

CROP BIOTECH UPDATE

02 Maret 2016

GLOBAL

TIM INTERNASIONAL SANDIKAN KEMBALI GENOM KACANG MESOAMERIKA

Sebuah tim ilmuwan dari Argentina, Brasil, Meksiko, dan Spanyol, melalui *Ibero-American Programme for Science and Technology for Development* (CYTED) telah menerjemahkan genom dari kacang umum Mesoamerika (*Phaseolus vulgaris*).

Tim PhasibeAm memilih sejenis galur khusus kacang Mesoamerika (BAT93) untuk sekuensing genom, yang terkait erat dengan varietas yang dibudidayakan secara komersial. Tim mendirikan sebuah platform teknologi yang kuat, menyimpulkan sequencing dan perakitan dari 620 juta pasangan basa. Sebanyak 30.491 gen diidentifikasi dalam genom dan ilmuwan juga menganalisis pola ekspresi mereka. Mereka juga mengamati dan menentukan peristiwa penting selama evolusi yang telah membentuk tanaman kacang seperti yang dikenal saat ini.

Roderic Guigó, koordinator Program Bioinformatika dan Genomik di *Centre for Genomic Regulation* di Barcelona, Spanyol mengatakan, "Sekuen genom kacang, baik dari varietas Andean, sebelumnya diurutkan, dan satu dari Mesoamerika, pasti akan memberikan kontribusi untuk mengidentifikasi gen yang terlibat antara lain dalam resistensi penyakit, kekeringan dan toleransi garam, fiksasi nitrogen, pembentukan sel-sel reproduksi dan kualitas benih."

Tahap kedua proyek tersebut akan melibatkan sekuensing genom setidaknya selusin varietas kacang lainnya dan beberapa kerabat dekat mereka untuk mengidentifikasi gen yang berhubungan dengan domestikasi.

Untuk lebih lengkap, baca rilis beritanya di situs *Centre for Genomic Regulation* <http://www.crg.eu/en/news/mesoamerican-bean-genome-decoded>.

AMERIKA

PARA PENELITI TEMUKAN PENANDA MOLEKULAR UNTUK KALSIMUM DALAM KENTANG

Penelitian awal menunjukkan bahwa kentang dengan bintik-bintik gelap atau berongga adalah hasil dari kekurangan kalsium dalam kentang dan kalsium umbi secara genetik

terkait dengan kualitas umbi. Konsumen tidak ingin kentang yang rendah kalsium. Selain itu, kentang ini lebih cepat membusuk.

Kentang merupakan varietas yang paling dibudidayakan memiliki kadar alami kalsium yang rendah. Para peneliti di USDA-ARS dan *University of Wisconsin-Madison* melihat ke kentang liar untuk mengembangkan kultivar baru yang tinggi kalsium. Tim menemukan kentang liar yang mengandung kalsium hampir tujuh kali lebih banyak daripada varietas biasa.

Para peneliti kemudian melanjutkan untuk mengisolasi sifat kalsium dengan kawin silang antara kentang yang tinggi kalsium dan rendah kalsium. Generasi yang menampilkan sebuah 'penanda molekuler' dalam DNA alami tanaman, mengarahkan peneliti pada sifat kalsium tanaman.

Sebuah program pemuliaan khas menanam dan menilai hingga 100.000 bibit setiap tahun. Namun, proses disederhanakan dengan penanda molekuler yang diketahui.

Untuk informasi lebih lanjut, baca artikelnya di situs *Crop Science Society of Amerika* <https://www.crops.org/science-news/potatoes-wild-calcium>.

ASIA DAN PASIFIK

URUTAN GENOM KACANG TANAH BUDIDAYA TELAH LENGKAP

International Peanut Genome Initiative (IPGI), termasuk para peneliti dari Universitas Georgia dan *International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics* (ICRISAT), telah menyelesaikan sekuensing genom tetua kacang tanah.

Kacang tanah yang ditanam hari ini berasal dari hibridisasi dua spesies liar, *Arachis duranensis* (V14167, tetua A-genom) dan *A. ipaensis* (K30076, tetua B-genom), dibudidayakan di Amerika Selatan. Untuk memetakan struktur kacang tanah genom, para peneliti mengurutkan dua tetua leluhur, dan urutan memberikan peneliti akses ke 96% dari semua gen kacang tanah dalam konteks genomik mereka. Sebuah perbandingan urutan DNA dari salah satu spesies liar dengan kacang tanah budidaya menunjukkan bahwa mereka adalah 99,96% identik.

"Meningkatkan varietas kacang tanah menjadi lebih tahan kekeringan, serangga dan penyakit menggunakan urutan genom, dapat membantu petani di negara berkembang menghasilkan lebih kacang tanah dengan lebih sedikit pestisida dan bahan kimia lainnya dan membantu para petani memberi makan keluarga mereka dan membangun kehidupan yang lebih terjamin," ujar Dr. Rajeev Varshney, Research Program Director – *Grain Legumes and Director, Center of Excellence in Genomics* di ICRISAT.

Selengkapnya baca rilis berita di situs ICRISAT <http://www.icrisat.org/genome-code-of-cultivated-groundnut-cracked/>.

EROPA

WAGENINGEN UR KEMBANGKAN METODE UNTK MEMILIH TANAMAN DENGAN FOTOSINTESIS LEBIH BAIK

Para ilmuwan dari Universitas Wageningen dan Pusat Penelitian di Belanda (Wageningen UR) telah mengembangkan metode yang pertama untuk secara akurat dan sekaligus mengukur fotosintesis di hampir 1.500 tanaman.

Metode ini menggunakan robot analisis citra yang disebut Phenovator, dirancang oleh Wageningen UR. Selain fotosintesis, robot tersebut juga mengukur pertumbuhan dan pergerakan tanaman pada siang dan malam hari. Phenovator juga memfasilitasi penelitian fundamental baru ke isu-isu seperti hereditas fotosintesis. Hal ini juga dapat secara khusus mencari gen yang relevan dengan fotosintesis. Selain itu, Phenovator dapat digunakan untuk mempelajari pengaruh proses lainnya pada fotosintesis, seperti perubahan intensitas cahaya, suhu atau kekeringan, dan gen yang terlibat dalam proses tersebut.

Untuk lebih lengkap, baca rilis beritanya di situs Wageningen UR <http://www.wageningenur.nl/en/Expertise-Services/Research-Institutes/plant-research-international/show/Wageningen-UR-publishes-method-for-selecting-plants-with-better-photosynthesis.htm>.

PENELITIAN

EKSPRESI MUTASI GEN BAWANG PUTIH DALAM PADI TUNJUKKAN KETAHANAN TERHADAP HAWAR PELEPAH

Hawar pelepah padi yang disebabkan oleh *Rhizoctonia solani* merupakan salah satu penyakit padi yang paling merusak dan berhubungan secara signifikan dengan penurunan produktivitas padi. Sebuah varian mutan dari mannose mengikat agglutinin daun *Allium sativum* (*mASAL*) dilaporkan sebelumnya menunjukkan kuatnya aktivitas antijamur terhadap *R. solani*. Sebuah tim dari Institut Bose di India, yang dipimpin oleh Prithwi Ghosh, mengevaluasi gen *mASAL* untuk di aktivitas antijamur planta dalam tanaman padi.

Masal diekspresikan dalam padi indica elit cv. IR64 melalui media transformasi *Agrobacterium tumefaciens*. Analisis molekuler tanaman transgenik mengkonfirmasi keberadaan dan integrasi stabil gen *mASAL*. Berbagai analisis bagian jaringan tanaman menunjukkan ekspresi *mASAL*. Dalam *planta bioassay* dari garis transgenik terhadap *R. solani* menunjukkan rata-rata pengurangan 55% dalam percentage disease index (PDI) hawar pelepah.

Penelitian ini menyajikan kemungkinan memodifikasi tanaman padi dengan gen *mASAL* untuk ketahanan terhadap hawar pelepah.

Untuk informasi lebih lanjut mengenai studi ini, baca selengkapnya di *BMC Biotechnology* <http://bmcbiotechnol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12896-016-0246-0>.