

Uji Daya Hasil Lanjutan Dua Puluh Tujuh Galur Padi Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* (Advanced Yield Trial of Twenty Seven Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* Rice Lines)

Tasliah*, Ma'sumah, & Joko Prasetyono

Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Jl. Tentara Pelajar No. 3A Telp (0251) 8337975, Fax (0251) 8338820, Bogor 16111, Jawa Barat, Indonesia

*E-mail: tasliah1@yahoo.co.id

Memasukkan: Maret 2019, Diterima: Mei 2019

ABSTRACT

The locus that regulates total spikelet number (*qTSN4*) and days to heading (*qDTH8*) is expected to increase rice yields. Both of these loci are used to increase the yield of Code varieties through the marker-assisted backcrossing method. This study aimed to evaluate the yield of Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* lines at two location and to analyze existence of target gene locus associated with *qTSN4*, *qDTH8*, and *Xa7*. This research was conducted in March to July 2017. The study was divided into two parts: (i) field analyses at the Kuningan field station (upland-irrigated) and Sukamandi field station (lowland-irrigated), and (ii) molecular tests at the Molecular Biology Laboratory, ICABIOGRAD, Bogor. The material used were 27 crossing lines of Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* (BC₁, BC₂, BC₃), 5 comparative varieties, and molecular markers that were linked to the loci of genes of *qTSN4*, *qDTH8*, and *Xa7*. The results showed different altitude positions affected the agronomic performance of the lines. At Kuningan location, Code-*qTSN4* and Code-*qDTH8* lines showed number of grain total (empty and filled) per panicle was 110.84–165.98 grains, while Code 153.51 grains. While at Sukamandi, the number of grains per panicle obtained by the lines was higher, that is 157.27–227.9 grains and 186.56 grains for Code. The highest number of total grains was achieved by line B6-2 (Code-*qTSN4*) (8.12%) for Kuningan, while at Sukamandi the highest was in line B22-1 (Code-*qTSN4*) (22.16%). The effect of the *qTSN4* gene locus has been shown to increase the number of grains per panicle. The heading date of Code-*qDTH8* lines at two locations was 4–6 days faster than Code. The yield potential of lines at Kuningan and Sukamandi were 4.43–6.88 t/ha and 3.71–5.89 t/ha, while for Code 6.24 t/ha and 4.83 t/ha, respectively. The highest potential yield of Code-*qTSN4* lines was B6-2 with an increase of 20.5%, while Code-*qDTH8* lines was obtained on E13-1 with an increase 10.26%. Based on molecular analysis, all test lines already have the *qTSN4* or *qDTH8* gene locus, and all test lines also have the *Xa7* gene locus.

Keywords: Rice, Code, *qTSN4*, *qDTH8*, *Xa7*, yield trial

ABSTRAK

Lokus yang mengatur jumlah spikelet total (*qTSN4*) dan umur berbunga (*qDTH8*) ditengarai dapat meningkatkan produktivitas padi. Kedua lokus ini dimanfaatkan untuk meningkatkan hasil varietas Code melalui metode *marker-assisted backcrossing*. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi daya hasil galur-galur turunan Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* dari dua lokasi dan mengkonfirmasi secara molekuler keberadaan lokus gen target terkait *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret sampai dengan Juli 2017. Penelitian ini terbagi ke dalam dua kegiatan, yaitu (i) uji lapang di KP Kuningan (dataran tinggi) dan KP Sukamandi (dataran rendah), dan (ii) uji molekuler di Laboratorium Biologi Molekuler, BB Biogen, Bogor. Materi genetik yang digunakan terdiri dari 27 galur hasil persilangan (BC₁, BC₂, BC₃), 5 varietas pembandingan, dan marka molekuler yang terpaut dengan lokus gen *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*. Hasil percobaan menunjukkan bahwa ketinggian tempat pengujian yang berbeda mempengaruhi keragaan agronomis galur. Di lokasi Kuningan, galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* menunjukkan jumlah gabah total (hampa dan isi) per malai 110,84–165,98 butir dan Code sebanyak 153,51 butir. Sementara di Sukamandi, jumlah gabah per malai yang diperoleh galur uji lebih tinggi, yaitu 157,27–227,9 butir, dan 186,56 butir untuk Code. Jumlah gabah total tertinggi dicapai oleh galur B6-2 (Code-*qTSN4*) (8,12%) untuk di Kuningan, sementara di Sukamandi tertinggi pada galur B22-1 (Code-*qTSN4*) (22,16%). Efek lokus gen *qTSN4* lebih terbukti dapat meningkatkan jumlah gabah per malai. Umur berbunga galur-galur Code-*qDTH8* pada ke dua lokasi lebih cepat 4–6 hari dibanding Code. Potensi hasil galur-galur di Kuningan dan Sukamandi masing-masing berkisar 4,43–6,88 t/ha dan 3,71–5,89 t/ha dan untuk Code 6,24 t/ha dan 4,83 t/ha. Potensi hasil tertinggi galur Code-*qTSN4* adalah B6-2 dengan peningkatan 20,5%, sedangkan galur Code-*qDTH8* adalah E13-1 dengan peningkatan 10,26%. Berdasarkan analisis molekuler, seluruh galur uji telah memiliki lokus gen *qTSN4* atau *qDTH8*, dan semua galur uji juga telah memiliki lokus gen *Xa7*.

Kata Kunci: Padi, Code, *qTSN4*, *qDTH8*, *Xa7*, uji daya hasil

PENDAHULUAN

Padi atau beras merupakan makanan pokok lebih dari 50% penduduk dunia. (Alexandratos & Bruinsma 2012), dan tercatat sebanyak 114 negara menanam padi (Mohanty *et al.* 2013). Berdasarkan catatan tahun 2019, sebanyak 82 negara yang tersebar di seluruh benua menghasilkan beras sebanyak 496.081.000 ton, di mana di benua Asia sendiri menghasilkan 452.011.000 ton atau sekitar 91,12%. Indonesia sendiri menyumbang sekitar 36.500.000 ton (8,08% tingkat Asia dan 7,36% tingkat dunia) (<http://www.worldagriculturalproduction.com/crops/rice.aspx>).

Menurut Yoshida (1981), potensi hasil padi sawah secara teoritis dapat mencapai 15,9 t/ha dihitung dari jumlah total radiasi matahari selama musim tanam. Beberapa varietas padi sawah yang dilepas akhir-akhir ini sebetulnya sudah memiliki potensi hasil di atas 10 t/ha, seperti Inpari 42 Agritan GSR, Mustaban Agritan, Siliwangi Agritan, Padjajaran Agritan, dan Cakrabuana Agritan (Wahab *et al.* 2018). Namun demikian, meskipun berbagai modifikasi metode budi daya telah dilakukan ternyata hasil gabah yang diperoleh di tingkat petani tidak pernah melebihi potensi sesuai deskripsi atau potensi yang diperkirakan Yoshida (1981) tersebut. Oleh karena itu, modifikasi secara genetik masih perlu dilakukan untuk merubah arsitektur padi agar memperoleh hasil gabah yang maksimal sehingga peningkatan hasil padi per satuan luas dapat diperoleh (Bai *et al.* 2012).

Berbagai upaya merubah arsitektur tanaman padi telah dilakukan dalam upaya meningkatkan hasil per satuan luas. Peng *et al.* (2008) menyebutkan padi tipe ideal sebaiknya memiliki kapasitas anakan sedikit, anakan tidak produktif jumlahnya sedikit; 200–250 butir per malai; tinggi 90–100 cm; batang tebal dan kokoh; daun tebal, berwarna hijau gelap, dan tegak, sistem akar yang kuat, durasi tumbuh 100–130 hari, dan indeks panen yang meningkat. Yang & Hwa (2008) menyebutkan peningkatan hasil padi dapat dilakukan dengan perbaikan anakan padi, tinggi tanaman, dan pertumbuhan daun saja.

Salah satu hal yang menjadi perhatian *International Rice Research Institute* (IRRI) di dalam upaya meningkatkan hasil ialah terkait lokus yang bertanggung jawab untuk meningkatkan jumlah

spikelet (kumpulan bunga) padi, yakni lokus *total spikelet number* (*qTSN4*) yang terletak di kromosom 4 (Fujita *et al.* 2009, 2010, 2012). Peningkatan spikelet akan meningkatkan jumlah butir per malai, jumlah dan bobot gabah per rumpun serta implikasinya pada hasil padi per hektar. Peningkatan hasil akibat lokus *qTSN4* ini dapat mencapai lebih 10% ketika lokus ini diintrogresikan ke dalam padi IR64 (Fujita *et al.* 2012). Selain lokus *qTSN4*, IRRI juga tertarik menggunakan lokus yang terkait dengan *heading date* untuk meningkatkan hasil padi. Lokus yang telah diintrogresikan ke dalam padi IR64 adalah lokus *days to heading* di kromosom 8 (*qDTH8*). Lokus ini diketahui mempercepat waktu berbunga sekaligus memendekkan tinggi tanaman dan meningkatkan potensi hasil secara bersamaan (Wei *et al.* 2010). Galur-galur padi dengan *background* IR64 yang masing-masing mengandung lokus *qTSN4* (IR64-Nils-*qTSN4* [= YP9]) atau *qDTH8* (IR64-Nils-*qDTH8* [= YP1]) dari IRRI inilah yang kemudian diberikan ke Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi Pertanian untuk diintrogresikan ke dalam padi varietas Code. Code dipilih karena memiliki gen ketahanan terhadap penyakit hawar daun bakteri (gen *Xa4* + *Xa7*) (Suryadi *et al.* 2016), salah satu gen ketahanan penting di Indonesia. Upaya ini dilakukan untuk meningkatkan potensi hasil Code melalui metode *marker-assisted backcrossing* (MABc) (Tasliah *et al.* 2015).

Metode MABc terbukti mampu membantu pemulia padi untuk menghasilkan galur-galur yang mengandung lokus-lokus menguntungkan (Hasan *et al.* 2015). Lokus yang diintrogresikan ke dalam tanaman padi dapat berupa lokus tunggal (Moniruzzaman *et al.* 2012; Priyadarshi *et al.* 2018; Kang *et al.* 2019), atau piramiding gen, dua gen atau banyak gen (Ruengphayak *et al.* 2015; Das *et al.* 2017). Introgresi lokus *qTSN4* dan *qDTH8* ke dalam varietas Code melalui metode MABc telah menghasilkan galur-galur yang telah diuji di lapang (Tasliah *et al.* 2019). Hasil seleksi lapang tersebut kemudian diperkecil jumlah galurnya dan ditanam kembali di lapang untuk mengevaluasi stabilitas hasil yang diperoleh. Evaluasi daya hasil meliputi uji daya hasil pendahuluan, uji daya hasil lanjutan, dan uji multilokasi sebelum galur terpilih dilepas menjadi varietas unggul baru. Oleh karena itu,

ini bertujuan untuk mengevaluasi daya hasil galur-galur turunan Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* dari dua lokasi dan mengkonfirmasi secara molekuler keberadaan lokus gen target terkait *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*.

BAHAN DAN CARA KERJA

Penelitian ini dilakukan pada musim tanam pertama pada bulan Maret-Juli 2017. Kegiatan ini merupakan lanjutan kegiatan yang telah dilakukan pada tahun 2016 (Tasliyah *et al.* 2019), di mana galur-galur yang digunakan pada tahun 2017 merupakan galur yang sama, tetapi dengan jumlah galur yang lebih sedikit. Galur terpilih dari pertanaman tahun 2016 tersebut diperbanyak di rumah kaca terlebih dahulu baru digunakan di dalam penelitian ini. Penelitian ini terbagi ke dalam dua bagian, yakni (i) uji lapang yang dilakukan Kebun Percobaan (KP) Kuningan (Kabupaten Kuningan) dan KP Sukamandi (Kabupaten Karawang), di bawah Balai Besar Penelitian Padi (BB Padi), Provinsi Jawa Barat, dan (ii) uji molekuler dengan menggunakan materi tanaman di lapang yang dilakukan di Laboratorium Biologi Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen), Bogor, Provinsi Jawa Barat. KP Kuningan memiliki ketinggian 768 m dpl (dataran tinggi), sedangkan KP Sukamandi terletak pada ketinggian 15 m dpl (dataran rendah).

Materi yang digunakan adalah 27 galur hasil persilangan dan 5 varietas pembanding (Tabel 1). Dari 27 galur hasil persilangan 24 galur merupakan populasi hasil persilangan Code dengan IR64-Nils-*qTSN4* (= YP9), sedangkan 3 galur merupakan populasi hasil persilangan Code dengan IR64-Nils-*qDTH8* (= YP1). Sementara, varietas pembanding adalah Ciherang dan Inpari 32. Code memiliki keunggulan, yakni memiliki gen *Xa7* yang memiliki ketahanan terhadap penyakit hawar daun. Primer yang digunakan untuk mendeteksi keberadaan lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7* disajikan pada Tabel 2.

Rancangan percobaan pada masing-masing lokasi adalah Acak Kelompok (RAK) dengan 3 ulangan. Masing-masing galur untuk setiap persilangan ditanam dalam plot berukuran 4 m × 5 m. Penanaman dilakukan dengan membibitkan

galur-galur tersebut selama 3 minggu, kemudian dipindah tanam pada plot yang telah disediakan. Jarak tanam yang digunakan adalah 25 cm × 25 cm, jarak antarplot 50 cm. Pemeliharaan tanaman (pemupukan, penyiangan, penyemprotan hama penyakit) mengikuti standar setempat. Pengamatan yang dilakukan meliputi: umur berbunga (50%), tinggi tanaman, jumlah anakan total dan produktif,

Tabel 1. Galur/varietas yang digunakan pada kegiatan Uji Daya Hasil Lanjutan (UDHL).

No	Galur/varietas	Keterangan
1	T1 (Code)	Tetua pemulih & pembanding
2	T2 (Ciherang)	Tetua pembanding
3	T3 (IR64-Nils- <i>qTSN4</i> [= YP9])	Tetua donor
4	T4 (IR64-Nils- <i>qDTH8</i> [= YP1])	Tetua donor
5	T5 (Inpari 32)	Tetua pembanding
6	A1-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
7	A2-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
8	A3-4	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
9	A5-3	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
10	A5-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
11	A6-2	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
12	A7-4	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
13	A8-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
14	A10-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
15	A16-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>
16	B6-2	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
17	B6-4	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
18	B11-1	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
19	B11-4	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
20	B12-2	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
21	B14-5	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
22	B15-2	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
23	B17-2	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
24	B20-2	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
25	B22-1	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
26	B23-3	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
27	B24-4	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
28	B24-5	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
29	B26-3	BC ₂ F ₆ Code × <i>qTSN4</i>
30	C34	BC ₃ F ₅ Code × <i>qTSN4</i>
31	E13-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qDTH8</i>
32	G64	BC ₃ F ₅ Code × <i>qDTH8</i>
33	G142	BC ₃ F ₅ Code × <i>qDTH8</i>

Tabel 2. Marka molekuler yang digunakan dalam kegiatan seleksi lokus target.

Marka	Krom	Lokus	Sekuen	Referensi
RM17483	4	<i>qTSN4</i>	F-TAGCTTCGTTCTTGATCGTTGG R-AAACAGATTGCTCACCACCTTGG	Fujita <i>et al.</i> (2012)
RM6909	4	<i>qTSN4</i>	F-AAGTACTCTCCCCTTTCAAA R-CCTCCCATAAAAATCTTGTC	Fujita <i>et al.</i> (2012)
RM5556	8	<i>qDTH8</i>	F-ATCTCCCTCCCTCTCCTCAC R-TCCACACCTTCACAGTTGAC	Fujita <i>et al.</i> (2010)
RM6838	8	<i>qDTH8</i>	F-ATTAATACCGCTACCACGCG R-TCCTCCTCCACCTCAATCAC	Fujita <i>et al.</i> (2018)
RM20582	6	<i>Xa7</i>	F-AGAGCGTCGTCTTACCATCC R-GGCCAATACGACGATACATTACACG	Chen <i>et al.</i> (2008)

bobot ubinan (2,5 m × 2,5 m) dan komponen hasil (panjang malai, jumlah gabah isi/hampa, bobot gabah isi/rumpun). Data dianalisis menggunakan program SAS V.9, untuk masing-masing lokasi dan gabungan pada dua lokasi, di mana galur dan lokasi dianggap sebagai faktorial. Uji lanjut dilakukan menggunakan *Duncan's Multiple Range Test* pada taraf 5%.

Galur-galur yang ditanam dianalisis DNA nya untuk melihat introgresi daerah QTL untuk lokus *qTSN4*, *qDTH8*, dan *Xa7*. Daun diambil dari 10 rumpun tanaman per plot yang berumur sekitar tiga minggu setelah pindah tanam di lapang dan DNAny diisolasi secara miniprep dengan mengacu pada metode Dellaporta yang dimodifikasi (Dellaporta *et al.* 1983). Reaksi PCR menggunakan 20 µl volume yang mengandung 1 × bufer PCR (10 mM Tris-HCl [pH 8,3], 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂, 0,01% gelatin), 100 µM dNTPs (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 0,5 µM primer (F dan R), 50 ng DNA, dan 1 unit *Taq* DNA polimerase.

Program PCR yang digunakan dalam penelitian ini adalah 5 menit pada suhu 94°C untuk denaturasi permulaan, selanjutnya dilakukan 35 siklus yang terdiri dari: 60 detik pada suhu 94°C untuk denaturasi, 60 detik pada suhu 55°C untuk penempelan primer, dan 2 menit pada suhu 72°C untuk perpanjangan primer. Perpanjangan primer terakhir selama 7 menit pada suhu 72°C. Hasil PCR kemudian dipisahkan menggunakan gel poliakrilamid 8%. Pewarnaan DNA dilakukan dengan ethidium bromida. Untuk lokus *qTSN4*, pita yang diperoleh galur-galur uji apabila sejajar dengan pita tetua IR64-Nils-*qTSN4* (= YP9) dianggap memiliki lokus *qTSN4*. Untuk lokus

qDTH8, pita yang diperoleh galur-galur uji apabila sejajar dengan pita tetua IR64-Nils-*qDTH8* [= YP1]) dianggap memiliki gen *qDTH8*. Pita-pita yang sejajar dengan pita Code dianggap memiliki gen ketahanan *Xa7*.

HASIL

Uji Lapang

Posisi ketinggian yang berbeda antara KP Kuningan dan KP Sukamandi ini dapat mempengaruhi keragaan agronomis galur/varietas yang diuji akibat perbedaan suhu, sinar matahari, curah hujan, struktur tanah, dan kesuburan. Tanaman padi pada umumnya akan mengalami pelambatan pertumbuhan pada kondisi suhu yang lebih rendah dibanding dengan kondisi suhu tinggi.

Berdasarkan hasil analisis varian pada dua lokasi (Tabel 3) beberapa karakter menunjukkan perbedaan nyata antar galur yaitu: tinggi tanaman, umur berbunga, panjang malai, jumlah gabah hampa per malai, jumlah gabah per malai, persentase gabah isi per malai, dan bobot gabah isi per rumpun. Jumlah anakan produktif berbeda nyata pada lokasi Kuningan, sedangkan jumlah gabah isi per malai berbeda nyata pada lokasi Sukamandi. Potensi hasil tidak berbeda nyata antargalur genotipe pada dua lokasi percobaan. Koefisien keragaman pada kedua lokasi percobaan untuk semua peubah juga menunjukkan kurang dari 20%, kecuali peubah jumlah gabah hampa per malai yakni sekitar 23,606% (Kuningan) dan 26,604% (Sukamandi). Pada analisis gabungan terlihat lokasi menunjukkan hasil beda nyata untuk seluruh peubah yang diamati, sedangkan varietas/galur juga berbeda

nyata untuk seluruh peubah, kecuali peubah bobot gabah isi/rumpun dan potensi hasil. Hasil sebaliknya diperoleh pada interaksi varietas/galur dengan lokasi, yakni seluruh peubah tidak beda nyata, kecuali tinggi tanaman. Hal ini menunjukkan varietas/galur tingginya berbeda ketika ditanam di dua lokasi tersebut, namun varietas/galur tersebut untuk peubah yang lain tidak ada perbedaan secara statistik.

Hasil analisis uji lanjut Duncan pada taraf 5% ditampilkan dalam Tabel 4. Galur-galur yang ditanam di Sukamandi memiliki umur berbunga lebih genjah dibandingkan dengan Kuningan. Dibandingkan Kuningan, banyak galur hasil persilangan yang ditanam di Sukamandi menunjukkan laju pembungaan lebih cepat 26 hari, termasuk pula tetua-tetua yang digunakan juga memiliki perbedaan yang jauh. Dari 27 galur yang diuji (Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8*) pada lokasi Sukamandi sebanyak 26 galur (96,296%) memiliki umur berbunga lebih cepat dibanding varietas Code, sedangkan pada lokasi Kuningan 10 galur (35,71%) lebih cepat berbunga dibanding Code sebagai varietas pemulih sekaligus sebagai pembanding.

Jumlah anakan produktif dari lokasi uji Sukamandi nampak lebih banyak pada sejumlah galur dibandingkan varietas Code, yaitu A2-1, A5-5, A6-2, B11-4, B15-2, B20-2, C34, E13-1 (galur Code-*qTSN4*) dan G64 dan G142 (galur Code-*qDTH8*). Jumlah anakan produktif tertinggi diperoleh pada galur E-13-1, baik pada lokasi Kuningan maupun Sukamandi, masing-masing 24,33 dan 22,30, sehingga berpotensi memiliki hasil tinggi.

Jumlah gabah total per malai lebih banyak diperoleh pada lokasi Sukamandi dibanding Kuningan, yakni sebesar 157,27–227,96 sementara tetua Code hanya 186,56. Galur yang melebihi tetua Code dengan nilai tertinggi pada galur B22-1 (227,96) (Code-*qTSN4*), dicapai pada lokasi Sukamandi, sedangkan pada lokasi Kuningan tercatat 165,98 (B6-2, galur Code-*qTSN4*), sementara Code di lokasi Kuningan memiliki jumlah gabah sebanyak 153,51 butir.

Bobot gabah isi per rumpun pada lokasi Kuningan lebih banyak dibandingkan Sukamandi, fenomena ini selaras dengan jumlah anakan produktif. Potensi hasil diperoleh pada galur-galur yang memiliki hasil tinggi, yang diperoleh

di dua lokasi, yakni galur A1-5, A2-1, A6-2, A7-4, A8-5, B6-2 (tinggi di dua lokasi), B6-4, B11-4, B24-5, E13-1, G142. Pada lokasi Kuningan diperoleh galur E13-1 (Code-*qDTH8*) yang memiliki nilai tertinggi (6,88 t/ha).

Peubah-peubah lain seperti tinggi tanaman, panjang malai, jumlah gabah isi per malai, jumlah gabah hampa per malai menunjukkan angka yang sama, namun berbeda pada kedua lokasi pengujian. Kuningan, sebagai lokasi dengan suhu lebih rendah memberikan figur galur-galur uji yang lebih pendek (80–90 cm), dibandingkan Sukamandi dengan bersuhu yang lebih tinggi (sekitar 110 cm).

Analisis Molekuler

Hasil analisis molekuler ditampilkan pada Gambar 1 (A-E) dari sampel tanaman di lokasi Sukamandi. Hasil analisis yang selaras juga diperoleh dari data sampel lokasi Kuningan (data tidak ditampilkan). Analisis dilakukan untuk menguji keberadaan lokus *qTSN4* pada galur A1-5 sampai C34, dan lokus *qDTH8* untuk galur E13-1 sampai G142 (Tabel 1) dan keberadaan kedua marka pada tanaman tetua (IR64-Nils-*qTSN4* dan IR64-Nils-*qDTH8*). Keragaan data hasil analisis molekuler disajikan pada Gambar 1 (A, B, C). Marka lokus *Xa7* digunakan untuk seluruh galur uji, baik galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8*, menggunakan satu marka (Gambar 1D dan 1E).

Berdasarkan Gambar 1A dan 1B, terlihat seluruh galur Code-*qTSN4* (25 galur: A1-5 - C34) memiliki alel yang mengikuti tetua IR64-NIL-*qTSN4*, baik pada marka RM17483 dan RM6909. Hal ini menunjukkan bahwa alel dari tetua donor lokus *qTSN4* telah terintegrasi secara penuh pada galur-galur yang kembangkan. Lokus inilah yang berperan di dalam peningkatan jumlah butir per malai pada galur-galur uji, baik yang ditanam di Kuningan ataupun Sukamandi sehingga jumlahnya melebihi tetua Code.

Galur-galur Code-*qDTH8* (E13-1, G64, dan G142) juga telah mewarisi alel-alel dari tetua IR64-Nils-*qDTH8* yang dibuktikan dengan marka RM5555 dan RM6838 (Gambar 1C). Hal ini menunjukkan bahwa lokus yang mengatur percepatan pembungaan dan diduga meningkatkan hasil telah terintegrasi pada tiga galur generasinya. Lebih jauh berdasarkan analisis molekuler,

Tabel 3. Hasil analisis varian pada dua lokasi percobaan.

	TT	UB	JAP	PM	JGIM	JGHM	JGM	PGIM	BGIR	Potensi
Lokasi KP Kuningan										
Varietas/galur	?0,0001**	?0,0001**	0,0101**	?0,0001**	0,151 ⁱⁿ	?0,0001**	0,0085**	0,0117*	0,393 ⁱⁿ	0,0512 ⁱⁿ
Ulangan	0,4061 ⁱⁿ	?0,0001**	0,076 ⁱⁿ	0,591 ⁱⁿ	0,0001**	0,0128*	0,0017**	0,0003**	0,0009**	?0,0001**
KK (%)	3,17	2,25	11,37	2,85	14,75	23,61	12,12	5,34	15,42	14,48
Rerata	86,99±5,97	106,13±3,64	20,95±2,78	22,67±1,03	117,28±19,84	24,43±7,72	141,69±20,82	82,63±5,39	70,47±11,75	5,7±1,11
varietas/galur										
Kisaran	61,60–94,00	96,00–113,00	15,00–29,20	19,77–24,97	75,73–162,13	10,33–49,8	98,47–166,8	67,39–91,67	38,48–100,44	1,28–8,8
varietas/galur										
Lokasi KP Sukamandi										
Varietas/galur	?0,0001**	?0,0001**	0,3938 ⁱⁿ	?0,0001**	0,0011**	0,0341*	0,0007**	0,0085**	0,822 ⁱⁿ	0,2027 ⁱⁿ
Ulangan	0,763 ⁱⁿ	0,585 ⁱⁿ	0,006**	0,004**	?0,0001**	0,0178*	?0,0001**	?0,0001**	0,1456 ⁱⁿ	0,0098**
KK (%)	2,37	1,88	15,23	3,38	10,64	26,60	10,11	2,07	16,74	19,3
Rerata	107,25±5,36	80,08±2,16	18,94±3,044	27,22±1,23	169,21±24,31	14,16±4,29	183,36±24,71	92,20±2,40	63,89±10,50	4,68±0,98
varietas/galur										
Kisaran	81,8–118,8	73,00–85,00	13,60–26,40	22,57–29,20	90,33–253,47	6,53–34,07	106,00–265,47	82,25–96,13	35,36–88,79	2,50–7,55
varietas/galur										
Lokasi KP Kuningan dan KP Sukamandi (gabungan)										
Varietas/galur	<0,0001**	<0,0001**	0,024*	<0,0001**	0,0003**	<0,0001**	<0,0001**	0,0005**	0,8346 ⁱⁿ	0,0822 ⁱⁿ
Lokasi	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**	<0,0001**
Var/galur × Lokasi	<0,0001**	1,00 ⁱⁿ	0,361 ⁱⁿ	0,008**	0,6581 ⁱⁿ	0,2573 ⁱⁿ	0,5739 ⁱⁿ	0,475 ⁱⁿ	0,3679 ⁱⁿ	0,0885 ⁱⁿ
Ulangan	0,58 ⁱⁿ	0,0003**	0,012*	0,008**	<0,0001**	0,253 ⁱⁿ	<0,0001**	0,0037**	0,0002**	<0,0001**
KK (%)	2,72	2,48	13,58	3,33	13,411	26,521	11,58	4,224	16,04	16,711
Rerata	97,31±2,65	93,04±2,3	19,94±2,71	24,96±1,923	143,37±19,23	19,26±5,11	162,63±18,83	87,44±3,69	67,16±10,78	5,18±0,87
varietas/galur										
Kisaran	61,6?118,8	73,00?113,00	13,6?29,20	75,73?253,47	75,73?253,47	6,53?49,8	98,47?265,47	67,39?96,13	38,48?100,44	1,28?8,8
varietas/galur										

Keterangan: * = berbeda nyata pada taraf 5%, ** = berbeda nyata pada taraf 1%, TT = tinggi tanaman, UB = umur berbunga 50%, JAP = jumlah anakan produktif, PM = panjang malai, JGIM = jumlah gabah isi/malai, JGHM = jumlah gabah hampa/malai, JGM = jumlah gabah total/malai, PGIM = persentase gabah isi/malai, BGIR = bobot gabah isi/rumpun, dan Potensi = hasil per hektar (dihitung dari bobot ubinan dengan luasan 2,5 m x 2,5 m), KK = koefisien keragaman (%).

Tabel 4. Penampilan agronomis beberapa karakter penting galur/varietas di dua lokasi percobaan.

Galur/varietas	Generasi	Umur berbunga 50% (HSS)		Jumlah anakan produktif		Jumlah gabah (isi dan hampa)/malai		Bobot gabah isi/rumpun (g)		Potensi hasil (t/ha)	
		Kuningan	Sukamandi	Kuningan	Sukamandi	Kuningan	Sukamandi	Kuningan	Sukamandi	Kuningan	Sukamandi
T1 (Code)	Tetua pemulih & pembeding	106,33 a-c	82,67 a	25,87 a-b	19,60 a-c	153,51 a-d	186,56 b-d	79,56 a-b	62,32 a-b	6,24 a-c	4,83 a-d
T2 (Cilerang)	Tetua pembeding	108,67 ab	81,67 a-d	19,53 c-d	15,33 c	133,29 a-f	173,18 b-d	60,61 a-c	60,35 a-b	4,53 d-e	5,37 a-d
T3 (IR64-Nils- <i>qTSN4</i> [=YP9])	Tetua donor	107,00 a-c	77,33 g	20,73 c-d	18,47 a-c	129,38 b-f	187,62 b-d	57,76 b-c	72,52 a	4,91 b-e	4,02 b-d
T4 (IR64-Nils- <i>qDTH8</i> [=YP1])	Tetua donor	97,00 e	73,33 h	29,00 a	21,07 a-c	107,33 f	127,84 e	55,19 c	61,31 a-b	4,40 e	4,59 a-d
T5 (Inpari 32)	Tetua Pembeding	107,00 a-c	78,00 f-g	23,00 b-d	18,20 a-c	134,53 a-f	164,96 c-d	69,02 a-c	60,21 a-b	5,04 b-e	6,29 a
A1-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	106,67 a-c	80,00 a-g	22,33 b-d	18,60 a-c	126,69 c-f	192,16 b-d	71,48 a-c	67,53 a-b	6,24 a-c	5,52 a-d
A2-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	105,67 a-c	80,00 a-g	19,47 c-d	20,53 a-c	134,56 a-f	177,51 b-d	60,31 a-c	69,33 a-b	4,64 c-e	4,94 a-d
A3-4	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	108,33 a-b	81,00 a-f	20,73 c-d	18,67 a-c	149,73 a-d	190,76 b-d	73,57 a-c	73,94 a	5,55 a-e	4,37 b-d
A5-3	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	105,33 a-c	79,33 b-g	19,93 c-d	18,67 a-c	128,33 b-f	179,31 b-d	63,80 a-c	64,04 a-b	4,43 e	4,40 b-d
A5-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	105,00 a-c	79,00 c-g	20,40 c-d	20,13 a-c	141,31 a-f	174,44 b-d	67,03 a-c	66,77 a-b	5,07 b-e	4,25 b-d
A6-2	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	106,33 a-c	80,33 a-g	19,73 c-d	21,47 ab	134,69 a-f	174,38 b-d	70,84 a-c	62,96 a-b	5,65 a-e	5,72 a-c
A7-4	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	105,00 a-c	80,00 a-g	20,73 c-d	19,20 a-c	165,80 a	206,98 ab	74,21 a-c	58,79 a-b	6,51 a-b	4,51 a-d
A8-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	108,67 a-b	80,33 a-g	20,00 c-d	17,00 a-c	150,60 a-d	197,53 a-c	76,06 a-c	67,80 a-b	6,13 a-d	4,90 a-d
A10-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	106,33 a-c	79,67 a-g	20,93 c-d	15,93 bc	135,76 a-f	163,56 c-d	68,97 a-c	58,03 a-b	5,49 a-e	4,49 a-d
A16-5	BC ₁ F ₇ Code × <i>qTSN4</i>	107,67 a-b	81,00 a-f	19,00 d	17,40 a-c	151,11 a-d	189,89 b-d	67,65 a-c	63,71 a-b	6,08 a-d	4,67 a-d
B6-2	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	106,67 a-c	81,33 a-e	19,93 c-d	17,67 a-c	165,98 a	196,42 a-c	79,81 a-b	60,54 a-b	6,40 a-b	5,82 a-b
B6-4	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,00 a-c	81,00 a-f	19,80 c-d	17,00 a-c	152,89 a-d	198,20 a-c	73,28 a-c	68,91 a-b	5,71 a-e	5,31 a-d
B11-1	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	105,67 a-c	82,00 a-c	18,13 d	18,87 a-c	143,80 a-e	193,31 a-d	71,87 a-c	69,66 a-b	5,81 a-e	4,73 a-d
B11-4	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	109,00 a	80,67 a-f	19,20 d	21,53 ab	153,18 a-d	189,42 b-d	70,39 a-c	72,47 a	5,65 a-e	5,13 a-d
B12-2	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,67 ab	81,33 a-e	18,60 d	18,00 a-c	163,02 a-b	186,93 b-d	72,97 a-c	64,82 a-b	6,08 a-e	4,40 b-d
B14-5	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,33 ab	82,67 a	21,0 c-d	17,20 a-c	110,84 e-f	182,70 b-d	68,91 a-c	60,10 a-b	5,60 a-e	4,63 a-d
B15-2	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	104,00 b-d	79,33 b-g	20,40 c-d	21,33 ab	125,89 c-f	182,33 b-d	63,25 a-c	70,15 a-b	5,33 a-e	4,01 b-d
B17-2	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	108,67 a-b	82,33 ab	21,93 b-d	16,27 bc	137,53 a-f	188,00 b-d	79,04 a-b	62,14 a-b	5,92 a-e	4,28 b-d
B20-2	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	104,00 b-d	78,00 f-g	21,60 b-d	20,67 a-c	154,71 a-d	180,00 b-d	79,95 a-b	63,27 a-b	5,65 a-e	3,94 c-d
B22-1	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	106,67 a-c	81,00 a-f	21,60 b-d	18,20 a-c	160,49 a-c	227,96 a	82,49 a	64,83 a-b	5,87 a-e	4,03 b-d
B23-3	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	108,00 a-b	80,67 a-f	20,10 c-d	19,27 a-c	143,69 a-e	188,07 b-d	66,87 a-c	63,12 a-b	5,55 a-e	4,35 b-d
B24-4	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,67 a-b	80,00 a-g	21,00 c-d	17,47 a-c	138,62 a-f	165,22 c-d	65,28 a-c	66,42 a-b	5,44 a-e	4,10 b-d
B24-5	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,67 a-b	81,33 a-e	21,10 c-d	17,87 a-c	153,51 a-d	186,27 b-d	72,76 a-c	65,17 a-b	6,08 a-e	5,02 a-d
B26-3	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	108,00 a-b	79,67 a-g	20,13 c-d	19,00 a-c	134,82 a-d	209,69 bd	65,28 a-c	63,41 a-b	5,60 a-e	4,80 a-d
C34	BC ₁ F ₈ Code × <i>qTSN4</i>	107,67 a-b	81,00 a-f	21,10 c-d	20,13 a-c	154,82 a-f	189,69 bd	65,28 a-c	63,41 a-b	6,24 a-c	4,16 b-d
E13-1	BC ₁ F ₇ Code × <i>qDTH8</i>	100,33 d-e	78,33 e-g	24,33 b-c	22,20 a	136,60 a-f	174,02 b-d	79,04 a-b	57,47 a-b	6,88 a	4,68 a-d
G64	BC ₁ F ₈ Code × <i>qDTH8</i>	100,33 d-e	78,67 a-g	22,60 b-d	20,93 a-c	121,69 d-f	157,27 d-e	74,21 a-c	49,65 b	6,08 a-e	4,64 a-d
G142	BC ₁ F ₈ Code × <i>qDTH8</i>	102,33 c-d	80,00 a-g	20,93 c-d	19,67 a-c	134,89 a-f	174,73 b-d	68,52 a-c	52,77 a-b	6,51 a-b	3,71 d
	Rerata galur	106,20±2,2	80,36±1,14	20,60±1,29	18,98±1,70	143,00±13,8	186,27±14,5	71,32±5,37	64,02±5,47	5,79±0,5	4,63±0,53

Keterangan: Angka yang ditulis dengan huruf miring menunjukkan umur berbunga lebih genjah dibanding tetua Code. Angka yang ditulis dengan huruf tebal menunjukkan lebih banyak dibanding tetua Code.

semua galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* menunjukkan keberadaan lokus gen *Xa7* yang diwarisi tetua Code (Gambar 1D dan 1E), disebabkan marka tersebut sudah menunjukkan posisi yang sangat dekat (*tightly linked*) dengan gen *Xa7*. Gen *Xa7* ini merupakan salah satu gen dominan yang dimiliki oleh DV85 yang berasal dari Bangladesh. Gen ini masih efektif di Indonesia, selain gen *xa5* dan *Xa21* (Tasliah *et al.* 2013). Galur-galur yang memiliki pita seperti pita Code berarti memiliki gen ketahanan tersebut, sehingga akan tahan terhadap bakteri *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*.

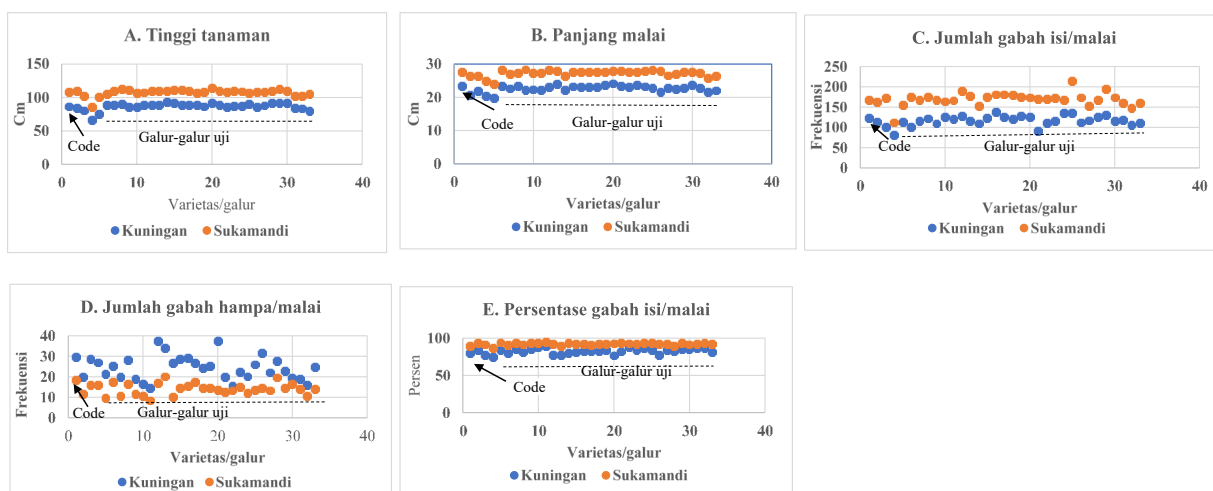
PEMBAHASAN

Galur Code-*qTSN4*

Selain lokus *qTSN4*, penelitian yang terkait dengan peningkatan hasil butir padi telah banyak dilakukan. Fukushima *et al.* (2017) yang melaporkan tentang fungsi gen *Tawawal (TAW1)* dan *Aberrant Panicle Organization1 (APO1)* yang bertanggung jawab untuk meningkatkan jumlah spikelet per malai sehingga mampu meningkatkan hasil padi; Singh *et al.* (2018) membuktikan lokus *Grain Number per Panicle (qGN4.1)* mampu meningkatkan hasil varietas Pusa Basmati; Wang *et al.* (2017) melaporkan lokus *Secondary Branch Number (SBN)* (disebut lokus *qSBN7*) meningkatkan cabang malai sekunder dan meningkatkan hasil. Lokus *qSBN7* yang diintrogresikan ke dalam IR65598-112-2 terbukti meningkatkan jumlah spikelet per malai dan jumlah cabang malai sekunder

masing-masing hingga 83,2% dan 61%. Hasil-hasil ini menunjukkan perbaikan kapasitas reproduksi pada padi berhasil dilakukan. Yoshida (1981) menyebutkan jumlah spikelet dipengaruhi oleh kondisi cuaca, teknik budi daya, dan asupan nutrisi (pupuk). Namun, perbaikan genetik tanaman padi juga sangat penting dilakukan.

Khusus untuk lokus *qTSN4* dalam penelitian ini, Sattari *et al.* (2015) dan Nia *et al.* (2016) telah mengulas pentingnya meningkatkan kemampuan tanaman padi di dalam hal menambah jumlah spikelet, baik pada cabang primer maupun cabang sekunder. Jumlah spikelet akan meningkatkan jumlah butir isi/malai, yang diduga mampu meningkatkan hasil per tanaman dan hasil per satuan luas. Peningkatan jumlah spikelet ini diharapkan akan meningkatkan potensi hasil hingga mencapai perkiraan maksimalnya (15 t/ha) sesuai teori Yoshida (1981). Lokus *qTSN4* diketahui terletak pada kromosom 4 dan dapat dideteksi menggunakan marka RM17483 dan RM6909, dengan interval 3,88 cM. Pada lokus *qTSN4* ini diketahui terdapat gen *spikelet number (SPIKE)* dengan lokasi yang dekat dengan marka RM17483. Diketahui gen *SPIKE* berfungsi sama seperti gen *Narrow Leaf 1 (NAL1)*, untuk meningkatkan jumlah spikelet dengan cara ukuran daun diperbesar, sistem perakaran diperbaiki, dan jumlah pembuluh untuk transportasi asimilat diperbanyak (Fujita *et al.* 2013). Berdasarkan Gambar 1 (A dan B), seluruh galur Code-*qTSN4* (25 galur) telah membawa lokus *qTSN4* dalam kondisi homozigot, sehingga diperkirakan introgresi lokus ini akan mempengaruhi jumlah spikelet



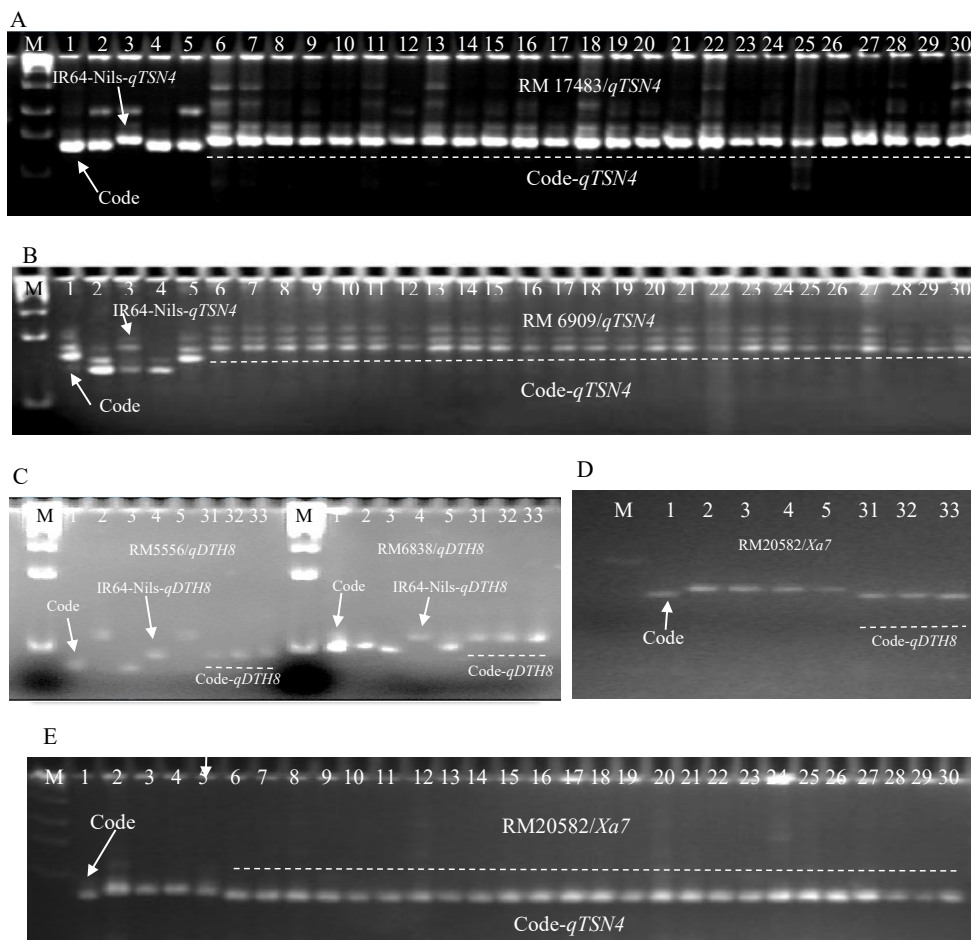
Gambar 1. Penampilan beberapa karakter agronomi galur-galur uji pada dua lokasi penelitian.

per malai pada galur-galur turunan Code.

Ekspresi dari galur-galur uji yang mengandung lokus *qTSN4*, yakni galur A1-5 sampai C34 (Tabel 4) menunjukkan penambahan jumlah gabah total, walaupun tidak terjadi pada semua galur yang diuji di kedua lokasi (Kuningan dan Sukamandi). Tercatat 5 galur Code-*qTSN4* di Kuningan dan 15 galur di Sukamandi mengalami kenaikan jumlah gabahnya dibanding tetua Code masing-masing sebesar 20% dan 60%. Peningkatan jumlah butir ini membuktikan adanya peningkatan jumlah spikelet, walaupun peubah tersebut tidak dihitung. Jumlah spikelet menunjukkan jumlah bunga, sedangkan jumlah bunga menunjukkan jumlah gabah. Jadi, peningkatan jumlah spikelet juga akan meningkatkan jumlah gabah. Ketinggian tempat yang berbeda sangat terkait erat dengan perbedaan suhu yang diduga sangat mempengaruhi pembentukan asimilat,

sehingga jumlah total gabah isi di Kuningan lebih sedikit dibanding Sukamandi. Perbedaan ini juga mempengaruhi penampilan tanaman, seperti tinggi tanaman dan malai yang lebih pendek di Kuningan. Hal ini juga telah dibuktikan pada uji daya hasil pendahuluan yang dilaksanakan di Cianjur dan Sukamandi, terbukti tanaman di lokasi yang lebih dingin (Cianjur) memiliki penampilan tanaman yang lebih pendek (Tasliyah *et al.* 2019). Ghadimezhad & Fallah (2014) melaporkan pengurangan pada jumlah anakan, panjang malai, jumlah gabah isi, dan hasil, namun dengan suhu dingin (13°C) telah meningkatkan jumlah gabah hampa.

Jumlah galur uji yang memiliki hasil melebihi tetua Code untuk lokasi Kuningan ada dua galur, padahal ada 5 galur jumlah gabahnya melebihi Code, sedangkan lokasi Sukamandi terdapat 8 galur yang lebih tinggi potensi hasilnya dari Code (dari 15 galur



Gambar 2. Elektroforegram galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* dengan berbagai marka. 1 = Code, 2 = Cihrang, 3 = IR64-Nils-*qTSN4*, 4 = IR64-Nils-*qDTH8*, 5 = Inpari 32, 6–30 = galur Code-*qTSN4* (merujuk Tabel 1), dan 31–33 = galur Code-*qDTH8* (merujuk Tabel 1)

yang naik jumlah gabahnya). Beberapa peubah, seperti jumlah anakan produktif, jumlah gabah hampa, dan persentase gabah isi mempengaruhi hasil total per rumpun. Oleh karena itu, untuk meningkatkan hasil per satuan luas tidak cukup hanya mengandalkan satu faktor saja (jumlah spikelet), namun arsitektur tanaman juga sangat penting. Peng *et al.* (2008) telah mengulas arsitektur tanaman yang ideal untuk membuat peningkatan hasil yang signifikan. Peningkatan hasil tertinggi galur Code-*qTSN4* ini adalah sebesar 20,5% (B6-2) pada lokasi Sukamandi.

Galur Code-*qDTH8*

Berbeda dengan galur-galur Code-*qTSN4* yang jumlahnya konsisten banyak sejak pengujian awal di lapangan, galur Code-*qDTH8* jumlahnya lebih sedikit. Marka untuk mendeteksi lokus *qDTH8* adalah RM6838 dan RM5556 yang terdapat di kromosom 8 dengan jarak antara kedua marka pada genom padi 1,261 Mbp (atau sekitar 5,044 cM) (Wei *et al.* 2010). Di dalam lokus tersebut tidak ada gen yang mengatur peningkatan jumlah butir gabah, namun menurut Xiang *et al.* (2013) walaupun lokus *qDTH8* bertanggung jawab terhadap waktu pembungaan, namun protein HAP3 yang dihasilkan oleh gen *florigen Hd3a* tersebut juga mempengaruhi hasil. Selain itu, ekspresi protein ini juga mempengaruhi fungsi gen *Hdl* yang mempengaruhi pembungaan (Du *et al.* 2017). Ketiga galur Code-*qDTH8* nampak memiliki alel lokus *qDTH8* homozigot pada kedua marka.

Pemendekan umur yang terjadi pada galur-galur Code-*qDTH8* pada kedua lokasi berkisar antara 4–6 hari dibandingkan tetua Code. Periode pemendekan umur yang cukup singkat ini diduga karena ekspresi lokus *qDTH8* tidak terlalu kuat. Fenomena ini sesuai dengan penelitian Fujita *et al.* (2010), bahwa ketika lokus ini diintrogressikan ke dalam padi IR64 pemendekan umur yang terjadi berkisar antara 3–6 hari lebih cepat.

Potensi hasil yang diperoleh pada galur-galur Code-*qDTH8* juga cukup tinggi, bahkan galur E13-1 dan G142 termasuk galur yang memberikan hasil jauh lebih tinggi dibanding tetua Code. Hal ini disebabkan galur-galur tersebut memiliki jumlah anakan produktif yang banyak (> 20). Potensi hasil tertinggi yang diperoleh galur Code-*qDTH8* ini sebesar 10,26% pada galur E13-1 di

lokasi Kuningan. Umumnya suhu yang dingin akan menurunkan hasil, namun dalam kasus ini, galur E13-1 ternyata memiliki jumlah anakan dan bobot gabah isi lebih tinggi dibanding di Sukamandi. Hanya memang jumlah gabah totalnya jauh lebih sedikit pada lokasi Kuningan. Hal ini memberikan dugaan faktor jumlah anakan produktif yang lebih banyak menyumbang terhadap hasil yang lebih banyak.

Perbedaan suhu lingkungan ini selanjutnya juga mempengaruhi panjang malai galur-galur uji, di mana malai pada lokasi Kuningan lebih pendek dibanding lokasi Sukamandi. Malai yang pendek tentu saja akan mengurangi jumlah gabah isi per malainya seperti disajikan pada. Namun, tidak selalu malai yang pendek memberikan hasil yang rendah, karena walaupun malainya pendek tapi apabila jumlahnya banyak tentu saja akan memberikan hasil yang banyak, seperti yang diperoleh pada galur E13-1 tersebut.

Jumlah gabah isi per malai pada lokasi Kuningan lebih sedikit dibanding lokasi Sukamandi, disebabkan malai yang lebih pendek. Ternyata kondisi suhu yang dingin pada lokasi Kuningan menyebabkan kehampaan yang lebih tinggi dibanding lokasi Sukamandi. Barangkali tingkat penyinaran matahari yang tidak optimal menyebabkan proses fotosintesis menjadi tidak optimal, sehingga pengisian biji juga terganggu. Namun, persentase gabah isi per malai masih sekitar 80% Kehampaan pada butir padi memang fenomena yang selalu terjadi pada pertanaman padi lapang, walaupun pertanaman dilakukan secara optimal. Sutoro *et al.* (2015) melaporkan kehampaan akan selalu terjadi walaupun pertanaman padi dilakukan secara optimal. Kehampaan pada malai induk sekitar 11%, malai pertama 12%, malai kedua 12%, malai ketiga 16%, dan malai keempat 22%. Oleh karena itu, persentase gabah isi sekitar 80% sudah merupakan hasil yang bagus. Apabila kehampaan padi ini ditekan sampai 100% (tidak ada gabah hampa), maka produksi padi akan dapat dinaikkan sampai 20% dari saat ini.

Lokus gen *Xa7*

Varietas Code yang digunakan sebagai tetua dalam penelitian ini merupakan varietas yang diketahui memiliki gen *Xa7* yang memiliki ketahanan terhadap bakteri *Xanthomonas oryzae* pv

oryzae, penyebab penyakit hawar daun bakteri. Gen *Xa7* ini terbukti masih ampuh menghadapi bakteri yang setipe yang ada di Indonesia. Diketahui gen yang mampu bertahan terhadap serangan bakteri tersebut adalah gen *xa5*, *Xa7*, dan *Xa21*, yang dibawa berturut-turut oleh padi IRBB5, IRBB7 dan Code, serta IRBB21 (Tasliyah *et al.* 2013). Varietas Code dilepas pada tahun 2001, merupakan hasil persilangan padi IR64 dengan IRBB7, disebutkan tahan terhadap penyakit hawar daun bakteri strain II, IV, dan VIII (Suprihatno *et al.* 2009). Chen *et al.* (2008) telah membuat marka-marka yang dapat digunakan untuk mendeteksi gen *Xa7* yang terletak pada kromosom 6 (RM20573, RM20580, RM20582, RM20595, RM20601, RM20603, RM20608, dan RM20612). Marka-marka tersebut memiliki jarak genetik < 2 cM, sehingga dapat digunakan sebagai marka untuk seleksi lokus tersebut. Deteksi keberadaan marka terkait gen *Xa7* dalam populasi ialah RM20582. Berdasarkan pengujian untuk deteksi gen *Xa7* dari seluruh galur (Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8*) nampak bahwa semua galur telah memiliki lokus *Xa7* yang berasal dari tetua Code. Diduga keberadaan lokus ini akan menguntungkan galur-galur tersebut karena akan tahan terhadap penyakit hawar daun bakteri yang merupakan salah satu penyakit utama padi di Indonesia.

KESIMPULAN

Galur-galur uji pada lokasi Kuningan memiliki umur berbunga lebih lambat, tanaman lebih pendek, malai lebih pendek, namun memiliki anakan lebih banyak, bobot gabah isi lebih berat, dan potensi hasil lebih banyak.

Peningkatan potensi hasil akibat introgressi lokus *qTSN4* pada Code dapat dicapai tertinggi sebesar 20,5% (galur B6-2), sedangkan untuk lokus *qDTH8* peningkatan potensi hasil dapat dicapai sampai 10,26% (galur E13-1).

Seluruh galur-galur Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8* telah memiliki lokus *qTSN4* atau *qDTH8*, dan seluruh galur memiliki lokus *Xa7*.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai melalui DIPA BB Biogen, Balitbangtan TA 2017 dengan judul

“Perbaikan Potensi Hasil Varietas Code melalui Silang Balik dengan Bantuan Marka Molekuler”.

DAFTAR PUSTAKA

- Alexandratos, N. & J. Bruinsma. 2012. *World agriculture towards 2030–2050: The 2012 revision*. ESA Working Paper No. 12-03. Rome, FAO.
- Bai, X., B. Wu & Y. Xing. 2012. Yield-related QTLs and their applications in rice genetic improvement. *Journal of Integrative Plant Biology* 54(5): 300-311. doi: 10.1111/j.1744-7909.2012.01117.x.
- Chen, S., Z. Huang, L. Zeng, J. Yang, Q. Liu & X. Zhu. 2008. High-resolution mapping and gene prediction of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* resistance gene *Xa7*. *Molecular Breeding* 22: 433-441.
- Das, G., JK. Patra & KH. Baek. 2017. Insight into MAS: A molecular tool for development of stress resistant and quality of rice through gene stacking. *Frontiers in Plant Science* 8: 985. doi: 10.3389/fpls.2017.00985.
- Dellaporta, SL., J. Wood & JB. 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 & X. Ouyang. 2017. The *DTH8-Hdl* module mediates day length-dependent regulation of rice flowering. *Molecular Plant* 10(7): 948-967. doi: 10.1016/j.molp.2017.05.006.
- Fujita, D., RE. Santos, LA. Ebron, MJ. Telebanco-Yanoria, H. Kato, S. Kobayashi, Y. Uga, E. Araki, T. Takai, H. Tsunematsu, T. Imbe, GS. Kush, DS. Brar, Y. Fukuta & 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 Crops Research* 114(2): 244-254. doi:10.1016/j.fcr.2009.08.004.
- Fujita, D., REM. Santos, LA. Ebron, MJ. Telebanco-Yanoria, H. Kato, S. Kobayashi, Y. Uga, E. Araki, T. Takai, H. Tsunematsu, T. Imbe, GS. Kush, DS. Brar, Y. Fukuta & N. Kobayashi.

2010. Characterization of introgression lines for yield-related traits with *indica*-type rice variety IR64 genetic background. *Japan Agricultural Research Quarterly* 44(1): 277-290. doi: 10.6090/jarq.44.277.
- Fujita, D., AG. Tagle, LA. Ebron, Y. Fukuta & 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(1): 18-26. doi: 10.1270/jsbbs.62.18.
- Fujita, D., KR. Trijatmiko, AG. Taglea, MV. Sapasapa, Y. Koidea, K. Sasakia, N. Tsakirpalogloua, RB. Gannabana, T. Nishimurad, S. Yanagiharab, Y. Fukuta, T. Koshiha, IH. Slamet-Loedin, T. Ishimaru & N. Kobayashi. 2013. *NALI* 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., Y. Koide & N. Kobayashi. 2018. Genetic dissection of agronomic traits in introgression lines and improvement of an elite *Indica* rice variety. *Japan Agricultural Research Quarterly* 55(2):91-103. doi: 10.6090/jarq.52.91.
- Fukushima, A., H. Ohta, N. Yokogami, N. Tsuda, A. Yoshida, J. Kyojuka & M. Mekawa. 2017. Effects of genes increasing the number of spikelets per panicle, *TAWI* and *APOI*, on yield and yield-related traits in rice. *Plant Production Science* 20(4): 485-489. doi: 10.1080/1343943X.2017.1365 614.
- Ghadimezhad, R. & A. Fallah. 2014. Temperature effect on yield and yield components of different rice cultivars in flowering stage. *International Journal of Agronomy* 2014 (ID 846707): 1-4. Doi: 10.1155/2014/846707
- Hasan, MM., MY. Rafii, MR. Ismail, M. Mahmood, HA. Rahim, MdA. Alam, S. Ashkani, MdA. Malek & MA. Latif. 2015. Marker-assisted backcrossing: A useful method for rice improvement. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 29(2): 237-254. doi: 10.1080/13102818.2014.995920.
- Kang, JW., D. Shin, JH. Cho, JY. Lee, Y. Kwon, SS. Park, JM. Ko & JH. Lee. 2019. Accelerated development of rice stripe virus resistant, near-isogenic rice lines through marker-assisted backcrossing. *PLoS One* 14(12): e0225974. doi: 10.1371/journal.pone.0225974.
- Mohanty, S., R. Wassmann, A. Nelson, P. Moya & SVK. Jagadish. 2013. *Rice and climate change: Significance for food security and vulnerability*. IRRI Discussion Paper Series No. 49. Los Baños (Philippines), International Rice Research Institute.
- Moniruzzaman, M., MS. Alam, JA. Rashid, SN. Begum & MM. Islam. 2012. Marker-assisted backcrossing for identification of salt tolerant rice lines. *International Journal of Agricultural Research, Innovation and Technology* 2(2): 1-8. doi: 10.3329/ijarit.v2i2.14008.
- Nia, MR., DA. Khammari, MA. Mohammad Khani & MU. Khammari. 2016. QTLs for spikelet, panicle and grain number in rice (*Oryza Sativa* L): A review. *International Journal of Scientific Research in Mechanical and Materials Engineering* 2(2): 140-144.
- Peng, S., GS. Khush, P. Virk, Q. Tang & Y. Zou. 2008. Progress in ideotype breeding to increase rice yield potential. *Field Crops Research* 108(1): 32-38. doi: 10.1016/j.fcr.2008.04.001.
- Priyadarshi, R., HPS. Arremsetty, AK. Singh, D. Khandekar, K. Ulaganathan, V. Shenoy, P. Sinha & VK. Singh. 2018. Marker-assisted improvement of the elite maintainer line of rice, IR 58025B for wide compatibility (S5n) gene. *Frontiers in Plant Science* 9 (1051): 1-9. doi: 10.3389/fpls.2018.01051.
- Ruengphayak, S., E. Chaichumpoo, S. Phromphan, W. Kamolsukyonyong, W. Sukhaket, E. Phuvanartnarubal, S. Korinsak, S. Korinsak & A. Vanavichit. 2015. Pseudo-backcrossing design for rapidly pyramiding multiple traits into a preferential rice variety. *Rice* 8 (7): 1-16. doi: 10.1186/s12284-014-0035-0.
- Sattari, A., ZAJ. Haghghi, HO. Nohtani, MO. Noorozi, AbN. Zaeim, K. Moradi, NaM. Amirabad. 2015. A review of on the spikelet number in rice. *International Journal of Scientific Research in Science and Technology* 1(5): 222-227.

- Singh, VJ., RK. Ellur, AK. Singh, M. Nagarajan, BM. Singh & NK. Singh. 2018. Effect of *qGN.4.1* QTL for grain number per panicle in genetic backgrounds of twelve different mega varieties of rice. *Rice* 11(8): 1-13. doi: 10.1186/s12284-017-0195-9.
- Suprihatno, B., AA. Daradjat, Satoto, SE. Baehaki, IN. Widiarta, A. Setyono, SD. Indrasari, OS. Lesmana & H. Sembiring. 2009. *Deskripsi varietas padi*. Sukamandi, Balai Besar Penelitian Padi.
- Suryadi, Y., IM. Samudra, TP. Priyatno, DN. Susilawati, P. Lestari, Fatimah & TS. Kadir. 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. doi: 10.7454/mss.v20i3.6241.
- Sutoro, T. Suhartini, M. Setyowati & KR. Trijatmiko (2015) Keragaman malai anakan dan hubungannya dengan hasil padi sawah (*Oryza sativa*). *Buletin Plasma Nutfah* 21 (1), 9-16.
- Tasliah, Mahrup & J. Prasetyono. 2013. Identifikasi molekuler hawar daun bakteri (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) dan uji patogenisitasnya pada galur-galur padi isogenik. *Jurnal Agro Biogen* 9(2): 49-57. doi: 10.21082/jbio.v9n2.2013.p49-57.
- Tasliah, Ma'sumah, KR. Trijatmiko & J. Prasetyono. 2015. Analisis molekuler dan keragaan agronomis galur-galur padi BC₁F₁ persilangan Code × *qTSN4* dan Code × *qDTH8*. *Jurnal Agro Biogen* 1(1): 17-24. doi: 10.21082/jbio.v11n1.2015.p17-24.
- Tasliah, Ma'sumah & Joko Prasetyono. 2019. Analisis molekuler dan uji adaptasi galur-galur padi Code-*qTSN4* dan Code-*qDTH8*. *Jurnal Agro Biogen* 15 (1): 11–22. doi: 10.21082/jbio.v15n1.2019.p11-22.
- Wahab, MI., Satoto, Rahmini, LM. Zarwazi, Suprihanto, A. Guswara & Suharna. 2018. *Deskripsi varietas unggul baru padi*. Sukamandi, Balai Besar Penelitian Padi.
- Wang, SS., RK. Chen, KY. Chen, CY. Liu, SM., KY. Chen, CY. Liu, SM. Kao & CL. Chung. 2017. Genetic mapping of the *qSBN7* locus, a QTL controlling secondary branch number. *Breeding Science* 67(4):340-347. doi:10.1 270/jsbbs.17007.
- Wei, X., J. Xu, H. Guo, L. Jiang, S. Chen, C. Yu, Z. Zhou, P. Hu, H. Zhai & J. Wan. 2010. *DTH8* suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously. *Plant Physiology* 153(4): 1747-1758. doi: 10.1104/pp.110.156943.
- Xiang, C., LJ. Qu, YM. Gao & YY. Shi. 2013. Flower development and photoperiodic control of flowering in rice. *Rice Science* 20(2): 79-87.
- Yang, XC. & CM. Hwa. 2008. Genetic modification of plant architecture and variety improvement in rice. *Heredity* 101: 96-404.
- Yoshida, S. 1981. *Fundamentals of rice crop science*. Los Baños, International Rice Research Institute.

