BAB I
PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Ketahanan pangan merupakan salah satu prioritas utama dalam Rencana Pembangunan Jangka Menengah Nasional (RPJMN) 2015-2019 yang difokuskan pada peningkatan ketersediaan pangan, pemantapan distribusi pangan, percepatan penganekaragaman pangan, dan pengawasan keaamanan pangan yang segar (Kementan, 2017). Ketersediaan pangan strategis sangat diandalkan dalam upaya mewujudkan ketahanan pangan. Pangan strategis dapat diartikan sebagai komoditas pangan yang terkait dengan kebutuhan sebagian besar masyarakat baik secara ekonomi, sosial, dan budaya. Salah satu contoh komoditas pangan strategis menurut Kementan (2017) yaitu Cabai.

Cabai (*Capsicum annuum*) merupakan sayuran sekaligus rempah dapur yang selalu hadir dalam setiap hidangan yang kita jumpai. Sayuran dari famili *Solanaceae* ini sangat terkenal di Indonesia. Cita rasa cabai yang pedas menjadi salah satu ciri khas bumbu pada berbagai kuliner Nusantara. Cabai tidak hanya dikonsumsi dalam bentuk segar, cabai juga dimanfaatkan sebagai bahan baku industri seperti sambal, saus, variasi bumbu, pewarna, obat-obatan (analgesik) dan lain-lain (Hilmayanti, et al., 2006) dalam (Bastian, 2016).

Pada komoditas cabai, sering sekali terjadi lonjakan harga secara seketika. Dilansir dari situs berita *pojokjabar.com* edisi 12 maret 2018, harga cabai di Kota Depok semakin meningkat. Harga cabai semakin meroket dikarenakan petani gagal panen yang berimbas pada kelangkaan pasokan cabai. Kegagalan panen tersebut disebabkan oleh serangan penyakit bakteri dan jamur pada akar dan daun. Menurut Kurt & Emir (2004), Demirci & Dolar (2006) dalam penelitian Yunianti et al. (2010) menyatakan, salah satupenyakit dominan yang menyerang tanaman cabai adalah cendawan *Phytophthora capsici*.

Telah banyak metode budidaya yang dilakukan untuk menanggulangi penyakit *Phytophthora capsisi.* Namun, belum ada satupun metode yang efektif, praktis, ekonomis dan aman dalam mengendalikan *Phytophthora capsisi.* Menurut Bosland dan Vatova (1999) dalam penelitian Yunianti et al. (2010) *fungisida* tidak efektif mengendalikan *Phytophthora capsisi* yang menyerang akar. Salah satu tindakan yang efektif untuk mengendalikan *Phytophthora capsisi* adalah menggunakan varietas tahan yang dihasilkan dari program pemuliaan tanaman.

Dalam upaya mendukung program pemuliaan tanaman, teknologi baru seperti bioteknologi sangat dibutuhkan untuk memaksimalkan keberhasilan perakitan suatu varietas tanaman. Contoh produk bioteknologi yang dihasilkan sampai saat ini adalah tanaman varietas unggul yang diperoleh melalui proses pemuliaan dengan menggunakan teknologi marka molekuler (Izzah, 2017). Marka molekuler dapat diklasifikasikan menjadi tiga kategori, yaitu (1) marka berdasarkan hibridasi, yaitu *restriction fragment lenght polymorphism* (RFLP), (2) marka berdasarkan *polymorphism chain reaction* (PCR) seperti *random amplification of polymorphism DNA* (RAPD), *amplified fragment lenght polymorphism* (AFLP), *inter simple sequence repeats* (SSR), dan (3) marka berdasarkan sekuen, yaitu *single nucleotide polymorphism* (SNPs). (Varshney, *et al* dalam (Izzah, 2017)).

Pemilihan marka yang akan digunakan dalam analisis genetik perlu mempertimbangkan beberapa faktor seperti tujuan yang diinginkan, kekurangan dan kelebihan marka serta biaya yang dibutuhkan. Menurut Nasu, et al dalam (Rafalski, 2002) Marka DNA yang dinilai lebih menjanjikan dalam analisis molekuler pada masa mendatang adalah marka SNPs yang ketersediaannya paling banyak pada setiap spesies.

SNPs adalah perbedaan satu basa antara sekuen DNA dari individu-individu yang dapat diuji dan dieksploitasi sebagai *high troughput* marka molekuler. SNPs dapat ditemukan di daerah pengode (*coding regions*) maupun di daerah yang tidak mengode (*non-coding regions*) dari gen fungsional. Pada daerah mengode SNPs dapat mengubah sekuen asam amino yang menyebabkan terjadinya variasi *fenotipe* (Izzah, 2017). Oleh karena itu marka SNPs mempunyai potensi yang besar untuk mendeteksi hubungan antara variasi sekuen DNA dan fenotipe (Rafalski, 2002).

Penelitian yang dilakukan Kumar *et al*. (2016) telah membuktikan dengan menggunakan marka SNPs diperoleh total 29 letak genomik yang terkait dengan sifat bentuk dan ukuran butir gandum dimana 80% wilayah tersebut berhubungan dengan kedua sifat. Banyak sifat atau karakter biologi penting diwariskan secara kuantitatif tetapi pengaruh dari pewarisan kuantitatif tersebut secara keseluruhan tidak dapat dideteksi secara indinvidu. Hal ini dikarenakan karakter kuantitatif tersebut selama ini hanya diselesaikan dengan menggunakan prosedur biologi molekuler (Primrose, 1995 dalam (Margawati, 2005). Identifikasi gen-gen pengendali sifat kuantitatif dilakukan dengan cara analisis *Quantitative Trait Loci* (QTL) (Susilo, 2007). Kim & Park (2001) dalam penelitian Margawati (2005) menjelaskan bahwa pada suatu lokasi kromosom suatu individu terdapat suatu gen yang bertanggung jawab terhadap variasi suatu sifat, maka tempat tersebut disebut QTL.

Beberapa hasil penelitian telah membuktikan analisis QTL sukses untuk mengidentifikasi sifat pada tanaman. Utami et al. (2005) telah memanfaatkan analisis QTL untuk mengidentifikasi lokasi gen yang memiliki sifat ketahanan pada penyakit *blas* pada spesies padi liar. Pada kasus lain, Chen et al. (2016), melakukan penelitian mengamati jenis penyakit yang lazim pada daun tanaman jagung, yaitu *Northern Corn Leaf Blight* (NCLB). Pada studi tersebut, diperoleh QTL pada marka qNCLB5.04 yang berhubungan dengan skor NCLB. Sehingga, pada hasil *mapping* yang dilakukan diperoleh saran bahwa qNCLB5.04 dapat dijadikan target asumsi lokasi gen ketahanan penyakit NCLB pada program pemuliaan jagung. McClure et al. (2016) menggunakan QTL pada penelitiannya yang berupaya untuk meminimalisir gangguan *soft scald* pada penyimpanan hasil panen apel. Hasil analisis QTL diperoleh 2 efek minor (<20% variasi mampu dijelaskan) terhadap sifat *soft scald* yang diindikasi pada kromosom 2 dan 3 yang berasal dari induk 11W-12-11. Berdasarkan contoh ketiga literatur terdahulu tersebut membuktikan dengan menggunakan marka molekular dan analisis QTL sangat potensial untuk mendeteksi lokasi gen yang memiliki sifat ketahanan terhadap *Phytophthora capsici* tanaan cabai.

Beberapa alat bantu piramnti lunak yang pernah digunakan pada tahap pembentukan peta genetik analisis QTL antara lain: MapMaker yang dilakukan oleh Utami et al. (2005), Pandin (2010) dan Kumar et al. (2016) ; JoinMap yang dilakukan oleh Sanjaya et al. (2002) dan McClure et al. (2016) dan lainnya. Sebuah pengembangan analisis QTL dilakukan oleh (Broman et al. (2003) dengan menyediakan *package* R/qtl pada bahasa pemrograman R. *Packege* tersebut membantu dalam pembentukan peta genetik dan analisis QTL. Selain *open source*, bahasa pemrograman R sangat potensial digunakan di masa yang akan datang, karena memungkinkan para *user* untuk saling melengkapi *function* yang dibutuhkan pada analisis QTL.

Maka dari itu, sesuai dengan hal-hal yang telah disampaikan sebelumnya, penelitian kali ini ingin mendeteksi marka SNPs yang berhubungan secara signifikan terhadap penyakit *Phytophthora capsici* sebagai bahan kajian peningkatan kualitas tanaman cabai menggunakan analisis QTL dengan alat bantu bahasa pemrograman R.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan dengan latar belakang yang telah dipaparkan, maka penulis dapat merumuskan beberapa masalah yang hendak diselesaikan pada penelitian ini, antara lain:

1. Bagaimana hasil eksplorasi data marka SNPs menggunakan bahasa pemrograman R?
2. Bagaimana mengidentifikasi marka SNPs yang berpengaruh secara signifikan terhadap lokasi gen yang memiliki sifat ketahanan jamur *Phytophthora capsici* dengan menggunakan bahasa pemrograman R?

1.3. Batasan Masalah

Data yang digunakan pada penelitian ini adalah data sekunder publikasi tesis (Muryanto & Pancoro, 2016) terkait SNPs pada kromosom ke 5 tanaman cabai (*Capsicum annuum*). Kandidat SNPs berasal dari proses *alignment* DNA sekuen

tiga basis data genome cabai diantaranya CM344, Zunla, dan Glabriusculum. Pada penelitian ini menggunakan bahasa pemrograman R*Studio* versi 1.1.456 dengan *package* R/qtl untuk analisis QTL.

1.4. Tujuan Penelitian

Adapun beberapa hal yang ingin dituju pada penelitian ini adalah:

1. Mengetahui informasi hasil eksplorasi data marka SNPs dengan bahasa pemrograman R.
2. Mengetahui hasil identifikasi marka dan lokasi SNPs yang terkait secara signifikan terhadap gen ketahanan serangan jamur *Phytophthora capsici* menggunakan bahasa pemrograman R.

1.5. Manfaat Penelitian

Melalu penelitian ini beberapa manfaat yang diharapkan antara lain:

1. Implementasi pendekatan metode *quantitative trait loci* (QTL) pada bidang pemuliaan tanaman dapat menjadi materi diskusi baru dalam aplikasi ilmu statistika.
2. Memperoleh simpulan marka yang berpengaruh secara signifikan terhadap gen ketahanan serangan jamur *Phytophthora capsici* dengan bahasa pemrograman R untuk pengembangan mutu tanaman cabai di Indonesia.