

Heritabilitas Karakter Ketahanan Hawar Daun Bakteri dari Tiga Populasi Tanaman Padi Hasil Seleksi Daur Siklus Pertama

Nafisah, Aan A. Daradjat, B. Suprihatno, dan Triny SK

Balai Besar Penelitian Tanaman Padi
Jalan Raya 9 Sukamandi Subang 41256 Jawa Barat

ABSTRACT. Heritability of Bacterial Leaf Blight on First Cycle Selection of Three Rice Populations. Bacterial leaf blight is one of the major diseases in rice. Using resistant varieties is the most effective way to control the disease. IRRI had successfully developed IRBB gene pyramiding lines which can be used as source of resistant gene. Estimates heritability of a particular trait for the genotypic populations could help plant breeders in selection and in the evaluation of genetic potential of the populations. The present research aimed to estimate the heritability of bacterial leaf blight resistance using IRBB gene pyramiding lines as source of resistant gene and to identify the best recombinant to develop population for the next cycle selection. Research was carried out in the experimental farm of Pusakagara during WS2005/2006. The experiment was arranged in randomized block design with two replications. The evaluated lines consisted of five families for each cross combination and grouped into three sets according to the genetic background of the resistance genes. The progenies were planted in rows 25 cm in length with 12.5 cm between rows. Inoculation of bacterial leaf blight suspension was done at 50 days after planting using cutting method. The plants were inoculated with 10^9 cell/ml suspension. Infection intensity was observed at 2-3 weeks after inoculation. The results showed that heritability of resistance which parents derived from multiple crosses was high compared to that of the single crosses. Populations which their parents have more resistant genes showed higher heritability and higher gain of selection than those of less genes. Those population are very useful as genetic material to develop the more durable resistant lines. The result indicated that recurrent selection could be applied to develop genotype containing pyramided genes for resistance to BLB through conventional breeding.

Keywords: IRBB, pyramiding gene, heritability, recurrent selection

ABSTRAK. Hawar daun bakteri (HDB) adalah penyakit penting tanaman padi. Pengendalian dengan penggunaan varietas tahan merupakan cara yang paling efektif. Saat ini telah tersedia galur-galur yang memiliki 1-3 gen tahan yang berbeda, yang dapat dijadikan sumber gen ketahanan. Pendugaan heritabilitas suatu sifat pada suatu populasi dapat membantu pemulia dalam kegiatan seleksi dan evaluasi potensi genetik suatu populasi. Penelitian bertujuan untuk menduga nilai heritabilitas sifat ketahanan terhadap HDB dari tiga populasi tanaman padi yang tetuanya memiliki latar belakang gen tahan HDB dari galur-galur IRBB yang berbeda dan untuk mengidentifikasi rekombinan terbaik yang berpotensi memiliki ketahanan yang lama (*durable*) untuk siklus seleksi berikutnya. Penelitian dilakukan di Kebun Percobaan Pusakanegara pada MH 2005/06. Materi yang digunakan merupakan populasi generasi kedua dari seleksi daur yang dikelompokkan ke dalam tiga set persilangan berdasarkan latar belakang genetik yang memiliki sifat ketahanan berbeda yang disusun menurut design II. Tiap kombinasi persilangan terdiri atas lima famili. Penanaman dilakukan pada jarak tanam 12,5 cm x 25 cm dengan *system head row trials* dengan panjang baris 5 m. Inokulasi suspensi HDB dengan konsentrasi inokulum 10^9 cell/ml

dilakukan 50 hari setelah tanam dengan metode pengguntingan. Pengamatan dilakukan pada 2-3 minggu setelah inokulasi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa sifat ketahanan terhadap HDB dari populasi yang gen tetuanya berasal dari hasil silang ganda memiliki heritabilitas yang lebih tinggi daripada yang tetuanya memiliki sumber gen dari silang tunggal. Populasi yang memiliki jumlah gen tahan lebih sedikit memiliki heritabilitas genetik yang lebih rendah daripada populasi yang tetuanya memiliki lebih banyak gen tahan. Penelitian ini mengindikasikan bahwa seleksi daur dapat digunakan untuk membentuk genotipe dengan gen ketahanan piramida melalui metode konvensional.

Kata kunci: IRBB, gen ketahanan piramida, heritabilitas, seleksi daur

Hawar daun bakteri (HDB) yang disebabkan oleh *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* (X_{oo}) merupakan salah satu penyakit yang paling merusak pertanaman padi di dunia (Mew 1987). Dalam kurun waktu 1996-2002, luas infeksi penyakit ini di Indonesia rata-rata 6.466 ha pada pertanaman musim kemarau, dan 9.639 ha pada musim hujan (Lanya 2002). Pada tahun 2003, luas pertanaman terinfeksi mencapai 25.403 ha, dan pada tahun 2004 meningkat menjadi 37.229 ha, pertanaman puso 5 ha (Direktorat Perlindungan Tanaman Pangan 2005). Pengendalian HDB yang paling ekonomis dan efektif adalah dengan penggunaan varietas tahan (Ogawa 1993). Kinoshita (1995) dan Lin *et al.* (1996) melaporkan bahwa sekitar 19 gen ketahanan terhadap populasi HDB (X_{oo}) telah berhasil diidentifikasi, sedangkan Cruz *et al.* (2004) melaporkan terdapat 25 gen mayor (R) yang teridentifikasi tahan terhadap HDB.

Patogen penyebab penyakit HDB memiliki virulensi yang berbeda. Struktur patotipe X_{oo} telah dianalisis dengan menggunakan varietas diferensial. Yamamoto *et al.* (1977) menggunakan varietas diferensial asal Jepang melaporkan bahwa di Indonesia terdapat tiga kelompok X_{oo} yaitu kelompok III, IV, dan V. Kelompok III terdapat di Sulawesi Selatan, Jawa, Bali, dan Kalimantan; kelompok IV di Sulawesi Selatan, Jawa, dan Bali; kelompok V hanya di Bali. Kelompok I yang terdapat di Jepang tidak didapatkan di Indonesia. Dengan menggunakan varietas diferensial yang sama, Sudir dan Suparyono (2001) melaporkan bahwa populasi X_{oo} di Jawa didominasi oleh ras III (42,7%), ras IV (15,3%), dan ras VIII (42,0%).

Berdasarkan percobaan inokulasi 106 isolat yang diambil dari galur isogenik (IRBB) di Bekasi dan Karawang, Hifni dan Kardin (1998) menyimpulkan bahwa ras X_{oo} I memiliki paling tidak tiga gen virulen terhadap Xa-1, Xa-11, dan Xa-14. Ras X_{oo} V memiliki minimal tujuh gen virulen terhadap Xa-1, Xa-2, Xa-3, Xa-4, Xa-10, Xa-11, dan Xa-14. Ras X_{oo} yang paling virulen (ras XII) memiliki paling tidak 10 gen virulen terhadap Xa-1, Xa-2, Xa-3, Xa-4, xa-5, Xa-7, Xa-10, Xa-11, X-14, dan Xa-20.

Pemanfaatan sejumlah tetua yang memiliki gen Xa-4 telah menghasilkan beberapa varietas tahan HDB yang sangat berperan dalam melindungi tanaman padi dari infeksi X_{oo} (Khush *et al.* 1989). Triny (2004) melaporkan bahwa galur isogenik IRBB5 dan IRBB7 selama dua tahun berturut-turut konsisten tahan terhadap HDB di daerah Jawa dan Bali, sehingga potensial dijadikan sumber gen ketahanan dalam perakitan varietas tahan HDB.

Untuk merakit varietas tahan, banyak penelitian pemuliaan yang memanfaatkan gen tunggal yang mengendalikan ketahanan kualitatif terhadap penyakit tertentu. Pendekatan tersebut menempatkan varietas tahan dalam posisi yang mudah patah ketahanannya akibat munculnya strain atau ras atau patotipe baru penyebab penyakit. Penanaman varietas yang mengandung gen Xa-4 dalam skala luas dan dalam jangka waktu yang panjang menyebabkan bergesernya frekuensi ras X_{oo} dan varietas yang mengandung gen Xa-4 patah ketahanannya (Mew *et al.* 1992).

Salah satu cara untuk memperlambat patahnya ketahanan varietas terhadap penyakit HDB adalah dengan membentuk piramida gen ketahanan di dalam satu genotipe tertentu (Huang *et al.* 1997). Pendekatan tersebut memperlakukan ketahanan tanaman terhadap penyakit sebagai karakteristik kuantitatif dengan memanfaatkan teknik pemuliaan populasi (Garcia *et al.* 2003).

Metode yang umum digunakan untuk perbaikan populasi tanaman menyerbuk sendiri adalah seleksi galur murni, pedigree, dan silang balik. Metode seleksi tersebut sering digunakan untuk memperoleh tingkat fiksasi gen-gen tertentu dalam populasi, sehingga variabilitas genetik menyempit. Metode seleksi yang belum banyak digunakan dalam perbaikan varietas padi adalah seleksi daur. Metode ini menerapkan seleksi bersiklus untuk meningkatkan frekuensi alel-alel yang diinginkan dan frekuensi genotipe yang superior, sehingga dapat memperbaiki penampilan genotipe yang diekstrak dari populasi (Fehr 1987).

IRRI telah berhasil membentuk galur piramida tahan HDB (IRBB) yang memiliki ketahanan yang lebih baik dari galur monogenik IRBB. Efektivitas galur piramida

IRBB sebagai materi pemuliaan belum banyak dilaporkan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui heritabilitas karakter ketahanan tiga populasi tanaman padi hasil seleksi daur siklus pertama dan mengidentifikasi kombinasi persilangan paling baik yang berpeluang menurunkan genotipe tahan HDB yang bersifat awet (*durable*). Sumber gen ketahanan populasi tersebut berasal dari berbagai galur piramida gen tahan IRBB sebagai populasi dasar.

BAHAN DAN METODE

Materi yang digunakan dalam penelitian ini terdiri atas galur-galur generasi F_2 hasil persilangan antara galur elit tahan HDB (galur IRBB) yang memiliki dua, tiga, dan empat gen, yaitu IRBB 50, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 62, 63. (Tabel 1 dan Tabel 2).

Pembentukan populasi dasar dilakukan di rumah kaca Inlitpa Sukamandi pada bulan Februari-Mei 2005. Biji-biji F_1 hasil persilangan ditanam di Kebun Percobaan (KP) Sukamandi pada bulan Juli 2005. Evaluasi per-tanaman F_2 dilakukan di KP Pusakanegara dari bulan November 2005-Februari 2006. Percobaan disusun dalam rancangan acak kelompok lengkap yang terdiri dari dua ulangan. Persilangan dilakukan menurut *design* II (Comstock and Robinson 1964 *cit* Hallauer and Miranda 1987) yang disusun dalam tiga set persilangan. Setiap kombinasi persilangan terdiri atas lima famili, yang ditanam dengan sistem *head row trials* dalam petak berukuran 1,5 m x 5 m, dengan jarak tanam 25 cm x 12,5 cm. Semua populasi dianggap sebagai populasi $S_{1;2}$ untuk membentuk populasi $S_{2;0}$ seleksi daur.

Kelompok I merupakan populasi turunan dari tetua jantan yang memiliki sumber gen ketahanan yang berasal dari galur-galur IRBB dengan dua gen dan tetua betina yang merupakan hasil silang ganda antara dua galur IRBB yang mengandung tiga gen. Kelompok II merupakan populasi turunan dari tetua jantan yang berasal dari dua galur IRBB dengan tiga gen dan tetua betina yang berasal dari satu galur IRBB dengan dua dan tiga gen. Kelompok III adalah populasi turunan dari tetua jantan yang mengandung tiga dan empat gen ketahanan dan sumber gen tetua betina memiliki dua gen ketahanan (Tabel 1).

Pengujian ketahanan terhadap HDB strain IV (paling dominan di Indonesia) dilakukan di Kebun Percobaan Pusakanegara pada bulan November 2005-Februari 2006. Metode pengujian menggunakan metode peng-guntingan ujung daun dengan gunting yang dicelupkan ke dalam suspensi inokulum biakan murni *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* yang memiliki konsentrasi 10^9 sel/ml. Inokulasi dilakukan pada saat tanaman mencapai umur

Tabel 1. Materi persilangan untuk membentuk populasi dasar tanaman padi.

Tetua betina	Tetua jantan
Kelompok I (Set 2 x 2)	
SEGON BANDUNG/IR BB-58///IR72227-16-3-2-3/RUTT 5T-24b-4-3-1-1-2-3//IRBB-56	ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50
ASE BUKNA/IRBB 58///IR72873-39-3-1-2/RUTT SG24B-3-4-1-1-2-3//IRBB 57	ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50
SEGON BANDUNG/IR BB-58///IR72227-16-3-2-3/RUTT 5T-24b-4-3-1-1-2-3//IRBB-56	SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54
ASE BUKNA/IRBB 58///IR72873-39-3-1-2/RUTT SG24B-3-4-1-1-2-3//IRBB 57	SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54
Kelompok II (Set 2 x 3)	
ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50	BUKNA/IRBB 58///IR72873-39-3-1-2/RUTT SG24B-3-4-1-1-2-3//IRBB 57
ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50	SEREH/IRBB-59///BPT 086-23B-1-2-1-2-0-RUTTST21B-1E-1-1-3-1-1-0//IRBB-57
SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54	SABIT PUTIH/IRBB-58///IR72227-16-3-1-3/RUTTSG48-2b-1-2-2-1-0//IRBB-57
SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54	BUKNA/IRBB 58///IR72873-39-3-1-2/RUTT SG24B-3-4-1-1-2-3//IRBB 57
SEREH/IRBB-57///BPT086-23B-1-2-1-2-0/RUTTST21B-1E-1-1-3-1-1-0//IRBB-57	SEREH/IRBB-59///BPT 086-23B-1-2-1-2-0-RUTTST21B-1E-1-1-3-1-1-0//IRBB-57
SEREH/IRBB-57///BPT086-23B-1-2-1-2-0/RUTTST21B-1-1-3-1-1-0//IRBB-57	SABIT PUTIH/IRBB-58///IR72227-16-3-1-3/RUTTSG48-2b-1-2-2-1-0//1E-IRBB-57
Kelompok III (Set 2 x 3)	
ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50	GILIRANG/IRBB60//GILIRANG///GILIRANG
ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50	GILIRANG/IRBB63//GILIRANG///GILIRANG
ADIK/IR64///IR 73948-112-2-1/RUTT SG145-4B-2-2-1-0//IR BB-50	CIHERANG/IRBB62//CIHERANG///CIHERANG
SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54	GILIRANG/IRBB60//GILIRANG///GILIRANG
SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54	GILIRANG/IRBB63//GILIRANG///GILIRANG
SEREH/IR 64///BP227-MR-2-5/BPT 146E49-2-2-3//IRBB 54	CIHERANG/IRBB62//CIHERANG///CIHERANG

Tabel 2. Sumber gen ketahanan beberapa galur padi terhadap penyakit HDB.

No	Galur piramida	Gen ketahanan
1	IRBB 50	Xa-4 + xa-5
2	IRBB 54	xa-5 + Xa-21
3	IRBB 56	Xa-4 + xa-5 + xa-13
4	IRBB 57	Xa-4 + xa-5 + Xa-21
5	IRBB 58	Xa-4 + xa-13 + Xa-21
6	IRBB 59	xa-5 + xa-13 + Xa-21
7	IRBB 60	Xa-4 + xa-5 + xa-13+ Xa-21
8	IRBB 62	Xa-4 + Xa-7 + Xa-21
9	IRBB 63	xa-5 + Xa-7 + xa-13

50 hari sesudah tanam. Penentuan tanggap tanaman dilakukan 2-3 minggu setelah inokulasi dengan cara menilai luas gejala infeksi penyakit sesuai sistem evaluasi baku (SES) (IRRI 1996) seperti tertera pada Tabel 3.

Nilai heritabilitas dianalisis menggunakan metode varians design II (Comstock and Robinson 1964 *cit.* Halluer and Miranda 1984) dengan rumus sebagai berikut:

Tabel 3. Penilaian gejala penularan HDB pada tanaman padi menurut sistem evaluasi SES (IRRI 1996).

Nilai	Gejala serangan (%)	Tingkat ketahanan	Kelas
1	1-5	Sangat tahan	1
3	6-12	Tahan	3
5	13-25	Agak tahan	5
7	26-50	Agak peka	7
9	51-100	Sangat peka	9

$$h^2 = \frac{4\sigma_m^2}{\sigma^2(rf) + 4\sigma_{mf}^2/f + 4\sigma_m^2}$$

h^2 = heritabilitas

σ_m^2 = varians tetua jantan

σ^2f = varians tetua betina

σ_{mf}^2 = varians jantan x betina

r = jumlah ulangan

f = jumlah tetua betina

m = jumlah tetua jantan

Penilaian kemajuan genetik diduga dengan rumus seleksi *family selfed S_i* menurut Chahal dan Gosal (2002) sebagai berikut:

$$G_{S1} = \frac{iV_{A1}}{\sigma_{PS1}}$$

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil pengamatan dan analisis terhadap tingkat keparahan penyakit HDB menunjukkan bahwa semua populasi memiliki tanggap agak tahan sampai agak peka terhadap strain IV dengan tingkat keparahan berkisar antara 12,8-41,7% (Tabel 4). Nilai koefisien keragaman antarkelompok populasi tidak berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa semua kelompok populasi memiliki peluang yang sama untuk terpilih menjadi tetua pada siklus berikutnya, atau dapat digunakan sebagai sumber gen karakter ketahanan terhadap HDB. Namun demikian, pada komponen sumber variasi tetua jantan dan tetua betina dan interaksi antara keduanya pada masing-masing kelompok populasi memberikan tingkat beda nyata dalam ketahanan terhadap HDB (Tabel 5). Hal ini berarti bahwa perbedaan genotipe antarkelompok populasi memberikan tanggapan ketahanan yang

bervariasi. Jena *et al.* (2004) melaporkan bahwa genotipe yang mengandung gen Xa-4 + Xa-21 dan Xa-4 + xa-5 + Xa-21 menunjukkan ekspresi sangat tahan terhadap 16 isolat HDB asal Korea Selatan. Galur N11 yang mengandung gen Xa-21 rentan terhadap beberapa isolat Korea. Hal tersebut diduga terjadinya mutasi gen avirulence (avr) Xa-21 atau patotipe BB strain Korea tidak mengandung gen avr Xa-21.

Tingkat keparahan penyakit HDB sangat dipengaruhi oleh kelembaban lingkungan (Sudir dan Suparyono 2001). Analisis varians menunjukkan pertanaman di blok dua memiliki tingkat keparahan yang nyata lebih rendah dibandingkan dengan blok satu. Hal ini mungkin disebabkan karena tingkat kesuburan lahan pada blok satu lebih tinggi dibanding blok dua, sehingga lahan percobaan memperoleh kondisi lingkungan mikro yang berbeda. Dugaan ini diperkuat oleh hasil analisis varians fenotipe tetua jantan populasi I dan tetua betina populasi III yang sangat berbeda nyata tetapi varians genotipe kedua populasi bernilai negatif (Tabel 5).

Analisis tingkat keparahan penularan HDB menunjukkan bahwa sumber tetua dan cara transfer gen berpengaruh nyata terhadap nilai heritabilitas.

Metode transfer gen antargenotipe mempengaruhi struktur genotipe suatu populasi (Fehr 1987). Populasi turunan silang ganda memiliki heterogenitas yang lebih

Tabel 4. Tingkat keparahan dan ketahanan tiga set populasi tanaman padi terhadap penyakit HDB strain IV. Pusakanegara MH 2005/06.

Set	Tetua betina	Tetua jantan	Rata-rata tingkat keparahan (%)	Kategori ketahanan
I (2x2)	IRBB 56 dan 58	IRBB 50	13,13	Agak tahan
	IRBB 56 dan 58	IRBB 54	12,81	Agak tahan
	IRBB 58 dan 57	IRBB 50	23,86	Agak tahan
	IRBB 58 dan 57	IRBB 54	32,81	Agak peka
	SE (N= 10)		2,25	
	5% LSD		6,45	
II (2x3)	IRBB 50	IRBB 57 dan 58	21,18	Agak tahan
	IRBB 50	IRBB 57 dan 59	15,67	Agak tahan
	IRBB 54	IRBB 57 dan 58	31,36	Agak peka
	IRBB 54	IRBB 57 dan 59	31,63	Agak peka
	IRBB 57	IRBB 57 dan 58	24,87	Agak tahan
	IRBB 57	IRBB 57 dan 59	14,00	Agak tahan
	SE (N= 10)		2,58	
5% LSD		7,31		
III (2x3)	IRBB 50	IRBB 60	27,65	Agak peka
	IRBB 50	IRBB 63	23,89	Agak tahan
	IRBB 50	IRBB 62	28,09	Agak peka
	IRBB 54	IRBB 60	16,92	Agak tahan
	IRBB 54	IRBB 63	20,01	Agak tahan
	IRBB 54	IRBB 62	41,72	Agak peka
	SE (N= 10)		2,92	
	5% LSD		8,29	
Cv (%)		35,00		

Tabel 5. Varians fenotipe dan genotipe dan heritabilitas karakter ketahanan kelompok populasi tanaman padi terhadap HDB. Pusakanegara MH 2005/06.

Sumber variasi	Desain persilangan/ragam fenotipe		
	Set I (2x2)	Set II (2x3)	Set III (2x3)
Ulangan	5961,9**	10422,7**	4999,77**
Tetua betina (F)	2360,5**	1057,51**	1,60 ^{ns}
Tetua jantan (M)	186,2 ^{ns}	432,88**	1091,05**
FxM	215,02*	155,11 ^{ns}	788,76**
Galat	50,47	66,47	85,50
total	268,97	284,81	225,30
Cv (5%)	34,40	35,30	35,00
		Ragam genotipe	
Tetua betina (F)	536,38	225,60	-131,19
Tetua jantan (M)	-7,21	46,29	75,57
F x M	82,28	44,32	351,63
Heritabilitas	-0,19	0,65	0,30
Kemajuan genetik	-1.13	9.40	14.35

* = ada beda nyata pada taraf 1%

* = ada beda nyata pada taraf 5%

^{ns} = tidak beda nyata

tinggi dibandingkan dengan populasi silang tunggal. Hal ini ditunjukkan oleh nilai keragaman pada tetua betina kelompok I dan keragaman tetua betina dan jantan kelompok II yang heterogen. Keragaman genotipe tetua jantan kelompok I dan tetua betina kelompok III tidak nyata. Kedua kelompok yang disebut terakhir memiliki latar belakang gen ketahanan yang sama (Tabel 4). Data tersebut mendukung penelitian terdahulu bahwa silang ganda mampu meningkatkan heterosis genotipe populasi, karena pada populasi turunan silang ganda memungkinkan terkumpulnya lebih banyak allel yang dikehendaki dibandingkan dengan silang tunggal.

Dilihat dari jumlah gen tetuanya, terdapat indikasi tetua yang memiliki jumlah gen lebih banyak mempunyai nilai heritabilitas yang lebih tinggi. Nilai heritabilitas kelompok III lebih tinggi dibandingkan dengan kelompok I. Hal tersebut berkaitan erat dengan latar belakang genetik sumber gen ketahanan yang ada pada tetua jantan. Populasi kelompok I membawa dua gen ketahanan, sedangkan tetua jantan populasi kelompok III membawa tiga dan empat gen ketahanan (Tabel 5).

Nilai heritabilitas tertinggi diraih oleh populasi II dan diikuti oleh populasi III dan I, masing-masing dengan nilai 0,65, 0,30 dan -0,19 (Tabel 5). Pendugaan parameter kemajuan genetik yang dicapai oleh masing-masing populasi menunjukkan populasi III memberikan nilai kemajuan genetik lebih tinggi daripada populasi II. Hal ini diduga oleh adanya perbedaan variabilitas genetik pada masing-masing populasi. Berdasarkan latar be-

lakang genetik tetuanya, jumlah gen yang mengendalikan sifat ketahanan terhadap HDB dari populasi III lebih banyak daripada populasi II. Hal tersebut menjadikan efek dosis gen pada populasi III memberikan kontribusi yang relatif tinggi terhadap besarnya varians aditif. Kondisi seperti itu diduga sebagai penyebab nilai kemajuan genetik populasi III lebih tinggi daripada populasi II. Hasil penelitian mengindikasikan populasi III memiliki individu-individu rekombinan terbaik yang dapat dijadikan tetua pada siklus seleksi berikutnya. Secara fenotipik, genotipe kelompok I dan III memberikan respon tahan. Walaupun demikian, untuk meningkatkan heterosis populasi I dan III masih perlu dilakukan rekombinasi persilangan antargenotipe terpilih dari kelompok tersebut agar diperoleh populasi baru yang memiliki umur ketahanan yang lebih awet. Hal itu didasarkan pada hasil penelitian Hinze *et al.* (2005) yang menyatakan bahwa pada tanaman jagung, sampai siklus seleksi berulang resiprokal tertentu (siklus 15), rata-rata keragaman genetik populasi keturunan hasil seleksi berulang lebih tinggi daripada populasi tetuanya. Diungkapkan lebih lanjut bahwa nilai keragaman genetik di dalam turunan seleksi berulang populasi lebih tinggi dari keragaman genetik antarpopulasi.

Penelitian ini memberikan petunjuk bahwa pemanfaatan galur-galur IRBB dalam program pemuliaan yang menggunakan metode seleksi daur menghasilkan genotipe rekombinan yang memiliki lebih dari satu gen tahan HDB. Keyakinan tersebut didukung oleh keberhasilan pemanfaatan teknik seleksi daur berulang untuk perbaikan karakter kuantitatif pada tanaman gandum (Wang *et al.* 1996), kedelai (Uphoff *et al.* 1997), padi (Fujimaki 1997), dan oat (Frey and Holland 1999). Teknik seleksi ini dilaporkan pula berhasil digunakan untuk memperbaiki penampilan sifat toleransi tanaman oat terhadap penyakit virus barley yellow dwarf (Baltenberger *et al.* 1988), penyakit karat pada oat (Juan *et al.* 2002), ketahanan tanaman kacang terhadap penyakit terbawa tanah (Garcia 2003), dan ketahanan terhadap penyakit yang disebabkan oleh parasit pada akar jagung, *Striga hermonthica* (Menkir and Kling 2007).

KESIMPULAN

Populasi turunan silang ganda (set III) hasil seleksi daur ulang siklus I yang memiliki ketahanan HDB multigenik berpeluang menghasilkan individu rekombinan tahan untuk periode yang lama (*durable*).

Penelitian lanjutan diperlukan untuk mengetahui rekombinan genotipe yang memiliki sifat ketahanan terbaik terhadap sejumlah kelompok isolat (Xoo) dominan di Indonesia.

DAFTAR PUSTAKA

- Baltenberger, D.E., H.W. Ohm, and J.E. Foster. 1988. Recurrent selection for tolerance to barley yellow dwarf virus in oat. *Crop Sci.* 28: 477-480.
- Chahal, G.S and Gosal, S.S. 2002. Principles and Procedures of Plant Breeding. Biotechnology and Conventional Approaches. Alpha Science International. Pongbourne, UK. 604 p.
- Cruz, V.C.M., Ona, I., Roveche, M., Manalo, J., Linholm K., Carillo, G., Begum S., Borines, L. Bustaman, M., Tabien, R., Singh, K. Bernardo, M., Leach-J.E., Hulbert S.H., Leung, H and Mew, T.W. 2004. Host plant resistance for managing bacterial blight are major genes enough? In abstract the 1st International conference on bacterial blight of rice. Ministry of education, culture, sport, science and technology (MEXT) National Institute of Agrobiological Science (NIAS) and Phytopathological of Japan. Japanese Society of Breeding.
- Direktorat Perlindungan Tanaman Pangan. 2005. Evaluasi kerusakan tanaman padi akibat serangan organisme pengganggu tanaman tahun 2004, tahun 2003 dan rerata lima tahun (1988-2002). Direktorat Jendral Bina Produksi Tanaman Pangan. Jakarta.
- Fehr, W. R., 1987. Principles of Cultivar Development. Theory and Technique. Macmillan. New York. Vol 1. 527p.
- Fujimaki, H. 1979. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. *JARQ* 13: 153- 156.
- Frey, K.J. and J. B.Holland. 1999. Nine Cycles of Recurrent Selection for Increased Groat-Oil Content in Oat. *Crop Sci.* 39:1636-1641.
- Garcia-E, R., R.A. Robinson, J.A. Angular-P, S. Sandoval-I, and R. Guzman-P. 2003. Recurrent selection for quantitative resistance to soil-borne diseases in beans in the Mixteca region, Mexico. *Euphytica* 130: 241-247.
- Halluer, A.R. and J.B. Miranda Fo. 1988. Quantitative genetic in Maize Breeding. 2nd ed. Iowa State University Press. Ames. 468 p.
- Hifni, H. dan Kardin K. 1998. Pengelompokan isolat *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* dengan menggunakan galur isogenik padi IRR1. Dalam hayati. Jurusan Biologi FMIPA IPB. Bogor. Indonesia.
- Hinze, Lori L. , Stephen Kresovich, John D. Nason, and Kendall R. Lamkey. 2005.
- Huang, N., E.R. Anggeles, J. Domingo, G. Magpantay, G.S. Singh. Z.Zhang, N. Kumaravadivel, J. Bennett and G.S. Khush 1997. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice: maker-assisted selection using RFLP and PCR. *Theor. Appl. Genet.* 1997. 95 : 313-320.
- IRRI. 1996. Standar Evaluation System for Rice. IRRI. P.O. Box 933. 1099 Manila, Philippines. p. 52.
- Jena, .K.K, Jennings, J.U, Shin, M.S., Chio, S.H.Hwang, H.G. Cruz, VCM and Lee, M.H. 2004. Pyramiding Specific BB resistance genes for improvement of temperate japonica rice in South Korea. In the 1st International Conference on Bacterial Blight of rice. MEXT, NIAS ad Phytopathological society.
- Juan E. Díaz-Lago, Deon D. Stuthman, and Tabaré E. Abadie. 2002. Recurrent selection for partial resistance to crown rust in oat. *Crop Sci* 42: 1475-1482
- Juan E., Stuthman D.´az-Lago , Deon D. and Tabaré´ E Abadie. 2002. Recurrent Selection for Partial Resistance to Crown Rust in Oat. in *Crop Sci.* 42:1475-1482
- Kinoshita, T. 1995. Report of committee on gene symbolization, nomenclature and linkage group. *Rice Genet. Newsl* 12: 9 – 153.
- Kush, G.S., D.J. Mackill, and G.S. Sidhu. 1989. Breeding rice for resistance to bacterial leaf blight, In. *Bacterial leaf blight of rice*. International Rice research Institute, Los Banos, Manila, Philippines. pp. 207-217
- Lanya. H., 2002. Laporan kegiatan inventarisasi data/pemetaan OPT Pangan.
- Lin, X.H., D.P. Zhang, Y.P. Xie, H.P. Gaio, and Q.F. Zhang, 1996. Identifying and mapping a new gene for bacterial leaf blight resistance in rice based on RFPL marker. *Phytopathology* 86: 1156 – 1159.
- Menkir, A and J.G. Kling, 2007. Response to Recurrent Selection for Resistance to *Striga hermonthica* (Del.) Benth in a Tropical Maize Population. *Crop Sci.* 47:674-682
- Mew, T. W. , Vera Cruz, C.M. and E.S. Medalla. 1992. Changes in race frequency of *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* in response to the planting of rice cultivars in the Philippines. *Plant Dis.* 76: 1029 – 1032.
- Mew, T. W. 1987. Current status and future prospects of research on bacterial blight of rice. *Annu. Rev. Phytopathol.* 25: 359 – 382.
- Ogawa, T. 1993. Methods and strategy for monitoring race distribution and identification of resistance genes to bacterial leaf blight (*Xanthomonas campestris* pv. *oryzae*) in rice. *JARQ* 27: 71-80.
- Population Genetic Diversity in a Maize Reciprocal Recurrent Selection Program. *Crop Sci* 45: 2435-2442.
- Sudir dan Suparyono. 2001. Interaksi antara berbagai stadium tumbuh tanaman padi dengan patogen *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* penyebab penyakit Hawar daun Bakteri. Balitpa (unpublished).
- Triny, S.K., I.N. Widiarta, A. Daradjat, I. Las., Suryadi, dan Y. Hidayat. 2004. Current status of bacterial blight of rice in Indonesia. Paper presented at the 1st International Conference on Bacterial Blight of Rice. March 17-19, 2004. Japan. (Mimeograph) pp. 12.
- Uphoff, M.D., W.R. Fehr and S.R. Cianzio. 1997. Genetic gain for soybean seed yield by three recurrent selection methods. *Crop Sci.* 37: 1155 – 1158.
- Wang, X.W., J.R. Lai, L. Fan, and R.B. Zhang. 1996. Effect of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu single dominant male-sterile gene. *J. Agric. Sci.* 126: 397-402.
- Yamamoto, T., R.H. Hifni, M. Machmud, T. Nishizawa, dan D.M. Tantera. 1977. Variation in pathogenicity of *Xanthomonas oryzae* and resistance of rice varieties to the pathogen. *Contribution* 28. Centr. Res. Inst. Agric. Bogor. 22p.