



## BERITA UTAMA

### Ada apa dengan FAO?

Pada tanggal 18 Desember 2007, Duta Besar Indonesia di Itali yang juga menjabat wakil tetap Indonesia untuk FAO bertindak sebagai pembicara kunci pada Lokakarya Strategi Nasional Indonesia di Auditorium Gedung F, Departemen Pertanian. Beliau menjelaskan bahwa dalam beberapa tahun terakhir FAO mengalami krisis keuangan. Banyak di antara negara anggota tidak membayar iuran karena adanya ketidakpuasan negara-negara anggota terhadap kinerja FAO. Me-

### Warta *Biogen*

*Penanggung Jawab*  
Kepala BB-Biogen  
Sutrisno

#### *Redaksi*

Karden Mulya  
Joko Prasetyono  
Ika Roostika Tambunan  
Ida N. Orbani

#### *Alamat Redaksi*

Seksi Pendayagunaan Hasil  
Penelitian BB-Biogen  
Jl. Tentara Pelajar 3A  
Bogor 16111  
Tel. (0251) 337975, 339793  
Faks. (0251) 338820  
E-mail: borif@indo.net.id

## FAO Direformasi

nyikapi keadaan ini, pimpinan FAO menyelenggarakan suatu kegiatan *Independent External Evaluation* (IEE). Secara jelas disebutkan bahwa IEE dimaksudkan sebagai upaya untuk menentukan arah ke depan agar FAO dapat menjawab tantangan yang selalu berubah-ubah, termasuk tantangan yang dihadapi oleh negara anggotanya, serta untuk mengarahkan kegiatan FAO sesuai dengan kekuatan dan kelebihanannya. IEE juga diharapkan dapat membantu FAO memperkuat rasa kesatuan di antara anggota-anggotanya.

Berdasarkan kerangka acuan tersebut, Tim IEE menyusun laporan yang cukup komprehensif, di antaranya memuat temuan-temuan hasil evaluasi dilengkapi dengan analisis setiap temuan tersebut serta rekomendasi yang berisi langkah-langkah konkrit dalam upaya menjadikan FAO lebih tanggap terhadap tantangan saat ini maupun yang akan datang. Temuan-temuan tersebut antara lain:

1. FAO harus direformasi, namun reformasi dengan pertumbuhan (*reform with growth*). FAO pada saat ini tengah mengalami krisis, baik krisis program maupun keuangan. Oleh karena itu, reformasi FAO harus disertai adanya pertumbuhan dari kedua sisi tersebut, sehingga diperlukan strategi yang jelas untuk mengatasi masalah ini.

2. FAO masih dibutuhkan oleh masyarakat dunia, dan persoalan FAO harus dapat diselesaikan, artinya FAO harus dapat menentukan pilihan-pilihan strategis dalam pelaksanaan program-programnya serta memfokuskan program dibidang di mana FAO mempunyai kemampuan lebih (*comparative advantage*).
3. FAO harus dapat menghadapi tantangan yang ada secara simultan antara produksi pangan, kehidupan, pendapatan, dan akses terhadap pangan.
4. Dalam menghadapi tantangan di atas, FAO harus bisa lebih fleksibel serta lebih berani dalam mengambil risiko. Hal ini muncul karena selama ini FAO lebih dikenal oleh anggotanya sebagai organisasi yang tidak mudah beradaptasi dan tidak berani mengambil risiko. Hal ini memerlukan perubahan kultur di dalam tubuh sekretariat FAO dan *governing bodies*-nya.
5. FAO harus menata kembali struktur organisasinya. Hubungan antara markas besar FAO dengan kantor wilayah serta kantor perwakilan di tingkat negara anggota terlalu terkotak-kotak, bukan saja dalam hal pelaporan, namun juga dalam hal pencapaian kearah tujuan yang sama, tidak adanya strategi yang jelas, serta mobilisasi dana yang seimbang.

ISSN 0216-9045



9 770216 904515

6. Tata kerja di dalam FAO dinilai terlalu birokratis dan menggunakan anggaran sekretariat yang terlalu besar. Selain itu juga dirasakan di dalam struktur FAO terjadi tumpang tindih area kerja serta duplikasi dalam pelaksanaan program-programnya.
7. Walaupun sejumlah inisiatif reformasi telah dilakukan di dalam tubuh FAO, namun keberadaan FAO di luar Roma tidak berjalan secara efektif. Anggaran administrasi jauh lebih besar dibandingkan dengan dana yang tersedia untuk program. Bahkan di beberapa negara anggaran administrasi kantor FAO jauh melebihi anggaran program itu sendiri.
8. Peran anggota FAO dalam *governance* juga dianggap lemah. Tidak ada arahan dari *governing bodies* FAO dalam hal penentuan prioritas serta strategi organisasi. Selain itu, pembagian tugas antara *governing bodies* dengan sekretariat FAO sangat kabur. Hal ini karena tidak ada saling percaya antara anggota FAO dan sekretariat, juga di antara para anggota satu dan yang lainnya.

Oleh sebab itu tidak ada jalan lain kecuali **FAO harus direformasi**.

#### Apa yang akan dilakukan FAO?

IEE dalam laporannya juga mencantumkan beberapa rekomendasi bagi FAO.

Pada pertemuan konferensi FAO pada bulan November 2007 dikeluarkan resolusi terkait dengan hasil IEE, yang intinya memuat kesepakatan:

- Menyusun rencana aksi jangka pendek (*Immediate Action Plan-IAP*) dan kerangka kerja strategis (*Strategic Framework-SF*) yang disusun setelah telaahan yang komprehensif atas laporan IEE serta *management response*.

- Menyelenggarakan Konferensi Luar Biasa pada akhir tahun 2008, yang dimaksudkan sebagai forum khusus untuk membahas dan memutuskan proposal-proposal bagi IAP serta menetapkan implikasi keuangan dari pelaksanaan IAP.
- Membentuk Komite Konferensi yang mandatnya akan berakhir pada saat IAP disampaikan pada Pertemuan Konferensi Luar Biasa pada tahun 2009.

Komite Konferensi segera memulai pelaksanaan mandatnya pada bulan Desember 2007. Pada akhir Januari 2008, diharapkan Komite selesai menyusun pengaturan kerja, jadwal pertemuan dan jadwal penyelesaian *deliverables*. Pembentukan Komite Konferensi dimaksudkan sebagai wadah yang terbuka bagi semua anggota FAO, bukan hanya terbatas kepada anggota Dewan saja, mengingat perubahan ke arah perbaikan serta penguatan FAO yang akan dibahas dalam Komite ini akan memberikan dampak kepada seluruh anggota FAO.

#### Rekomendasi Tim IEE

Sebagai bahan dalam pembahasan masukan di masing-masing negara anggota, Tim IEE telah membuat empat kelompok rekomendasi atas dasar temuan di atas, yaitu strategi, *governance*, sistem dan budaya, serta struktur. Masing-masing kelompok jenis rekomendasi masih dibagi lagi atas subkelompok. Di dalam kelompok **strategi** terdapat empat subkelompok penting, yaitu:

1. FAO perlu menyusun **Kerangka Kerja Strategis** yang disusun berdasarkan *comparative advantage*, artinya FAO memfokuskan kepada kegiatan-kegiatan di mana FAO memiliki kemampuan lebih dibandingkan dengan organisasi lain dibidang pertanian, memper-

hatikan Rencana Aksi Pembangunan dan Gender, memuat kriteria pengalokasian *technical cooperation program* berdasarkan kebutuhan anggota, serta target kinerja.

2. FAO perlu menyusun **Strategi Komponen** yang memuat, antara lain:

- a. Strategi mobilisasi dana dan bantuan yang jelas dan dinamis.
- b. Strategi komunikasi dan advokasi.
- c. Strategi dalam *knowledge management*.
- d. Strategi khusus terkait kerja sama dengan dunia usaha.
- e. Strategi pembangunan kapasitas.

3. FAO perlu menentukan **Pilihan Strategis** awal untuk program teknisnya, berdasarkan kekuatan yang dimiliki FAO dengan mempertimbangkan:

- a. **Perubahan penekanan program FAO** dari produksi pertanian, ketahanan pangan, dan pembangunan pedesaan dan pertanian ke arah fasilitas produksi lingkungan, penambahan nilai produksi pertanian, kegiatan yang menghasilkan pendapatan serta akses pangan;
- b. Area kerja sama FAO lebih ditekankan pada data dan statistik sumber alam global, kehutanan, perikanan, peternakan (termasuk penyakit menular), lingkungan dan sumber daya alam; program di bidang *emergency*, kebijakan ekonomi, sosial serta pangan dan nutrisi; keamanan pangan; serta konvensi global (termasuk konvensi terkait proteksi lahan, pestisida, sumber daya genetik, dan perikanan);
- c. FAO tidak memfokuskan pada program transfer teknologi dan teknologi pengolahan;

d. FAO perlu meningkatkan pendekatan programnya secara holistik.

4. FAO lebih memfokuskan kerja sama teknis sesuai kebutuhan anggota, dengan memanfaatkan semaksimal mungkin *comparative advantage*.

Berkaitan dengan kelompok **governance**, terdapat lima subkelompok penting, yaitu:

1. Perlu dilakukan reformasi *Governance* yang mendorong peran dari *governing bodies* FAO.

2. Dalam melaksanakan peran *good governance* FAO harus menjadi juru bicara yang mengedepankan kepentingan masyarakat pedesaan, masyarakat kelurahan, dan masyarakat yang bergantung kepada sektor pertanian.

3. Fungsi *governing bodies* perlu dijalankan secara efektif dan prosedur pengangkatan Dirjen FAO harus profesional.

4. Struktur FAO perlu dirampingkan dan lebih kuat. Dewan FAO dan Ketua Independen harus lebih berperan dalam *governance* internal FAO. Untuk itu, perlu pembagian kerja yang jelas antara Sekretariat dan *Governing Bodies*.

5. Pertemuan-pertemuan *governing bodies* dan subkelompok keuangan harus lebih efisien dan produktif dalam mengatasi masalah likuiditas di dalam FAO.

Terkait dengan rekomendasi dalam kelompok **sistem dan budaya** terdapat enam subkelompok rekomendasi, salah satu di antara yang terpenting adalah **sumber daya manusia**. Tim IEE menyarankan agar disusun kerangka kebijakan sumber daya manusia yang jelas, penyesuaian rekrutmen, pembangunan kapasitas staf dan kinerja promosi, dan kebijakan rotasi staf.

Berkaitan dengan kelompok rekomendasi **restrukturisasi organisasi FAO**, Tim mengusulkan meningkatkan *client focus*, menjadikan FAO lebih fleksibel dan cepat tanggap dalam menghadapi perubahan yang terjadi. Untuk mencapai hal ini, perlu adanya perubahan struktur, model bisnis, serta proses pengambilan keputusan. Prinsip desentralisasi perlu didukung apabila sudah memungkinkan. Perlu adanya kejelasan peran substantif dari perwakilan regional dalam hal kebijakan dan analisis. Perwakilan regional bertanggung jawab dalam pengembangan strategi serta pelaksanaan program-program di wilayahnya masing-masing, termasuk strategi pendanaan program-programnya. Perwakilan regional juga harus diberi otonomi lebih luas, pengambilan keputusan, serta sumber daya manusia dan anggaran yang cukup dalam melaksanakan perannya.

#### **Ibroh (Menarik Pelajaran)**

FAO adalah badan dunia yang dibangun dan telah berdiri cukup lama dan cukup disegani. Namun, perubahan yang terjadi di sekelilingnya menuntut FAO introspeksi diri. Sikap dan tuntutan para anggota mengarah kepada "perbaikan" dan disambut oleh FAO sendiri dengan tindakan "legowo" untuk berubah. Pada saat lokakarya ini diselenggarakan juga dihadiri oleh Kepala Kantor Perwakilan FAO di Indonesia dan staf ahlinya. Baik Kepala Kantor dan stafnya menegaskan bahwa jajaran FAO menyadari perlunya ada perubahan sekalipun untuk berubah tersebut jajaran FAO membutuhkan waktu. FAO harus berubah karena kondisi di sekelilingnya menuntut untuk berubah.

Di dunia penelitian dan pengembangan pun terjadi perubahan. Makna *research and develop-*

*ment* sekarang bergeser ke arah *research for development*. Perubahan dari kata ... *and* ... ke kata ... *for* ... memiliki implikasi yang sangat substansial. Penelitian yang sebelumnya tidak harus bermuara di pengembangan menjadi dituntut untuk berakhir di suatu hal yang harus dikembangkan. Sesuatu akan berkembang dengan baik kalau memang dibutuhkan. Dalam dunia pertanian kebutuhan tersebut lebih ditentukan oleh pemakai teknologi bukan oleh perakit teknologi.

Rekomendasi Tim IEE merupakan rekomendasi yang holistik. Rekomendasi perubahan FAO tidak hanya ditentukan oleh perubahan FAO-nya saja, tetapi perubahan dari anggota FAO-nya juga. Dunia litbang jauh lebih kompleks lagi seandainya dituntut perubahan tentunya bukan hanya manusianya saja (budaya kerja) tetapi segala perangkat yang terkait dengan aktivitas litbang itu sendiri. Mengharapkan terjadinya perubahan dari individu-individu adalah tidak mungkin, karena perubahan yang dibutuhkan tidak terbatas pada perubahan individu. Sayangnya, sistem yang terlibat dalam aktivitas litbang bukan hanya sistem dalam kewenangan litbang saja. Semakin lama sistem litbang semakin kompleks karena tuntutan lingkungan yang semakin kompleks.

Padahal persoalan yang dihadapi petani sering lebih sederhana, bagaimana menambah pendapatan yang ada dengan kapasitas yang dimilikinya. Untungnya, kalau dalam kasus FAO anggota sebagai pelanggan menentukan ada tidaknya anggaran, sedangkan petani tidak langsung menentukan ada tidaknya anggaran litbang. Suatu kondisi yang patut kita syukuri.

*Karden Mulya*

Hasil rekayasa genetik baik untuk tujuan farmasi maupun produksi pertanian telah mengalami perkembangan pesat di tingkat komersialisasi di beberapa negara. Di Asia Tenggara, produk rekayasa genetik baik jagung, kedelai maupun kapas asal negara pengembang budi daya tanaman transgenik telah banyak beredar. Bahkan Filipina telah melepas, membudidayakan, dan mengkomersialkan jagung transgenik. Namun di beberapa negara lain seperti Thailand, Vietnam, Malaysia, dan Indonesia belum banyak dibudidayakan. Padahal masing-masing negara meyakini adanya manfaat dari masing-masing produk tersebut dalam meningkatkan produksi pertaniannya.

Lokakarya (*workshop*) APEC *High Level Policy Dialogue on Agricultural Biotechnology* (HLPDAB): *Needs Assessment Workshop for Asia* diselenggarakan di Singapura pada tanggal 23-24 Januari 2008. Lokakarya ini dilaksanakan untuk mengidentifikasi hambatan komersialisasi produk rekayasa genetik pertanian di antara negara anggota APEC. Lokakarya serupa telah diselenggarakan di Peru pada November 2007. Pada lokakarya pertama disepakati delegasi Peru dan Chili akan melakukan studi banding ke Filipina dan Australia. Lokakarya di Singapura dihadiri oleh peserta dari Singapura (*Agri-Food and Veterinary Authority*), Thailand (*Sekretaris Technical Team for GM Assessment-Biotec*), Malaysia (*Senior Vice President, Malaysian Biotechnology Corporation SDN BHD*), Vietnam (*Researcher, Plant Genetic Institute*), Indonesia (*BB-Biogen dan IPB*), Sekretariat APEC di Singapura, dan USDA (dari kedutaan besar US di Malaysia-Singapura).

## APEC High Level Policy Dialogue on Agricultural Biotechnology: Needs Assessment Workshop for Asia

### Agenda Lokakarya

Selama lokakarya berlangsung, yang bertindak sebagai moderator adalah Prof. Dr. Paul Teng (*Natural Science and Science Education, National Institute of Education, Nanyang Technological University*); dan Andrew D. Powell, Ph.D. (CEO *Asia Biobusiness*), sedangkan sebagai *resources person* adalah APEC sekretariat, Atase Pertanian US Embassy, dan AVA.

Pada **hari pertama** diawali dengan penjelasan ruang lingkup HLPD *initiative* dan mekanisme, luaran dari lokakarya, dan peran peserta oleh Dr. Andrew D. Powell dilanjutkan dengan penjelasan *What is needed to commercialize a biotech crop product?* oleh Prof. Dr. Paul Teng dan presentasi, diskusi, dan penyusunan laporan tentang *benchmarking individual APEC economy's situation against generic enablers (facilitating needs) and needs for commercialization*, dan *setting national priorities*.

Pada **hari kedua** diskusi dilanjutkan berkaitan dengan *specifying needs for priorities, identification of specific gaps needs to be addressed to commercialize the specified biotech crop product* dan HLPD *modalities for accelerating action to commercialize*.

### Catatan Lokakarya

a. Prof. Dr. Paul Teng menjelaskan tentang (1) keterkaitan bioteknologi pertanian dengan produksi, industri, informasi, teknologi, dan (2) proses sejak dari perencanaan penelitian sampai kepada komersialisasi hasil penelitian tersebut.

b. Pada diskusi teridentifikasi hambatan komersialisasi produk hasil rekayasa genetik, antara lain:

i. Arah awal penelitian rekayasa genetik ditekankan kepada pembangunan kapasitas, sehingga ketersediaan dan kemudahan akses atas teknologi menjadi pertimbangan utama. Penelitian belum didasarkan atas hasil *ex ante analysis, market analysis*, dan *scanning intellectual property right*, sehingga pada tahap komersialisasi dihadapkan pada kekurangan dokumen.

ii. Regulasi atau kebijakan pemerintah:

1. Belum sepenuhnya tersedia perangkat regulasi (Indonesia dan Malaysia);
2. Perangkat regulasi masih dalam proses finalisasi formalisasi (Vietnam), atau
3. Kebijakan pemerintah belum mengizinkan melepas produk rekayasa genetik (Thailand).

iii. Wakil Indonesia menyampaikan bahwa sementara Komisi baru belum terbentuk, Komisi lama melaksanakan pengkajian keamanan hayati. Pada saat ini, Komisi sedang melakukan finalisasi Pedoman Umum Pengkajian Keamanan Pangan. Di Indonesia, beberapa produk rekayasa genetik antara lain padi, kentang, dan tomat telah siap atau sedang diuji lapang atas rekomendasi Tim Teknis Komisi Keamanan Hayati dan Keamanan Pangan, sedangkan, beberapa produk lain

masih dalam taraf penelitian di rumah kaca atau laboratorium. Ke depan, litbang pertanian memegang peran dalam menjaga keamanan pangan, peluang bantuan rekayasa genetik terletak pada upaya merakit varietas tahan/toleran kekeringan, kemasaman tanah, keracunan aluminium, dan gangguan OPT.

c. Masalah sama yang dihadapi negara peserta dalam komersialisasi produk rekayasa genetik adalah:

- i. Implementasi peraturan perundangan berkaitan dengan komersialisasi produk rekayasa genetik, dan
- ii. Pembangunan kapasitas alih teknologi.

Untuk itu, peserta mengusulkan dua kegiatan menjadi kegiatan APEC, melalui HLPDAB-Agriculture Technical Cooperation Working Group (ATCWG):

1. *Acceptance case study* dengan menggunakan model:
  - a. *Papaya ring spot virus* karena komoditas minor (bukan komoditas politis), data ilmiah telah banyak dihasilkan Thailand, produk siap dikembangkan (Malaysia, Vietnam, Thailand), *network* ada (*papaya network*), dan
  - b. Bt-corn karena komoditas jagung banyak diimpor oleh negara anggota, komersialisasi di Asia Teng-

gara sudah ada (Filipina), dan akumulasi data cukup;

2. Konsolidasi dan pertukaran data dan informasi berkaitan dengan masalah *public awareness, public acceptance, technology (drought, acidity and aluminium toxicity)* dan memberikan fasilitas atas akses teknologi tersebut.

Negara yang diidentifikasi berpotensi sebagai partner adalah Cina (pengelolaan uji lapang terbatas, *stewardship*), Filipina (uji lapang terbatas jagung), Australia dan Jepang (Pengkajian keamanan lingkungan), USA dan Kanada (segregasi produk), Australia (regulasi).

- d. Terdapat masalah-masalah khusus di antara negara anggota, yaitu pembangunan kapasitas regulasi dan teknologi (Vietnam, Thailand, dan Malaysia) dan kapasitas alih teknologi (Indonesia).
- e. Hasil lokakarya akan dilaporkan dan dibahas lebih lanjut pada pertemuan HLPDAB di Lima Peru pada bulan Februari 2008.

### Kesimpulan

1. Guna memacu pemanfaatan produk penelitian rekayasa genetik di negara peserta *workshop* perlu adanya peningkatan pemahaman dan kapasitas dalam hal implementasi regulasi di

tingkat nasional, regional, dan global, serta akses dan alih teknologi.

1. Lokakarya mengusulkan dua kegiatan menjadi kegiatan APEC, melalui HLPDAB-ATCWG, yaitu:
  - a. *Acceptance case study* dengan menggunakan model *papaya ring spot virus* dan Bt-corn, dan
  - b. Konsolidasi dan pertukaran data dan informasi berkaitan dengan masalah *public awareness, public acceptance, technology (drought, acidity and aluminium toxicity)* dan memberi fasilitas atas akses teknologi tersebut.

### Tindak Lanjut

Pada saat lokakarya, wakil Indonesia belum dapat mengidentifikasi partner-partner yang mungkin dapat ikut serta dalam kegiatan komersialisasi produk rekayasa genetik, dan memberikan informasi tentang kehadiran wakil Indonesia pada *Rationalizing and Harmonizing Plant Biotechnology Regulations in Southeast Asia: A Learning Forum* tanggal 4 Maret 2008 di Bangkok, Thailand.

Karden Mulya

## ARTIKEL

## SNP, LD, dan Pemetaan Asosiasi pada Tanaman

**S**ingle Nucleotide Polymorphism (selanjutnya disingkat SNP atau sering diucapkan SNIp) adalah variasi genetik kecil yang dapat terjadi dalam sekuen DNA individu. Seperti

diketahui kode genetik makhluk hidup disusun oleh empat "huruf" nukleotida, yaitu A (*adenine*), C (*cytosine*), T (*thymine*), dan G

(*guanine*). Variasi SNP terjadi ketika satu nukleotida, misalkan A, mengganti satu dari tiga nukleotida yang lain – C, G, atau T.

Sebuah contoh dari SNP adalah perubahan segmen DNA AAGGTTA menjadi ATGGTTA, di mana "A" kedua dalam segmen pertama diganti dengan "T". Karena kurang dari 5 persen dari sekuen DNA individu mengkode untuk produksi protein, sebagian besar SNP ditemukan di luar sekuen pengkode protein. SNP yang ditemukan di dalam sekuen pengkode protein lebih menarik bagi peneliti karena SNP tersebut lebih mungkin mengubah fungsi biologi dari sebuah protein.

Sekuensing langsung segmen-segmen DNA (yang diamplifikasi dengan PCR) dari beberapa individu merupakan cara yang paling langsung untuk mengidentifikasi SNP. Primer-primer PCR didesain untuk mengamplifikasi segmen DNA berukuran 400-700 bp, yang biasanya diturunkan dari gen yang diminati atau EST (*Expressed Sequence Tag*, atau sekuen DNA unik yang diturunkan dari pustaka cDNA). Pemilihan ampikon pada bagian-bagian bukan pengkode protein, seperti intron atau 3'UTR, biasanya meningkatkan frekuensi polimorfisme yang ditemukan (sampai tiga kali lipat). PCR dilakukan pada sekelompok individu yang sangat beragam, tetapi lebih disukai inbred, yang mewakili keragaman populasi yang dipelajari. Produk-produk PCR disekuensing langsung ke kedua arah. Sekuen-sekuen yang dihasilkan dibandingkan dan dipisahkan kemudian polimorfisme diidentifikasi.

Dari sekelompok 502 lokus turunan EST dari jagung, yang disekuensing kembali (400-500 bp per lokus) pada 8 inbred elit jagung yang beragam didapatkan 86% lokus polimorfik (Bhatramakki *et al.* 2002). Lebih dari setengahnya (52%) adalah lokus polimorfik antara dua inbred umum, B73 dan Mo17. Frekuensi keseluruhan dari SNP adalah satu dalam setiap 48 bp

pada 3'-UTR dan satu dalam setiap 130 bp pada bagian pengkode protein.

Studi sekuensing kembali dilakukan oleh Zhu *et al.* (2003) pada 25 genotipe kedelai yang beragam mengidentifikasi frekuensi 1,98 SNP per kb pada bagian pengkode protein dan 4,19 SNP per kb pada bagian bukan pengkode protein.

Sekuensing 13 segmen pendek (ukuran 139-367 bp) dari bagian berukuran 70 kb di sekitar lokus *xa5* pada 114 aksesi padi oleh Garris *et al.* (2003) mengidentifikasi frekuensi satu SNP tiap 100 bp. Frekuensi ini mirip dengan yang diamati pada studi pendahuluan pada sorgum, yaitu satu SNP tiap 102 bp (M. Hamblin, *tidak dipublikasi*).

Karena biaya untuk sekuensing masih relatif mahal, tidak ekonomis untuk melakukan sekuensing pada sejumlah besar aksesi, maka kemudian orang mengembangkan berbagai metode untuk pengujian genotipe SNP untuk lokus tertentu yang sebelumnya sudah dideteksi dengan sekuensing. Keragaman metode pengujian genotipe SNP ini sangat luas, mencakup metode yang berdasar hibridisasi DNA-DNA (*Dynamic allele-specific hybridization, molecular beacons, SNP microarrays*), metode berdasar enzim (RFLP, *PCR-based methods, flap endonuclease, primer extension, 5'-exonuclease, oligonucleotide ligase assay*), dan metode pasca-amplifikasi berdasar sifat-sifat fisik DNA (*single strand conformation polymorphism, temperature gradient gel electrophoresis, denaturing HPLC, High-Resolution Melting of the entire amplicon, SNPlex*).

### **LD (*Linkage Disequilibrium*) dan Pemetaan Asosiasi**

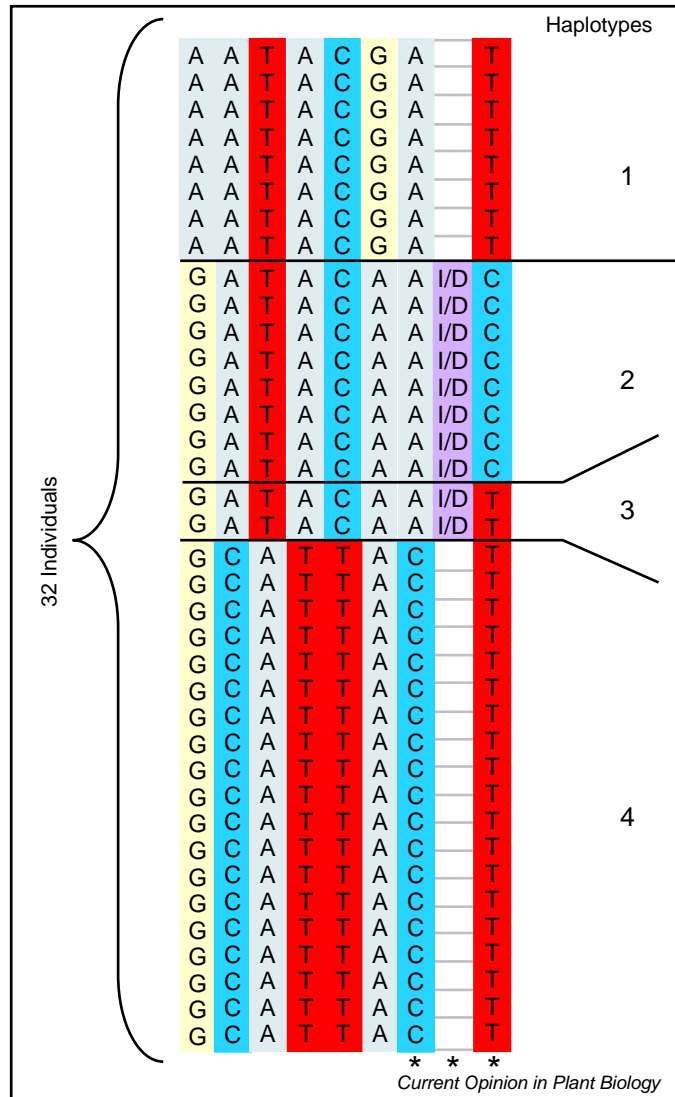
Frekuensi polimorfisme yang tinggi dan ketersediaan galur-galur inbred menjamin identifikasi haplo-

tipe secara tepat. Gambar 1 menunjukkan 8 lokus SNP dan 1 lokus Indel (*insertion-deletion, I/D*) yang diidentifikasi dalam sebuah segmen berukuran 263-nukleotida dari gen *stearoyl-ACP-desaturase* jagung menggunakan 32 galur inbred. Lokus-lokus SNP di dalam segmen genom ini berada dalam LD, yang maksudnya alel-alel pada satu lokus tidak secara acak berpasangan dengan alel-alel pada lokus yang lain. Empat haplotipe yang berbeda diidentifikasi secara tepat dengan hanya menggunakan 3 SNP (yang ditandai dengan \*).

Perluasan fisik LD pada tanaman dipengaruhi oleh banyak faktor, termasuk laju perkawinan silang, derajat seleksi alam atau buatan pada gen atau bagian genom tertentu, laju rekombinasi, lokasi pada kromosom, ukuran dan struktur populasi, dan umur alel yang dipelajari. Pada spesies budi daya, perluasan LD juga dibentuk dari seleksi oleh manusia dan kejadian "*population bottleneck*" (reduksi yang berat dalam ukuran populasi dari spesies tertentu yang mereduksi keragaman genetik dari spesies itu) yang terkait dengan penyebaran tanaman keluar dari pusat asalnya (*center of origin*).

Studi pada jagung dan *Arabidopsis* sudah memberikan hasil-hasil yang berlawanan mengenai kegunaan LD untuk pemetaan halus gen. Pada jagung, yang merupakan spesies berpenyerbuk silang, LD yang nyata dideteksi hanya dalam kisaran 100 pb-7 kb atas dasar analisis beberapa bagian genom. Pada spesies berpenyerbuk sendiri *Arabidopsis thaliana*, LD yang nyata bertahan sampai 250 kb pada satu bagian genom.

Tidak seperti jagung, padi pada umumnya menyerbuk sendiri, yang diperkirakan akan menghasilkan LD yang lebih luas, bahkan mungkin LD meluas pada keseluruhan ge-



**Gambar 1.** Lokus-lokus SNP pada gen *stearoyl-ACP-desaturase* jagung. Sumber: Rafalski (2002).

nom. Tapi berlawanan dengan *Arabidopsis*, sejarah domestikasi padi sudah memasukkan sejumlah kejadian “*population bottleneck*” begitu juga kejadian-kejadian hibridisasi yang diikuti oleh seleksi selama beberapa generasi untuk mampu bertahan pada lingkungan pertanian yang beragam. Studi yang dilakukan oleh Garris *et al.* (2003) untuk mendeteksi perluasan LD pada bagian genom di sekitar lokus gen *xa5* menggunakan 114 aksesori *Oryza sativa* menunjukkan bahwa LD meluas sampai 100 kb.

Bobot dan distribusi LD lebih dari sekedar menarik secara teori-

tis, karena ini akan menentukan pilihan metodologi pemetaan asosiasi. Dalam studi asosiasi, alel-alel pada beberapa gen kandidat terpilih mungkin diuji asosiasinya dengan sebuah fenotipe, atau keseluruhan genom mungkin di-*scan* untuk mengidentifikasi bagian yang berasosiasi dengan fenotipe tertentu. Jumlah minimum lokus yang diperlukan untuk men-*scan* keseluruhan genom tergantung pada perluasan LD.

Estimasi perluasan LD penting sebagai indikator seberapa berguna pendekatan pemetaan asosiasi (pemetaan sifat berdasar LD) diban-

dingkan dengan metode-metode yang lain dengan mempertimbangkan ukuran populasi dan tingkat informatif data yang dihasilkan. Jika LD patah dengan cepat, melakukan *scan* pada keseluruhan genom akan memerlukan jumlah marka yang luar biasa banyak (yang masing-masing mewakili sebuah segmen LD), tetapi memungkinkan dilakukan pengujian gen kandidat. Sebaliknya jika LD terlalu besar, resolusi mungkin rendah (tidak memungkinkan pengujian gen kandidat), tetapi memungkinkan untuk dilakukan *scan* keseluruhan genom.

LD yang patah pada 100 kb dalam studi yang dilakukan Garris *et al.* (2003) akan memerlukan rata-rata 1 marka tiap *centimorgan* (1 cM = 200-300 kb), dan hasil ini menunjukkan bahwa strategi pemetaan asosiasi (pemetaan LD) dapat memberikan resolusi yang lebih besar (karena laju rekombinasi yang lebih besar) dibandingkan dengan strategi pemetaan QTL, di mana populasi dengan 200-300 individu disurvei dengan 150-200 marka dan menghasilkan QTL berukuran 10-20 cM. Akan tetapi, untuk menghasilkan *scan* keseluruhan genom dengan resolusi yang ditawarkan oleh pemetaan asosiasi, akan diperlukan sekitar 1.500 marka yang terdistribusi secara merata dalam genom.

Jadi, sebagian besar aplikasi pemetaan asosiasi mungkin masih terbatas pada bagian-bagian yang sebelumnya sudah diidentifikasi dengan analisis QTL atau dengan studi gen kandidat. Dalam kasus ini, pemetaan asosiasi menawarkan keuntungan mengeksplorasi hubungan antara fenotipe dan kisaran varian genotipe yang luas pada level resolusi yang menguntungkan pada bagian target spesifik. Karena LD mungkin meluas melampaui satu gen tunggal pada padi, aplikasi pada padi akan sangat berbeda dengan aplikasi pada jagung di mana gen-gen yang sudah diketahui terkait dengan sebuah sifat dapat diuji untuk mengidentifikasi "*functional nucleotide polymorphism*" (FNP, yaitu variasi nukleotida yang bertanggung jawab pada variasi fenotipe).

### SDM di BB-Biogen

BB-Biogen sudah mengirim dua orang staf ke Cornell University untuk belajar tentang SNP, LD, dan pemetaan asosiasi di bawah bimbingan Prof. Susan McCouch. Pada tahun 2005 BB-Biogen mengirim

Fatimah Suwardjo untuk belajar mengidentifikasi SNP dengan cara sekuensing langsung pada delapan aksesori padi tradisional Indonesia pada bagian genom di sekitar gen *Xa4*, *Xa7*, dan *xa13* di bawah proyek GCP yang berjudul "*Measuring linkage disequilibrium across three genomic regions in rice*" dengan koordinator Indonesia Dr. Michael J. Thomson. Selanjutnya Fatimah mendesain primer untuk keperluan pengujian genotipe SNP (untuk lokus-lokus SNP yang sudah diidentifikasi dengan sekuensing) pada 96 aksesori padi tradisional Indonesia. Sebelumnya Fatimah juga terlibat dalam pekerjaan analisis SSR pada 330 aksesori padi tradisional Indonesia (yang mencakup 96 aksesori tadi), untuk mendapatkan informasi tentang struktur populasi dari 330 aksesori tersebut. Data struktur populasi ini sangat diperlukan untuk analisis pemetaan asosiasi.

Pada tahun 2006, BB-Biogen mengirim penulis untuk belajar mengidentifikasi SNP dengan sekuensing langsung 48 aksesori padi lokal Kalimantan Timur dan mengukur perluasan LD pada populasi terisolir tersebut pada bagian-bagian genom yang berbeda dengan yang dikerjakan Fatimah di bawah proyek NSF-DCC yang berjudul "*Measuring linkage disequilibrium of an isolated rice population*". Pada kesempatan itu penulis juga belajar melakukan analisis pemetaan asosiasi menggunakan *software-software* yang terkait. Berdasar pengalaman ini, penulis menyusun prosedur praktis penggunaan *software* untuk analisis keragaman genetik dan pemetaan asosiasi yang bisa diakses secara bebas pada: <http://markercorner.blogspot.com/>.

Selanjutnya 96 aksesori padi tradisional Indonesia yang sudah diuji genotipe SNP-nya diuji respon ketahanannya terhadap infeksi *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* (Xoo) iso-

lat virulen Indonesia yang *incompatible* dengan gen *Xa4* dan *Xa7*. Pengujian fenotipe dengan menggunakan isolat-isolat IRRI dikerjakan oleh Dr. Endang M. Septiningsih di IRRI. Apabila data fenotipe dari IRRI sudah siap, selanjutnya akan dikombinasikan dengan data fenotipe Indonesia dan data genotipe SNP untuk keperluan pemetaan asosiasi. Data struktur populasi akan digunakan sebagai kofaktor dalam analisis untuk menghindari terjadinya identifikasi asosiasi palsu antara marka SNP dan fenotipe (Pritchard dan Rosenberg 1999).

Salah satu proyek APBN yang dikoordinir Dr. Dwinita W. Utami juga mengerjakan pekerjaan yang mirip (pengukuran perluasan LD dan pemetaan asosiasi) menggunakan set populasi padi yang berbeda untuk karakter ketahanan terhadap Xoo dan blas, serta toleransi terhadap keracunan Fe dan kahat P.

### Daftar Pustaka

- Bhatramakki, D., M. Dolan, M. Hanafey, R. Wineland, and D. Vaske. 2002.** Insertion-deletion polymorphism in 3' regions of maize genes occur frequently and can be used as highly informative markers. *Plant Mol. Biol.* 48:539-547.
- Garris, A.J., S.R. McCouch, and S. Kresovich. 2003.** Population structure and its effect on haplotype diversity and linkage disequilibrium surrounding the *xa5* locus of rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics* 165:759-769.
- NCBI. 2007.** SNPs: Variations on a theme. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.
- Pritchard, J.K. and N.A. Rosenberg. 1999.** Use of unlinked genetic markers to detect population stratification in association studies. *Am. J. Hum. Genet.* 65:220-228.
- Rafalski, A. 2002.** Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Current Opinion in Plant Biology* 5:94-100.
- Zhu, Y.L., Q.J. Song, D.L. Hyten, C.P. Van Tassell, and L.K. Matukumalli. 2003.** Single-nucleotide polymorphism in soybean. *Genetics* 163(3):1123-1134.

*Kurniawan Rudi Trijatmiko*



Salah satu tujuan pemuliaan tanaman adalah merakit suatu tanaman yang memiliki sifat lebih baik dari yang sudah ada. Perakitan tanaman baru ini biasanya dengan memasukkan gen-gen tertentu yang memiliki ketahanan terhadap sifat tertentu. Dua tahap yang umum dilakukan dalam program pemuliaan tanaman adalah membuat variabilitas genetik dengan program persilangan, kemudian diikuti dengan seleksi masing-masing individu hasil persilangan yang mengandung gen yang diinginkan.

Seleksi pada umumnya dilakukan dengan menanam tanaman hasil persilangan dan mengujinya dengan perlakuan tertentu. Individu yang toleran terhadap cekaman yang diuji dianggap mengandung gen yang diinginkan, sehingga dianggap sebagai calon galur terpilih. Seleksi dengan cara ini kadangkala akan menemui kesulitan, karena lingkungan yang dibuat kadang tidak seragam yang menyebabkan tekanan seleksi menjadi tidak merata dan bisa menyebabkan kesalahan pemilihan galur yang toleran. Misalnya, pada skrining pengujian blas, bisa jadi karena inokulasi yang tidak seragam akan menyebabkan satu tanaman terlihat toleran (yang sebetulnya sensitif), karena tidak

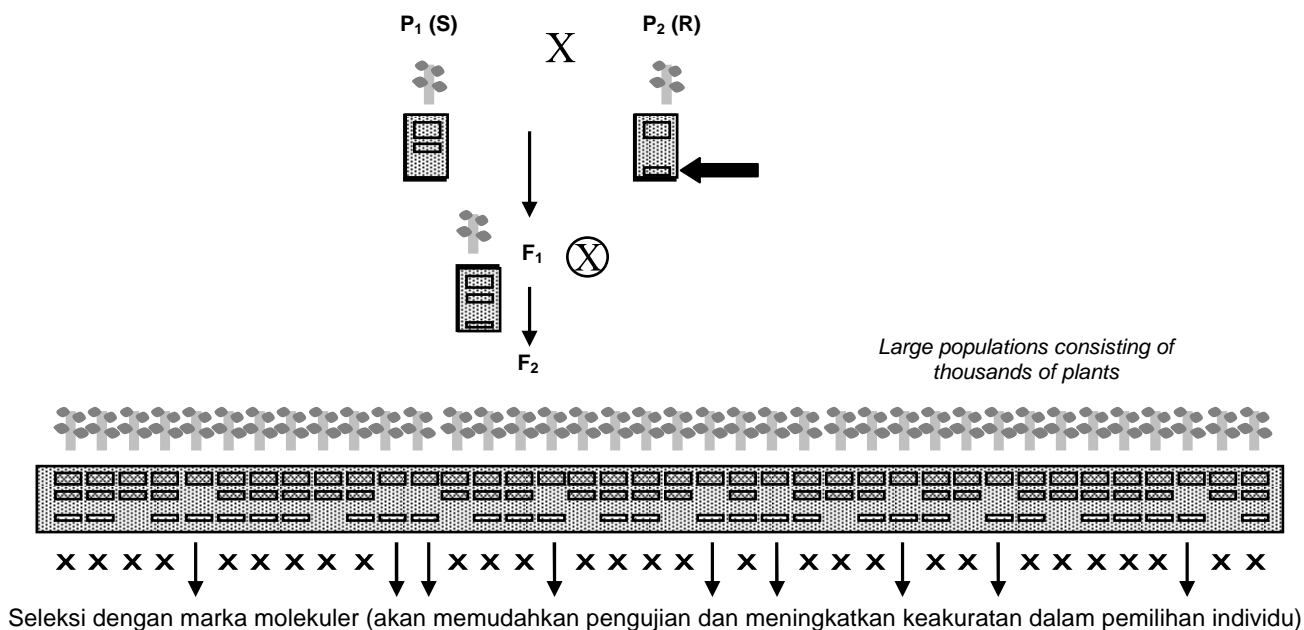
## Perkembangan Marka Molekuler untuk Seleksi Tanaman

ada satu jamur blas pun yang menempel pada tanaman tersebut. Atau apabila gen-gen yang mengatur sifat tersebut bersifat aditif seleksi akan lebih sulit dilakukan karena masing-masing gen hanya menyumbang sebagian kecil dari penampilan tanaman tersebut.

Oleh karena itulah selain pengujian secara fenotipik kegiatan seleksi tanaman juga harus dibantu dengan marka molekul. Pada saat ini sudah banyak marka molekul yang bisa digunakan sebagai alat bantu seleksi. Marka ini sebagian besar berbasis DNA, selain ada juga marka molekul yang berbasis protein. Marka molekul yang berbasis DNA jenisnya sangat banyak dan mempunyai variabilitas yang besar. Marka yang berbasis protein memiliki keragaman yang lebih rendah. Jika marka-marka molekul yang terpaut dengan suatu sifat tertentu sudah diidentifikasi, marka ini dapat membantu mengurangi ukuran populasi dan waktu dalam program pemuliaan tanaman. Selain itu, marka molekul mempunyai kelebihan khusus yakni memiliki kemampuan menyeleksi tahap pem-

bibitan untuk sifat-sifat yang baru bisa diamati setelah besar dan memiliki kemampuan menyeleksi sifat yang sangat sulit, dilakukan, yang mana bila menggunakan seleksi fenotipe akan memerlukan waktu yang lebih panjang (misal: morfologi perakaran, resistensi terhadap organisme pengganggu atau ras atau biotipe penyakit atau serangga, toleransi terhadap cekaman abiotik seperti kekeringan, garam, defisiensi atau keracunan mineral. Collard *et al.* (2005) bahkan menambahkan penggunaan marka molekul dalam seleksi akan dapat memasukkan beberapa gen sekaligus dalam satu tanaman, bisa menghilangkan efek gen-gen lain yang tidak diinginkan (*linkage drag*), seleksi bisa digunakan untuk sifat yang heritabilitasnya rendah, dan untuk melakukan seleksi untuk sifat yang tidak boleh diuji di lapang (misal: patogen). Penggunaan marka molekul ini dapat digunakan bersamaan dengan pengujian fenotipik atau dilakukan terlebih dahulu baru kemudian menguji tanaman yang terpilih secara molekuler dengan pengujian fenotipik.





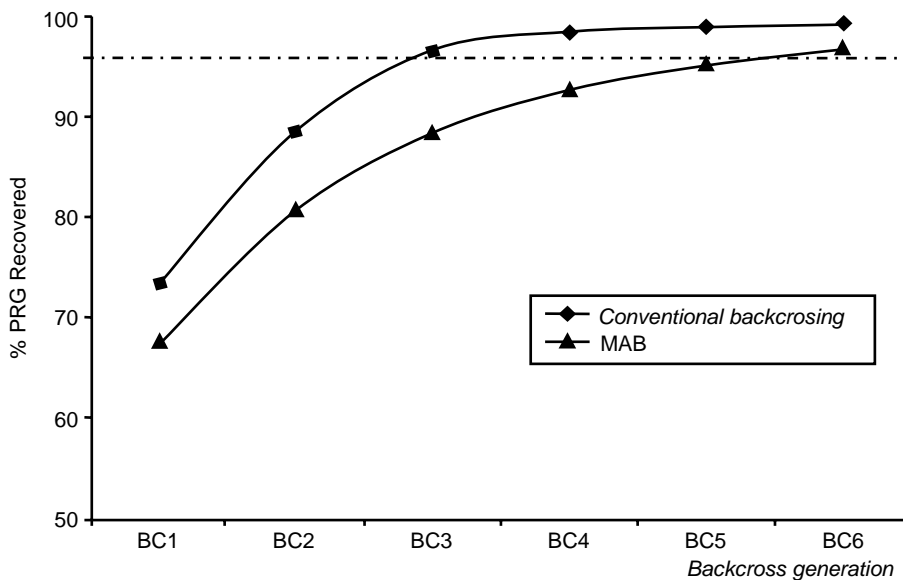
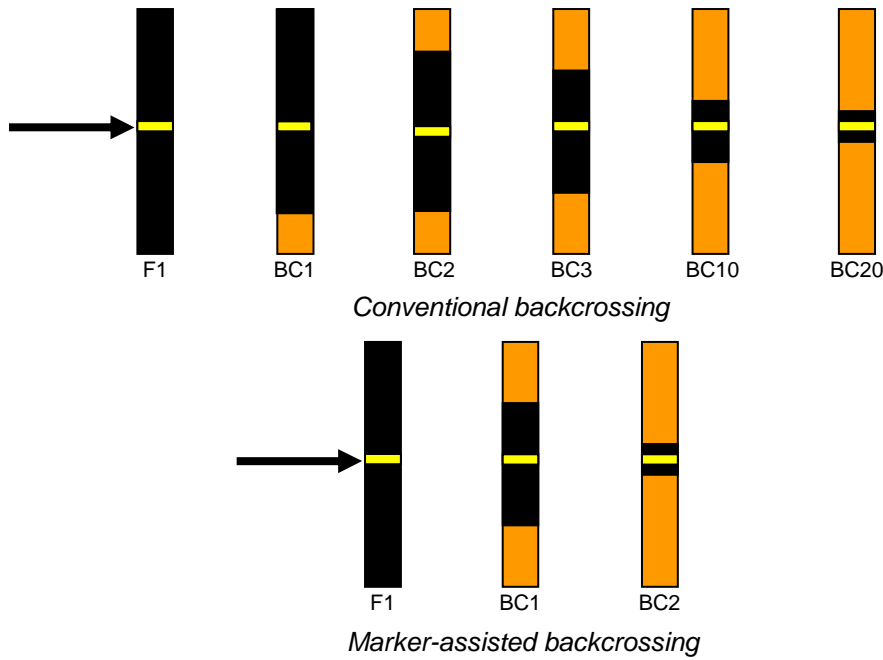
Marka molekuler mulanya dikenal dengan penanda protein yang disebut isozym. Walaupun sederhana dan murah tetapi jumlah lokus yang dideteksi masih sangat terbatas. Jenis marka molekuler yang berbasis DNA sangat banyak di antaranya: RFLP, RAPD, AFLP, STS, mikrosatelit, SCAR, microarray, dan lain-lain. Marka molekuler yang paling banyak diadopsi para peneliti pemuliaan tanaman adalah marka mikrosatelit. Marka ini bersifat kodominan, mudah aplikasinya, dan sangat berlimpah dalam genom tanaman.

Penggunaan marka molekuler untuk seleksi tanaman memerlukan tahapan yang panjang. Tahap awal adalah menentukan sifat apa yang akan diteliti, lalu membuat populasi persilangan untuk mengetahui marka mana yang terpaut. Ini biasa disebut pembuatan peta genetik dan peta QTL (*quantitative trait loci*). Pembuatan peta genetik dan peta QTL ini memerlukan waktu yang panjang karena harus menyiapkan populasi tertentu (F<sub>2</sub>, F<sub>7</sub> atau BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>) dan menggunakan ratusan bahkan ribuan marka molekuler. Hanya marka yang terpaut erat

(*tightly linkage*) saja yang bisa digunakan sebagai marka seleksi. Marka ini umumnya memiliki LOD lebih dari 3. Marka yang terpaut bisa langsung digunakan atau bila dianggap kurang ekonomis bisa ditransfer menjadi marka lain. Misalkan RFLP yang dianggap sangat tidak ekonomis bisa ditransfer ke dalam marka STS atau mikrosatelit. Marka-marka inilah yang kemudian digunakan untuk seleksi yang kemudian terkenal dengan istilah *Marker Assisted Selection* (MAS). Kegiatan inilah merupakan dasar dari pekerjaan seleksi menggunakan marka molekuler. Mengingat pekerjaan pemetaan genetik sangat mahal, butuh tenaga banyak, dan kadang membosankan, maka sudah selayaknya pekerjaan ini dibebankan ke banyak peneliti/teknisi, bukan ke perseorangan yang selama ini terjadi. Barangkali beberapa lembaga yang memiliki fasilitas yang sama bisa membagi pekerjaan menjadi beberapa bagian (misal berdasarkan jumlah kromosom), kemudian datanya dikompilasi dan diolah bersama-sama. Dengan cara ini pekerjaan akan bisa selesai dengan cepat.

Penggunaan marka untuk seleksi (MAS) dalam perkembangannya dipadukan dengan program pemuliaan silang balik, sehingga terkenal dengan nama *Marker Assisted Backcrossing* (MABc). Menurut Ribaut dan Hoisington (1998) dengan menggunakan metode MABc ini untuk mengembalikan genom tanaman 98% seperti tetua pemulih dibutuhkan dua kali silang balik, sedangkan dengan cara tradisional diperlukan 4-5 kali silang balik. Apabila diinginkan hanya satu segmen gen saja tanpa ada gangguan dari gen pengikut lain (tidak ada *linkage drag*) bila dilakukan secara tradisional diperlukan sampai 100 kali silang balik dan butuh waktu 50 tahun, sedangkan bila menggunakan marka molekuler cukup dilakukan sampai *backcross* 2 saja. Hal ini sangat menguntungkan bagi dunia pemuliaan tanaman.

Perkembangan lanjut dari metode MABc ini adalah penggunaan marka-marka di seluruh kromosom selain marka yang terpaut dengan gen yang diinginkan. Metode ini terkenal dengan sebutan *Advanced Marker Assisted Backcrossing* (AdvMABc). Metode ini meliputi

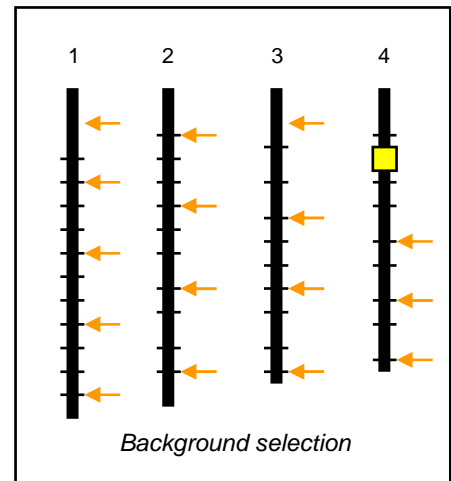
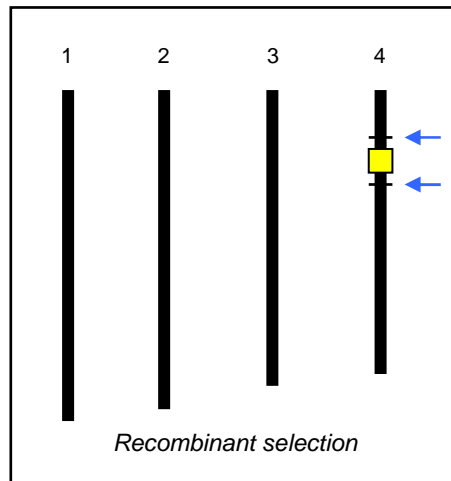
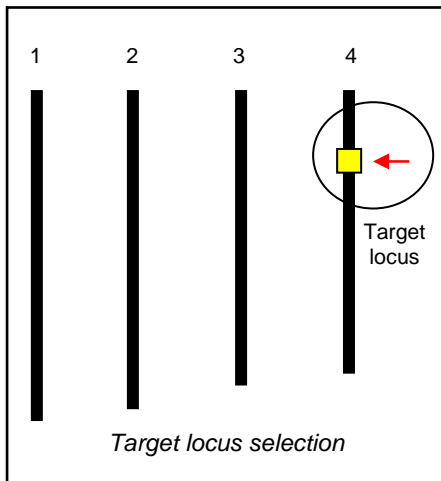


Penggunaan marka molekuler dapat meningkatkan waktu pengembalian genom tetua penerima (*recipient parent*)

dua tahap. Tahap pertama adalah seleksi hasil persilangan dengan marka yang terpaut erat dengan gen yang diinginkan yang dinamakan seleksi *foreground* (*foreground selection*) dan seleksi rekombinan (*recombinant selection*). Seleksi *foreground* ini menggunakan satu marka (atau beberapa) yang terpaut sangat erat (*tightly linked*) dengan sifat yang diinginkan (apabila sudah diketahui gen yang dimaksud dapat menggunakan marka untuk

gen tersebut). Seleksi rekombinan (*recombinant selection*) adalah seleksi dengan menggunakan dua marka di antara marka *foreground*. Marka rekombinan ini terletak berbatasan dengan segmen gen yang dimaksud. Tahap kedua adalah dengan menggunakan marka sebanyak-banyaknya yang tersebar di seluruh kromosom. Tahap ini dinamakan seleksi *background* (*background selection*). Penggunaan seleksi *background* ini akan mem-

percepat pemulihan genom tetua pemulih. Individu yang menghasilkan marka-marka homisigot dominan mengikuti tetua pemulih terbanyak yang akan dipilih untuk tahap persilangan berikutnya. Seleksi *background* memiliki dua tujuan (1) mengurangi proporsi genom donor pada kromosom pembawa segmen gen donor dan (2) mengurangi genom donor pada kromosom lain (Friscth *et al.* 1999).



Marker Assisted Backcrossing (MABc) yang dipadukan dengan marka *foreground*, rekombinan dan *background* bisa lebih mempercepat proses pengembalian ke genom tetua penerima

Contoh-contoh penggunaan marka molekuler untuk tujuan MAS misalnya seleksi untuk gabungan sifat kualitas beras dan resistensi terhadap BLB (*bacterial blight resistance*) pada beras Basmati, MAS dengan menggunakan marka mikrosatelit untuk menyeleksi gen pemulih kesuburan pada sitoplasma *Triticum timopheevii* yang diintroduksi dalam *Triticum aestivum*, MAS pada tanaman seereal dengan menggunakan piramiding gen-gen resisten, MAS pada tanaman kacang-kacangan, MAS pada tanaman ketimun, MAS pada tanaman jagung, MAS pada tanaman tomat, seleksi untuk gen-gen ketahanan terhadap BLB dan gen pengatur lapisan lilin pada padi menggunakan STS dan mikrosatelit, MAS untuk seleksi kualitas yang baik pada barley. Penggabungan beberapa gen yang mengatur terhadap ketahanan BLB pada padi juga bisa dilacak dengan marka PR106. Pada makanan ternak pun MAS juga dimanfaatkan untuk memperbaiki kualitas pakan. Dengan semakin banyak ditemukan

marka-marka yang terpaut dengan gen-gen pengendali sifat tertentu maka penggunaan marka-marka untuk seleksi hasil persilangan akan semakin banyak dilakukan.

Sukses besar yang telah dilakukan IRRI adalah merakit tanaman padi yang toleran terhadap genangan (*submergence*). Kondisi iklim di India yang mengalami genangan air (banjir) mencapai 10 juta hektar menghendaki padi yang mampu bertahan hidup walaupun dalam kondisi tenggelam dalam air. Mega varietas Swarna (dari India dan Bangladesh) ditambahkan dengan gen *sub1* yang berada pada varietas IR49830. Metode yang digunakan adalah MABc dengan marka *foreground*, *rekombinan*, dan *background*. Padi yang dihasilkan dengan metode ini sekarang sudah menunjukkan hasil sesuai yang diharapkan dan dapat diterima dengan baik oleh masyarakat di India. BB-Biogen sekarang juga sedang mulai melakukan penelitian dengan metode seperti itu, yakni introduksi gen *pup1* untuk mengatasi kekurangan unsur P (Fosfor) yang se-

ringkali terjadi di lahan-lahan pertanian. Untuk penelitian yang sedang berjalan baru ditujukan untuk daerah padi gogo. Seandainya penelitian ini berhasil, maka tidak menutup kemungkinan gen *pup1* ini akan diintroduksi ke padi sawah Indonesia yang memiliki spektrum lebih luas.

#### Daftar Pustaka

- Collard, B.C.Y., M.Z. Jahufer, J.B. Brouwer, and E.C.K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142:169-196.
- Friseth, M., M. Bohn, and A.E. Melchinger. 1999. Minimum sample size and optimal positioning of flanking markers in marker-assisted backcrossing for transfer of a target gene. *Crop Sci.* 39:967-975.
- Ribaut, J.M. and D. Hoisington. 1998. Marker-assisted selection: new tools and strategies. *Molecular Breeding* 5:531-541.

Joko Prasetyono