

## INTISARI

Penyakit hawar daun bakteri yang disebabkan oleh *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (Xoo) merupakan kendala utama produksi padi di Jawa Timur. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik dan virulensi isolat Xoo asal Jawa Timur menggunakan galur isogenik IRBB dan analisis Rep-PCR berbasis elemen repetitif IS1112. Sebanyak 264 isolat dikoleksi dari 17 kabupaten, di mana 94 isolat dikonfirmasi secara molekuler melalui primer spesifik Xoo2976F/R (337 pb). Hasil karakterisasi virulensi pada 13 galur diferensial mengungkapkan keragaman patotipe yang luas dengan dominasi galur-galur baru yang berbeda dari klasifikasi standar Indonesia. Gen resistensi *Xa13* dan strategi *gene pyramiding* (IRBB66 dan IRBB60) menunjukkan tingkat efektivitas tertinggi, sementara gen *Xa21* mulai mengalami patah ketahanan. Analisis molekuler menggunakan IS1112 mengelompokkan isolat ke dalam delapan klaster, dengan Klaster VB sebagai kelompok paling dominan. Temuan krusial menunjukkan hubungan linier antara Klaster IIIB (Haplotipe H7) dengan tingkat virulensi tinggi, yang mencakup isolat standar XP 8, XP 16, dan XP 24 (Patotipe XII). Adanya mikro-evolusi dalam Klaster IIIB dan munculnya isolat virulensi tinggi di luar klaster utama (anomali genetik) mengindikasikan terjadinya pergeseran genetik (*genetic shift*) pada populasi Xoo di lapangan. Haplotipe H7 diidentifikasi sebagai prediktor virulensi yang akurat untuk pemantauan dini patogen. Penelitian ini menegaskan pentingnya penggunaan kombinasi gen ketahanan untuk mengantisipasi dinamika populasi Xoo yang adaptif di Jawa Timur.

**Kata kunci:** haplotipe, IS1112, patotipe, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*

## ABSTRACT

Bacterial leaf blight (BLB), caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*), remains a significant threat to rice production in East Java, Indonesia. This research was conducted to analyze the genetic diversity and virulence profiles of *Xoo* isolats using IRBB isogenic lines and Rep-PCR analysis based on the IS1112 *Repetitive element*. A total of 264 isolats were collected from 144 samples across 17 districts in East Java, of which 94 isolats were molecularly confirmed using specific primers *Xoo2976F/R*, producing a consistent 337 bp amplicon. Virulence characterization using 13 differential IRBB lines revealed a broad spectrum of pathotypes, predominantly consisting of novel strains that do not align with existing Indonesian standard pathotype classifications. While the *Xa21* gene showed a significant reduction in effectiveness with a 39.13% susceptibility rate, the recessive gene *Xa13* remained stable. Furthermore, gene pyramiding in IRBB66 and IRBB60 provided the most robust protection. Molecular analysis via IS1112 successfully categorized the isolats into eight distinct clusters. A pivotal finding was the strong linear correlation between Cluster IIIB (Haplotype H7) and high virulence levels, encompassing the highly aggressive standard isolats XP 8, XP 16, and XP 24 (Pathotype XII). The detection of micro-evolution within Cluster IIIB and genetic anomalies—highly virulent isolats appearing in dominant moderate clusters—indicates an ongoing genetic shift in the field. Consequently, Haplotype H7 serves as a reliable molecular predictor for high-virulence strains. These findings underscore the necessity of deploying multi-gene resistance varieties to mitigate the impact of the highly adaptive *Xoo* populations in East Java.

**Keywords:** haplotype, IS1112, pathotype, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*