

KERAGAMAN KARAKTER KOMPONEN HASIL BEBERAPA POPULASI S₄ JAGUNG MANIS (*Zea mays* L. *saccharata* Sturt)

DIVERSITY OF YIELD COMPONENT CHARATERS OF SOME POPULATIONS S₄ SWEET CORN (*Zea mays* L. *saccharata* Sturt)

Erliza Rizki Firdaos^{1*)}, M. Jaenun²⁾, Darmawan Saptadi¹⁾, Arifin Noor Sugiharto¹⁾

¹⁾Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Brawijaya
Jl. Veteran, Malang 65145, Jawa Timur, Indonesia

²⁾Dinas Pertanian dan Ketahanan Pangan, Jawa Timur

^{*)}E-mail: rizkifirdaos@gmail.com

ABSTRAK

Jagung manis adalah salah satu anggota tanaman jagung yang telah banyak dibudidayakan di Indonesia. Jagung manis lebih digemari karena rasanya lebih manis dari jagung biasa. Peningkatan jumlah produksi ketersediaan jagung manis dapat dilakukan dengan cara perluasan areal tanam ataupun dengan penggunaan varietas berdaya hasil tinggi. Dalam kegiatan pemuliaan tanaman, peningkatan produksi tanaman lebih ditekankan pada penggunaan varietas berdaya hasil tinggi. Salah satu cara yang dilakukan adalah melalui kegiatan seleksi tanaman. Melalui kegiatan seleksi tanaman yang berpotensi berdaya hasil tinggi dipilih untuk dijadikan varietas yang unggul. Kegiatan seleksi pada tahap awal hasil persilangan akan diperoleh tanaman dengan keragaman genetik yang luas. Tanaman terseleksi akan dipilih dan dikembangkan sehingga menjadi tanaman yang seragam. Populasi tanaman yang seragam ditunjukkan melalui keragaman tanaman yang sempit. Keragaman sempit pada tanaman akan diperoleh pada generasi lanjut. Penelitian dilaksanakan di Desa Dadaprejo, Kecamatan Junrejo, Kota Batu pada bulan Desember 2013 sampai April 2014. Tujuan penelitian adalah untuk mengetahui keragaman genetik dan kelayakan karakter pada generasi S₄ jagung manis sebagai bahan seleksi lanjut. Bahan yang digunakan adalah 14 galur jagung manis, pupuk dan pestisida. Jagung manis ditanam pada petakan lahan dengan

menggunakan Rancangan Acak Kelompok sebanyak dua ulangan. Hasil penelitian dari generasi ke empat tanaman jagung manis menunjukkan karakter jumlah daun, tinggi tanaman, panjang tongkol dan panjang kelobot pada sebagian besar populasi memiliki keragaman genetik sempit. Karakter tanaman dengan keragaman genetik sempit pada populasi tanaman dapat dipilih kembali untuk meningkatkan keseragaman dan homozigot tanaman pada generasi selanjutnya untuk mendapatkan populasi yang seragam keseluruhan.

Kata kunci: Jagung manis, Seleksi, Keragaman genetik, Seragam.

ABSTRACT

Sweet corn is one of maize that have been cultivated in Indonesia. It is more popular because taste sweeter than yellow corn. Increased availability production quantities of sweet corn can be done by expansion of planting area or use high yield varieties. In plant breeding activity, increase in crop production is more emphasis on use high yield varieties. One way to do is through the selection of crops. Through the selection of potential crops with high yield will be selected to made superior varieties. Selection activity in early stage of crossbred will available to plants with widegenetic diversity. Selected plants will be selected and developed to get uniform crop. Uniform populations demonstrated through a narrow plant diversity. Narrow diversity of plant will

obtained in next generation. The research was conducted in Dadaprejo village, Junrejo district, Batu city in December 2013 to April 2014. The research objective is to determine feasibility of genetic diversity and character of sweet corn S₄ generation as further selection material. The materials used are 14 strains of sweet corn, fertilizers and pesticides. It grown on plots by using randomized block design with two replications. The results from the fourth generation of sweet corn plants show the character number of leaves, plant height, cob length, and cornhusk long in the majority of the populations have a narrow genetic diversity. Plant characters with narrow genetic diversity in plant populations can be reselected to improve uniformity and homozygous plants in the next generation to get a uniform population.

Keywords: Sweet Corn, Selection, Genetic Diversity, Uniform.

PENDAHULUAN

Jagung manis adalah salah satu jenis tanaman berbiji dari famili *Poaceae*. Jagung manis dilaporkan sebagai mutan dari ladang jagung dengan ditandai setidaknya memiliki satu dari delapan mutan gen (Jyotikaul *et al.*, 2012). Jagung manis termasuk dalam salah satu jenis tanaman yang banyak dibudidayakan di Indonesia terutama sebagai bahan pangan, untuk konsumsi segar dan bahan baku atau olahan dari industri makanan (Alan *et al.*, 2013). Pada jagung manis, rasa manis dipengaruhi oleh jumlah gula dan pati di endosperm (Szymanek, 2009). Rasa manis tidak hanya ditentukan oleh genetik, tetapi juga cara penanganan dan panen setiap varietas. Durga *et al.* (2012) juga menyatakan pengelolaan tanaman memainkan peran penting dalam dalam mewujudkan rasa manis pada tongkol selain susunan genetik. Potensi pengembangan jagung manis di Indonesia cukup baik mengingat kebutuhan bahan pangan yang semakin meningkat maka ketersediaan bahan pangan perlu ditingkatkan untuk mengimbangi permintaan jagung manis yang makin meningkat. Penggunaan varietas berproduksi tinggi

dapat menjadi salah satu alternatif selain perluasan areal tanam. Hasil jagung adalah sifat kuantitatif paling penting dan kompleks yang dikendalikan oleh banyak gen (Ishaq *et al.*, 2015). Perakitan varietas berproduksi tinggi dapat diperoleh melalui kegiatan pemuliaan tanaman.

Metode pemuliaan tanaman yang paling dikenal dan telah dipraktekkan berabad-abad ialah seleksi (Tjitroso, 2010). Seleksi tanaman dilakukan dengan pemilihan dan pengambilan bahan tanam dari tanaman yang telah ada untuk dipilih dengan memperhatikan karakter yang diinginkan. Dua hal yang menentukan keberhasilan seleksi adalah nilai keragaman dan heritabilitas. Nilai keragaman menunjukkan besarnya variasi yang ada dalam populasi tanaman. Nilai keragaman yang baik sebagai sumber seleksi adalah keragaman yang memiliki nilai yang luas. Menurut Bello *et al.* (2012), variabilitas genetik untuk karakter agronomi adalah komponen kunci dari program pemuliaan untuk memperluas gen pool tanaman. Tingginya keragaman tanaman dapat meningkatkan respon seleksi tanaman. Nilai heritabilitas merupakan suatu petunjuk seberapa besar suatu karakter atau sifat dipengaruhi oleh faktor genetik atau lingkungan (Hartati *et al.*, 2012). Heritabilitas yang tinggi pada tanaman dapat membantu dalam mempermudah seleksi tanaman dengan menunjukkan kemajuan seleksi dari hasil pendugaan nilai heritabilitas yang diperoleh. Menurut Martono (2009), nilai dugaan heritabilitas suatu karakter perlu diketahui untuk menduga kemajuan dari suatu seleksi, apakah karakter tersebut banyak dipengaruhi oleh faktor genetik atau lingkungan karena heritabilitas dalam arti luas merupakan proporsi ragam genetik terhadap fenotipiknya. Makin besar nilai heritabilitas, makin besar kemajuan seleksi yang diraihinya dan makin cepat varietas unggul dilepas (Jameela *et al.*, 2014)

Karakter tanaman dapat dibedakan menjadi dua, yaitu karakter kualitatif dan kuantitatif. Karakter kualitatif ialah karakter yang dapat dilihat ada atau tidaknya saja dan tidak diukur nilai atau derajatnya. Karakter kuantitatif ialah karakter yang

dapat diukur nilai atau derajatnya (Yatim, 1986). Karakter kuantitatif pada tanaman dapat menunjukkan kuantitas produksi tanaman melalui hasil fenotip tanaman yang ditampilkan.

BAHAN DAN METODE PENELITIAN

Percobaan dilaksanakan di lahan tegal Desa Dadaprejo Kecamatan Junrejo Kota Batu. Waktu pelaksanaan penelitian pada Desember 2013 sampai April 2014. Bahan yang dipakai adalah populasi jagung manis generasi ke empat selfing. Insektisida dengan bahan aktif *profenofos* 500g/l dan fungisida *pyraclostrobin* 250g/l, pupuk organik, pupuk NPK, SP-36, dan KCl.

Rancangan percobaan yang dipakai pada penelitian adalah Rancangan Acak Kelompok dengan 14 perlakuan (14 galur jagung manis). Pelaksanaan penelitian diawali dengan pengolahan lahan, penanaman, pemeliharaan, panen dan pengamatan. Parameter pengamatan berupa karakter kuantitatif tanaman. Karakter kuantitatif yang diamati meliputi tinggi tanaman, jumlah daun, letak tongkol, tinggi tongkol, panjang tongkol, panjang tangkai tongkol, jumlah baris dan panjang kelobot.

Nilai duga heritabilitas arti luas dihitung dengan rumus:

$$h^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P}$$

keterangan:

h^2 = nilai duga heritabilitas arti luas

σ^2_G = nilai ragam genetik

σ^2_P = nilai ragam fenotip

kriteria nilaiduga heritabilitas (h^2) menurut Stansfield dalam Boer (2011), yaitu tinggi jika $h^2 > 0,50$, sedang jika $0,2 \leq h^2 \leq 0,50$ dan rendah jika $h^2 < 0,20$.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Varian data menggambarkan suatu sebaran data pada suatu data kuantitatif. Hasil analisis varian pada tabel 1 menunjukkan bahwa pada sebagian besar karakter yang diamati menunjukkan perbedaan yang nyata kecuali karakter jumlah baris dan panjang kelobot.

Tabel 1 Hasil Analisis Varian Karakter-Karakter Pada Jagung Manis

Karakter	Rerata	KT	Nilai f
Tinggi Tanaman	126,78	85,9	7,22*
Jumlah Daun	11,9	1,1	2,75*
Letak tongkol	5,76	0,7	3,5*
Tinggi Tongkol	61,02	156,6	4,08*
Panjang Tongkol	15,63	3,1	6,2*
Panjang Tangkai	6,6	2,9	3,2*
Jumlah Baris	15,46	1,4	1,17tn
Panjang Kelobot	23,2	1,8	1,13tn

Keterangan : *= berbeda nyata pada taraf 0,05; tn= tidak berbeda nyata pada taraf 0,05.

Tabel 2 Rerata Karakter Tinggi Tanaman, Jumlah Daun, Letak Tongkol, Tinggi Tongkol, Panjang Tongkol, Panjang Tangkai Tongkol, Jumlah Baris Biji dan Panjang Kelobot

Populasi	TT	JD	LTo	TTo	PTo	PTaTo	JBB	PK
T1	126,4 cd	10,7 a	5,2 abc	61,5 bcd	14,3 a	5,7 ab	14,5 a	23,7 ab
T2	124,8 cd	11,4 abc	5,2 abc	67,3 cde	14,3 a	5,6 ab	15 a	22,4 a
T3	140 e	11,6 abcd	5,5 abcdef	69,6 de	15,1 abc	5,3 a	15 ab	23,6 ab
T4	130,6 d	11,5 abcd	5,4 abcde	70,5 de	15,1 abc	5,9 ab	15,4 ab	25,6 b
T5	131,5 d	11,5 abcd	5 ab	77,7 e	14,6 a	6,2 abc	15,6 ab	22,5 a
T6	127,6 cd	11,5 abcd	5,3 abcd	69,4 de	15,4 abc	5,3 a	15,8 ab	22,9 ab
T7	116,7 ab	11,1 ab	4,9 a	53 abc	14,9 ab	5,1 a	14,2 a	22,7 ab
T8	113 a	11,7 abcde	6,1 cdefg	45,2 a	15,8 abc	6,5 abc	15,6 ab	22,9 ab
T9	126,2 cd	13 de	6,5 fg	57,7 abcd	17,8 d	8,7 e	16 ab	21,9 a
T10	122,3 bc	12,6 cde	6,6 g	51,6 ab	18,1 d	7,9 cde	15,8 ab	22,1 a
T11	130,9 d	12,5 bcde	6,3 defg	56,7 abcd	15,6 abc	7,3 bcde	15,2 ab	23,9 ab
T12	130,1 cd	13,2 e	6,4 efg	58,4 abcd	16,7 cd	8,6 de	15,8 ab	23,6 ab
T13	126,6 cd	11,8 abcde	6 bcdefg	59,1 bcd	14,4 a	6,7 abcd	17,6 b	22,9 ab
T14	128 cd	12,4 bcde	6,2 cdefg	56,2 abcd	16,4 bcd	7,3 bcde	14,8 a	23,8 ab

Keterangan: TT=Tinggi Tanaman, JD=Jumlah Daun, LTo=Letak Tongkol, TTo=Tinggi Tongkol, PTo=Panjang Tongkol, PtaTo=Panjang Tangkai Tongkol, JBB=Jumlah Baris Biji dan PK=Panjang Kelobot.

Hal ini memberi informasi bahwa perlakuan populasi yang berbeda pada empat belas jagung manis hasil selfing memberikan pengaruh nyata pada sebagian besar karakter tanaman kecuali karakter jumlah baris dan panjang kelobot. Hasil uji lanjut Duncan 5% (Tabel 2) menunjukkan pengaruh populasi yang berbeda pada karakter tinggi tanaman dapat menyebabkan adanya perbedaan nyata pada populasi T8 yang memiliki rerata terkecil dengan populasi T3 yang memiliki ukuran rerata tinggi terbesar. Populasi T8 sebagai populasi dengan rerata terkecil tidak berbeda nyata dengan populasi T7. Sementara pada karakter jumlah daun perbedaan nyata terlihat pada populasi T1 dengan T12 yang memiliki jumlah rerata daun terbanyak. Jumlah daun pada populasi T1 tidak berbedanyata dengan 8 populasi lain, yaitu T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8 dan T13.

Pada karakter letak tongkol, perbedaan nyata terdapat pada populasi T7 dengan T10. Populasi T7 yang memiliki rerata terkecil tidak berbedanyata dengan 6 populasi lain, yaitu mulai dari populasi T1 sampai dengan T6. Populasi T8 pada karakter tinggi tongkol memiliki nilai rerata terkecil dengan nilai 45,2 tidak berbeda nyata dengan populasi T7, T9, T10, T11, T12, dan T14. Perbedaan nyata terlihat

dengan populasi T1, T2, T3, T4, T5, T6 dan T13.

Rerata populasi T1 dan T2 memiliki nilai yang sama, yaitu 14,3. Nilai pada kedua populasi adalah rerata terkecil pada karakter panjang tongkol. Kedua populasi ini tidak berbeda nyata dengan populasi T3, T4, T5, T6, T7, T8, T11 dan T13. Semua populasi tersebut berbeda nyata dengan populasi T9 dan T10 yang memiliki rerata panjang tongkol 17,8 dan 18,1. Populasi T7 pada karakter panjang tangkai tongkol memiliki nilai rerata terkecil dan tidak berbeda nyata dengan populasi T1, T2, T3, T4, T5, T6, T8 dan T13. Perbedaan nyata terlihat pada populasi T7 dengan T9 yang memiliki rerata nilai terbesar dan T10 sampai dengan T14 kecuali T13.

Karakter jumlah baris biji dan panjang kelobot tidak menunjukkan perbedaan yang nyata antar populasi. Notasi yang ditunjukkan pada rerata setiap populasi menunjukkan nilai terkecil dari setiap populasi karakter tidak berbeda nyata dengan dua belas populasi lain. Perbedaan notasi hanya terlihat antara nilai terbesar dan terkecil pada masing-masing karakter.

Pada sebagian besar karakter jagung terdapat perbedaan yang nyata antar populasi. perbedaan yang nyata terjadi di dalam pertumbuhan tanaman jagung diakibatkan oleh adanya faktor genetik dan faktor lingkungan (Hijria *et al.*, 2012).

Tabel 3 Nilai Koefisien Keragaman Genetik Tinggi Tanaman, Jumlah Daun, Letak Tongkol, Tinggi Tongkol, Panjang Tongkol, Panjang Tangkai Tongkol, Jumlah Baris Biji dan Panjang Kelobot

Populasi	TT	JD	LTo	TTo	PTo	PtaTo	JBB	PK
T1	5,50	5,42	0,00	15,43	3,35	25,89	6,90	4,03
T2	1,66	3,92	8,60	5,34	6,25	14,49	9,43	5,82
T3	2,40	4,72	9,96	7,86	6,60	7,93	5,96	8,05
T4	2,07	7,78	16,56	9,05	5,48	19,95	7,11	7,92
T5	4,35	4,76	8,94	4,13	8,72	22,63	7,02	7,84
T6	3,20	4,76	0,00	13,61	6,75	33,75	16,50	7,79
T7	9,88	4,93	9,13	7,13	4,96	26,27	7,71	14,83
T8	6,87	9,36	8,98	4,31	9,03	27,86	7,02	13,18
T9	0,00	5,44	10,88	18,37	1,94	4,12	8,84	1,64
T10	6,71	4,35	8,30	8,91	4,77	26,41	6,93	9,78
T11	4,39	8,00	8,00	4,14	9,60	36,40	0,00	5,91
T12	10,93	6,78	13,07	11,59	13,74	31,62	13,87	2,77
T13	4,35	8,45	9,57	4,88	23,08	24,41	17,30	4,53
T14	7,40	7,21	7,21	10,30	9,29	15,51	9,56	3,00

Keterangan: TT= tinggi tanaman, JD= jumlah daun, Lto= letak tongkol, TTo= tinggi tongko, Pto= panjang tongkol, PtaTo=panjang tangkai tongkol, JBB= jumlah baris biji, PK= panjang kelobot.

Genotipe yang berbeda akan menunjukkan penampilan yang berbeda setelah berinteraksi dengan lingkungan. Hal ini memberi gambaran dengan adanya keragaman dapat memberikan sumber bahan yang melimpah dalam kegiatan seleksi. Menurut Bello *et al.* (2012), variabilitas genetik untuk karakter agronomi adalah komponen kunci dari program pemuliaan tanaman untuk memperluas gen pool tanaman.

Keragaman genetik merupakan salah satu hal yang penting dalam kegiatan pemuliaan tanaman. Semakin tinggi keragaman genetik semakin tinggi pula peluang untuk mendapatkan sumber gen bagi karakter yang diperbaiki (Boer. 2011). Keberadaan sumber genetik yang banyak dapat digunakan dalam perakitan tanaman yang dikehendaki.

Hasil nilai koefisien keragaman genetik pada tabel 3 menunjukkan karakter tinggi tanaman tiga belas populasi memiliki kriteria yang rendah dan satu populasi memiliki koefisien keragaman sedang dengan nilai 10,93% pada populasi T12. Koefisien keragaman genetik yang rendah menunjukkan bahwa karakter tinggi tanaman memiliki keragaman genetik sempit. Menurut Hijira *et al.* (2012), semakin tinggi keragaman genetik semakin tinggi peluang untuk mendapatkan sumber gen bagi karakter yang akan diperbaiki. Berdasarkan pernyataan Hijria, maka peluang untuk mendapatkan sumber gen yang akan diperbaiki semakin rendah. Pada karakter jumlah daun, keseluruhan populasi menunjukkan keragaman genetik sempit. Keragaman genetik sempit pada karakter jumlah daun menunjukkan karakter jumlah daun tanaman telah cukup seragam sehingga kegiatan seleksi untuk mendapatkan tanaman yang homozigot telah mendekati tahap akhir. Terdapat tiga populasi memiliki koefisien keragaman genetik sedang pada karakter letak tongkol, yaitu populasi T4, T9, dan T12. Tiga populasi dengan keragaman genetik sedang pada karakter letak tongkol akan membutuhkan waktu yang lebih panjang dalam penyeragaman karakter dibandingkan dengan populasi lain yang memiliki keragaman genetik rendah.

Sebelas populasi lain dengan koefisien keragaman genetik rendah dapat dipilih untuk bahan seleksi untuk periode berikutnya karena akan diperoleh populasi yang seragam dengan waktu yang lebih singkat. Nilai koefisien keragaman genetik tertinggi pada karakter tinggi tongkol adalah 18,37% yang dimiliki oleh populasi T9. Populasi lain dengan kriteria sedang seperti populasi T9 yaitu, T1, T6, T12 dan T14. Selain populasi tersebut memiliki nilai koefisien keragaman genetik yang rendah.

Pada karakter panjang tongkol terdapat populasi dengan nilai koefisien keragaman genetik sedang yaitu T12 dan populasi dengan koefisien keragaman genetik tinggi yaitu T13. Besar nilai koefisien keragaman genetik masing populasi adalah 13,74% dan 23,08%. Populasi T13 memiliki koefisien keragaman tinggi sehingga termasuk dalam keragaman genetik luas. Populasi tanaman lain memiliki keragaman genetik yang sempit. Keragaman genetik sempit pada populasi panjang tangkai tongkol hanya terdapat pada dua populasi jagung, yaitu T3 dan T9. Besar nilai koefisien keragaman genetik masing-masing populasi adalah 7,93% dan 4,12%. Tiga populasi jagung memiliki nilai koefisien keragaman sedang, yaitu T2, T4, dan T14. Sembilan populasi lain, yaitu T1, T5, T6, T7, T8, T10, T11, T12 dan T13 menunjukkan hasil koefisien keragaman genetik tinggi. Sebagian besar populasi pada generasi ke empat masih kurang sesuai untuk diteruskan sebagai bahan tanam berdasarkan karakter panjang tangkai tongkol karena keragaman yang masih tinggi. Keragaman yang tinggi akan memerlukan waktu penyeragaman yang lebih lama untuk mendapatkan tanaman yang seragam dan homozigot. Pada karakter jumlah baris biji, populasi dengan keragaman sempit cukup banyak. Populasi dengan keragaman genetik sempit antara lain T1, T2, T3, T4, T5, T7, T8, T9, T10, T11 dan T14. Sebagian besar populasi telah memiliki keragaman genetik sempit dan untuk mendapatkan tanaman yang seragam pada karakter jumlah baris dapat ditempuh dalam waktu yang lebih singkat. Populasi dengan nilai koefisien keragaman genetik sedang ditemukan pada tiga populasi lain, yaitu T6, T12, dan T13. Karakter panjang

kelobot juga menunjukkan sebagian besar populasi telah memiliki keragaman genetik sempit kecuali populasi T7 dan T8. Kedua populasi memiliki nilai koefisien keragaman genetik sedang. Besar nilai koefisien keragaman genetik kedua populasi berturut-turut adalah 14,83% dan 13,18%.

Nilai keragaman genetik pada setiap populasi jagung dapat digunakan sebagai pertimbangan untuk pemilihan populasi mana yang dapat dipakai sebagai bahan tanaman pada musim berikutnya. Selain keragaman genetik, heritabilitas juga perlu dipertimbangkan dalam pemilihan tanaman yang diseleksi. Populasi dengan keragaman genetik yang sempit lebih dipilih untuk musim tanam selanjutnya karena penyeragaman tanaman pada generasi lanjut lebih cepat tercapai. Efek selfing dapat menyebabkan terjadinya keseragaman atau kehomozigotan menjadi lebih tinggi dibandingkan pada populasi sebelumnya (Lubis *et al.*, 2013). Pengaruh buruk dari hasil selfing yang berlanjut akan dapat menurunkan vigor dan sifat baik tanaman.

Pada tabel 4 ditampilkan nilai duga heritabilitas yang menunjukkan penampilan karakter yang ditimbulkan lebih dipengaruhi oleh faktor genetik atau faktor lingkungan. Populasi jagung manis pada karakter tinggi tanaman dengan nilai heritabilitas tinggi antara lain T1, T3, T4, T5, T6, T7, T10, T11, T12 dan T14. Tiga populasi lain memiliki nilai heritabilitas sedang yaitu T2, T8 dan T13. Sepuluh populasi jagung dengan nilai heritabilitas tinggi menunjukkan bahwa karakter lebih dipengaruhi oleh faktor genetik dibandingkan dengan faktor lingkungan dalam memunculkan karakter tinggi tanaman. Keseluruhan populasi pada karakter jumlah daun memiliki nilai heritabilitas arti luas yang tinggi. Nilai heritabilitas karakter jumlah daun terkecil terdapat pada populasi T1 dengan nilai 0,54. Hal ini menunjukkan pada penampilan karakter jumlah daun secara keseluruhan lebih dipengaruhi faktor genetik pada generasi ke empat hasil selfing. Pada karakter letak tongkol, terdapat dua populasi dengan nilai heritabilitas yang rendah. Populasi dengan heritabilitas rendah pada karakter letak tongkol adalah T1 dan T6.

Sementara dua belas populasi jagung lain memiliki nilai heritabilitas tinggi. Banyaknya populasi yang memiliki nilai heritabilitas tinggi pada karakter letak tongkol menunjukkan sebagian besar populasi lebih dipengaruhi oleh faktor genetik dibandingkan dengan faktor lingkungan, sebaliknya dua populasi lain lebih dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Nilai duga heritabilitas terkecil pada karakter tinggi tongkol adalah 0,21. Nilai terkecil terdapat pada populasi T11. Populasi T11 termasuk dalam kriteria heritabilitas sedang karena nilainya masih berada diantara 0,2 dan 0,5. Jumlah populasi jagung dengan heritabilitas sedang berjumlah 4 populasi. 4 populasi tersebut adalah T2, T3, T8 dan T11. 10 populasi lain memiliki nilai heritabilitas yang termasuk tinggi.

Pada karakter panjang tongkol diketahui terdapat tiga populasi dengan heritabilitas sedang. Ketiga populasi dengan heritabilitas sedang tersebut adalah T1, T9 dan T10. Nilai heritabilitas ketiga populasi berturut-turut adalah 0,36; 0,23 dan 0,50. Populasi lain memiliki nilai heritabilitas yang tinggi. Nilai heritabilitas tertinggi terdapat pada populasi T7. Terdapat satu populasi dengan nilai heritabilitas rendah pada karakter panjang tangkai tongkol. Populasi yang memiliki nilai heritabilitas rendah adalah T9 dengan nilai heritabilitas 0,13. Dua populasi lain memiliki nilai heritabilitas sedang yaitu T3 dan T12. Sebelas populasi lain menunjukkan nilai heritabilitas yang tinggi. Pada karakter panjang tangkai tongkol, nilai heritabilitas tertinggi terdapat pada populasi T4 dengan nilai 0,98. Nilai heritabilitas karakter jumlah baris pada populasi T11 menunjukkan nilai yang rendah, sementara satu populasi lain yaitu T10 memiliki nilai heritabilitas sedang dengan nilai heritabilitas 0,48. Nilai heritabilitas yang rendah pada kedua populasi ini menginformasikan bahwa karakter yang ditimbulkan pada penampilan jumlah baris lebih dipengaruhi faktor lingkungan dibandingkan genetik tanaman. Dua belas populasi jagung lain pada karakter jumlah baris biji memiliki nilai heritabilitas yang tinggi, yaitu lebih besar dari 0,5. Nilai yang tinggi ini menunjukkan kedua belas populasi memiliki karakter yang

lebih dikendalikan oleh faktor genetik. Karakter yang telah diketahui pengaruh genetik tanaman lebih berpengaruh pada penampilan karakter yang muncul dapat memudahkan dalam memprediksi keturunan berikutnya dari bahan tanam sebelumnya. Pada karakter panjang kelobot terdapat empat populasi dengan nilai heritabilitas sedang. Empat populasi dengan heritabilitas sedang, yaitu T9, T11, T12 dan T14. Sepuluh populasi lain memiliki nilai heritabilitas yang tinggi. nilai heritabilitas tertinggi terdapat pada populasi T7 dengan nilai heritabilitas 0,98.

Nilai heritabilitas dapat digunakan untuk membantu dalam pemilihan populasi mana yang dapat dipakai dalam meningkatkan keseragaman tanaman pada karakter tertentu yang telah ditetapkan. Populasi dengan karakter yang telah ditetapkan dapat dipilih untuk bahan tanam selanjutnya ketika memiliki nilai heritabilitas yang tinggi. Tanaman pada generasi berikutnya akan memiliki peluang lebih besar untuk memiliki penampilan yang mirip dengan generasi sebelumnya karena dalam memunculkan sifat karakter lebih dipengaruhi oleh faktor internal berupa genetik tanaman. Menurut pernyataan Hijria *et al.*, (2012) karakter yang memiliki nilai heritabilitas tinggi, faktor genetik lebih berperan dibandingkan faktor lingkungan dalam penampilan suatu fenotip dan semakin besar peluang untuk diwariskan ke keturunannya.

Tabel 5 menunjukkan korelasi antar masing-masing karakter tanaman. Korelasi antar karakter tanaman memiliki nilai dua arah, yaitu positif dan negatif. Nilai positif menunjukkan hubungan antar karakter adalah searah, sebaliknya nilai negatif menunjukkan hubungan antar karakter adalah berlawanan. Dari tabel 5 terlihat karakter tinggi tanaman berkorelasi positif kuat dengan tinggi tongkol jagung. Hasil penelitian Bakele dan Rao (2014) menunjukkan korelasi yang serupa, karakter tinggi tanaman dan tinggi tongkol memiliki hubungan yang kuat. Nilai korelasi antara tinggi tanaman dan tinggi tongkol mencapai 0,71. Besarnya nilai korelasi pada kedua karakter tersebut menunjukkan kedua karakter memiliki hubungan yang cukup erat. Hal ini berarti bahwa semakin tinggi tanaman maka karakter tinggi tongkol akan semakin tinggi. Korelasi positif antara tinggi tanaman dan tinggi tongkol dapat dipertimbangkan dalam perbaikan tanaman (Sumalini dan Manjulata, 2012). Jumlah daun tanaman memiliki korelasi yang kuat dengan letak tongkol, panjang tongkol dan panjang tangkai tongkol. Hal ini diduga besarnya jumlah daun yang dimiliki mampu meningkatkan jumlah produksi tanaman karena jumlah daun berkorelasi kuat dengan panjang tongkol. Letak tongkol jagung menunjukkan korelasi kuat dengan karakter panjang tongkol dan panjang tangkai tongkol.

Tabel 4 Nilai duga heritabilitas Tinggi Tanaman, Jumlah Daun, Letak Tongkol, Tinggi Tongkol, Panjang Tongkol, Panjang Tangkai Tongkol, Jumlah Baris Biji dan Panjang Kelobot

Populasi	TT	JD	LTo	TTo	PTo	PtaTo	JBB	PK
T1	0,68	0,54	0,00	1,00	0,36	0,93	1,00	0,76
T2	0,44	0,58	0,89	0,38	0,64	0,73	0,71	0,59
T3	0,69	0,74	0,74	0,40	0,71	0,43	0,67	0,75
T4	0,56	1,00	1,00	0,81	0,77	0,98	0,68	0,66
T5	0,73	1,00	1,00	0,69	0,81	0,73	0,63	0,56
T6	0,62	0,74	0,00	0,89	0,75	0,80	0,90	0,70
T7	0,92	0,63	0,90	0,51	0,99	0,85	0,77	0,98
T8	0,43	0,84	0,55	0,25	0,73	0,85	0,68	0,96
T9	0,00	1,00	1,00	0,91	0,23	0,13	1,00	0,45
T10	0,94	0,78	0,74	0,73	0,50	0,96	0,48	0,93
T11	0,75	1,00	0,66	0,21	0,84	0,72	0,00	0,46
T12	0,95	0,68	0,80	0,83	0,75	0,44	0,87	0,35
T13	0,47	0,92	1,00	0,53	0,84	0,85	0,94	0,79
T14	0,95	0,89	0,67	0,90	0,79	0,82	0,61	0,40

Keterangan: TT= tinggi tanaman, JD= jumlah daun, Lto= letak tongkol, TTo= tinggi tongko, Pto= panjang tongkol, PtaTo=panjang tangkai tongkol, JBB= jumlah baris biji, PK= panjang kelobot.

Tabel 5 Korelasi Antar Karakter Tanaman Jagung Manis

Karakter	TT	JD	LTo	TTo	PTo	PTaTo	JBB	PK
TT	1	0,13	-0,06	0,71	-0,13	-0,01	0,06	0,41
JD		1	0,88	-0,35	0,82	0,93	0,38	-0,14
LTo			1	-0,60	0,81	0,89	0,43	-0,11
TTo				1	-0,50	-0,43	-0,01	0,23
Pto					1	0,81	0,16	-0,29
PTTo						1	0,40	-0,19
JBB							1	-0,20
PK								1

Keterangan: TT= tinggi tanaman, JD= jumlah daun, Lto= letak tongkol, TTo= tinggi tongko, Pto= panjang tongkol, PtaTo=panjang tangkai tongkol, JBB= jumlah baris biji, PK= panjang kelobot.

Besar nilai korelasi dengan kedua karakter tersebut berturut-turut adalah 0,81 dan 0,89. Korelasi negatif terjadi antara karakter letak tongkol dengan tinggi tongkol. Besar korelasi negatif antara letak tongkol dan tinggi tongkol adalah -0,60. Berdasarkan klasifikasi oleh Yamin dan Kurniawan (2009), korelasi negatif antara karakter letak tongkol dan tinggi tongkol termasuk dalam korelasi sedang.

KESIMPULAN

Pada tanaman generasi lanjut diperlukan keragaman yang sempit pada karakter yang telah ditentukan untuk mendapatkan tanaman yang seragam. Karakter tinggi tanaman, jumlah daun, letak tongkol, panjang tongkol dan jumlah baris biji pada sebagian besar populasi telah menunjukkan keragaman genetik sempit. Populasi tanaman dengan keragaman genetik sempit dan nilai duga heritabilitas yang tinggi pada karakter yang ditentukan dapat dipilih untuk periode tanam berikutnya. Keseragaman karakter tanaman pada generasi lanjut menjadi tujuan pada kegiatan seleksi tanaman. Waktu untuk mencapai tanaman yang seragam dan homozigot akan semakin singkat dengan sempitnya keragaman genetik dan tingginya nilai duga heritabilitas pada karakter tanaman.

DAFTAR PUSTAKA

Alan, O., G. Kinaci, E. Kinaci, I.K. Zekiye, B. Basciftci, K. Sonmez, and Y. Evrenosoglu. 2013. Genetic Variability and Association Analysis of

Some Quantitative Characters in Sweet Corn. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici*. 41(2):404-413.

Bakele, A dan T.N. Rao. 2014. Estimates of Heritability, Genetic Advance and Correlation Study for Yield and Its Attributes in Maize (*Zea mays L.*). *Journal of Plant Sciences*. 2(1):1-4.

Bello, O.B., Ige S.A., Azeez M.A., Afolabi M.S., Abdulmalig S.Y., and Mahamood J. 2012. Heritability and Genetic Advance for Grain Yield and Its Component Characters in Maize (*Zea mays L.*). *International Journal of Plant Research*. 2(5): 138-145.

Boer, D. 2011. Analisis Variabilitas Genetik dan Koefisien Lintas Berbagai Karakter Agronomi dan Fisiologi Terhadap Hasil Biji Dari Keragaman Genetik 54 Asesi Jagung Asal Indonesi Timur. *Jurnal Agroteknos*. 1(1): 35-43.

Durga, K.K., V.S. Varma, D. Sreelatha dan V. Reddy. 2012. Influence of Planting Methods, Spacing and Fertilization on Yield and Quality of Sweet Corn. *Maize Journal*. 1(2): 121-123.

Hartati, S., A. Setiawan, B. Heliyanto dan Sudarsono. 2012. Keragaman Genetik, Heritabilitas, dan Korelasi Antar Karakter 10 Genotipe Terpilih Jarak Pagar (*Jatropha curcas L.*). *Jurnal Littri*. 18(2): 74-80.

Hijria, D. Boer dan T. Wijayanto. 2012. Analisis Variabilitas Genetik dan Heritabilitas Berbagai Karakter Agronomi 30 Kultivar Jagung (*Zea mays L.*) Lokal Sulawesi Tenggara. *Penelitian Agronomi*. 1(2): 174-183.

- Ishaq, M., H. Rahman, G. Hassan, M. Iqbal, I.A. Khalil, S.A Kha, S.A Khan, Rafiullah, dan J. Hussain. 2015.** Genetic Potential, Variability and Heritability of Various Morphological and Yield Traits Among Maize Synthetics. *Electronic Journal of Biology*. 11(4): 187-191.
- Jameela, H., A.N. Sugiharto dan A. Soegianto. 2014.** Keragaman Genetik dan Heritabilitas Karakter Komponen Hasil pada Populasi F2 Buncis (*Phaseolus vulgaris* L.) Hasil Persilangan Varietas Introduksi dengan Varietas Lokal. *Jurnal Produksi Tanaman*. 2(4): 324-329.
- Jyotikaul, Ushanara, S.K. Sharma, R. Kumar, S. Dass dan J.C. Sekhar. 2012.** Genetic Variability Studies in Elite Inbred Lines of Sweet Corn. *Maize Journal*. 1(2): 102-105
- Martono, B. 2009.** Keragaman Genetik, Heritabilitas, dan Korelasi antar Karakter Kuantitatif Nilam (*Pogostemon* sp.) hasil fusi protoplas. *Jurnal Littri*. 15(1): 9-15
- Stansfield, W.D. 1991.** Teori dan Soal-soal Genetika. Erlangga. Jakarta
- Sumalini, K. Dan G. Manjulata. 2012.** Heritability, Correlation and Path Coefficient Analysis in Maize. *Maize Journal* 1(2): 97-101.
- Szymanek, M. 2009.** Influence of Sweet Corn Harvest Date on Kernels Quality. *Research Agricultural Engeneering*. 55(1): 10-17.
- Tjitroso, S.T. 2010.** Botani Umum 4. Angkasa: Bandung.
- Yamin, S. Dan H. Kurniawan. 2009.** SPSS Complete: Teknik Analisis Statistik Terlengkap dengan Software SPSS. Salemba. Jakarta.
- Yatim, W. 1986.** Genetika. Tarsito. Bandung.