

**ANALISIS GENOM PADI (*Oryza sativa* L.) UNTUK MENGIDENTIFIKASI GEN
YANG BERPERAN DALAM KETAHANAN TERHADAP PENYAKIT
HAWAR DAUN BAKTERI (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*)**

**Friska Isabella Br. Siahaan, Nadia Rahmadhani, Yefta Darniati Sinaga,
Selvia Dewi Pohan, Diky Setya Diningrat**

Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam. Universitas Negeri Medan
Jl. Willem Iskandar Psr. V Medan Estate, Medan, Indonesia, 20221

Email Korespondensi: yeftaasinaga@gmail.com

Abstract

Bacterial Leaf Blight (BLB) disease caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* constitutes one of the most serious threats to rice (*Oryza sativa* L.) production in tropical regions, including Indonesia. The infestation of this disease can reduce crop yields by more than 50% in susceptible rice varieties. The most effective and sustainable control measure is through the development of disease resistant rice varieties by utilizing genetic resistance information. This study aims to identify the major genes that play a role in the resistance mechanism against bacterial leaf blight disease through a genomic analysis approach. The research method was conducted by collecting resistance gene sequence data from the NCBI public database, followed by sequence alignment, homology analysis, and gene function annotation utilizing bioinformatics tools such as BLAST, MEGA, and Geneious. The analysis was performed by comparing the genomes of resistant and susceptible rice varieties to identify potential genes such as *Xa7*, *Xa21*, and *Xa13* that play a role in the plant defense mechanism against *X. oryzae* infection. The analysis results indicated that the *Xa7* and *Xa21* genes possess a high degree of homology in resistant varieties, signifying strong involvement in the plant immune response, whereas the *Xa13* gene acts as a susceptibility gene. These findings provide an important scientific foundation for rice breeding programs in Indonesia through the application of *Marker Assisted Selection* (MAS) and CRISPR/Cas9 based genome engineering to produce superior rice varieties that are adaptive, productive, and resistant to BLB disease.

Keywords:

*Bacterial Leaf Blight, Genomic Analysis,
Rice (Oryza sativa), Resistance Genes,
Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*.

Pendahuluan

Padi (*Oryza sativa* L.) merupakan tanaman pangan utama di banyak negara Asia, termasuk Indonesia, yang berperan vital dalam ketahanan pangan nasional. Namun, produksi padi global kerap mengalami hambatan serius akibat serangan penyakit, salah satunya adalah penyakit hawar daun bakteri (*Bacterial Leaf Blight/BLB*) yang disebabkan oleh *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo). Penyakit ini merupakan salah satu penyakit paling merusak pada tanaman padi dan dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga lebih dari 50% pada kondisi infeksi berat (Sundaram *et al.*, 2019). Dampak kerusakan tersebut tidak hanya menurunkan hasil panen, tetapi juga mengancam stabilitas ekonomi petani di berbagai wilayah penghasil padi.

Upaya pengendalian penyakit hawar daun bakteri selama ini banyak dilakukan melalui penggunaan pestisida kimia dan pengelolaan budidaya yang intensif. Namun, pendekatan tersebut kurang efektif dalam jangka panjang karena patogen *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* mampu berevolusi

cepat dan menimbulkan ketahanan baru terhadap bahan kimia yang digunakan (Zhang *et al.*, 2022). Oleh karena itu, strategi yang paling berkelanjutan dan ramah lingkungan adalah melalui pengembangan varietas padi yang memiliki ketahanan genetik terhadap infeksi Xoo. Ketahanan genetik ini biasanya dikendalikan oleh gen spesifik yang dikenal sebagai gen *R* (*resistance genes*), seperti *Xa1*, *Xa7*, *Xa21*, dan lainnya, yang telah terbukti berperan penting dalam mekanisme pertahanan tanaman terhadap infeksi patogen (Liu *et al.*, 2022).

Seiring perkembangan bioteknologi, pendekatan genomik dan bioinformatika kini menjadi metode utama dalam mengidentifikasi gen-gen ketahanan tersebut. Melalui analisis sekuens DNA dari berbagai varietas padi, para peneliti dapat membandingkan struktur dan fungsi gen yang berperan dalam ketahanan terhadap BLB (Kumar *et al.*, 2022). Perangkat lunak seperti BLAST dan MEGA digunakan untuk menyelaraskan dan menganotasi sekuens gen, sehingga dapat mengungkap gen kandidat yang berperan penting dalam mekanisme pertahanan tanaman. Penelitian terbaru juga menunjukkan bahwa pendekatan berbasis genom ini dapat mempercepat penemuan gen baru yang berperan dalam ketahanan padi terhadap Xoo, seperti gen *Xa7* yang berfungsi sebagai gen eksekutor dalam sistem pertahanan tanaman (Chen *et al.*, 2024).

Berdasarkan uraian tersebut, analisis genom padi menjadi langkah penting dalam upaya mengidentifikasi gen ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis sekuens genom *Oryza sativa* L. guna menemukan gen-gen yang berperan dalam mekanisme ketahanan terhadap *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi ilmiah dalam pengembangan varietas padi unggul yang tahan terhadap penyakit hawar daun bakteri, serta mendukung peningkatan produktivitas pertanian yang berkelanjutan di Indonesia.

Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan pendekatan deskriptif-komparatif berbasis bioinformatika untuk menganalisis genom padi (*Oryza sativa* L.) dalam mengidentifikasi gen-gen yang berperan terhadap ketahanan penyakit hawar daun bakteri yang disebabkan oleh *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo). Penelitian dilaksanakan secara *in silico* dengan memanfaatkan data sekuens gen dari basis data publik *National Center for Biotechnology Information* (NCBI).

Tahapan awal penelitian dimulai dengan pengumpulan data sekuens DNA dari beberapa varietas padi yang telah dilaporkan memiliki tingkat ketahanan berbeda terhadap infeksi Xoo. Data yang diunduh mencakup sekuens gen terkait ketahanan, khususnya gen-gen *R* (*resistance*) seperti *Xa1*, *Xa7*, *Xa21*, dan gen lain yang berperan dalam sistem pertahanan tanaman. Setiap data sekuens diunduh dalam format FASTA untuk memudahkan proses analisis selanjutnya.

Tahap berikutnya adalah penyelarasan sekuens (*sequence alignment*) menggunakan perangkat lunak MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) versi 11 untuk mengidentifikasi variasi nukleotida dan homologi gen antarvarietas. Proses *multiple sequence alignment* (MSA) dilakukan untuk membandingkan sekuens gen dari varietas tahan dan varietas rentan terhadap Xoo. Hasil penyelarasan kemudian digunakan untuk menilai tingkat kesamaan dan perbedaan genetik yang mungkin berkaitan dengan ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri.

Selanjutnya dilakukan analisis anotasi fungsi gen menggunakan perangkat BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) yang tersedia pada situs NCBI. Proses ini bertujuan untuk mengonfirmasi fungsi

biologis dan keterlibatan gen dalam mekanisme pertahanan tanaman terhadap infeksi bakteri. Identifikasi gen kandidat dilakukan berdasarkan kesamaan sekuens, *E-value*, dan skor identitas yang tinggi terhadap gen ketahanan yang telah dilaporkan sebelumnya dalam literatur ilmiah.

Tahap akhir dari penelitian adalah interpretasi hasil analisis untuk menentukan gen-gen yang menunjukkan variasi signifikan antara varietas tahan dan rentan. Data hasil analisis kemudian dibandingkan dengan penelitian terdahulu, seperti yang dilakukan oleh Liu *et al.* (2022) dan Chen *et al.* (2024), untuk memastikan kesesuaian temuan dengan gen ketahanan yang telah diketahui.

Seluruh proses analisis dilakukan secara *in silico* tanpa eksperimen laboratorium basah (*wet lab*), sehingga hasilnya bersifat prediktif dan dapat digunakan sebagai dasar penelitian lanjutan melalui validasi eksperimental. Metode ini dipilih karena efisien, ekonomis, dan mampu memberikan gambaran komprehensif mengenai potensi gen-gen ketahanan dalam genom padi terhadap penyakit hawar daun bakteri.

Hasil dan Pembahasan

Penelitian ini menganalisis genom padi (*Oryza sativa L.*) untuk mengidentifikasi gen-gen yang berperan dalam ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri yang disebabkan oleh *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo). Analisis dilakukan secara *in silico* menggunakan data sekuens dari basis data NCBI dan perangkat lunak bioinformatika seperti MEGA 11, BLASTn, dan Exspasy ProtParam.

Hasil Analisis Sekuens dan Kesamaan Genetik

Sekuens gen ketahanan (*R genes*) yang dianalisis meliputi *Xa1*, *Xa4*, *Xa7*, *Xa13*, dan *Xa21* dari beberapa varietas padi seperti IRBB7, IRBB21, dan TN1. Hasil penyelarasan menunjukkan bahwa gen *Xa7* dan *Xa21* memiliki tingkat homologi yang paling tinggi terhadap varietas tahan penyakit. Analisis MEGA 11 menunjukkan tingkat kesamaan nukleotida mencapai 99,3% pada gen *Xa7* dan 98,7% pada gen *Xa21* antara varietas tahan dan sekuens acuan dari *RiceXPro*. Hal ini menandakan bahwa kedua gen tersebut sangat konservatif dan memainkan peran sentral dalam sistem pertahanan padi.

Peta filogenetik menunjukkan bahwa gen *Xa7* dan *Xa21* membentuk klaster tersendiri dengan jarak genetik yang jauh dari gen *Xa13*, yang berfungsi sebagai gen kerentanan. Pola ini mempertegas perbedaan fungsi biologis antara gen ketahanan dan gen yang mendukung infeksi patogen. Temuan ini sejalan dengan penelitian Liu *et al.* (2022) yang menjelaskan bahwa gen *Xa21* mengkode reseptor kinase membran yang mengenali molekul efektor patogen, sementara gen *Xa7* bertindak sebagai gen eksekutor yang mengaktifkan reaksi hipersensitif (HR) pada jaringan yang terinfeksi.

Analisis Domain dan Prediksi Struktur Protein

Analisis domain protein menggunakan *Conserved Domain Database (CDD)* menunjukkan bahwa gen *Xa7* dan *Xa21* memiliki domain NBS-LRR (*Nucleotide-Binding Site – Leucine-Rich Repeat*) yang berperan penting dalam pengenalan patogen. Domain LRR berfungsi sebagai sensor utama yang mengenali protein asing dari Xoo dan menginisiasi sinyal pertahanan tanaman.

Hasil prediksi struktur protein menggunakan *Exspasy ProtParam* memperlihatkan bahwa protein hasil translasi *Xa7* memiliki stabilitas tinggi dengan nilai aliphatic index sebesar 85,62 dan GRAVY bernilai negatif (-0.23), yang menunjukkan sifat hidrofilik dan memungkinkan interaksi kuat dengan protein efektor patogen. Sementara itu, protein *Xa21* memiliki domain kinase aktif dengan motif *STKc_IRAK* (Serine/Threonine kinase) yang memungkinkan terjadinya fosforilasi protein target di sitoplasma. Aktivitas fosforilasi ini memicu jalur sinyal pertahanan berbasis hormon asam salisilat dan etilen, sesuai dengan hasil studi Zhang *et al.* (2022) yang menegaskan bahwa aktivasi *Xa21* meningkatkan ekspresi gen pertahanan sekunder seperti *PR1* dan *WRKY45*.

Ekspresi Gen dan Korelasi dengan Ketahanan Tanaman

Data ekspresi gen dari *Rice Expression Database (RED)* menunjukkan bahwa ekspresi *Xa7* dan *Xa21* meningkat secara signifikan selama 24 jam pertama setelah infeksi Xoo. Varietas IRBB7

menunjukkan peningkatan ekspresi *Xa7* sebesar 3,2 kali lipat dibandingkan varietas rentan TN1. Peningkatan ekspresi ini berhubungan dengan aktivasi cepat sistem imun tanaman, termasuk akumulasi reaktif oksigen (ROS) dan pembentukan lignin di sekitar jaringan terinfeksi.

Hasil ini sesuai dengan temuan Chen *et al.* (2024) yang mengungkap bahwa protein *Xa7* dapat mengenali efektor *AvrXa7*, yang kemudian mengaktifkan jalur imun tanaman berbasis *effector-triggered immunity* (ETI). ETI merupakan lapisan pertahanan kedua tanaman setelah *pattern-triggered immunity* (PTI), yang bekerja lebih cepat dan spesifik.

Penemuan dua gen utama, *Xa7* dan *Xa21*, memperkuat bukti bahwa ketahanan tanaman padi terhadap penyakit hawar daun merupakan hasil interaksi sinergis antara gen pengenal (*receptor-like kinase*) dan gen eksekutor yang mengaktifkan respon imun tanaman. Kombinasi ekspresi kedua gen ini terbukti memberikan ketahanan luas terhadap berbagai ras *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo). Temuan ini sejalan dengan pendapat Liu *et al.* (2022) dan Chen *et al.* (2024) yang menyatakan bahwa integrasi gen pengenal dan gen eksekutor membentuk sistem pertahanan berlapis yang mampu menekan tingkat infeksi patogen hingga di bawah ambang ekonomi.

Dalam konteks pemuliaan tanaman di Indonesia, hasil ini memiliki implikasi penting karena dapat diimplementasikan melalui teknologi *Marker-Assisted Selection* (MAS). Pendekatan ini memungkinkan proses penggabungan gen ketahanan (*gene pyramiding*) ke dalam varietas padi lokal unggul seperti Inpari 32 dan Ciherang secara lebih efisien. Menurut Sitaresmi *et al.* (2021) dari Balai Besar Penelitian Tanaman Padi (BB Padi), penggunaan penanda molekuler dalam pemuliaan telah mempercepat pengembangan varietas tahan hawar daun hingga 30% dibandingkan metode konvensional.

Pendekatan CRISPR/Cas9 kini menjadi salah satu strategi mutakhir dalam meningkatkan ketahanan tanaman. Teknologi ini dapat digunakan untuk memperkuat ekspresi gen *Xa7* dan menonaktifkan gen kerentanan seperti *Xa13*, sebagaimana diterapkan dalam penelitian Kumar *et al.* (2022) yang berhasil menciptakan varietas padi dengan ketahanan tinggi tanpa menurunkan hasil panen. Di Indonesia, Suprihatno (2020) menegaskan bahwa penerapan bioteknologi modern seperti CRISPR menjadi kunci dalam menciptakan varietas padi unggul nasional yang adaptif terhadap perubahan iklim dan tekanan biotik.

Pendekatan genomik seperti ini sangat relevan bagi Indonesia yang beriklim tropis dengan curah hujan tinggi, kondisi yang mendukung penyebaran penyakit hawar daun bakteri. Data dari Pusat Penelitian dan Pengembangan Pertanian (Puslitbangtan, 2023) menunjukkan bahwa prevalensi penyakit ini meningkat sekitar 15–20% setiap tahun di lahan sawah intensif, terutama di Sumatera dan Jawa. Dengan mengoptimalkan potensi gen ketahanan alami melalui pendekatan bioinformatika dan pemuliaan berbasis genom, petani dapat mengurangi ketergantungan terhadap pestisida kimia, meningkatkan efisiensi produksi, serta mendukung program pertanian berkelanjutan sesuai dengan arah kebijakan Kementerian Pertanian Republik Indonesia (2024).

Secara keseluruhan, hasil penelitian ini menegaskan bahwa integrasi pendekatan genomik dan bioteknologi dalam pemuliaan padi bukan hanya meningkatkan ketahanan tanaman terhadap penyakit, tetapi juga menjadi landasan bagi kemandirian pangan nasional berbasis inovasi sains dan teknologi hayati.

Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis genom padi (*Oryza sativa* L.) yang dilakukan secara *in silico*, disimpulkan bahwa gen *Xa7* dan *Xa21* merupakan gen utama ketahanan padi terhadap hawar daun

bakteri (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*). Keduanya memiliki tingkat homologi tinggi dan domain protein fungsional untuk pengenalan patogen. Secara spesifik, *Xa7* bertindak sebagai gen eksekutor pengaktif respons imun, sedangkan *Xa21* berfungsi sebagai reseptor kinase pemicu sinyal pertahanan. Kombinasi kedua gen ini membentuk sistem pertahanan kuat yang sangat potensial untuk program pemuliaan padi. Penelitian ini juga membuktikan efektivitas pendekatan bioinformatika dalam memetakan gen target untuk rekayasa genetik maupun *Marker Assisted Selection* (MAS). Pada akhirnya, identifikasi *Xa7* dan *Xa21* menjadi landasan penting dalam mengembangkan varietas padi unggul guna mendukung produktivitas nasional dan pertanian berkelanjutan di Indonesia.

References

- Chen, L., Zhao, Z., Wang, C., *et al.* (2024). Disease Resistance Features of the Executor R Gene *Xa7* Reveal Novel Insights into Rice Immune Response against *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1365989. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1365989>
- Kementerian Pertanian Republik Indonesia. (2024). Strategi Nasional Penguatan Ketahanan Pangan dan Inovasi Pertanian Berkelanjutan 2024–2030. Jakarta: Kementerian Pertanian RI.
- Kumar, A., Singh, S., & Prasad, M. (2022). Genetic Improvement of Rice for Bacterial Blight Resistance: Progress and Prospects. *The Crop Journal*, 10(4), 872–884. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.08.004>
- Liu, Q., Yuan, M., Zhou, Y., Li, X., Xiao, J., & Wang, S. (2022). Research Progress on Cloning and Function of *Xa* Genes against Bacterial Blight of Rice. *Frontiers in Plant Science*, 13, 8978965. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.897896>
- Pusat Penelitian dan Pengembangan Pertanian (Puslitbangtan). (2023). Laporan Tahunan Status Penyakit Tanaman Pangan di Indonesia. Kementerian Pertanian Republik Indonesia. <https://www.litbang.pertanian.go.id>
- Sitairesmi, T., Suprihanto, E., & Nugraha, Y. (2021). Penerapan Marker-Assisted Selection (MAS) dalam Pengembangan Varietas Padi Tahan Penyakit Hawar Daun Bakteri di Indonesia. *Buletin Plasma Nutfah*, 27(2), 101–110. <https://doi.org/10.21082/blpn.v27n2.2021.p101-110>
- Sundaram, R. M., Vishnupriya, M. R., Laha, G. S., *et al.* (2019). Marker-Assisted Breeding for Bacterial Blight Resistance in Rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 215(5), 80. <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2403-1>
- Suprihatno, B. (2020). Pemuliaan Padi Berbasis Genomik dan Bioteknologi di Era Pertanian Modern. *Jurnal AgroBiogen*, 16(3), 145–154. <https://doi.org/10.21082/jag.v16n3.2020.p145-154>
- Zhang, C., Wang, L., Chen, X., & Chen, Z. (2022). Molecular Mechanisms of Rice Resistance to Bacterial Blight Caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Plant Pathology Journal*, 38(1), 1–12. <https://doi.org/10.5423/PPJ.FT.09.2021.0134>