

**ANALISIS DIVERSITI GENETIK DALAM VARIETI PADI TRADISIONAL
DENGAN MENGGUNAKAN PENANDA SSR YANG BERTABURAN
PADA KROMOSOM 8 DAN 9**

SAFWAN BIN RAHMAT

**DISERTASI INI DIKEMUKAKAN BAGI MEMENUHI SEBAHAGIAN
DARIPADA SYARAT MEMPEROLEHI IJAZAH SARJANA MUDA
SAINS DENGAN KEPUJIAN**

**PERPUSTAKAAN
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH**

**PROGRAM TEKNOLOGI TUMBUHAN
SEKOLAH SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH
KOTA KINABALU**

April 2008

UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

BORANG PENGESAHAN STATUS TESIS@

JUDUL: ANALISIS DIVERSITI GENETIK DALAM VARIETI PADI

TRADISIONAL DENGAN MENGGUNAKAN PENANOA SSR YANG
 RETARAPUAN PADA KROMOSOM 8 DAN 9.
 IJAZAH: IJAZAH SARJANA MUDA SAINS DENGAN NEPUJIAN
 PROGRAM TEKNOLOGI TUMBuhan

SAYA SAFWAN BIN RAHMAT SESI PENGAJIAN: 2005-2008
 (HURUF BESAR)

mengaku membenarkan tesis (LPSM/Sarjana/Doktor Falsafah) ini disimpan di Perpustakaan Universiti Malaysia Sabah dengan syarat-syarat kegunaan seperti berikut:-

1. Tesis adalah hak milik Universiti Malaysia Sabah.
2. Perpustakaan Universiti Malaysia Sabah dibenarkan membuat salinan untuk tujuan pengajian sahaja.
3. Perpustakaan dibenarkan membuat salinan tesis ini sebagai bahan pertukaran antara institusi pengajian tinggi.
4. Sila tandakan (/)

SULIT

(Mengandungi maklumat yang berdarjah keselamatan atau Kepentingan Malaysia seperti yang termaktub di dalam AKTA RAHSIA RASMI 1972)

TERHAD

(Mengandungi maklumat TERHAD yang telah ditentukan oleh organisasi/badan di mana penyelidikan dijalankan)

TIDAK TERHAD

Disahkan Oleh

NURULAIN BINTI ISMAIL

LIBRARIAN

UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

(TANDATANGAN PUSTAKAWAN)

Safwan

(TANDATANGAN PENULIS)

Alamat Tetap: Perak, Perak

Nama Penyelia

Tarikh: 16/05/08

Tarikh: _____

CATATAN: *Potong yang tidak berkenaan.

**Jika tesis ini SULIT atau TERHAD, sila lampirkan surat daripada pihak berkuasa /organisasi berkenaan dengan menyatakan sekali sebab dan tempoh tesis ini perlu dikelaskan sebagai SULIT dan TERHAD.

@Tesis dimaksudkan sebagai tesis bagi Ijazah Doktor Falsafah dan Sarjana secara penyelidikan atau disertai bagi pengajian secara kerja kursus dan Laporan Projek Sarjana Muda (LPSM).



UMS
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

PENGAKUAN

Saya akui bahawa karya ini adalah hasil kerja saya sendiri kecuali nukilan dan ringkasan yang setiap satunya telah dijelaskan sumbernya.

APRIL 2008



SAFWAN BIN RAHMAT

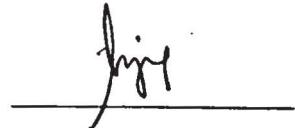
HS2005-2521

PENGESAHAN

TANDATANGAN

1. PENYELIA

(CIK CHEE FONG TYNG)



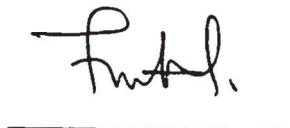
2. PENYELIA BERSAMA

(PROF. MADYA DATIN DR. MARIAM ABD. LATIP)



3. PEMERIKSA

(EN. LUM MOK SAM)



4. DEKAN

(SUPT. (K) PROF MADYA DR. SHARIFF AK OMANG)



UMS
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

PENGHARGAAN

Alhamdulillah, segala puji dan syukur hanya bagi Allah S.W.T kerana dengan limpah rahmat serta keizinan daripada-Nya, maka saya telah berjaya menyiapkan projek akhir tahun saya dengan penuh jayanya. Jutaan terima kasih saya tujukan kepada ahli keluarga saya terutama sekali ayahanda tercinta, Rahmat Bin Yacob dan bonda tercinta Nurizan Binti Abd Manaf yang sentiasa memberikan sokongan serta galakkan yang padu tanpa jemu kepada saya untuk berjaya.

Jutaan terima kasih saya ucapkan kepada penyelia projek yang saya hormati dan sayangi, Cik Chee Fong Tyng yang telah banyak berkorban, membantu dan mengajar saya. Selain turut menggalakkan saya untuk terus berjaya dan maju tanpa jemu serta menjadi tulang belakang saya dalam menyelesaikan projek ini. Tanpa beliau, saya tidak mampu berada di tahap ini sekarang. Jutaan terima kasih juga saya tujukan kepada penyelia bersama, Prof. Madya Datin Dr. Mariam yang telah memberikan tunjuk ajar dan ilmu pengetahuan dalam menghasilkan projek ini. Setinggi-tinggi penghargaan ditujukan kepada semua pembantu makmal terutamanya pembantu makmal genetik En. Airin dan Cik Christina yang sentiasa menghulurkan bantuan apabila diperlukan. Terima kasih juga kepada pihak makmal Sekolah Pertanian Lestari dan Institut Penyelidikan Bioteknologi yang membenarkan penggunaan alatan dari sana.

Tidak lupa kepada rakan-rakan seperjuangan yang telah bersama membantu saya menjalankan kajian ini, Acap, Atai dan Choong serta rakan-rakan yang banyak terlibat secara langsung atau tidak langsung di sepanjang menyempurnakan projek ini.

Wassalam.

ABSTRAK

Diversiti genetik bagi *Oryza sativa* L. tradisional di Malaysia telah dikaji berdasarkan 12 lokus mikrosatelit. Sebanyak 31 genotip telah dikumpul terutamanya yang berasal dari Sabah. Tahap diversiti genetik yang sederhana tinggi telah dicerap dengan nombor alel bagi setiap lokus adalah dari satu hingga empat (puratanya 2.333), dan peratusan polimorfisma adalah 91.67%. Heterozigositi yang dicerap (H_o) berjulat dari 0.00 hingga 0.5172 dengan nilai min 0.056, dan heterozigositi yang dijangka (H_E) adalah dari 0.00 hingga 0.6062 dengan nilai min 0.4146. Nilai *Polymorphism Information Content* (PIC) tersebar dari 0.00 (RM321) hingga 0.5961 (RM257) dengan nilai purata 0.4078 setiap lokus. Jarak genetik berjulat dari 0.00 hingga 2.4636 dengan nilai jarak genetik tertinggi adalah di antara Simpangan A dan Darawal dan di antara Simpangan A dan Karapulut. Dendogram dibina berdasarkan nilai jarak genetik dan sampel dapat dibahagikan kepada dua kumpulan besar daripada gambar dendrogram. Kajian telah menunjukkan penanda mikrosatelit adalah penanda molekul yang sangat efisyen dalam mengesan diversiti genetik di antara genotip tumbuhan yang mempunyai persamaan yang rapat.

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS IN LOCAL RICE VARIETY USING SSR
MARKERS LOCATED ON CHROMOSOMES 8 AND 9

ABSTRACT

Genetic diversity of traditional *Oryza Sativa* L. in Malaysia was studied based on 12 microsatellite loci. A total of 31 genotypes were collected from Sabah. A moderate level of genetic diversity was observed with the number of alleles per locus ranging from one to four (average 2.333), and polymorphic loci was 91.67%. The observed heterozygosity (H_o) varied from 0.00 to 0.5172 with the mean value of 0.056, and the value of expected heterozygosity (H_E) ranged 0.00 to 0.6062 with the mean of 0.4146. Polymorphism Information Content (PIC) value ranged from 0.00 (RM321) to 0.5961 (RM257) with an average value of 0.4078 per locus. Genetic distance was varied from 0.00 to 2.4636 and the highest genetic distance observed between Simpangan A and Darawal and also between Simpangan A and Karapulut. Dendogram was constructed using the genetic distance values and the samples can be categorized into two distinct groups. The study showed this microsatellite is an efficient molecular markers in detecting genetic diversity among the closely related plant genotypes.

KANDUNGAN

	<u>Muka Surat</u>
HALAMAN JUDUL	i
PENGAKUAN	ii
PENGESAHAN	iii
PENGHARGAAN	iv
ABSTRAK	v
ABSTRACT	vi
SENARAI KANDUNGAN	vii
SENARAI JADUAL	x
SENARAI RAJAH	xi
SENARAI FOTO	xii
SENARAI SIMBOL & SINGKATAN	xiv
SENARAI FORMULA	xvi
BAB 1 PENDAHULUAN	1
1.1 Pengenalan	1
1.2 Objektif Kajian	5
BAB 2 ULASAN PERPUSTAKAAN	6
2.1 Padi	6
2.1.1 Padi sawah	8
2.1.2 Padi tanah kering	9
2.2 Faktor yang mempengaruhi pertumbuhan dan hasil padi	9
2.2.1 Ketahanan terhadap rendaman	10
2.2.2 Karah padi	10
2.3 Gen yang rintang terhadap penyakit di dalam padi	11
2.3.1 Tahap kerintangan karah di dalam padi	12
i. Kerintangan kualitatif karah	12
ii. Kerintangan kuantitatif karah	13
iii. Kerintangan separa	13
2.4 Penanda genetik	13
2.4.1 Penanda molekul	14

i. AFLP	15
ii. RFLP	16
iii. RAPD	17
iv. SNP	18
v. SSR	18
2.5 Kepelbagaian genetik	19
2.5.1 Parameter-parameter dalam penetuan kepelbagaian genetik	20
i. Frekuensi alel dan polimorfisma	20
ii. Alel heterozigus	21
iii. Jarak genetik dan Dendogram	22
BAB 3 BAHAN DAN KAEADAH	23
3.1 Bahan kajian	23
3.2 Penanda mikrosatelite	24
3.3 Kaedah	27
3.3.1 Percambahan biji benih	27
3.3.2 Pengestrakan DNA	28
3.3.3 Elektroforesis dengan 0.8% agarose gel	29
i. Penyediaan gel	30
ii. Mengisi dan menjalankan gel	30
3.3.4 PCR	31
3.3.5 Elektroforesis dengan 3.0% agarose gel	33
i. Penyediaan gel	33
ii. Mengisi dan menjalankan gel	33
3.3.6 Analisis Gel	34
3.3.7 Analisis Data	35
3.4 Analisis Statistik	35
3.4.1 Heterozigositi	36
3.4.2 Heterozigositi yang dilihat (H_0)	36
3.4.3 Heterozigositi yang dijangka (H_E)	36
3.4.4 Purata heterozigositi (H)	37
3.4.5 Jarak genetik	37

BAB 4	KEPUTUSAN	38
4.1	Hasil pengestrakan DNA	38
4.2	Hasil amplifikasi PCR	41
4.3	Bilangan dan frekuensi alel	56
4.4	Polimorfisma penanda mikrosatelit	58
4.5	Heterozigosity	59
4.6	Jarak genetik dan dendogram	60
BAB 5	PERBINCANGAN	61
BAB 6	KESIMPULAN	69
RUJUKAN		71
LAMPIRAN		77

SENARAI JADUAL

No. Jadual	Muka Surat
2.1 Negara pengeluar utama dan hasil pengeluaran (2004)	7
3.1 Senarai varieti bahan kajian yang digunakan	23
3.2 Senarai SSR yang digunakan berserta motif dan primer	25
3.3 Senarai penanda SSR yang digunakan dan ciri-ciri	26
3.4 Larutan ekstraksi DNA (Zheng <i>et al.</i> , 1995)	28
3.5 Penyediaan larutan TE	29
3.6 Komponen-komponen koktel dan jumlah stok awal dan akhir bagi 1 dan 33 tindakbalas (RX)	31
3.7 Tindakbalas PCR berdasarkan spesifikasi pengeluar	32
4.1 Bentuk alel produk PCR bagi 31 varieti padi yang terangkai dengan 12 lokus	54
4.2 Frekuensi alel bagi setiap lokus mikrosatelit kajian	57
4.3 Rumusan statistik bagi bilangan alel yang dicerap, bilangan alel efektif serta nilai heterozigositi dan <i>Polymorphic Information Content (PIC)</i>	59
4.4 Jarak genetik (Nei's 1978) bagi 31 sampel padi kajian	61

SENARAI RAJAH

No. Rajah	Muka Surat
4.1 Dendogram bagi 31 sampel padi kajian	62

SENARAI FOTO

No. Foto		Muka Surat
4.1	Penentuan kualiti dan kuantiti DNA menggunakan gel agarose 0.8 %	39
4.2	Bentuk monomorfik yang dikesan pada lokus RM321 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	41
4.3	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM72 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	43
4.4	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM250 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	44
4.5	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM168 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	45
4.6	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM201 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	46
4.7	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM215 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	47
4.8	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM230 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	48
4.9	Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM278 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	49

No. Foto	Muka Surat
4.10 Bentuk polimorfik dan homozigot yang dikesan pada lokus RM308 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	50
4.11 Bentuk polimorfik dan heterozigot yang dikesan pada lokus RM266 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	51
4.12 Bentuk polimorfik dan heterozigot yang dikesan pada lokus RM316 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	52
4.13 Bentuk polimorfik dan heterozigot yang dikesan pada lokus RM257 bagi sampel padi kajian setelah dielektroforesiskan menggunakan 3.0 % agarose gel	53

SENARAI SIMBOL/ SINGKATAN

%	Peratus
V	Volt
μl	Mikroliter
$^{\circ}\text{C}$	Celsius
ml	Mililiter
mM	MilimMolar
AFLP	<i>Amplified fragment length polymorphism</i>
bp	Pasangan bes
ddH ₂ O	Air suling dua peringkat
dH ₂ O	Air suling
DNA	Asid deoksiribonukleik (<i>deoxyribonucleic acid</i>)
dNTP	Deoksiribonukleik trifosfat (<i>deoxyribonucleic triphosphate</i>)
EDTA	<i>Ethylenediaminetetraacetate</i>
EtBr	<i>Ethidium Bromide</i>
EtOH	Etanol (<i>ethanol</i>)
g	gram
H _o	Observed heterozygosity
H _E	Expected heterozygosity
kb	kilo pasangan bes
NaCl	Natrium klorida
PIC	<i>Polymorphic Information Content</i>
PCR	Tindakbalas rantai polimerase
RAPD	<i>Random amplified polymorphic DNA</i>
RFLP	<i>Restriction fragment length polymorphism</i>
RM	Mikrosatelit padi (<i>Rice microsatellite</i>)
SDS	<i>Sodium dodecyl sulfate</i>
SNP	<i>Single nucleotide polymorphism</i>
SSR	<i>Simple sequence repeat</i>
TAE	Tris-Acetate-EDTA

TBE	Tris-Boric-EDTA
TE	Tris-EDTA

SENARAI FORMULA

No. Formula	Muka Surat
3.1 Heterozigosity	36
3.2 Heterozygosity yang dilihat (H_O)	36
3.3 Heterozygosity yang dijangka (H_E)	37
3.4 Purata heterozygosity	37
3.5 Jarak genetik	38

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Pengenalan

Peningkatan dalam penghasilan makanan sedunia adalah sangat penting seiring dengan peningkatan populasi penduduk dunia. Walaupun perkembangan pertanian sedunia telah berkurang dari 3% pada 1960-an kepada 2% pada dekad yang lepas, unjuran menunjukkan pengeluaran bekalan makanan dunia mencukupi sekurang-kurangnya sehingga tahun 2020 (Persley & MacIntyre, 2002). Pada tahun 2020, permintaan terhadap hasil makanan terutamanya bijirin (padi dan gandum) adalah dijangkakan sebanyak 40%, dengan kebanyakan permintaan adalah dari negara-negara membangun. Ini termasuklah permintaan sehingga dua kali ganda terhadap keperluan makanan bagi ternakan (Persley & MacIntyre, 2002). Padi merupakan salah satu daripada tanaman makanan yang paling banyak ditanam dan menghasilkan keperluan makanan kepada satu setengah populasi penduduk dunia (Zeng *et al.*, 2004).

Tanaman padi sangat penting kepada lebih daripada separuh populasi penduduk dunia. Ia merupakan makanan ruji paling penting di dalam diet beratus juta penduduk Asia, Afrika dan Amerika Latin yang tinggal di kawasan tropika dan sub-tropika. Di

kawasan ini, penambahan populasi sangat tinggi dan dijangkakan kekal tinggi untuk sekurang-kurangnya bagi dekad akan datang. Padi akan kekal menjadi sumber makanan utama.

Tanaman padi tanah kering atau lebih dikenali sebagai padi bukit atau padi huma tidak memerlukan sistem pengairan yang lengkap dan bergantung sepenuhnya kepada faktor alam sekitar seperti air hujan dan kawasan tanah tinggi. Ia juga mudah diserang pelbagai perosak dan terdedah terhadap pelbagai jenis penyakit yang akan mengurangkan kadar pengeluarannya. Ini menyebabkan pengusaha kurang menanam padi dari jenis ini kerana sukar untuk dijaga dan hasil yang rendah. Walau bagaimanapun, beberapa varieti padi tanah kering dikatakan rintang terhadap penyakit karah, sejenis penyakit padi yang sering memusnahkan tanaman padi di seluruh dunia.

Karah merupakan penyakit padi yang sering menyerang tanaman padi seluruh dunia dan sangat membimbangkan pengusaha tanaman ini. Ia boleh menyebabkan kemusnahan tanaman padi bagi kawasan yang sangat luas dan mengakibatkan kerugian hasil pengeluaran yang sangat teruk kepada pengusaha dan yang lebih teruk lagi krisis kekurangan makanan dunia, bergantung kepada tahap serangan. Setiap tahun, penyakit karah padi memusnahkan kawasan tanaman yang cukup bagi diet lebih dari 60 juta penduduk dunia (Persley & Maclntyre, 2002). Di Amerika Syarikat penyakit ini pernah mengakibatkan kerugian lebih 70% hasil tanaman tahunan (Fjellstrom *et al.*, 2004).

Penyakit karah disebabkan oleh sejenis fungi yang dinamakan *Pyricularia oryzae* dan telah membawa kesan yang sangat serius kepada kerugian ekonomi dunia (Fjellstrom

et al., 2004). Antara simptomnya termasuklah bintik dan juga kesan luka di kawasan daun, nodul, dan pada butir padi, tetapi selalunya pada pelepasan daun (Agrios, 2005). Ciri unik bagi fungi ini adalah keupayaannya untuk berevolusi dalam masa yang singkat bahkan banyak jenis (*races*) karah pernah dikesan wujud dalam satu kawasan tanaman (Xia *et al.*, 1993; Moldenhauer *et al.*, 1998; Fjellstrom *et al.*, 2004).

Para pengkaji terdorong untuk mengkaji kultivar dari padi tradisional kerana kebanyakannya adalah sangat rentang terhadap penyakit karah. Seperti yang diketahui penyakit karah sangat merosakkan terutama kepada varieti padi tanah basah. Dengan kajian ini pengkaji berharap dapat mengatasi masalah penyakit karah seterusnya meningkatkan hasil pengeluaran dan membantu para pengusaha. Penanda DNA menawarkan cara yang efisien dan cepat bagi memilih kewujudan banyak gen yang rentang karah tanpa melakukan ujian baka atau penyaringan penyakit secara besar-besaran (Fjellstrom *et al.*, 2004).

Penanda mikrosatelit atau kaedah ‘simple sequence repeats’ (SSRs) telah menjadi penanda pilihan bagi spektrum yang luas dalam bidang genetik, populasi dan kajian evolusi pada banyak spesies tumbuhan, termasuklah padi (Zhao & Kochert, 1992; Wu & Tanksley, 1993; Panaud *et al.*, 1996). Sebagai tambahan kepada teknik yang mudah ini adalah kos yang murah dan keberkesanan penyelesaian genetik yang sangat efisien. Kaedah mikrosatelit juga mempunyai kelebihan berbanding penanda lain: banyak, kodominan, penembusan terhadap genom dan sangat polimorfik di dalam spesies tumbuhan (McCouch *et al.*, 2002). Penanda DNA yang membezakan genotip adalah lebih

diperdayai dan lebih mudah berbanding kaedah fisiologi atau morfologi dalam menentukan dan mencirikan variasi genetik (Zeng *et al.*, 2004).

SSR adalah penanda PCR yang menyediakan penembusan tinggi dan penjimatan tenaga kerja untuk melabel gen rintang karah, terutamanya bagi program pembiakan yang memerlukan ribuan penyaringan berkali-kali. Thanh *et al.* (1999) telah membuktikan pengecaman variasi genetik menggunakan penanda mikrosatelit adalah sangat berguna dalam menaksir pencapaian padi bukit daripada Vietnam bagi morfologi yang berkait dengan ketahanan terhadap banjir. Teknik penanda mikrosatelit telah dikembangkan dan digunakan dalam kajian tanaman padi, termasuk pengecaman varieti dan penyimpanan plasma gel (Olufowote *et al.*, 1997; Garland *et al.*, 1999), diversiti genetik (Yang *et al.*, 1994; Davierwala *et al.*, 2000), dan gen dan analisis lokus ciri kuantitatif (Xiao *et al.*, 1996).

Kajian diversiti sangat penting bagi menjelaki kadar polimorfasi dari kalangan padi tempatan terhadap kerintangannya terhadap penyakit-penyakit tersebut. Penentuan diversiti juga dapat membantu mengumpul gen-gen baru yang efisien dan berpotensi dalam program pembiakbakaan bagi menghasilkan padi yang lebih bermutu dan rintang terhadap penyakit-penyakit padi seperti karah.

1.2 Objektif kajian

Objektif kajian adalah bagi mencapai matlamat berikut:

Untuk menentukan kepelbagaian genetik di dalam 31 varieti padi menggunakan penanda SSR yang terletak pada kromosom 8 dan 9.

Sub objektif adalah untuk:

- a) Mengesan lokus polimorfisma
- b) Menentukan tahap heterozigot (*heterozygosity*)
- c) Menentukan frekuensi alel
- d) Menentukan jarak genetik (*genetic distance*)
- e) Membina dendogram

BAB 2

ULASAN PERPUSTAKAAN

2.1 Padi

Nama saintifik bagi padi adalah *Oryza sativa* L. Tanaman padi tergolong di dalam rumpun Oryzeae di bawah sub-keluarga Pooideae. Padi merupakan tumbuhan dari famili rumput (Poaceae) yang sangat bernilai dari segi ekonomi kerana ia merupakan tanaman makanan dunia yang paling penting. Ahli biosistemik telah membahagikan genus *Oryza* kepada beberapa bahagian dan menempatkan *O. sativa* di bawah siri Sativa dalam bahagian Sativae. Terdapat dua spesies padi yang biasa ditanam sebagai bahan makanan iaitu *O. sativa* dan *O. glaberrima*. *O. sativa* merupakan padi yang biasa terdapat di seluruh dunia manakala *O. glaberrima* hanya ditanam di kawasan tertentu sahaja di Afrika. Padi menjadi sumber kepada lebih satu perlima keperluan kalori manusia di dunia.

Padi merupakan makanan ruji bagi kebanyakan populasi manusia di dunia terutamanya bagi kawasan Asia, menjadikannya sebagai bijirin paling banyak dimakan. Penanaman padi sangat sesuai dilakukan di negara dan kawasan yang tinggi kadar hujan serta mempunyai tenaga buruh yang ramai dan murah. Padi dapat ditanam di banyak kawasan, termasuklah di kawasan tanah tinggi yang curam. Walaupun padi merupakan

makanan asas di Asia dan Afrika, pengeluaran dan eksport menjadikannya biasa di banyak tempat dan budaya di dunia.

Pengeluaran padi dunia telah meningkat dengan baik dengan pengeluaran sebanyak 200 juta tan pada tahun 1960 kepada 600 million tan pada tahun 2004. Pada tahun 2004, pengeluar utama padi dunia adalah China (26% pengeluaran dunia), India (20%), dan Indonesia (9%). Jadual 2.1 menunjukkan 10 negara pengeluar utama padi dunia.

Jadual 2.1 Negara pengeluar utama dan hasil pengeluaran (2004)*

Negara	Pengeluaran (Juta tan)
China	182
India	137
Indonesia	54
Bangladesh	40
Vietnam	36
Thailand	27
Myanmar	25
Pakistan	18
Filipina	15
Brazil	13
Japan	11
Jumlah	700

*Sumber dari laman web UN Food & Agriculture Organisation (FAO)

Padi merupakan satu daripada tanaman bijirin dan merupakan makanan ruji bagi ramai penduduk Malaysia. Di Malaysia padi yang ditanam terbahagi kepada dua jenis iaitu

RUJUKAN

Agrios, G.N. 2005. *Plant Pathology*. Fifth Ed. Elsevier Academic Press, MA, USA.

Akagi, H., Yokozeki, Y., Inagaki, A. 1997. Highly polymorphic microsatellites of rice consist of AT repeats, and a classification of closely related cultivars with these microsatellite loci. *Theor. Appl. Genet.* **94**, 61-67.

Chai, Y. T., Chai, M., Saad, M. S. 1990. *Pembibakan Tumbuhan*. Dewan Bahasa dan Pustaka. KL.

Chalmers, K.J., Jefferies, S.P. & Langridge, P. 2001. Comparison of RFLP and AFLP Marker Systems for Assessing Genetic Diversity in Australian Barley Varieties and Breeding Lines. In: Henry, L.J. (Pnyt.) Plant Genotyping: The DNA Fingerprinting of Plants. CAB International, UK, ms. 161-178.

Chen, X., Temnykh, S., Xu, Y., Cho, Y. G., McCouch, S. R. 1997. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.), *Theor. Appl. Genet.* **95**, 553-567.

Correa-Victoria, F.J. & Zeigler, R.S. 1995. Stability of Partial and Complete Resistance in Rice to *Pyricularia grisea* Under Rainfed Upland Conditions in Eastern Colombia. *Phytopathology* **85**, 977-982.

Davierwala, A. P., Reddy, A. P. K., Lagu, M. D. Rajenkar, P. K. & Gupta, V. S. 2000. Marked Assisted selection of Bacterial Blight Resistance Genes in Rice. *Biochemical Genetics*. **39**, 261-278.

Eizenga, G. C., Agrama, H. A., Lee, F. N., Yan, W., Jia, Y. 2006. Identifying Novel Resistance Genes in Newly Introduced Blast Resistant Rice Germplasm. *Crop Sci.* **46**, 1870-1878.

Fjellstrom, C.A. Conaway-Bormans. A.M. McClung, M.A. Marchetti, A.R. Shank, W.D. Park. 2004. Development of DNA Markers Suitable for Marker Assisted Selection of Three pi Genes Conferring Resistance to Multiple Pyricularia grisea Pathotypes. *Crop Sci.* **44**, 1790-1798.

Garland, S.H., Lewin, L., Abedinia, M., Henry, R., Blakeney, A. 1999. The use of microsatellite polymorphisms for the identification of Australian breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.), *Euphytica*. **108**, 53-63.

Grimmer, M. K., Trybush, S., Hanley, S., Francis, S. A., Karp, A., Asher, M. J. C. 2007. An anchored linkage map for sugar beet based on AFLP, SNP and RAPD markers and QTL mapping of new source of resistance to beet necrotic yellow vein virus. *Theor. Appl. Genet.* **114**, 1151-1160.

Huang, N., Angeles, E. R., Domingo, J., Magpantay, G., Singh, S., Zhang, G., Kumaravadivel, N., Bennett, J. & Khush, G. S. 1997. Pyramiding Bacterial Blight Resistance Genes in Rice: Marked-Assisted Selection using RFLP and PCR. *Theor. Appl. Genet.* **94**, 313-320.

Lee , L.S. & Henry, R.J.2001. Commercial Applications of Plant Genotyping. In: Henry, L.J. (Pnyt.) Plant Genotyping: The DNA Fingerprinting of Plants. CAB International, UK, ms. 265-273.

Lynch, M. & Milligan, B.G. 1994. Analysis of population genetic structure using RAPD markers. *Molecular Ecology* **3**, 91-99.

McCouch, S. R., Teytelman, L., Xu, Y., Lobos, K. B., Clare, K., Walton, M., Fu, B., Maghirang, R., Li, Z., Xing, Y., Zhang, Q., Kono, I., Yano, M., Fjellstrom, R., DeClerck, G., Schneider, D., Cartinhour, S., Ware, D., Stein, L. 2002. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa L.*). *DNA Res.* **9**, 199-207.

Moldenhauer, K. A. K., Gravois, K. A., Lee, F. N., Norman, R. J., Bernhardt, J. L., Wells, B. R., Dilday, R. H., Blocker, M. M., Rohman, P. C. & McMinn, T. A. 1998. Registration of 'Drew' rice. *Crop Sci.* **38**, 896-897.

Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.

Olufowote, J.O., Beachel, H. M., Dilay, R. H. & McCouch, S. R. 1997. Comparative evolution of within cultivar variation of rice (*Oryza sativa L.*) using microsatellite and RFLP markers. *Genome*. **40**, 370-378.

Panaud, O., Chen, X., McCouch, S.R. 2006. Development of microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oryza sativa L.*). *Mol. Gen. Genet.* **252**, 597-607.

Persley, G.J. and MacIntyre, L.R. 2002. *Agricultural Biotechnology: Country Case Studies – A Decade of Development*. CAB International, Wallingford, UK.

Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S. & Rafalski, A. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*. **2**, 225-238.

Primrose, S.B. & Twyman, R.M. 2006. *Principles of Gene Manipulation and Genomics*. Seventh Ed. Blackwell Publishing, MA 02148-5020, USA.

Sallaud, C., Lorieux, M., Roumen, E., Tharreau, D., Berruyer, R., Svestasrani, P., Garsmeur, O., Ghesquiere, A., Notteghem, J.L. 2003. Identification of five new blast resistance genes in the highly blast-resistant rice variety IR64 using a QTL mapping strategy. *Theor. Appl. Genet.* **106**, 794-803.

Tabien, R.E., Li, Z., Paterson, A. H., Marchetti, M. A., Stansel, J. W., Pinson, S. R. M. 2000. Mapping of four major rice blast resistance genes from 'Lemont' and 'Teqing' and evaluation of their combinatorial effect for field resistance. *Theor. Appl. Genet.* **101**, 1215-1225.

Tabien, R.E., Li, Z., Paterson, A. H., Marchetti, M. A., Stansel, J. W., Pinson, S. R. M. 2000. Mapping QTLs for field resistance to the rice blast pathogen and evaluating their individual and combined utility in improved varieties. *Theor. Appl. Genet.* **105**, 313-324.

Temnykh, S., Park, W. D., Ayres, N., Cartinhour M. S., Hauck, N., Lipovich, L., Cho, Y.G., Ishii, T., McCouch, S. R. 2000. Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa L.*). *Theor. Appl. Genet.* **100**, 697-712.

Thanh, N.D., Zheng, H.G., Dong, N.V., Trinh, L.N., Ali, M.L. & Nguyen, H.T. 1999. Genetic variation in root morphology and microsatellite DNA loci in upland rice (*Oryza sativa L.*) from Vietnam. *Euphytica*. **105**, 43-51.

Thuan, N. T. N., Bigirimana, J., Roumen, E., Straeten, D. V. D., Hofte, M. 2006. Molecular and pathotype analysis of the rice blast fungus in North Vietnam. *European Journal of Plant Pathology* **114**, 381-396.

Valent, B. & Chumley, F.G. 1991. Molecular genetic analysis of the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. *Annu Rev Phytopathol* **29**, 443-467.

Vaughan, D. A. 1994. The wild relatives of rice: a genetic resources handbook. International Rice Research Institute, Manila.

Wang, G. L., Mackill, D. J., Bonman, M., McCouch, S. R., Champoux, M. C. & Nelson, R. J. 1994. RFLP mapping of genes conferring complete and partial resistance to blast in a durably resistant rice cultivar. *Genetics*. **136**, 1421-1434.

William, S.K., Michael, R.C., Charlotte, A.S. 2006. Concepts of Genetics. 8th ed. Pearson Education International, USA.

Wu, K. S., Tanksley, S. D. 1993. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice. *Molecular & General Genet.* **241**, 225-235.

Xia, J. Q., Corell, J. C., Lee, F. N., Marchetti, M. A. & Rhoads, D. D. 1993. DNA fingerprinting to examine microgeographic variation in the *Magnaporthe grisea* (*Pyricularia grisea*) population in two rice fields in Arkansas. *Phytopathology*. **83**, 1029-1035.

Xiao, J., Grandillo, S., Ahn, S. N., McCouch, S. R., Tanksley, S. D. 1996. Genes from wild rice improve yield. *Nature*. **384**, 223-224.

Yang, G. P., Saghai, M. M. A., Zhang, Q. F. & Biyashev, R. M. 1994. Comparative analysis of microsatellite DNA polymorphism in landraces and cultivars rice. *Theor. Appl. Genet.* **245**, 187-194.

Zeigler, R. S., Leong, S. A., Teeng, P. S. 1994. "Rice Blast Disease". CAB International, Wallingford, UK.

Zeng, L., Kwon, T. R., Liu, X., Wilson, C., Grieve, C.M. & Gregorio, G.B. 2004. Genetic diversity analyzed by microsatellite markers among rice (*Oryza sativa* L.) genotypes with different adaptations to saline soils. *Plant Science*. **166**, 1275-1285.

- Zhang, Y. & Stommel, J. R. 2000. RAPD and AFLP tagging and mapping of Beta (B) and Beta modifier (MoB), two genes which influence B-carotene accumulation in fruit of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Theor. Appl. Genet.* **100**, 368-375.
- Zhao, X. P. & Kochert, G. 1992. Characterization and genetic mapping of a short, highly repeated, interspersed DNA sequence from rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* **231**, 353-359.
- Zheng, K. L., Huang, N. Behnett, J., Khush, G. S. 1995. *PCR-based marker-assisted selection in rice breeding*. International Rice Research Institute, Manila, Philippines.
- Zhou, H.F., Xie, Z. W., Ge, S. 2003. Microsatellite analysis of genetic diversity and population genetic structure of a wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in China. *Theor. Appl. Genet.* **107**, 332-339.