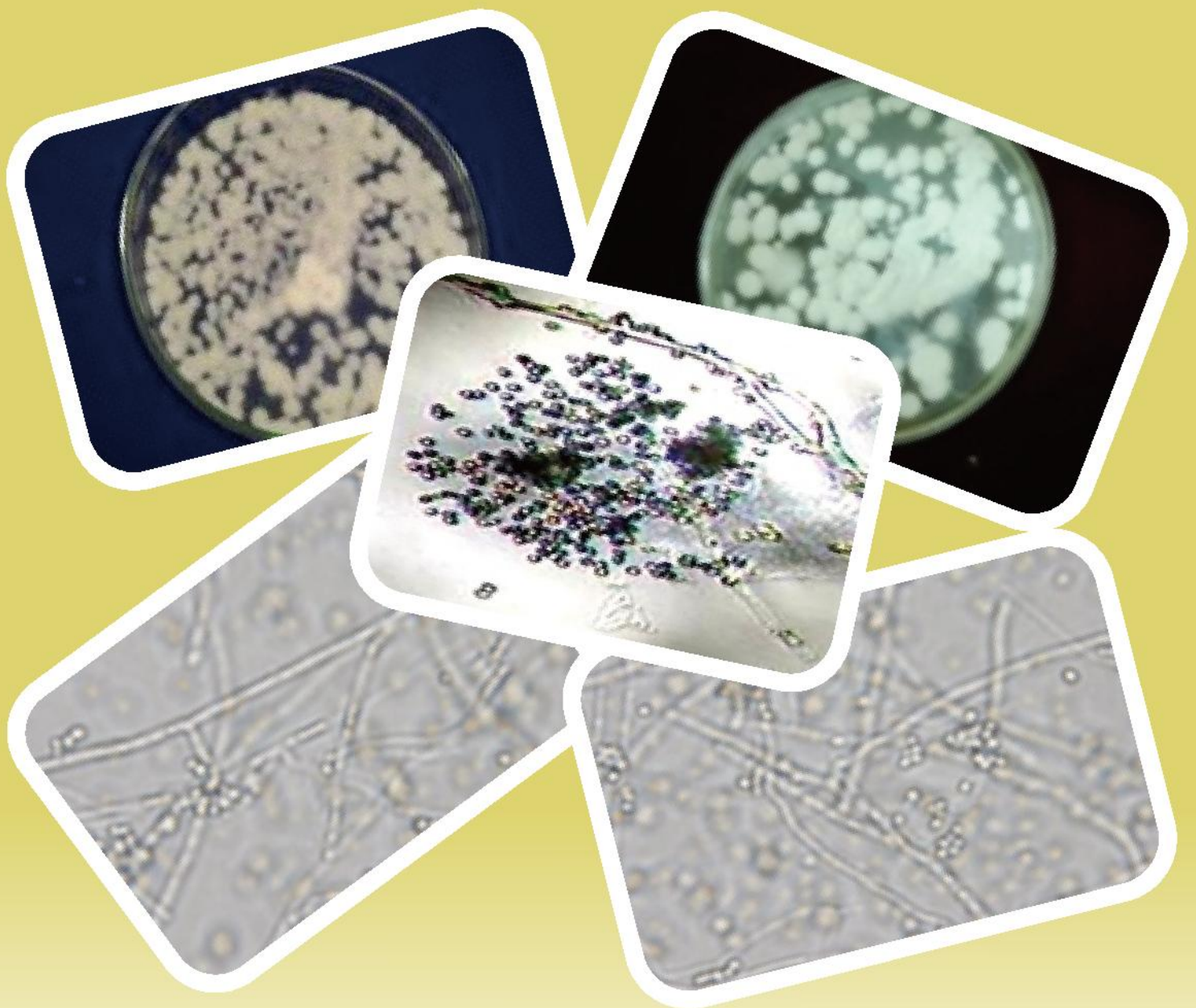


Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati



BERITA BIOLOGI

Vol. 15 No. 2 Agustus 2016

Terakreditasi Berdasarkan Keputusan Kepala Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia
No. 636/AU3/P2MI-LIPI/07/2015

Tim Redaksi (*Editorial Team*)

Andria Agusta (Pemimpin Redaksi, *Editor in Chief*)
Kusumadewi Sri Yulita (Redaksi Pelaksana, *Managing Editor*)
Gono Semiadi
Atit Kanti
Ary P. Keim
Siti Sundari
Evi Triana
Kartika Dewi

Desain dan Layout (*Design and Layout*)

Muhamad Ruslan, Fahmi

Kesekretariatan (*Secretary*)

Nira Ariasari, Enok, Budiarjo

Alamat (*Address*)

Pusat Penelitian Biologi-LIPI
Kompleks Cibinong Science Center (CSC-LIPI)
Jalan Raya Jakarta-Bogor KM 46,
Cibinong 16911, Bogor-Indonesia
Telepon (021) 8765066 - 8765067
Faksimili (021) 8765059
Email: berita.biologi@mail.lipi.go.id
jurnalberitabiologi@yahoo.co.id
jurnalberitabiologi@gmail.com

Keterangan foto cover depan: Morfologi jamur *Beauveria* spp. A dan B= koloni *Beuveria* pada agar media, Sesuai dengan makalah pada halaman 175.



ISSN 0126-1754

636/AU3/P2MI-LIPI/07/2015

Volume 15 Nomor 2, Agustus 2016

Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati

Berita Biologi	Vol. 15	No. 2	Hlm. 107 - 206	Bogor, Agustus 2016	ISSN 0126-1754
----------------	---------	-------	----------------	---------------------	----------------

Pusat Penelitian Biologi - LIPI

Ucapan terima kasih kepada
Mitra Bebestari nomor ini
15(2) – Agustus 2016

Dr. Nuril Hidayati
Dr. Atit Kanti, S.Si., M. Sc.
Prof. Dr. Tukirin Partomihardjo
Dr. Kusuma Dewi Sri Yulita
Dr. Tjandra Chrismadha
Dr. Joko Sulistyo
Dr. Dwi Setyo Rini
Dr. Dono Wahyuno
Dr. Ir. Fauzan Ali M. Sc.
Dr. Heddy Julistiono
Waras Nurcholis, SSi, MSi.
Evi Triana S.Si., M.Kes

IDENTIFIKASI GEN / QTL (*Quantitative Trait Loci*) SIFAT TOLERAN CEKAMAN ALUMINIUM PADA GALUR-GALUR PADI GOGO [Identification of Gene/QTL (*Quantitative Trait Loci*) for Aluminium Stress Tolerant in Upland Rice Lines]

Dwinita W Utami^{1✉}, I Rosdianti¹, S Yuriyah¹, AD Ambarwati¹, I Hanarida¹, Suwarno² dan Miftahudin³

¹Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian
Jalan Tentara Pelajar No.3A, Bogor 16111

²Balai Besar Penelitian Padi Jalan Raya IX, Sukamandi-Subang, Jawa Barat, Indonesia

³Departemen Biologi, FMIPA IPB Gedung Fakultas Peternakan, Lt 5 Wing 1, Kampus IPB, Dramaga, Bogor
email: dnitawu@windowslive.com

Revisi: 29 Juli 2016

ABSTRACT

Program on the ability of agriculture to provide rice as a staple food tends to decrease with the reduced land area used for rice cultivation. improvement rice production should be directed to use marginal land as dry and acid land, where poisoning aluminium was seen as a constraint factor. Development of Aluminium (Al) tolerant variety is needed to increase rice production. This technology was environmentally friendly, cheaper and also easier for farmers adopted. The rice lines with broad genetics background which tolerant to Al toxicity has been produced by breeding program. The diversity of Indonesian local rice germplasm is a basic foundation on development of Al toxicity tolerant rice varieties. The purpose of this research was to analyze the genotype variety using 384 SNPs markers on selected Al tolerant rice lines based on bioinformatics approach. Based on the 384 SNPs markers, the total 26 selected genotypes were clustered into 5 groups. Each group was having varied Relative Root Length (RRL), which was an Al tolerant parameter of phenotype. These groups were indicated for having different genes or QTL that were related to the Al tolerant character. The association analysis obtained 9 significant SNPs markers that can be applied as the molecular markers for assisting selection in breeding program.

Key words: Gen / QTL for Aluminium tolerant; molecular markers; upland rice

ABSTRAK

Kemampuan pertanian untuk menyediakan beras sebagai makanan pokok cenderung menurun dengan berkurangnya areal pertanian padi. Pengembangan lahan untuk pertanian padi diharapkan dapat dilakukan pada tanah-tanah marginal, dimana cekaman Aluminium (Al) merupakan salah satu kendala. Varietas padi toleran cekaman Al diperlukan untuk meningkatkan produksi beras. Teknologi ini telah diketahui ramah lingkungan, murah dan mudah diadopsi petani. Galur-galur padi yang berlatar belakang genetik luas yang memiliki toleransi terhadap cekaman Al telah dihasilkan dari program pemuliaan. Diversitas plasma nutfah padi lokal toleran cekaman Al merupakan bahan dasar untuk memperoleh varietas padi toleran cekaman Al. Tujuan dari penelitian ini adalah menganalisis data keragaman genotipe menggunakan 384 marka SNP pada galur-galur terseleksi toleran Al berdasarkan beberapa pendekatan berbasis teknologi bioinformatika. Berdasarkan analisis struktur populasi keragaman genotipe menggunakan 384 marka SNP pada 26 galur terpilih, terdapat 5 kelompok yang memiliki kisaran RPA bervariasi. Kelima kelompok galur-galur tersebut terdeteksi memiliki alel gen/QTL yang berbeda-beda sehingga karakter toleransinya pun berbeda-beda. Hasil analisis asosiasi diperoleh 9 marka SNP yang bersifat signifikan. Marka-marka ini dapat diaplikasikan sebagai marka untuk membantu seleksi dalam program pemuliaan.

Kata kunci: Gen / QTL sifat toleran cekaman Al, marka molekuler, padi gogo, SNP marker

PENDAHULUAN

Saat ini tingkat produksi padi cenderung menurun terutama disebabkan berkurangnya luas lahan yang dapat digunakan untuk budidaya padi. Hal ini antara lain disebabkan banyaknya alih fungsi lahan produktif menjadi kawasan industri dan permukiman. Akibatnya upaya eskstensifikasi ke lahan-lahan marginal menjadi pilihan untuk usaha pertanian, termasuk budidaya padi. Lahan-lahan marginal tersebut adalah termasuk lahan kering masam, yang di Indonesia luas lahannya mencapai 102,8 ha atau sekitar 54,6% dari total luas lahan (Mulyani *et al.*, 2009). Tanah masam di Indonesia tersebar luas di pulau Kalimantan, Sumatera, dan beberapa wilayah di Sulawesi, Jawa, dan Papua (Lynch dan St. Clair,

2004). Pada kelompok tanah andosol, akrisol, podsol, ferralsol, fluvisol, dan planasol, toksisitas aluminium sangat dominan mempengaruhi pertumbuhan dan produksi tanaman (Baligar *et al.*, 2001).

Perluasan lahan pertanian ke lahan kering masam menghadapi beberapa kendala, diantaranya adalah tingginya tingkat kelarutan Aluminium (Al), kadar hara makro dan mikro yang tidak mencukupi kebutuhan tanaman, dan kandungan bahan organik yang rendah (Roesmarkam *et al.*, 1992; Sanchez, 1992). Sementara menurut Marschner (1995), terdapat tiga faktor penghambat pertumbuhan tanaman di lahan masam, yaitu (1) konsentrasi H^+ , Al, dan Mn yang tinggi menyebabkan keracunan pada tanaman, (2) rendahnya konsentrasi Ca, Mg, K, P, M, dan Mo

sehingga terjadi defisiensi hara mineral pada tanaman, (3) terjadi penghambatan pertumbuhan akar dan penyerapan air sehingga menyebabkan defisiensi hara mineral pada tanaman dan cekaman kekeringan. Dari semua faktor tersebut, keracunan Al merupakan faktor penghambat utama pertumbuhan tanaman di tanah masam. Pada pH netral, Al membentuk kompleks dengan ion hidroksida yang tidak larut, tetapi pada pH asam akibat terjadinya penumpukan ion H^+ yang tinggi di dalam tanah atau media tumbuh, Al berada dalam bentuk Al^{3+} seperti pada reaksi : $Al(OH)_3 + 3H^+ = Al^{3+} + 3H_2O$ (Harter, 2002) yang toksik karena bersifat mudah larut dan mempunyai kemampuan mengkelat yang tinggi. Selain itu, pada larutan dengan $pH < 5,0$ ion Al berbentuk oktahedral $Al(H_2O)_6^{3+}$ yang sering disingkat Al^{3+} . Dengan semakin berkurangnya tingkat kemasaman, $Al(H_2O)_6^{3+}$ mengalami deprotonisasi menjadi $Al(OH)_2^{2+}$ dan $Al(OH)_2^+$ yang tidak beracun bagi tanaman (Mossor-Pietraszewska, 2001).

Pada tanah-tanah masam seperti tanah podsolik merah kuning, bentuk Al^{3+} merupakan bentuk yang paling dominan dan sangat beracun bagi akar tanaman sehingga pertumbuhan akar dan tajuk terhambat, akar pendek, tebal dan menggulung, tudung akar rusak dan berwarna merah kecokelatan, yang pada akhirnya sistem perakaran rusak dan penyerapan hara oleh tanaman terganggu (Delhaize dan Ryan, 1995; Ma *et al.*, 2005). Salah satu cara untuk menanggulangi masalah tersebut adalah menggunakan varietas padi yang toleran Al dengan produktivitas yang tinggi.

Penggunaan varietas toleran Al diyakini menjadi solusi terbaik untuk peningkatan hasil padi di lahan kering masam. Namun demikian, varietas padi yang toleran terhadap keracunan Al masih terbatas. Hal ini disebabkan pengetahuan fisiologi dan molekuler yang mendasari mekanisme toleransi Al belum sepenuhnya diketahui. Beberapa penelitian menunjukkan bahwa sifat toleransi padi terhadap cekaman Al dikendalikan oleh lebih dari satu gen (Ma *et al.*, 2002; Nguyen *et al.*, 2001a, 2001b, 2002, 2003; Wu *et al.*, 2000) dan pengaruh sifat aditif lebih besar daripada pengaruh sifat dominan (Khaliwada *et al.*, 1996; Wu *et al.*, 1997).

Galur-galur hasil beragam persilangan yang membawa sifat toleran keracunan Al telah dihasilkan

dari program pemuliaan. Galur-galur ini perlu diseleksi baik untuk sifat agronomi maupun toleransi terhadap keracunan Al, secara fisiologis dan juga dengan memanfaatkan marka molekuler.

Perkembangan teknologi terkini berbasis genom saat ini memungkinkan untuk mengeksplorasi keragaman genotipe plasma nutfah padi untuk pengembangan galur-galur harapan baru. Sejalan dengan perkembangan teknologi tersebut maka telah dilakukan analisis genotipe beberapa galur terseleksi toleran keracunan Al menggunakan mesin iScan dengan pendekatan teknologi *Genotyping GoldenGate* dari Illumina dengan 384 marka SNP dalam bentuk *chip* (Utami *et al.*, 2013 unpublished). Tujuan dari penelitian ini adalah menganalisis data keragaan genotipe menggunakan 384 marka SNP pada galur-galur terseleksi toleran Al dengan berdasarkan beberapa pendekatan berbasis teknologi bioinformatika.

BAHAN DAN CARA KERJA

Material genetik

Dua puluh tiga galur padi gogo beserta beberapa galur/varietas sebagai tanaman kontrol digunakan dalam analisis bioinformatik (Tabel 1). Galur-galur tersebut merupakan galur-galur terpilih yang memiliki keragaman fenotipe, terutama karakter RPA (Relatif Panjang Akar) sebagai salah satu parameter tanaman padi toleran keracunan Al.

Marka molekuler yang digunakan untuk analisis genotyping adalah total 384 marka SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) yang didesain berdasarkan penyebarannya pada total 12 kromosom genom padi dengan rata-rata jarak per SNP-nya bervariasi untuk masing-masing kromosom (Tabel 2). Marka-marka SNP tersebut digunakan untuk mengidentifikasi profil genotipe setiap galur padi yang dianalisis

Metode

Analisis *genotyping* dilakukan menggunakan teknologi *Illumina's Bead Array* berdasarkan metode *GoldenGate assay*. Data-data genotipe yang dihasilkan menggunakan 384 marka SNP di atas selanjutnya dianalisis menggunakan beberapa program berbasis teknologi bioinformatika sehingga diperoleh informasi yang dapat dimanfaatkan untuk mendukung tujuan program pemuliaan. Beberapa

Tabel 1. Galur padi terseleksi untuk analisis bioinformatik berdasarkan data keragaman genotipe menggunakan 384 marka SNP (*Selected rice lines for bioinformatic analysis based on genotype variation using 384 SNP markers*)

No	Galur(Line)	RPA	No	Galur(Line)	RPA
1	Al-B11604E-TB-2-10-7	0.89	14	B11582F-MR-5-3-2	0.97
2	B12165D-MR-8-3	0.98	15	B13630E-9MR-1	0.87
3	B121816E-MR-13-4	0.88	16	B11592F-MR-23-2-5	0.79
4	B12165D-MR-33-1-3	0.96	17	B12497C-MR-45-6	0.90
5	B12154D-MR-22-3-1	0.88	18	TB155J-TB-MR-3-1-5	0.91
6	B121816E-MR-13-5	0.81	19	B11592F-MR-14-3-4-8	0.57
7	B11599D-TB-2-6-1-5	0.90	20	B13630E-1MR-1	0.93
8	Al-B12489C-MR-49-1-4	1.00	21	B13612E-1MR-4	0.76
9	B13630E-1MR-4	0.93	22	B12798E-MR-36-7	0.74
10	B12803E-MR-10-2-2	0.90	23	B12476E-MR-12-3-1	0.73
11	B13630E-3MR-9	0.89	24	IR60080-23*	0.79
12	B12816E-MR-9-9-2	0.90	25	Danau Gaung**	0.61
13	B13630E-3MR-13	0.93	26	Limboto***	0.79

Keterangan: Galur padi no. 1 – 23 adalah galur padi gogo terpilih; *IR60080-23: galur kontrol toleran; **Danau Gaung: varietas kontrol peka; ***Limboto: varietas unggul padi gogo (kontrol). (*No. 1-23 is the selected upland rice lines, *IR60080-23 as a tolerant control, **Danau Gaung as a susceptible control, and ***Limboto as a tolerant control for upland rice varieties*)

Tabel 2. Informasi SNP terpilih untuk dirancang sebagai *custom design* 384 SNP-chip (*Information of the selected SNP for designing custom 384 SNP-chip*)

Kromosom (Chromosome)	Jumlah marka (Number of Markers)	Posisi genetik (basa) (Genetic position (bp))		Rerata jarak per SNP (basa) (Average distance per SNP (bp))
		Awal (Start)	Akhir (Stop)	
1	39	2,899,077	44,447,118	1,065,334
2	37	568,585	36,191,386	962,778
3	33	3,247,991	10,452,461	218,317
4	32	4,267,775	34,111,504	932,617
5	31	917,435	28,850,700	901,073
6	36	370,160	28,968,990	794,412
7	30	1,899,740	29,931,834	934,403
8	36	388,278	28,465,614	779,926
9	28	4,732,861	23,361,116	665,295
10	18	2,038,800	20,426,137	1,021,519
11	29	1,473,671	30,575,776	1,003,521
12	35	1,156,934	27,728,824	759,197

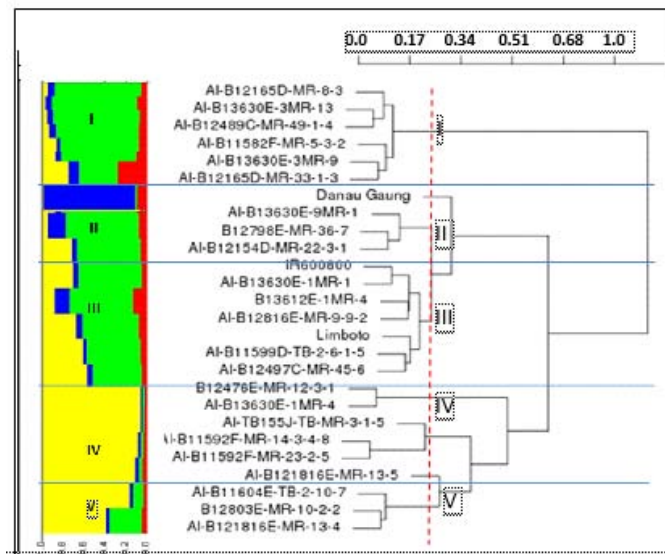
analisis yang dilakukan, yaitu analisis struktur populasi dan keragaman genetik dari galur-galur terpilih menggunakan perangkat lunak STRUCTURE (<http://pritch.bsd.ichicago.edu/structure.html>. Pritchard *et al.*, 2000), Flapjack 1.14.03.17 (<http://bioinf.hutton.ac.uk/flapjack>) dan Tassel (<http://www.maizegenetics.net/tassel>).

HASIL

Struktur populasi dan keragaman genetik galur-galur terpilih

Berdasarkan keragaman genotipe menggunakan *custom design* 384 SNP yang diperoleh dapat diketahui struktur populasi dan keragaman genetik dari galur-galur terpilih yang diuji (Gambar 1).

Terdapat 5 kelompok subpopulasi dari total



Gambar 1. Struktur populasi (kiri) dan dendrogram (kanan) galur-galur terpilih berdasarkan analisis keragaman genetik menggunakan 384 marka SNP. (*Population structure and dendrogram based on genetic variation analysis of selected rice lines using 384 SNP marker.*)

26 galur yang dianalisis (Gambar 1). Kelima kelompok subpopulasi tersebut membentuk struktur populasi seperti digambarkan pada Gambar 1 sebelah kiri, yang menunjukkan adanya latar belakang genetik yang berbeda pada masing-masing subpopulasi. Variasi genetik yang berbeda ditunjukkan oleh perbedaan warna (hijau, kuning, biru dan merah). Adanya variasi genetik ini mengindikasikan adanya perbedaan introgresi yang beragam pada masing-masing galur uji.

Karakterisasi genotipe dan analisis gen/QTL untuk sifat toleran keracunan Al

Informasi gen-gen yang mengendalikan sifat toleran terhadap keracunan Al diantaranya telah diketahui terpetakan di kromosom 3 dari genom padi (Miftahudin *et al.*, 2008 unpublished). Disamping itu beberapa gen/QTL yang berkontribusi membentuk sifat toleran keracunan Al pada tanaman padi juga telah banyak dipetakan dan diidentifikasi sampai pada ekspresi dari gen/QTL tersebut (Tsutsui *et al.*, 2012). Informasi gen/QTL Al toleran yang telah dipetakan ditampilkan pada Tabel 3. Informasi peta genetik dan peta fisik ini selanjutnya digunakan sebagai dasar dalam menganalisis profil genotipe dan mengidentifikasi gen/QTL terkait sifat toleran terhadap keracunan Al pada galur-galur uji.

Identifikasi gen/QTL toleran Al dilakukan berdasarkan keragaman profil genotipe masing-masing kelompok subpopulasi galur-galur uji. Gambar 2 menunjukkan keragaman profil genotipe di setiap lokus marka SNP yang digunakan, yang terpetakan pada masing kromosom genom padi. Marka SNP yang konsisten bersifat polimorfis (ditunjukkan dengan warna yang berbeda), menunjukkan bahwa marka ini dapat membedakan genotipe galur toleran ($RPA > 0.71$) dan galur peka. Hal tersebut mengindikasikan bahwa pada lokus ini terdapat alel gen/QTL toleran Al untuk galur yang toleran dan pada galur yang peka tidak memiliki alel tersebut. Berdasarkan posisi genetik dari marka SNP yang polimorfis ini maka dapat dilacak gen/QTL yang terkait dengan sifat toleran Al.

Analisis profil genotipe dilakukan dengan membandingkan profil genotipe galur uji dengan varietas kontrol. Pada kelompok I ini digunakan Danau Gaung sebagai varietas kontrol peka. Beberapa lokus SNP yang bersifat polimorfis antara galur-galur uji dengan Danau Gaung ditandai dengan nama SNP beserta posisi genetiknya. Berdasarkan hasil analisis polimorfisme pada galur-galur yang termasuk dalam kelompok subpopulasi I, beberapa lokus polimorfis terdeteksi pada kromosom 1, 2, 3, 6, 9 dan 12. Pada kromosom 1 terdapat 2 lokus SNP yang

Tabel 3. Peta genetik dan peta fisik beberapa QTL/gen terkait karakter toleran terhadap keracunan Al (*Genetic and physical map of QTLs/genes related to Al toxicity tolerance*).

ID QTL (<i>QTL's ID</i>)	Kromosom (<i>Chromosome</i>)	Set peta genetik (<i>Genetic map set</i>)	Posisi genetik ^{*)} (cM) (<i>Genetic position (cM)</i>)			Posisi fisik (Mb) ^{**) (Physical position (Mb))}
			Awal (<i>Start</i>)	Akhir (<i>Stop</i>)	Marka terpaut (<i>Linkage marker</i>)	
AQEZ006	1	CNZU IR1552/Azu RI QTL	221.8	237.8	RG381, RG323, RZ801, R3203, RG222	33,7-40,9
AQEZ001	1	CNZU IR1552/Azu RI QTL	230.5	237.8	RG323, RZ801, RG381, RG222	
AQAY001	1	NIAS Kosh/Kas BIL QTL	106.2	112.0	C86, R2625, C813, C742	
AQEZ002	1	CNZU IR1552/Azu RI QTL	221.8	237.8	RG381, RG323, RZ801, R3203, RG222	
AQEZ005	1	CNZU IR1552/Azu RI QTL	230.5	237.8	RG323, RZ801, RG381, RG222	
AQAY002	2	NIAS Kosh/Kas BIL QTL	0.0	7.7	R2510, R2460, E61928S	0.54-1,91
	3				RM489 - RM2790	4,467- 4,505
AQAY003	6	NIAS Kosh/Kas BIL QTL	12.0	20.7	S1520, G200, R1952, R2171	29,94-29,95
AQEZ003	9	CNZU IR1552/Azu RI QTL	34.4	73.1	RZ698, RG757, RZ422	2,6-15,5
AQEZ007	9	CNZU IR1552/Azu RI QTL	34.4	73.1	RZ698, RG757, RZ422	
AQEZ004	12	CNZU IR1552/Azu RI QTL	223.5	236.5	RM117, RG9	40,0
AQEZ008	12	CNZU IR1552/Azu RI QTL	223.5	236.5	RM117, RG9	

*) www.Gramene.org ; **) Ma *et al.*, 2002; Mao *et al.*, 2004; Tsuitsui *et al.*, 2012.

bersifat polimorfis, yaitu TBGI045769 (posisi genetik: 28,443,100 bp) dan TBGI043933 (posisi genetik: 27,204,582 bp). Polimorfisme pada kedua lokus tersebut ditunjukkan oleh perbedaan keragaman galur-galur uji yang memiliki profil genotipe berwarna merah, sedangkan varietas Danau Gaung berwarna hijau. Berdasarkan posisi genetiknya, pada kedua lokus ini juga telah terpetakan gen ART1 (*Al³⁺ resistance transcription factor*) yang terekspresi pada saat pemanjangan akar (*root elongation*) (Tsuitsui *et al.*, 2012). Pendekatan analisis yang sama juga dilakukan pada kelima kelompok subpopulasi untuk masing-masing kromosom.

Hasil analisis variasi profil genotipe subpopulasi kelompok II ditampilkan pada Gambar 3. Lokus SNP polimorfis terdeteksi pada kromosom 3 dan kromosom 9, dimana pada posisi ini juga terpetakan beberapa QTL terkait dengan karakter toleran Al.

Pada kelompok subpopulasi III, lokus polimorfis terdeteksi pada kromosom 2 dan kromosom 6, dimana juga telah terpetakan gen *ART1* dan *QTL-Alt6* (Gambar 4).

Hasil analisis profil genotipe subpopulasi kelompok IV (Gambar 5) terlihat adanya lokus polimorfisme pada kromosom 1 dan kromosom 2. Gen *ART1* juga telah diketahui terpetakan pada posisi

yang sama. Pada kelompok ini digunakan galur peka B12476E-MR-12-3-1 sebagai kontrol.

Pada kelompok V terdeteksi beberapa QTL yang terpetakan pada posisi lokus SNP yang polimorfis, yaitu di kromosom 3, 6 dan 9.

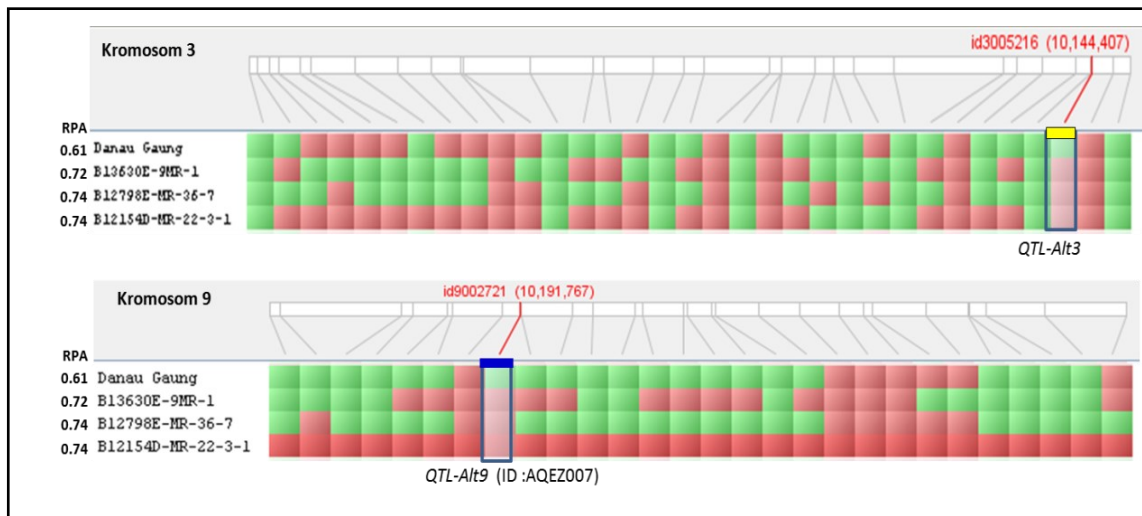
Tabel 4 menunjukkan bahwa galur-galur yang termasuk dalam kelompok I terdeteksi memiliki gen/QTL untuk karakter toleran keracunan Al yang tersebar di kromosom 1,2,3,6,9 dan 12. Sedangkan galur-galur yang terdapat pada kelompok II terdeteksi memiliki QTL yang paling sedikit, yaitu terpetakan di kromosom 3 dan 9. Marka-marka SNP yang menandai gen/QTL pada masing-masing kelompok galur dapat digunakan sebagai marka untuk membantu seleksi terkait karakter toleran keracunan Al.

Analisis asosiasi antara keragaman genotipe dan fenotipe sifat toleran keracunan Al

Untuk mendapatkan galur uji yang berasosiasi terhadap marka yang digunakan untuk analisis *genotyping* maka dilakukan analisis asosiasi antara data keragaman genotipe dengan keragaman fenotipe, yang dalam hal ini adalah salah satu karakter toleran cekaman keracunan Al, yaitu RPA. Berdasarkan hasil analisis tersebut, terpilih marka-marka yang memiliki tingkat signifikansi nyata (P



Gambar 2. Profil genotipe galur-galur yang terdapat pada kelompok I beserta varietas kontrol peka, Danau Gaung. (*Genotype profile of the selected rice lines clustered in group I comparing with the most susceptible control line, Danau Gaung*).



Gambar 3. Profil genotipe galur-galur yang terdapat pada kelompok II beserta varietas kontrol peka, Danau Gaung (*Genotype profile of the selected rice lines clustered in group II comparing with the susceptible control, Danau Gaung.*)

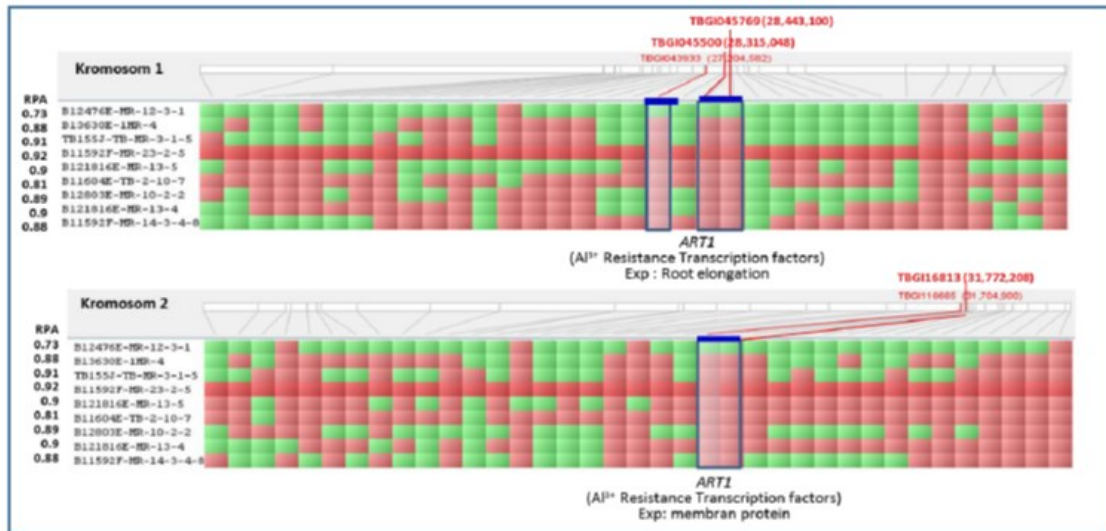


Gambar 4. Profil genotipe galur-galur yang terdapat pada kelompok III beserta varietas kontrol medium toleran, Limboto dan IR600800. (*Genotype profiles of the selected rice lines clustered in group III comparing with the one of medium tolerant control line, Limboto and IR600800.*)

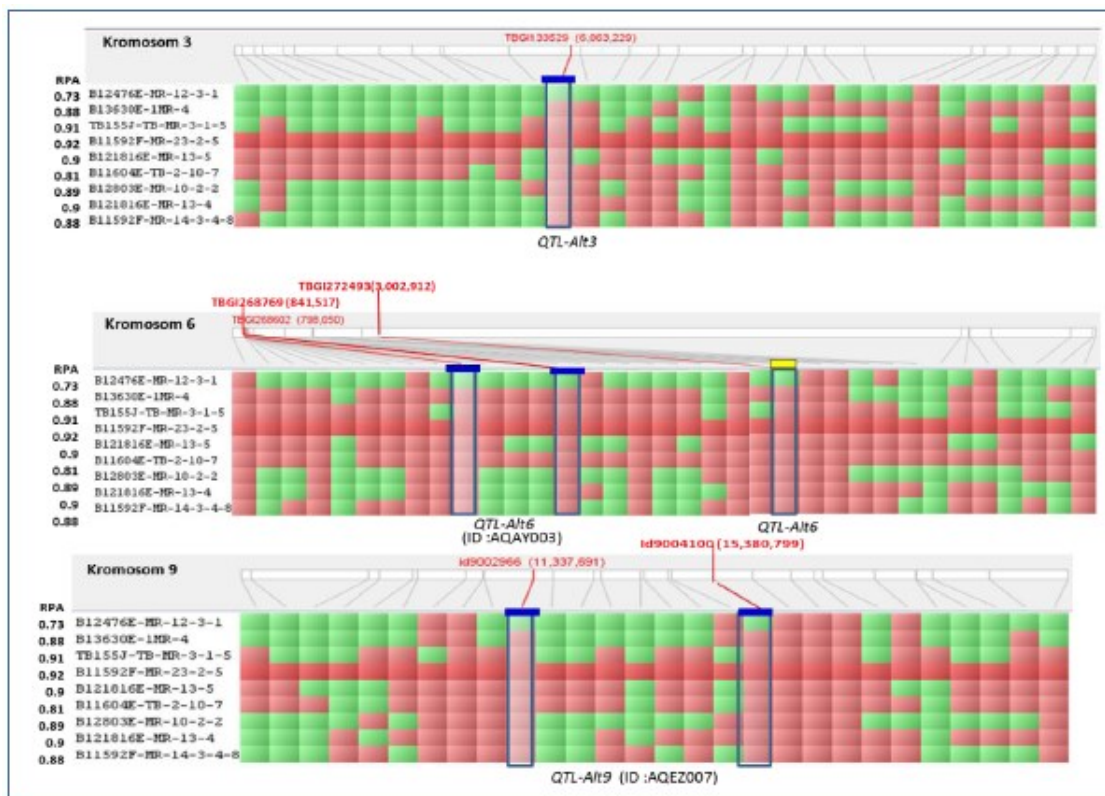
val < 0.05) sebagai kandidat marka penyeleksi sifat toleran keracunan Al (Tabel 5).

Tabel 5 menunjukkan bahwa terdapat 9 marka SNP yang signifikan berasosiasi dengan karakter RPA. Kesembilan marka SNP tersebut terdapat pada

kromosom 2, 3, 6, 7 dan 8. Berdasarkan hasil analisis profil genotipe yang diuraikan di atas, dari kelima kromosom tersebut, adanya alel gen/QTL untuk karakter toleran terhadap keracunan Al belum terdeteksi pada kromosom 7 dan 8. Kemungkinan



Gambar 5. Profil genotipe galur-galur yang terdapat pada kelompok IV beserta galur pembanding yang bersifat medium peka, B12476E-MR-12-3-1. (*Genotype profile of the selected rice lines clustered in group IV comparing with the one of medium susceptible line, B12476E-MR-12-3-1.*)



Gambar 6. Profil genotipe galur-galur yang terdapat pada kelompok V beserta galur pembanding yang bersifat medium peka, B12476E-MR-12-3-1. (*Figure 6. Genotype profiles of the selected rice lines clustered in group V comparing with the one of medium susceptible line, B12476E-MR-12-3-1.*)

Tabel 4. Hasil analisis gen/QTL sifat toleran keracunan Al berdasarkan profil genetika pada galur-galur uji (*Result gene/QTL analysis for Al toxicity tolerance based on genetic profiling of the experimental lines*)

Kelompok	Galur	Marka SNP	Kromosom	Posisi genetika (basa)	Gen /QTL
Group	Line	SNP markers	Chromosome	Genetic position (bp)	Gene/QTL
I	B12165D-MR-8-3	TBGI043933	1	27,204,582	<i>ART1-1</i> ^{**1)}
	B13630-3MR-13	TBGI045769	1	28,443,100	<i>ART1-1</i> ¹⁾
	B12499C-MR-49-1-43	Id2002589	2	4,850,776	<i>QTL-Alt2 (AQAY002)</i> ¹⁾
	B11582F-MR-5-3-2	TBGI116665	2	31,704,900	<i>ART1-2</i> ¹⁾
	B13630E-3MR-9	Id2015428	2	35,263,560	<i>ART1-2</i> ¹⁾
	B12165D-MR-33-1-	Id2016013	2	36,008,616	<i>QTL-Alt2</i> ²⁾
		TBGI133586	3	6,146,384	<i>QTL-Alt3</i> ¹⁾
		TBGI133529	3	6,063,229	<i>QTL-Alt3</i> ¹⁾
		TBGI138313	3	10,006,181	<i>QTL-Alt3</i> ²⁾
		TBGI268535	6	791,409	<i>QTL-Alt6 (AQAY003)</i> ¹⁾
		TBGI268597	6	797,482	<i>QTL-Alt6 (AQAY003)</i> ¹⁾
		TBGI268602	6	798,050	<i>QTL-Alt6 (AQAY003)</i> ¹⁾
		TBGI272493	6	3,002,912	<i>QTL-Alt6</i> ²⁾
		Id900272	9	10,191,767	<i>QTL-Alt9 (AQEZ007)</i> ¹⁾
		Id9002966	9	11,337,691	<i>QTL-Alt9 (AQEZ007)</i> ¹⁾
		Id9004100	9	15,380,799	<i>QTL-Alt9 (AQEZ007)</i> ¹⁾
		Id12001007	12	2,173,074	<i>QTL-Alt12</i> ²⁾
		Id12005822	12	17,559,416	<i>QTL-Alt12</i> ²⁾
		Id12008894	12	24,948,584	<i>QTL-Alt12</i> ²⁾
II	Danau Gaung	Id3005216	3	10,144,407	<i>QTL-Alt3</i>
	B13630E-9MR-1	Id9002721	9	10,191,767	<i>QTL-Alt9</i>
	B12798E-MR-36-7				
	B12154D-MR-22-3-1				
III	IR600800	TBGI116813	2	31,792,208	<i>ART1-2</i>
	B13630E-1MR-1	TBGI272470	6	2,992,745	<i>QTL-Alt6</i>
	B13612E-1MR-4	TBGI272571	6	3,009,291	<i>QTL-Alt6</i>
	B12816E-MR-9-9-2				
	Limboto				
	B11599D-TB-2-6-1-5				
IV	B12497C-MR-45-6				
	B12476E-MR-12-3-1	TBGI043933	1	27,204,582	<i>ART1-1</i>
	B13630E-1MR-4	TBGI043933	1	28,315,048	<i>ART1-1</i>
	TB155J-TB-MR-3-1-5	TBGI04569	1	28,443,100	<i>ART1-1</i>
	B11592F-MR-23-2-5	TBGI116665	2	31,704,900	<i>ART1-2</i>
V		TBGI16813	2	31,772,208	<i>ART1-2</i>
	B121816E-MR-13-5	TBGI133529	3	6,063,229	<i>QTL-Alt3</i>
	B11604E-TB-2-10-7	TBGI268602	6	798,050	<i>QTL-Alt6 (ID: AQAY003)</i>
	B12803E-MR-10-2-2	TBGI268769	6	841,517	<i>QTL-Alt6 (ID: AQAY003)</i>
	B121816E-MR-13-4	TBGI272493	6	3,000,912	<i>QTL-Alt6</i>
		Id9002966	9	11,337,691	<i>QTL-Alt9 (ID: AQEZ000)</i>
		Id9004100	9	15,380,799	<i>QTL-Alt9 (ID: AQEZ000)</i>

¹⁾Kelompok keragaman genotipe; ²⁾ART = *Al³⁺ Resistance Transcription Factor*; Gen *ART1-1* berperan dalam pemanjangan akar; *ART1-2* berperan dalam pembentukan protein membran dan metabolisme. Gen QTL hasil analisis teridentifikasi oleh ¹⁾Tsutsui *et al.*, 2012 dan Ma *et al.*, 2002 (³⁾Groups of genotype diversity; ⁴⁾ART = *Al³⁺ Resistance Transcription Factor*; *ART1-1* gene role in root elongation; *ART1-2* gene role in formation of membrane protein and metabolism; Genes/QTL(s) were identified by ¹⁾Tsutsui *et al.*, 2012 and Ma *et al.*, 2002)

alel gen/QTL toleran Al pada kromosom 7 dan 8 tersebut merupakan alel gen/QTL yang baru yang belum terpetakan dari penelitian sebelumnya. Dari beberapa galur terpilih terdapat 2 galur yang bersifat heterozigot, yaitu galur B12497C-MR-45-6 dan galur B13630E-3MR-9, sehingga kemungkinan kedua galur tersebut masih bersegregasi.

PEMBAHASAN

Hasil keragaman genotipe pada Gambar 1 memperlihatkan bahwa diantara 26 galur/varietas yang dianalisis tampak terbagi menjadi lima kelompok. Hal ini tergambar baik pada struktur populasi maupun dendrogram kekerabatan genetika masing-masing galur.

Kelompok I terdiri dari galur-galur toleran yang memiliki kisaran RPA antara 0,93-1,00. Berdasarkan latar belakang genetiknya, galur-galur

Tabel 5. Hasil analisis asosiasi antara data genotipe dengan fenotipe (Results of *Genotyping and phenotyping association analysis*)

No.	Marka SNP (SNP Marker)	Kromo- som (Chrom osom)	Posisi genetik (pasang basa) (Genetic position (base pair))	Aksesi/Genotipe (Accession/Gentype)	Estimasi Efek (Effect Estimation)	RPA	F value	P value
1	TBGII38718	3	1.0323.447	B12497C-MR-45-6/AB	0.304	0.90	3.255	0.048
2	TBGII20162	2	34.474.324	B13630E-3MR-9 /AB	0.310	0.96	4.074	0.024
3	TBGI333276	7	26.000.143	B12165D-MR-8-3/BB	0.303	0.98	3.460	0.040
4	id2001565	2	2.819.093	B11582F-MR-5-3-2/BB	0.350	0.93	3.478	0.039
5	TBGI269247	6	1.088.486	B11599D-TB-2-6-1-5/AA	0.350	0.79	5.637	0.005
6	TBGII29566	3	3.665.376	B12489C-MR-49-1-4/AA	0.228	1.00	6.447	0.020
7	id8007067	8	25.990.080	B12165D-MR-33-1-3/BB	0.094	0.96	3.623	0.048
8	TBGI357779	8	20.908.314	B11592F-MR-14-3-4-8/BB	0.269	0.92	3.814	0.029
9	id3005216	3	10.144.407	B12803E-MR-10-2-2/BB	0.311	0.90	4.020	0.025

dalam kelompok I merupakan turunan dari beberapa persilangan yaitu: Batutegi /IRAT13, TB409B-TB-14-3/B11604E-TB-2-4 (berasal dari persilangan: IR60080-23//IRBL8/IRBL23), IR60080-23/BP303 dan Membramo/B.sabit//Gajah Mungkur/Cabacu. Diantara tetua-tetua yang digunakan di atas terdapat beberapa varietas unggul padi gogo, yaitu Batutegi dan Gajah Mungkur, atau galur padi gogo yang sudah digunakan sebagai bahan persilangan varietas padi gogo, yaitu galur IR60080-23 (sebagai salah satu tetua varietas Inpago 5). Profil genotipe dari galur-galur yang terdapat pada kelompok I pada beberapa kromosom dimana gen/QTL toleran Al terpetakan seperti ditampilkan pada Gambar 5. Analisis genotipe dilakukan dengan membandingkan profil genotipe galur-galur toleran dengan varietas rentan, Danau Gaung. Dari hasil analisis tersebut terdeteksi beberapa lokus SNP yang bersifat polimorfis antara galur toleran dan Danau Gaung. Gambar 5 menunjukkan terdeteksinya beberapa alel dari gen/QTL yang telah diketahui berperan dalam membentuk karakter toleran keracunan Al. Dari 12 kromosom yang dianalisis profil genotipenya menggunakan 384 marka SNP, enam kromosom terdeteksi memiliki alel pada lokus-lokus SNP yang polimorfis antara galur toleran dan Danau Gaung. Ke-enam kromosom tersebut adalah kromosom 1, 2, 3, 6, 9, dan 12. Pada kromosom 1 terdeteksi alel *ART1* (*Al^{B+}Resistance Transcription factors*), yang berperan dalam pemanjangan akar (Tsuitsui *et al.*,

2012). Alel ini terdeteksi pada lokus SNP TBGI0457669, terpetakan pada posisi genetik 28,443,100 basa dan lokus SNP TBGI043933 yang terpetakan pada posisi genetik 27,204,582 basa. Kedua posisi genetik lokus SNP di atas sesuai dengan posisi genetik gen *ART1-2*. Pada kromosom 2 juga terdeteksi alel gen *ART1* tetapi diketahui memiliki ekspresi yang berbeda, yaitu berkontribusi dalam pembentukan protein membran dan proses metabolisme detoksifikasi (Tsuitsui *et al.*, 2012). Disamping itu, pada kromosom 2 ini juga terdeteksi beberapa QTL-Al yang diketahui terpetakan sesuai dengan lokus SNP yang bersifat polimorfis. Alel QTL-Al juga terdeteksi pada beberapa kromosom dari galur-galur kelompok I ini, seperti pada kromosom 3 terdeteksi alel *QTL-Alt3*, pada kromosom 6 terdeteksi alel *QTL-Alt6*, pada kromosom 9 terdeteksi alel *QTL-Alt9*, dan pada kromosom 12 terdeteksi alel *QTL-Alt12* (Gambar 5.)

Kelompok II terdiri dari galur-galur yang mempunyai kisaran skor RPA 0.61-0.74 yang merupakan kelompok galur yang agak peka terhadap cekaman keracunan Al. Salah satu varietas yang termasuk dalam kelompok ini adalah varietas Danau Gaung yang merupakan varietas padi gogo yang bersifat tahan terhadap penyakit blas daun dan blas leher, namun rentan terhadap cekaman keracunan Al. Dari hasil analisis profil genotipe galur-galur yang termasuk dalam kelompok ini terdeteksi 2 alel QTL, yaitu *QTL-Alt3* di kromosom 3, dengan posisi genetik

10,144,407 basa dan *QTL-Alt9* di kromosom 9, dengan posisi genetik 10,191,767 basa (Gambar 4).

Analisis profil genotipe dari galur-galur yang terdapat pada kelompok III ditampilkan pada Gambar 7. Kelompok III terdiri dari galur-galur yang memiliki kisaran RPA antara 0,79 – 0,93 (Gambar 7). Kelompok III ini terdeteksi memiliki gen dan QTL yang berperan membentuk sifat toleran terhadap keracunan Al, yang masing-masing terpetakan pada kromosom 2 dan 6. Pada kromosom 2 terdeteksi gen *ART1-2* yang berkontribusi dalam pembentukan protein membran dan proses metabolisme detoksifikasi (Tsuitsui *et al.*, 2012) sebagai dampak dari cekaman keracunan Al. Kelompok III, terdiri dari galur-galur toleran keracunan Al dengan kisaran skor RPA 0,79 – 0,93. Termasuk dalam kelompok III ini galur toleran IR600800 yang telah digunakan sebagai tetua persilangan dari beberapa program pemuliaan perakitan galur unggul padi gogo.

Kelompok selanjutnya adalah kelompok IV, mencakup galur-galur: B12479E-MR-12-3-1, B3630E-1MR-4, TB155J-TB-MR-3-1-5, B11592F-MR-14-3-4-8, dan B11592F-MR-23-2-5. Galur-galur pada kelompok IV memiliki struktur populasi yang didominasi warna kuning dengan kisaran skor RPA 0.73-0.92.

Kelompok terakhir adalah kelompok V yang terdiri atas galur-galur: B121816E-MR-13-5, B11604E-TB-2-10-7, B12903E-MR-10-2-2, dan B121816E-MR-13-4. Galur-galur pada kelompok V memiliki struktur populasi yang juga didominasi oleh warna kuning namun memiliki variasi introgresi yang berbeda dengan kelompok IV. Meskipun demikian, galur-galur yang termasuk kelompok V memiliki kisaran skor RPA yang mirip dengan kelompok IV, yaitu antara 0.81-0.90.

Tabel 6 menunjukkan bahwa sebanyak 12 galur toleran cekaman Al yang memiliki kisaran RPA 0.93–1 dan tergabung dalam kelompok I, memiliki gen/QTL yang paling banyak, yang tersebar di 6 kromosomnya dibandingkan dengan galur-galur uji yang tergabung dalam kelompok lainnya seperti tergambar dalam hasil analisis keragaman genetik (Gambar 4).

Kelompok II memiliki kisaran RPA paling rendah, yaitu antara 0.61-0.74. Dari analisis profil genotipenya kelompok II hanya memiliki 2 QTL,

yaitu *QTL-Alt3* yang terpetakan di kromosom 3 dan *QTL-Alt9* yang terpetakan di kromosom 9.

Galur-galur pada kelompok III terdeteksi memiliki gen *ART1-2* dan QTL-Alt6. Gen *ART1-2* berkontribusi dalam membentuk protein membran dan proses metabolisme detoksifikasi keracunan Al.

Kelompok IV dan V memiliki kisaran skor RPA yang hampir sama, yaitu 0.73 – 0.92 untuk kelompok IV dan 0.81-0.9 untuk kelompok V. Berdasarkan Tabel 6 di atas terlihat bahwa kedua kelompok galur tersebut memiliki faktor genetik untuk karakter toleran Al yang berbeda. Galur-galur pada kelompok IV terdeteksi memiliki gen *ART-1* dan *ART-2* berturut-turut pada kromosom 1 dan 2. Kedua gen ini diketahui berperan dalam proses pemanjangan akar dan pengaturan metabolisme dalam detoksifikasi keracunan Al. Sedangkan kelompok V terdeteksi memiliki beberapa QTL pada kromosom 3,6 dan 9.

Analisis profil genotipe dari galur-galur yang terdapat pada dua kelompok terakhir, yaitu kelompok IV seperti ditampilkan pada Gambar 8 dan kelompok V pada Gambar 9. Dalam analisis ini digunakan galur B12476E-MR-12-3-1 sebagai tanaman pembanding peka. Pada kelompok IV terdeteksi gen toleran keracunan Al, yaitu pada kromosom 1, 2. Sedangkan pada kelompok V terdeteksi QTL pada kromosom 3, 6, dan 9. Seperti halnya galur-galur toleran di kelompok I, galur-galur toleran pada kelompok IV di kromosom 1 dan 2 terdeteksi gen *ART1-1* dan *ART1-2*. Kedua gen ini berperan dalam proses pemanjangan akar dan pengaturan metabolisme dalam detoksifikasi keracunan Al. Sedangkan galur-galur yang termasuk dalam kelompok V, pada kromosom 3, 6 dan 9 terdeteksi masing-masing berturutan alel *QTL-Alt3*, *QTL-Alt-6* dan *QTL-Alt-9*.

KESIMPULAN

Berdasarkan analisis struktur populasi keragaman genotipe menggunakan 384 marka SNP pada 26 galur terpilih, mengelompok menjadi 5 kelompok yang memiliki kisaran RPA bervariasi. Kelima kelompok galur-galur tersebut terdeteksi memiliki alel gen/QTL yang berbeda-beda sehingga karakter toleransinya pun berbeda-beda. Hasil analisis asosiasi diperoleh 9 marka SNP yang bersifat signifikan. Marka-marka ini dapat diaplikasikan

sebagai marka untuk seleksi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai oleh Dana DIPA APBN-2014, No Kode 237221p62014 dan Program KKP3N Tahun 2014, No Kontrak Perjanjian: 76/PL.220/I.1/3/2014.

DAFTAR PUSTAKA

- Baligar VC, NK Fageria and ZL He. 2001.** Nutrien use efficiency in plants. *Communications in Soil Science and Plant Analysis* **32**, 921-950.
- Delhaize E and PR Ryan. 1995.** Aluminum toxicity and tolerance in plants. *Plant Physiology* **107**, 315-321.
- Harter RD. 2002.** Acid soil of the tropic. *An Echo Tech Note*. [https://c.ymcdn.com/sites/echocommunity.site-ym.com/resource/collection/49B3D109-0DE9-458E-915B11AAF1A67E20TN_48_Acid_Soils_of_the_Tropics.pdf]. (Diunduh tanggal 29 November 2016.)
- Khaliwada SP, D Senadhira, AL Carpena, RS Zeigler and PG Fernandez. 1996.** Variability and genetics of tolerance for aluminum toxicity in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* **93**, 738-744.
- Lynch JP and SB St. Clair. 2004.** Mineral stress: The missing link in understanding how global climate change will affect plants in real world soils. *Field Crops Research* **90**, 101-115.
- Ma JF, R Shen, Z Zhao, M Wissuwa, Y Takeuchi, T Ebitani and M Yano. 2002.** Response of rice to Al stress and identification of quantitative trait loci for Al tolerance. *Plant and Cell Physiology* **43**, 652-659.
- Ma JF, S Nagao, CF Huang and M Nishimura. 2005.** Isolation and characterization of a rice mutant hypersensitive to Al. *Plant and Cell Physiology* **46**(7), 1054-1061.
- Maschner H. 1995.** *Mineral Nutrition of Higher Plants*, 889. Academic, New York.
- Mossor-Pietraszewski T. 2001.** Effect of aluminium on plant growth and metabolism. *Acta Biochimica Polonica* **48** (3), 673-683.
- Miftahudin, GJ Scholes and JP Gustafson. 2002.** AFLP markers tightly linked to the aluminum-tolerance gene *Alt3* in rye (*Secale cereal* L.). *Theoretical and Applied Genetics* **104**(4), 626-631.
- Mulyani A, A Rachman dan A Dairah. 2009.** *Penyebaran Lahan Masam, Potensi, dan Ketersediannya untuk Pengembangan Pertanian*, 23. Balai Penelitian Tanah. Bogor.
- Nguyen BD. 2001a.** Molecular mapping of aluminum tolerance in rice. Texas Tech University. [Disertasi].
- Nguyen VT, MD Burow, HT Nguyen, BT Le, TD Le and AH Paterson. 2001b.** Molecular mapping of genes conferring aluminum tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* **102**, 1002-1010.
- Nguyen VT, BD Nguyen, S Sarkarung, C Martinez, AH Paterson and HT Nguyen. 2002.** Mapping of genes controlling aluminum tolerance in rice: Comparison of different genetics background. *Molecular Genetics and Genomics* **267**, 772-780.
- Nguyen BD, DS Brar, BC Bui, TV Nguyen, LN Pham and HT Nguyen. 2003.** Identification and mapping of the QTL for aluminum tolerance introgressed from the new source, *Oryza rufipogon* Griff. into Indica rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* **106**, 583-593.
- Roesmarkam S, Subandi dan E Muchlis. 1992.** Penyaringan material koleksi shorgum di tanah masam PMK. *Jurnal Penelitian Pertanian* **11**, 366-370.
- Rongwen J, MS Akkaya and AA Bhagwat. 1995.** The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification. *Theoretical and Applied Genetics* **90**, 43-48.
- Sanchez PA. 1992.** *Sifat dan Pengelolaan Tanah Tropika*. 397. Institut Teknologi Bandung.
- Wu P, B Zhao, J Yan, A Luo, Y Wu and D Senadhira. 1997.** Genetics control of seedling tolerance to aluminum toxicity in rice. *Euphytica* **97**, 289-293.
- Wu P, CY Liao, B Hu, KK Yi, WZ Jin, JJ Ni and C He. 2000.** QTLs and epistasis for aluminum tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) at different seedling stages. *Theoretical and Applied Genetics* **100**, 1295-1303.

Pedoman Penulisan Naskah Berita Biologi

Berita Biologi adalah jurnal yang menerbitkan artikel kemajuan penelitian di bidang biologi dan ilmu-ilmu terkait di Indonesia. Berita Biologi memuat karya tulis ilmiah asli berupa makalah hasil penelitian, komunikasi pendek dan tinjauan kembali yang belum pernah diterbitkan atau tidak sedang dikirim ke media lain. Masalah yang diliput, diharuskan menampilkan aspek atau informasi baru.

Tipe naskah

1. **Makalah lengkap hasil penelitian (*original paper*)**
Naskah merupakan hasil penelitian sendiri yang mengangkat topik yang *up-to-date*. Tidak lebih dari 15 halaman termasuk tabel dan gambar. Pencantuman lampiran seperlunya, namun redaksi berhak mengurangi atau meniadakan lampiran.
2. **Komunikasi pendek (*short communication*)**
Komunikasi pendek merupakan makalah hasil penelitian yang ingin dipublikasikan secara cepat karena hasil temuan yang menarik, spesifik dan baru, agar dapat segera diketahui oleh umum. Artikel yang ditulis tidak lebih dari 10 halaman. Hasil dan pembahasan boleh digabung.
3. **Tinjauan kembali (*review*)**
Tinjauan kembali merupakan rangkuman tinjauan ilmiah yang sistematis-kritis secara ringkas namun mendalam terhadap topik penelitian tertentu. Hal yang ditinjau meliputi segala sesuatu yang relevan terhadap topik tinjauan yang memberikan gambaran '*state of the art*', meliputi temuan awal, kemajuan hingga issue terkini, termasuk perdebatan dan kesenjangan yang ada dalam topik yang dibahas. Tinjauan ulang ini harus merangkum minimal 30 artikel.

Struktur naskah

1. **Bahasa**
Bahasa yang digunakan adalah bahasa Indonesia atau Inggris yang baik dan benar.
2. **Judul**
Judul harus singkat, jelas dan mencerminkan isi naskah diikuti oleh nama dan alamat surat menyurat penulis. Nama penulis untuk korespondensi diberi tanda amplop cetak atas (*superscript*).
3. **Abstrak**
Abstrak dibuat dalam dua bahasa, bahasa Indonesia dan Inggris. Abstrak memuat secara singkat tentang latar belakang, tujuan, metode, hasil yang signifikan, kesimpulan dan implikasi hasil penelitian. Abstrak berisi maksimum 200 kata, spasi tunggal. Di bawah abstrak dicantumkan kata kunci yang terdiri atas maksimum enam kata, dimana kata pertama adalah yang terpenting. Abstrak dalam bahasa Inggris merupakan terjemahan dari bahasa Indonesia. Editor berhak untuk mengedit abstrak demi alasan kejelasan isi abstrak.
4. **Pendahuluan**
Pendahuluan berisi latar belakang, permasalahan dan tujuan penelitian. Sebutkan juga studi terdahulu yang pernah dilakukan.
5. **Bahan dan cara kerja**
Pada bagian ini boleh dibuat sub-judul yang sesuai dengan tahapan penelitian. Metoda harus dipaparkan dengan jelas sesuai dengan standar topik penelitian dan dapat diulang oleh peneliti lain. Apabila metoda yang digunakan adalah metoda yang sudah baku cukup ditulis sitasi dan apabila ada modifikasi harus dituliskan dengan jelas bagian mana dan apa yang dimodifikasi.
6. **Hasil**
Sebutkan hasil-hasil utama yang diperoleh berdasarkan metoda yang digunakan. Apabila ingin mengacu pada tabel/grafik/diagram atau gambar uraikan hasil yang terpenting dan jangan menggunakan kalimat 'Lihat Tabel 1'. Apabila menggunakan nilai rata-rata harus menyebutkan standar deviasi.
7. **Pembahasan**
Jangan mengulang isi hasil. Pembahasan mengungkap alasan didapatkannya hasil dan apa arti atau makna dari hasil yang didapat tersebut. Bila memungkinkan, bandingkan hasil penelitian ini dengan membuat perbandingan dengan studi terdahulu (bila ada).
8. **Kesimpulan**
Menyimpulkan hasil penelitian, sesuai dengan tujuan penelitian, dan penelitian berikut yang bisa dilakukan.
9. **Ucapan terima kasih**
10. **Daftar pustaka**
Tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses peer review. Apabila harus menyitir dari "Laporan" atau "komunikasi personal" dituliskan '*unpublished*' dan tidak perlu ditampilkan di daftar pustaka. Daftar pustaka harus berisi informasi yang *up to date* yang sebagian besar berasal dari *original papers*. Penulisan terbitan berkala ilmiah (nama jurnal) tidak disingkat.

Format naskah

1. Naskah diketik dengan menggunakan program Word Processor, huruf New Times Roman ukuran 12, spasi ganda kecuali Abstrak. Batas kiri-kanan atas-bawah masing-masing 2,5 cm. Maksimum isi naskah 15 halaman termasuk ilustrasi dan tabel.
2. Penulisan bilangan pecahan dengan koma mengikuti bahasa yang ditulis menggunakan dua angka desimal di belakang koma. Apabila menggunakan bahasa Indonesia, angka desimal menggunakan koma (,) dan titik (.) bila menggunakan bahasa Inggris. Contoh: Panjang buku adalah 2,5cm. Length of the book is 2.5 cm. Penulisan angka 1-9 ditulis dalam kata kecuali bila bilangan satuan ukur, sedangkan angka 10 dan seterusnya ditulis dengan angka. Contoh lima orang siswa, panjang buku 5 cm.
3. Penulisan satuan mengikuti aturan *international system of units*.
4. Nama takson dan kategori taksonomi merujuk kepada aturan standar termasuk yang diakui. Untuk tumbuhan *International Code of Botanical Nomenclature* (ICBN), untuk hewan *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), untuk jamur *International Code of Nomenclature for Algae, Fungi and Plant* (ICFAFP), *International Code of Nomenclature of Bacteria* (ICNB), dan untuk organisme yang lain merujuk pada kesepakatan Internasional. Penulisan nama takson lengkap dengan nama author hanya dilakukan pada bagian deskripsi takson, misalnya pada naskah taksonomi. Sedangkan penulisan nama takson untuk bidang lainnya tidak perlu menggunakan nama author.
5. Tata nama di bidang genetika dan kimia merujuk kepada aturan baku terbaru yang berlaku.
6. Ilustrasi dapat berupa foto (hitam putih atau berwarna) atau gambar tangan (*line drawing*).
7. **Tabel**
Tabel diberi judul yang singkat dan jelas, spasi tunggal dalam bahasa Indonesia dan Inggris, sehingga Tabel dapat berdiri sendiri. Tabel diberi nomor urut sesuai dengan keterangan dalam teks. Keterangan Tabel diletakkan di bawah Tabel. Tabel tidak dibuat tertutup dengan garis vertikal, hanya menggunakan garis horisontal yang memisahkan judul dan batas bawah. Paragraf pada isi tabel dibuat satu spasi.
8. **Gambar**
Gambar bisa berupa foto, grafik, diagram dan peta. Judul ditulis secara singkat dan jelas, spasi tunggal. Keterangan yang menyertai gambar harus dapat berdiri sendiri, ditulis dalam bahasa Indonesia dan Inggris. Gambar dikirim dalam bentuk .jpeg dengan resolusi minimal 300 dpi.
9. **Daftar Pustaka**
Sitasi dalam naskah adalah nama penulis dan tahun. Bila penulis lebih dari satu menggunakan kata 'dan' atau *et al.* Contoh: (Kramer, 1983), (Hamzah dan Yusuf, 1995), (Premachandra *et al.*, 1992). Bila naskah ditulis dalam bahasa Inggris yang menggunakan sitasi 2 orang penulis

maka digunakan kata 'and'. Contoh: (Hamzah and Yusuf, 1995).

a. Jurnal

Nama jurnal ditulis lengkap.

Premachandra GS, H Saneko, K Fujita and S Ogata. 1992. Leaf Water Relations, Osmotic Adjustment, Cell Membrane Stability, Epicuticular Wax Load and Growth as Affected by Increasing Water Deficits in Sorghum. *Journal of Experimental Botany* **43**, 1559-1576.

b. Buku

Kramer PJ. 1983. *Plant Water Relationship*, 76. Edisi ke-(bila ada). Academic, New York.

c. Prosiding atau hasil Simposium/Seminar/Lokakarya.

Hamzah MS dan SA Yusuf. 1995. Pengamatan Beberapa Aspek Biologi Sotong Buluh (*Sepioteuthis lessoniana*) di Sekitar Perairan Pantai Wokam Bagian Barat, Kepulauan Aru, Maluku Tenggara. *Prosiding Seminar Nasional Biologi XI*, Ujung Pandang 20-21 Juli 1993. M Hasan, A Mattimu, JG Nelwan dan M Litaay (Penyunting), 769-777. Perhimpunan Biologi Indonesia.

d. Makalah sebagai bagian dari buku

Leegood RC and DA Walker. 1993. Chloroplast and Protoplast. In: *Photosynthesis and Production in a Changing Environment*. DO Hall, JMO Scurlock, HR Bohlar Nordenkamp, RC Leegood and SP Long (Eds), 268-282. Chapman and Hall. London.

e. Thesis dan skripsi.

Keim AP. 2011. Monograph of the genus *Orania* Zipp. (Arecaceae; Oraniinae). University of Reading, Reading. [PhD. Thesis].

f. Artikel online.

Artikel yang diunduh secara online mengikuti format yang berlaku misalnya untuk jurnal, buku atau thesis, serta dituliskan alamat situs sumber dan waktu mengunduh. Tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses *peer review* atau artikel dari laman web yang tidak bisa dipertanggung jawabkan kebenarannya seperti wikipedia.

Forest Watch Indonesia[FWI]. 2009. Potret keadaan hutan Indonesia periode 2000-2009. <http://www.fwi.or.id>. (Diunduh 7 Desember 2012).

Formulir persetujuan hak alih terbit dan keaslian naskah

Setiap penulis yang mengajukan naskahnya ke redaksi Berita Biologi akan diminta untuk menandatangani lembar persetujuan yang berisi hak alih terbit naskah termasuk hak untuk memperbanyak artikel dalam berbagai bentuk kepada penerbit Berita Biologi. Sedangkan penulis tetap berhak untuk menyebarkan edisi cetak dan elektronik untuk kepentingan penelitian dan pendidikan. Formulir itu juga berisi pernyataan keaslian naskah, yang menyebutkan bahwa naskah adalah hasil penelitian asli, belum pernah dan sedang diterbitkan di tempat lain.

Penelitian yang melibatkan hewan

Untuk setiap penelitian yang melibatkan hewan sebagai obyek penelitian, maka setiap naskah yang diajukan wajib disertai dengan 'ethical clearance approval' terkait *animal welfare* yang dikeluarkan oleh badan atau pihak berwenang.

Lembar ilustrasi sampul

Gambar ilustrasi yang terdapat di sampul jurnal Berita Biologi berasal dari salah satu naskah. Oleh karena itu setiap naskah yang ada ilustrasi harap mengirimkan ilustrasi dengan kualitas gambar yang baik disertai keterangan singkat ilustrasi dan nama pembuat ilustrasi.

Proofs

Naskah *proofs* akan dikirim ke author dan diwajibkan membaca dan memeriksa kembali isi naskah dengan teliti. Naskah proofs harus dikirim kembali ke redaksi dalam waktu tiga hari kerja.

Naskah cetak

Setiap penulis yang naskahnya diterbitkan akan diberikan 1 eksemplar majalah Berita Biologi dan reprint. Majalah tersebut akan dikirimkan kepada *corresponding author*.

Pengiriman naskah

Naskah dikirim dalam bentuk .doc atau .docx.

Alamat kontak: Redaksi Jurnal Berita Biologi, Pusat Penelitian Biologi-LIPI

Cibinong Science Centre, Jl. Raya Bogor Km. 46 Cibinong 16911

Telp: +61-21-8765067

Fax: +62-21-87907612, 8765063, 8765066

Email: jurnalberitabiologi@yahoo.co.id

berita.biologi@mail.lipi.go.id