

**EKSPRESI DI LAPANG GALUR-GALUR BC₁F₄ DAN BC₂F₃
PERSILANGAN CODE × NIL-*qTSN4* DAN CODE × NIL-*qDTH8*
UNTUK PERBAIKAN POTENSI HASIL**

***FIELD EXPRESSION OF BC₁F₄ AND BC₂F₃ LINES OF CODE ×
NIL-*qTSN4* AND CODE × NIL-*qDTH8* CROSSES FOR YIELD POTENCY
IMPROVING***

Joko Prasetyono, Tasliah, Ma'sumah, dan Kurniawan Rudi Trijatmiko

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: jokoprasetyono@yahoo.com, HP: 082125202730

ABSTRAK

Peningkatan produksi padi nasional memerlukan varietas baru dengan hasil tinggi. Code merupakan varietas unggul yang memiliki gen ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri, masih memiliki peluang untuk ditingkatkan produksinya. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qTSN4* dan Code × NIL-*qDTH8* di lapang. Penelitian ini dilakukan di KP Sukamandi, Balai Besar Penelitian Padi (Sukamandi, Jawa Barat) dan Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (Bogor, Jawa Barat) pada bulan September 2015 sampai dengan Februari 2016 (musim tanam II). Materi yang digunakan adalah tetua Code, NIL-*qTSN4*, NIL-*qDTH8*, 17 galur BC₁F₄ dan 28 galur BC₂F₃ untuk Code × NIL-*qTSN4*, 13 galur BC₁F₄ dan 18 galur BC₂F₃ untuk Code × NIL-*qDTH8*. Berdasarkan analisis molekuler menggunakan marka mikrosatelit RM20582 (lokus *Xa7*), RM17483 dan RM6909 (lokus *qTSN4*), RM5556 dan RM6838 (lokus *qDTH8*) sebanyak 2 dari 17 galur BC₁F₄ (11,77%) dan 11 dari 28 galur BC₂F₃ (39,29%) Code × NIL-*qTSN4* memiliki pola alel yang menyimpang, sehingga tidak diamati karakter agronominya. Demikian juga 1 dari 13 galur BC₁F₄ (7,69%) dan 5 dari 18 galur BC₂F₃ (27,78%) Code × NIL-*qDTH8* yang menyimpang. Galur Code-*qTSN4* memiliki penampilan lebih pendek dibanding Code, jumlah anakan produktif lebih sedikit, panjang malai yang sama, dan memiliki jumlah gabah isi lebih banyak. Persentase pengisian gabah juga lebih tinggi dibanding Code, dan bobot gabah isi jauh lebih banyak dibanding Code. Galur Code-*qDTH8* memiliki penampilan lebih pendek, umur lebih genjah, jumlah anakan produktif lebih banyak, malai lebih pendek, namun jumlah gabah isi lebih banyak. Persentase

pengisian gabah lebih tinggi dengan bobot gabah isi lebih banyak dibanding Code. Galur-galur Code-*qDTH8* memiliki hasil lebih banyak dibanding galur *qTSN4* melalui jumlah anakan produktif lebih banyak, meskipun jumlah gabah isinya lebih sedikit.

Kata kunci : Padi, *qTSN4*, *qDTH8*, Code, BC_1F_4 , BC_2F_3 .

ABSTRACT

*Increasing national rice production need new high yield variety. Code is a modern varieties that have resistance gene to bacterial leaf blight disease, still needs to increase its production. This study aimed to evaluate BC_1F_4 and BC_2F_3 lines of Code \times NIL-*qTSN4* and Code \times NIL-*qDTH8* crosses in the field. This research was conducted at Sukamandi Field Test, Indonesia Center for Rice Research (Sukamandi, West Java) and the Indonesian Center for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development (Bogor, West Java) in September 2015 until February 2016 (planting season II). The material used were Code, NIL-*qTSN4*, NIL-*qDTH8*, 17 lines of BC_1F_4 and 28 lines of BC_2F_3 for Code \times NIL-*qTSN4*, 13 lines of BC_1F_4 and 18 lines of BC_2F_3 for Code \times NIL-*qDTH8*. Based on molecular analysis using microsatelit markers RM20582 (*Xa7* locus), RM17483 and RM6909 (*qTSN4* locus), RM5556 and RM6838 (*qDTH8* locus), 2 of 17 BC_1F_4 lines (11.77%) and 11 of 28 lines BC_2F_3 (39.29%) Code \times NIL-*qTSN4* had a distorted allele pattern, so it were not observed its agronomic character. As well, 1 of 13 BC_1F_4 lines (7.69%) and 5 of 18 BC_2F_3 lines (27.78%) Code \times NIL-*qDTH8* were deviated also. Code-*qTSN4* lines had shorter performance than Code, fewer productive tillers, same panicle length, and more grain content. The percentage of grain filling was also higher than Code, and the weight of the grain content was much higher than the Code. Code-*qDTH8* lines had shorter appearance, more early maturity, more productive tiller number, shorter length of panicle, but more number of grain contents. The percentage of grain filling was higher with weight of grain more than Code. Code-*qDTH8* lines had yield more than Code-*qTSN4* lines through more productive tillers number, although the number of grain content was less.*

Keywords: Rice, *qTSN4*, *qDTH8*, Code, BC_1F_4 , BC_2F_3 .

PENDAHULUAN

Beras merupakan salah satu makanan pokok penduduk dunia yang peningkatan produksinya tidak seimbang dengan peningkatan populasi penduduknya. Oleh karena itu diperlukan peningkatan yang signifikan (Mohanty,

2013). Semenjak revolusi hijau yang dicapai pada tahun 1960-an, belum ada lagi peningkatan produksi padi yang berarti sampai saat ini. Penggunaan varietas padi unggul baru merupakan salah satu upaya untuk peningkatan produksi padi.

Padi varietas Code padi sawah varietas unggul yang tahan penyakit Hawar Daun Bakteri (HDB) yang merupakan hasil persilangan IR64 dan IRBB7. Padi Code memiliki gen *Xa7* yang terkait dengan ketahanan beberapa strain *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae*, seperti strain II, IV, dan VIII. Padi Code juga diketahui memiliki ketahanan terhadap wereng coklat biotipe 1, 2, dan agak tahan terhadap biotipe 3. Karakteristik lain dari padi Code adalah umur tanaman 115–125 hari, dapat menghasilkan anakan sekitar 16–24 batang, tinggi tanaman sekitar 97–103 cm dan hasil panen sekitar 5,4 ton/ha (Suprihatno *et al.*, 2009).

Meskipun padi varietas Code memiliki sifat unggul tahan terhadap HDB, perbaikan varietas padi Code tetap perlu dilakukan untuk memenuhi kebutuhan pangan nasional yang terus meningkat. *Internasional Rice Research Institute* (IRRI) telah mengembangkan galur-galur *Near Isogenic Line* dengan *background* utama IR64 dengan sisipan lokus yang mengandung gen yang mengatur jumlah spikelet (bunga) (*quantitative Total Spikelet Number/qTSN4*) dan yang mengatur umur pembungaan (*gen quantitative Days to Heading/qDTH8*) (Fujita *et al.*, 2009; 2012). Posisi kedua lokus tersebut diperoleh dengan cara pemetaan genetik menggunakan populasi persilangan. Jumlah bunga per malai merupakan salah satu dari 4 komponen hasil pada padi, selain dari jumlah malai, berat bulir isi dan persentase gabah isi, sedangkan *DTH8*, yaitu gen penyandi umur berbunga yang terletak pada kromosom 8 (Wei *et al.* 2010). Gen *qDTH8* mengatur proses ekspresi gen florigen *Hd3a* yang mempengaruhi proses pembungaan pada tanaman padi Chao *et al.* (2013). Selain itu, gen *qDTH8* ini ternyata juga bisa memberi pengaruh ekspresi gen *Hd1* (Du *et al.*, 2017).

Introgresi kedua gen tersebut ke dalam Code akan lebih mudah dilakukan mengingat latar belakang genetik Code adalah IR64 ($R64^{*}/IRBB7$) (Suprihatno *et al.*, 2009, sedangkan NIL-*qTSN4* dan NIL-*qDTH8* memiliki sebagian besar genom IR 64. Masing-masing adalah IR64-NILs-*qTSN4*[YP9] dan IR64-NILs-*qDTH8*[YP1]. Kultivar yang digunakan untuk merakit galur-galur NIL-*qTSN4* adalah Morobarekan, Shen Nung 89-366 (*indica*) dan Daringan (kultivar dari Indonesia, *tropical japonica*), dimana kultivar-kultivar tersebut dibuat kombinasi persilangan untuk menjadi tetua donor terlebih dahulu (“IRxxx”) kemudian disilangbalikkan dengan IR64 (Fujita *et al.*, 2009). Kultivar yang terlibat dalam pembentukan NIL-*qDTH8* adalah Shen Nung 89-366 (*indica*) dan Ketan Lumbu (asal Indonesia, *tropical japonica*) (Ishimaru T., kom. pribadi, 2012).

Sejak tahun 2013 di BB Biogen telah dilakukan kegiatan penelitian mengintroduksi lokus *qTSN4* dan *qDTH8* ke dalam varietas Code melalui metode *marker-assisted backcrossing* (Tasliyah *et al.* 2015). Metode ini mampu mendeteksi lokus tersebut dengan cara yang mudah dan akurat, bisa dilakukan

di awal pertanaman (Hasan *et al.*, 2015). Perakitan galur-galur turunan Code tersebut melalui tiga jalur, yakni jalur BC₁, BC₂, dan BC₃. Galur-galur tersebut telah dirakit dan baru diseleksi secara molekuler dan di rumah kaca. Oleh karena itu diperlukan pengujian di lapangan untuk mendapatkan hasil yang maksimal. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaan awal galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qTSN4* dan Code × NIL-*qDTH8* di lapangan.

BAHAN DAN METODE

Pembentukan Materi

Galur-galur yang digunakan adalah tetua Code, Ciherang, IR64, IR64-NILs-*qTSN4*[YP9] (= NIL-*qTSN4*), IR64-NILs-*qDTH8*[YP1] (= NIL-*qDTH8*); galur-galur hasil persilangan, yakni 17 galur BC₁F₄ Code × NIL-*qTSN4* (A1–A17), 28 galur BC₂F₃ Code × NIL-*qTSN4* (B1–B28), 13 galur BC₁F₄ Code × NIL-*qDTH8* (E1–E13) dan 19 galur BC₂F₃ Code × NIL-*qDTH8* (F1–F18). Galur-galur tersebut berasal dari hasil persilangan yang ditanam di rumah kaca yang diseleksi menggunakan marka molekuler. Galur-galur belum pernah ditanam di lapang.

Analisis Molekuler

Marka molekuler yang digunakan adalah marka pengapit untuk mendeteksi lokus QTL yang mengatur sifat jumlah bulir isi (*qTSN4*), umur berbunga (*qDTH8*), dan lokus yang mengatur ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri (*Xa7*). Marka untuk lokus *qTSN4* adalah RM17483 dan RM6909 yang terletak di kromosom 4 (Fujita *et al.*, 2012). Marka untuk lokus *qDTH8* adalah RM5556 dan RM6838 (IshimaruT. kom. pribadi, 2012). Untuk mendeteksi lokus gen *Xa7* digunakan marka RM20582 (Chen *et al.*, 2008).

Daun diambil dari tetua, varietas pembanding dan semua galur masing-masing persilangan yang berumur sekitar empat minggu setelah dipindah di lapangan. Pengambilan sampel daun dilakukan dengan cara *dibulk* sebanyak 10 helai daun dari 10 rumpun. DNA dari galur tersebut diisolasi secara miniprep dengan mengacu pada metode Dellaporta (Dellaporta *et al.*, 1983) yang telah dimodifikasi.

Proses PCR menggunakan volume sebanyak 20 µl yang berisi 1 × bufer PCR, 100 µM dNTPs, 0,5 µM primer (F dan R), 50–100 ng DNA, dan 1 unit Taq DNA polimerase. Produk PCR kemudian dipisahkan menggunakan gel poliakrilamida 8% selama 2 jam pada 80 volt. Pewarnaan DNA dilakukan dengan merendam di dalam larutan *Ethidium bromida* dan didokumentasi menggunakan *Chemidoc*TM.

Percobaan Lapang

Masing-masing galur ditanam dengan petak berukuran 4 m x 5 m, tanpa ulangan. Penanaman dilakukan dengan menanam satu bibit umur 21 hari setelah semai (HSS) per lubang dengan jarak tanam 25 × 25 cm. Pemupukan diberikan dengan dosis standar yaitu Urea 200 kg/ha, SP18 200 kg/ha dan KCl 100 kg/ha. Pemeliharaan tanaman dan pengendalian serangan hama dan penyakit dilakukan sesuai keperluan. Pengamatan dilakukan terhadap 3 rumpun tanaman per satuan percobaan meliputi tinggi tanaman, jumlah anakan produktif, umur berbunga 50%, panjang malai, jumlah malai, jumlah gabah isi/malai, jumlah gabah hampa/malai, bobot 100 butir, dan bobot gabah isi/rumpun.

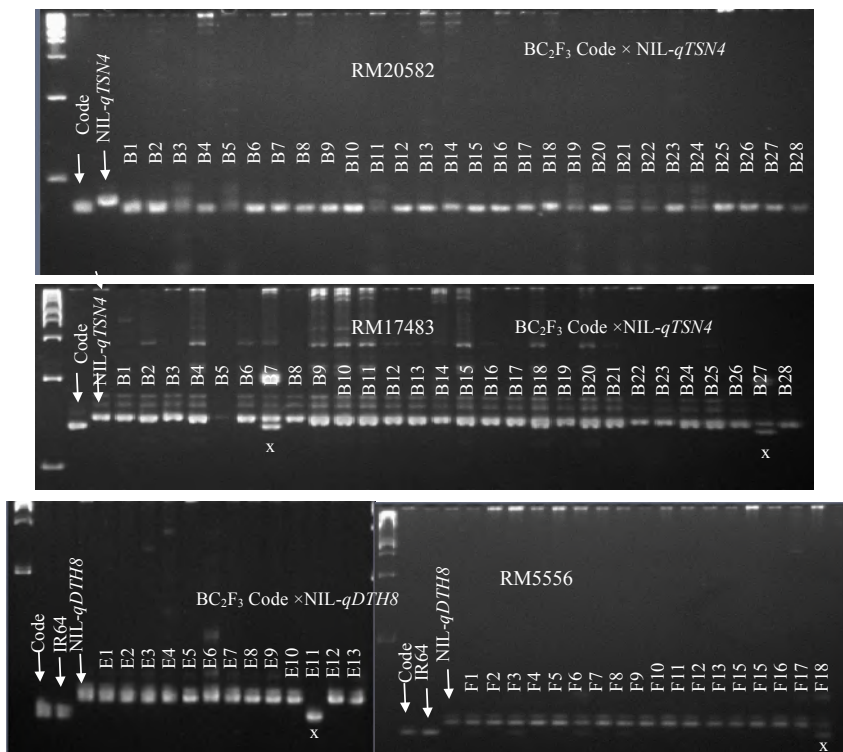
HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Molekuler

Hasil analisis molekuler terhadap lokus target didapatkan hasil seperti pada Gambar 1. Dari 13 galur BC₁F₄ Code × NIL-*qTSN4* (kode A), memberikan hasil pita-pita yang homozigot terhadap tetua Code untuk gen *Xa7* dan homozigot untuk tetua donor untuk lokus *qTSN4* (pola ABB), diperoleh hasil 2 nomor (A12 dan A17) tidak memenuhi kriteria yang diinginkan. Terdapat 11,77% tanaman yang menyimpang dan harus dibuang. Untuk Galur-galur BC₂F₃ Code × NIL-*qTSN4* (kode B), dari 28 galur, galur yang tidak memberikan pola yang diinginkan (ABB) sebanyak 11 galur (B1, B3, B5, B7, B11, B19, B21, B22, B24, B27, dan B28). Terdapat 39,29% tanaman yang menyimpang yang harus dibuang. Untuk galur-galur BC₁F₄ Code × NIL-*qDTH8* (kode E), dari sebanyak 13 galur yang digunakan terdapat 1 galur (E11) yang menyimpang. Sebanyak 7,69% galur BC₁F₄-*qDTH8* yang harus dibuang. Pada galur BC₂F₃ Code × NIL-*qDTH8* (kode F), dari sebanyak 18 galur yang digunakan terdapat 5 galur (F1, F3, F6, F8, F17) yang menyimpang. Sebanyak 27,78% galur yang harus dibuang.

Pada penelitian ini walaupun sudah generasi F₄ dan F₃, ternyata masih ada galur-galur yang memberikan pita yang salah. Pita yang diharapkan muncul adalah untuk marka *Xa7* (RM 20582) seharusnya mengikuti pola Code (A) karena tanaman generasi sebelumnya disilangbalik dengan Code, sehingga pola Code (A) akan muncul pada generasi lanjut. Namun, faktanya galur A12, A17, B3, B5, B11, B19, B21, B22, dan B24 (semuanya galur Code x NIL-*qTSN4*) memiliki pola H. Padahal pada penelitian sebelumnya disebutkan tidak ada galur-galur yang memiliki pola H pada marka RM20582 (Retnosari, 2015). Hal ini menunjukkan marka molekuler perlu diaplikasikan pada tiap generasi sampai tanaman siap uji multilokasi. Kesalahan ini bisa terjadi, misal benih yang tercampur pada saat panen (analisis molekuler sudah benar), atau masih terjadi segregasi di dalam lokus tersebut (kondisi alel belum stabil). Apalagi pada penelitian ini hanya

menggunakan satu marka pada lokus tersebut yang hanya memberikan gambaran daerah kurang dari 500 bp saja, sehingga segregasi di dekat daerah marka yang sebetulnya memiliki pola alel H (tidak terdeteksi secara molekuler) dan pada akhirnya menempati daerah marka RM20582 bisa saja terjadi. Oleh karena itu, untuk mendeteksi satu daerah lokus umumnya digunakan dua marka yang mengapit, dengan jarak paling baik kurang dari 3-5 cM. Namun, pada kasus ini yang bisa digunakan hanya satu marka karena hanya satu marka (RM20582) yang bisa membedakan Code dengan daerah NIL-*qTSN4* dan NIL-*qDTH8*.



Gambar 1. Hasil amplifikasi galur-galur yang mengandung lokus *qTSN4* dan *qDTH8*. Tanda silang menunjukkan galur dengan pola alel yang tidak diharapkan. Galur tersebut tidak digunakan dalam perhitungan percobaan lapang dan tidak ditanam lagi.

Pola pita di daerah lokus *qTSN4* (marka RM6838 dan RM5556) dan lokus *qDTH8* (marka RM6909 dan RM17483) yang diharapkan adalah mengikuti NIL-*qTSN4* atau NIL-*qDTH8*, sehingga pola pita yang diharapkan adalah ABB. Pola pita di daerah lokus tersebut mestinya B, ataupun menyimpang paling tidak H, dan tidak mungkin terdapat pola pita A. Namun, pada galur E11 pola alel yang diperoleh adalah AAA, menunjukkan tanaman tersebut adalah tetua Code. Hal

ini jelas sekali galur E11 tertukar dengan tetua Code. Lokus *qTSN4* dan *qDTH8* yang salah tersebut umumnya terjadi pada tanaman BC_2F_3 , ada yang salah satu markanya menghasilkan pita B atau H, dan ada yang dua-duanya menghasilkan pita H. Sebetulnya, pada tanaman BC_2F_2 (generasi sebelumnya) sudah diupayakan tanaman yang terpilih memiliki pita ABB, dengan harapan pada tanaman BC_2F_3 tetap diperoleh tanaman dengan pola pita ABB. Namun, ternyata proses segregasi ini masih terjadi pada tanaman BC_2F_2 . Walaupun genom tanaman menunjukkan pola ABB, namun setelah terjadi proses pindah silang pada saat membentuk benih BC_2F_3 ternyata sebagian alel-alel dalam lokus *qTSN4* ataupun *qDTH8* masih mengalami segregasi sehingga menghasilkan pita H. Hal ini berbeda pada tanaman BC_1F_4 , tidak ada lokus *qTSN4* ataupun lokus *qDTH8* yang memiliki pola H baik pada satu marka ataupun kedua markanya, menunjukkan segregasi alel sudah tidak menunjukkan penyimpangan lagi.

Percobaan Lapang

Galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qTSN4* (Tabel 1) memiliki tinggi tanaman berkisar antara 116–132 cm, sedangkan tinggi tanaman Code dan NIL-*qTSN4* adalah 121,33 dan 116,66 cm. Menurut Peng *et al.* (2008) tinggi tanaman ideal adalah sekitar 80–100 cm. Kriteria tinggi tanaman yang ideal tersebut merupakan karakter penting yang berhubungan dengan kemudahan saat memanen. Kalau terlalu pendek akan menyulitkan dalam memanen, sedangkan kalau terlalu tinggi akan mudah rebah. Untuk galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 Code \times NIL-*qDTH8* (Tabel 1) diperoleh tinggi tanaman 113,33–124 cm, sedangkan Code dan NIL-*qDTH8* adalah 121,33 dan 96,66 cm. Semua galur-galur yang diperoleh tidak ada yang memenuhi syarat tinggi ideal menurut Peng *et al.* (2008) tersebut. Karakter tinggi tanaman juga mempengaruhi tingkat kemampuan suatu tanaman untuk berfotosintesis untuk menghasilkan asimilat yang dibutuhkan.

Umur berbunga 50% untuk galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qTSN4* berkisar antara 83–87 HSS. Dibandingkan dengan Code (86), NIL-*qTSN4* (82), Ciherang (85) dan IR64 (82). Galur-galur dari persilangan ini memiliki umur berbunga yang tidak begitu jauh berbeda dengan ke dua tetua, maupun varietas unggul pembanding. Untuk galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qDTH8*, umur berbunga berkisar antara 66–87 hari. Yang memiliki umur berbunga 66 hari, hanya satu galur, yakni F4. Dibandingkan tetua Code yang memiliki umur berbunga 86 hari, NIL-*qDTH8* memiliki umur berbunga 79 hari, maka galur F4 dapat disimpulkan mempunyai pengaruh yang positif terhadap umur berbunga. Pengaruh umur genjah yang dibawa oleh NIL-*qDTH8* kelihatan jelas pada turunannya, dan mempengaruhi tinggi yang lebih pendek dibanding Code. Fenomena ini disebabkan oleh berkurangnya masa pertumbuhan vegetatif tanaman (Tasliyah *et al.*, 2011; Prasetyono *et al.*, 2013). Taoka *et al.* (2011) menyebutkan umur tanaman yang (misal pada NIL-*qDTH8*)

kadang menyebabkan turunannya akan memiliki figur yang lebih panjang dengan malai yang lebih panjang pula.

Anakan padi merupakan indikator pertumbuhan tanaman padi yang sehat, meskipun secara genetik varietas tanaman menentukan jumlah anakan. Pengamatan anakan dilakukan dengan menghitung anakan total dan anakan produktif. Jumlah malai per tanaman merupakan salah satu karakter yang terkait dengan hasil gabah. Jumlah malai/jumlah anakan produktif galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qTSN4* sebanyak 12–25 malai dan persilangan Code × NIL-*qDTH8* sebanyak 16–27,66 malai. Tetua Code memiliki malai 18,33 dan NIL-*qTSN4* memiliki malai 19,66. Jumlah anakan produktif sangat penting dalam produksi biji padi. Anakan produktif merupakan salah satu komponen hasil yang berpengaruh langsung terhadap tinggi rendahnya hasil gabah (Makarim dan Suhartatik, 2009). Peningkatan produktivitas padi berhubungan dengan banyaknya anakan produktif, karena anakan produktif ini akan menghasilkan malai padi yang memproduksi biji padi. Semakin banyak jumlah anakan produktif maka jumlah malai yang dihasilkan juga semakin banyak. Namun, menurut Peng *et al.* (2008) jumlah anakan produktif ideal yaitu 10–15 batang.

Panjang malai merupakan karakter terpenting dari malai yang terkait dengan hasil. Panjang malai menentukan jumlah gabah total per malai. Semakin panjang diharapkan jumlah gabah total per malai tinggi sehingga diharapkan jumlah gabah isi per malai pun tinggi. Untuk karakter panjang malai, galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qTSN4* sebesar 21,91–27,73 cm. Tetua Code sendiri hanya memiliki panjang malai 26,55 cm dan NIL-*qTSN4* sebesar 23,94 cm. Pada galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qDTH8* panjang malainya berkisar 22,16–26,91 cm, sedangkan NIL-*qDTH8* sebesar 20,44 cm (Tabel 1).

Jumlah gabah isi/malai, jumlah gabah hampa/malai, dan jumlah gabah total (isi dan hampa)/malai perlu dilakukan untuk melihat pengaruh lokus *qTSN4* terhadap jumlah bulir. Pada galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*qTSN4* jumlah bulir isi/malai sebanyak 79–139,44, sedangkan Code 77,7 butir (Tabel 1). Hal ini menunjukkan lokus *qTSN4* sangat mempengaruhi jumlah bulir isi/malai. Berarti semua galur turunan *qTSN4* memiliki jumlah gabah isi/malai melebihi tetua Code. Galur-galur BC₁F₄ dan BC₂F₃ Code × NIL-*qDTH8* memiliki jumlah gabah isi/malai sekitar 76,44–126,11 butir. Galur yang memiliki jumlah gabah isi/malai lebih dari 100 butir ada 6 galur yaitu, E10 (126,11), F14 (111,55), F11 (111,88), F12 (103,11), E13 (113) dan F19 (107,66), sedangkan yang lainnya dibawah 100 butir. Galur *qDTH8* yang jumlah gabah isi/malainya melebihi Code sebanyak 23 (dari 25) galur. Jumlah gabah isi/malai untuk tanaman padi ideal berkisar antara 180–240 butir (Ma *et al.*, 2006). Di dalam lokus *qTSN4* disebutkan memiliki gen *Narrow Leaf 1 (NAL1)* yang mempengaruhi peningkatan

jumlah bunga padi melalui pembesaran ukuran daun, sistem perakaran, dan jumlah pembuluh yang berhubungan dengan transportasi (Fujita *et al.*, 2013).

Berdasarkan jumlah bunga/malai (= jumlah spikelet atau jumlah gabah isi dan gabah hampa/malai) menunjukkan galur-galur *qTSN4* memiliki angka 114,33–187,67 butir/malai, sedangkan Code sebesar 142,23 bulir. Sebanyak 21 galur memiliki nilai lebih banyak dibanding Code, sedangkan 11 galur di bawah Code. Hal ini berarti efek lokus *qTSN* bisa meningkatkan spikelet pada 21 galur tersebut. Peningkatan terbanyak pada galur B6, dengan selisih kenaikan sebesar + 31,95% dibanding dengan Code. Pada galur-galur turunan *qDTH8* jumlah bulir/malai berkisar 98,0–159,0 bulir, sedangkan Code 142,23 bulir. Hanya satu galur (E10) yang memiliki jumlah bulir paling banyak yang melebihi Code. Hal ini menunjukkan lokus *qTSN4* sangat berpengaruh terhadap jumlah bunga/jumlah spikelet per malai dibanding dengan lokus *qDTH8*.

Hasil pengamatan untuk variabel fertilitas malai pada didapatkan bahwa individu galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qTSN4* tersebut memiliki tingkat fertilitas yang beragam dari rendah (47,18 %) sampai tinggi (92,75%). Untuk persilangan BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qDTH8* berkisar antara 59,23 – 88,86% (Tabel 1). Persentase gabah isi yang baik adalah di atas 85% (Ma *et al.*, 2006).

Variabel yang tidak kalah penting dalam menentukan produksi tanaman padi adalah bobot gabah isi/rumpun. Pada galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qTSN4* berkisar antara 150,88–485 g. Dibanding dengan tetua Code 177,44 g, maka ada 6 galur yang memiliki bobot di bawah Code yaitu A4 (156,44 g), A9 (166,66 g), A13 (156,33 g), A15 (174,88 g), B6 (150,88 g) dan B26 (175,22 g). Sebagian besar memiliki bobot melebihi tetua Code. Pada galur-galur BC_1F_4 dan BC_2F_3 persilangan Code \times NIL-*qDTH8*, bobot gabah isi/rumpun berkisar antara 235,77–457,77 g (Tabel 1). Kesemua individu galur-galur tersebut memiliki

bobot di atas tetua Code yang hanya 177,44 gr.

Tabel 1. Perbandingan antargenerasi galur-galur *qTSN4* dan *qDTH8* pada beberapa karakter agronomi.

Generasi	Persilangan	TT(cm)	UB (HSS)	JM	PM (cm)	JGIM
BC ₁ F ₄	Code × NIL- <i>qTSN4</i>	126,30 a (121,33-130,66)	86,00 a (83,00-87,00)	16,51 b (13,66-19,33)	26,12 a (15,11-27,73)	111,08 a (81,44-129,55)
	Code × NIL- <i>qDTH8</i>	125,30 b (116,00-131,00)	86,08 a (85,00-87,00)	16,41 b (12,00-21,33)	26,58 a (24,77-27,66)	114,82 a (79,00-139,44)
BC ₂ F ₃	Code × NIL- <i>qTSN4</i>	118,70 c (113,33-124,00)	84,75 b (81,00-87,00)	21,36 a (16,00-27,66)	24,52 b (23,05-25,83)	91,46 b (75,66-126,11)
	Code × NIL- <i>qDTH8</i>	115,90 d (114,33-118,00)	82,54 c (66,00-87,00)	20,92 a (18,00-24,00)	24,60 b (23,38-26,91)	96,26 b (84,88-111,88)
Code		121,33	86	18,33	26,55	77,77
Ciherang		124,66	85	16,66	23,44	98,22
IR64		112,66	82	23,66	22,11	79,55
NIL- <i>qTSN4</i>		116,66	82	19,66	23,94	112,88
NIL- <i>qDTH8</i>		96,66	79	25,33	20,44	70,00
Generasi	Persilangan	JGHM	JSPM	PGI (%)	B100 (g)	BGIR (g)
BC ₁ F ₄	Code × NIL- <i>qTSN4</i>	41,63 a (10,44-94,22)	152,71 a (132,33-181,00)	73,96 b (47,18-92,75)	2,72 a (2,53-2,86)	216,56 b (156,44-319,11)
	Code × NIL- <i>qDTH8</i>	31,62 b (12,33-52,44)	146,43 a (114,33-187,67)	79,00 a (69,25-90,77)	3,25 a (2,66-2,87)	249,03 b (150,88-485,00)

Generasi	Persilangan	TT(cm)	UB (HSS)	JM	PM (cm)	JGIM
BC ₁ F ₄	Code × NIL-qDTH8	37,49 ab (18,77-53,88)	128,94 b (109,57-159,00)	70,90 b (59,23-85,01)	2,85 a (2,73-3,00)	317,06 a (250,66-444,55)
	Code × NIL-qDTH8	22,56 c (15,11-37,33)	118,83 c (98,05-132,67)	81,20 a (70,42-88,86)	2,91 a (2,67-3,00)	351,15 a (246,11-406,77)
BC ₂ F ₃	Code	64,44	142,23	54,48	2,80	177,44
	Ciherang	19,11	117033	83,63	3,00	235,11
	IR64	12,33	91,87	87,28	2,93	362,88
	NIL-qTSN4	16,44	129,30	87,36	2,80	371,44
	NIL-qDTH8	15,88	85,90	81,47	2,86	334,22

TT = Tinggi tanaman (cm), UB = Umur berbunga (HSS = hari setelah sebar), JM = Jumlah malai, PM = Panjang malai (cm), JGIM = Jumlah gabah isi/malai, JGHM = Jumlah gabah hampa/malai, JSPM = Jumlah spikelet/malai, PGI = Persentase gabah isi (%), BGIM = Bobot gabah isi/malai (gram), JGIR = Jumlah gabah isi/rumpun, B100 = Bobot 100 butir (gram), BGIR = Bobot gabah isi/rumpun (gram). Angka-angka yang diikuti oleh huruf yang sama pada kolom yang sama (masing-masing karakter) berarti tidak berbeda nyata pada uji Duncan taraf 5%.

Tabel 2. Perbandingan antarpopulasi qTSN4 dan qDTH8 pada beberapa karakter agronomi.

Generasi	Persilangan	TT(cm)	UB (HSS)	JM	PM (cm)	JGIM
BC ₁ F ₄ dan BC ₂ F ₃	Code × NIL-qTSN4	125,70 a (116,00-131,00)	86,04 a (83,00-87,00)	16,46 b (12,00-21,33)	26,36 a (15,11-27,73)	113,03 a (79,00-139,44)
	Code × NIL-qDTH8	117,30 b (113,33-124,00)	83,60 b (66,00-87,00)	21,13 a (16,00-27,66)	24,56 b (23,05-26,91)	93,95 b (75,66-126,11)

Generasi	Persilangan	TT(cm)	UB (HSS)	JM	PM (cm)	JGIM
Generasi	Persilangan	JGHM	JSPM	PGI (%)	B100 (g)	BGIR (g)
BC ₁ F ₄ dan BC ₂ F ₃	Code × NIL- <i>q</i> TSN4	76,41 a (10,44-94,22)	149,44 a (114,33-187,67)	76,59 a (47,18-92,75)	2,995 a (2,53-2,87)	233,48 b (150,88-485,00)
BC ₁ F ₄ dan BC ₂ F ₃	Code × NIL- <i>q</i> DTH8	29,73 b (15,11-53,88)	123,69 b (98,05-159,00)	76,26 a (59,23-88,86)	2,88 a (2,67-3,00)	334,79 a (246,11-444,55)

Keterangan Tabel 2 mengacu pada keterangan Tabel 1.

Rangkaian tahap persilangan antara Code dan dengan ke dua tetua donor NIL-*q*TSN4 dan NIL-*q*DTH8 pada penelitian ini dilakukan untuk meningkatkan hasil Code per rumpun, dengan harapan akan meningkatkan hasil/hektarnya. Produktivitas tanaman padi dapat diukur menggunakan indeks panen. Gambaran karakter agronomi galur-galur *q*TSN4 dan *q*DTH8 disajikan pada Tabel 2. Secara keseluruhan intrograsi masing-masing lokus ke dalam genom Code telah memberikan peningkatan bobot gabah isi/rumpun pada galur-galur turunannya. Galur-galur turunan *q*TSN4 mendapatkan peningkatan hasil lebih tinggi diakibatkan lebih karena peningkatan jumlah spikelet/malai, yang membuat terjadi peningkatan jumlah gabah isi/malai. Namun, oleh karena jumlah malai yang tidak sebanyak turunan *q*DTH8, bobot gabah isi/rumpun dari galur *q*TSN4 jauh lebih kecil dibanding turunan *q*DTH8, walaupun masih lebih tinggi dibanding dengan tetua Code.

Galur-galur turunan *q*DTH8 memiliki bobot gabah isi/rumpun melebihi Code dan melebihi galur-galur *q*TSN4. Hal ini lebih dipengaruhi oleh jumlah malai (= jumlah anakan produktif) yang lebih banyak dan bobot gabah isi/malai yang lebih tinggi. Jumlah malai yang banyak memberikan dampak positif bagi bobot gabah isi/rumpun. Selain itu, galur-galur *q*DTH8 memiliki umur 3,5 hari lebih genjah dan lebih pendek dibanding Code atau galur *q*TSN4.

KESIMPULAN

Sebanyak 2 dari 17 galur (11,77%) populasi BC₁F₄ dan 11 dari 28 galur (39,29%) populasi BC₂F₃ persilangan Code × NIL-*q*TSN4 yang menyimpang. Sebanyak 1 dari 13 galur (7,69%) populasi BC₁F₄ dan 5 dari 18 galur (27,78%) Code × NIL-*q*DTH8 yang menyimpang.

Galur Code-*qTSN4* memiliki penampilan lebih pendek dibanding Code, jumlah anakan produktif lebih sedikit, panjang malai yang sama, dan memiliki jumlah gabah isi lebih banyak. Bobot gabah isi/rumpun jauh lebih banyak dibanding Code. Galur Code-*qDTH8* memiliki penampilan lebih pendek, umur lebih genjah, jumlah anakan produktif lebih banyak, malai lebih pendek, namun jumlah gabah isi lebih banyak. Bobot gabah isi/rumpun lebih banyak dibanding Code. Galur-galur Code-*qDTH8* memiliki hasil lebih banyak dibanding galur *qTSN4* melalui jumlah anakan produktif yang lebih banyak, meskipun jumlah gabah isinya tidak sebanyak galur *qTSN4*.

DAFTAR PUSTAKA

- Chen, S., Z. Huang, L. Zeng, J. Yang, Q. Liu and X. Zhu. 2008. High-resolution mapping and gene prediction of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* resistance gene *Xa7*. *Molecular Breeding* 22:433-441.
- Chao, X., Q. Li-jun, G. Yong-ming and S. Ying-yao. 2013. Flower development and photoperiodic control of flowering in rice. *Rice Science* 20(2):79-87.
- Dai, X., Y. Ding, L. Tan, Y. Fu, F. Liu, Z. Zhu, X. Sun, X. Sun, P. Gu, H. Cai and C. Sun. 2012. *LHD1*, an allele of *DTH8/Ghd8*, controls late heading date in common wild rice (*Oryza rufipogon*). *Journal of Integrative Biology* 54(10):790-799.
- Dellaporta, S. L., J. Wood and J.B. Hicks. 1983. A plant DNA miniprep: version II. *Plant Molecular Biology Reporter* 1(4):19-21.
- Du, A., W. Tian, M. Wei, W. Yan, H. He, D. Zhou, X. Huang, S. Li and X. Ouyang. 2017. The *DTH8-Hd1* module mediates day length-dependent regulation of rice flowering. *Molecular Plant* 10(7):948-967. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2017.05.006>
- Fujita, D, R.E. Santos, L.A. Ebron, M.J. Telebanco-Yanoria, H. Kato, S. Kobayashi, Y. Uga, E. Araki, T.T Akai, H. Tsunematsu, T. Imbe, G.S. Khush, D.S. Brar, Y. Fukuta and N. Kobayashi. 2009. Development of introgression lines of an *Indica*-type rice variety, IR64, for unique agronomic traits and detection of the responsible chromosomal regions. *Field Crop Research* 114:244-254.
- Fujita, D., R.E.M. Santos, L.A. Ebron, M.J. Telebanco-Yanoria, H. Kato, S. Kobayashi, Y. Uga, E. Araki, T. Takai, H. Tsunematsu, T. Imbe, G.S. Khush, D.S. Brar, Y. Fukuta and N. Kobayashi. 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., A.G. Tagle, L.A. Ebron, Y. Fukuta and N. Kobayashi. 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., K.R. Trijatmiko, A.G. Tagle, M.V. Sapasap, Y. Koide, K. Sasaki, N. Tsakirpaloglou, R.B. Gannaban, T. Nishimura, S. Yanagihara, Y. Fukuta, T. Koshihira, I.H. Slamet-Loedin, T. Ishimaru and N. Kobayashi. 2013. *NALI* allele from a rice landrace greatly increases yield in modern indica cultivars. *Proceedings of the National Academy of Science* 110(51): 20431-20436. doi: 10.1073/pnas.1310790110.
- Hasan, M.M., M.Y. Rafii, M.R. Ismail, M. Mahmood, H.A. Rahim, Md. A. Alam, S. Ashkani, Md. A. Malek and M.A. Latif. 2015. Marker-assisted backcrossing: a useful method for rice improvement (Review). *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 29(2):237-254. doi: <http://dx.doi.org/10.1080/13102818.2014.995920>.
- Ma, J., W. Ma, D. Ming, S. Yang and Q. Zhu. 2006. Characteristics of rice plant with heavy panicle. *Agri Sciences* 5 (12):101-105.
- Makarim, A.K. dan E. Suhartatik. 3 Agustus 2017. Morfologi dan fisiologi tanaman padi. Hlm 295-330. Balai Besar Penelitian Tanaman Padi. http://www.litbang.pertanian.go.id/-special/padi/bbpadi_2.
- Mohanty, S. 2013. Rends in global rice consumption. *Rice Today* (January-March): 44-45.
- Peng, S., G.S. Khush, P. Virk, Q. Tang and Y. Zou. 2008. Progress in ideotype breeding in increase rice yield potential. *Field Crop Research* 108:32-38.
- Prasetyono, J., Tasliah, A. Dadang dan Fatimah. 2013. Perbaikan padi (*Oryza sativa* L.) varietas Ciherang untuk sifat umur genjah dan produksi tinggi menggunakan marka molekuler. *Berita Biologi* 12(1):61-71.
- Retnosari, M. 2015. Analisis molekuler dan karakterisasi agronomi padi generasi BC₁F₃, BC₂F₂, BC₃F₁ turunan varietas Code × IR64-NILs-*qTSN4* [YP9] untuk perbaikan potensi hasil. Skripsi S1, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, Banten.
- Suprihatno, B., A.A. Daradjat, Satoto, S.E. Baehaki, Suprihanto, A. Setyono, S.D. Indrasari. I.P. Wardana dan H. Sembiring. 2010. Deskripsi varietas padi. Balai Besar Penelitian Tanaman Padi, Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian Departemen Pertanian. 117 hal.
- Tasliah, J. Prasetyono, A. Dadang, M. Bustamam dan S. Moeljopawiro. 2011. Studi agronomis dan molekuler padi umur genjah dan sedang. *Berita Biologi* 10(5): 663-673.
- Tasliah, Ma'sumah, K.R. Trijatmiko dan J. Prasetyono. 2015. Analisis Molekuler dan Keragaan Agronomis Galur-galur padi BC₁F₁ persilangan Code × *qTSN4* dan Code × *qDTH8*. *Jurnal AgroBiogen* 11(1):17-24.
- Wei, X., J. Xu, H. Guo, L. Jiang, S. Chen, C. Yu, Z. Zhou, P. Hu, H. Zhai and J. Wan. 2010. DTH8 suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously. *Plant Physiology* 153:1747-1758