

## Review Pemanfaatan Marka Simple Sequence Repeat (SSR) dalam Kegiatan Analisis Keragaman Genetik Plasma Nutfah Padi Lokal di Indonesia

### *The Utilization of Simple Sequence Repeat (SSR) Markers in Genetic Diversity Analysis of Local Rice Germplasms in Indonesia: A Review*

Yusi Nurmalita Andarini<sup>1</sup>, Kristianto Nugroho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pusat Riset Tanaman Pangan, Organisasi Riset Pertanian dan Pangan, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Cibinong Science Center, Jl. Raya Jakarta-Bogor Km. 46, Cibinong, Bogor 16911

<sup>2</sup>Pusat Riset Hortikultura dan Perkebunan, Organisasi Riset Pertanian dan Pangan, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Cibinong Science Center, Jl. Raya Jakarta-Bogor Km. 46, Cibinong, Bogor 16911

Penulis untuk korespondensi E-mail: [yusi003@brin.go.id](mailto:yusi003@brin.go.id)

Diajukan: 12 Agustus 2022 /Diterima: 30 Januari 2023 /Dipublikasi: 27 Februari 2023

#### ABSTRACT

*Genetic diversity analysis of Indonesia's local rice germplasms can be conducted both morphologically, biochemically, and molecularly. Studies related to molecular markers are needed to support plant breeding programs, because the use of molecular markers is more effective and precise in analyzing plant genetic diversity. Microsatellite or Simple Sequence Repeat (SSR) is one of the molecular markers that is widely used in the study of rice genetic diversity. This marker is having the ability to detect genetic diversity based on differences in the level of DNA polymorphism. Identification of Indonesia's local rice accessions based on SSR markers is needed to analyze the relationship between accessions and to prevent duplication of existing germplasm collections so that the potential possessed by each accession can be utilized optimally in plant breeding programs. Several studies related to the use of SSR markers in analyzing the genetic diversity of local rice in Indonesia have been carried out. The results of those studies showed that the SSR marker is able to identify duplications in the local rice germplasm collections, and could distinguished the local rice accessions based on the character of the pigmentation, glutinous or non-glutinous, and also the origin of accessions.*

**Keywords:** *biotechnology; genetic diversity; germplasm; local rice; SSR*

#### INTISARI

Analisis keragaman genetik plasma nutfah padi lokal Indonesia dapat dilakukan baik secara morfologi, biokimia, maupun molekuler. Studi terkait penanda molekuler sangat diperlukan untuk mendukung program pemuliaan tanaman, karena penggunaan penanda molekuler bersifat lebih efektif dan presisi dalam menganalisis keragaman genetik tanaman. Salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan pada studi keragaman genetik tanaman padi yaitu penanda mikrosatelit atau *Simple Sequence Repeat* (SSR). Penanda SSR dapat mendeteksi keragaman genetik berdasarkan perbedaan tingkat polimorfisme DNA. Identifikasi aksesori plasma nutfah padi lokal Indonesia berbasis penanda SSR diperlukan untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar aksesori serta mencegah terjadinya duplikasi pada koleksi plasma nutfah yang ada sehingga potensi yang dimiliki oleh tiap aksesori dapat dimanfaatkan

secara optimal pada program pemuliaan tanaman. Beberapa studi terkait pemanfaatan penanda SSR dalam menganalisis keragaman genetik padi lokal di Indonesia telah banyak dilakukan. Hasil studi tersebut menunjukkan bahwa penanda SSR yang digunakan dapat mengidentifikasi adanya duplikasi pada koleksi plasma nutfah padi lokal yang digunakan, serta dapat mengelompokkan koleksi padi lokal berdasarkan karakter warna beras, ketan dan bukan ketan, serta daerah asal.

**Kata kunci:** bioteknologi; keragaman genetik; padi lokal; plasma nutfah; SSR

## PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara mega biodiversitas yang memiliki keragaman plasma nutfah padi yang tinggi (Sitaresmi *et al.*, 2013). Kondisi geografis Indonesia yang berupa negara kepulauan membuat setiap daerah di Indonesia memiliki beberapa plasma nutfah padi lokal yang khas, yang seringkali berbeda dengan yang ditemukan di daerah lain (Yulyatin *et al.*, 2017). Plasma nutfah padi lokal merupakan jenis padi yang telah dibudidayakan oleh petani di suatu daerah secara turun temurun dan telah beradaptasi pada agroekosistem yang spesifik (Sahardi dan Limbongan, 2013). Plasma nutfah padi lokal tersebut telah beradaptasi pada berbagai kondisi lahan dan iklim di Indonesia serta telah teruji ketahanannya pada berbagai kondisi lingkungan serta hama dan penyakit sehingga plasma nutfah tersebut sangat potensial untuk dikembangkan sebagai materi utama dalam kegiatan pemuliaan tanaman (Anhar *et al.*, 2016).

Saat ini jenis-jenis padi lokal di Indonesia mulai semakin berkurang populasi dan daerah penyebarannya. Hal ini disebabkan karena produksi padi lokal yang lebih rendah serta umur panennya yang lebih panjang dibandingkan varietas unggul baru

(Yulyatin *et al.*, 2017). Bila hal tersebut terus menerus berlangsung dapat menyebabkan terjadinya erosi genetik dan kepunahan plasma nutfah padi lokal Indonesia, padahal plasma nutfah padi lokal memiliki banyak keunggulan yang dapat dimanfaatkan sebagai sumber gen dalam perakitan varietas unggul baru.

Pada kegiatan pemuliaan tanaman, informasi mengenai keragaman genetik dari koleksi plasma nutfah yang dimiliki dapat dijadikan modal dasar bagi para pemulia dalam merakit varietas unggul baru (Kawengian *et al.*, 2016). Analisis keragaman genetik plasma nutfah padi lokal dapat dilakukan baik secara morfologi, biokimia, maupun molekuler (Dar *et al.*, 2019). Salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan pada studi keragaman genetik tanaman padi yaitu penanda mikrosatelit atau *Simple Sequence Repeat* (SSR). Penanda ini memiliki kelebihan bersifat kodominan, keberadaannya melimpah pada genom tanaman, dikembangkan berbasis teknik PCR, tingkat reproduibilitas tinggi, polimorfisme tinggi, serta mudah untuk dilakukan skoring (Salgotra *et al.*, 2015; Vieira *et al.*, 2016). Dibanding penanda molekuler kodominan lainnya seperti *Restriction Fragment Length Polymorphism*

(RFLP) dan *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), penanda SSR memiliki kelebihan lebih mudah diaplikasikan karena berbasis PCR, sementara RFLP berbasis pada teknik hibridisasi sehingga memerlukan tingkat keahlian yang lebih tinggi (Miah *et al.*, 2013). Selain itu penanda RFLP dan AFLP memerlukan DNA dengan kualitas yang tinggi sehingga memerlukan waktu dan tenaga yang lebih banyak dibanding penanda SSR. Baik penanda RFLP maupun AFLP memerlukan biaya yang lebih mahal karena penanda RFLP memerlukan enzim restriksi dan membran nilon untuk hibridisasi sementara penanda AFLP memerlukan adapter pada primer. Penanda RFLP juga menggunakan pelabelan berbahan radioaktif sehingga lebih berbahaya dibanding penanda SSR.

Penelitian mengenai pemanfaatan penanda SSR dalam menganalisis keragaman genetik pada padi lokal di Indonesia telah banyak dilakukan. Oleh karena itu, pada tulisan ini akan dibahas sejauh mana pemanfaatan marka tersebut pada beberapa penelitian sepuluh tahun terakhir dan bagaimana prospek pemanfaatan ke depannya khususnya dalam membantu akselerasi kegiatan pemuliaan tanaman padi di Indonesia.

### **Penanda SSR pada Tanaman Padi**

Genom tanaman terdiri atas susunan nukleotida yang berupa sekuens DNA tunggal, baik berupa sekuens pengkode gen fungsional maupun sekuens yang tidak

mengkode gen fungsional serta sekuens DNA berulang yang meliputi sekuens berulang tandem, sekuens berulang terkait struktur kromosom, dan sekuens berulang yang dapat berpindah (transposon) (Sobir dan Syukur 2015). Di antara sekuens DNA berulang, terdapat sekuens berulang tandem dengan pengulangan 1-6 pasang basa yang diapit oleh daerah yang bukan berupa sekuens berulang (*flanking regions*) dan tersebar di genom tanaman dan organisme eukariotik lainnya yang dikenal sebagai mikrosatelit atau *Simple Sequence Repeat*, yang saat ini menjadi salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan dalam kegiatan analisis keragaman genetik tanaman (Vieira *et al.*, 2016; Taheri *et al.*, 2018).

SSR atau mikrosatelit dapat diklasifikasikan berdasarkan jumlah basa per unit ulangan, motif ulangan basa, dan lokasi tempat ditemukan pada genom tanaman (Kalia *et al.*, 2011; Al-Samarai & Al-Kazaz, 2015; Joshi *et al.*, 2017). Berdasarkan jumlah basa per unit ulangan, SSR dapat dikelompokkan menjadi mononukleotida [(A)*n*], dinukleotida [(AG)*n*], trinukleotida [(CAA)*n*], tetranukleotida [(TGAA)*n*], pentanukleotida [(ATGAA)*n*], hingga heksanukleotida [(CATGGG)*n*] (Kalia *et al.* 2011). Motif SSR dinukleotida (AC)*n* dan (GA)*n* serta trinukleotida (AAG)*n* dan (AAT)*n* merupakan motif yang paling banyak ditemukan pada genom tanaman (Sobir & Syukur 2015). Berdasarkan motif ulangan basa, SSR dapat dibedakan menjadi motif ulangan sempurna (*perfect SSR*) di mana

pengulangan basa terjadi tanpa ada jeda atau pemisahan oleh basa lain seperti (AC)<sub>6</sub> atau (AAG)<sub>5</sub>; motif ulangan tidak sempurna (*imperfect SSR*) di mana pengulangan basa terjadi dengan adanya pemisahan oleh basa lain seperti (AT)<sub>5</sub>GC(AT)<sub>8</sub>; dan motif ulangan campuran (*composite SSR*) di mana pengulangan basa melibatkan adanya adanya campuran dari dua atau lebih motif ulangan seperti (CA)<sub>5</sub>(GC)<sub>7</sub> (Joshi *et al.*, 2017). Sementara itu berdasarkan lokasi tempat ditemukan pada genom tanaman, SSR dapat dibedakan menjadi SSR nukleus (*nuclear SSR*) yang ditemukan pada genom inti/nukleus baik yang ditemukan pada daerah pengkode (*coding region*) yang dikenal sebagai *Expressed Sequence Tagged* (EST) maupun pada daerah bukan pengkode (*noncoding region*), SSR mitokondria (*mitochondrial SSR*) yang ditemukan pada genom mitokondria, dan SSR kloroplas (*chloroplast SSR*) yang ditemukan pada genom kloroplas (Al-Samarai & Al-Kazaz, 2015).

Perkembangan teknologi sekuensing telah memungkinkan dilakukannya perunut basa pada genom total (*whole genome sequencing*) tanaman padi untuk merakit draf genom rujukan. Hasil perakitan draf genom padi yang dilakukan oleh Yu *et al.* (2002) menggunakan padi tipe indika kultivar 93-11 dapat mengestimasi ukuran genom total sebesar 466 *mega base pair*/juta pasang basa (Mb). Analisis kandungan SSR pada genom padi kultivar 93-11 menunjukkan kandungan sebesar 1,7% dari total seluruh genom. Dari hasil analisis

tersebut dapat diestimasi bahwa kandungan SSR pada genom padi kultivar 93-11 mencapai 7,92 Mb. Sebagian besar SSR yang diidentifikasi pada penelitian Yu *et al.* (2002) memiliki motif ulangan (A)<sub>n</sub> dan (T)<sub>n</sub> dengan n sebanyak 6 hingga 11 ulangan. Sementara itu, hasil pemetaan yang dilakukan International Rice Genome Sequencing Project (2005) pada genom padi tipe japonika kultivar Nipponbare, yang mencakup 95% dari total 389 Mb genom padi, berhasil mengidentifikasi sebanyak 18 828 SSR kelas I yang mencakup motif di-, tri-, dan tetranukleotida. Menurut McCouch *et al.* (2001), SSR kelas I merupakan SSR sempurna (*perfect SSR*) dengan panjang lebih dari 20 nukleotida, yang bersifat hipervariabel, sementara itu SSR kelas II memiliki panjang nukleotida ≥12 basa namun kurang dari 20 basa, dan SSR kelas III memiliki panjang nukleotida ≥6 basa namun kurang dari 12 basa. Pada penelitian tersebut, International Rice Genome Sequencing Project (2005) berhasil mengidentifikasi sebanyak 51 SSR kelas I per Mb dengan kepadatan paling tinggi ditemukan pada kromosom 3 (55,8 SSR per Mb) dan kepadatan paling rendah pada kromosom 4 (41 SSR per Mb). Sementara itu menurut McCouch *et al.* (2001), diperkirakan terdapat 28 340 SSR kelas I dan 70 530 SSR kelas II pada tanaman padi, atau sekitar 100 000 motif SSR baik berupa motif di-, tri-, dan tetranukleotida pada genom padi. SSR dengan motif ulangan (AT)<sub>n</sub> merupakan motif yang paling banyak ditemukan pada padi. Daerah pada genom padi dengan banyak

gen-gen yang terekspresi umumnya merupakan daerah yang kaya akan SSR, sehingga dapat dimanfaatkan dalam pembuatan marka genetik (McCouch *et al.*, 2001).

Selain diaplikasikan dalam kegiatan analisis keragaman genetik pada tanaman padi, penanda SSR juga banyak dimanfaatkan dalam kegiatan analisis sidik jari DNA seperti ditunjukkan pada penelitian Henga *et al.* (2018) yang menganalisis sidik jari DNA padi asal Kenya dan El-Refae *et al.* (2021) yang menganalisis sidik jari DNA padi asal Mesir. Marka SSR pada padi juga banyak dimanfaatkan dalam analisis *Quantitative Trait Loci* (QTL) antara lain untuk karakter toleransi aluminium seperti dilaporkan oleh Anggraheni *et al.* (2017) dan toleransi terhadap salinitas seperti pada penelitian Chen *et al.* (2020). Selain itu penanda SSR juga dapat dimanfaatkan pada kegiatan seleksi berbantu marka (*Marker Assisted Selection*) antara lain untuk ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri seperti ditunjukkan pada penelitian Chukwu *et al.* (2019) dan ketahanan terhadap penyakit blas seperti pada penelitian Ashkani *et al.* (2012).

#### **Pemanfaatan Penanda SSR dalam Kegiatan Analisis Keragaman Genetik Plasma Nutfah Padi Lokal di Indonesia dan Prospek ke depannya**

Beberapa hasil penelitian mengenai pemanfaatan penanda SSR dalam kegiatan analisis keragaman genetik padi lokal di Indonesia selama sepuluh tahun terakhir disajikan pada Tabel 1. Pada penelitian-

penelitian tersebut, plasma nutfah padi lokal yang digunakan berasal dari latar belakang genetik dan daerah asal yang berbeda-beda. Terdapat beberapa aksesori padi lokal yang menunjukkan kesamaan nama meskipun berasal dari daerah yang berbeda. Hal inilah yang menjadi salah satu tantangan dalam kegiatan karakterisasi plasma nutfah padi lokal, yaitu apakah aksesori padi lokal dengan nama yang sama namun berasal dari daerah yang berbeda, secara genetik juga berbeda. Terlebih bila antara kedua aksesori tersebut tidak memiliki perbedaan fenotipik yang dapat diamati dengan jelas.

Penanda SSR dapat mengatasi permasalahan tersebut seperti yang ditunjukkan pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014) dan Sutoro *et al.* (2015). Pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014), keempat penanda SSR yang digunakan dapat membedakan aksesori padi beras hitam dengan daerah asal yang berbeda. Pada penelitian tersebut aksesori padi hitam dengan nama yang sama dapat dibedakan satu sama lain secara genetik, seperti pada aksesori Padi Hitam Magelang (berbulu) dengan Padi Hitam Magelang (tidak berbulu) yang ternyata hanya menunjukkan kemiripan genetik sebesar 37,5% berdasarkan jarak genetik Nei dan Li.

Selain itu keempat penanda SSR yang digunakan pada penelitian tersebut juga dapat memisahkan antara kelompok padi beras hitam dan putih (Situ Bagendit dan Inpari 6) pada klaster yang terpisah. Hasil serupa juga ditunjukkan pada penelitian Andarini *et al.* (2022) yang menggunakan 24

penanda SSR pada 15 aksesori padi warna lokal asal Indonesia Timur yaitu NTT dan Sulawesi. Hasil analisis kluster pada penelitian tersebut menunjukkan pengelompokan berdasarkan warna beras, yaitu kelompok pertama terdiri atas sembilan aksesori beras merah, kelompok kedua terdiri atas dua aksesori beras hitam, dan kelompok ketiga terdiri atas dua aksesori beras merah dan dua aksesori beras ungu.

Sementara itu, pada penelitian Sutoro *et al.* (2015), sebanyak 16 penanda SSR yang digunakan dapat membedakan aksesori dengan nama yang sama seperti Marus A dan Marus B, Pudat A dan Pudat B, serta Pare Sampai, Pare Petay, dan Pare Bentik. Selain itu keenam belas penanda SSR yang digunakan juga dapat mengelompokkan sebanyak 21 dari total 28 aksesori aksesori padi ketan (*glutinous rice*) dalam klaster yang sama.

Selain dapat membedakan aksesori padi dengan nama yang sama, penanda SSR juga dapat mengelompokkan aksesori-aksesori padi lokal berdasarkan daerah asal seperti yang ditunjukkan pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014) dan Nugroho *et al.* (2018). Pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014), penanda SSR yang digunakan dapat mengelompokkan aksesori-aksesori padi dari daerah yang berdekatan seperti antara aksesori asal Magelang dan Yogyakarta. Sementara itu pada penelitian Nugroho *et al.* (2018), penanda SSR yang digunakan dapat memisahkan aksesori padi lokal asal NTB dengan Yogyakarta pada klaster yang terpisah. Namun demikian hasil serupa tidak

diperoleh pada penelitian Sutoro *et al.* (2015), Rohaeni *et al.* (2016), dan Ladjao *et al.* (2018) di mana penanda SSR yang digunakan tidak mengelompokkan aksesori-aksesori padi lokal yang digunakan berdasarkan daerah asal.

Pada penelitian Sutoro *et al.* (2015) pengelompokkan aksesori padi lebih berdasarkan karakter apakah padi tersebut tergolong padi ketan atau bukan. Sementara itu pada penelitian Rohaeni *et al.* (2016) pengelompokkan aksesori padi lebih berdasarkan karakter ketahanan penyakit sedangkan pada penelitian Ladjao *et al.* (2018) pengelompokkan aksesori padi lebih berdasarkan karakter ada tidaknya rambut pada ujung gabah yang menjadi pembeda antara padi subspecies *indica* dan *javanica*. Pada penelitian Nugroho *et al.* (2017) penanda SSR yang digunakan dapat memisahkan antara aksesori padi gogo dengan padi sawah sementara pada penelitian Terryana *et al.* (2018) penanda SSR yang digunakan dapat memisahkan antara aksesori padi lokal dengan varietas unggul baru.

Adanya perbedaan pengelompokkan aksesori-aksesori padi lokal yang digunakan pada penelitian tersebut tidak terlepas dari desain penanda SSR yang digunakan. Beberapa penanda SSR didesain pada kromosom tertentu dan memiliki keterpautan terhadap karakter penting tertentu. Penanda molekuler yang terpaut dengan lokus-lokus yang mengatur karakter kuantitatif (QTL) tertentu khususnya karakter yang memiliki nilai ekonomi tinggi dapat bermanfaat dalam

membantu program seleksi dalam pemuliaan tanaman (Hanifa *et al.*, 2021).

Selain bermanfaat dalam membedakan aksesori-aksesori padi dengan nama yang sama serta mengelompokkan aksesori padi lokal berdasarkan karakter tertentu, penanda SSR juga dapat digunakan dalam melihat hubungan kekerabatan antar aksesori yang dicerminkan dari nilai matriks kemiripan genetik (*similarity matrix*). Dari data nilai matriks kemiripan genetik, dapat diestimasi nilai jarak genetik menggunakan rumus:  $1 - \text{nilai matriks kemiripan genetik}$ . Menurut Rohaeni *et al.* (2016), aksesori-aksesori dengan jarak genetik tinggi ( $>0,7$ ) direkomendasikan sebagai tetua persilangan karena akan menghasilkan nilai heterosis yang lebih tinggi dibandingkan dengan hasil persilangan dua tetua dengan jarak genetik dekat ( $<0,7$ ). Heterosis merupakan fenomena yang menunjukkan keunggulan hibrida (F1) hasil persilangan yang melebihi kedua tetuanya (Aryana *et al.*, 2017). Oleh karena itu penanda SSR juga memiliki manfaat lebih dari sekedar melihat hubungan kekerabatan antar aksesori namun juga dapat dimanfaatkan dalam memilih tetua persilangan yang akan digunakan.

Perbedaan jumlah penanda SSR yang digunakan antara penelitian yang satu dengan yang lain juga berpengaruh terhadap perbedaan jumlah alel per lokus yang berhasil dideteksi dan tingkat informativitas penanda yang ditunjukkan oleh nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) (Tabel 1). Pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014), keempat penanda SSR yang

digunakan dapat mendeteksi alel dengan rata-rata 6,5 alel per lokus (Tabel 1). Jumlah ini lebih banyak dibanding rata-rata jumlah alel per lokus yang berhasil dideteksi pada penelitian lainnya meskipun menggunakan penanda SSR dalam jumlah yang lebih banyak. Menurut Tasma & Arumsari (2013), selain dipengaruhi oleh jumlah penanda SSR yang digunakan, perbedaan jumlah alel per lokus yang berhasil dideteksi antara penelitian yang satu dengan yang lain juga dipengaruhi oleh jumlah dan latar belakang aksesori yang dianalisis serta karakteristik dari penanda SSR yang digunakan.

Sementara itu, tingkat informativitas penanda SSR yang ditunjukkan oleh nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) pada penelitian tersebut bervariasi dengan rata-rata nilai PIC tertinggi ditunjukkan pada penelitian Kristamtini *et al.* (2014) dengan rata-rata sebesar 0,70 (Tabel 1). Botstein *et al.* (1980) mengklasifikasikan penanda berdasarkan nilai PIC menjadi tiga kategori, yaitu kategori tingkat informativitas tinggi bila penanda tersebut memiliki nilai PIC  $>0,5$ , tingkat informativitas sedang bila penanda tersebut memiliki nilai  $0,25 < \text{PIC} \leq 0,5$ , dan tingkat informativitas rendah bila penanda tersebut memiliki nilai PIC  $\leq 0,25$ . Penanda yang memiliki tingkat informativitas tinggi akan bermanfaat sebagai alat bantu seleksi dalam kegiatan persilangan sehingga kegiatan seleksi dapat dilakukan secara akurat.

Menariknya, pada beberapa penelitian keragaman genetik padi lokal yang ditampilkan pada Tabel 1 terlihat adanya

beberapa penanda SSR yang sama namun menghasilkan nilai PIC yang berbeda saat digunakan untuk menganalisis akses-aksesi padi lokal yang berbeda. Contohnya pada penanda RM541 yang pada penelitian Sutoro *et al.* (2015) menunjukkan nilai PIC sebesar 0,38 (tergolong informativitas sedang) namun pada penelitian Nugroho *et al.* (2018) dan Terryana *et al.* (2018) menghasilkan nilai PIC masing-masing sebesar 0,65 dan 0,79 sehingga penanda tersebut tergolong informativitas tinggi (Tabel 1). Contoh lainnya ditemukan pada penanda CBG yang pada penelitian Rohaeni *et al.* (2016) memiliki nilai PIC tergolong informativitas sedang namun pada penelitian Ladjao *et al.* (2018) menghasilkan nilai PIC sebesar 0,69 dan tergolong informativitas tinggi (Tabel 1). Hal serupa terlihat pada penanda RM105 yang pada penelitian Sutoro *et al.* (2015), Nugroho *et al.* (2017), Ladjao *et al.* (2018), dan Nugroho *et al.* (2018) menunjukkan nilai informativitas sedang namun pada penelitian Terryana *et al.* (2018) menghasilkan nilai PIC tinggi sebesar 0,54 (Tabel 1).

Wei *et al.* (2014) mendeskripsikan nilai PIC sebagai suatu nilai yang menunjukkan kemampuan suatu penanda untuk mendeteksi polimorfisme pada suatu populasi yang bergantung pada jumlah alel yang berhasil dideteksi dan distribusi frekuensi dari alel tersebut. Dengan demikian, penanda SSR sama yang digunakan untuk menganalisis dua populasi padi lokal yang berasal dari daerah berbeda dengan latar belakang genetik yang berbeda

tentu akan menghasilkan nilai PIC yang berbeda tingkat informativitasnya. Oleh karena itu diperlukan adanya kehati-hatian dalam menentukan apakah suatu penanda SSR tergolong memiliki tingkat informativitas tinggi atau tidak. Selain itu penanda SSR yang digunakan untuk kegiatan seleksi progeni pada generasi-generasi selanjutnya sebaiknya merupakan penanda SSR yang sama yang digunakan untuk menyeleksi calon tetua persilangan pada awal kegiatan penelitian sehingga tidak terdapat perbedaan tingkat informativitas (PIC).

Seiring dengan kemajuan teknologi di bidang molekuler, khususnya dalam hal sekuensing, saat ini telah berkembang teknologi baru dalam menganalisis keragaman genetik koleksi plasma nutfah padi lokal yaitu melalui pemanfaatan teknologi *Genotyping By Sequencing* (GBS). GBS merupakan suatu rangkaian kegiatan analisis genetik yang mencakup pencarian marka molekuler khususnya berupa *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP) dan kegiatan *genotyping* pada suatu populasi besar, baik berupa populasi bersegregasi maupun mutan, dengan manfaat untuk menganalisis keragamannya, memetakan karakter-karakter penting tertentu (QTL), menganalisis asosiasi antara data fenotipe dan genotipe (*Genome Wide Association Studies/GWAS*), dan seleksi genomik (*genomic selection*) (Deschamps *et al.*, 2012; Chung *et al.*, 2017). SNP merupakan salah satu penanda molekuler yang terjadi akibat adanya mutasi titik pada genom suatu organisme, yang saat ini



banyak diaplikasikan karena memiliki tingkat polimorfisme tinggi, *high throughput*, kodominan, serta tingkat akurasi yang lebih tinggi dibanding penanda SSR (Mammadov *et al.*, 2012).

Beberapa platform GBS saat ini telah banyak dikembangkan oleh perusahaan antara lain *Taqman*, *SNPlex*, *BioMark HD*, *KASPar*, *Axiom*, *Biobank*, *Infinium II*, *GoldenGate*, *iPlex*, dan sebagainya. (Chung *et al.*, 2017). Pada teknik GBS, sistem deteksi SNP bersifat otomatis sehingga bersifat lebih cepat dan akurat dibanding penanda SSR serta biaya per unit data marka yang harus dikeluarkan lebih kompetitif dibanding biaya per unit data marka untuk analisis SSR (Prasetyono *et al.*, 2018). Dengan biaya analisis yang semakin murah dan data yang dihasilkan bersifat lebih informatif, ke depannya teknologi GBS akan menjadi teknologi yang mampu menggeser popularitas penanda SSR. Namun demikian, hingga saat ini di Indonesia, penanda SSR masih menjadi alternatif utama dalam kegiatan analisis keragaman genetik tanaman, khususnya bila dana penelitian yang dimiliki bersifat terbatas.

Tabel 1. Daftar penanda SSR yang digunakan pada beberapa penelitian keragaman genetik padi lokal di Indonesia

No.	Jumlah aksesi padi lokal	Nama Aksesi padi lokal	Asal aksesi padi lokal	Penanda SSR yang digunakan	Jumlah alel per lokus yang terdeteksi	Nilai <i>Polymorphic Information Content</i> (PIC)	Referensi
1.	11	Melik, Jlitheng, Cempo Ireng, Padi Ireng, Padi Hitam Nusa Tenggara Timur, Padi Hitam Bantul, Padi Hitam Magelang (berbulu), Padi Hitam Magelang (tidak berbulu), Padi Hitam Sragen, Padi Hitam Wonsobo, Padi Hitam Banjarnegara	Yogyakarta, Nusa Tenggara Timur, Jawa Tengah	RM180 RM220 RM224 RM252 <b>Rata-rata</b>	4 8 5 9 <b>6,5</b>	0,33 0,84 0,79 0,82 <b>0,70</b>	Kristantini <i>et al.</i> (2014)
2.	82	Ketan Gajih, Segon Darat, Ketan Hitam, Padi Ner, Mesir, Ketan Beureum, Pare Odeng, Pare Sampai, Pare Petey, Bulu Roma, Markoti, Mantare, Ketan Hitam, Leri, Koproj, Tjere Beton, Sempor, Gempol, Bengawan, Pare Merah, Segon, Gombal, Sirung Amis, Badigul, Cingir Putri, Cikapundung, Pare Koneng, Pare Bentik, Buntut Kuda, Ketan Kasumba, Ketan Hideung, Ketan Super, Ketan Lason, Ketan Hideung, Cokrom, Ketan Nangka, Ketan Kesumba, Segon, Ketan Langgarsari, Ketan Bayong, Ketan Boyong, Ketan Hitam, Ketan Garut, Ketan Wadas, Ketan Gudel, Papah Aren, Brontok. Gondil, Genjah Mayangan, Molog, Ketan Lumbu, Lok.B.(Bj.panjang), TL Pesantun, Pudat A, Pudat B, Melati, Marus A, Marus B, Segreng, Slegreng, Padi Umbul-Umbul, Dodokan Abang, Ketan Salome Wonogiri, Ketan Putih Bantul, Ketan Salome Bantul, Ketan Serang. Pandanwangi, Mentik Pati, Indramaju B, Jenar, Perak, Poloman A, Tjempo Brondol, Ridjal, Ketan Cikut, Ketan Lanbok, Makmur, Gedangan, Gedangan Lulut, Ketan Hitam Sumenep, Ketan Putih Sumenep, Ketan Putih Bangkalan,	Jawa Barat, Banten, Jawa Tengah, Jawa Timur	RM105 RM11 RM124 RM144 RM413 RM223 RM19 RM215 RM259 RM287 RM431 RM474 RM5 RM514 RM536 RM541 <b>Rata-rata</b>	3 3 5 6 5 7 4 6 5 2 6 5 4 6 4 3 <b>4,62</b>	0,28 0,08 0,37 0,52 0,65 0,64 0,43 0,68 0,58 0,37 0,51 0,67 0,66 0,62 0,40 0,38 <b>0,49</b>	Sutoro <i>et al.</i> (2015)
3.	15			RM259	3	0,5679	

		Bandang Si Gadis, Siawak, Takong, Beronaja, Jawa Wangi Sleman, Gadis Langsung, Kebo, Marahmay, Ampek Panjang, Ase Bukne, Ase Balucung, Pare Lottong, Pare Pulu, Jadul, Kapas	Sumatera Utara, Sumatera Barat, Bengkulu, Kalimantan Timur, Kalimantan Tengah, Jawa Barat, Banten, Yogyakarta, Sulawesi Tengah, Sulawesi Selatan	RM1287 RM315 RM443 RM250 RM282 RM6308 RM261 RM241 RM8213 RM510 RM190 RM248 RM3701 RM5953 AMs CBG GPA <b>Rata-rata</b>	3 5 2 6 3 4 3 3 8 6 5 5 6 2 2 5 <b>4,06</b>	0,4992 0,5860 0,2583 0,6736 0,5069 0,6239 0,4864 0,4185 0,8404 0,7137 0,6717 0,7386 0,7332 0,3648 0,3457 0,3180 0,7168 <b>0,5591</b>	Rohaeni <i>et al.</i> (2016)
4.	12	Panada, Ketan Huma, Ketan Hitam, P. Nyuhu, Genjah Mayangan, Sipelang, Way Rarem, Kemala Water, Gadabung, Surau Parigi, Pae Daye Indolobye, Sedang Menawan	Aceh, Sumatera Selatan, Lampung, Jawa Barat, Yogyakarta, NTT, Sulawesi Selatan, Sulawesi Utara, Sulawesi Tenggara, Kalimantan Tengah	RM5742 RM6997 RM201 RM263 RM324 RM416 RM518 RM60 RM105 RM124 RM223 RM215 RM259 RM431 RM536 <b>Rata-rata</b>	6 5 8 10 7 4 7 2 3 6 8 7 4 3 6 <b>5,73</b>	0,74 0,76 0,62 0,71 0,66 0,49 0,78 0,40 0,38 0,76 0,75 0,62 0,71 0,61 0,78 <b>0,65</b>	Nugroho <i>et al.</i> (2017)
5.	20	Pare Loto-loto, Pare Lotong Tanduk, Pare Pulu Lotong, Pare Pulu Mandoti, Pare Cina, Pare Tallang, Pare Lea, Pare Seko, Pare Mansur Buri,	Toraja, Sulawesi Selatan	RM259 RM154 RM452	5 3 3	0,71 0,58 0,48	Ladjao <i>et al.</i> (2018)

		Pare Pulu Kombong, Pare Pulu Seba, Pare Ko'Bo,		RM338	3	0,46	
				RM489	2	0,46	
		Pare Birri, Pare Ambo, Pare Pulu Lallobo, Pare Mansur Putih, Pare Birrang, Pare Mandi, Pare Barri Rarang, Pare Jawa, Pare Pulu Kalloko, Pare Barri Busa		RM241	2	0,40	
				RM252	4	0,63	
				RM307	3	0,31	
				RM161	3	0,63	
				RM334	6	0,82	
				RM507	3	0,60	
				RM190	3	0,49	
				RM133	2	0,30	
				RM180	2	0,59	
				RM125	5	0,72	
				RM455	2	0,24	
				RM433	2	0,30	
				RM447	3	0,52	
				RM316	2	0,48	
				RM105	4	0,47	
				CBG	5	0,69	
				RM484	2	0,35	
				RM224	4	0,71	
				RM3701	2	0,50	
				RM552	6	0,77	
				RM277	4	0,50	
				<b>Rata-rata</b>	<b>3,00</b>	<b>0,53</b>	
6.	15	Padi Nanas, Padi Jarak, Padi Putek, Reket Bideng, Sembada Merah, Sembada Hitam, Mentik Susu, Lestari, Menur, Ho-ing Batang Biru, Pandanwangi, Merapi, Kenanga, Rening	Nusa Tenggara Barat dan Yogyakarta	RM60	2	0,81	Nugroho <i>et al.</i> (2018)
				RM105	5	0,33	
				RM124	5	0,65	
				RM144	8	0,81	
				RM223	5	0,57	
				RM248	4	0,85	
				RM259	4	0,47	
				RM474	9	0,64	
				RM518	3	0,71	
				RM541	7	0,65	
				<b>Rata-rata</b>	<b>5,2</b>	<b>0,65</b>	
7.	16	Siam Saba, Garagai, Kumpang Amas, Sentang, Umbang Nilun, Siam Mutiara, Sahui, Siam Gaul,	Kalimantan	RM144	7	0,80	Terryana <i>et al.</i> (2018)
				RM60	5	0,66	

		Pdak, Beras Merah, Beras Bangkal, Semendang, Nyai, Tampul Serabang, Siam Epang, Behas Bahandang		RM223	5	0,71	
				RM541	8	0,79	
				RM518	5	0,66	
				RM474	9	0,86	
				RM259	7	0,80	
				RM248	3	0,36	
				RM124	10	0,86	
				RM105	4	0,54	
				<b>Rata-rata</b>	<b>6,00</b>	<b>0,70</b>	
8.	15	Pulu Palapa, Ritgen, Iden, Padi Ketan Hitam, Ketan Hitam, Pare Tumbu Padang, Pare Bae Merah, Woja Rakot, Lea, Kartuna, Laka, Kosu Mite, Woja Laka Rakot, Ba'da	Sulawesi dan Nusa Tenggara Timur	RM161	6	0,74	Andarini <i>et al.</i> (2022)
				RM166	3	0,31	
				RM180	5	0,61	
				RM223	7	0,80	
				RM252	9	0,77	
				RM261	3	0,50	
				RM277	4	0,61	
				RM282	5	0,62	
				RM413	5	0,68	
				RM541	8	0,80	
				RM3463	3	0,37	
				RM3571	4	0,55	
				RM5756	3	0,51	
				RM5	5	0,70	
				RM11	6	0,72	
				RM19	3	0,41	
				RM105	5	0,65	
				RM144	4	0,62	
				RM154	5	0,69	
				RM215	3	0,54	
				RM259	6	0,70	
				RM287	6	0,71	
				RM474	5	0,69	
				RM514	4	0,48	
				<b>Rata-rata</b>	<b>4,88</b>	<b>0,62</b>	

## KESIMPULAN

Informasi terkait keragaman genetik plasma nutfah padi lokal Indonesia menggunakan penanda SSR dapat bermanfaat dalam mendukung program pemuliaan tanaman padi ke depannya. Identifikasi aksesori plasma nutfah padi lokal Indonesia berbasis penanda SSR diperlukan untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar aksesori serta mencegah terjadinya duplikasi pada koleksi plasma nutfah yang ada sehingga potensi yang dimiliki oleh setiap aksesori dapat dimanfaatkan secara optimal pada program pemuliaan tanaman. Beberapa studi terkait pemanfaatan penanda SSR dalam menganalisis keragaman genetik padi lokal di Indonesia telah banyak dilakukan. Hasil studi tersebut menunjukkan bahwa penanda SSR yang digunakan dapat mengidentifikasi adanya duplikasi pada koleksi plasma nutfah padi lokal yang digunakan, serta dapat mengelompokkan koleksi padi lokal berdasarkan karakter warna beras, ketan dan bukan ketan, serta daerah asal.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada *reviewer* dan mitra bestari yang telah menelaah naskah ini serta memberikan saran dan masukan yang sangat berharga.

## DAFTAR PUSTAKA

- Al-Samarai, F.R. and A.A. Al-Kazaz. 2015. Molecular markers: An introduction and applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*. 9(3): 118-130.
- Andarini, Y.N., W.B. Suwarno, H. Aswidinnoor and H. Kurniawan. 2022. Genetic relationship of pigmented rice (*Oryza sativa* L.) collected from Eastern Indonesia based on morpho-agronomical traits and SSR markers. In *AIP Conference Proceedings*. 2462 (1): 020023.
- Anggraheni, Y.G.D. dan E.S. Mulyaningsih. 2017. Eksplorasi marka SSR terpaut sifat toleransi padi gogo terhadap aluminium. *Jurnal Biologi Indonesia*. 13(1): 97-106.
- Anhar, R., E. Hayati dan Efendi. 2016. Pengaruh dosis pupuk urea terhadap pertumbuhan dan produksi plasma nutfah padi lokal asal Aceh. *Jurnal Kawista*. 1(1): 30-36.
- Aryana, I.G.P.M., A.A.K. Sudarmawan dan B.B. Santoso. 2017. Keragaan F1 dan heterosis karakter agronomis pada beberapa persilangan padi beras merah. *Jurnal Agronomi Indonesia*. 45(3): 221-227.
- Ashkani, S., M.Y. Rafii, I. Rusli, M. Sariah, S.N.A. Abdullah, H.A. Rahim and M.A. Latif. 2012. SSRs for marker-assisted selection for blast resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Molecular Biology Reporter*. 30(1): 79-86.
- Chen, T., Y. Zhu, K. Chen, C. Shen, X. Zhao, S. Shabala, L. Shabala, H. Meinke, G. Venkataraman, Z.H. Chen, J. Xu and M. Zhou. 2020. Identification of new QTL for salt tolerance from rice variety Pokkali. *Journal of Agronomy and Crop Science*. 206(2): 202-213.

- Chukwu, S.C., M.Y. Rafii, S.I. Ramlee, I.S. Ismail, Y. Oladosu, E. Okporie, G. Onyishi, E. Utobo, L. Ekwu, S. Swaray and M. Jalloh. 2019. Marker-assisted selection and gene pyramiding for resistance to bacterial leaf blight disease of rice (*Oryza sativa* L.). *Biotechnology & Biotechnological Equipment*. 33(1): 440-455.
- Chung, Y.S., S.C. Choi, T.H. Jun and C. Kim. 2017. Genotyping-by-sequencing: a promising tool for plant genetics research and breeding. *Hortic. Environ. Biotechnol.* 58(5):425-431.
- Dar A.A., R. Mahajan and S. Sharma. 2019. Molecular markers for characterization and conservation of plant genetic resources. *Indian Journal of Agricultural Science*. 89(11); 1755-1763.
- Deschamps, S., V. Llaca and G.D. May. 2012. Genotyping-by-sequencing in plants. *Biology*. 2012 (1): 460-483.
- El-Refae, Y.Z., R.Y. El-Agoury, M.M. Elshenawy and M. Faza. 2021. DNA fingerprinting and genetic diversity analysis some Egyptian rice genotypes. *Journal of Agricultural Chemistry and Biotechnology*. 12 (8): 157-164.
- Hanifa, I., R.A. Wulandari dan M.H. Widyawan. 2021. Analisis penanda tunggal karakter agronomi dengan marka mikrosatelit pada tanaman padi (*Oryza sativa* L.). *Vegetalika*. 10(4): 235-246.
- Henga, S.A., G. Muriira, J.M. Njiru, W.M. Thagana, M.W. Githendu. 2018. Fingerprinting and assessing relatedness of selected rice (*Oryza sativa*) genotypes in Kenya. *IOSR Journal of Biotechnology and Biochemistry*. 4(1): 48-51.
- International Rice Genome Sequencing Project. 2005. The map-based sequence of the rice genome. *Nature*. 436: 793-800.
- Joshi, M., P.K. Singh, S.A. Waza and A. Singh. 2017. Estimation of genetic diversity among the rice (*Oryza sativa* L.) genotypes using microsatellite markers. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*. 30(2): 130-135.
- Kalia, R. K., M.K. Rai, S. Kalia, R. Singh and A.K. Dhawan. 2011. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica*. 177(3), 309-334.
- Kawengian, Y.B., E. Lengkong dan J. Mandang. 2016. Keragaman genetik beberapa varietas kentang (*Solanum tuberosum* L.) berdasarkan penanda *Random Amplified Polimorphic DNA* (RAPD). *Jurnal Bios Logos*. 6(2): 60-67.
- Kristamtini, Taryono, P. Basunanda dan R.H. Murti. 2014. Keragaman genetik kultivar padi beras hitam lokal berdasarkan penanda mikrosatelit. *Jurnal AgroBiogen*. 10(2):69-76.
- Ladjao, H.E., R. Sjahril dan M. Riadi. 2018. Keragaman genetik 22 aksesori padi lokal Toraja Utara berbasis marka *Simple Sequence Repeats* (SSR). *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia*. 5(2): 230-240.
- Mammadov, J., R. Aggarwal, R. Buyyarapu and S. Kumpatla. 2012. SNP markers and their impact on plant breeding. *International Journal of Plant Genomics*. 2012: 1-11.
- Miah, G., M.Y. Rafii, M.R. Ismail, A.B. Puteh, H.A. Rahim, K.N. Islam and M.A. Latif. 2013. A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. *Int. J. Mol. Sci.* 14: 22499-22528.

- McCouch, S.R., S. Temnykh, A. Lukashova, J. Coburn, G. DeClerck, S. Cartinhour, S. Harrington, M. Thomson, E. Septiningsih, M. Semon, P. Moncada and Jiming L. 2001. Microsatellite markers in rice: abundance, diversity, and applications. *In* G.S. Khush, D.S. Brar and B. Hardy (Eds.). Rice genetics IV. Proceedings of the Fourth International Rice Genetics Symposium, 22-27 October 2000, Los Baños, Philippines. Enfield, NH (USA). Science Publishers, Inc., and Los Baños (Philippines): International Rice Research Institute. 488 p.
- Nugroho, K., Slamet dan P. Lestari. 2017. Keragaman genetik 24 varietas padi sawah dan padi gogo (*Oryza sativa* L.) Indonesia berdasarkan marka SSR. *Scripta Biologica*. 4(1): 5-10.
- Nugroho, K., P. Lestari dan Mastur. 2018. Karakterisasi molekuler materi genetik padi lokal (*Oryza sativa* L.) asal NTB dan Yogyakarta menggunakan penanda mikrosatelit. Prosiding Seminar Nasional BB Padi 2017, p. 427-444.
- Prasetyono, J., N. Hidayatun dan Tasliah. 2018. Genetic diversity analysis of 53 Indonesian rice genotypes using 6K Single Nucleotide Polymorphism markers. *Jurnal AgroBiogen*.14(1):1-10.
- Rohaeni, W.R., U. Susanto, N. Yunani, N. Usyati dan Satoto. 2016. Kekerabatan beberapa aksesori padi lokal tahan hama penyakit berdasarkan analisis polimorfisme marka SSR. *Jurnal AgroBiogen*. 12(2): 81-90.
- Sahardi dan Y. Limbongan. 2016. Keragaman karakter morfologis dan agronomis lima plasma nutfah padi lokal dataran tinggi Toraja Utara Sulawesi Selatan. Prosiding Seminar Nasional Sumber Daya Genetik, p. 13-23.
- Salgotra, R.K., B.B. Gupta, J.A. Bhat and S. Sharma. 2015. Genetic diversity and population structure of basmati rice (*Oryza sativa* L.) germplasm collected from North Western Himalayas using trait linked SSR markers. *PLoS ONE*. 10(7): e0131858.
- Sitairesmi, T., R.H. Wening, A.T. Rakhmi, N. Yunani dan U. Susanto. 2013. Pemanfaatan plasma nutfah padi varietas lokal dalam perakitan varietas unggul. *Iptek Tanaman Pangan*. 8 (1): 22-30.
- Sobir dan M. Syukur. 2015. Genetika Tanaman. Bogor: IPB Press.
- Sutoro, P. Lestari, Reflinur, and H. Kurniawan. 2015. Genetic diversity of upland rice landraces from Java Island as revealed by SSR markers. *Indonesian Journal of Agricultural Science*. 16(1): 1-10.
- Taheri, S., T.L. Abdullah, M.R. Yusop, M.M. Hanafi, M. Sahebi, P. Azizi, and R.R. Shamshiri. 2018. Mining and development of novel SSR markers using next generation sequencing (NGS) data in plants. *Molecules*. 23(2): 399.
- Tasma, I.M. dan S. Arumsari. 2013. Analisis diversitas genetik aksesori kelapa sawit Kamerun berdasarkan marka SSR. *Jurnal Penelitian Tanaman Industri*. 19(4): 194-202.
- Terryana, R.T., T.P. Priyatno dan P. Lestari. 2018. Keragaman genetik plasma nutfah padi lokal asal Kalimantan berdasarkan marka SSR. Prosiding Seminar Nasional BB Padi 2017, p. 463-478.
- Vieira, M.L.C., L. Santini, A.L. Diniz and C. de Freitas Munhoz. 2016. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics Molecular Biology*. 39(3): 312-328.



- Wei, X., L. Wang, Y. Zhang, X. Qi, X. Wang, X. Ding, J. Zhang, and X. Zhang. 2014. Development of simple sequence repeat (SSR) markers of sesame (*Sesamum indicum*) from a genome survey. *Molecules*. 19(4): 5150-5162.
- Yulyatin, A., I. Ishaq dan H. Supriyadi. 2017. Identifikasi padi lokal di Provinsi Jawa Barat. Prosiding Balai Besar Penelitian Tanaman Padi (BB Padi) p. 265-272.
- Yu, J., S. Hu, J. Wang, G.K.S. Wong, S. Li, B. Liu, Y. Deng, L. Dai, Y. Zhou, X. Zhang, M. Cao, J. Liu, J. Sun, J. Tang, Y. Chen, X. Huang, W. Lin, C. Ye, W. Tong, L. Cong, J. Geng, Y. Han, L. Li, W. Li, G. Hu, X. Huang, W. Li, J. Li, Z. Liu, L. Li, J. Liu, Q. Qi, J. Liu, L. Li, T. Li, X. Wang, H. Lu, T. Wu, M. Zhu, P. Ni, H. Han, W. Dong, X. Ren, X. Feng, P. Cui, X. Li, H. Wang, X. Xu, W. Zhai, Z. Xu, J. Zhang, S. He, J. Zhang, J. Xu, K. Zhang, X. Zheng, J. Dong, W. Zeng, L. Tao, J. Ye, J. Tan, X. Ren, X. Chen, J. He, D. Liu, W. Tian, C. Tian, H. Xia, Q. Bao, G. Li, H. Gao, T. Cao, J. Wang, W. Zhao, P. Li, W. Chen, X. Wang, Y. Zhang, J. Hu, J. Wang, S. Liu, J. Yang, G. Zhang, Y. Xiong, Z. Li, L. Mao, C. Zhou, Z. Zhu, R. Chen, B. Hao, W. Zheng, S. Chen, W. Guo, G. Li, S. Liu, M. Tao, J. Wang, L. Zhu, L. Yuan, H. Yang. 2002. Draft Sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. *indica*). *Science*. 296: 79-92.