

Heterogeneity of M5 Red Rice Mutants Irradiated With 200 and 300 Gy Based on Agronomic Traits Using Hierarchical Clustering Analysis

A. A. K. Sudharmawan*

Magister Pertanian Lahan Kering, Pascasarjana Universitas Mataram, Mataram, Indonesia;

Article History

Received : June 23th, 2025

Revised : July 15th, 2025

Accepted : July 23th, 2025

*Corresponding Author: **A. A. K. Sudharmawan**, Magister Pertanian Lahan Kering, Pascasarjana Universitas Mataram, Mataram, Indonesia; Email: agungsudharmawan@gmail.com

Abstract: Gamma-ray irradiation can broaden phenotypic variation in rice, making assessment of genotype heterogeneity important in advanced generations. This study evaluated the heterogeneity of M5 red rice mutants derived from 200 and 300 Gy irradiation based on agronomic traits using Hierarchical Clustering. The study involved 20 M5 mutant genotypes, comprising 10 genotypes from 200 Gy and 10 from 300 Gy, evaluated in three replications with Gamagora 7 as a check. Eleven agronomic traits were analyzed; maturity was excluded from clustering because all mutant genotypes had maturity of 107 days after transplanting. Genotype means were standardized and analyzed using Euclidean distance and Ward linkage. Cluster number was determined using silhouette, Calinski–Harabasz, Davies–Bouldin, and cophenetic correlation, while PCA was used to clarify variation. Five traits differed significantly: plant height, flowering time, maturity, grains per panicle, and filled grains per panicle. Three clusters provided the most informative structure, with a silhouette score of 0.324 and a cophenetic correlation coefficient of 0.732. The smallest Euclidean distance was 0.981 between G13 (12-2-8) and G63 (5-14-10), whereas the largest was 8.771 between G27 (1-20-19) and G27 (17-10-12). Internal dispersion was higher at 300 Gy than at 200 Gy, although multivariate centroids did not differ significantly between doses.

Keywords: red rice; phenotypic heterogeneity; gamma irradiation; M5; Hierarchical Clustering; PCA.

Pendahuluan

Padi beras merah merupakan sumber pangan yang memiliki nilai tambah fungsional karena kandungan senyawa bioaktifnya. Pengembangan padi beras merah melalui pemuliaan perlu diarahkan tidak hanya pada peningkatan hasil, tetapi juga pada perbaikan karakter agronomi yang mendukung adaptasi, efisiensi budidaya, dan mutu hasil. Salah satu pendekatan yang dapat memperluas sumber variasi adalah induksi mutasi menggunakan iradiasi sinar gamma (Abdullah, 2017; Pangerang, 2021).

Induksi mutasi menghasilkan perubahan yang bersifat acak sehingga respons antargenotipe tidak selalu mengikuti dosis secara linier. Pada populasi mutan generasi lanjut,

sebagian karakter dapat menjadi relatif seragam akibat seleksi, sementara karakter lain tetap menunjukkan variasi yang dapat dimanfaatkan. Karena itu, evaluasi heterogenitas perlu dilakukan untuk mengetahui struktur variasi dan kedekatan fenotipik antargenotipe (Mba, 2013; Sao et al., 2022).

Materi yang dianalisis dalam penelitian ini merupakan mutan M5 padi beras merah G16 hasil iradiasi 200 dan 300 Gy. Analisis diarahkan untuk mengkaji tingkat heterogenitas populasi berdasarkan kombinasi karakter agronomi dan komponen hasil. Pendekatan ini menempatkan struktur kemiripan antargenotipe sebagai fokus utama, sehingga informasi heterogenitas dapat digunakan sebagai dasar untuk menentukan arah seleksi pada generasi berikutnya.

Hierarchical Clustering memungkinkan

genotipe dikelompokkan berdasarkan kemiripan multikarakter tanpa menetapkan batas kelompok sejak awal. Penggunaan jarak Euclidean setelah standardisasi mencegah karakter dengan satuan atau rentang besar mendominasi pembentukan klaster, sedangkan metode Ward berupaya menghasilkan kelompok dengan keragaman internal relatif rendah. PCA digunakan sebagai analisis pendukung untuk mengidentifikasi karakter yang paling berkontribusi terhadap variasi multivariat (Nugroho et al., 2022).

Penelitian ini bertujuan: (1) mengidentifikasi karakter agronomi yang berkontribusi terhadap keragaman mutan M5; (2) memetakan struktur heterogenitas 20 mutan hasil iradiasi 200 dan 300 Gy; (3) mengidentifikasi genotipe yang paling mirip dan paling berbeda secara multivariat; (4) membandingkan tingkat dispersi fenotipik populasi 200 dan 300 Gy; dan (5) mengevaluasi apakah perbedaan dosis menghasilkan pemisahan pusat multivariat yang konsisten.

Bahan dan Metode

Sumber data dan materi genetik

Analisis menggunakan file data hasil penelitian M5 yang memuat 20 genotipe mutan padi beras merah dan satu kontrol Gamagora 7. Sepuluh genotipe pertama merupakan mutan hasil iradiasi 200 Gy (G1–G10), sedangkan G11–G20 merupakan mutan hasil iradiasi 300 Gy. Setiap genotipe dievaluasi pada tiga ulangan. Identitas genotipe dipertahankan sesuai file sumber.

Tabel 1. Sumber data dan materi genetik

Kode analisis	Dosis	Identitas genotipe
G1	200 Gy	G15 (4-20-20)
G2	200 Gy	G15 (4-20-13)
G3	200 Gy	G63 (11-8-6)
G4	200 Gy	G13 (5-14-7)
G5	200 Gy	G63 (17-7-3)
G6	200 Gy	G13 (11-16-11)
G7	200 Gy	G13 (12-2-8)
G8	200 Gy	G15 (2-15-11)
G9	200 Gy	G63 (5-14-10)
G10	200 Gy	G12 (7-10-6)
G11	300 Gy	G27 (1-20-6)
G12	300 Gy	G27 (1-20-19)
G13	300 Gy	G27 (16-9-4)
G14	300 Gy	G27 (17-10-12)

Kode analisis	Dosis	Identitas genotipe
G15	300 Gy	G20 (7-8-15)
G16	300 Gy	G20 (8-3-5)
G17	300 Gy	G20 (9-9-3)
G18	300 Gy	G28 (12-20-6)
G19	300 Gy	G52 (15-7-9)
G20	300 Gy	G52 (3-9-12)
G21	Kontrol	GAMAGORA

Karakter yang dianalisis

Karakter yang tersedia dalam workbook adalah tinggi tanaman (TT), jumlah anakan total (JAT), jumlah anakan produktif (JAP), panjang malai (PM), sudut daun bendera (SD), umur berbunga (UB), umur panen (UP), jumlah gabah per malai (JGP), jumlah gabah bernas per malai (JGBP), bobot gabah kering simpan per rumpun (BGKSP), dan bobot 100 butir. Untuk analisis klaster 20 mutan, UP dikeluarkan karena seluruh mutan memiliki nilai 107 HST sehingga variansnya nol. Kontrol tidak dimasukkan dalam perhitungan heterogenitas mutan, tetapi digunakan sebagai pembandingan deskriptif.

Quality control data: pada sheet UB, baris ke-21 tercantum kembali sebagai G15 (4-20-20), sedangkan sheet karakter lain mencantumkan baris ke-21 sebagai GAMAGORA. Karena posisi baris ke-21 konsisten sebagai kontrol pada sheet lainnya, baris tersebut diperlakukan sebagai kontrol untuk harmonisasi lintas-sheet dan tidak masuk ke clustering 20 mutan. Koreksi label ini tidak mengubah data 20 mutan yang menjadi fokus analisis.

Analisis ragam

Data tiga ulangan dianalisis dengan model Rancangan Acak Kelompok, dengan genotipe sebagai faktor perlakuan dan ulangan sebagai blok. Pengaruh genotipe diuji pada taraf 5%. Koefisien keragaman dihitung dari akar kuadrat kuadrat tengah galat dibagi rata-rata umum dikalikan 100%. Analisis ini digunakan untuk mengidentifikasi karakter yang masih menunjukkan perbedaan antargenotipe.

Hierarchical Clustering dan ukuran heterogenitas

Nilai rata-rata tiga ulangan untuk setiap genotipe distandardisasi menjadi z-score. Umur panen dikeluarkan dari matriks clustering karena konstan pada 20 mutan. Jarak antargenotipe

dihitung menggunakan jarak Euclidean dan pengelompokan dilakukan dengan metode agglomerative Ward. Dendrogram dievaluasi menggunakan Cophenetic Correlation Coefficient (CCC). Solusi jumlah kluster dibandingkan pada $k = 2$ sampai 6 menggunakan silhouette score, Calinski–Harabasz index, dan Davies–Bouldin index. Solusi tiga kluster dipilih karena menghasilkan silhouette tertinggi. Sebagai analisis pendukung, PCA dilakukan pada matriks data yang sama. Heterogenitas internal dosis 200 dan 300 Gy dibandingkan menggunakan rata-rata jarak Euclidean berpasangan dalam masing-masing dosis. Perbedaan pusat multivariat kedua dosis diuji secara eksploratif menggunakan pseudo-F berbasis jarak dengan 4.999 permutasi. Analisis ini digunakan untuk membedakan dua konsep: pemisahan pusat populasi dan besarnya heterogenitas internal.

Hasil dan Pembahasan

Keragaman karakter agronomi

Analisis ragam menunjukkan bahwa lima karakter berbeda nyata pada taraf 5%, yaitu tinggi tanaman, umur berbunga, umur panen, jumlah gabah per malai, dan jumlah gabah bernas per malai. Enam karakter lainnya tidak berbeda nyata. Hasil tersebut menunjukkan bahwa heterogenitas fenotipik tidak tersebar merata pada semua karakter, tetapi lebih terlihat pada arsitektur tanaman, fenologi, dan pembentukan gabah.

Umur panen berbeda nyata ketika seluruh 21 perlakuan termasuk kontrol dianalisis, tetapi seluruh 20 mutan mempunyai nilai 107 HST. Dengan demikian, perbedaan umur panen berasal dari kontrol dan tidak menyediakan informasi untuk membedakan mutan M5 dalam analisis multivariat. Keputusan mengecualikan UP dari clustering merupakan keputusan analitik berbasis varians data, bukan penghilangan hasil yang menguntungkan atau merugikan genotipe tertentu.

Tabel 2. Keragaman karakter agronomi

Karakter	F hitung	p	KK (%)	Keterangan
Tinggi tanaman (cm)	3.264	0.001	7.01	Nyata
Jumlah anakan total (batang)	1.157	0.338	22.72	Tidak nyata
Jumlah anakan produktif (batang)	1.183	0.316	24.00	Tidak nyata
Panjang malai (cm)	1.699	0.076	10.74	Tidak nyata
Sudut daun bendera (°)	1.689	0.078	19.24	Tidak nyata
Umur berbunga (HST)	2.207	0.016	8.14	Nyata
Umur panen (HST)	4.000	0.000	0.24	Nyata
Jumlah gabah per malai (butir)	2.209	0.016	12.07	Nyata
Jumlah gabah bernas per malai (butir)	2.047	0.027	11.39	Nyata
Bobot gabah kering simpan per rumpun (g)	0.563	0.915	22.71	Tidak nyata
Bobot 100 butir (g)	0.914	0.573	17.73	Tidak nyata

Keragaman deskriptif menurut dosis

Secara deskriptif, populasi 300 Gy menunjukkan dispersi lebih besar pada hampir seluruh karakter dibandingkan 200 Gy. Rata-rata jarak berpasangan antargenotipe pada 300 Gy adalah 5,252, sedangkan pada 200 Gy sebesar 3,295. Dengan ukuran yang sama, dispersi 300

Gy sekitar 59,5% lebih tinggi. Karakter yang paling heterogen pada 300 Gy berdasarkan KK antar-genotipe adalah sudut daun bendera (15,55%), jumlah gabah per malai (12,34%), bobot gabah kering simpan per rumpun (12,09%), dan jumlah gabah bernas per malai (11,58%).

Tabel 2. Keragaman deskriptif menurut dosis

Dosis	Karakter	Rata-rata	KK antar-genotipe (%)
200 Gy	Tinggi tanaman (cm)	118.04	4.38
200 Gy	Jumlah anakan total (batang)	21.09	5.81
200 Gy	Jumlah anakan produktif (batang)	19.22	6.37
200 Gy	Panjang malai (cm)	25.06	1.77
200 Gy	Sudut daun bendera (°)	40.26	9.12
200 Gy	Umur berbunga (HST)	75.32	6.98

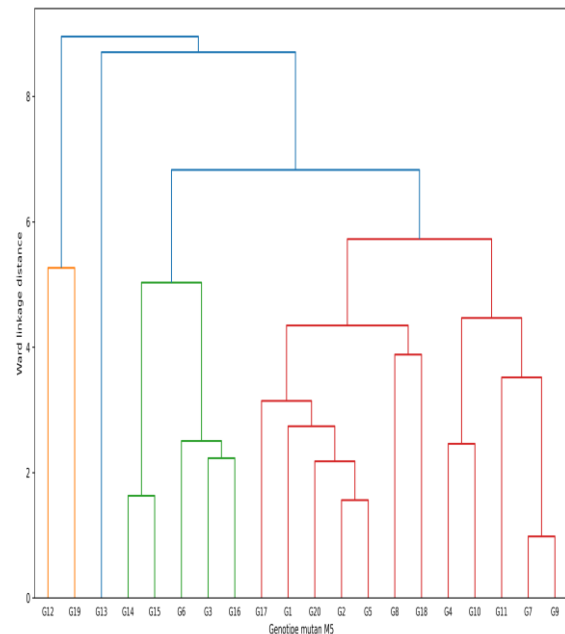
Dosis	Karakter	Rata-rata	KK antar-genotipe (%)
200 Gy	Jumlah gabah per malai (butir)	142.97	8.02
200 Gy	Jumlah gabah bernas per malai (butir)	130.74	7.00
200 Gy	Bobot gabah kering simpan per rumpun (g)	50.97	4.86
200 Gy	Bobot 100 butir (g)	2.81	7.02
300 Gy	Tinggi tanaman (cm)	120.08	7.79
300 Gy	Jumlah anakan total (batang)	21.40	7.68
300 Gy	Jumlah anakan produktif (batang)	19.24	10.92
300 Gy	Panjang malai (cm)	26.23	10.95
300 Gy	Sudut daun bendera (°)	42.78	15.55
300 Gy	Umur berbunga (HST)	76.65	5.35
300 Gy	Jumlah gabah per malai (butir)	146.63	12.34
300 Gy	Jumlah gabah bernas per malai (butir)	133.90	11.58
300 Gy	Bobot gabah kering simpan per rumpun (g)	49.58	12.09
300 Gy	Bobot 100 butir (g)	2.55	10.55

Struktur kluster

Evaluasi beberapa jumlah kluster menunjukkan bahwa solusi tiga kluster memberikan silhouette score 0,324, lebih tinggi daripada $k = 2$ (0,311), $k = 4$ (0,127), $k = 5$ (0,118), dan $k = 6$ (0,112). Nilai Calinski–Harabasz sebesar 5,434 dan Davies–Bouldin sebesar 0,842 mendukung bahwa tiga kelompok memberikan struktur yang relatif lebih informatif dalam rentang jumlah kluster yang diuji, meskipun nilai silhouette 0,324 menunjukkan struktur kelompok yang masih moderat dan tidak sangat tegas.

Tabel 3. Struktur kluster

Kluster	Dosis	Genotipe
1	300 Gy	G27 (1-20-19)
1	300 Gy	G52 (15-7-9)
2	200 Gy	G15 (4-20-20)
2	200 Gy	G15 (4-20-13)
2	200 Gy	G63 (11-8-6)
2	200 Gy	G13 (5-14-7)
2	200 Gy	G63 (17-7-3)
2	200 Gy	G13 (11-16-11)
2	200 Gy	G13 (12-2-8)
2	200 Gy	G15 (2-15-11)
2	200 Gy	G63 (5-14-10)
2	200 Gy	G12 (7-10-6)
2	300 Gy	G27 (1-20-6)
2	300 Gy	G27 (17-10-12)
2	300 Gy	G20 (7-8-15)
2	300 Gy	G20 (8-3-5)
2	300 Gy	G20 (9-9-3)
2	300 Gy	G28 (12-20-6)
2	300 Gy	G52 (3-9-12)
3	300 Gy	G27 (16-9-4)



Gambar 1. Dendrogram Hierarchical Clustering 20 mutan M5 berdasarkan 10 karakter agronomi setelah standardisasi. Pemotongan dendrogram pada tiga kelompok digunakan untuk interpretasi heterogenitas.

Tingkat kemiripan dan ketidakmiripan genotipe

Jarak terpendek sebesar 0,981 ditemukan antara G13 (12-2-8) dan G63 (5-14-10), sedangkan jarak terjauh sebesar 8,771 ditemukan antara G27 (1-20-19) dan G27 (17-10-12). Rentang jarak yang lebar menunjukkan bahwa populasi M5 tidak homogen secara multivariat. Menariknya, pasangan paling mirip berasal dari dosis yang sama-sama 200 Gy, sedangkan pasangan paling berbeda berasal dari dosis 300 Gy. Temuan ini memperlihatkan bahwa dosis

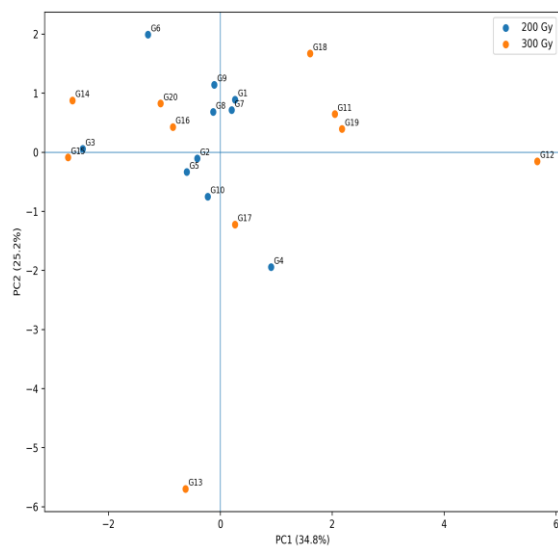
tidak cukup untuk memprediksi kedekatan fenotipik individual.

Tabel 4. Tingkat kemiripan dan ketidakmiripan genotipe

Pasangan genotipe	Jarak Euclidean	Interpretasi
G13 (12-2-8) – G63 (5-14-10)	0.981	Paling mirip
G15 (4-20-13) – G63 (17-7-3)	1.556	Sangat mirip
G27 (17-10-12) – G20 (7-8-15)	1.628	Sangat mirip
G63 (17-7-3) – G52 (3-9-12)	1.947	Mirip
G27 (1-20-19) – G27 (17-10-12)	8.771	Paling berbeda
G27 (1-20-19) – G20 (7-8-15)	8.703	Sangat berbeda
G27 (1-20-19) – G27 (16-9-4)	8.657	Sangat berbeda

PCA sebagai verifikasi pola heterogenitas

Dua komponen utama pertama menjelaskan 60,03% variasi total, terdiri atas 34,79% oleh PC1 dan 25,24% oleh PC2. PC1 terutama berkaitan dengan jumlah gabah per malai, jumlah gabah bernas per malai, panjang malai, dan bobot gabah kering simpan per rumpun, sedangkan PC2 terutama dipengaruhi jumlah anakan produktif dan jumlah anakan total, dengan kontribusi berlawanan dari tinggi tanaman. Pola ini menunjukkan bahwa variasi multivariat terutama dibentuk oleh kombinasi komponen malai/hasil dan arsitektur tanaman.



Gambar 2. Posisi 20 mutan M5 pada dua komponen utama. PC1 dan PC2 bersama-sama menjelaskan 60,03% variasi total.

Heterogenitas internal dan pemisahan dosis

Dispersi rata-rata antargenotipe pada 300 Gy lebih besar daripada 200 Gy (5,252 vs 3,295), tetapi analisis permutasi tidak menunjukkan pemisahan pusat multivariat yang nyata antara

kedua dosis (pseudo-F = 0,961; $p = 0,446$). Dengan demikian, dua hasil tersebut tidak bertentangan: 300 Gy memiliki penyebaran internal yang lebih luas, tetapi posisi rata-rata populasi 300 Gy tidak cukup berbeda dari 200 Gy untuk membentuk dua pusat fenotipik yang terpisah secara statistik.

Pembahasan

Heterogenitas yang masih nyata pada tinggi tanaman, umur berbunga, umur panen, jumlah gabah per malai, dan jumlah gabah bernas per malai menunjukkan bahwa proses seleksi sampai M5 belum menghilangkan seluruh variasi fenotipik. Kondisi ini sesuai dengan prinsip bahwa mutagenesis fisik menghasilkan perubahan yang bersifat acak dan bahwa generasi lanjut masih dapat membawa segregasi atau perbedaan fenotipik yang dapat dimanfaatkan dalam seleksi. Pada populasi G16, informasi heterogenitas menjadi penting karena jumlah gabah per malai merupakan salah satu komponen yang perlu diperbaiki (Mba, 2013; Nugroho et al., 2022).

Struktur tiga klaster yang diperoleh dari data M5 memperlihatkan satu kelompok besar yang memuat sebagian besar genotipe, satu kelompok kecil beranggotakan G27 (1-20-19) dan G52 (15-7-9), serta satu genotipe yang berdiri sendiri, G27 (16-9-4). Kelompok besar tidak berarti genotipe-genotipe tersebut identik; kelompok tersebut lebih tepat diartikan sebagai sekumpulan genotipe yang relatif lebih dekat dibandingkan pasangan-pasangan yang berada pada cabang jauh. Silhouette 0,324 juga menunjukkan bahwa batas klaster tidak sangat kuat sehingga interpretasi harus diletakkan sebagai pemetaan pola heterogenitas, bukan

pengelompokan genetik definitif.

G27 (16-9-4) menjadi singleton karena mempunyai kombinasi karakter yang menyimpang dari kelompok besar. Rata-rata tinggi tanaman genotipe ini mencapai 138,43 cm, jumlah anakan produktif 13,93 batang, bobot gabah kering simpan per rumpun 39,70 g, dan panjang malai 28,03 cm. Profil tersebut menunjukkan arsitektur yang tinggi dengan anakan produktif dan bobot gabah yang relatif rendah. Posisi ekstrem ini penting secara pemuliaan karena genotipe yang menyimpang dapat menjadi sumber variasi, tetapi tidak otomatis berarti lebih unggul.

G27 (1-20-19) dan G52 (15-7-9) membentuk kelompok kecil dengan rata-rata panjang malai 30,86 cm, jumlah gabah per malai 167,98 butir, jumlah gabah bernas 148,33 butir, dan bobot gabah 53,36 g/rumpun, tetapi bobot 100 butir relatif rendah, yaitu 2,23 g. Profil ini menunjukkan adanya trade-off antarkomponen hasil: banyaknya gabah dan panjang malai tidak selalu disertai bobot butir yang tinggi. Karena itu, heterogenitas harus dianalisis sebagai kombinasi karakter, bukan berdasarkan satu karakter tunggal.

Perbedaan dispersi 200 dan 300 Gy memberikan informasi yang lebih spesifik daripada sekadar membandingkan rata-rata. Populasi 300 Gy memiliki rata-rata jarak berpasangan 59,5% lebih besar daripada 200 Gy. Namun, uji permutasi menunjukkan bahwa pusat multivariat kedua dosis tidak terpisah secara nyata. Temuan ini mengindikasikan bahwa dosis 300 Gy dalam dataset ini lebih berkaitan dengan peningkatan penyebaran internal daripada pergeseran seluruh populasi ke arah fenotipe tertentu. Secara biologis, pola tersebut masuk akal untuk mutagenesis karena mutasi yang terinduksi dapat menghasilkan respons individual yang beragam (Mba, 2013; Sao et al., 2022).

PCA memperkuat bahwa variasi terutama berhubungan dengan komponen hasil dan arsitektur tanaman. PC1 yang didominasi jumlah gabah, gabah bernas, panjang malai, dan bobot gabah menggambarkan sumbu kapasitas pembentukan hasil, sedangkan PC2 lebih terkait dengan pembentukan anakan dan tinggi tanaman. Oleh karena itu, seleksi generasi berikutnya dapat mempertimbangkan posisi genotipe pada kedua sumbu tersebut agar seleksi tidak terlalu

bergantung pada satu karakter (Nugroho et al., 2022).

Penelitian ini memusatkan analisis pada heterogenitas internal populasi M5 melalui pemilihan jumlah kluster berbasis validasi, perbandingan dispersi 200 dan 300 Gy, serta verifikasi pola variasi menggunakan PCA dan analisis permutasi. Pendekatan tersebut memberikan informasi yang lebih spesifik mengenai struktur heterogenitas fenotipik dan hubungan kemiripan antargenotipe.

Kesimpulan

Mutan M5 padi beras merah hasil iradiasi 200 dan 300 Gy menunjukkan heterogenitas fenotipik yang tidak merata antar karakter. Tinggi tanaman, umur berbunga, umur panen, jumlah gabah per malai, dan jumlah gabah bernas per malai merupakan karakter yang berbeda nyata antargenotipe. Berdasarkan 10 karakter yang informatif untuk clustering, solusi tiga kluster memberikan struktur terbaik dalam rentang $k = 2-6$ dengan silhouette 0,324 dan CCC 0,732. Jarak paling dekat ditemukan antara G13 (12-2-8) dan G63 (5-14-10), sedangkan jarak paling jauh antara G27 (1-20-19) dan G27 (17-10-12). Populasi 300 Gy memiliki dispersi internal lebih besar daripada 200 Gy, tetapi tidak menunjukkan pemisahan pusat multivariat yang nyata. Dengan demikian, perbedaan dosis lebih terlihat sebagai perubahan heterogenitas internal daripada pemisahan fenotipik populasi yang tegas.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada **LPPM Universitas Mataram** atas dukungan pendanaan melalui **DIPA BLU Universitas Mataram, Skema Penelitian Percepatan Guru Besar Tahun Anggaran 2024**, berdasarkan **Kontrak Nomor 1252/UN18.L1/PP/2024**. Penghargaan juga disampaikan kepada semua pihak yang telah mendukung pelaksanaan penelitian dan penyediaan data yang digunakan dalam penelitian ini.

Referensi

Faiqon, M. M., Supriyanta, & Wulandari, R. A. (2017). Pendugaan parameter genetik

- komponen hasil untuk seleksi tidak langsung tanaman padi (*Oryza sativa* L.) berdaya hasil tinggi. *Vegetalika*. <https://doi.org/10.22146/veg.26168>
- Hidayat, R., & Adiredjo, A. L. (2020). Keragaman genetik dan heritabilitas beberapa karakter kuantitatif pada populasi tanaman padi (*Oryza sativa* L.) generasi F2. *Jurnal Produksi Tanaman*, 8(1), 99–105. <https://doi.org/10.21176/protan.v8i1.1325>
- Kartina, N., Wibowo, B. P., Rumanti, I. A., & Satoto. (2017). Korelasi hasil gabah dan komponen hasil padi hibrida. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*, 1(1), 11–19. <https://doi.org/10.21082/jpptp.v1n1.2017.p11-19>
- Mba, C. (2013). Induced mutations unleash the potentials of plant genetic resources for food and agriculture. *Agronomy*, 3(1), 200–231. <https://doi.org/10.3390/agronomy3010200>
- Nugroho, K., Trikoesoemaningtyas, Syukur, M., & Lestari, P. (2022). Analisis keragaman genetik karakter morfologi populasi M2 cabai hasil iradiasi sinar gamma. *Jurnal Agronomi Indonesia*, 49(3), 273–279. <https://doi.org/10.24831/jai.v49i3.38448>
- Rachmawati, T., Yunus, A., & Parjanto. (2023). Produktivitas dan kandungan protein beras mutan M6 hasil iradiasi sinar gamma pada benih padi varietas Mentik Susu. *Agrotechnology Research Journal*, 7(1), 34–40. <https://doi.org/10.20961/agrotechresj.v7i1.73844>
- Sao, R., Sahu, P. K., Patel, R. S., Das, B. K., Jankuloski, L., & Sharma, D. (2022). Genetic improvement in plant architecture, maturity duration and agronomic traits of three traditional rice landraces through gamma ray-based induced mutagenesis. *Plants*, 11(24), 3448. <https://doi.org/10.3390/plants11243448>
- Samudin, S., Made, U., Mustakim, Samsudiar, & Ferianti, V. (2022). Analisis keragaman genetik dan heritabilitas beberapa kultivar padi gogo lokal. *Jurnal Agrotech*, 12(2), 53–56. <https://doi.org/10.31970/agrotech.v12i2.92>
- Setiawan, B., Wijaya, I. N., & Lestari, D. A. (2022). Pengaruh genotipe terhadap pertumbuhan tinggi tanaman dan hasil beberapa varietas padi. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 27(3), 210–218. <https://doi.org/10.18343/jipi.27.3.210>
- Sulartini, N. W. S., Aryana, I. G. P. M., Sudharmawan, A. A. K., & Sudika, I. (2022). Kandidat galur unggul mutan padi G16 hasil induksi mutasi dengan sinar gamma. *Jurnal Sains Teknologi & Lingkungan*, 8(1), 66–72. <https://doi.org/10.29303/jstl.v8i1.293>
- Sulartini, N. W. S., Sapitri, M., Sudika, I. W., Aryana, I. G. P. M., & Sudharmawan, A. A. K. (2022). Karakterisasi dan keragaman genetik mutan padi Inpago Unram 1 generasi kedua (M2) akibat iradiasi sinar gamma. *Jurnal Sains Teknologi & Lingkungan*, 8(2), 124–136. <https://doi.org/10.29303/jstl.v8i2.364>
- Sudharmawan, A. A. K. (2012). Perakitan galur harapan padi beras merah tipe ideal melalui seleksi pedigree. *Laporan Penelitian Strategi Nasional*, 45 hlm.