terdiri atas dua hingga tujuh basa atau motif yang berulang.

*Single Nucleotide Amplified Polymorphism (SNAP)*: marka yang didesain berdasarkan variasi perubahan basa tunggal pada situs tertentu dari urutan basa DNA dalam genom organisme.

*Single Nucleotide Polymorphism* (SNP): merujuk pada suatu perbedaan susunan basa nukleotida tunggal pada genom yang menyebabkan munculnya variasi genetik.

Situs web: kumpulan halaman pada suatu domain dalam sistem internet yang dikembangkan untuk tujuan tertentu serta dapat diakses secara luas oleh publik menggunakan sebuah URL.

TXT: merujuk pada berkas naskah atau file dengan ekstensi .txt pada nama file.

*Unified Modeling Language* (UML): bahasa untuk menspesifikasi, memvisualisasi, mengembangkan dan mendokumentasikan *artifacts* atau bagian dari informasi yang digunakan untuk dihasilkan oleh proses pembuatan perangkat lunak.

WordPress: sebuah aplikasi yang bersifat terbuka untuk publik (*open source*) yang biasanya digunakan sebagai media pengembangan situs web.



# BIOGRAFI PENULIS

**Dr. Puji Lestari**, adalah peneliti ahli utama bidang bioteknologi pertanian khususnya biologi molekuler tanaman di Balai Besar Penelitian Tanaman Padi sejak Mei 2020. Sebelumnya penulis bergabung dengan Kelompok Peneliti Biologi Molekuler di BB Biogen. Selama kurang lebih 20 tahun penulis telah banyak berkecimpung dan melakukan kegiatan penelitian biologi molekuler dan sejak 2010 penulis juga tertarik genomik berbagai komoditas pertanian yang digeluti sampai sekarang. Program post doktoral di SNU, Korea Selatan telah banyak membantu penulis dalam memperluas wawasan maupun jejaring kegiatan penelitian genomic dan biologi molekuler. Penulis berperan besar dalam menginisiasi pengembangan PGPI dan sebagai koordinator sampai saat ini agar dapat berkembang sebagai sistem informasi pertanian milik Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian yang tidak hanya di Indonesia namun juga di level internasional.

**Dr. Hakim Kurniawan**, adalah peneliti ahli muda bidang bioteknologi dan pengelolaan sumber daya genetik (SDG) pertanian di BB Biogen sejak tahun 1996. Kesempatan menempuh pelatihan bioinformatik di Wageningen University and Research Center (WUR), Belanda pada tahun 2010 dan BB Biogen pada tahun 2015, telah menambah wawasan penulis dalam bidang genomik untuk mendukung pengembangan PGPI. Dalam lima tahun terakhir penulis terlibat aktif dalam kegiatan penelitian *genotyping* SDG pertanian, khususnya ubi jalar dan padi.

**Habib Rijzaani, M.Si.**, adalah peneliti ahli muda dengan bidang keahlian bioteknologi tanaman. Penulis bergabung di Kelompok

Peneliti Biologi Molekuler, BB Biogen sejak tahun 1995. Gelar S1 diperoleh di Australia, gelar S2 diperoleh di Institut Teknologi Bandung. Saat ini penulis sedang menempuh pendidikan S3 di Australia, dimana telah membantu meningkatkan keahlian dan wawasan penulis di bioinformatik dan komputasi biologi, khususnya analisis genomik dan implementasinya. Penulis berperan besar dalam menganalisis data genom komoditas pertanian yang ditampilkan di PGPI.

**Dr. Dani Satyawan**, adalah peneliti bidang bioteknologi pertanian di BB Biogen. Penulis saat ini menjabat sebagai peneliti ahli muda di BB Biogen dan telah mempublikasikan makalah nasional dan internasional yang berkaitan dengan bioinformatik dan genomik, seperti penyusunan sekuen genom rujukan kacang merah dan jarak pagar, serta analisis dan aplikasi data sekuens genom dan marka DNA dalam karakterisasi genetik dan pemuliaan komoditas-komoditas pertanian.

**Endo Kristiono, M.T.I.**, adalah staff di BB Biogen, memiliki minat dan ketertarikan dibidang rekayasa perangkat lunak, sistem informasi, integrasi sistem dan arsitektur berbasis layanan. Semenjak tahun 2014 ikut serta dalam pelaksanaan dan penerapan basis data Pusat Genom Pertanian Indonesia maupun pengembangan sistem lainnya di BB Biogen.

**Rerenstradika Tizar Terryana, M.Si.**, adalah peneliti ahli pertama bidang bioteknologi pertanian di BB Biogen. Penulis mulai bergabung dalam Kelompok Peneliti Biologi Molekuler BB Biogen sejak tahun 2014 dan banyak terlibat aktif di penelitian terkait genomik dan pengembangan marka molekuler. Selama bekerja di BB Biogen, penulis telah mendapatkan pelatihan dari dalam dan luar negeri di bidang biologi molekuler dan hak kekayaan intelektual terkait perlindungan sumber daya genetik untuk mendukung pengembangan PGPI.

**Kristianto Nugroho, SP.**, dilahirkan di Jakarta tahun 1989. Melanjutkan pendidikan S1 di jurusan Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor dan lulus pada tahun 2012. Semenjak tahun 2014, penulis mulai bergabung dalam Kelompok Peneliti Biologi Molekuler, BB Biogen. Saat ini penulis menjabat sebagai peneliti ahli pertama yang banyak melakukan kegiatan penelitian di bidang biologi molekuler tanaman.

**Dr. Dwinita Wikan Utami**, adalah peneliti ahli utama bidang bioteknologi pertanian khususnya biologi molekuler tanaman. Sejak tahun 2004, penulis bergabung dengan Kelompok Peneliti Biologi Molekuler di BB Biogen, Balitbangtan. Selama menjalankan studi dan penelitiannya, penulis telah mendapatkan pelatihan dari dalam dan luar negeri. Penulis telah memiliki banyak pengalaman terkait dengan pemanfaatan marka molekuler dalam pengungkapan potensi genetik Sumber Daya Genetik (SDG) dan pemuliaan, khususnya pada tanaman padi. Penulis juga telah melepas beberapa varietas padi hasil pemuliaan molekuler sebagai varietas komersial. Dalam bidang genom, penulis memiliki pengalaman melalui pelatihan dan penelitian dengan tema: *next generation genome sequencer and gene expression analysis; high-throughput genotyping analysis* dan *genome wide association study*.

**Dr. I Made Tasma**, adalah peneliti dengan bidang kepakaran Biologi Molekuler Tanaman yang saat ini menduduki jenjang jabatan Peneliti Ahli Utama di BB Biogen, Balitbangtan. Aspek penelitian penulis mencakup genomik tanaman yang meliputi karakterisasi pada level genom dari sumber daya genetik (SDG) berbagai spesies tanaman dan ternak menggunakan teknologi sekuensing NGS dan *high throughput SNP genotype*; kekerabatan genetik berbagai spesies tanaman; *molecular tagging quantitative trait loci* (QTL) berbagai karakter penting pada kedelai; dan pemuliaan molekuler kedelai tropis produktivitas tinggi. Penulis juga aktif menulis berbagai artikel *review* aspek genomik

tanaman, aplikasi teknologi genomik, marka molekuler, dan transformasi genetik untuk percepatan program pemuliaan tanaman.

**Ir. Mastur, M.Si., Ph.D.**, adalah peneliti di BB Biogen. Penulis dilahirkan di provinsi Jawa Tengah, Indonesia, dan memperoleh gelar PhD dalam bidang bioregulasi di Tokyo University pada tahun 1999. Meskipun penulis telah menduduki beberapa jabatan struktural sejak awal karirnya, namun penulis tetap aktif terlibat dalam penelitian khususnya yang terkait dengan bidang fisiologi tanaman.

**Dr. Sustiprijatno, M.Sc.**, adalah peneliti dengan bidang kepakaran Bioteknologi Pertanian di BB Biogen. Saat ini sedang menjabat sebagai Kepala Bidang Kerja Sama dan Pendayagunaan Hasil Penelitian Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian. Terlibat dalam penelitian terkait genom, marka molekuler dan rekayasa genetik.

**Muhammad Abrar Istiadi**, adalah staf di Departemen Ilmu Komputer di Institut Pertanian Bogor (IPB). Penulis telah bergabung di IPB lebih dari 5 tahun sejak lulus S2 dari IPB. pembuatan *database* dan program komputer merupakan keahlian penulis yang terus berkembang sampai saat ini. Penulis berkontribusi besar dalam pembuatan situs web PGPI dengan sistem *interface* dan mudah diakses bagi pengguna.

# SITUS WEB PUSAT GENOM PERTANIAN INDONESIA: Media Akses Informasi Genomik Pertanian Indonesia

**S**itus web PGPI merupakan sistem informasi genomik komoditas pertanian yang pertama di Indonesia yang umum dapat diakses publik. Saat ini sebanyak 11 komoditas pertanian yang dapat dimanfaatkan pengguna yang baik untuk riset maupun pemuliaan. Situs web PGPI yang mulai online pada Oktober 2015 telah mendapatkan hak cipta pada 2018 dari Kemenkumham yang berlaku selama 50 tahun. Ke depan situs web PGPI tersebut akan terus dikembangkan sesuai dengan tuntutan kebutuhan dalam rangka memfasilitasi akses data dan informasi genomik pertanian, baik dalam lingkup domestik maupun global.

Kegiatan pembaharuan basis data dan pengembangan sistem, kegiatan sosialisasi (*public awareness*) akan terus dilanjutkan, yang bertujuan tidak hanya dalam rangka mengenalkan situs web PGPI beserta konten basis datanya, namun juga dalam rangka menjaring partner dan kontributor untuk memperluas jaringan kerja PGPI. PGPI ini diharapkan dapat menjadi prototipe *knowledge exchange platform* sumber daya genetik pertanian ke depannya



Sekretariat Badan Litbang Pertanian  
Jln. Ragunan No. 29, Pasarminggu, Jakarta 12540  
Telp. (021) 7806202, Fax. (021) 7800644  
Website: [www.litbang.pertanian.go.id](http://www.litbang.pertanian.go.id)  
E-mail: [iaardpress@litbang.pertanian.go.id](mailto:iaardpress@litbang.pertanian.go.id)

ISBN 978-602-344-301-7

