

Analisis Molekuler dan Uji Adaptasi Galur-galur Padi Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* (Molecular Analysis and Adaptation Test of Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* Rice Lines)

Tasliah*, Ma'sumah, dan Joko Prasetyono

Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Jl. Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111 Indonesia
Telp. (0251) 8337975; Faks. (0251) 8338820; *E-mail: tasliah@pertanian.go.id, tasliah1@yahoo.co.id

Diajukan: 12 Maret 2019; Direvisi: 23 Mei 2019; Diterima: 31 Mei 2019

ABSTRACT

Rice lines for increasing grain yield derived from Code variety that have loci associated to the spikelet number and early heading date (*qTSN4* and *qDTH8* locus, respectively) have been developed. The objectives of this research were to molecularly analyze, to evaluate the yield of Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* lines in the field, and to obtain the lines with yield potential of at least 10% higher than that shown by Code. The study was conducted in October 2016 to March 2017. The study was divided into two activities: molecular verification of the *qTSN4*, *qDTH8*, and *Xa7* loci using specific markers and field trials at two locations in West Java, i.e. Sukamandi Experimental Station and Cianjur farmer's paddy field. The genetic materials used were 56 rice genotypes consisted of 49 lines (Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8*) and 7 check varieties. Molecular analysis showed that all rice lines tested contained *qTSN4*, *qDTH8*, and *Xa7* loci. All of the loci were in homozygous stage indicating that they were pure lines. Field trial results showed that Cianjur location gave much better on yield component variables than that in Sukamandi. The highest increase in spikelet number was shown by B6-4 planted at Cianjur with increase of 30.06% and B12-2 planted at Sukamandi with increase of 25.15% compared to Code. Both lines were classified as Code-*qTSN4* line group. The *qTSN4* and *qDTH8* loci proved to increase yield more than 20% compared to Code. A total of 34 lines resulted from this study can be used for advanced yield trials conducted at several agro-ecologically different locations.

Keywords: Rice, *qTSN4*, *qDTH8*, spikelet number, heading date.

ABSTRAK

Galur-galur padi untuk meningkatkan hasil gabah turunan varietas Code yang memiliki lokus yang berkaitan dengan jumlah spikelet dan umur genjah (lokus *qTSN4* dan *qDTH8* masing-masing) telah dikembangkan. Tujuan penelitian ini ialah menganalisis galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* secara molekuler, mengevaluasi daya hasilnya di lapangan, dan memperoleh galur-galur dengan potensi hasil minimal 10% lebih tinggi dibanding dengan varietas Code. Penelitian dilakukan pada bulan Oktober 2016 sampai dengan Maret 2017. Penelitian dibagi menjadi dua kegiatan: memverifikasi lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7* secara molekuler menggunakan marka spesifik dan uji lapangan di dua lokasi di Jawa Barat, yaitu Kebun Percobaan Sukamandi dan lahan petani di Cianjur. Materi genetik yang digunakan ialah 56 genotipe padi yang terdiri atas 49 galur turunan Code (Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8*) dan 7 varietas cek. Analisis molekuler menunjukkan bahwa semua galur yang diuji memiliki lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*. Semua lokus berada dalam kondisi homozigot, berarti galur-galur yang diuji merupakan galur murni. Hasil uji lapangan menunjukkan bahwa lokasi Cianjur memberikan variabel komponen hasil jauh lebih baik daripada lokasi Sukamandi. Peningkatan jumlah gabah per malai tertinggi ditunjukkan oleh galur B6-4 yang ditanam di Cianjur dengan peningkatan 30,06% dan B12-2 yang ditanam di Sukamandi dengan peningkatan 25,15% dibanding dengan varietas Code. Kedua galur tersebut merupakan kelompok Code-*qTSN4*. Lokus *qTSN4* dan *qDTH8* terbukti meningkatkan hasil lebih dari 20% dibanding dengan Code. Sebanyak 34 galur yang dihasilkan dari penelitian ini dapat digunakan untuk uji daya hasil lanjutan di beberapa lokasi dengan kondisi agroekologi berbeda.

Kata kunci: Padi, *qTSN4*, *qDTH8*, jumlah spikelet, umur berbunga.

PENDAHULUAN

Beras merupakan makanan pokok lebih dari setengah populasi manusia di dunia. Secara global terjadi peningkatan jumlah populasi manusia secara drastis di negara-negara berkembang Asia dan Afrika sehingga diperkirakan kebutuhan beras pada tahun 2050 meningkat sekitar 50% dari kebutuhan saat ini (Murchie et al. 2009; Alexandratos dan Bruinsma 2012; Kogan 2019). Padi (*Oryza sativa* L.) sebagai penghasil beras ditanam pada berbagai kondisi daerah, baik yang beririgasi maupun yang hanya berdasarkan curah hujan saja. Selama periode 2007–2011, peningkatan produksi padi di Afrika mencapai 9,5% per tahun, sedangkan di Asia hanya 1,6% per tahun (Seck et al. 2012). Oleh karena itu, peningkatan produksi yang lebih signifikan diperlukan untuk mengimbangi peningkatan jumlah penduduk dunia.

Data survei penduduk tahun 2017 menunjukkan jumlah penduduk Indonesia sebanyak 258.704.900 jiwa, berada di posisi lima besar negara dengan jumlah penduduk terbesar di dunia (Anonim 2019). Untuk memenuhi ketersediaan beras Indonesia, pemerintah melalui Kementerian Pertanian telah melakukan beberapa upaya, di antaranya mencetak sawah baru, mengoptimalkan lahan rawa dan melakukan kegiatan penelitian pemuliaan tanaman padi secara berkesinambungan.

Potensi hasil kultivar padi inbrida berproduktivitas tinggi saat ini yang dibudidayakan pada sawah tropis beririgasi maksimal 10 t/ha dalam kondisi pertumbuhan yang sangat optimal. Potensi hasil padi pada lingkungan tropis hampir konstan. Estimasi hasil potensial teoritis tanaman padi untuk lingkungan sawah irigasi tropis mencapai 15,9 t/ha berdasarkan jumlah total radiasi matahari selama musim tanam (Yoshida 1981). Berdasarkan data tersebut, tampaknya ada kesenjangan yang cukup lebar antara potensi hasil kultivar padi terbaik yang tersedia saat ini dan hasil teoritis maksimalnya. Hal ini memunculkan pertanyaan apakah kesenjangan ini dapat dipersempit dengan perbaikan genetik tanaman. Menurut Abdullah et al. (2008), dalam dua dasawarsa terakhir terjadi pelandaian produktivitas dan produksi padi secara nasional yang salah satunya disebabkan telah tercapainya potensi hasil optimum pada varietas unggul baru (VUB) yang ditanam oleh petani, seperti varietas IR64. Lebih dari 90% produksi padi dihasilkan dari lahan sawah. Data Badan Pusat Statistik tahun 2018 menunjukkan produktivitas rerata padi sawah irigasi adalah 5,8 t/ha. Oleh karena itu, diperlukan adanya usaha untuk merakit varietas padi sawah dengan potensi hasil yang lebih tinggi dibanding

dengan varietas padi yang sudah ada untuk mencukupi kebutuhan beras nasional.

Peningkatan potensi hasil tanaman padi dapat dilakukan dengan memodifikasi tanaman melalui persilangan-persilangan dengan tanaman donor yang memiliki gen/lokus yang bertanggung jawab terhadap hasil. Oleh karena itu, penemuan gen-gen yang mengendalikan sifat yang secara substansial mampu meningkatkan hasil padi merupakan masalah yang mendesak.

Padi memiliki empat komponen hasil penting penentu produktivitasnya, yaitu jumlah malai per tanaman, jumlah bulir total per malai (*total spikelet number*, TSN), bobot gabah isi per malai, dan fertilitas bulir (rasio antara gabah isi dan gabah total dalam satu malai). Terdapat variasi yang luas terhadap karakter jumlah bulir per malai di antara varietas padi yang dibudidayakan dan karakter ini merupakan salah satu target dalam program pemuliaan untuk meningkatkan potensi hasil padi (Sattari et al. 2015; Nia et al. 2016; Sasaki et al. 2017).

Faktor lain yang memengaruhi potensi hasil padi adalah umur berbunga. Hasil tidak hanya ditentukan oleh potensi hasil, seperti bobot gabah dan jumlah gabah per malai, tetapi dipengaruhi juga oleh tinggi tanaman dan umur berbunga. Studi terbaru menunjukkan banyak kemajuan yang diperoleh terkait mekanisme pengaturan potensi hasil, tinggi tanaman, dan umur berbunga pada tanaman padi (Wei et al. 2010). Beberapa gen yang mengendalikan karakter umur berbunga yang juga menentukan hasil pada padi telah diidentifikasi, di antaranya *Heading date 1 (Hd1)* (Doi et al. 2004), *Hd3a* (Kojima et al. 2002; Kim et al. 2007), *Hd2* (Matsubara et al. 2008), dan *Hd7* (Xue et al. 2008).

Sebelum galur-galur padi hasil pemuliaan dilepas menjadi VUB, harus dilakukan uji lapangan yang intensif untuk mendapatkan galur-galur yang memiliki potensi hasil tinggi dan beradaptasi luas pada berbagai kondisi lingkungan tumbuh. Pada tahapan pemuliaan padi, setelah dilakukan pembentukan populasi melalui program persilangan untuk mendapatkan galur yang mengandung karakter target pemuliaan, dilakukan seleksi terhadap gen/lokus karakter target di laboratorium, seleksi di rumah kaca terhadap keragaan galur-galur (Tasliyah et al. 2015), kemudian dilanjutkan dengan uji daya hasil di lapangan. Tujuan penelitian ini ialah menganalisis galur-galur *Code-qTSN4* dan *Code-qDTH8* secara molekuler, mengevaluasi daya hasilnya di lapangan, dan memperoleh galur-galur dengan potensi hasil minimal 10% lebih tinggi dibanding dengan varietas Code.

BAHAN DAN METODE

Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Oktober 2016 sampai dengan Maret 2017. Penelitian analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Biologi Molekuler, BB Biogen, Bogor, Jawa Barat. Penelitian uji daya hasil dilakukan di KP Sukamandi, BB Padi, Kabupaten Subang, Jawa Barat (15 mdpl) dan di lahan petani di Desa Ciranjang, Kabupaten Cianjur, Jawa Barat (450 mdpl).

Materi Genetik

Materi genetik yang digunakan pada penelitian ini ialah 56 genotipe padi yang terdiri atas 49 galur

hasil persilangan (BC_1F_5 , BC_2F_4 , dan BC_3F_3) yang diberi nama galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* dan 7 galur/varietas pembandingan (Tabel 1).

Analisis Molekuler Galur-galur Uji

Marka molekuler yang digunakan pada analisis molekuler ialah marka SSR pengapit untuk mendeteksi lokus QTL yang mengatur karakter jumlah bulir isi (*qTSN4*), karakter umur berbunga (*qDTH8*), dan karakter ketahanan tanaman padi terhadap penyakit hawar daun bakteri/HDB (*Xa7*). Sekuen marka SSR pengapit lokus-lokus target tersebut disajikan pada Tabel 2.

Untuk memastikan galur-galur hasil persilangan yang ditanam memiliki lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*

Tabel 1. Materi genetik yang digunakan pada analisis molekuler dan uji daya hasil di dua lokasi lapangan (Cianjur dan Sukamandi).

No. lapangan	Galur/varietas	Latar belakang genetik	No. lapangan	Galur/varietas	Latar belakang genetik
1	Code	Tetua	30	B14-5	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
2	Ciherang	Tetua	31	B15-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
4	IR64	Tetua	32	B17-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
5	IR64-Nils- <i>qTSN4</i>	Tetua	33	B20-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
6	IR64-Nils- <i>qDTH8</i>	Tetua	34	B21-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
7	Inpari 13	Tetua	35	B22-1	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
8	IPB 3S	Tetua	36	B23-3	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
9	A1-5	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	37	B23-4	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
10	A2-1	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	38	B24-3	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
11	A3-2	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	39	B24-4	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
12	A3-4	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	40	B24-5	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
13	A4-1	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	41	B26-1	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
14	A5-3	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	42	B26-3	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
15	A5-4	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	43	C190	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
16	A5-5	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	44	C3	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
17	A6-2	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	45	C34	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
18	A6-4	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	46	C40	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
19	A7-4	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	47	C57	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
20	A8-5	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	48	C119	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qTSN4</i>
21	A10-1	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	52	E1-1	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
22	A13-5	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	53	E4-4	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
23	A16-5	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	54	E7-2	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
24	B6-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	55	E13-1	BC_1F_5 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
25	B6-4	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	56	F12-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
26	B11-1	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	57	F15-6	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
27	B11-4	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	58	G64	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
28	B12-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	59	G136	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qDTH8</i>
29	B14-2	BC_2F_4 Code $\times$ <i>qTSN4</i>	60	G142	BC_3F_3 Code $\times$ <i>qDTH8</i>

Tabel 2. Marka molekuler pengapit yang digunakan untuk seleksi lokus karakter target pemuliaan.

Marka	Kromosom	Lokus	Sekuen	Referensi
RM17483	4	<i>qTSN4</i>	F-TAGCTTCGGTTCTTGATCGTTGG R-AAACAGATTGCTCACCACCTTGG	Fujita et al. 2012
RM6909	4	<i>qTSN4</i>	F-AAGTACTCTCCCGTTTCAA R-CCTCCCATAAAAATCTTGTC	Fujita et al. 2012
RM5556	8	<i>qDTH8</i>	F-ATCTCCCTCCCTCTCCTCAC R-TCCACACCTTCACAGTTGAC	Fujita et al. 2010
RM6838	8	<i>qDTH8</i>	F-ATTAATACCGCTACACGCG R-TCCTCCTCCACCTCAATCAC	Fujita et al. 2018
RM20582	6	<i>Xa7</i>	F-AGAGCGTCGTCTTCAACCATCC R-GGCCAATACGACGATACATTACACG	Chen et al. 2008

pada seluruh genotipe, dilakukan analisis molekuler menggunakan marka SSR yang terpaut lokus-lokus tersebut. Isolasi DNA genomik dari daun muda dilakukan dengan metode Dellaporta (Dellaporta et al. 1983) yang telah dimodifikasi. Proses PCR menggunakan volume 20 μ l yang berisi bufer 1 $\times$, dNTPs 100 μ M, primer 0,5 μ M (F dan R), 50–100 ng DNA, dan 1 unit *Taq DNA polymerase*. Program PCR yang digunakan: denaturasi permulaan pada 94°C selama 5 menit, selanjutnya 35 siklus yang terdiri atas denaturasi DNA cetakan (*template*) pada 94°C selama 60 detik, penempelan primer pada 55°C selama 60 detik, dan pemanjangan primer pada 72°C selama 2 menit. Pemanjangan primer terakhir dilakukan pada 72°C selama 7 menit. Produk PCR kemudian dipisahkan dengan gel poliakrilamida 8% selama 2 jam pada 80 volt. Pewarnaan DNA dilakukan dengan merendam gel dalam larutan etidium bromida dan pola pita marka SSR didokumentasi dengan *ChemiDoc EQ™ System* (Bio-Rad).

Uji Adaptasi Galur-galur Generasi Lanjut di Dua Lokasi Lapangan

Penelitian ini dirancang dengan menggunakan Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan tiga ulangan. Penelitian uji adaptasi dilakukan di dua lokasi lapangan di Jawa Barat, yaitu di KP Sukamandi dan di lahan petani di Desa Ciranjang. Ukuran petak yang digunakan yaitu 3 m $\times$ 4 m. Tanah diolah sempurna lalu lahan dipetak hingga siap tanam. Penanaman dilakukan dengan menggunakan satu bibit per lubang dengan jarak tanam 25 cm $\times$ 25 cm dengan jarak antarpetak 50 cm. Bibit yang digunakan berumur 21 hari setelah semai (HSS). Pemeliharaan tanaman meliputi pemupukan, penyiangan, dan pengendalian

hama dan penyakit dilakukan dengan mengikuti kultur teknis penanaman padi yang disesuaikan dengan kondisi lapangan. Pengamatan dilakukan terhadap lima rumpun tanaman per petak yang meliputi karakter umur berbunga 50%, tinggi tanaman, jumlah anakan produktif, panjang malai, jumlah gabah isi per malai, jumlah gabah hampa per malai, jumlah gabah (isi dan hampa) per malai, bobot gabah isi per rumpun, bobot 100 butir gabah isi, dan bobot ubinan 2,5 m $\times$ 2,5 m gabah kering giling dengan kadar air 14%.

Analisis Data

Data keragaan marka SSR pengapit setiap karakter target pemuliaan didapatkan dengan mengamati ada tidaknya pita marka pengapit pada galur uji. Galur yang membawa pita marka SSR penanda karakter target mengonfirmasi galur yang diuji membawa karakter target tersebut. Data ini digunakan untuk memberikan gambaran kondisi galur secara molekuler.

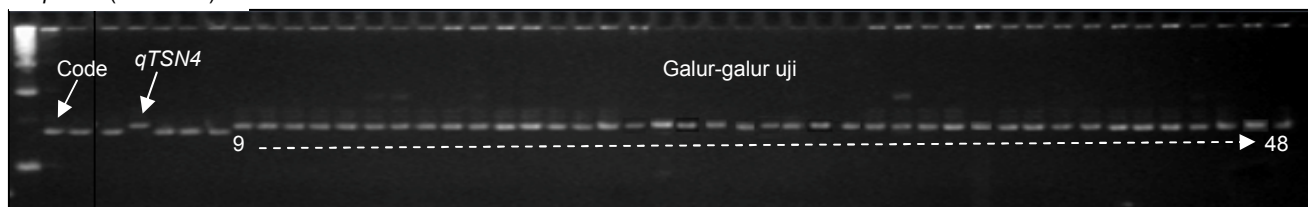
Data keragaan agronomi dan komponen hasil galur-galur uji hasil uji di dua lokasi lapangan dianalisis dengan uji sidik ragam (ANOVA) dilanjutkan dengan uji Duncan (DMRT) pada taraf 5% (Steel dan Torrie 1962). Analisis dilakukan dengan perangkat lunak SAS versi 9.0 (Hezaveh 2007).

HASIL DAN PEMBAHASAN

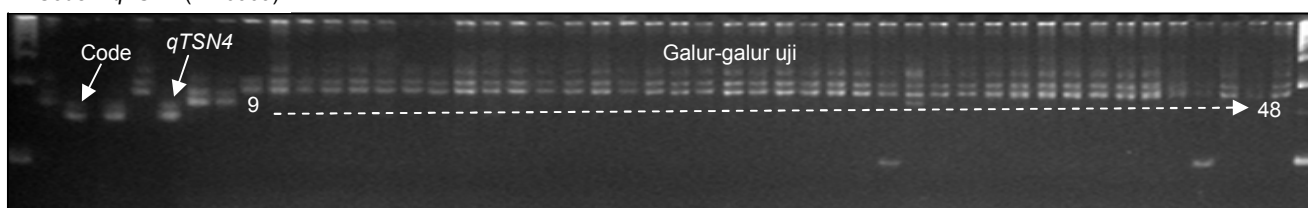
Analisis Molekuler Galur-galur Uji

Kegiatan analisis molekuler ini dilakukan untuk menjamin bahwa galur-galur yang diuji benar-benar membawa gen-gen target. Hal ini berarti galur-galur yang diuji terkonfirmasi membawa karakter yang menjadi target pemuliaan.

A. *qTSN4* (RM17483)



B. *Code* $\times$ *qTSN4* (RM6909)



Gambar 1. Analisis molekuler galur uji untuk mendeteksi lokus *qTSN4* pada galur-galur uji. (A) Deteksi dengan marka SSR pengapit RM17483. (B) Deteksi dengan marka SSR pengapit RM6909.

Deteksi lokus QTL yang mengatur karakter jumlah bulir isi (*qTSN4*)

Analisis molekuler menunjukkan bahwa galur-galur Code-*qTSN4* (nomor lapangan 9–48) telah memiliki pita marka SSR pengapit (RM17483 dan RM6909) untuk lokus *qTSN4* dalam kondisi homozigot (Gambar 1A dan 1B). Semua galur uji BC₁F₅, BC₂F₄, dan BC₃F₃ (Tabel 1) membawa pita lokus *qTSN4* dalam kondisi homozigot. Lokus *qTSN4* ini terletak pada kromosom 4 (Fujita et al. 2012) yang dapat dideteksi dengan marka SSR pengapit RM17483 dan RM6909 yang berfungsi sebagai marka penyeleksi *qTSN4*, alat seleksi pada *Marker-Assisted Selection* (MAS) lokus ini. Dua marka ini berjarak sekitar 3,88 cM dari lokus *qTSN4*. Pada lokus *qTSN4* ini terdapat gen *SPIKELET NUMBER* (*SPIKE*) (Fujita et al. 2013) dengan lokasi yang dekat dengan marka RM17483. Gen *SPIKE* ini identik dengan gen *NARROW LEAF 1* (*NAL1*) yang telah diketahui memengaruhi peningkatan jumlah spikelet (kumpulan bunga) dengan memperbesar ukuran daun, memperbaiki sistem perakaran dan jumlah pembuluh yang berhubungan dengan transportasi asimilat (Fujita et al. 2013). Jumlah spikelet per malai yang meningkat akan meningkatkan jumlah total bunga sehingga jumlah bulir gabah pun akan meningkat. Liu et al. (2010) juga telah memetakan lokus-lokus yang mengendalikan jumlah spikelet per malai dan bobot 1.000 butir.

Deteksi lokus QTL yang mengatur karakter umur berbunga (*qDTH8*)

Hasil analisis molekuler untuk mendeteksi marka lokus *qDTH8* berdasarkan pola pita marka lokus *qDTH8* menunjukkan bahwa galur-galur uji terverifikasi mengandung lokus *qDTH8* dalam kondisi homozigot untuk kedua marka SSR pengapit, RM6838 dan RM5556 (Gambar 2A dan 2B). Lokus ini terletak di kromosom 8 dengan jarak antar kedua marka pada genom padi 1,261 Mbp (atau sekitar 5,044 cM) (Wei

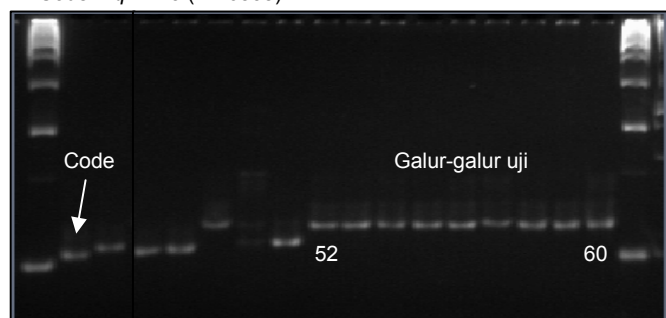
et al. 2010). Pada lokus ini terdapat gen yang mengatur umur berbunga yang juga memperpendek tinggi tanaman, namun meningkatkan potensi hasil. Xiang et al. (2013) melaporkan bahwa gen *qDTH8* diketahui menyandi protein HAP3 yang berfungsi sebagai faktor transkripsi. Lokus *qDTH8* ini mengatur proses ekspresi gen florigen *Hd3a* yang diduga memengaruhi proses pembungaan pada tanaman padi.

Deteksi lokus QTL yang mengatur karakter ketahanan terhadap penyakit HDB (*Xa7*)

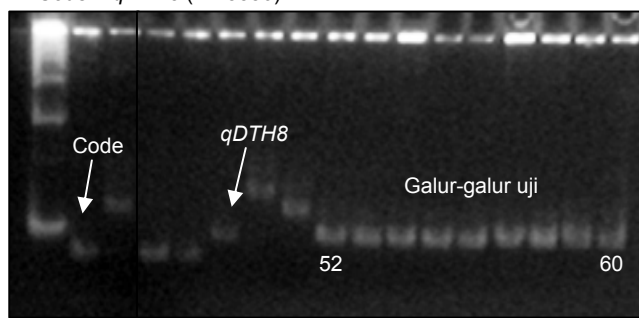
Lokus yang membawa gen *Xa7* diketahui telah ada pada varietas Code, sebagaimana varietas Code juga diketahui membawa gen *Xa4* (Suryadi et al. 2016). Gen *Xa7* masih merupakan gen penting yang dapat menghadapi patovar-patovar yang ada di Indonesia (Tasliyah et al. 2013). Marka RM20582 dapat mendeteksi alel-alel gen *Xa7* yang terletak pada kromosom 6. Chen et al. (2008) melaporkan bahwa gen *Xa7* merupakan gen penting yang memiliki resistensi tahan lama karena tidak memiliki protein yang mirip dengan gen ketahanan terhadap penyakit HDB lainnya, termasuk *Xa1*, *Xa3*, *Xa13*, *Xa21*, *Xa26*, dan *Xa27*. Berdasarkan pola pita marka gen *Xa7* pada Gambar 3A dan 3B, galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* telah memiliki lokus gen *Xa7* dengan pola pita yang sama dengan varietas Code. Hal ini menunjukkan bahwa semua galur uji memiliki gen ketahanan terhadap penyakit HDB, satu penyakit yang sangat penting pada tanaman padi di Indonesia.

Analisis molekuler ini penting dilakukan pada semua galur uji pada setiap generasi, meskipun keragaannya secara fenotipe di lapangan telah seragam. Pengujian dengan marka ini merupakan indikator kebenaran galur-galur generasi lanjut yang diuji di lapangan. Hal ini penting karena keragaan fenotipe tetua varietas Code umumnya relatif sama dengan galur uji, dengan perbedaan hanya pada lokus gen target. Perbedaan ini hanya dapat dideteksi dengan

A. Code × *qDTH8* (RM6838)



B. Code × *qDTH8* (RM5556)



Gambar 2. Analisis molekuler untuk mendeteksi lokus *qDTH8* pada galur-galur uji. (A) Deteksi dengan marka SSR pengapit RM6838. (B) Deteksi dengan marka SSR pengapit RM5556.

marka molekuler. Dengan demikian, analisis molekuler lokus target pemuliaan perlu dilakukan pada setiap generasi termasuk pada generasi lanjut hingga generasi F_6 (Prasetyono et al. 2017).

Uji Adaptasi Galur-galur Generasi Lanjut di Dua Lokasi Lapangan

Hasil analisis sidik ragam data keragaan agromoni dan komponen hasil uji di Cianjur menunjukkan bahwa genotipe berpengaruh sangat nyata ($P < 0,01$) terhadap tujuh karakter (tinggi tanaman, umur berbunga, panjang malai, jumlah gabah isi per malai, jumlah gabah hampa per malai, jumlah gabah total (isi dan hampa) per malai, dan persentase gabah isi per malai, namun tidak berpengaruh nyata pada empat karakter (jumlah anakan produktif per tanaman, bobot gabah isi per rumpun, bobot 100 butir gabah, dan potensi hasil) (Tabel 3). Hasil uji lapangan di KP Sukamandi menunjukkan hasil yang serupa dengan hasil uji di Cianjur, genotipe yang diuji berpengaruh nyata ($P < 0,01$) terhadap tujuh karakter (tinggi tanaman, umur berbunga, jumlah anakan produktif per tanaman, panjang malai, jumlah gabah hampa per malai, jumlah gabah total per malai, dan bobot 100 butir gabah), namun tidak berbeda nyata terhadap empat karakter (jumlah gabah isi per malai, persentase gabah isi per malai, bobot gabah isi per rumpun, dan potensi hasil) (Tabel 3).

Dari hasil penelitian terdahulu di IRRI (Fujita et al. 2012), introgresi lokus *qTSN4* pada varietas IR64

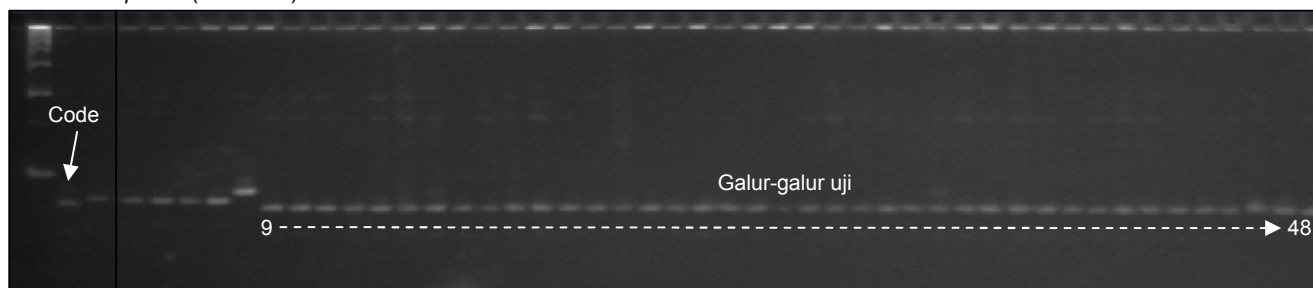
menyebabkan terjadinya peningkatan bulir isi per malai dan bulir total per malai masing-masing sebesar $179,5 \pm 16,4$ dan $197,6 \pm 19,6$, sedangkan IR64 menghasilkan bulir isi per malai $114,3 \pm 11,5$ dan bulir total per malai $141,2 \pm 17,8$. Potensi hasil gabah kering giling meningkat 20% yakni 5 t/ha, sementara IR64 menghasilkan 4 t/ha. Dari hasil pengujian lain (Tasliyah et al. 2015), pada tahap pengembangan galur-galur awal (BC_1F_1) di rumah kaca, diketahui bahwa introgresi lokus *qTSN4* pada varietas Code dapat meningkatkan jumlah bulir isi per malai menjadi 129,52 dibanding dengan varietas Code yang hanya 114,75. Introgresi lokus *qDTH8* pada varietas Code dapat memperpendek umur 12–13 hari lebih genjah dibanding dengan tetua Code.

Data keragaan karakter agromoni dan komponen hasil 56 galur beserta tetua Code dan varietas cek hasil uji lapangan di dua lokasi lapangan disajikan pada Tabel 4 dan Gambar 4.

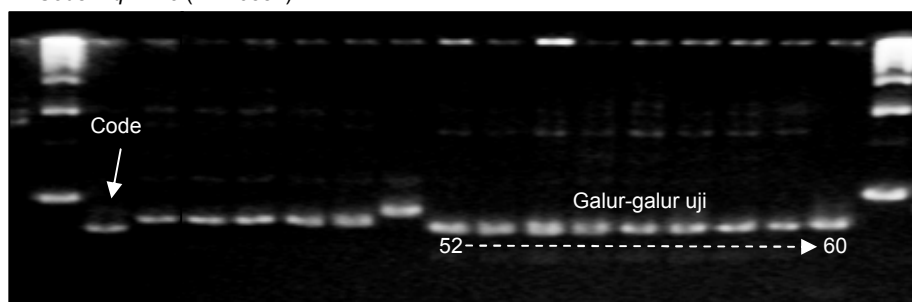
Tinggi tanaman

Hasil uji di Cianjur menunjukkan tinggi tanaman galur-galur turunan Code-*qTSN4* berkisar antara 103,33–115,22 cm, sedangkan galur-galur turunan Code-*qDTH8* memiliki tinggi tanaman antara 92,67–104,11 cm (Gambar 4A). Tetua pembanding Code memiliki tinggi tanaman 105 cm. Hasil uji di KP Sukamandi menunjukkan tinggi tanaman galur-galur Code-*qTSN4* 113,33–122,78 cm, galur-galur Code-*qDTH8* 104,22–119,00 cm, dan tetua pembanding

A. Code $\times$ *qTSN4* (RM20582)



B. Code $\times$ *qDTH8* (RM20582)



Gambar 3. Analisis molekuler untuk mendeteksi lokus *Xa7* pada galur-galur uji dengan marka SSR pengapit RM20582. (A) Deteksi pada galur-galur hasil persilangan Code $\times$ *qTSN4*. (B) Deteksi pada galur-galur hasil persilangan Code $\times$ *qDTH8*.

Code 115,67 cm. Tinggi tanaman rerata galur-galur persilangan >100 cm, sedangkan tinggi tanaman rerata galur turunan Code-*qDTH8* di lokasi Cianjur <100 cm. Tinggi tanaman di atas 100 cm termasuk ke dalam kategori sedang, akan tetapi tidak termasuk ke dalam tinggi tanaman ideal. Menurut Peng et al. (2008), tinggi tanaman padi ideal adalah 90–100 cm. Tinggi tanaman ideal ini sangat terkait dengan kemudahan penanganan pertanaman di lapangan, terutama pada saat pemupukan, pemeliharaan, dan panen. Tinggi tanaman galur-galur yang diuji di kedua lokasi uji hampir mirip dengan tinggi tanaman tetua Code (Gambar 4A).

Umur berbunga

Umur berbunga rerata 50% galur-galur hasil uji di Cianjur berkisar antara 81,67–87,67 HSS untuk Code-*qTSN4* dan 79,67–83,67 HSS untuk Code-*qDTH8* (Tabel 4). Umur berbunga varietas pembandingan Code 88,50 HSS dan umur berbunga tetua donor *qDTH8* 69 HSS. Umur berbunga seluruh galur hasil uji di Cianjur menunjukkan bahwa galur yang diuji berbunga lebih cepat dibanding dengan varietas Code. Galur-galur uji di Sukamandi dengan ketinggian 15 mdpl (dataran rendah) menunjukkan bahwa tidak semuanya memiliki umur berbunga lebih cepat. Hal ini juga berarti lokus *qTSN4* pun dapat memengaruhi tanaman berbunga lebih cepat. Umur berbunga 50% dihitung menurut jumlah HSS. Umur berbunga dipengaruhi oleh panjang hari penyinaran matahari. Wei et al. (2010) melaporkan bahwa terdapat perbedaan pembungaan antara panjang penyinaran 11,6 jam dan 14 jam. Apabila panjang penyinaran rerata 11,6 jam, tanaman lebih awal berbunga dan tanaman lebih pendek, sedangkan apabila panjang penyinaran 14 jam, tanaman berbunga akan lebih lama, akan tetapi tinggi tanaman lebih tinggi. Dua lokasi penelitian ini termasuk

daerah tropis dengan panjang penyinaran maksimal 12 jam sehari sehingga diperkirakan tanaman berbunga lebih cepat.

Keragaan komponen hasil dan hasil galur-galur uji

Komponen hasil yang diamati di antaranya jumlah anakan produktif per tanaman, panjang malai, jumlah gabah isi per malai, persentase gabah isi (*seed rate*), bobot 100 butir gabah, dan potensi hasil (t/ha). Jumlah anakan produktif per tanaman hasil uji di Cianjur 25,67–34,67 untuk galur-galur Code-*qTSN4* dan 26,33–34,33 untuk Code-*qDTH8*, sedangkan jumlah anakan produktif varietas pembandingan Code 27,5. Hasil uji di KP Sukamandi menunjukkan jumlah anakan produktif lebih sedikit yaitu 12,22–19,67 untuk Code-*qTSN4* dan 13,38–20,11 untuk Code-*qDTH8*, sedangkan varietas pembandingan Code menghasilkan 16,44 anakan (Tabel 4). Di Cianjur jumlah anakan produktif lebih banyak dibanding dengan di Sukamandi, diduga kondisi suhu yang lebih rendah merangsang tanaman menghasilkan anakan lebih banyak. Menurut Abdullah et al. (2008), jumlah anakan padi ideal yaitu 12–18 batang. Peng et al. (1999) melaporkan tanaman padi ideal (turunan IR72) memiliki jumlah anakan produktif berkisar antara 14–24. Pada penelitian ini diperoleh jumlah anakan produktif lebih banyak dengan harapan bobot gabah isi per rumpun juga tinggi. Menurut Sattari et al. (2015), jumlah malai merupakan salah satu faktor penting yang memengaruhi produktivitas padi karena pada malai terdapat variasi jumlah bulir di antara varietas padi yang dibudidayakan dan merupakan salah satu target program pemuliaan untuk meningkatkan hasil padi.

Panjang malai hasil uji di Cianjur dan Sukamandi berkisar antara 20–30 cm. Malai yang panjang memungkinkan jumlah gabah lebih banyak, namun

Tabel 3. Hasil analisis sidik ragam keragaan agronomi dan komponen hasil galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* di dua lokasi lapangan (Cianjur dan Sukamandi) pada MT II 2016.

Lokasi Cianjur											
Karakter	TT	UB	JAP	PM	JGIM	JGHM	JGTM	SR	BGIR	B100	Potensi
Genotipe	<0,0001**	<0,0001**	0,1652 ^{tn}	0,003**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	0,1650 ^{tn}	0,9782 ^{tn}	0,26 ^{tn}
KK (%)	4,21	2,5	15,77	6,54	12,22	26,26	11,49	4,57	20,92	0,49	21,38
Rerata	106,2	83,74	28,51	25,87	126,01	26,27	152,27	83,08	80,49	2,70	6,92
Lokasi Sukamandi											
Karakter	TT	UB	JAP	PM	JGIM	JGHM	JGTM	SR	BGIR	B100	Potensi
Genotipe	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	0,0002**	0,472 ^{tn}	0,0025**	0,0002**	0,0906 ^{tn}	0,3655 ^{tn}	0,0016**	0,0718 ^{tn}
KK (%)	2,97	1,41	13,88	4,113	20,72	49,32	15,46	13,23	19,698	5,153	14,864
Rerata	115,65	86,22	15,43	27,73	130,45	38,26	167,81	77,54	47,75	2,815	4,879

TT = tinggi tanaman (cm), UB = umur berbunga (HSS), JAP = jumlah anakan produktif, PM = panjang malai (cm), JGIM = jumlah gabah isi per malai, JGHM = jumlah gabah hampa per malai, JGTM = jumlah gabah total (isi dan hampa) per malai, SR = *seed rate* (%) (persentase gabah isi per malai), BGIR = bobot gabah isi per rumpun (g), B100 = bobot 100 butir (g), Potensi = potensi hasil dari konversi rumpun 1 m × 1 m (t/ha), ** = beda nyata pada taraf 1%, * = beda nyata pada taraf 5%, tn = tidak berbeda nyata, KK = koefisien keragaman.

harus diikuti dengan struktur batang yang kokoh agar tidak mudah rebah. Sebagian besar galur uji memiliki

panjang malai lebih dari 25 cm (Gambar 4B), tidak berbeda dengan panjang malai varietas Code.

Tabel 4. Keragaan agronomi, komponen hasil, dan hasil galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* di dua lokasi lapangan (Cianjur dan Sukamandi) pada MT II 2016.

No. lapangan	Galur/varietas	Umur berbunga (HSS)		Jumlah anakan produktif per tanaman		Jumlah gabah total (isi dan hampa) per malai		Bobot gabah isi per rumpun (g)		Potensi hasil (t/ha)*	
		Cianjur	Sukamandi	Cianjur	Sukamandi	Cianjur	Sukamandi	Cianjur	Sukamandi	Cianjur	Sukamandi
1	Code	88,50 a	87,33 b-h	27,50 ab	16,44 a-h	147,89 d-p	176,77 a-j	65,18 b-d	46,03 a-e	6,06 a-f	5,40 a-d
2	Ciherang	84,00 b-m	85,33 g-l	25,67 b	16,44 a-h	133,15 k-q	153,80 d-j	75,23 b-d	46,80 a-e	7,48 a-e	5,28 a-d
4	IR64	82,00 g-m	82,67 m-o	35,50 a	18,44 a-d	110,02 q-r	141,77 g-j	99,02 ab	46,33 a-e	5,72 b-f	5,68 a-b
5	IR64-Nils- <i>qTSN4</i>	80,67 j-m	82,00 n-o	29,33 ab	14,11 e-i	137,47 j-q	147,47 e-j	86,43 a-c	38,57 e	7,12 a-e	4,02 c-f
6	IR64-Nils- <i>qDTH8</i>	69,00 n	77,67 q	30,00 ab	19,33 a-c	087,88 r	126,23 j	49,68 d	38,90 d-e	3,75 f	3,70 c-f
7	Inpari 13	70,33 n	79,67 p	27,78 ab	17,00 a-g	135,92 j-q	136,87 i-j	78,01 a-d	40,77 d-e	7,01 a-e	4,55 b-f
8	IPB 3S	81,33 h-m	82,00 n-o	15,78 c	10,33 i	213,56 a	189,33 a-i	77,93 a-d	45,00 a-e	5,90 a-f	4,23 b-f
9	A1-5	85,67 a-h	87,00 c-i	27,55 ab	19,67 a-b	182,08 a-f	168,23 b-j	90,44 a-c	62,21 a-b	7,54 a-e**	4,74 b-f
10	A2-1	85,33 a-i	87,33 b-h	31,55 ab	15,56 b-h	135,98 j-q	153,37 d-j	90,99 a-c	48,90 a-e	7,41 a-e**	4,91 a-c
11	A3-2	85,00 a-j	87,67 b-g	26,67 ab	15,22 c-h	149,47 d-p	166,57 b-j	70,89 b-d	54,77 a-e	6,98 a-e	4,82 a-c
12	A3-4	84,67 a-k	89,67 a-b	32,11 ab	15,44 b-h	169,35 b-k	203,20 a-d	94,00 a-c	51,21 a-e	7,55 a-e**	4,48 b-f
13	A4-1	88,33 ab	90,33 a	25,67 b	12,22 h-i	182,63 a-e	215,57 a-b	68,22 b-d	44,77 a-e	5,92 a-f	4,72 b-f
14	A5-3	83,00 d-m	85,00 h-l	27,22 ab	12,56 g-i	135,61 j-q	170,57 a-j	75,18 b-d	49,10 a-e	6,75 a-f	5,07 a-c
15	A5-4	83,67 c-m	85,67 g-k	28,89 ab	15,11 c-h	140,01 j-q	161,23 c-j	87,34 a-c	47,67 a-e	6,23 a-f	5,21 a-d
16	A5-5	82,67 e-m	82,33 n-o	30,89 ab	15,67 b-h	144,87 g-q	156,77 c-j	86,88 a-c	45,00 a-e	7,84 a-e**	4,78 a-f
17	A6-2	83,67 c-m	86,00 k-l	29,33 ab	15,11 c-h	135,75 j-q	160,90 c-j	89,78 a-c	49,53 a-e	7,87 a-e**	4,95 a-e
18	A6-4	81,67 h-m	83,00 l-o	28,56 ab	16,89 a-g	141,83 i-q	154,23 d-j	80,57 a-d	50,89 a-e	6,90 a-e	5,33 a-d
19	A7-4	84,67 a-k	84,33 j-n	31,11 ab	14,11 e-i	163,57 b-m	187,23 a-i	88,32 a-c	44,13 b-e	6,96 a-e	5,72 a-b
20	A8-5	87,33 a-d	88,00 a-f	29,67 ab	16,89 a-g	177,81 b-i	177,57 a-j	79,89 a-d	47,91 a-e	7,08 a-e	4,69 b-f
21	A10-1	83,33 c-m	87,67 b-g	25,89 b	14,22 e-i	169,81 b-j	159,53 c-j	82,91 a-d	55,67 a-e	7,63 a-e**	4,29 b-f
22	A13-5	87,33 a-d	88,67 a-d	27,22 ab	13,67 f-i	155,45 c-o	199,57 a-e	62,76 c-d	41,91 d-e	6,30 a-f	4,54 b-f
23	A16-5	84,33 a-l	87,67 b-g	26,89 ab	13,22 g-i	180,30 a-g	166,43 b-j	93,34 a-c	49,10 a-e	8,14 a-c**	5,19 a-e
24	B6-2	85,67 a-h	89,67 a-b	25,44 b	15,22 c-h	153,93 c-p	169,43 a-j	71,53 b-d	43,01 b-e	7,54 a-e**	5,13 a-e
25	B6-4	86,67 a-f	89,00 a-d	30,22 ab	13,00 g-i	192,35 ab	197,43 a-f	82,89 a-d	45,78 a-e	8,03 a-d**	4,66 b-f
26	B11-1	87,67 a-c	88,33 a-c	30,33 ab	15,00 c-h	186,75 a-c	187,43 a-i	98,57 ab	53,02 a-e	7,61 a-e**	4,41 b-f
27	B11-4	87,00 a-e	88,50 a-d	34,44 ab	15,00 c-h	159,03 b-n	188,50 a-i	112,24 a	58,50 a-d	7,20 a-e	6,26 a
28	B12-2	87,67 a-c	89,33 a-c	26,67 ab	15,22 c-h	186,19 a-c	221,23 a	82,76 a-d	45,88 a-c	7,17 a-e	4,48 b-f
29	B14-2	85,00 a-j	89,33 a-c	26,89 ab	15,56 b-h	149,37 d-p	161,90 c-j	68,31 b-d	42,67 b-c	6,92 a-e	4,26 b-f
30	B14-5	85,67 a-h	88,33 a-e	26,44 ab	15,33 b-h	154,57 c-o	173,90 a-j	77,33 a-d	47,87 a-e	7,75 a-e**	4,77 a-f
31	B15-2	84,00 b-m	86,67 d-j	28,55 ab	15,78 b-h	138,38 j-q	161,00 c-j	85,79 a-c	51,11 a-e	9,00 a**	4,76 a-f
32	B17-2	85,33 a-i	88,33 a-e	31,00 ab	15,22 c-h	156,24 c-o	151,00 e-j	94,36 a-c	43,31 b-e	8,83 ab**	5,25 a-d
33	B20-2	82,00 g-m	84,70 i-m	26,89 ab	14,33 e-i	143,73 h-q	165,13 b-j	77,02 b-d	41,02 d-e	7,58 a-e**	5,24 a-d
34	B21-2	83,33 c-m	85,33 g-l	25,89 b	14,67 d-h	146,11 f-p	159,80 c-j	74,39 b-d	42,57 c-e	6,12 a-f	4,84 a-e
35	B22-1	87,67 a-c	87,67 b-g	27,34 ab	15,44 b-h	148,94 d-p	210,10 a-c	80,67 a-d	42,98 b-e	7,22 a-e	4,93 a-e
36	B23-3	85,67 a-h	88,67 a-d	30,77 ab	16,11 a-h	162,14 b-m	163,67 b-j	84,77 a-d	47,36 a-e	6,74 a-f	5,11 a-e
37	B23-4	83,00 d-m	88,33 a-e	28,56 ab	13,22 g-i	183,45 a-d	203,57 a-d	94,91 a-c	45,57 a-e	6,75 a-f	5,03 a-e
38	B24-3	86,33 a-g	88,33 a-e	28,67 ab	15,22 c-h	179,66 a-g	191,63 a-h	73,33 b-d	42,80 b-e	4,86 ef	3,94 d-f
39	B24-4	87,50 a-c	87,67 b-g	30,84 ab	14,78 d-h	134,81 j-q	135,77 i-j	70,82 b-d	48,66 a-e	7,67 a-e**	5,28 a-d
40	B24-5	85,67 a-h	88,33 a-e	29,45 ab	13,22 g-i	187,16 a-c	178,33 a-j	84,99 a-c	50,10 a-e	7,83 a-e**	4,98 a-e
41	B26-1	83,00 d-m	87,00 c-i	25,78 b	13,78 f-i	151,81 c-p	193,67 a-g	71,87 b-d	63,64 a	6,89 a-e	4,89 a-e
42	B26-3	85,00 a-j	87,67 b-g	25,67 b	15,44 b-h	167,42 b-l	160,23 c-j	75,11 b-d	54,78 a-e	7,04 a-e	5,22 a-d
43	C190	86,33 a-g	88,33 a-e	25,78 b	13,11 g-i	152,74 c-p	202,43 a-d	83,33 a-d	43,69 b-e	6,91 a-e	4,58 b-f
44	C3	84,00 b-m	87,00 c-i	27,11 ab	13,38 e-i	130,80 m-q	140,43 g-j	66,88 b-d	40,33 d-e	6,75 a-f	3,32 f
45	C34	83,67 c-m	85,50 g-k	28,55 ab	16,50 a-h	127,54 m-q	154,50 d-j	83,46 a-d	44,30 a-e	7,41 a-e**	4,88 a-e
46	C40	82,00 g-m	87,33 b-h	29,45 ab	15,00 c-h	144,26 g-q	170,67 a-j	100,32 ab	52,69 a-e	7,46 a-e**	4,92 a-e
47	C57	83,33 c-m	87,67 b-g	30,56 ab	16,89 a-f	140,64 j-q	139,43 h-j	77,00 b-d	47,87 a-e	7,09 a-e	4,84 a-e
48	C119	85,33 a-i	89,67 a-b	26,89 ab	14,11 e-i	163,69 b-m	172,53 a-j	65,78 b-d	42,47 c-e	6,41 a-f	4,75 b-f
52	E1-1	80,00 l-m	82,00 n-o	31,89 ab	16,56 a-h	152,47 c-p	141,80 g-j	77,89 a-d	46,57 a-e	6,14 a-f	5,08 a-e
53	E4-4	81,00 i-m	83,67 k-o	28,33 ab	18,11 a-f	132,58 l-q	131,77 j	74,33 b-d	50,57 a-e	5,99 a-f	5,25 a-d
54	E7-2	82,00 g-m	83,67 k-o	31,11 ab	16,56 a-h	117,77 p-r	143,90 e-j	71,11 b-d	46,99 a-e	6,22 a-f	5,72 a-b
55	E13-1	80,00 l-m	83,00 l-o	26,33 ab	18,78 a-d	147,92 d-p	159,67 c-j	69,36 b-d	52,67 a-e	6,32 a-f	4,96 a-e
56	F12-2	80,33 k-m	81,33 o-p	30,89 ab	20,11 a	123,20 n-q	141,33 g-j	68,11 b-d	52,56 a-e	5,08 c-f	5,14 a-e
57	F15-6	79,67 m	82,00 n-o	27,22 ab	14,67 d-h	130,61 m-q	147,43 e-j	68,56 b-d	62,00 a-c	5,02 d-f	4,87 a-e
58	G64	82,33 g-m	85,33 g-l	31,45 ab	15,78 b-h	122,17 o-q	169,80 a-j	78,58 a-d	44,11 b-e	7,85 a-e**	4,77 a-f
59	G136	82,67 e-m	87,33 b-h	34,33 ab	16,67 a-h	146,69 e-p	159,80 c-j	98,00 a-c	40,77 d-e	5,71 c-f	5,47 a-c
60	G142	83,67 c-m	87,00 c-i	29,44 ab	18,33 a-e	138,98 j-q	177,00 a-j	77,89 a-d	53,22 a-c	6,58 a-f	5,43 a-d

Angka yang diikuti dengan huruf yang sama pada satu kolom tidak berbeda nyata pada uji DMRT taraf 5%. Angka yang ditulis miring menunjukkan umur berbunga yang lebih cepat dibanding dengan varietas Code. Angka yang ditulis tebal menunjukkan keragaan komponen hasil yang lebih baik dibanding dengan varietas Code.

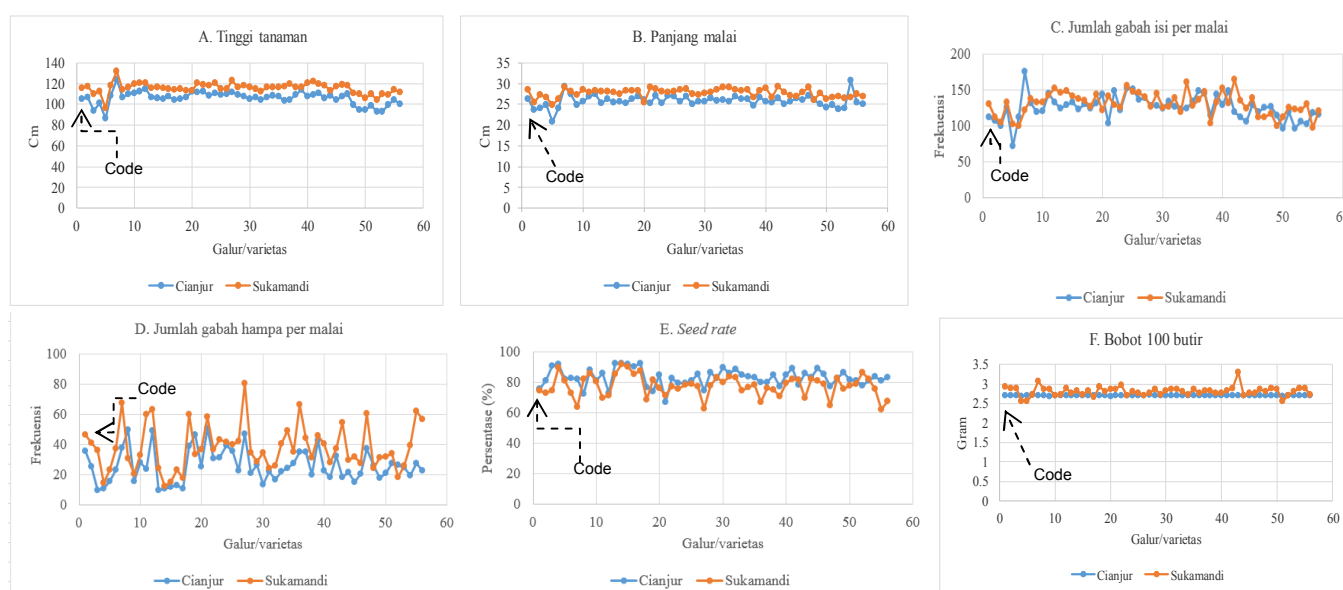
*Berdasarkan hasil ubinan 2,5 m × 2,5 m (100 rumpun). **Galur dengan hasil 20% lebih tinggi dibanding dengan varietas Code.

Jumlah gabah isi per malai hasil uji di Cianjur untuk galur Code-*qTSN4* sebanyak 103,34–152,79, galur Code-*qDTH8* 96,47–126,37, dan varietas pembandingan Code 112,04. Pada lokasi Sukamandi, untuk galur Code-*qTSN4* sebanyak 104,11–165,11 dan galur Code-*qDTH8* 97,56–138,78, sedangkan varietas pembandingan Code 130,44. Apabila digabungkan dengan jumlah gabah hampa per malai, diperoleh jumlah gabah total per malai. Dari hasil yang disajikan pada Tabel 4 diperoleh cukup banyak galur yang memiliki jumlah gabah total melebihi jumlah gabah total varietas Code. Pengaruh lokus *qTSN4* pada galur-galur Code-*qTSN4* secara nyata meningkatkan jumlah gabah per malai hasil uji di Cianjur (Tabel 3 dan Tabel 4). Nia et al. (2016) melaporkan bahwa hasil panen padi memiliki empat komponen, yakni jumlah malai, jumlah spikelet per malai, jumlah butir isi, dan kesuburan spikelet. Terdapat variasi jumlah bulir per malai di antara varietas padi yang dibudidayakan dan merupakan salah satu target program pemuliaan untuk meningkatkan hasil padi. Namun menurut Peng et al. (2008), tanaman padi tipe ideal memiliki bulir (isi) per malai 200–250. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa beberapa galur menghasilkan bulir per malai di atas 200 bulir, akan tetapi masih banyak bulir hampa. Galur-galur yang memiliki jumlah gabah isi per malai lebih tinggi dibanding dengan varietas Code dipertimbangkan untuk digunakan sebagai galur uji pada uji daya hasil lanjutan.

Persentase gabah isi (*seed rate*) pada dua lokasi percobaan menunjukkan variasi yang tinggi, berkisar antara 60–90% (Gambar 2E). Mestinya *seed rate* yang

baik minimal 80%. Hal ini menunjukkan bahwa kehampaan gabah pada galur-galur uji masih tinggi. Secara alamiah, gabah hampa ini masih sering terjadi pada tanaman padi karena spikelet yang masih tertahan di pelepah daun saat fase bunga mekar. Menurut Sutoro et al. (2015) kehampaan pada malai tanaman induk sekitar 11%, malai primer 12%, malai sekunder 12%, malai tersier 16%, dan malai kuartier 22%. Demikian seterusnya, apabila jumlah anakan per tanaman banyak, tingkat kehampaannya semakin tinggi.

Menurut Abdullah et al. (2008), bentuk bulir padi ideal yaitu lonjong dan ramping. Pada penelitian ini, di lokasi Sukamandi bobot 100 butir stabil dan keragaannya hampir sama dengan bobot 100 butir gabah varietas Code, sedangkan di lokasi Cianjur bobot 100 butir isi masih bervariasi (Gambar 2F). Hasil gabah galur-galur yang dihitung berdasarkan data ubinan 2,5 m × 2,5 m (100 rumpun) menunjukkan potensi hasil setelah dikonversi ke dalam ton per hektar. Analisis sidik ragam menunjukkan bahwa karakter hasil pada penelitian ini tidak berbeda nyata pada taraf 1%, baik di Cianjur maupun di Sukamandi (Tabel 3). Setelah diamati, cukup banyak galur yang memiliki potensi hasil melebihi tetua Code. Peningkatan potensi hasil galur-galur uji pada penelitian ini lebih dari 20% jika dibandingkan dengan varietas Code (Tabel 4). Hal ini menarik karena peningkatan hasil yang serupa telah dilaporkan oleh Fujita et al. (2010, 2012) pada galur IR64 yang membawa lokus *qTSN4* hasil uji di IRRI dapat meningkatkan hasil 10–20% dibanding dengan varie-



Gambar 4. Keragaan beberapa karakter agronomi dan komponen hasil galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* di dua lokasi lapangan (Cianjur dan Sukamandi) pada MT II 2016.

tas IR64. Adanya peningkatan hasil melebihi 20% diharapkan dapat berkontribusi terhadap peningkatan potensi hasil padi secara global. Peng et al. (2008) melaporkan bahwa secara global perlu peningkatan 1% potensi hasil setiap tahunnya untuk memenuhi kebutuhan beras dunia. Sejak tahun 1950, telah dihasilkan padi berpotensi hasil tinggi IR8 dengan memanfaatkan gen *semi dwarf* (*Sd1*) dan dapat meningkatkan potensi hasil 15–25% di Cina dan 9% di Indonesia. Namun, potensi hasil varietas padi inbida *semi dwarf* tersebut stagnan setelah varietas tersebut ditanam di daerah tropis seperti di Indonesia sehingga pemanfaatan teknologi peningkatan produktivitas padi hasil penelitian ini diharapkan dapat membantu memperbaiki produktivitas padi nasional.

Galur-galur yang menunjukkan potensi hasil tinggi dari hasil penelitian ini dapat dipilih untuk digunakan sebagai materi penelitian pada uji daya hasil lanjutan. Galur yang baik ialah galur yang memiliki kestabilan daya hasil apabila galur tersebut ditanam di berbagai lokasi dengan kondisi agroklimat yang berbeda.

KESIMPULAN

Analisis molekuler dengan marka SSR pengapit tiga lokus target pemuliaan *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7* menunjukkan bahwa semua galur uji terkonfirmasi telah membawa lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*. Umur berbunga yang lebih cepat tidak hanya ditunjukkan oleh galur Code-*qDTH8*, tetapi juga galur Code-*qTSN4*. Uji adaptasi di Cianjur memberikan hasil gabah per hektar lebih tinggi dibanding dengan hasil uji di Sukamandi. Lokus *qTSN4* dan *qDTH8* dapat meningkatkan hasil 20% lebih tinggi dibanding dengan varietas Code. Sebanyak 34 galur uji dengan komponen hasil unggul dan dengan potensi hasil minimal 10% lebih tinggi dibanding dengan varietas Code dapat dipilih untuk digunakan pada uji daya hasil lanjutan di lokasi dengan kondisi agroklimat yang berbeda.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai melalui DIPA BB Biogen, Balitbangtan TA 2016 dengan judul “Perbaikan Potensi Hasil Varietas Code melalui Silang Balik dengan Bantuan Marka Molekuler: Seleksi Galur Galur Potensi Hasil Tinggi di Lapangan”.

KONTRIBUTOR PENULISAN

TAS: kontributor utama, penanggung jawab penelitian, penanggung jawab kegiatan lapangan; MAS: kontributor anggota, analisis molekuler, membantu kegiatan lapangan; JP: kontributor anggota, analisis statistik, membantu analisis molekuler dan kegiatan lapangan.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, B., Tjokrowidjojo, S. & Sularjo (2008) Perkembangan dan prospek perakitan padi tipe baru di Indonesia. *Jurnal Litbang Pertanian*, 27 (1), 1–9.
- Anonim (2019) *Jumlah penduduk Indonesia 2019 mencapai 267 juta jiwa*. [Online] Tersedia pada: <https://databoks.katadata.co.id/datapublish/2019/01/04/jumlah-penduduk-indonesia-2019-mencapai-267-juta-jiwa> [Diakses 1 April 2019].
- Alexandratos, N. & Bruinsma, J. (2012) *World agriculture towards 2030–2050: The 2012 revision*. ESA Working Paper No. 12-03. Rome, Food and Agriculture Organization.
- Chen, S., Huang, Z., Zeng, L., Yang, J., Liu, Q. & Zhu, X. (2008) High-resolution mapping and gene prediction of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* resistance gene *Xa7*. *Molecular Breeding*, 22, 433–441.
- Dellaporta, S.L., Wood, J. & Hicks, J.B. (1983) A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1 (4), 19–21.
- Doi, K., Izawa, T., Fuse, T., Yamanouchi, U., Kubo, T., Shimatani, Z., Yano, M. & Yoshimura, A. (2004) *Ehd1*, a B-type response regulator in rice, confers short-day promotion of flowering and controls *FT-like* gene expression independently of *Hd1*. *Genes & Development*, 118, 926–936.
- Fujita, D., Santos, R.E.M., Ebron, L.A., Telebanco-Yanoria, M.J., Kato, H., Kobayashi, S., Uga, Y., Araki, E., Takai, T., Tsunematsu, H., Imbe, T., Khush, G.S., Brar, D.S., Fukuta, Y. & Kobayashi, N. (2010) Characterization of introgression lines for yield-related traits with *indica*-type rice variety IR64 genetic background. *Japan Agricultural Research Quarterly*, 44, 277–290.
- Fujita, D., Tagle, A.G., Ebron, L.A., Fukuta, Y. & Kobayashi, N. (2012) Characterization of near-isogenic lines carrying QTL for high spikelet number with the genetic background of an *indica* rice variety IR64 (*Oryza sativa* L.). *Breeding Science*, 62, 18–26.

- Fujita, D., Trijatmiko, K.R., Taglea, A.G., Sapasapa, M.V., Koidea, Y., Sasakia, K., Tsakirpalogloua, N., Gannabana, R.B., Nishimurad, T., Yanagiharab, S., Fukuta, Y., Koshiba, T., Slamet-Loedin, I.H., Ishimaru, T. & Kobayashi, N. (2013) *NAL1* allele from a rice landrace greatly increases yield in modern *indica* cultivars. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110 (51), 20431–20436.
- Fujita, D., Koide, Y. & Kobayashi, N. (2018) Genetic dissection of agronomic traits in introgression lines and improvement of an elite *indica* rice variety. *Japan Agricultural Research Quarterly*, 52 (2), 91–103.
- Hezaveh, A. (2007) *SAS® 9 study guide*. New Jersey, John Wiley & Son.
- Kim, S.L., Lee, S., Kim, H.J., Nam, H.G. & An, G. (2007) *OsMADS51* is a short-day flowering promoter that functions upstream of *Ehd1*, *OsMADS14*, and *Hd3a*. *Plant Physiology*, 145, 1484–1494.
- Kogan, F. (2019). *Remote sensing for food security*. Cham, Switzerland, Springer International Publishing AG.
- Kojima, S., Takahashi, Y. & Kobayashi, Y. (2002) *Hd3a*, a rice ortholog of the *Arabidopsis* FT gene, promotes transition to flowering downstream of *Hd1* under short-day conditions. *Plant and Cell Physiology*, 43, 1096–1105.
- Liu, T., Shao, D., Kovi, M.R. & Xing, Y. (2010) Mapping and validation of quantitative trait loci for spikelets per panicle and 1,000-grain weight in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 120, 933–924.
- Matsubara, K., Yamanouchi, U., Wang, Z.X., Minobe, Y., Izawa, T. & Yano, M. (2008) *Ehd2*, a rice ortholog of the maize *INDETERMINATE1* gene, promotes flowering by up-regulating *Ehd1*. *Plant Physiology*, 148, 1425–1435.
- Murcie, E.H., Pinto, M. & Horton, P. (2009) Agriculture and the new challenges for photosynthesis research. *New Phytologist*, 181, 532–552.
- Nia, M.R., Khammari, D.A., Mohammad Khani, M.A. & Khammari, M.U. (2016) QTLs for spikelet, panicle, and grain numbers in rice (*Oryza sativa* L.): A review. *International Journal of Scientific Research in Science and Technology*, 2 (2), 140–144.
- Peng, S., Cassman, K.G., Virmani, S.S., Sheehy, J. & Khush, G.S. (1999) Yield potential trends of tropical rice since the release of IR8 and the challenge of increasing rice yield potential. *Crop Science*, 39, 1552–1559.
- Peng, S., Khush, G.S., Virk, P., Tang, Q. & Zou, Y. (2008) Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential. *Field Crops Research*, 108, 32–38.
- Prasetyono, J., Ma'sumah & Taslih (2017) Evaluasi molekuler dan agronomi galur BC₂F₆ persilangan Code × Nipponbare dan Ciherang × Nipponbare untuk sifat umur genjah dan hasil tinggi. Dalam: Rumanti, I.A., Susanto, U., Usyati, N., Nuryanto, B., Ruskandar, A. & Widyantoro (editor) *Prosiding Seminar Nasional 2016 (Buku 1)*. Sukamandi, Balai Besar Penelitian Padi, hlm. 601–610.
- Sasaki, K., Fujita, D., Koide, Y., Lumanglas, P.D., Gannaban, R.B., Tagle, A.G., Obara, M., Fukuta, Y., Kobayashi, N. & Ishimaru, T. (2017) Fine mapping of a quantitative trait locus for spikelet number per panicle in a new plant type rice and evaluation of a nearisogenic line for grain productivity. *Journal of Experimental Botany*, 68 (11), 2693–2702.
- Sattari, A., Haghighi, Z.J., Nohtani, H., Noorozi, M., Zaeim, A.N., Moradi, K. & Amirabad, N.M. (2015) A review of on the spikelet number in rice. *International Journal of Scientific Research in Science and Technology*, 1 (5), 222–227.
- Seck, P.A., Diagne, A., Mohanty, S. & Wopereis, M.C.S. (2012) Crops that feed the world 7: Rice. *Food Security*, 4, 7–24.
- Steel, R.G.D. & Torrie, J.H. (1962) *Principles and procedures of statistics (with special reference to the biological sciences)*. New York-Toronto-London, McGraw-Hill.
- Suryadi, Y., Samudra, I.M., Priyatno, T.P., Susilowati, D.N., Lestari, P., Fatimah & Kadir, T.S. (2016) Determination of pathotypes from Indonesian *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* population causing bacterial leaf blight and their reactions on differential rice. *Makara Journal of Science*, 20 (3), 109–118.
- Sutoro, Suhartini, T., Setyowati, M. & Trijatmiko, K.R. (2015) Keragaman malai anakan dan hubungannya dengan hasil padi sawah (*Oryza sativa*). *Buletin Plasma Nutraf*, 21 (1), 9–16.
- Taslih, Mahrup & Prasetyono, J. (2013) Identifikasi molekuler hawar daun bakteri (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) dan uji patogenisitasnya pada galur-galur padi isogenik. *Jurnal AgroBiogen*, 9 (2), 49–57.
- Taslih, Ma'sumah, Trijatmiko, K.R. & Prasetyono, J. (2015) Analisis molekuler dan keragaan agronomis galur-galur padi BC₁F₁ persilangan Code × *qTSN4* dan Code × *qDTH8*. *Jurnal AgroBiogen*, 1 (1), 17–24.
- Wei, X., Xu, J., Guo, H., Jiang, L., Chen, S., Yu, C., Zhou, Z., Hu, P., Zhai, H. & Wan, J. (2010) *DTH8* suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously. *Plant Physiology*, 153, 1747–1758.
- Xiang, C., Qu, L.J., Gao, Y.M. & Shi, Y.Y. (2013) Flower development and photoperiodic control of flowering in rice. *Rice Science*, 20 (2), 79–87.

Xue, W., Xing, Y., Weng, X., Zhao, Y., Tang, W., Wang, L., Zhou, H., Yu, S., Xu, C., Li, X. & Zhang, Q. (2008) Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nature Genetics*, 40, 761–767.

Yoshida, S. (1981) *Fundamentals of rice crop science*. Los Baños, International Rice Research Institute.
