

## Transformasi Riset Bioteknologi Padi melalui *Deep learning* dan Analisis Genom Modern untuk Adaptasi Iklim

Alfina Siska Dewi<sup>1</sup>, Galih Hikmal Romadhon<sup>1</sup>, Putri Andini<sup>1</sup>, Diky Setya Diningrat<sup>1</sup>, Selvia Dewi Pohan<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Medan, Medan, Sumatera Utara

Email Korespondensi: [galihhikmalromadhon@mhs.unimed.ac.id](mailto:galihhikmalromadhon@mhs.unimed.ac.id)

### Abstract

Perubahan iklim akibat peningkatan gas rumah kaca menimbulkan gangguan serius terhadap produktivitas pertanian melalui fenomena kekeringan, ketidakstabilan curah hujan, serta kenaikan suhu dan kelembaban. Kondisi ini mengancam ketahanan pangan global, terutama di wilayah tropis, seiring proyeksi kebutuhan pangan dunia yang meningkat lebih dari 50% pada tahun 2030. Kajian ini bertujuan mengulas potensi transformasi riset bioteknologi padi melalui penerapan *Deep learning* dan analisis genom modern untuk mempercepat adaptasi tanaman terhadap kondisi iklim ekstrem. Metode yang digunakan berupa studi literatur sistematis terhadap publikasi ilmiah terkini mengenai penerapan kecerdasan buatan (*artificial intelligence*), *machine learning*, serta analisis genomik berbasis data multi-omik (genomik, transkriptomik, dan fenotipik). Hasil kajian menunjukkan bahwa integrasi AI dan data multi-omik dapat mengatasi keterbatasan pemuliaan konvensional yang lambat dan kurang akurat. Algoritma *Deep learning* mampu mengenali pola kompleks antara data genetik dan faktor lingkungan, sedangkan analisis genom modern mempercepat identifikasi gen yang berperan dalam ketahanan terhadap stres iklim. Pendekatan ini berpotensi mengoptimalkan efisiensi, presisi, dan keberlanjutan riset bioteknologi padi dalam menghadapi dinamika iklim global. Temuan ini memberikan dasar ilmiah bagi pengembangan pertanian cerdas berbasis genom di Indonesia sebagai strategi adaptif dalam memperkuat ketahanan pangan nasional.

### Keywords:

Adaptasi iklim,  
AI genomik,  
Analisis genom,  
Bioteknologi padi,  
*Deep learning*.

### Pendahuluan

Tanaman padi (*Oryza sativa* L.) merupakan komoditas pertanian yang sangat vital bagi manusia, mengingat lebih dari separuh populasi dunia bergantung padanya sebagai sumber utama energi dan karbohidrat. Di Indonesia, padi menjadi kebutuhan pokok masyarakat. Berdasarkan data Badan Pusat Statistik (BPS, 2019), luas panen padi tahun 2019 mencapai 10,68 juta hektar, turun 6,15% dibanding tahun 2018, dengan penurunan produksi beras sebesar 2,63 juta ton (7,75%). Kondisi ini menimbulkan kekhawatiran akan potensi krisis pangan di masa depan (Ningrat dkk., 2021).

Perubahan iklim telah menjadi salah satu tantangan utama abad ke-21 yang memberikan dampak signifikan terhadap berbagai aspek kehidupan, termasuk pertanian. Menurut Hosen dkk. (2017), perubahan iklim memengaruhi produktivitas padi di wilayah tropis seperti Bangladesh. Di Indonesia, variabilitas iklim seperti kekeringan dan banjir juga berdampak negatif terhadap hasil panen

(Nurhidayat dkk., 2024). Oleh karena itu, strategi adaptasi berbasis bioteknologi menjadi penting untuk menjaga keberlanjutan produksi padi.

*Deep learning*, sebagai subbidang penting dari *machine learning*, menggunakan jaringan saraf tiruan berlapis untuk mengenali pola kompleks dalam data biologis (Febriyanto dan Syofian, 2024). Kemajuan teknologi sekuensing memungkinkan analisis genom utuh (*whole genome sequencing*) tanaman padi guna mengidentifikasi gen adaptif terhadap stres lingkungan (Andarini dan Nugroho, 2023). Integrasi *Deep learning* dengan analisis genom modern diharapkan mentransformasi riset bioteknologi padi menjadi sistem prediktif yang lebih akurat, efisien, dan adaptif terhadap perubahan iklim global. Kajian ini diharapkan dapat berkontribusi terhadap pengembangan model riset bioteknologi yang inovatif dan berkelanjutan guna menjawab tantangan pangan masa depan.

## Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan pendekatan studi literatur deskriptif-analitis dengan menelusuri sumber ilmiah terkait penerapan bioteknologi modern, *Deep learning*, dan analisis genom berbasis marka molekuler. Data diperoleh dari jurnal nasional dan internasional seperti *Remote Sensing*, *Plant Methods*, *Genes*, serta laporan dari FAO, IRRI, dan IPCC. Literatur diseleksi berdasarkan tema, metode, dan relevansinya terhadap adaptasi iklim. Analisis dilakukan secara kualitatif komparatif untuk mengidentifikasi tren integrasi teknologi AI dan bioteknologi genomik dalam meningkatkan ketahanan padi terhadap perubahan iklim.

### Alat

Penelitian ini bersifat non-eksperimental. Perangkat utama yang digunakan berupa komputer dengan koneksi internet untuk penelusuran data ilmiah melalui Google Scholar, PubMed, dan ScienceDirect. Referensi dikelola menggunakan Mendeley, sedangkan penyusunan naskah dilakukan dengan Microsoft Word.

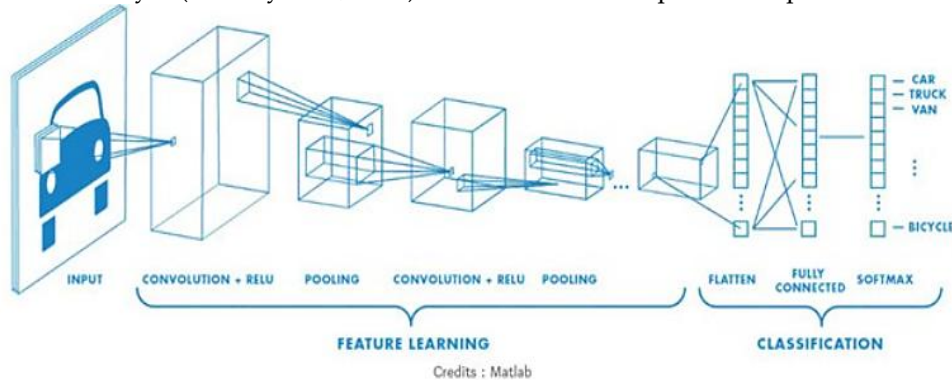
### Bahan

Bahan penelitian ini terdiri atas berbagai sumber literatur sekunder yang relevan dengan kajian transformasi riset bioteknologi tanaman padi. Sumber tersebut mencakup artikel ilmiah, jurnal penelitian, serta laporan resmi dari lembaga-lembaga internasional seperti FAO (*Food and Agriculture Organization*), IRRI (*International Rice Research Institute*), dan IPCC (*Intergovernmental Panel on Climate Change*). Selain itu, penelitian ini juga menggunakan data dari basis data genom seperti NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), Ensembl Plants, dan Rice Genome Annotation Project untuk memperkuat pembahasan mengenai analisis genom modern.

## Hasil dan Pembahasan

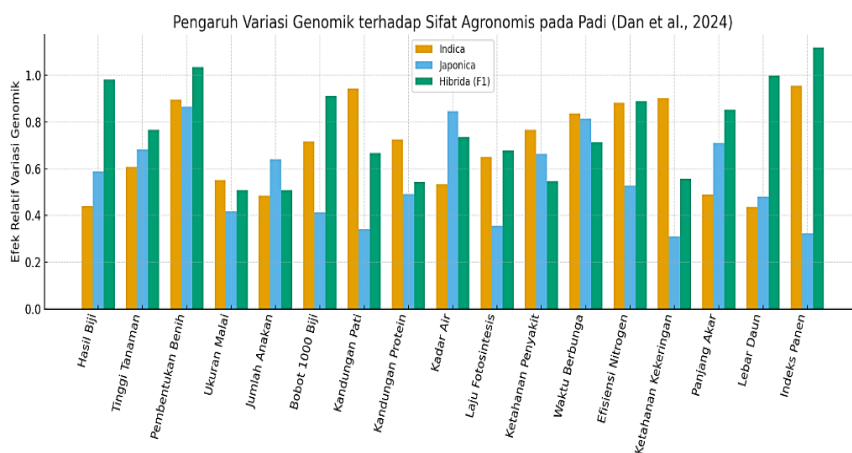
Sektor pertanian merupakan faktor yang sangat penting dalam hal ketahanan pangan, dan teknologi kecerdasan buatan banyak dimanfaatkan di bidang tersebut. Salah satu bidang yang intensif diteliti dan dikembangkan adalah kemampuan komputer untuk mengenali objek melalui citra atau gambar. Salah satu teknik dalam masalah pengenalan gambar atau objek digital (*image processing*) adalah teknik klasifikasi menggunakan jaringan saraf tiruan (JST). Baru-baru ini, *Deep learning* telah menjadi fokus utama dalam pengembangan *Machine learning*. Penerapan *Deep learning* dapat digunakan untuk berbagai jenis tugas, seperti memprediksi probabilitas dan kejadian, pengenalan objek, serta diagnosis penyakit. Sistem *image processing* bertujuan untuk membantu manusia mengenali atau mengklasifikasi objek secara efisien, cepat, akurat, serta mampu memproses data dalam jumlah besar secara simultan. Secara teknis, *Convolutional Neural Network* (CNN) merupakan arsitektur yang dapat

dilatih dan terdiri dari beberapa tahap. Masukan (input) dan keluaran (output) dari setiap tahap terdiri dari beberapa array yang disebut feature map. CNN merupakan kombinasi antara konvolusi citra yang berfungsi untuk ekstraksi fitur, dan neural network yang berfungsi untuk klasifikasi. Berikut adalah arsitektur Convolutional Neural Network. Berdasarkan arsitektur LeNet5, terdapat empat jenis layer utama dalam sebuah CNN, yaitu convolutional layer, relu layer, subsampling layer atau pooling layer, dan fully connected layer (Yuliany dkk., 2022). Arsitektur CNN dapat dilihat pada Gambar 1.



**Gambar 1.** Arsitektur Convolutional Neural Network (CNN)

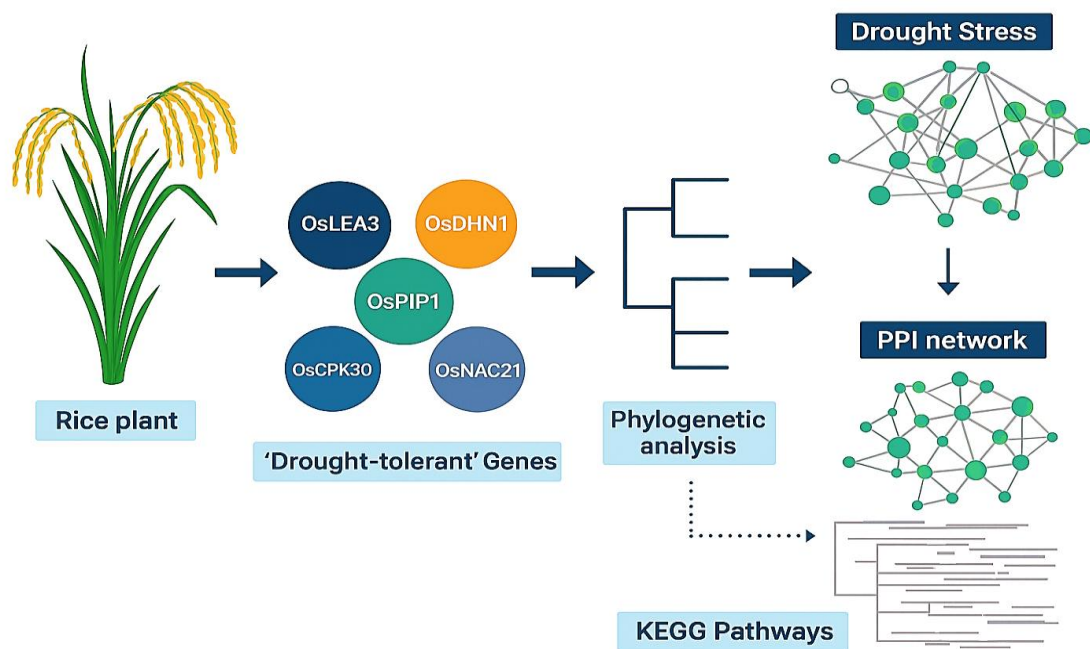
Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Mia *et al.* (2023), analisis multimodal yang mengintegrasikan citra multispektral dari pesawat nirawak (UAV) dan data cuaca melalui arsitektur *Deep learning* secara fisiologis dan fenotipik memungkinkan pemetaan respons tanaman terhadap kondisi lingkungan dalam dimensi spasial-temporal, sehingga menghasilkan prediksi hasil panen yang lebih akurat dibandingkan dengan indikator tunggal. Mekanisme ilmiah di baliknya adalah bahwa stres iklim, seperti panas berlebihan, kekeringan, dan fluktuasi curah hujan, memicu perubahan fisiologis yang dapat diukur, termasuk penutupan stomata, penurunan kadar air relatif (RWC), peningkatan spesies oksigen reaktif (ROS, seperti  $H_2O_2$ ), serta perubahan reflektansi daun yang tercermin dalam sinyal spektral. Model *Deep learning* multimodal mampu menggambarkan hubungan non-linear antara sinyal citra, variabel cuaca, dan genotip, sehingga dapat meramalkan dampak kumulatif terhadap hasil panen. Bukti empiris dari penelitian lapangan mengonfirmasi bahwa penggabungan citra UAV dengan data meteorologi menghasilkan peningkatan yang konsisten dalam akurasi prakiraan hasil panen.



**Gambar 2.** Grafik Pengaruh Variasi Genomik Terhadap Sifat Agronomis pada Padi

Dalam kajian yang dilakukan oleh Zhiwu Dan, Yunping Chen, dan Wenchao Huang, para ilmuwan menyusun serta mengkaji 12 genom padi bermutu tinggi yang mencerminkan dua subspecies utama, yakni *indica* dan *japonica*. Dengan memanfaatkan teknologi sequencing PacBio HiFi serta pemetaan Hi-C, mereka mengembangkan pan-genom yang meliputi 47.490 keluarga gen dengan total lebih dari 489.000 gen. Selain itu, dilakukan persilangan dialel lengkap di antara 12 varietas untuk menghasilkan hibrida F1, yang selanjutnya dievaluasi berdasarkan 17 karakter agronomis seperti produktivitas biji, tinggi batang, dan tingkat pembentukan benih. Temuan dari analisis tersebut menunjukkan bahwa variasi struktural dalam genom, meliputi inversi, translokasi, serta varian kehadiran/ketiadaan (PAVs), memainkan peran krusial dalam menentukan perbedaan fenotipik di antara varietas serta tingkat heterosis pada hibrida. Kajian ini mengidentifikasi dua inversi besar pada kromosom 6 (5,83 Mb) dan kromosom 8 (5,90 Mb) yang berfungsi memisahkan jalur evolusi subspecies *indica* dan *japonica*. Walaupun jumlah variasi struktural (SVs) lebih rendah dibandingkan dengan polimorfisme nukleotida tunggal (SNP) dan insersi-deleksi (InDel), dampaknya terhadap heterosis ternyata sebanding atau bahkan lebih signifikan. Variasi khusus pada SVs terbukti memiliki hubungan kuat dengan kinerja heterosis, khususnya pada karakter seperti jumlah anakan dan tingkat pembentukan biji. Analisis transkriptomik (RNA-seq) juga mengungkap bahwa SVs memicu perubahan ekspresi gen yang bermakna, serta efek aditif dan sebagian dominan dari gen-gen tersebut memberikan kontribusi besar terhadap variasi heterosis di antara hibrida (Dan *et al.*, 2024).

Integrasi pendekatan biologi sistem, khususnya metodologi multi-omik, telah merevolusi pemahaman kita mengenai respons tanaman terhadap tekanan lingkungan. Genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik, dan fenomik secara bersama-sama memungkinkan pembentukan profil menyeluruh dari lanskap molekuler dan fenotipik, mengungkap jaringan rumit yang mengendalikan adaptasi terhadap stres. Metode pemodelan prediktif, yang memanfaatkan algoritma pembelajaran mesin konvensional serta arsitektur pembelajaran mendalam, mengoptimalkan kumpulan data multi-omik untuk meramalkan dan mensimulasikan karakteristik kompleks seperti ketahanan hasil panen dan daya tahan stres di berbagai kondisi lingkungan. Penggabungan fenotipe digital dengan variabel lingkungan meningkatkan ketepatan model tersebut, sehingga memungkinkan penangkapan interaksi genotipe-oleh-lingkungan yang sangat berpengaruh terhadap performa tanaman. Metabolomik melengkapi genomik dan proteomik melalui pembuatan profil molekul kecil yang mencerminkan kondisi fisiologis dan biokimia tanaman di bawah tekanan. Platform analitik mutakhir seperti kromatografi cair-spektrometri massa (LC-MS), kromatografi gas-spektrometri massa (GC-MS), dan resonansi magnetik nuklir (NMR) memfasilitasi identifikasi dan pengukuran metabolit dengan tingkat sensitivitas yang tinggi. Dengan menggabungkan data metabolomik bersama profil transkriptomik dan proteomik, jalur metabolisme yang terganggu selama stres dapat direkonstruksi, sehingga memungkinkan penentuan biomarker utama yang meramalkan toleransi (Amin *et al.*, 2025).



**Gambar 3.** Diagram Proses Gen Tahan Kekeringan

Analisis ini bermula dari tanaman padi sebagai sumber materi genetik. Contoh diambil dari varietas yang menunjukkan daya tahan terhadap kondisi kering. Ilustrasi tersebut menggambarkan proses analisis menyeluruh untuk menemukan dan memahami gen-gen yang terlibat dalam ketahanan terhadap kekeringan pada padi. Proses tersebut dimulai dengan pengkajian tanaman padi yang dijadikan basis genetik untuk meneliti respons terhadap tekanan kekeringan. Berdasarkan hasil pemeriksaan genom, beberapa gen utama yang memainkan peran krusial dalam mekanisme toleransi kekeringan diidentifikasi, termasuk OsLEA3, OsDHN1, OsPIP1, OsCPK30, dan OsNAC21. Setiap gen memiliki fungsi khusus, seperti mempertahankan stabilitas protein dan membran selama dehidrasi, mengatur perpindahan air antar sel, serta mengontrol pensinyalan kalsium dan regulasi ekspresi gen stres. Langkah berikutnya melibatkan analisis filogenetik, yang digunakan untuk membandingkan dan melacak keterkaitan evolusioner antar gen toleran kekeringan tersebut, baik di antara spesies padi yang berbeda maupun dengan spesies tanaman lainnya. Dari analisis ini, diperoleh pohon filogenetik yang menunjukkan tingkat konservasi dan hubungan kekerabatan gen secara evolusioner. Selanjutnya, dilakukan analisis jaringan interaksi protein untuk mengamati bagaimana protein hasil ekspresi gen-gen tersebut saling berhubungan di bawah kondisi stres kekeringan. Dalam jaringan ini, protein direpresentasikan sebagai simpul yang dihubungkan oleh garis interaksi, di mana simpul pusat menandai protein yang memiliki peran penting dalam pengaturan respons stres. Tahap akhir analisis ini adalah pemetaan ke dalam jalur metabolik KEGG untuk memahami fungsi biologis gen dan protein dalam sistem seluler. Melalui pemetaan tersebut, peneliti dapat menemukan jalur-jalur penting seperti jalur sinyal asam absisat, biosintesis osmoprotektan, dan regulasi stres oksidatif yang secara langsung berkontribusi pada peningkatan ketahanan tanaman terhadap kekeringan. Secara keseluruhan, ilustrasi ini menampilkan pendekatan bioinformatika terintegrasi yang menghubungkan data genomik, evolusi, interaksi protein, dan jalur metabolik untuk memahami mekanisme molekuler toleransi kekeringan pada padi, serta memberikan landasan ilmiah untuk pengembangan varietas padi yang lebih mampu beradaptasi dengan perubahan iklim.

Temuan ini menegaskan bahwa analisis genomik dan pembelajaran mendalam (*Deep learning*) dapat digunakan untuk memahami gen-gen yang mengatur ketahanan terhadap stres lingkungan dan produktivitas tanaman. Integrasi data genomik besar dan bioinformatika prediktif memungkinkan pemuliaan presisi untuk menilai potensi heterosis dan ketahanan padi secara efisien. Dengan demikian, penelitian ini menjadi langkah penting menuju pertanian cerdas berbasis genom yang mampu menghasilkan varietas padi unggul dan tahan terhadap dampak perubahan iklim.

## Kesimpulan

Integrasi *Deep learning* dan analisis genom modern menawarkan paradigma baru dalam riset bioteknologi padi, khususnya untuk menghadapi tantangan perubahan iklim yang berdampak pada produktivitas dan ketahanan pangan. *Deep learning* memungkinkan analisis data biologis berskala besar, seperti citra multispektral dan parameter lingkungan, untuk membangun model prediktif yang akurat. Sementara itu, pendekatan multi-omik memperkuat pemahaman terhadap mekanisme molekuler adaptasi tanaman terhadap stres abiotik. Sinergi antara kecerdasan buatan dan bioteknologi genomik meningkatkan efisiensi dan presisi riset bioteknologi padi, sekaligus menjadi fondasi strategis bagi pengembangan varietas padi unggul yang adaptif, berkelanjutan, dan mendukung ketahanan pangan nasional di tengah dinamika iklim global.

## References

- Amin, A., Zaman, W., & Park, S. (2025). Harnessing Multi-Omics and Predictive Modeling for Climate-Resilient Crop Breeding: From Genomes to Fields. *Genes*, 16(7), 809.
- Andarini, Y. N., & Nugroho, K. (2023). Review Pemanfaatan Marka Simple Sequence Repeat (SSR) dalam Kegiatan Analisis Keragaman Genetik Plasma Nutfah Padi Lokal di Indonesia. *Vegetalika*, 12(1), 47-63.
- Dan, Z., Chen, Y., & Huang, W. (2024). Structural variations contribute to genetic diversity and heterosis in rice. *bioRxiv*.
- Febriyanto, T., & Syofian, S. (2024). Implementasi *Deep learning* Menggunakan Vision Transformer Untuk Klasifikasi Penyakit Daun Padi. *Journal TIFDA (Technology Information and Data Analytic)*, 1(2), 34-39.
- Leiwakabessy, C., Giyanto, G., Muttaqin, K. H., Trikoesoemaningtyas, T., & Talahaturuson, A. (2024). Ekspresi Gen PR-1 Melalui Induksi Ketahanan Tanaman Padi terhadap *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* Menggunakan *Lysinibacillus sphaericus* dan Asam Salisilat. *Agro Bali: Agricultural Journal*, 7(1), 155-166.
- Mia, M. S., Tanabe, R., Habibi, L. N., Hashimoto, N., Homma, K., Maki, M., ... & Tanaka, T. S. (2023). Multimodal *Deep learning* for rice yield prediction using UAV-based multispectral imagery and weather data. *Remote Sensing*, 15(10), 2511.
- Mita, N. K. A., Siddiq, M. F., Laurnt, A., Erviana, R., & Kurniawan, R. (2024). Optimalisasi Ketahanan Pangan: Perbandingan Metode *Machine learning* dan Time Series dalam Memprediksi Produksi Padi di Jawa Tengah. In *PROSIDING SEMINAR NASIONAL SAINS DATA* (Vol. 4, No. 1, pp. 140-153).
- Ningrat, M. A., Mual, C. D., & Makabori, Y. Y. (2021). Pertumbuhan dan hasil tanaman padi (*Oryza sativa* L.) pada berbagai sistem tanam di Kampung Desay, Distrik Prafi, Kabupaten Manokwari. In *Prosiding Seminar Nasional Pembangunan Dan Pendidikan Vokasi Pertanian* (Vol. 2, No. 1, pp. 325-332).

- Nurhidayat, A., Difa, A. K. T., Nasrullah, F., Anwar, F. H., & Radianto, D. O. (2024). Pengaruh Perubahan Iklim Terhadap Produktivitas Pertanian Padi di Daerah Tropis. *Journal Sains Student Research*, 2(2), 111-117.
- Permatasari, G. W., Setiowati, R. D., & Wening, S. (2025). IDENTIFICATION OF KEY NITROGEN USE EFFICIENCY-RELATED GENES IN OIL PALM USING BIOINFORMATICS APPROACHES. *Jurnal Bioteknologi dan Biosains Indonesia*, 12(1), 194-211.
- Syafii, M., Aziz, A., Ichsanuddin, A. R., & Hasanah, I. R. (2022). Potensi Weedy Rice (*Oryza sativa* F. Spontanea) untuk Menjawab Tantangan Penyediaan Sumber Gen Penting dalam Perakitan Tanaman Tangguh Iklim. In *Prosiding Seminar Nasional Pembangunan Dan Pendidikan Vokasi Pertanian* (Vol. 3, No. 1, pp. 249-263).
- Tamizi, A. A., Sekeli, R., & Nazaruddin, N. H. (2024). Transformasi genetik in planta: Teknik ringkas penghantaran sistem CRISPR/Cas9 ke dalam sel bagi tujuan pengeditan genom padi. *Buletin Teknologi MARDI Bil*, 42, 123-133.
- Vourlaki, I. T., Ramos-Onsins, S. E., Pérez-Enciso, M., & Castanera, R. (2024). Evaluation of *Deep learning* for predicting rice traits using structural and single-nucleotide genomic variants. *Plant Methods*, 20(1), 121.