

**STUDI KARAKTER GENETIK DAN PRODUKSI PADI SAWAH
BERDASARKAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER**

(Tesis)

Oleh

ADI SAPUTRA



**PROGRAM STUDI MAGISTER AGRONOMI
FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS LAMPUNG
BANDAR LAMPUNG
2024**

ABSTRACT

STUDY ON GENETIC CHARACTER AND PRODUCTION OF RICE BASED ON MORPHOLOGY AND MOLECULAR

By

ADI SAPUTRA

This study was aimed to (1) studied genetic diversity, heritability and stability of M₃ generation, MSP 13 (non-mutant), Inpari 32, and Ciherang rice based on morphology and molecular markers. (2) determine yield of MSP 13 generation M₃, MSP 13 (non-mutant), Inpari 32, and Ciherang rice. This research was conducted at Sidomulyo Village, Sidomulyo District, South Lampung Regency with an altitude of 44 meters above sea level and at UPT Integrated Laboratory and Technology Innovation Center (LTSIT) University of Lampung from July to December 2022. Then, observations of starch granule size was conducted at the Integrated Laboratory of the Technology Innovation Center University of Lampung. This experiment was arranged in Completely Randomized Block Design (CRBD) with six replications. Data were analyzed by using Rstudio software (Version 2015). The results showed that (1) Based on morphological characteristics, all observed variables showed low genetic diversity. In line with molecular SSR which showed a similar polymorphism pattern in genotypes M₃ and MSP 13, as well as in Inpari 32 and Ciherang. (2) Characteristics of tillers number, plant height, flowering age, productive tillers number, panicle length, number of grains per panicle, weight of filled grain per clump, and grain yield have high heritability values. Meanwhile, third genotype, namely Ciherang, Inpari 32 and MSP 13, have high stability compared to M₃. (3) Yield of M₃ genotype is lower compared to the other three genotypes, namely Ciherang (8.9 tons/ha), Inpari 32 (8.56 tons/ha), and MSP 13 (8.24 tons/ha).

Keywords: *rice, genetics, molecular, heritability, stability*

ABSTRAK

STUDI KARAKTER GENETIK DAN PRODUKSI PADI SAWAH BERDASARKAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER

Oleh

ADI SAPUTRA

Penelitian ini bertujuan untuk (1) mengkaji keragaman genetik, heritabilitas dan stabilitas padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang berdasarkan morfologi dan marka molekuler. (2) mengetahui hasil produksi padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang. Penelitian ini dilaksanakan di Desa Sidomulyo, Kec. Sidomulyo, Kab. Lampung Selatan dengan ketinggian 44 meter diatas permukaan laut (mdpl) dan di UPT Laboratorium Terpadu serta Sentra Inovasi Teknologi (LTSIT) Universitas Lampung pada Juli-Desember 2022. Penelitian ini disusun menggunakan rancangan acak kelompok lengkap (RAKL) dengan enam ulangan sebagai kelompok. Analisis data menggunakan software Rstudio (Versi 2015). Hasil penelitian menunjukkan bahwa (1) berdasarkan karakter morfologi melalui metode luas simpangan baku sebagian besar variabel menunjukkan keragaman dan heritabilitas yang tinggi. Sementara itu, genotipe Ciherang dan Inpari 32 mempunyai stabilitas yang tinggi dibandingkan dengan MSP 13 dan M₃. Sejalan dengan molekuler SSR yang menunjukkan pola polimorfisme mirip pada genotipe M₃ dan MSP 13, juga pada Inpari 32 dan Ciherang. (2) Hasil produksi terbaik yaitu pada genotipe Ciherang sebanyak 8,9 ton/ha, yang kemudian disusul dengan Inpari 32 (8,56 ton/ha), MSP 13 (8,24 ton/ha), dan M₃ (8,05 ton/ha).

Kata kunci : padi, keragaman genetik, molekuler, heritabilitas, stabilitas

**STUDI KARAKTER GENETIK DAN PRODUKSI PADI SAWAH
BERDASARKAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER**

Oleh

ADI SAPUTRA

Tesis

**Sebagai Salah Satu Syarat Untuk Mencapai Gelar
MAGISTER PERTANIAN**

Pada

**Program Studi Magister Agronomi
Universitas Lampung**



**FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS LAMPUNG
BANDAR LAMPUNG
2024**

Judul Tesis : **STUDI KARATER GENETIK DAN PRODUKSI
PADI SAWAH BERDASARKAN MORFOLOGI
DAN MOLEKULER**

Nama Mahasiswa : **Adi Saputra**

Nomor Pokok Mahasiswa : **2024011010**

Program Studi : **Magister Agronomi**

Fakultas : **Pertanian**

MENYETUJUI

Komisi Pembimbing



Prof. Dr. Ir. Kukuh Setiawan, M.Sc.
NIP 196102181985031002



Dr. Ir. Paul Benyamin Timotiwi, M.S.
NIP 196209281987031001

2. Ketua Program Studi Magister Agronomi



Prof. Dr. Ir. Yusnita, M.Sc.
196108031986032002

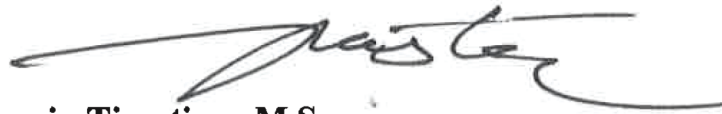
MENGESAHKAN

1. Tim Penguji

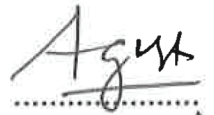
Pembimbing Utama : **Prof. Dr. Ir. Kukuh Setiawan, M.Sc.**



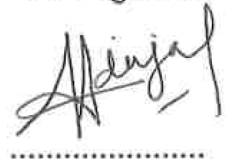
Anggota Pembimbing : **Dr. Ir. Paul Benyamin Timotiwi, M.S.**



Penguji I
Bukan Pembimbing : **Dr. Agustiansyah, S.P., M.Si.**



Penguji II
Bukan Pembimbing : **Dr. Ir. Nyimas Sa'diyah, M.P.**



2. Dekan Fakultas Pertanian




Dr. Ir. Kuswanta Futas Hidayat, M.P.
NIP. 196411181989021002

3. Direktur Pascasarjana




Prof. Dr. Ir. Murhadi, M.Si.
NIP. 196403261989021001

Tanggal Lulus Ujian Tesis: **30 Mei 2024**

SURAT PERNYATAAN

Saya yang bertandatangan di bawah ini, menyatakan bahwa tesis saya yang berjudul : **STUDI KARAKTER GENETIK DAN PRODUKSI PADI SAWAH BERDASARKAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER** merupakan hasil saya sendiri dan bukan hasil karya orang lain. Semua hasil yang tertuang dalam tesis ini telah mengikuti kaidah penulisan karya ilmiah Universitas Lampung. Apabila di kemudian hari terbukti bahwa tesis ini merupakan hasil atau dibuat oleh orang lain, maka saya bersedia menerima sanksi sesuai dengan ketentuan akademik yang berlaku.

Bandar Lampung, 10 Juni 2024

Penulis



Adi Saputra
NPM 2024011010

RIWAYAT HIDUP

Penulis merupakan anak tunggal dari pasangan Bapak Tabroni (Alm.) dan Ibu Suprihatin. Penulis dilahirkan di Sidomulyo, 29 Januari 1995. Penulis menyelesaikan Pendidikan Sekolah Dasar di SDN 3 Sidomulyo pada tahun 2007, Sekolah Menengah Pertama di SMPN 1 Sidomulyo pada tahun 2010, dan Sekolah Menengah Atas di SMAN 1 Sidomulyo pada tahun 2013.

Penulis terdaftar sebagai mahasiswa di Politeknik Negeri Lampung pada Program Studi D3 Budidaya Perkebunan pada tahun 2013, lalu pada tahun 2016 penulis melanjutkan pendidikan S1 di Universitas Muhammadiyah Malang pada Program Studi Agroteknologi dan diselesaikan pada tahun 2019. Pada tahun 2020, penulis melanjutkan studi di Program Studi Magister Agronomi Universitas Lampung. Penulis pernah mendapatkan penghargaan akademik dan non akademik seperti juara 1 cipta puisi dalam acara Himagro Day Activity UMM tahun 2016, juara 2 lomba essay ilmiah Dekan Cup Fakultas Pertanian Peternakan UMM 2017, lolos pendanaan PKM-P Kemenristek Dikti tahun 2018, dan menjadi juri essay Al Quran Islamic Competition Festival UKM JF-Fachruddin UMM 2018.

PERSEMBAHAN

Alhamdulillahirobbil'alamin

Rasa syukur yang tiada henti kupanjatkan kepada-Mu Ya Allah, atas segala nikmat dan karunia yang telah Engkau berikan. Dengan penuh rasa cinta, kupersembahkan karya ini kepada yang tersayang

Bapak Tabroni (Alm.) dan Ibu Suprihatin yang senantiasa mencurahkan kasih dan sayang di tiap langkahku, melantunkan harapan dalam setiap doa, dan mendukung sepenuhnya untuk sebuah cita-cita di masa depan.

Juga untuk istriku tersayang Nurjanah yang senantiasa menjadi teman berbagi suka duka dalam hidupku.

Serta

Dosen Pembimbing dan Penguji, Keluarga Besar Program Studi Magister Agronomi 2020, Almamater tercinta, Universitas Lampung.

Karena sesungguhnya sesudah kesulitan itu ada kemudahan. Sesungguhnya
sesudah kesulitan itu ada kemudahan

(Q.S. Al-Insyirah: 5-6).

SANWACANA

Puji syukur selalu penulis panjatkan kepada Allah SWT yang telah memberikan rahmat dan karunia-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini. Tesis dengan judul “STUDI KARAKTER GENETIK DAN PRODUKSI PADI SAWAH BERDASARKAN MORFOLOGI DAN MOLEKULER” merupakan salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister Pertanian dari Universitas Lampung. Selama penyusunan dan penyelesaian tesis ini tidak terlepas dari bantuan berbagai pihak, baik secara langsung maupun tidak langsung. Dalam kesempatan ini, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Lusmeilia Afriani, D.E.A., I.P.M., selaku Rektor Universitas Lampung;
2. Dr. Ir. Kuswanta Futas Hidayat, M.P., selaku Dekan Fakultas Pertanian Universitas Lampung;
3. Prof. Dr. Ir. Murhadi, M.Si., selaku Direktur Program Pascasarjana Universitas Lampung;
4. Prof. Dr. Ir. Yusnita, M.Sc., selaku Ketua Program Studi Magister Agronomi atas saran dan pengarahan kepada penulis selama berada di Pascasarjana Universitas Lampung;
5. Prof. Dr. Ir. Kukuh Setiawan, M.Sc., selaku pembimbing pertama atas ide penelitian, bimbingan, motivasi, saran, serta kesabaran dalam memberikan bimbingannya kepada penulis sehingga tesis ini dapat terselesaikan;
6. Dr. Ir. Paul Benyamin Timotiwu, M.S., selaku pembimbing kedua atas saran, motivasi dan bimbingannya serta nasihat-nasihatnya dalam penyelesaian tesis ini;
7. Dr. Agustiansyah, S.P., M.Si., selaku penguji pertama yang telah memberikan kritik, saran, dan nasihat dalam penyelesaian tesis ini;
8. Dr. Ir. Nyimas Sa'diyah, M.P., selaku penguji kedua yang telah memberikan kritik, saran, dan nasihat dalam penyelesaian tesis ini;
9. Kedua orangtuaku, Bapak Tabroni (Alm.) dan Ibu Suprihatin atas doa, kasih sayang, motivasi serta dukungannya selama ini;

10. Istriku, Nurjanah yang senantiasa memberikan dukungan, semangat, dan memberikan nuansa warna di hidup penulis;
11. Teman-teman Program Studi Magister Agronomi 2020 yang kebersamaan kehidupan perkuliahan penulis;
12. Laboratorium Lapangan Terpadu dan Laboratorium Terpadu Sentra Inovasi Teknologi (LTSIT) yang telah memberikan bantuan fasilitas selama penelitian ini berlangsung.

Dengan ketulusan hati penulis menyampaikan terima kasih dan semoga Allah SWT membalas semua kebaikan mereka, semoga tesis ini bisa bermanfaat bagi kita semua.

Bandar Lampung, Juni 2024

Penulis

Adi Saputra

DAFTAR ISI

	Halaman
DAFTAR TABEL	vii
DAFTAR GAMBAR	x
I. PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang dan Masalah	1
1.2 Rumusan Masalah.....	4
1.3 Tujuan Penelitian	4
1.4 Kerangka Pemikiran	5
1.5 Hipotesis	8
II. TINJAUAN PUSTAKA	9
2.1 Padi MSP 13	9
2.1.1 Padi MSP 13 Generasi (M_1)	10
2.1.2 Padi MSP 13 Generasi (M_2)	11
2.2 Studi Keragaman Genetik	11
2.3 Marka SSR (<i>Simple Sequence Repeat</i>)	13
2.4 Heritabilitas	14
III. BAHAN DAN METODE	15
3.1 Tempat dan Waktu Penelitian	15
3.2 Alat dan Bahan	15
3.3 Rancangan Penelitian	16
3.4 Pelaksanaan Penelitian	16
3.4.1 Persiapan Lahan dan Pengolahan Tanah Sawah	16
3.4.2 Pembibitan dan Penanaman	17

3.4.3 Pemeliharaan	19
3.4.4 Analisis Keragaman Genetik Berbasis SSR-PCR	20
3.4.5 Pemanenan	22
3.4.6 Pengeringan	22
3.5 Variabel Pengamatan	22
3.5.1 Variabel Vegetatif	22
3.5.2 Variabel Generatif	23
3.5.3 Komponen Hasil	23
3.6 Analisis Data	25
3.7 Nilai Heritabilitas dan Kemajuan Genetik	27
3.8 Analisis Uji Stabilitas	28
IV. HASIL DAN PEMBAHASAN	30
4.1 Hasil Penelitian	30
4.1.1 Variabel Vegetatif	31
4.1.2 Variabel Generatif	33
4.1.3 Komponen Hasil	33
4.1.4 Variasi Genetik, Fenotipe, Heritabilitas, dan Kemajuan Genetik	35
4.1.5 Uji Stabilitas	37
4.1.6 Parameter Genetik Berdasarkan Molekuler	37
4.2 Pembahasan	40
V. SIMPULAN DAN SARAN	47
5.1 Simpulan	47
5.2 Saran	47
DAFTAR PUSTAKA	48
LAMPIRAN	59

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Karakteristik agronomi dan produksi padi MSP 13, generasi ke-1 (M ₁) dan (M ₂)	11
2. Analisis Ragam	25
3. Rekapitulasi kuadrat tengah pada empat genotipe padi	31
4. Jumlah anakan 25-70 HST pada empat genotipe padi	32
5. Tinggi tanaman 25-70 HST pada empat genotipe padi	32
6. Umur berbunga pada empat genotipe padi	33
7. Komponen hasil pada empat genotipe padi	35
8. Dua kali simpangan baku ($2 \sigma_g^2$), koefisien keragaman genetik (KKG), koefisien keragaman fenotipe (KKF), heritabilitas dalam arti luas (H), dan kemajuan genetik (GA) pada variabel vegetatif, generatif, dan komponen hasil dari empat genotipe padi.....	36
9. Stabilitas komponen hasil dari empat genotipe padi	37
10. Analisis kuantitatif DNA dari empat genotipe padi	37
11. Analisis keragaman genetik dengan tiga pasang primer SSR	39
12. Jumlah anakan empat genotipe padi pada 25 HST	59
13. Analisis ragam jumlah anakan empat genotipe padi pada 25 ST.....	59
14. Jumlah anakan empat genotipe padi pada 30 HST.....	59

15.	Analisis ragam jumlah anakan empat genotipe padi pada 30 HST	59
16.	Jumlah anakan empat genotipe padi pada 70 HST	59
17.	Analisis ragam jumlah anakan empat genotipe padi pada 70 HST	60
18.	Tinggi tanaman empat genotipe padi pada 25 HST	60
19.	Analisis ragam tinggi tanaman empat genotipe padi pada 25 HST	60
20.	Tinggi tanaman empat genotipe padi pada 30 HST	60
21.	Analisis ragam tinggi tanaman empat genotipe padi pada 30 HST	60
22.	Tinggi tanaman empat genotipe padi pada 70 HST	61
23.	Analisis ragam tinggi tanaman empat genotipe padi pada 70 HST	61
24.	Umur berbunga empat genotipe padi	61
25.	Analisis ragam umur berbunga empat genotipe padi	61
26.	Umur panen empat genotipe padi	61
27.	Analisis ragam umur panen empat genotipe padi	62
28.	Jumlah anakan produktif empat genotipe padi	62
29.	Analisis ragam jumlah anakan produktif empat genotipe padi	62
30.	Panjang malai empat genotipe padi	62
31.	Analisis ragam panjang malai empat genotipe padi	62
32.	Jumlah bulir per malai empat genotipe padi	63
33.	Analisis ragam jumlah bulir per malai empat genotipe padi	63
34.	Bobot gabah per rumpun empat genotipe padi	63
35.	Analisis ragam bobot gabah per rumpun empat genotipe padi	63
36.	Bobot gabah bernas per rumpun empat genotipe padi	63

37.	Analisis ragam bobot gabah bernas per rumpun empat genotipe padi	64
38.	Bobot gabah isi per rumpun empat genotipe padi	64
39.	Analisis ragam bobot gabah isi per rumpun empat genotipe padi	64
40.	Bobot ubinan empat genotipe padi	64
41.	Analisis ragam bobot ubinan empat genotipe padi	64
42.	Persentase selang kepercayaan dengan nilai indeks seleksi menurut Allard (1960), Burton dan Devane (1953).	66

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. Keragaan padi MSP 13 generasi M1.....	10
2. Keragaan padi MSP 13	10
3. Tata Letak Percobaan	16
4. Tata letak sistem legowo 2:1	18
5. Petak panen (ubinan)	18
6. Visualisasi proses amplifikasi sekuen DNA dengan elektroforesis menggunakan primer RM 211, RM 6329, dan RM 8225	38
7. Dendogram UPGMA yang menggambarkan pengelompokkan empat genotipe padi sawah.	40
8. Tinggi tanaman 35 HST keempat genotipe pada 35 HST (a) Ciherang, (b) Inpari 32, (c) MSP 13, (d) M ₃	65
9. Jumlah anakan keempat genotipe padi pada 35 HST (a) Ciherang, (b) Inpari 32, (c) MSP 13, (d) M ₃	65
10. Anakan produktif keempat genotipe (a) Ciherang, (b) M ₃ , (c) MSP 13, (d) Inpari 32	65
11. Panjang malai keempat genotipe (a) Ciherang, (b) Inpari 32, (c) MSP 13, (d) M ₃	65
12. Ubinan keempat genotipe a) Ciherang, (b) Inpari 32, (c) M ₃ ,	65

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang dan Masalah

Tanaman padi merupakan sumber makanan pokok yang banyak dibudidayakan di Indonesia. Berdasarkan data Badan Pusat Statistik jumlah penduduk Indonesia mencapai 280,73 juta jiwa pada Desember 2023 dimana jumlah tersebut bertambah 1,61 juta jiwa dibanding total penduduk pada Juni 2023. Hal ini akan berbanding lurus dengan ketersediaan dan kebutuhan bahan pangan yaitu berupa beras. Oleh sebab itu, luas panen padi pada 2023 diperkirakan mencapai 10,20 juta hektar (BPS, 2023). Strategi lain yang dapat dilakukan untuk mendukung meningkatkan produktivitas dan mengatasi masalah lain seperti cekaman biotik dan abiotik yang dapat menurunkan hasil produksi adalah dengan perakitan varietas unggul melalui program pemuliaan.

Pemuliaan tanaman padi sawah di Indonesia sudah dikenal sejak awal abad 19. Berbagai cara yang dilakukan untuk mendapatkan varietas padi baru unggul yaitu hibridisasi, mutasi, kultur jaringan dan transfer gen. Menurut Syukur *et al.* (2015), hibridisasi atau persilangan adalah penyerbukan silang secara buatan antara tetua yang memiliki susunan genetik yang berbeda. Hibridisasi pada tanaman padi merupakan kegiatan pemuliaan tanaman yang dilakukan setelah menentukan tetua. Koleksi plasma nutfah merupakan tahap awal dalam program pemuliaan tanaman untuk mencari sumber genetik dan peningkatan variabilitas genetik (Natawijaya *et al.*, 2009).

Padi lokal merupakan sumber keragaman genetik untuk sifat tahan dan toleran terhadap cekaman biotik dan abiotik dan kualitas yang disukai oleh masyarakat Indonesia pada umumnya (Sitaresmi *et al.*, 2013). Keragaman plasma nutfah memudahkan pemulia untuk memilih tanaman dengan sifat-sifat yang diinginkan.

Identifikasi sifat-sifat penting terdapat pada padi-padi lokal perlu terus dilakukan agar dapat diketahui potensinya dalam program pemuliaan (Hairmanis *et al.*, 2005).

Padi mari sejahteraan petani (MSP) 13 atau sering disebut SERTANI 13 merupakan galur potensial yang telah lama dibudidayakan oleh masyarakat di kabupaten Lampung Tengah. Padi tersebut memiliki keunggulan yaitu potensi produksi mencapai 12 ton per hektar dan toleransi terhadap kondisi ekosistem sekitar. Pada penelitian sebelumnya telah dihasilkan tanaman mutan padi MSP 13 generasi ke-1 (M_1) dan ke-2 (M_2) hasil radiasi gamma.

Perlakuan iradiasi gamma pada tanaman padi mengakibatkan beberapa gen dapat termutasi dalam waktu yang bersamaan karena mutagen yang diperlakukan pada jaringan atau sel akan mengenai sasaran secara acak. Hasil penelitian selama lima dekade terakhir menunjukkan bahwa karakter yang telah diperbaiki melalui teknik mutasi induksi yaitu umur genjah, toleransi cekaman suhu rendah dan genangan, bertambahnya jumlah anakan, tahan terhadap blast dan hawar daun, dan peningkatan kualitas gabah dan hasil (Herison *et al.*, 2008). Laporan mengenai manfaat induksi mutasi terhadap perbaikan tanaman diantaranya untuk karakter produksi tinggi (Babaei *et al.*, 2010).

Hal ini sejalan dengan hasil mutan padi MSP 13 generasi ke-2 (M_2) dengan radiasi gamma dosis 100 Gy yang menunjukkan bahwa ada keragaman dan perubahan pada karakter agronomi kearah positif seperti tanaman menjadi lebih rendah, jumlah anakan lebih banyak, dan memiliki malai yang lebih panjang dibandingkan tanaman asalnya (Saputra, 2019). Adanya keragaman individu dan potensi hasil tinggi pada tanaman mutan generasi M_1 dan M_2 merupakan modal penting untuk dikembangkan lebih lanjut ke arah perakitan varietas unggul baru. Namun, pelepasan galur mutan menjadi varietas baru memerlukan beberapa persyaratan penting seperti tanaman harus homogen homozigot pada tanaman padi yang bunganya menyerbuk sendiri dan pertumbuhan seragam. Penampakan hasil mutasi akan muncul setelah generasi M_2 dan seterusnya. Hal tersebut disebabkan efek mutasi/radiasi bersifat acak (*random*), dan berpeluang besar terjadi segregasi

gen sehingga memerlukan proses seleksi lebih lanjut untuk memperoleh genotipe homozigot yang lebih baik

Dalam proses seleksi untuk memperoleh genotipe terbaik diperlukan informasi genetik seperti keragaman genetik, heritabilitas, dan kemajuan genetik (Widyayanti *et al.*, 2017). Keragaman merupakan suatu sifat individu pada setiap populasi tanaman yang memiliki perbedaan antara tanaman yang satu dengan tanaman yang lainnya berdasarkan sifat yang dimilikinya. Keragaman suatu tanaman diakibatkan oleh faktor genetik dan lingkungan. Genetik yang berbeda pada lingkungan yang sama akan menunjukkan fenotip yang berbeda. Hal ini disebabkan karena pengaruh interaksi $G \times Y \times L$ menunjukkan respons genotipe yang berbeda terhadap lingkungan yang berbeda (Egesi *et al.*, 2007).

Dalam satu populasi, apabila variasi genetik cukup besar, maka heritabilitas diduga cukup tinggi. Variasi genetik yang luas menunjukkan adanya pengaruh genetik yang lebih dominan dibandingkan dengan pengaruh lingkungan. Nilai heritabilitas dapat menentukan waktu dan metode seleksi sifat tanaman karena memberikan gambaran tentang proporsi ragam genetik dan ragam fenotipe yang dapat diwariskan kepada keturunannya. Namun, perkiraan heritabilitas saja tidak memberikan gambaran tentang keuntungan yang diharapkan pada generasi berikutnya, tetapi harus dipertimbangkan dengan memperkirakan kemajuan genetik dan perubahan nilai rata-rata antar generasi (Shukla *et al.*, 2006). Hal lain yang tidak kalah penting adalah stabilitas dan adaptabilitas suatu galur terhadap lingkungan yang beragam. Pengetahuan tentang interaksi genotipe dan lingkungan sangat berguna untuk meningkatkan efisiensi program pemuliaan dan seleksi untuk mendapatkan genotipe terbaik (Dolinassou *et al.*, 2016).

Informasi mengenai keragaman genetik juga dapat diperoleh dengan menggunakan teknik seperti *marker-assisted selection* (MAS) untuk mempercepat proses seleksi varietas padi yang diinginkan. Dengan menggunakan penanda genetik yang terkait dengan sifat-sifat yang diinginkan, seperti resistensi terhadap penyakit atau toleransi terhadap kondisi lingkungan tertentu, pemulia dapat menyeleksi tanaman yang memiliki kombinasi gen-gen yang diinginkan dengan

lebih efisien. Salah satu metode marka molekuler yang populer digunakan untuk menganalisis molekuler karena kemudahannya adalah *simple sequence repeat* (SSR). Marka atau SSR digunakan dalam studi genetika karena memiliki kelebihan diantaranya memiliki tingkat polimorfisme tinggi, keragaman alel tinggi, bersifat kodominan, memiliki akurasi tinggi, dan terdapat berlimpah di genom (Pathaichindachote *et al.*, 2019). Marka ini menjadi salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan dalam kegiatan analisis keragaman genetika tanaman (Vieira *et al.*, 2016; Taheri *et al.*, 2018).

Penggunaan metode SSR untuk aplikasi MAS telah berhasil diaplikasikan pada tanaman padi untuk berbagai tujuan termasuk perakitan kultivar padi tahan hama (Sun *et al.*, 2006; Jena *et al.*, 2009). Pada penelitian ini hanya digunakan tiga marka terpilih, yaitu marka RM 211, RM 6329, dan RM 8225. Primer RM 211 dan RM 6329 digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetika padi (Phuc *et al.*, 2021), sedangkan RM 8225 untuk ketahanan terhadap blast. Berdasarkan uraian di atas, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui informasi karakter genetika dan molekuler berbasis SSR.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan rumusan masalah yang dikemukakan, maka dapat disusun perumusan masalah sebagai berikut:

1. Bagaimana keragaman genetika, heritabilitas, dan stabilitas padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang berdasarkan morfologi dan marka molekuler?
2. Bagaimana hasil produksi padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Mengkaji keragaman genetika, heritabilitas dan stabilitas padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang berdasarkan morfologi dan marka molekuler.

2. Mengetahui hasil produksi padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang.

1.4 Kerangka Pemikiran

Keberhasilan program pemuliaan tanaman sangat tergantung oleh keragaman genetik. Keragaman genetik merupakan modal penting dalam program pemuliaan tanaman untuk proses perakitan varietas unggul baru (VUB). Keragaman genetik dapat diperoleh melalui kegiatan introduksi, persilangan, dan mutasi. Induksi mutasi yang umum digunakan dalam rangka merubah genetik suatu tanaman adalah dengan radiasi gamma. Penggunaan radiasi gama dipilih karena dianggap memiliki kelebihan yaitu memerlukan waktu yang relatiif singkat, dapat diperoleh tanaman yang memiliki sifat lebih baik dibandingkan tanaman aslinya, dan tidak merubah sebagian besar sifat tanaman aslinya yang disukai (Warman *et al.*, 2016).

Pemilihan kultivar lokal sebagai upaya untuk memperkaya keragaman genetik dalam program pemuliaan merupakan pilihan yang bijak seiring semakin dominannya penggunaan varietas modern yang berpotensi terkikisnya kultivar-kultivar lokal. Kultivar lokal dianggap memiliki keunggulan seperti toleran terhadap cekaman lingkungan dan memiliki daya adaptasi yang baik pada kondisi lingkungan setempat. Akan tetapi, kekurangan yang dimiliki kultivar lokal adalah produktivitasnya yang rendah (< 3 ton/ha) (Shoidah dan Adnan, 2021) dan postur yang relatif tinggi (> 130 cm) sehingga mudah roboh (Ahimsya *et al.*, 2018).

Padi MSP 13 (Sirendah sekam kuning X Dayang Rindu) merupakan salah satu galur yang sudah banyak dibudidayakan di wilayah Lampung Tengah. Padi MSP 13 memiliki potensi hasil mencapai 12 ton per ha (Danu, 2018) dan tergolong jenis padi tipe tinggi dan memiliki umur panen sedang, jumlah anakan berkisar antara 30 - 40 anakan, dan jumlah bulir mencapai 230 bulir per malai. Tanaman mutan padi MSP 13 hasil radiasi gamma generasi M₁ (Saputra, 2019) dan M₂ (Fauziah, 2020) dalam penelitian sebelumnya berdasarkan evaluasi secara kuantitatif menunjukkan sifat-sifat agronomi potensi unggul yang mengarah ke

peningkatan hasil produksi seperti jumlah anakan (60 anakan), umur berbunga, umur panen, panjang malai (26 cm), jumlah bulir (>250 bulir) per rumpun dan bobot gabah per rumpun dibandingkan tanaman asalnya.

Perubahan karakter yang muncul pada padi MSP 13 generasi M₁ dan M₂ tergolong masih belum stabil dan berpeluang besar mengalami segregasi sehingga memiliki variasi genetik yang tinggi. Hal ini sejalan dengan yang dilaporkan oleh Sofian *et al.* (2019) yang menyatakan penampakan hasil mutasi akan muncul setelah generasi M₂ dan akan mengalami kemajuan genetik berupa homogenitas yang semakin tinggi disetiap generasinya sehingga perlu dilakukannya proses seleksi disetiap generasi untuk memperoleh genotipe yang memiliki karakter unggul dibandingkan tanaman asalnya, maka perlu dilakukan penelitian lanjutan pada generasi M₃ sekaligus untuk mengetahui informasi genetik dan kemajuan genetik generasi M₃.

Proses seleksi agar lebih efektif untuk memperoleh genotipe terbaik dapat mempertimbangkan parameter genetik seperti keragaman genetik dan nilai heritabilitas. Hasil penelitian Adimiharja (2019) menunjukkan bahwa Koefisien Keragaman Genetik (KKG) yang rendah terdapat pada karakter tinggi tanaman, panjang malai, bobot 1.000 butir, dan jumlah tunas produktif, sedangkan nilai KKG sedang terdapat pada karakter jumlah gabah/malai dan jumlah gabah isi/malai. KKG yang rendah dan sedang digolongkan keragaman genetik yang sempit sedangkan KKG yang tinggi dan sangat tinggi digolongkan keragaman genetik yang luas. Keragaman genetik yang sempit disebabkan tingkat homozigot yang tinggi karena telah dilakukan selfing (persilangan dalam satu tanaman) dari generasi ke generasi.

Potensi genetik dari masing-masing genotip dipengaruhi oleh lingkungan. Perubahan penampilan tanaman disebabkan pengaruh lingkungan dapat diketahui dengan nilai duga heritabilitas pada genotip tersebut. Data penelitian Adimiharja (2019) menunjukkan variabel dengan nilai heritabilitas yang tinggi yaitu tinggi tanaman, umur berbunga, jumlah gabah per malai, jumlah gabah isi per malai,

hasil gabah per rumpun, panjang malai, bobot 1.000 butir, dan hasil gabah per hektar. Genotip dengan nilai heritabilitas yang tinggi hanya dipengaruhi oleh faktor genetik. Nilai heritabilitas yang tinggi menyebabkan pewarisan karakter dapat dilakukan dengan mudah tanpa dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Genotip tersebut dapat dilanjutkan pada pengujian lanjutan untuk pengembangan genotip unggul. Genotip unggul akan menjadi calon varietas unggul baru.

Daya hasil produksi tanaman padi dipengaruhi oleh faktor genetik, faktor lingkungan dan interaksi genetik dan lingkungan. Genotip padi yang sama akan menghasilkan produksi yang berbeda ataupun sama terhadap lingkungan yang berbeda merupakan hasil dari potensi genetik yang dimiliki. Stabilitas hasil dari suatu genotip pada lingkungan yang berbeda dapat diketahui dengan interaksi genotip x lingkungan.

Seiring perkembangan bioteknologi proses seleksi juga dapat didukung menggunakan metode marka molekuler. Marka molekuler mengacu pada perbedaan sekuen atau runutan *Deoxyribo Nucleic Acid* (DNA) yang merupakan elemen utama penyusun gen. Perbedaan ini mampu membedakan satu individu dengan yang lainnya secara spesifik. Konsep dasar marka molekuler adalah bahwa satu individu memiliki runutan DNA yang unik terhadap individu lain sehingga perbedaan tersebut dapat digunakan sebagai penanda. Kelebihan marka DNA dalam melakukan seleksi adalah sifatnya yang stabil, tidak terpengaruh oleh fase pertumbuhan maupun kondisi lingkungan. Susunan gen dari individu akan tetap sama pada berbagai fase pertumbuhan maupun kondisi lingkungan yang berbeda. Hal ini menjadikan marka DNA sebagai alat yang baik untuk membantu proses pelaksanaan seleksi. Salah satu marka molekuler yang dapat dimanfaatkan untuk proses seleksi adalah *Simple Sequence Repeat* (SSR) (Agus, 2019).

Selanjutnya, contoh seleksi menggunakan marka molekuler berbasis SSR dengan menggunakan alat real time PCR yaitu analisis keragaman famili *Poaceae* dan padi toleran kekeringan (Fatimah *et al.*, 2019) dan pada generasi M₂ galur padi harapan tahan wereng coklat menggunakan primer RM8213 menunjukkan

karakter laju fotosintesis dan panjang trikoma untuk ketahanan terhadap wereng coklat pada populasi IP-1 (Carsono *et al.*, 2016). Padi MSP 13 merupakan galur potensial yang belum banyak diteliti dan perlu untuk dikembangkan lebih jauh untuk memperkaya plasma sumber generik yang ada. Melalui analisis genetik berdasarkan perhitungan dan marka molekuler berbasis SSR diharapkan dapat diperoleh informasi yang dapat mendukung proses seleksi untuk memperoleh tanaman mutan yang memiliki karakter unggul.

1.5 Hipotesis

Berdasarkan kerangka pemikiran yang telah dikemukakan, maka untuk menjawab rumusan masalah diajukan hipotesis sebagai berikut:

1. Terdapat keragaman genetik, heritabilitas dan stabilitas pada padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang berdasarkan morfologi dan marka molekuler.
2. Terdapat produksi yang lebih tinggi diantara genotipe padi MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), Inpari 32, dan Ciherang.

II. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Padi MSP 13

Galur padi Mari Sejahterakan Petani (MSP) 13 merupakan galur padi hasil persilangan antara galur Sirendah Sekam Kuning X Sirendah Sekam Putih X Dayang Rindu yang dikembangkan oleh Surono Danu (Danu, 2018). Galur padi tersebut sudah lama dibudidayakan oleh masyarakat di daerah Provinsi Lampung karena memiliki keunggulan seperti potensi produksi mencapai 12 ton per ha (Danu, 2018).

Padi MSP 13 memiliki karakter agronomi seperti luas daun lebar, batang kokoh, rata-rata jumlah anakan 40-55, panjang malai sedang, jumlah bulir mencapai 200-350 bulir, tahan terhadap kerontokan pada bulir dan memiliki rasa pulen. Padi MSP 13 toleran terhadap cekaman biotik dan abiotik, seperti; serangan hama wereng, walang sangit, pH rendah, kondisi cekaman kekeringan dan dapat dibudidayakan pada dataran rendah sampai sedang 100 -500 mdpl (Danu, 2018). Seperti halnya padi lokal pada umumnya, galur padi MSP 13 juga memiliki kekurangan seperti umur berbunga yang panjang berkisar 70-80 HST dan umur panen kurang lebih mencapai 115 HST termasuk kedalam kelompok umur berbunga dan panen sedang (Balai Besar Padi, 2015).

Tanaman padi MSP 13 termasuk kedalam golongan tanaman padi berpostur tinggi, tinggi tanaman tersebut mencapai 120 cm sehingga memiliki potensi rebah jika terkena angin dan hujan dalam intensitas tinggi. Tinggi tanaman padi yang ideal berkisar antara 90-100 cm (Sembiring *et al.*, 2016).

2.1.1 Mutan Padi MSP 13 Generasi (M_1)

Benih padi MSP 13 yang telah diradiasi kemudian ditanam di sawah untuk memperoleh tanaman mutan generasi pertama (M_1). Tanaman mutan padi MSP 13 generasi M_1 memiliki keragaan seperti tinggi tanaman mencapai > 100 cm, jumlah daun 428 helai, dan jumlah anakan mencapai 70 anakan atau lebih banyak dibandingkan tanaman padi MSP 13 tanpa radiasi. Umur berbunga padi MSP 13 generasi M_1 mencapai 77 hari setelah tanam (HST), dan umur panen 112 HST. Komponen hasil padi MSP 13 generasi M_1 memiliki jumlah malai per rumpun yaitu 51, dengan panjang malai mencapai 26 cm dan jumlah bulir mencapai 248 bulir per malai. Diperoleh bobot gabah per rumpun yaitu 90 g, bobot gabah kering bernas 54 g dan bobot gabah hampa 9 g atau 10% (Saputra, 2019). Keragaan tanaman padi MSP 13 generasi M_1 ditampilkan pada (Gambar 1 dan 2).



Gambar 1. Keragaan padi MSP 13 generasi M_1



Gambar 2. Keragaan padi MSP 13 generasi M_1

2.1.2 Mutan Padi MSP 13 Generasi (M_2)

Benih mutan padi MSP 13 generasi M_1 yang telah dipanen dilakukan seleksi secara langsung untuk mendapatkan individu terpilih, kemudian ditanam untuk memperoleh tanaman mutan padi MSP 13 generasi M_2 . Tanaman mutan padi MSP 13 generasi M_2 yang telah ditanam memiliki keragaan rata-rata tinggi tanaman 121 cm yang termasuk kedalam kelompok sedang. Jumlah daun 330 helai, dan jumlah anakan mencapai 62 anakan, umur berbunga 73 HST dan umur panen 114 HST. Komponen hasil padi MSP 13 generasi M_2 memiliki jumlah malai sebanyak 50 helai dengan panjang rata-rata 28 cm dan jumlah bulir mencapai 211 bulir per malai dengan tipe antara kompak dan sedang. Bobot gabah total per rumpun mencapai 103 g, bobot gabah bernas per rumpun 62 g dan bobot gabah hampa per rumpun sebesar 7 g atau 6,9 % (Fauziah, 2020). Karakteristik vegetatif, generatif, dan hasil padi MSP 13, generasi ke-1 (M_1), dan (M_2) disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Karakteristik agronomi dan produksi padi MSP 13, generasi ke-1 (M_1), dan (M_2)

Generasi	Karakter						
	Tinggi tanaman (cm)	Jumlah daun	Jumlah anakan	Jumlah anakan produktif	Panjang malai (cm)	Jumlah bulir/ malai	Bobot gabah/ rumpun
M_0	122	349	60	38	25	200	90
M_1	121	428	70	51	26	248	107
M_2	121	330	62	50	28	211	103

Keterangan: M_0 = padi MSP 13 ; M_1 = mutan padi MSP13 generasi ke-1
 M_2 = mutan padi MSP13 generasi ke-2

2.2 Studi Keragaman Genetik

Keragaman genetik merupakan salah satu faktor pendukung dalam kesuksesan program pemuliaan tanaman untuk perbaikan genetik unggul. Keragaman genetik yang luas memberikan peluang besar dalam meningkatkan frekuensi untuk mendapatkan gen yang diinginkan. Sebaliknya, apabila semakin sempit

keragaman genetik yang dimiliki maka peluang untuk memperoleh genotipe yang diinginkan akan semakin kecil. Keragaman yang sempit menunjukkan bahwa individu dalam populasi tersebut relatif seragam, sehingga perbaikan sifat melalui program seleksi menjadi tidak efektif (Hendarto *et al.*, 2021).

Untuk mendukung proses seleksi suatu individu atau populasi diperlukannya informasi mengenai potensi genetik yang dimiliki dengan cara pengujian variabilitas. Pengujian variabilitas dilakukan untuk melihat koefisien keragaman suatu karakter dalam sebuah populasi. Karakter variabilitas luas diharapkan tanaman mampu beradaptasi pada lingkungannya (Prayoga *et al.*, 2017).

Tanaman yang variabilitas genetiknya sempit maka kurang baik untuk dijadikan sebagai tetua dalam pengembangan varietas, sedangkan tanaman yang memiliki variabilitas genetik luas maka berpeluang untuk dikembangkan menjadi varietas baru. Variabilitas tinggi juga dapat meningkatkan respon seleksi karena respon seleksi berbanding lurus dengan variabilitas genetik (Kencana *et al.*, 2022).

Studi keragaman genetik pada suatu tanaman dapat diketahui berdasarkan pengamatan morfologi (fenotipe) dan genetik. Pengamatan keragaman genetik tanaman secara morfologi dapat dilakukan melalui uji progeni, uji provenan, dan pengujian lainnya dengan mengamati penampilan fenotipik tanaman yang fokus utamanya pada ciri kualitatif dan kuantitatif melalui kegiatan karakterisasi.

Penggalan informasi genetik suatu individu atau populasi tanaman melalui kegiatan karakterisasi morfologi sangat penting dilakukan untuk mengidentifikasi sifat-sifat penting dan sekaligus sebagai dasar pertimbangan dalam menyusun strategi pemanfaatan sumber daya genetik tanaman secara berkelanjutan untuk program pemuliaan (Ladjao *et al.*, 2018).

Seiring perkembangan pengetahuan studi keragaman genetik dapat dilakukan hingga tingkat DNA secara molekuler. Teknologi penanda atau marka molekuler telah banyak dilaporkan hasilnya pada berbagai macam spesies tanaman untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar individu (analisis filogenetik) dalam rangka perbaikan sifat atau karakter suatu tanaman. Marka molekuler mengacu pada perbedaan sekuen atau runutan (DNA) yang merupakan elemen utama

penyusun gen. Perbedaan ini mampu membedakan satu individu dengan yang lainnya secara spesifik. Kelebihan dari marka DNA dalam melakukan seleksi adalah sifatnya yang stabil, tidak terpengaruh oleh fase pertumbuhan maupun kondisi lingkungan. Susunan gen dari individu akan tetap sama pada berbagai fase pertumbuhan maupun kondisi lingkungan yang berbeda. Menurut Pardal *et al.* (2020), penanda molekuler yang umum digunakan dengan menggunakan metode PCR meliputi RFLP (*Restriction Fragment Long Polymorphism*), RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*), AFLP (*Amplified Fragment Long Polymorphism*), STS (*Sequence Targeted Site*), SNP (*Single Nucleotide Sequence*), SCAR (*Sequence Characterized Amplified Region*) (Rukam *et al.*, 2015) dan SSR (*Simple Sequence Repeat*) (Gautam *et al.*, 2022).

2.3 Marka SSR (*Simpel Squence Repeats*)

Penanda genetik atau yang sering disebut marka, atau markah merupakan penciri individu yang terdeteksi dan menunjukkan genotipe suatu individu. Penanda genetik menggambarkan perbedaan genetik diantara individu dalam suatu organisme atau spesies dalam bentuk fenotipe/morfologi, kandungan senyawa (protein atau produk biokimia tertentu), berkas (band) pada suatu lembar hasil elektroforesis gel atau kromosom, atau hasil pembacaan sekuensing. Studi dan analisis untuk mengetahui variasi genetik terus meningkat sejalan dengan meningkatnya berbagai teknik molekuler ditingkat informasi DNA salah satunya yaitu *simple sequence repeat* (SSR).

Metode SSR merupakan salah satu teknik molekuler yang sering digunakan untuk penelitian diversitas genetik karena keakuratan informasi yang tinggi dan sangat polimorfik. Hal ini dikarenakan primer SSR merupakan marka ko-dominan yang dapat membedakan heterozigot dan homozigot. Sekuen DNA yang bermotif pendek dan diulang secara tandem dengan 2-5 unit basa nukleotida (motif) yang tersebar diseluruh genom menjadikan SSR tergolong sebagai penanda molekuler yang efektif (Gautam *et al.*, 2022).

Pemanfaatan marka SSR pada tanaman padi telah banyak digunakan secara luas diantaranya pada studi keragaman genetik, untuk mengidentifikasi berbagai genotipe padi dengan kandungan zinc (Zn) tinggi (Pangaribuan *et al.*, 2022), menganalisis terhadap 24 genotipe padi lokal tahan kekeringan Nugroho *et al.* (2017), dan mengidentifikasi sifat toleransi tanaman padi terhadap aluminium (Anggraheni dan Mulyaningsih, 2017).

2.4 Heritabilitas

Heritabilitas dapat diartikan sebagai proporsi keragaman genetik individu dalam suatu populasi yang dapat diwariskan dari tetua kepada turunannya (Saputra *et al.*, 2021). Nilai duga heritabilitas suatu karakter perlu diketahui karena bermanfaat untuk menduga kemajuan dari suatu seleksi dan untuk mengetahui bahwa karakter tersebut banyak dipengaruhi oleh faktor genetik atau lingkungan. Kriteria nilai duga heritabilitas menurut Priyanto *et al.* (2023) yaitu rendah: $h > 0,50$ = tinggi, $0,20 \leq h \leq 0,50$ = sedang, dan $h < 0,20$ = rendah.

Nilai heritabilitas yang tinggi pada jumlah anakan maksimum (0,96) dan anakan produktif (0,93) (Suriani *et al.*, 2022) dan tinggi tanaman (0,64) (Saputra *et al.*, 2021) untuk karakter tersebut menunjukkan bahwa memiliki pengaruh faktor genetik lebih besar dibandingkan faktor lingkungan dan memiliki peluang besar untuk dapat terwariskan kepada keturunannya. Begitu pula sebaliknya, bobot 1000 butir (0,21) (Sofiyan *et al.*, 2019) menunjukkan bahwa kondisi lingkungan sangat berpengaruh terhadap hasil bobot 1000 butir.

Untuk menghitung nilai heritabilitas (H) arti luas menggunakan rumus sebagai berikut (Syukur *et al.*, 2012): dalam Aryana *et al.*, (2019) dimana $H =$ perbandingan keragaman genotipe (σ_g^2) terhadap keragaman fenotipe (σ_p^2), dapat dihitung dengan rumus: $H = (\sigma_g^2 / \sigma_p^2)$. Sedangkan perhitungan keragaman fenotipe (σ_p^2) dihitung menggunakan rumus: $(\sigma_p^2) = \sigma_g^2 + (\sigma_{g/l}^2) + (\sigma_{e/l}^2)$.

III. BAHAN DAN METODE

3.1 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian telah dilaksanakan pada Juli-Desember 2022. Tempat penelitian berada di titik koordinat 5°34'13.8"S 105°31'58.0"E yaitu Desa Sidomulyo, Kec. Sidomulyo, Kab. Lampung Selatan dengan ketinggian 44 meter diatas permukaan laut (mdpl) dan di UPT Laboratorium Terpadu serta Sentra Inovasi Teknologi (LTSIT) Universitas Lampung dengan titik koordinat 5°22'01.1"S 105°14'42.4"E.

3.2 Alat dan Bahan

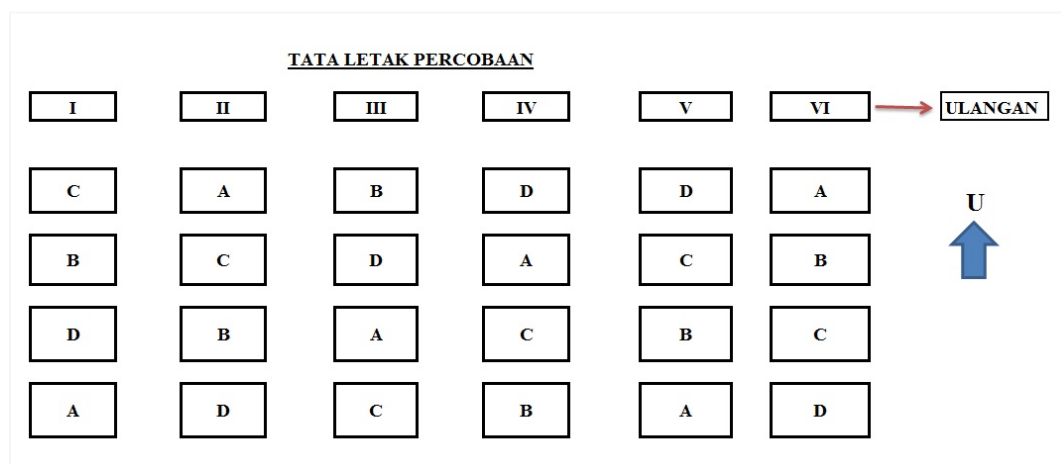
Alat yang digunakan selama penelitian meliputi traktor, *tray*, gelas plastik 240 ml, *seed box*, ecogerminator, cangkul, sabit, papan nama, karung, penggaris, jaring, timbangan analitik, plastik klip, tali, koran, alat dokumentasi dan alat tulis.

Peralatan yang digunakan untuk analisis marka molekuler SSR antara lain mortal, micro pipet, micro tube, peralatan gelas, *heating block*, sentrifius, freezer, nanophotometer P360 alat elektroforesis, spektrofotometer, elektroforesis digital, dan mesin PCR Sensoquest Sensodirect. Bahan yang digunakan untuk analisis marka molekuler meliputi sampel jaringan muda 100 mg/sampel, PCR Kit, dan primer: RM211, RM6329, RM8225 (Phuc *et al.*, 2021).

Bahan yang digunakan selama penelitian meliputi benih dan sampel daun mutan padi MSP13 generasi M₃ (hasil mutasi awal MSP 13 yang kemudian ditanam menjadi M₁, M₂, dan M₃), benih padi pembanding non-mutan galur MSP13 (Sirendah sekam kuning X Dayang Rindu), benih padi Ciherang, Inpari 32, pupuk phonska, urea, KCl, dan media persemaian.

3.3 Rancangan Penelitian

Perlakuan disusun secara faktor tunggal yaitu menggunakan genotipe terpilih tanaman padi Mari Sejahterakan Petani (MSP) 13 generasi ke-3 (M_3) dengan tiga genotipe pembanding yaitu genotipe padi MSP 13 (non mutan), varietas Inpari 32 dan Ciherang. Rancangan penelitian yang digunakan yaitu rancangan acak kelompok (RAK) dengan enam ulangan sebagai kelompok. Setiap kelompok terdiri dari empat petak percobaan berupa plot yang berukuran 3 m x 5 m dan jarak antar petak 1 meter. Setiap petak percobaan terdapat 10 tanaman sampel dari total populasi yang dipilih secara acak. Bentuk tata letak percobaan dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3. Tata letak percobaan

Keterangan: A : MSP13 generasi M_3 ; B : MSP13 (non mutan); C : Inpari 32;
D : Ciherang.

3.4 Pelaksanaan Penelitian

3.4.1 Persiapan Lahan dan Pengolahan Tanah Sawah

Persiapan lahan dan pengolahan tanah sawah meliputi:

a. Pengolahan tanah I

Pengolahan tanah sawah I dilakukan dengan cara membalik tanah bagian permukaan atau *top soil* sedalam 10-30 cm menggunakan traktor tangan.

b. Pengolahan tanah II

Pengolahan tanah sawah II dilakukan dengan cara menggenangi sawah serta meratakan gumpalan-gumpalan tanah setelah pengolahan tanah I menggunakan garu traktor tangan agar tanah menjadi halus dan mudah untuk ditanami.

3.4.2 Pembibitan dan Penanaman

Tahapan pembibitan dan penanaman bibit meliputi:

a. Pembuatan Media Pembibitan

Media yang digunakan dalam pembibitan padi adalah campuran tanah *top soil*, pupuk kandang kambing, pasir, dan abu sekam dengan perbandingan 5:3:3:5 (Fadhilah *et al.*, 2022). Perbandingan media terdiri atas 5 kg tanah top soil, 3 kg pupuk kandang kambing, 3 kg pasir, dan 5 kg abu sekam.

b. Seleksi Benih

Benih direndam dengan cara dimasukan ke dalam *seedbox* berukuran 17 x 12 cm yang berisi air selama 24 jam kemudian diaduk-aduk. Buang benih yang mengapung atau tidak bernas.

c. Persemaian Benih

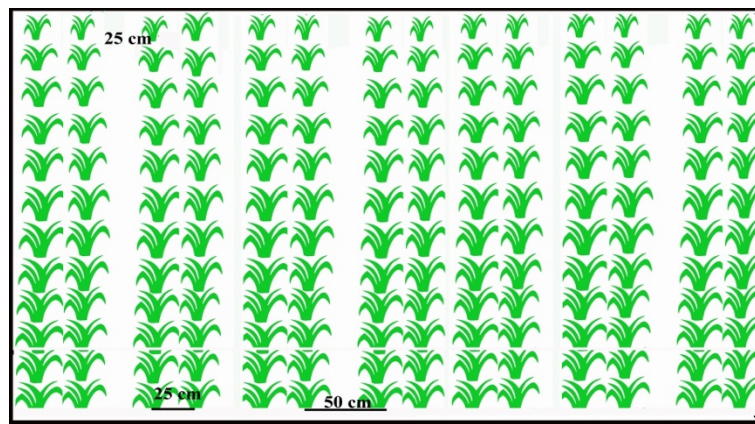
Benih yang sudah direndam selama 24 jam kemudian disemai satu per satu menggunakan *tray* yang sudah berisi media tanam. Benih yang sudah disemai kemudian dilapisi menggunakan arang sekam, bertujuan agar memudahkan saat pemindahan bibit.

d. Pembuatan Jalur Tanam

Sebelum bibit ditanam, dilakukan pembuatan jalur tanam berupa jajar legowo 2:1 (dua baris tanaman dalam satu larik/legowo) (Donggulo *et al.*, 2017) dengan jarak tanam 25 cm x 25 cm dan 50 cm untuk jarak antar larik/legowo menggunakan garu, sehingga diperleh tujuh larik/legowo dalam setiap petak/blok percobaan.

e. Penanaman

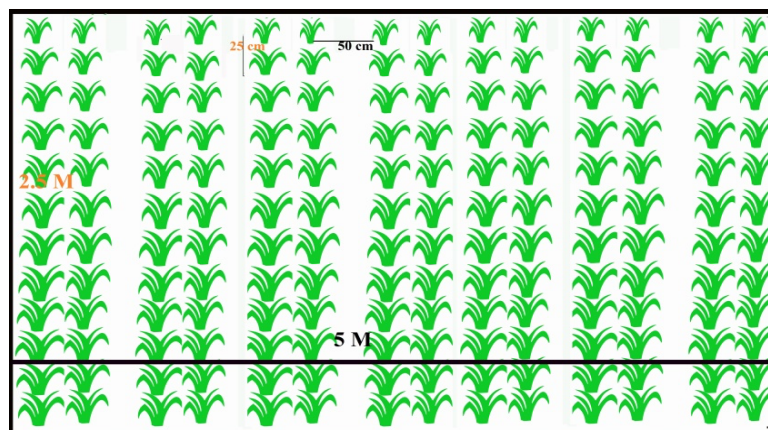
Bibit padi normal yang sudah berumur 17-25 hari setelah semai (HSS) ditanam di sawah menggunakan sistem legowo 2:1 dengan jarak tanam (25cm x 25cm) x 50 cm (untuk jarak antar larik/legowo). Bibit ditanam sebanyak 1 tanaman per lubang dengan posisi tegak, leher akar masuk kedalam tanah sedalam 1-3 cm (Suryanugraha *et al*, 2017). Tata letak penanaman padi sistem legowo 2:1 ditampilkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Tata letak sistem legowo 2:1

f. Petak Panen (Ubinan)

Pembuatan petak panen (ubinan) bertujuan untuk memprediksi jumlah produksi padi yang masih ada di lahan. Pembuatan ubinan dilakukan dengan membuat petak sampel berukuran 2,5 m x 5 m (11,25 m²). Petak panen/ubinan ditampilkan pada Gambar 5.



Gambar 5. Petak Panen (ubinan)

3.4.3 Pemeliharaan

Tahapan pemeliharaan meliputi:

a. Pengairan

Setelah bibit ditanam dilakukan penggenangan sedalam 2-5 cm. Penggenangan dihentikan 10-15 hari menjelang panen (Widhiarto *et al.*, 2022).

b. Penyulaman dan Penyiangan

Penyulaman dilakukan maksimal 7 HST dengan mengganti tanaman yang mati atau rusak menggunakan bibit baru. Penyiangan gulma dilakukan selama proses penanaman secara mekanis menggunakan cangkul.

c. Pemupukan

Pemupukan dilakukan sebanyak 2-3 kali selama periode tanam yang mengacu pada rekomendasi Badan Litbang Kementan (2020), dengan dosis pupuk rekomendasi meliputi; urea 250 kg/ha, SP36 75 kg/ha, dan KCl 100 kg/ha. Dosis pupuk untuk petak perlakuan dihitung dengan perhitungan dibawah ini:

$$\text{Dosis pupuk} \left(\frac{\text{g}}{\text{petak}} \right) = \frac{\text{luas petak m}^2}{10.000 \text{ m}^2} = \dots \times \text{Dosis Rekomendasi} \frac{\text{kg}}{\text{ha}} \\ = \dots \times 1000 \text{ g}$$

Hasil perhitungan masing-masing dosis pupuk diperoleh sebagai berikut urea; 125 g/petak perlakuan. Pemupukan dilakukan pada saat tanaman berumur 7, 25, dan 40 HST. Pupuk SP36; 57 g/petak perlakuan pada saat tanaman berumur 7 dan 40 HST dan KCl diberikan sebanyak dua kali pada saat padi berumur 25 dan 40 HST ketika tanaman menjelang fase primordia sebanyak 75 g/petak perlakuan (Ahimsya *et al.*, 2018).

d. Pengendalian Hama dan Penyakit

Pengendalian hama dan penyakit secara mekanis dilakukan selama proses penanaman padi, sedangkan secara kimia jika serangan hama dan penyakit melebihi ambang kritis.

3.4.4 Analisis Keragaman Genetik Berbasis SSR-PCR

Kegiatan analisis keragaman empat genotipe padi berbasis *Simpel Sequence Repeats* (SSR) – PCR memiliki beberapa tahapan sebagai berikut:

a. Ekstraksi DNA

Analisis keragaman genetik varian-varian padi dilaksanakan di UPT Laboratorium Terpadu dan Sentra Inovasi Teknologi (LTSIT) Universitas Lampung. Ekstraksi DNA genom sampel padi berasal dari jaringan daun muda beberapa varietas padi dilakukan menggunakan Dneasy Plant Mini Kit (50) (Qiagen, Cat#69104).

Sampel daun beberapa genotipe padi segar sebanyak 100 mg diberi 400 μ L AP1, 4 μ L Rnase A stock solution 100 mg/mL, kemudian digerus dengan mortar dan penumbuk steril sampai halus. Campuran dipindahkan ke dalam microtube 1,5 mL untuk selanjutnya diinkubasi dalam heating block 65°C selama 10 menit. Tabung dibolak-balik 2-3 kali selama inkubasi. Ditambahkan 130 μ L Buffer P3 dan diinkubasikan selama 5 menit di atas es. Lisat disentrifugasikan selama 5 menit pada 20.000 x g. Lisat dipindahkan ke dalam kolom QIAshredder yang ditempatkan dalam tabung koleksi 2 ml.

Disentrifugasikan selama 2 menit pada 20.000 x g. Cairan dipindahkan ke dalam tabung baru tanpa mengganggu pelet. Ditambahkan 1,5 volume Buffer AW1, dihomogenkan dengan pemipetan. Sebanyak 650 μ L campuran dipindahkan ke spin kolom DNeasy Mini yang ditempatkan dalam tabung koleksi 2 ml.

Disentrifugasikan selama 1 menit pada 6000 x g. Cairan dibuang. Spin kolom ditaruh ke tabung koleksi 2 ml yang baru. Ditambahkan 500 μ L Buffer AW2, disentrifugasikan selama 1 menit pada 6000 x g. Cairan dibuang lalu ditambahkan 500 μ L Buffer AW2. Disentrifugasikan selama 2 menit pada 20.000 x g. Spin kolom dipindahkan ke tabung 1,5 ml atau 2 ml yang baru. Ditambahkan 100 μ L Buffer AE untuk elusi. Diinkubasikan selama 5 menit pada suhu ruang. Disentrifugasikan selama 1 menit pada 6000 x g. Ekstrak DNA disimpan di freezer dengan suhu -20°C.

b. Analisis Kemurnian dan Kuantifikasi DNA

Analisis kemurnian dan kuantifikasi DNA dilakukan menggunakan alat Nanophotometer P360 (Implen, Jerman) mengikuti prosedur penggunaan alat.

c. PCR Menggunakan Marka Molekuler SSR

Amplifikasi DNA hasil ekstraksi dilakukan menggunakan PCR Sensoquest Sensodirect (Qiagen, Jerman). Langkah awal pengerjaan dengan alat ini yaitu membuat campuran pereaksi PCR. Volume total untuk reaksi PCR sebanyak 25 μL dengan menggunakan menggunakan KAPA 2GTM PCR Kit. Komposisi pereaksi PCR yaitu 5,0 μL 5 X buffer PCR; 0,5 μL 25 mM MgCl_2 ; 0,5 μL 10 mM dNTPs; 1,0 μL 10 μM untuk masing-masing pasangan primer dari McCough *et al.*, (2002) yaitu RM211, RM6329, (Phuc *et al.* 2021) dan RM 8225 Nihad *et al.*, (2022); 2,5 μL DNA genom ($\pm 30 \text{ ng}/\mu\text{L}$); 0,1 μL Taq DNA polimerase (5 U/ μL); dan 15,4 μL ddH₂O. Pengkondisian alat PCR berdasarkan metode yang dilakukan oleh Phuc *et al.*, (2021). Denaturasi awal dilakukan pada suhu 95°C selama 3 menit yang kemudian diikuti dengan 35 kali siklus 95°C selama 10 detik, 60–62°C selama 10 detik, dan 72°C selama 3 detik. Setelah siklus selesai, diakhiri dengan 1 siklus 72°C selama 10 menit. Hasil PCR dielektroforesis menggunakan QiaxCel Advanced (Qiagen, Jerman). Semua sampel hasil PCR dielektroforesis dengan alat elektroforesis digital QiaxCel Advanced dari Qiagen, Jerman menggunakan DNA HIGH RESOLUTION KIT. Prosedurnya mengikuti manual penggunaan alat.

d. Analisis Data

Hasil elektroforesis yang diperoleh diberi skor dalam data biner dan ditentukan dengan metode matriks jarak untuk menghubungkan hubungan antar individu. PIC (*Polymorphism Information Content*) penanda SSR adalah rerata PIC masing-masing alel (Kempf *et al.* 2016) dan rumus penanda kodominan (Zargar *et al.* 2014) digunakan untuk menghitung nilai PIC sebagai $\text{PIC}_i = 2f_i(1f_i)$, di mana PIC_i adalah kandungan informasi polimorfisme alel i , f_i adalah frekuensi dari fragmen yang diamplifikasi, dan $1f_i$ adalah frekuensi dari fragmen yang tidak teramplifikasi. Selain itu, pendekatan statistik seperti PCA, ANOVA, dan

heatmap3 sebagai *heatmap* lanjutan untuk pengelompokan (Zhao *et al.* 2014) dilakukan melalui RStudio versi 3.5.1 (RStudio 2015).

3.4.5 Pemanenan

Panen dilakukan ketika bulir padi atau gabah 85% berwarna kuning kecoklatan dengan cara memotong sepertiga bagian atas tanaman menggunakan sabit atau tanaman padi berumur antara 110-105 HST (Saputra, 2019). Padi yang telah dipanen dimasukkan kedalam karung untuk proses perontokan dan pengeringan.

3.4.6 Pengeringan

Padi yang telah dipanen dan dirontokan kemudian dilakukan pengeringan dengan cara dikeringkan selama kurang lebih 3-4 hari dibawah sinar matahari hingga kadar air mencapai 14-20% (Utami dan Ulfa, 2022).

3.5 Variabel Pengamatan

Karakter yang diamati untuk melihat keragaan vegetatif dan generatif pada fenotip Padi MSP 13 generasi M₃ diantaranya sebagai berikut:

3.5.1 Variabel Vegetatif

Variabel pengamatan keragaan vegetatif meliputi:

1) Jumlah anakan

Jumlah anakan dihitung pada saat fase vegetatif tanaman dan memasuki fase generatif dengan asumsi pada fase tersebut tidak terbentuk lagi anakan yang baru. Penghitungan dilakukan pada saat tanaman berumur 25, 30, dan 70 HST (Mustikarini *et al.*, 2022).

2) Tinggi tanaman (cm)

Pengukuran tinggi tanaman dilakukan pada saat tanaman berumur 25, 30, dan 70 HST dengan cara mengukur tanaman dari pangkal batang sampai daun bendera menggunakan penggaris (Mustikarini *et al.*, 2022).

3.5.2 Variabel Generatif

Pengamatan variabel genetatif dilakukan setelah 70 HST sampai dengan panen yang ditandai dengan perubahan warna pada bulir padi berwarna hijau menjadi kuning keemasan (Shoidah dan Adnan, 2021). Variabel pengamatan keragaan genetatif meliputi:

a. Umur berbunga (hari)

Menghitung lama waktu yang dibutuhkan tanaman padi untuk dapat berbunga, ditandai munculnya bunga pada malai dari pelepah daun bendera. Penghitungan umur berbunga apabila 50% +1 populasi dalam satu petak perlakuan sudah berbunga sejak sampel ditanam (Mustikarini *et al.*, 2022).

b. Umur panen (hari)

Menghitung lama waktu yang dibutuhkan dari semai sampai panen (85% bulir padi dalam malai sudah masak), yaitu saat gabah berukuran sempurna, keras, berwarna kuning keemasan, dan bulir mulai merunduk (Komnas Plasma Nutfah, 2003).

3.5.3 Komponen Hasil

Pengamatan keragaan komponen hasil dilakukan setelah panen, variabel pengamatan komponen hasil meliputi:

1) Jumlah anakan produktif

Penghitungan dilakukan satu kali pada saat panen dengan cara menghitung jumlah anakan yang dapat menghasilkan malai dalam satu rumpun (Mustikarini *et al.*, 2022).

2) Panjang malai (cm)

Pengukuran panjang malai dilakukan dengan cara mengukur dari leher sampai ujung malai dengan menggunakan penggaris.

3) Jumlah bulir per malai

Menghitung keseluruhan gabah yang dihasilkan pada satu malai baik yang bernas maupun hampa (Purba dan Giamerti, 2017).

4) Bobot gabah per rumpun (g)

Keseluruhan gabah dalam satu rumpun baik yang bernas maupun hampa dijemur di bawah sinar matahari selama lebih 2-3 hari atau kadar air $\pm 14\%$, lalu dilakukan penimbangan gabah kering per rumpun dengan menggunakan timbangan (Afa *et al.*, 2021).

5) Bobot gabah bernas per rumpun (g)

Gabah padi yang telah dijemur atau kadar air 14% kemudian dirontokkan dan dipisahkan antara gabah bernas dan gabah hampa. Gabah bernas dipisahkan dan dilakukan penimbangan bobot gabah kering bernas per rumpun dengan menggunakan timbangan.

6) Bobot gabah isi per rumpun (g)

Pada gabah kering per rumpun diambil sampel secara acak sebanyak 1000 butir kemudian ditimbang dengan menggunakan timbangan (Mustikarini *et al.*, 2022).

7) Bobot ubinan

Metode ubinan adalah salah satu metode dalam dunia pertanian untuk mengetahui perkiraan dari jumlah hasil yang akan didapat pada saat panen. Secara garis besar adapun langkah-langkah dalam pengambilan ubinan yaitu:

1. Menentukan petak sawah/lahan yang akan dilakukan pengambilan ubinan.
2. Mengambil minimal 2 titik berbentuk ubinan.
3. Beri tanda hasil pengukuran dari kedua lokasi tersebut menggunakan ajir/tali.
4. Memotong padi hasil ubinan dalam petakan yang telah di ukur.
5. Memisahkan bulir padi dari batangnya.
6. Menimbang padi hasil ubinan.
7. Setelah itu hasil ubinan ke dua titik ubinan padi di timbang, hasil timbangan kedua tadi di tambah dan di bagi 2 lalu dikali (10.000 m^2 : luas ubinan).

3.6 Analisis Data

Perlakuan disusun secara faktor tunggal yaitu menggunakan genotipe MSP 13 generasi M₃, MSP 13 (non mutan), varietas Inpari 32, dan Ciherang dalam rancangan acak kelompok lengkap (RAKL) dengan enam ulangan sebagai kelompok atau blok. Homogenitas ragam diuji dengan uji Bartlett dan aditivitas data diuji dengan uji Tukey. Jika kedua asumsi terpenuhi maka dilakukan analisis sidik ragam yang dilanjutkan dengan uji BNT (beda nyata terkecil) pada taraf 5%, analisis data menggunakan program R Studio versi 4.0.2 (RStudio 2019). Bentuk umum dari model linier rancangan acak kelompok lengkap (RAKL) adalah sebagai berikut:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_i + \tau_j + \varepsilon_{ij}$$

Keterangan:

Y_{ij} = Nilai pengamatan dari blok ke-i dan klon ke-j

μ = Nilai tengah populasi

β_i = Pengaruh blok ke-i

τ_j = Pengaruh klon ke-j

ε_{ij} = Nilai galat pada blok ke-i dan klon ke-j

Untuk menganalisis ragam digunakan perhitungan seperti pada Tabel 2.

Tabel 2. Analisis Ragam

Sumber Keragaman (SK)	Derajat Bebas (db)	Jumlah Kuadrat (JK)	Kuadrat Tengah (KT)	Kuadrat Tengah Harapan (KT Harapan)
Kelompok	r-1	JKK		
Genetik	g-1	JKG	$M2=JKG/g-1$	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Galat	(r-1)(g-1)	JKE	$M1=JKG/(r-1)(g-1)$	σ_e^2

Keterangan: g = genotipe; r = ulangan, σ_g^2 = variasi genetik; σ_e^2 = variasi lingkungan (Alam *et al.*, 2022).

Berdasarkan Tabel 2, maka variasi genetik, lingkungan dan fenotipe dapat dihitung sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\text{Variasi genetik} \quad \sigma_g^2 &= \frac{M2-M1}{r} \\ \text{Variasi lingkungan} \quad \sigma_e^2 &= M1 \\ \text{Variasi fenotipe} \quad \sigma_p^2 &= \sigma_g^2 + \sigma_e^2\end{aligned}$$

Menurut Marnita *et al.*, (2021); Singh dan Chaudhari (1977), koefisien keragaman genotipe (KKG) dan koefisien keragaman fenotipe (KKF) tiap karakter dapat dihitung dengan persamaan sebagai berikut:

$$KKG = \frac{\sigma_g^2}{X} \times 100 \%$$

$$KKF = \frac{\sigma_p^2}{X} \times 100 \%$$

Keterangan:

KKG = koefisien keragaman genotipe

KKF = koefisien keragaman fenotipe

σ_g^2 = ragam genotipe

σ_p^2 = ragam fenotipe

X = rata-rata umum setiap karakter tanaman

Berdasarkan Miligan *et al.* (1996) ; Moedjiono dan Mejaya (1994) dalam Setiawan (2020) maka diperoleh modifikasi kriteria nilai KKF dan KKG sebagai berikut:

1. Rendah (0-30%), artinya nilai rata-rata seluruh populasi lebih besar dibandingkan ragam genotipe dan fenotipenya.
2. Sedang (31-60), artinya nilai rata-rata seluruh populasi hampir sama besar dengan ragam genotipe dan fenotipenya.
3. Tinggi (61-100%), artinya nilai rata-rata seluruh populasi lebih kecil dibandingkan ragam gentipe dan fenotipenya.

Luas simpangan baku ragam genetik dari suatu sifat pewarisan (karakter) ditentukan oleh ragam genetik dan simpangan baku dari ragam genetik. Ragam genetik diklasifikasikan dalam kategori luas jika ragam genetik (σ_g^2) > 2 kali

simpangan baku ragam genetik yaitu $\sigma_g^2 > 2 \sigma_{\sigma_g^2}$. Sebaliknya, ragam genetik diklasifikasikan sempit jika ragam genetik (σ_g^2) ≤ 2 kali simpangan baku ragam genetik yaitu $\sigma_g^2 \leq 2 \sigma_{\sigma_g^2}$. Simpangan baku ragam genetik dan fenotipe menurut Pradika *et al.* (2017) dalam Kencana *et al.* (2022) yaitu:

$$(\sigma_{\sigma_g^2}) = \sqrt{\frac{2}{r^2} \left[\left\{ \frac{Msg}{Dbg} \right\} + \left\{ \frac{Mse}{Dbe} \right\} \right]}$$

Keterangan:

r = ulangan

Msg = kuadrat tengah genetik

Mse = kuadrat tengah galat

Dbg = derajat bebas genetik

Dbe = derajat bebas galat

3.7 Nilai Heritabilitas dan Kemajuan Genetik

Nilai heritabilitas dalam arti luas dan kemajuan genetik (*genetic advance*) dapat dihitung dengan cara sebagai berikut:

Heritabilitas arti luas $H = (\sigma_g^2 / \sigma_p^2)$.

Kriteria nilai duga heritabilitas menurut Priyanto *et al.* (2023) yaitu rendah: $h > 0,50$ = tinggi, $0,20 \leq h \leq 0,50$ = sedang, dan $h < 0,20$ = rendah.

Penduga nilai respon seleksi (R) dan harapan kemajuan genetik (*genetic advance*) pada intensitas seleksi yaitu:

$$R = k \times \sigma_p \times H$$

Keterangan =

R = respon terhadap seleksi

K = intensitas (indeks) seleksi, pada taraf 5% bernilai 2.06 (Setiawan, 2020)

σ_p = simpangan baku fenotipe

H = penduga heritabilitas arti luas

Nilai perolehan kemajuan genetik yang dinyatakan dalam % dan dinamakan *genetic advance* (GA) sebagai berikut:

$$GA = \frac{R}{x} \times 100\%$$

Keterangan:

GA = kemajuan genetik

R = respon terhadap seleksi

x = rata-rata populasi

Kriteria nilai GA dikategorikan sebagai berikut oleh Robinson *et al.* (1995) dalam Setiawan (2020):

Rendah = (0-10%)

Sedang = (10-20%)

Tinggi = (>20%)

3.8 Analisis Uji Stabilitas

Analisis uji stabilitas dilakukan untuk mendeteksi stabilitas suatu genotipe. Salah satu metode yang digunakan yaitu dengan penggabungan model stabilitas parametrik dan non-parametrik mengikuti Kurniawan dan Maulana (2020), menggunakan perangkat online *STABILITYSOFT* (Pour-aboughadareh *et al.*, 2019). Penelitian ini menggunakan data empat genotipe padi dan enam ulangan. Diasumsikan bahwa ulangan menjadi multilokasi yang dicobakan mengingat bahwa pada setiap tanah pasti memiliki kondisi yang berbeda. Hasil analisis kemudian digunakan untuk mengetahui genotipe yang dikategorikan stabil. Genotipe yang dikategorikan stabil dianggap sebagai genotipe yang paling layak untuk dipertimbangkan sebagai cikal bakal penerbitan varietas unggul.

Regresi linier dilakukan dengan menggunakan metode Eberhart dan Russell (1966). Berdasarkan model ini, jika kemiringan regresi (b_i) sama dengan 1 dan deviasi varians (S^2_{di}) sama dengan 0, maka genotipe dinyatakan stabil. Untuk mengestimasi komponen rata-rata varians (θ_i), mengikuti Plaisted dan Peterson (1959). Komponen varians genotipe terhadap lingkungan (GE) ($\theta_{(i)}$) mengikuti

Plaisted (1960), Wricke ecovalence (W_i^2) mengikuti Wricke (1962), varians stabilitas Shukla (σ^2_i) mengikuti (Shukla, 1972), dan koefisien variasi (CV_i) mengikuti Francis dan Kannenberg (1978). Model stabilitas non-parametrik ($S(i)$) mengikuti Huehn, (1990). Model stabilitas ($NP(i)$) mengikuti Thennarasu (1995), dan model stabilitas non-parametrik Peringkat Kang (KR) mengikuti Kang (1988). Dalam metode ini, performa hasil dan varians stabilitas genotipe dengan hasil tinggi dan stabil diberi bobot 1.

V. SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Berdasarkan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa:

1. Berdasarkan karakter morfologi melalui metode luas simpangan baku sebagian besar variabel menunjukkan keragaman dan heritabilitas yang tinggi. Sementara itu, genotipe Ciherang dan Inpari 32 mempunyai stabilitas yang tinggi dibandingkan dengan MSP 13 dan M₃. Sejalan dengan molekuler SSR yang menunjukkan pola polimorfisme mirip pada genotipe M₃ dan MSP 13, juga pada Inpari 32 dan Ciherang.
2. Hasil produksi GKP (Gabah Kering Panen) terbaik yaitu pada genotipe Ciherang sebanyak 8,9 ton/ha, yang kemudian disusul dengan Inpari 32 (8,56 ton/ha), MSP 13 (8,24 ton/ha), dan M₃ (8,05 ton/ha).

5.2 Saran

Berdasarkan hasil penelitian maka penulis menyarankan uji lanjut M₄ untuk melihat kestabilannya pada berbagai lokasi yang berbeda.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdulrachman, Endang, S., Pratiwi, S., Sigit, G.R. dan Yulianto, H. 2015. Panduan Budidaya Hazton Pada Budidaya Padi. Badan Penelitian dan Pengembangan Kementerian Pertanian. Jakarta. 20 hlm.
- Adimiharja, J. 2019. Variasi Fenotip, Genetik, dan Heritabilitas Karakter Agronomi Galur F4 Hasil Persilangan Tanaman Padi (*Oryza sativa* L.) Varietas Unggul Lokal. *Tesis*. Universitas Lampung. Bandar Lampung. 122p
- Afa, L., Suaib, Uge, I., Anas, A.A. dan Maisura. 2021. Korelasi Antara Hasil dan Komponen Hasil Beberapa Kultivar Padi Gogo (*Oryza sativa* L.) Lokal Sulawesi Tenggara Pada Sistem Budidaya. *Jurnal Agrium*. 18(1): 9-16.
- Agus, R. N. 2019. *Seleksi Berbantuan Marka Molekuler dalam Pemuliaan Tanaman*. Dalam <https://breeding.faperta.ugm.ac.id/2019/07/23/seleksi-berbantuan-marka-molekuler-dalam-pemuliaan-tanaman/>. Diakses pada tanggal 8 April 2022.
- Ahimsya, M. B., Basunanda, P. dan Supriyanta. 2018. Karakterisasi Morfologi dan Fotoperiodisme Padi Lokal (*Oryza sativa* L.) Indonesia. *Jurnal Vegetalika*. 7(1): 52-65.
- Alam, Z., Shahajalal, M., Roy, R., and Roy, S. 2022. A study on rice production via parametric analysis of repeated measurements experiment. *Journal of Knowledge Globalization*. 11(1): 25-39.
- Aliyu, R., Adamu, A. K., Muazu, S. and Alonge, S. O. 2011. Tagging and validation of SSR markers to salinity tolerance QTLs in Rice. *IPCBEE*. (1): 328-323.
- Anggraheni, H. G. D dan Mulyaningsih, E.S. 2017 Eksplorasi Marka SSR Terpaut Sifat Toleransi Padi Gogo Terhadap Aluminium. *Jurnal Biol Indonesia*. 3 (2):97-106.
- Anupam, A., Imam, J., Quatadah, S. M., Siddaiah, A., Prasad Das, S., Variar, M., and Prasad Mandal, N. 2017. Genetic Diversity Analysis of Rice Germplasm in Tripura State of Northeast India Using Drought and Blast Linked Markers. *Rice Science*. 24(1): 10–20.

- Aryana, I. G. P M., Santoso, B., Sudharmawan, A., dan Sukri, M. 2019. Heritabilitas Galur Padi Beras Hitam (*Oryza sativa* L) Hasil Seleksi Pedigree F1. *Jurnal Sains Teknologi & Lingkungan*. 5 (1): 25-31.
- Babaei, A., Nematzadeh, G.A., dan Avagya. 2010. Radio sensitivity studies of morpho physiological characteristics in some Iranian rice varieties (*Oryza sativa* L.) in M1 Generation. *African J. Agril. Res.* 5: 2124-30.
- Balai Besar Penelitian Tanaman Padi. 2015. Klasifikasi Umur Padi. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Kementerian Pertanian.
- Balai Besar Penelitian Tanaman Padi. 2019. Varietas Ciherang. Diakses pada 20 Maret 2024.
- BPS Provinsi Lampung. 2023. Padi (Luas Panen, Produksi, dan Produktivitas) 2020-2022. Diakses pada 25 Januari 2023.
- Bhagwat, S., Gokhale, N., Sawardekar, S., Kelkar, V., Kambale, S., and Kunkarker, R. 2017. Evaluation of rice (*Oryza sativa* L.) germplasm for biotic and abiotic stresses and their genetic diversity using SSR markers. *ORYZA- an International Journal on Rice*. 54(3): 258.
- Bidzinski, P., Ballini, E., Ducasse, A., Michel, C., Zuluaga, P., Genga, A., Chiozzotto, R., and Morel, J.B. 2016. Transcriptional Basis of Drought-Induced Susceptibility to the Rice Blast Fungus *Magnaporthe oryzae*. *Frontiers in Plant Science*. 7 :1-13.
- Blair, M.H., Panaud, O. and McCouch, S. R. 1999. Inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.) *Theor. Appl. Genet.* 98: 780-792.
- BPTP Jateng. 2013. Kumpulan Deskripsi Varietas Padi. Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Jawa Tengah. Ungaran
- Carsono, N., Prayoga, G.I., Rostini, N., dan Dono, D. 2016. Seleksi Berbasis Marka Molekuler pada Padi Generasi F2 Guna Merakit Galur Padi Harapan Tahan Wereng Coklat. *Jurnal Agrikultura*. 27 (1): 9-15.
- Chung, H., Jeong, D. G., Lee, J.H., Kang, I. J., Shim, H.K., An, C. J., Kim, J. H., and Yang, J.H. 2022. Outbreak of Rice Blast Disease at Yeosu of Korea in 2020. *The Plant Pathology Journal*. 38(1): 46–51.
- Chungada, A. S., Gokhale, N. B., Patil, D. M., Sawardekar, S. V., & Patil, P. P. (2016). Molecular Screening of Rice (*Oryza sativa* L.) Germplasm for Biotic and Abiotic Stresses and Their Diversity Study by Using SSR Markers. *Journal of the Indian Society of Coastal Agricultural Research*. 34(2).

- Cockram, J., Jones, H., Leigh, F.J., O'Sullivan, D., Powell, H., Laurie, D.A. and Greenland, A.J. 2007. Control of flowering time in temperate cereals; genes domestication, and sustainable productivity. *Journal of experimental botany*. 58: 1231-1244.
- Danu, S. 2018. Pengembangan Galur Padi Unggul MSP. Hasil Wawancara Pribadi: 27 Maret 2018. Lampung Tengah.
- Donggulo, V. D., Iskandar, M. L., dan Usman, M. 2017. Pertumbuhan dan Hasil Tanaman Padi (*Oryza sativa* L) Pada Berbagai Pola Jajar Legowo dan Jarak Tanam. *Jurnal Agroland*. 24 (1): 27-35.
- Dolinassou, S., Tchiagam, J.B.N. , Kemoral, A.D., and Yanou, N.N. 2016. Genotype $\times$ environment interaction and kernel yield stability of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) in Northern Cameroon. *J. Appl. Biol. Biotechnol*. 4(01): 1-7.
- Egesi, C.N., Ilona, P., Ogbe, F. O., Akoroda, M. and Dixon, A. 2007. Genetic Variation and Genotype $\times$ Environment Interaction for Yield and Other Agronomic Traits in Cassava in Nigeria. *Agronomy Journal*. 99: 1137-1142.
- Fatimah, Masumah, Prasetyono, J., dan Sustiprijatno. 2019. Evaluasi Kemudahan Transfer Marka SSR Padi Untuk Menganalisis Keragaman Genetik Famili Poaceae Toleran Kekeringan. *Jurnal Biologi Indonesia*. 15(1): 41-51.
- Fauza, H., Karmana, M.H., Rosti, N., dan Mariska, I. 2005. Pertumbuhan dan variabilitas fenotipik manggis hasil iradiasi sinar gamma. *J. Zuriat*. 16(2): 133-144.
- Fauziah, D. 2020. Keragaan Vegetatif dan Generatif Individu Mutan Padi (*Oryza sativa* L.) Generasi M2 Asal Galur MSP13 Yang Diradiasi Sinar Gamma 100 Gy. *Skripsi*. Fakultas Pertanian-Peternakan Universitas Muhammadiyah Malang.
- Gautam, A., Cethia, S. K., Sharma, V., Verma, R.K., Phukon, M., Kalita, M., Modi, M. K., and Ahmed, T. 2022. SSR marker-based DNA fingerprinting of Sub1 introgressed lines in the background of traditional rice varieties of Assam India. *Indian Journal of Biochemistry & Biophysics*. 59: 350-356.
- Government of Newfoundland & Labrador. *Chapter 8-Disease and Disorder : Landscape Safety Manual*.
- Hairmanis, A., H. Aswidinnoor, Trikoesoemaningtyas, dan Suwarno. 2005. Evaluasi daya pemulih kesuburan padi lokal dari kelompok tropical japonica. *Jurnal Agronomi Indonesia*. 33(3):1-6.

- Hanafiah, N. M., Cheng, A., Phaik-Eem, L., Sethuraman G., Mohd Zain, N. A., Baisakh, N., and Mispan, M. S. 2022. Novel PCR-Based Multiplex Assays for Detecting Major Quality and Biotic Stress in Commercial and Weedy Rice. *Life*. 12 (154): 1-15.
- Hatta, M. 2011. Pengaruh Tipe Jarak Tanam Terhadap Anakan, Komponen Hasil dan Hasil Dua Varietas Padi pada Metode SRI. *Jurnal Floratek*. 6 (1): 104-113.
- Hastini, T., Suwarno, H.B., Ghulamahdi, M., dan Aswidinnoor, H. 2020. Interaksi genotipe $\times$ musim karakter percabangan malai tiga genotipe padi sawah. *J. Agron. Indonesia*. 48:1-7.
- Hendarto, A. A., Widyawan, M.H., dan Basunanda, P. 2021. Identifikasi Karakter Penciri Agronomi untuk Pengelolaan Plasma Nutfah Padi (*Oryza sativa* L.) yang Efisien. *Jurnal Vegetalika*. 10 (3): 174–190.
- Herison, C., Rustikawati, Sujono, H.S., dan Syarifah. 2008. Induksi mutasi melalui iradiasi gamma terhadap benih untuk meningkatkan keragaman populasi dasar jagung (*Zea mays* L.). *Jurnal Akta Agrosia*. 11(1): 57-62.
- Hermanto, R., Syukur, M., dan Widodo. 2017. Pendugaan ragam genetik dan heritabilitas karakter hasil dan komponen hasil tomat (*Lycopersicum esculentum* Mill) di dua lokasi. *Jurnal Hortikultura Indonesia*. 8(1): 31–38.
- Jena, K.K., Suh, J.P., Lee, J.H., Yang, S.J., Pamplona, A., and Kim, Y.G. 2009. Development of brown planthopper (BPH) resistant breeding lines using marker-assisted selection in rice. *Crop Sci*. 48(4): 1266-1276.
- Kaiser, N., Douches, D., Dhingra, A., Glenn, K. C., Herzig, P. R., Stowe, E. C., and Swarup, S. 2020. The role of conventional plant breeding in ensuring safe levels of naturally occurring toxins in food crops. *Trends in Food Science & Technology*. 100: 51–66.
- Kempf, K., Mora-Ortiz, M., Lydia, M.J., Smith, Kölliker, R., and Leif Sköt. 2016. Characterization of novel SSR markers in diverse sainfoin (*Onobrychis viciifolia*) germplasm. *BMC Genetics*. 17:124.
- Kencana, H. A., Mustikarini, E.D., dan Lestari, D. 2022. Eksplorasi dan Karakterisasi Keragaman Plasma Nutfah Tanaman Padi (*Oryza sativa* L.) Di Pulau Belitung. *Jurnal AGRO*. 9(1): 48-63.
- Komnas Plasma Nutfah. 2003. *Panduan Sistem Karakterisasi dan Evaluasi Tanaman Padi*. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Sekretariat Komisi Nasional Plasma Nutfah. Bogor.

- Kristamtini, Sutarno, Endang, W.W., dan Widyayanti, S. 2016. Kemajuan Genetik dan Heritabilitas Karakter Agronomi Padi Beras Hitam pada Populasi F2. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*. 35 (2): 121-124.
- Kumar, R., Khatri, A., and Acharya, V. 2022. Deep learning uncovers distinct behavior of rice network to pathogens response. *Isience*. 25(7): 104546.
- Kurniawan, A dan Maulana, H. 2020. Identifikasi Stabilitas Hasil Genotipe Ubi Jalar (*Ipomoea batatas* L. (Lam)) Harapan Baru di Tiga Lingkungan. *J. Agron. Indonesia*. 48 (3): 235-248.
- Ladjao, H. E., Sjahril, R., dan Riadi, M. 2018. Keragaman Genetik 22 Aksesori Padi Lokal Toraja Utara Berbasis Marka *Simple Sequence Repeats* (SSR). *Jurnal Bioteknologi dan Biosains Indonesia*. 5 (2): 230-240.
- Leiwakabessy, C., Inayati, F., Jambormias, E., Patty, J., dan R. E. Ririhena. 2020. Ketahanan Enam Varietas Padi Terhadap Penyakit Blas (*Pyricularia oryzae* Cav) pada Lahan Sawah Irigasi dan Sawah Tadah Hujan. *Jurnal Budidaya Pertanian*. 16(2): 147-156.
- Lestari, A. P., Hermanasari, R., Yullianida., dan Hairmansis, A. 2020. Kajian Variabilitas Galur-Galur Padi Gogo Pada Lahan Kering Masam. *Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian Indonesia*. 22 (2): 114-118.
- Lucena-Aguilar, G., Sánchez-López, A. M., Barberán-Aceituno, C., Carrillo-Ávila, J. A., López-Guerrero, J. A., and Aguilar-Quesada, R. 2016. DNA Source Selection for Downstream Applications Based on DNA Quality Indicators Analysis. *Biopreservation and Biobanking*. 14(4), 264–270.
- Mardiyah, A., Wandira, A., dan Syahril, M. 2022. Variabilitas dan Heritabilitas Populasi Padi Gogo Kultivar Aarias Kuning Generasi Mutan-1 Hasil Irradiasi Sinar Gamma. *Jurnal Inovasi Penelitian*. 3 (2): 4827- 4838.
- McCouch, S.R., Teytelman, L., Xu, H., Katarzyna, B., Lobos, Clare, K., Walton, M., and Lincoln, S. 2002. Development and Mapping of 2240 New SSR Markers for Rice (*Oryza sativa* L.). *DNA Research*. (9): 199–207.
- Menteri Pertanian RI. 2013. Pelepasan Galur Padi Sawah BP10620F-BB4-15-BB8 Sebagai Varietas Unggul Dengan Nama Inpari 32 HDB. Kementrian Pertanian RI. Jakarta.
- Miligan, S.B.K.A., Grovis and Martine, F.A. 1996. Inheritance of sugarcane ratooning ability and the relationship of younger crop traits to older. *Crop Sci*.
- Moedjino, dan Mejaya, M.J. 1994. Variabilitas Genetik Beberapa Karakter Plasma Nutfah Jagung Koleksi Balittan Malang. *Jurnal Zuriat*. 5(2): 27-32.

- Mofokeng, M.A., Shimelis, H., Laing, M., and Shargie, N. 2019. Genetic variability, heritability and genetic gain for quantitative traits in South African sorghum genotypes. *Australian Journal of crop Science*. 13 (1):1-10.
- Mohammad-Razdari, A., Rousseau, D., Bakhshipour, A., Taylor, S., Poveda, J., and Kiani, H. 2022. Recent advances in E-monitoring of plant diseases. *Biosensors and Bioelectronics*. 201:113953.
- Munsaka, S., Kaimoyo, E., Arunachalam, K., Nguni, D., Chikoti, P., and Sharma, N. 2022. Characterization of Selected Zambian Rice (*Oryza sativa*) Accessions using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. *Indian Journal of Agricultural Research Of*.
- Mustikarini, E. D., Prayoga, G. I., Santi, R., dan Murti, H. 2022. Potensi hasil dan uji keseragaman famili F7 padi gogo tahan rebah hasil persilangan padi lokal Bangka x varietas unggul. *Jurnal Kultivasi*. 21 (1): 60-68.
- Mvuyekure, S. M., Sibiyi, J., Derera, J., Nzungize, J., and Nkima, G. 2017. Genetic analysis of mechanisms associated with inheritance of resistance to sheath rot of rice. *Plant Breeding*. 136 (4): 509–515.
- Natawijaya, A., Karuniawan, A., dan Bhakti, C. 2009. Eksplorasi dan Analisis kekerabatan *Amorphophallus Blume* Ex Decaisne di Sumatera Barat. *Jurnal Zuriat*. 20(2):111-120.
- Nugroho, K., Slamet, dan Lestari, P. 2017. Keragaman Genetik 24 Varietas Padi Sawah Dan Padi Gogo (*Oryza sativa* L.) Indonesia Berdasarkan Marka SSR. *Scripta Biologica*. 4 (1): 5–10.
- Nur, A., Trikoesoemaningtyas, Khumaida, N., dan Yahya, S. 2012. Evaluasi dan keragaman genetik 12 galur gandum introduksi di lingkungan tropika basah. *Jurnal Agrivigor*. 11(2): 230–243.
- Nihad, S. A. I., Hasan, M.K., Kabir, A., Hasan, Md. A., Bhuiyan, Md. R., Yusop, M.R., and Latif, M.A. 2022. Linkage of SSR Markers with Rice Blast Resistance and Development of Partial Resistant Advanced Lines of Rice (*Oryza sativa*) Through Marker-Assisted Selection. *Physiology and Molekuler Biology of Plane*. 28: 153-169.
- Pangaribuan, T. R., Syafi'i, M., E. Azizah, Susanto, U., Pramurdiyawardani, F., dan Prastika, D. 2022. Study of Genetic Variability 30 Rice Genotypes (*Oryza sativa* L.) Using Some SSR (*Simple Sequence Repeat*) Markers Adrift Zn. *Jurnal Pertanian Tropik*. 9(2): 129-137.
- Pardal, S.J., Rahayu, V R., Nugroho, K., dan Suhasono. 2020. Analisis Keragaman Genetik Galur Kedelai Transgenik Toleran Cekaman

Aluminium dan Varietas Nontransgenik Berdasarkan Marka Simple Sequence Repeat (SSR). *Jurnal Penelitian Tanaman Pangan*. 4 (3): 171-177.

Pathaichindachote, H., Panyawut, N., and Sikaewtung, K. 2019. Genetic Diversity and Allelic Frequency of Selected Thai and Exotic Rice Germplasm Using SSR Markers. *Rice Science*. 26 (6): 293-403.

Phuc, T. H., Giang, V.Q., Manh, V.N. dan Huynh, K.H. 2021. Genetic diversity of local rice varieties (*Oryza sativa* L.) in Vietnam's Mekong Delta based on SSR markers and morphological characteristics. *Indonesian Journal of Biotechnology*. 26 (2): 76-81.

Pour-aboughadareh, A., Yousefian, M., Moradkhani, H., Poczai, P., dan Siddique, K.H.M. 2019. STABILITYSOFT : A new online program to calculate parametric and non-parametric stability statistics for crop traits. *Appllications Plant Sci*. 7:1-6.

Prayoga, M., Rostini, N., Setiawati, M. R., Simarmata, T., Stoeber, S., dan Adinata, K. 2018. Preferensi petani terhadap keragaan padi (*Oryza sativa*) unggul untuk lahan sawah di wilayah. *Jurnal Kultivasi*. 17(1): 523–530.

Priyanto, S.B., Efendi, R., and Zainuddin, B. 2023. Genetic variability, heritability, and path analysis for agronomic characters in hybrid maize. *Jurnal Kultivasi*. 22 (1) : 26-35.

Psifidi, A., Dovas, C. I., Bramis, G., Lazou, T., Russel, C. L., Arsenos, G., and Banos, G. 2015. Comparison of Eleven Methods for Genomic DNA Extraction Suitable for Large-Scale Whole-Genome Genotyping and Long-Term DNA Banking Using Blood Samples. *PLOS ONE*. 10(1): 0115960.

Purwokurniawan, Purwoko, B.S., Wirnas, D., dan Dewi, I.S. 2014. Potensi dan stabilitas hasil, serta adaptabilitas galur-galur padi gogo tipe baru hasil kultur anthera. *J. Agron. Indonesia*. 42:9-16.

Putih, R., Anwar, A., dan Rahma, N.A. 2011. Variabilitas Genetik Karakter Umur, Hasil, dan Komponen Hasil Beberapa Genotipe Padi Lokal (*Oryza sativa* L) Sumatera Barat. Seminar Nasional : Reformasi Pertanian Terintegrasi Menuju Kedaulatan Pangan. Jakarta. Terjemahan Susilo BST. Hal 155 dan 269.

Rohaeni, W. R., Susanto, U., Yunani, N., Usyati, dan Satoto. 2016. Kekerabatan Beberapa Aksesori Padi Lokal Tahan Hama Penyakit Berdasarkan Analisis Polimorfisme Marka SSR. *Jurnal Agro Biogen*. 12(2): 81–90.

- R Studio. 2015. RStudio: Integrated Development for R. Thi H, Vu H, Thi H, Nguyen T, Khanh T, Huu T, Nakamura C, Khuat T, Chiharu. 2015. *Biotechnology and Biotechnological Equipment Genetic diversity of Vietnamese lowland rice germplasms as revealed by SSR markers in relation to seedling vigour under submergence*. Biotechnol Biotechnol Equip. 30.
- Sabouri, A., Alinezhad, F., dan Mousanejad, S. 2020. Association analysis using SSR markers and identification of resistant aerobic and Iranian rice cultivars to blast disease. *Eur J Plant Pathol*. 158: 561–570.
- Sadimantara, G.R., Widarsih, A., dan Muhidin. 2013. Seleksi beberapa progeni hasil persilangan padi gogo (*Oryza sativa* L) berdasarkan karakter pertumbuhan tanaman. *Jurnal Agroteknos*. 3(1): 48–52.
- Salgotra, R. K., and Chauhan, B. S. 2023. Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. *Genes*. 14(1): 174.
- Salimah, N. A., Kuswinanti, T., and Nasruddin, A. 2021. Eksplorasi dan Penentuan Ras Penyebab Penyakit Blas Padi di Kabupaten Maros. *Jurnal Fitopatologi*. 17(2): 41–48.
- Saputra, A. 2019. Efek Beberapa Dosis Radiasi Gamma Terhadap Keragaan Galur Padi Msp 13 Generasi M1. *Skripsi*. Fakultas Pertanian-Peternakan Universitas Muhammadiyah Malang.
- Saputra, J., Syahril, M., dan Murdhiani. 2021. Keragaan dan Keragaman Antar Populasi Padi Kultivar Silesio Generasi Mutan-1 Hasil Iradiasi Sinar Gammapada Fase Vegetatif. *Jurnal Agrosamudra*. 8 (1):34-40.
- Sembiring, J., Basuki, N., dan Soegiyanto, A. 2016. Pengaruh Iradiasi Sinar Gamma Terhadap Perubahan Fenotipik Tanaman Padi Gogo (*Oryza sativa* L.). *Jurnal Produksi Tanaman*. 4 (7): 585-594.
- Setiawan, K. 2020. *Teknik Persilangan, Analisis Data, dan Interpretasi Data Untuk Pemuliaan Tanaman Sawit Unggul*. Pustaka Media. Bandar Lampung. 180 hal.
- Shoidah, F dan Adnan. 2021. Pertumbuhan dan Produktivitas 5 Varietas Unggul Baru Padi di Lahan Bukaas Baru Kabupaten Boven Digoel. *Jurnal Penelitian Agronomi*. 23(1): 6-11.
- Shukla, S., Bhargava, A., Chatterjee, A., Srivatava, A., and Singh, S.P. 2006. Genotypic variability in vegetable amaranth (*Amaranthus tricolor* L.) for foliage yield and its contributing traits over successive cuttings and years. *Euphytica*. 151:103-110.

- Silva, R. N., Monteiro, V. N., Steindorff, A. S., Gomes, E. V., Noronha, E. F., & Ulhoa, C. J. 2019. Trichoderma/pathogen/plant interaction in pre-harvest food security. *Fungal Biology*. 123(8): 565–583.
- Singh, A. K., Singh, P. K., Arya, M., Singh, N. K., dan Singh, U. S. 2015. Molecular Screening of Blast Resistance Genes in Rice using SSR Markers. *The Plant Pathology Journal*. 31(1): 12–24.
- Sitairesmi, T., Wening, R. H., Rakhmi, A. T., Yunani, N., dan Susanto, U. 2013. Pemanfaatan Plasma Nutfah Padi Varietas Lokal dalam Perakitan Varietas Unggul. *Iptek Tanaman Pangan*. 8(1): 22–30.
- Sofiyan, A., Nandariyah, Djoar, D.H., dan Sutarno. 2019. Estimation Variability, Heritability and Genetic Advance of Mutant Black Rice (M6). *Journal of Sustainable Agriculture*. 34 (2): 170-178.
- Sopialena. 2015. Kajian Faktor Iklim Terhadap Dinamika Populasi *Pyricularia oryzae* Pada Beberapa Varietas Padi Sawah (*Oryza sativa*). *Agrifor : Jurnal Ilmu Pertanian Dan Kehutanan*. 14 (2): 245–260.
- Suganda, T., Yulia, E., Widiyanti F., dan Hersanti. 2016. Intensitas Penyakit Blas (*Pyricularia oryzae* Cav.) pada Padi Varietas Ciherang di Lokasi Endemik dan Pengaruhnya terhadap Kehilangan Hasil. *Jurnal Agrikultura*. 27 (3): 154-159.
- Suljovic, A., Cakic, S., Popovic, T., & Sandi, S. 2022. Detection of Plant Diseases Using Leaf Images and Machine Learning. 2022 21st International Symposium INFOTEH-JAHORINA (INFOTEH).
- Sun, LH, Wang, C.M., Su, C.C., Liu, Y.Q., Zhai, H.Q., and Wan, J.M. 2006. Mapping and marker-assisted selection of a brown planthopper resistance gene bph2 in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genetica Sinica*. 33(8): 717–723.
- Suryanugraha, H., Supriatna, A., dan Kristamtini. 2017. Keragaan Sepuluh Kultivar Padi Lokal (*Oryza sativa* L.) Daerah Istimewa Yogyakarta. *Jurnal Vegetalika*. 6(4): 55-70.
- Syuriani, E. E., Kartahadimaja, J., Sari, M. F., dan Hakim N. A. 2022. Heritabilitas Karakter Fenotipik dan Potensi Hasil Galur Padi Generasi F₅. *Jurnal Pertanian Agros*. 24 (1): 106 -114.
- Syukur, M., Sujiprihati, S. dan Yuniarti, R. 2015. *Teknik Pemuliaan Tanaman Edisi Revisi*. Jakarta : Penebar Swadaya, 2015. 348 hal.
- Taheri, S., Abdullah, T.L., Yusop, M.R., Hanafi, M.M., Sahebi, M., Azizi, P., and Shamshiri. R.R. 2018. Mining and development of novel SSR markers

using next generation sequencing (NGS) data in plants. *Molecules*. 23(2): 399.

- Tantasawat, P. A., Trongchuen, J., Prajongjai, T., Jenweerawat, S., and Chaowiset, H. 2011. SSR Analysis of Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) Genetic Relationship and Variety Identification in Thailand. *Australian Journal of Crop Science*. 5(3): 283.
- Utami, A.U., dan Ulfa, R. 2022. Efek Lama Pengeringan Terhadap Kadar Air Gabah Dan Mutu Beras Ketan. *Jurnal Teknologi Pangan dan Ilmu Pertanian (JIPANG)*. 4 (1): 31-36.
- Vaezi, B., Pour-Aboughadareh, A., Mehraban, A., HosseinPour, T., Mohammadi, R., Armion, M., and Dorri, M. 2017. The use of parametric and non-parametric measures for selecting stable and adapted barley lines. *Arch. Agron. Soil Sci*. 64:597-611.
- Vieira, M.L.C., Santini, L., Diniz, A.L., and de Freitas Munhoz, C. 2016. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics Molecular Biology*. 39(3): 312-328.
- Warman, B., Sobrizal, Suliansyah, I., Swastim, E., dan Syarif, A. 2016. Perbaikan Genetik Kultivar Padi Beras Hitam Lokal Sumatera Barat Melalui Mutasi Induksi. *Jurnal Ilmiah Aplikasi Isotop dan Radiasi*. 2 (11): 125-136.
- Widhiarto, S., Sunawan, dan Rosyidah, A. 2022. Pengaruh Interval Pemberian Air Terhadap Pertumbuhan dan Hasil Dua Varietas Padi Ketan (*Oryza sativa* L. Var. Glutinosa). *Jurnal Agronisma*. 10 (2): 1-11.
- Widyayanti, S., Basunanda, P., Mitrowihardjo, S., dan Kristamtini. 2017. Keragaman Genetik dan Heritabilitas Karakter Agronomi Galur F4 Padi Beras Hitam. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*. 1(3): 191-200.
- Younas, M. U., Wang, G., Du, H., Zhang, H., Ahmad, I., Rajput, N., Li, M., Feng, Z., Hu, K., Khan, N. U., Xie, H., Qasim, M., Chen, Z., and Zuo, S. 2023. Approaches to Reduce Rice Blast Disease Using Knowledge from Host Resistance and Pathogen Pathogenicity. *International Journal of Molecular Sciences*. 24(5): 4985.
- Zargar, S. M., Farhat, S., Mahajan, R., Bhakhri, A., dan Sharma, A. 2014. Unraveling the efficiency of RAPD and SSR markers in diversity analysis and population structure estimation in common bean. *Saudi J Biol Sci*. 23(1):139–149.
- Zhao, S., Guo, BST., Sheng, Q., and Shyr, H. 2014. *Advanced Heat Map and Clustering Analysis Using Heatmap3*. BioMed Res Int. 2014.