

Online ISSN 2615-6261

Print ISSN 0853-0858

Volume 34 No 2, September 2023

ZURIAT

JURNAL PEMULIAAN INDONESIA

Muslimah RN . Ramadan AM . Millah Z . Susiyanti . Hilal S . Sabda DM . Natawijaya A
Keragaan dan Keragaman Karakter Morfoagronomi pada Empat Galur Elit Melon (*Cucumis melo* L.) Berumur Genjah..... 62-72

Atsikaria . Rusmana . Firnia D . Yenny RF . Muslimah RN . Sabda DM . Natawijaya A
Pendugaan Parameter Genetik dan Seleksi Jagung Manis Hibrida Berdasarkan Karakter Hasil dan Komponen Hasil di Kecamatan Dramaga, Bogor, Jawa Barat..... 73-84

Sunandar A . Yenny RF . Hilal S . Millah Z . Sabda DM . Natawijaya A
Uji Keunggulan Calon Varietas Melon Minion (*Cucumis Melo* L.) di Desa Cikarawang Dramaga 85-93

Manalu VMP . Wirnas D . Sudarsono
Seleksi Marka SSR untuk Toleransi Terhadap Cekaman Suhu Tinggi pada Populasi F2 Padi 94-106

Qosim WA . Ningtias UA . Zubair A . Damayanti F . Wicaksono FY . Rachmadi M . Amien S
Pendugaan Parameter Genetik Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli (*Coix lacryma-jobi* L.) di Jatinangor..... 107-116

Gustiano R . Arifin OZ . Subagja J . Kurniawan . Prihadi TH . Saputra A . Ath-Thar MHF . Cahyanti W . Prakoso VA . Radona D . Kusmini II . Kristanto H
The Success of Freshwater Aquaculture Program: Nile Tilapia or “Nila” Culture In Indonesia 117-129

**FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS PADJADJARAN DAN
PERHIMPUNAN ILMU PEMULIAAN INDONESIA
(PERIPI)**



JURNAL **ZURIAT**

Volume 34 No 2 September 2023

Online ISSN 2615-6261, Print ISSN 0853-0858

PENASEHAT

Dekan Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran
Ketua Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI)

DEWAN EDITORIAL

Ketua Dewan Editor

Agung Karuniawan

Editor

Ade Ismail, Yudithia Maxiselly, Yani Maharani (UNPAD), Yudiwanti, Sulassih, Zulfikar Damaralam Sahid, Alimuddin, Dewi Sukma, Willy Bayuardi Suwarno (IPB), Alnopri, Helfi Eka Saputra (UNIB), Kuswanto (UB), Ismeth Inounu (BRIN), Anung Wahyudi (POLINELA), Nurwanita Ekasari Putri (UNAND), Abdul Hakim (UNSIL)

Reviewer

Suseno Amien, Dwi Novanda Sari, Ana Khalisa, Dedi Ruswandi (UNPAD), Haris Maulana (BRIN)

STAFF TEKNIS

Fajar Maulana Wijaya Kusumah
Yosep N. Wijaya

DISELENGGARAKAN OLEH

Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran dan Perhimpunan
Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI)

DITERBITKAN OLEH

Unpad Press berkolaborasi dengan Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI)

Diterbitkan pada bulan Mei dan September setiap tahun

ALAMAT

Departemen Budidaya Pertanian Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran Gedung
Budidaya Pertanian Lt. 2 Jl. Ir. Soekarno Km. 21, Jatinangor, Sumedang 45363 West
Java, Indonesia

Website: jurnal.unpad.ac.id/zuriat

Email: jurnal.zuriat@unpad.ac.id

KATA PENGANTAR

Zuriat Volume 34 (2) tahun 2023 ini merupakan penerbitan kembali dari jurnal yang fokus di bidang pemuliaan baik tanaman, hewan, perikanan dan biota perspektif. Kembalinya jurnal ini diharapkan dapat meningkatkan semangat berbagi keilmuan di bidang pemuliaan. Edisi ini terdapat 6 artikel yang akan kami konsistenkan agar jurnal zuriat kembali menggeliat. Kami juga membuka slot untuk topik lain-lain agar menambah khasanah wawasan pertanian dan yang terkait. Penulis-penulis pada volume baru ini berasal dari berbagai institusi. Edisi selanjutnya diharapkan dapat menggali potensi-potensi penulis muda, bertalenta serta para peneliti senior berpengalaman untuk berbagi keilmuannya. Semangat baru terbitan baru, jayalah selalu pemuliaan Indonesiaku.

Editor

INSTRUKSI PENULIS

Naskah yang memenuhi persyaratan ilmiah dapat dipublikasikan. Naskah asli dikirim ke editor sesuai dengan persyaratan penulisan seperti yang tercantum di bawah ini. Editor berhak mengubah dan menyarankan perbaikan sesuai dengan kaidah ilmu pengetahuan dan komunikasi ilmiah. Redaksi tidak dapat menerima naskah yang telah diterbitkan dalam publikasi lain.

Naskah diketik menggunakan perangkat lunak Microsoft Word, pada kertas ukuran A4 dengan panjang tulisan berkisar antara 6-15 halaman dan mengikuti template. Naskah dalam Jurnal Zuriat dapat ditulis dalam bahasa Indonesia atau bahasa Inggris dengan gaya bahasa yang efektif dan akademis.

Naskah lengkap dikirim ke redaksi disertai dengan surat pengantar dari penulis. Naskah yang dikirim terdiri dari kertas asli, soft file gambar dan bahan pelengkap lainnya. Editor menerbitkan surat penerimaan naskah kepada penulis setelah naskah dianggap layak untuk akan diterbitkan.

Persyaratan Khusus

Artikel Review

Artikel harus membahas secara kritis dan komprehensif perkembangan suatu topik yang sedang menjadi perhatian publik berdasarkan temuan-temuan baru yang didukung oleh literatur yang memadai dan mutakhir. Sebelum menulis artikel, penulis disarankan untuk menghubungi Ketua Dewan Redaksi untuk mendapatkan klarifikasi mengenai topik yang dipilih.

Sistematika penulisan artikel kupasan terdiri dari: Judul, nama penulis dan alamat korespondensi; Abstrak dengan kata kunci; Pendahuluan berisi justifikasi pentingnya topik yang dibahas; Pokok bahasan; Kesimpulan; Ucapan terima kasih; dan Daftar Pustaka.

Artikel Penelitian:

Naskah asli disusun berdasarkan atas dasar bagian-bagian berikut ini:

Judul

- Judul harus singkat dan menunjukkan identitas subjek, tujuan penelitian, dan mengandung kata kunci serta ditulis dalam Bahasa Indonesia dan Bahasa Inggris. Judul terdiri dari 6-20 kata, ditulis dengan huruf kapital kecuali nama latin yang ditulis dengan huruf miring.

Nama penulis

- Penulis harus mencantumkan nama tanpa gelar, profesi, instansi dan alamat tempat bekerja serta email penulis dengan jelas sesuai dengan etika yang berlaku. Jika ditulis oleh lebih dari satu orang penulis, penulisan urutan nama harus disesuaikan dengan tingkat kontribusi masing-masing penulis. Penulisan nama penulis pertama ditulis suku kata terakhir terlebih dahulu (meskipun bukan nama keluarga), sedangkan penulis berikutnya suku kata awal disingkat dan suku kata berikutnya ditulis lengkap. Sebagai contoh: Ade Ismail dan Yudithia Maxiselly maka ditulis menjadi Ismail, A. dan Y. Maxiselly

Abstrak

- Abstrak dibuat dalam dua bahasa (Indonesia dan Inggris) jika naskah dalam bahasa Indonesia. Isi Abstrak ditulis dengan menggunakan huruf Times New Roman, 10pt, rata kiri-kanan. Abstrak ditulis dalam paragraf singkat dan berisi penjelasan singkat tentang penelitian, tujuan, bahan, pengamatan utama, hasil dan kesimpulan. Abstrak tidak boleh melebihi 250 kata. Abstrak tidak boleh berisi singkatan atau referensi yang tidak didefinisikan.

Pendahuluan

- Pendahuluan harus memberikan informasi latar belakang yang diperlukan oleh pembaca umum, lengkap dan ringkas. Publikasi sebelumnya yang menjadi dasar penelitian yang diterbitkan harus dikutip.

Bahan dan Metode

- Prosedur eksperimental harus dijelaskan secara rinci agar dapat diikuti oleh peneliti lain. Bagian ini harus dibuat sesingkat mungkin mengenai prosedur yang telah dikeluarkan kecuali jika metode yang digunakan di sini adalah metode yang telah dimodifikasi secara besar-besaran. Penulis dapat membagi bagian materi dan metode menjadi beberapa subbagian dengan menggunakan gaya penulisan yang berbeda. Semua perlakuan, rancangan percobaan, dan analisis statistik harus dijelaskan secara rinci. Jika metodologi atau analisis data yang kompleks diterapkan dalam penelitian ini, penulis juga dapat membagi subbagian tersebut. Metode atau analisis konvensional dapat dijelaskan secara singkat dengan mengutip referensi yang relevan.

Hasil dan Pembahasan

- Hasil berisi hasil yang diberikan secara rinci, dengan tabel dan gambar sesuai kebutuhan. Hasil dapat dinyatakan secara efisien dalam teks dan tidak harus diberikan dalam bentuk tabel atau gambar. Pembahasan tidak boleh berisi pengulangan hasil,

tetapi harus menjelaskan signifikansi temuan dan kesimpulan penulis, bersama dengan diskusi tentang perbedaan/kontradiksi dengan publikasi/laporan sebelumnya.

Kesimpulan

- Kesimpulan harus menjawab tujuan penelitian. Menceritakan bagaimana karya Anda memajukan bidang tersebut dari kondisi pengetahuan saat ini. Tanpa Kesimpulan yang jelas, pengulas dan pembaca akan kesulitan menilai karya tersebut, dan apakah karya tersebut layak dipublikasikan di jurnal atau tidak. Jangan mengulang Abstrak, atau hanya mencantumkan hasil eksperimen. Berikan justifikasi ilmiah yang jelas untuk karya Anda, dan tunjukkan kemungkinan aplikasi dan perluasannya. Anda juga harus menyarankan eksperimen di masa depan dan menunjukkan eksperimen yang sedang berlangsung.

Ucapan Terima Kasih

- Ucapan terima kasih kepada sponsor atau pihak-pihak yang mendukung penelitian secara singkat.

Daftar Pustaka

Semua pustaka yang disebutkan harus disusun dari A sampai Z. Artikel memiliki sepuluh referensi baru atau lebih dan 80% adalah jurnal. Sebagian besar referensi adalah referensi primer (lima tahun terakhir). Data yang tidak dipublikasikan dan komunikasi pribadi tidak boleh dikutip sebagai kutipan literatur. Artikel "*In Press*" yang telah diterima untuk publikasi dapat dikutip dalam referensi. Cantumkan dalam kutipan jurnal di mana artikel "*in press*" akan muncul dan tanggal publikasi jika tersedia. Referensi harus ditulis dengan menggunakan 340 hingga 670 kata atau terdiri dari 10 hingga 20 referensi.

- Format penulisan Buku: Saat mengutip buku, hanya sertakan edisi jika BUKAN edisi pertama. Ketika mengutip sebuah bab dalam buku yang telah diedit, edisi akan ditampilkan, meskipun itu adalah edisi pertama
Contoh:
Vermaat, M., Sebok, S., Freund, S., Campbell, J. and Frydenberg, M. (2014). *Discovering Computers*. Boston: Cengage Learning, pp.446-448.
- Contoh format penulisan artikel/jurnal:
Ross, N. 2015. On Truth Content and False Consciousness in Adorno's Aesthetic Theory. *Philosophy Today*, 59(2), pp. 269-290.
- Contoh format penulisan website
Messer, L. 2015. '*Fancy Nancy*' *Optioned by Disney Junior*. [online] ABC News. Available at: <http://abcnews.go.com/Entertainment/fancy-nancy-optioned-disney-junior-2017/story?id=29942496#.VRWbWJwmbs0.twitter> [Accessed 31 Mar. 2015].
- Contoh format penulisan eBook dan PDFs
Zusack, M. 2015. *The Book Thief*. 1st ed. [ebook] New York: Knopf. Available at: <http://ebooks.nypl.org/> [Accessed 20 Apr. 2015].

DAFTAR ISI

Muslimah RN . Ramadan AM . Millah Z . Susiyanti . Hilal S . Sabda DM . Natawijaya A Keragaan dan Keragaman Karakter Morfoagronomi pada Empat Galur Elit Melon (<i>Cucumis melo</i> L.) Berumur Genjah.....	62-72
Atsikaria . Rusmana . Firnia D . Yenny RF . Muslimah RN . Sabda DM . Natawijaya A Pendugaan Parameter Genetik dan Seleksi Jagung Manis Hibrida Berdasarkan Karakter Hasil dan Komponen Hasil di Kecamatan Dramaga, Bogor, Jawa Barat ..	73-84
Sunandar A . Yenny RF . Hilal S . Millah Z . Sabda DM . Natawijaya A Uji Keunggulan Calon Varietas Melon Minion (<i>Cucumis Melo</i> L.) di Desa Cikarawang Dramaga	85-93
Manalu VMP . Wirnas D . Sudarsono Seleksi Marka SSR untuk Toleransi Terhadap Cekaman Suhu Tinggi pada Populasi F2 Padi.....	94-106
Qosim WA . Ningtias UA . Zubair A . Damayanti F . Wicaksono FY . Rachmadi M . Amien S Pendugaan Parameter Genetik Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli (<i>Coix lacryma-jobi</i> L.) di Jatinangor	107-116
Gustiano R . Arifin OZ . Subagja J . Kurniawan . Prihadi TH . Saputra A . Ath- Thar MHF . Cahyanti W . Prakoso VA . Radona D . Kusmini II . Kristanto H The Success of Freshwater Aquaculture Program: Nile Tilapia or “Nila” Culture In Indonesia.....	117-129

Keragaan dan Keragaman Karakter Morfoagronomi pada Empat Galur Elit Melon (*Cucumis melo* L.) Berumur Genjah

Performance and Diversity of Morpho-agronomic Characters in Four Elite Lines of Early Mature Melon (*Cucumis melo* L.)

Rahma Nurul Muslimah¹⁾, Aditia M. Ramadan¹⁾, Z. Millah²⁾, Susiyanti²⁾, S. Hilal²⁾,
Danu Sabda M³⁾, Azis Natawijaya⁴⁾

¹⁾PT. Fitotech Agri Lestari, ²⁾Jurusan Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa, ³⁾Benih Sumber Andalan Research Center, ⁴⁾PT. Bumitama Gunajaya Agro

Korespondensi: aznatawijaya@yahoo.com

Diterima: 26 Juli 2023 **Disetujui:** 19 September 2023 **Dipublikasi:** 25 September 2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.48648](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.48648)

ABSTRAK

Tanaman melon merupakan tanaman yang disukai masyarakat karena rasanya yang manis dan mengandung vitamin dan mineral. Permintaan melon meningkat pertahunnya, tetapi benih melon yang digunakan adalah benih impor, sehingga kurang efisien dalam budidaya melon. Solusi untuk menekan biaya produksi melon dengan menggunakan benih lokal adalah dengan menggunakan metode pemuliaan tanaman. Pemuliaan melon konvergen yang melibatkan empat tetua merupakan upaya untuk mengetahui keragaan dan keragaman karakter morfoagronomi pada galur elit melon dan memperoleh genotipe yang mempunyai karakter spesifik yang diinginkan. Penelitian dilakukan pada bulan Desember 2021-Februari 2022 di Benih Sumber Andalan Research Center. Analisis yang digunakan yaitu analisis deskriptif, analisis komponen utama, dan analisis kluster. Hasil penelitian menunjukkan pada Galur BSA-D dan BSA-Dk terdapat keseragaman dalam masing-masing galur pada beberapa karakter uji yang sudah diamati, sedangkan pada Galur BSA-A dan BSA-F masih terdapat keragaman di dalam masing-masing galur. Terdapat keragaman diantara galur melon unggul yang diuji.

Kata kunci: Keragaman antar Galur, Keseragaman dalam Galur, Melon, Pemuliaan Konvergen

ABSTRACT

Melon is a plant that people like because it tastes sweet and contains vitamins and minerals. The demand for melons increases every year, but the melon seeds used are imported seeds, making it less efficient in melon cultivation. The solution to reduce melon production costs by using local seeds is to use plant breeding methods in assembling new hybrid varieties with the stages of yield test, multilocation test, evaluation test and others. Identification of promising lines in segregating population which more homogenous and which carry the desirable traits is a key to develop a vigorous hybrid. Convergent melon breeding involving four parents is an effort to determine the performance and diversity of morpho-agronomic characters in elite melon lines and obtain genotypes that have specific desired characters. The research was conducted in December 2021 until February 2022 at Benih Sumber Andalan Research Center. The materials were used in this study are four population of inbred line and one is variety to estimate the environmental variance. The analysis used is descriptive analysis, principal component analysis, and cluster analysis. The results showed that there was uniformity in the BSA-D and BSA-Dk lines in each of the observed test characters, while the BSA-A and BSA-F lines still contained diversity within each strain. There is diversity among the superior melon strains tested.

Keywords: Diversity Between Strains, Uniformity within Strain, Melon, Convergent Breeding

PENDAHULUAN

Melon (*Cucumis melo* L.) merupakan tanaman buah semusim berasal dari perbatasan antara Asia Barat dengan Eropa dan Afrika. Tanaman melon (*Cucumis melo* L.) merupakan salah satu jenis buah-buahan yang keberadaannya sangat populer di kalangan masyarakat luas. Daya pikat buah melon bagi konsumen terletak pada cita rasanya yang enak, manis, beraroma wangi dan khas serta menyegarkan (Sobir dan Siregar, 2014). Melon merupakan tanaman diploid menyerbuk silang dengan jumlah kromosom $2n=2x=24$ (Dutt and Saran, 1994). Melon bukan merupakan spesies asli Indonesia namun keragaman sekundernya menunjukkan potensi yang dari cukup untuk digunakan sebagai bahan pemuliaan. Produksi nasional tanaman melon meningkat setiap tahunnya. Berdasarkan data Badan Pusat Statistik (2020) menunjukkan bahwa produksi melon mengalami peningkatan dari 122.105 ton pada tahun 2019 menjadi 138.177 ton pada tahun 2020. Tanaman melon memiliki rasa manis yang disukai merupakan sumber vitamin dan mineral yang baik.

Melon mengandung kalori, lemak, vitamin, dan karbohidrat yang baik bagi tubuh. Karenanya, melon sangat potensial untuk dikembangkan sebagai komoditas agribisnis. Hal yang dapat mendorong untuk perkembangan melon di Indonesia adalah adanya peraturan pemerintah yang membatasi peredaran buah impor. Menurut Khumaero *et al.* (2014) hampir semua benih yang ditanam oleh petani melon merupakan benih impor. Harga benih yang tinggi juga menyebabkan usaha budidaya melon tidak efisien secara ekonomi. Terkait dengan adanya permasalahan tersebut maka diperlukan upaya memproduksi benih melon hasil dalam negeri. Benih melon yang dihasilkan merupakan benih unggul yang berkualitas, sehingga diharapkan dapat mensubstitusi benih melon impor yang beredar.

Benih unggul dapat dihasilkan melalui program pemuliaan tanaman. Perakitan varietas hibrida menjadi alternatif dalam menghasilkan benih melon unggul dan berkualitas. Selain itu, program pemuliaan buah melon ini dapat memperbaiki karakteristik dari buah melon dan melon hibrida memiliki keunggulan berupa keseragaman buah yang baik dari segi bentuk, mutu, maupun daya tumbuh yang diperoleh dari hasil kombinasi karakter yang diinginkan.

Kegiatan evaluasi menjadi salah satu tahapan aktivitas pemuliaan tanaman dalam perakitan varietas hibrida yang berguna untuk memperoleh informasi genotipe yang ada. Keseragaman sifat pada masing-masing galur yang dievaluasi merupakan karakteristik penting dalam proses seleksi galur tersebut untuk dilepas sebagai varietas hibrida. Keseragaman galur dapat diamati dengan membandingkan ragam masing-masing galur. Sedangkan untuk mengetahui keragaman antar galur dianalisis dengan membandingkan ragam semua galur dengan varietas pembanding. Menurut Sasmita (2009) bahwa keseragaman dalam galur dapat menjadi penciri bahwa galur mempunyai gen yang homozigot untuk mengendalikan karakter tersebut. Selain itu, keragaman antar galur yang akan diseleksi dapat berkontribusi pada keberhasilan seleksi untuk memperoleh galur calon varietas hibrida.

Dalam perakitan varietas hibrida, diperlukan galur-galur melon dengan karakteristik unggul untuk sifat-sifatnya. Menurut Prasajo *et al.* (2013), galur merupakan keturunan hasil persilangan yang mempunyai karakter agronomis tertentu dan biasanya belum mencapai kemandirian dan belum diberi nama. Berdasarkan uraian tersebut, maka diperlukannya adanya informasi terkait keragaman dan keragaman karakter genetik pada empat galur elit melon (*Cucumis melo* L.) berumur genjah.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan pada bulan Desember 2021 sampai Februari 2022 di Kebun Percobaan Benih Sumber Andalan Research Center Dramaga, Kabupaten Bogor. Alat yang akan digunakan dalam penelitian ini adalah cangkul, bak semai, jangka sorong, *Royal Horticulture Society* (RHS) *colour chart*, kawat, mistar, hand refractometer, gunting, pisau, timbangan digital, dan alat tulis. Adapun bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah empat galur melon yaitu galur BSA-A, BSA-D, BSA-Dk, BSA-F satu varietas melon pembanding yaitu Alisha, pupuk kotoran hewan kambing, pupuk majemuk NPK (16:16:16), NPK Profesional (9:25:25), KNO₃ merah dan putih, Pupuk MKP, media semai (*cocopeat* dan arang sekam), tali, Zat Pengatur Tumbuh (ZPT) berupa Atonik, serta mulsa plastik.

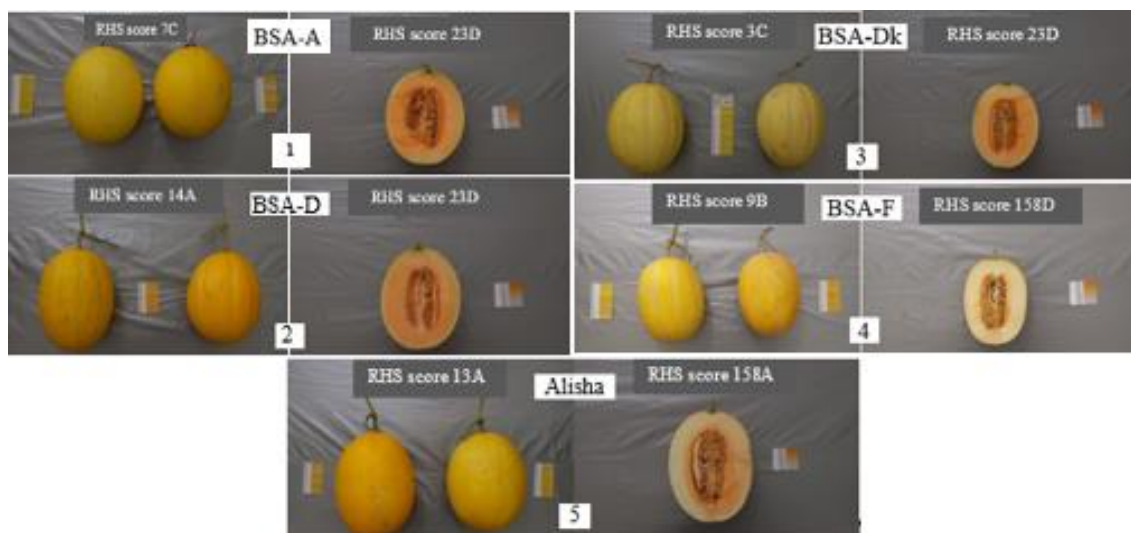
Rancangan penelitian yang digunakan pada penelitian ini adalah rancangan bergandengan dengan modifikasi, 1 varietas digunakan sebagai varietas penduga ragam lingkungan yang diulang sebanyak empat kali. Parameter yang diamati pada penelitian ini yaitu bentuk daun, warna daun, panjang daun (cm), lebar daun (cm), diameter batang (cm), panjang mahkota bunga jantan (cm), lebar mahkota bunga jantan (cm), panjang mahkota bunga betina (cm), lebar mahkota bunga betina (cm), jumlah biji per buah (butir), bentuk buah, warna kulit buah, tipe kulit buah, warna daging buah, bobot buah (g), panjang buah (cm), lebar buah (cm), ketebalan daging buah (cm), dan padatan total terlarut (°brix). Pelaksanaan penelitian berupa penyemaian, persiapan lahan, penanaman, pemeliharaan, pengamatan, pemanenan, dan pengolahan data. Data diolah dengan menggunakan *software* Minitab 21 yang dianalisis secara statistik deskriptif, analisis komponen utama, dan analisis kluster.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil evaluasi keseragaman dan keragaman populasi galur BSA diketahui bahwa nilai koefisien keragaman genetik dan fenotipe tiap karakter yang diamati tergolong rendah untuk seluruh galur sehingga galur-galur tersebut memiliki keragaman genetik dan keragaman fenotipe yang sempit. Keragaman yang sempit menunjukkan bahwa masing-masing galur telah seragam. Koiruningtias dan Andy (2018) suatu individu dalam populasi dikatakan cenderung seragam apabila ragam genetiknya sempit. Galur dengan ciri tingkat keseragaman tinggi atau nilai keragaman yang rendah dalam populasi galurnya merupakan galur yang bagus untuk dijadikan calon tetua dalam perakitan varietas hibrida. Menurut Sriyadi (2015), keragaman genetik dalam satu populasi dapat digunakan sebagai acuan pemilihan tetua dalam persilangan buatan untuk membentuk populasi hibrid sebagai materi seleksi.

A. Penampilan Umum Karakteristik Buah

Hasil penelitian menunjukkan bahwa ke empat galur melon memiliki penampilan kulit buah, bentuk buah, dan warna daging buah yang beragam. Galur BSA-A memiliki tipe kulit buah halus, berwarna kulit buah kuning dengan skor RHS 7C, berbentuk elips, dan berwarna daging buah oranye dengan skor RHS 23D. Galur BSA-D memiliki tipe kulit buah halus, berkulit buah kuning menyala dengan skor RHS 22D, berbentuk membulat, dan berwarna daging buah oranye dengan skor RHS 23D. Galur BSA-Dk memiliki tipe kulit buah halus, berwarna kulit buah krem dengan skor RHS 3C, berbentuk membulat, dan berwarna daging buah oranye dengan skor RS 23D. Galur BSA-F memiliki tipe kulit buah halus, berwarna kulit buah kuning dengan skor RHS 9B, berbentuk lonjong, dan berwarna daging buah putih dengan skor RHS 158D.

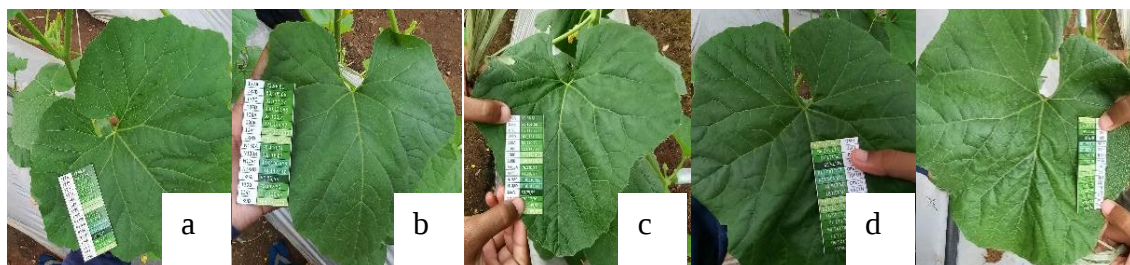


Gambar 1. Penampilan empat galur elit melon dan varietas pembandingan 1) Galur BSA-A, 2) Galur BSA-D, 3) Galur BSA-Dk, 4) Galur BSA-F, dan 5) Alisha.

Menurut Siswanto *et al*, (2010) karakter buah melon yang paling penting berdasarkan minat konsumen yaitu penampilan, kemanisan, bobot buah dan diikuti oleh karakter lainnya. Terdapat dua galur BSA yang mempunyai rataan padatan total terlarut terbaik dengan nilai keragaman yang rendah, sehingga kedua galur tersebut memiliki rasa yang lebih manis dari varietas pembandingan. Karakter padatan total terlarut yang unggul dan bobot buah yang tidak terlalu besar pada galur BSA mempunyai potensi yang besar pada segmentasi pasar yang berbeda yaitu melon premium sebagai buah meja. Khumaero *et al* (2014) bobot buah yang kecil bukan berarti mutlak sebuah kekurangan karena varietas melon yang berukuran kecil sudah dipasarkan di negara lain yang bisa dihabiskan dalam satu atau dua kali kesempatan.

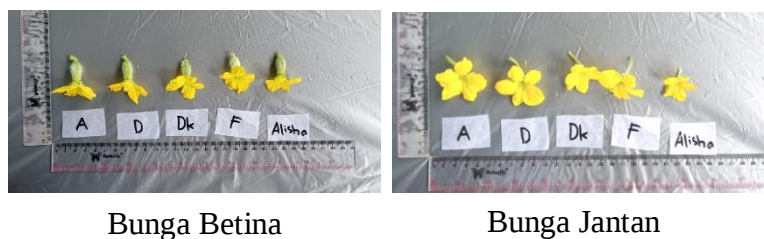
B. Keseragaman Karakter Kualitatif

Penampilan hasil analisis karakteristik kualitatif daun pada empat galur elit melon dan varietas pembandingan dapat dilihat pada gambar 2. Berdasarkan penampilan karakter kualitatif daun, keempat galur elit melon memiliki keragaman antar galur dan varietas pembandingan.



Gambar 2. Keragaman warna daun melon. (a) Daun BSA-A (b) Daun BSA-D (c) Daun BSA-Dk (d) Daun BSA-F (e) Daun F1 Alisha.

Keragaan karakter bunga pada empat galur elit melon dan varietas pembandingan dapat dilihat pada gambar 3.



Gambar 3. Keragaan bunga jantan dan bunga betina empat galur elit melon dan varietas pembandingan.

Berdasarkan hasil (Tabel 1) pada parameter warna daun terdapat keragaman kecuali untuk genotipe BSA-D dan BSA-Dk yang memiliki warna daun sama yaitu 137B. Pengukuran warna daun ini menggunakan RHS *colour chart*.

Tabel 1. Evaluasi keseragaman pada empat galur melon (*Cucumis melo* L.) berumur genjah berdasarkan karakter warna daun dan bentuk daun

Genotipe	Parameter	
	Warna Daun	Bentuk Daun
BSA-A	137C	Sedang
BSA-D	137B	Sedang
BSA-Dk	137B	Sedang
BSA-F	138A	Sedang
F1 Alisha	137A	Sedang

Hasil pengamatan yang menunjukkan bahwa keseragaman kualitatif terdapat di parameter bentuk daun. Bentuk daun yang dimiliki dari semua genotipe sama yaitu bentuk daun sedang. Pengamatan bentuk daun ini diamati dengan menggunakan indera penglihatan yang disesuaikan dengan Direktorat Perbenihan Hortikultura (2019).

Banyak karakter kualitatif menjadi penentu karakteristik hortikultura unggul pada buah melon seperti karakter penampilan tipe kulit buah, warna kulit buah, warna daging buah, dan bentuk buah. Keseragaman karakter kualitatif pada masing-masing galur elit melon dapat dilihat pada Tabel 2 dan Tabel 3. Berdasarkan empat karakter kualitatif yang diamati, keseragaman galur BSA-D dan BSA-Dk jauh lebih tinggi dibandingkan galur BSA-A dan BSA-F.

Tabel 2. Evaluasi keseragaman pada empat galur melon (*Cucumis melo* L.) berumur genjah berdasarkan karakter bentuk buah dan warna kulit buah

Genotipe	Karakter Kualitatif			
	Bentuk Buah	Keterangan	Warna Kulit Buah	Ket
BSA-A	Ovate	Beragam	7C	Beragam
BSA-D	Ovate	Seragam	14A	Seragam
BSA-Dk	Ovate	Seragam	3C	Seragam
BSA-F	Elliptical	Beragam	9B	Beragam
Alisha	Ovate	Seragam	13A	Beragam

Tabel 3. Evaluasi keseragaman pada empat galur melon (*Cucumis melo* L.) berumur genjah berdasarkan karakter tipe kulit buah dan warna daging buah

Genotipe	Karakter Kualitatif			
	Tipe Kulit Buah	Keterangan	Warna Daging Buah	Keterangan
BSA-A	Halus	Beragam	23D	Seragam
BSA-D	Halus Beralur	Seragam	23D	Seragam
BSA-Dk	Halus Beralur	Seragam	23D	Seragam
BSA-F	Net Beralur	Seragam	158D	Seragam
Alisha	Halus	Seragam	158A	Seragam

C. Keseragaman Karakter Kuantitatif

Keseragaman karakter kuantitatif pada masing-masing galur diindikasikan oleh nilai koefisien keragaman fenotipe dan koefisien keragaman genetik. Keragaman fenotipe pada karakter kuantitatif ditentukan oleh keragaman genetik, keragaman lingkungan dan interaksi genetik dengan lingkungan. Varietas pembanding yang digunakan untuk menduga ragam lingkungan adalah varietas hibrida. Varietas tersebut digunakan untuk mengestimasi koefisien keragaman lingkungan pada masing-masing blok.

Berdasarkan hasil analisis yang telah diuji, galur BSA-A sudah seragam pada karakter panjang daun, dan diameter batang. BSA-D sudah seragam pada karakter lebar daun, diameter batang, panjang mahkota bunga betina, lebar mahkota bunga betina, bobot buah, lebar buah, dan nilai padatan total terlarut. BSA-Dk sudah seragam pada karakter diameter batang, panjang mahkota bunga betina, lebar mahkota bunga betina, panjang buah, dan ketebalan daging buah.

Pada tanaman melon terdapat dua bunga yaitu bunga jantan dan bunga betina (*hermaphrodite*). Perbedaan terletak pada ada atau tidaknya putik (alat kelamin betina). Menurut Rindiyastuti dan Ayu (2019), ukuran mahkota bunga yang besar dan mengelilingi komponen tengah bunga akan melindungi organ reproduksi ketika sedang bekerja.

BSA F masih memiliki keragaman yang tinggi. F1 Alisha sudah seragam pada karakter panjang dan lebar mahkota bunga jantan, serta jumlah biji per buah. Jumlah biji maksimal terdapat pada genotipe BSA-F dengan jumlah biji 1069 butir, sedangkan jumlah biji minimal yaitu pada genotipe BSA-D dengan jumlah 300 butir. Menurut Parjono (2012), jumlah biji yang terdapat pada satu buah melon rata-rata 200-600 biji, tergantung besar kecilnya buah.

Hasil pengamatan pada karakter kuantitatif dapat dilihat pada tabel 4, menunjukkan bahwa nilai KKG pada semua galur elit melon lebih rendah dibandingkan dengan nilai KKF. Pada karakter panjang dan lebar daun terdapat dua populasi yang sudah seragam yaitu BSA-D dan BSA-A dibandingkan dengan varietas pembanding. Ditinjau dari nilai keragaman kedua populasi tersebut yang lebih rendah dari nilai keragaman varietas pembanding.

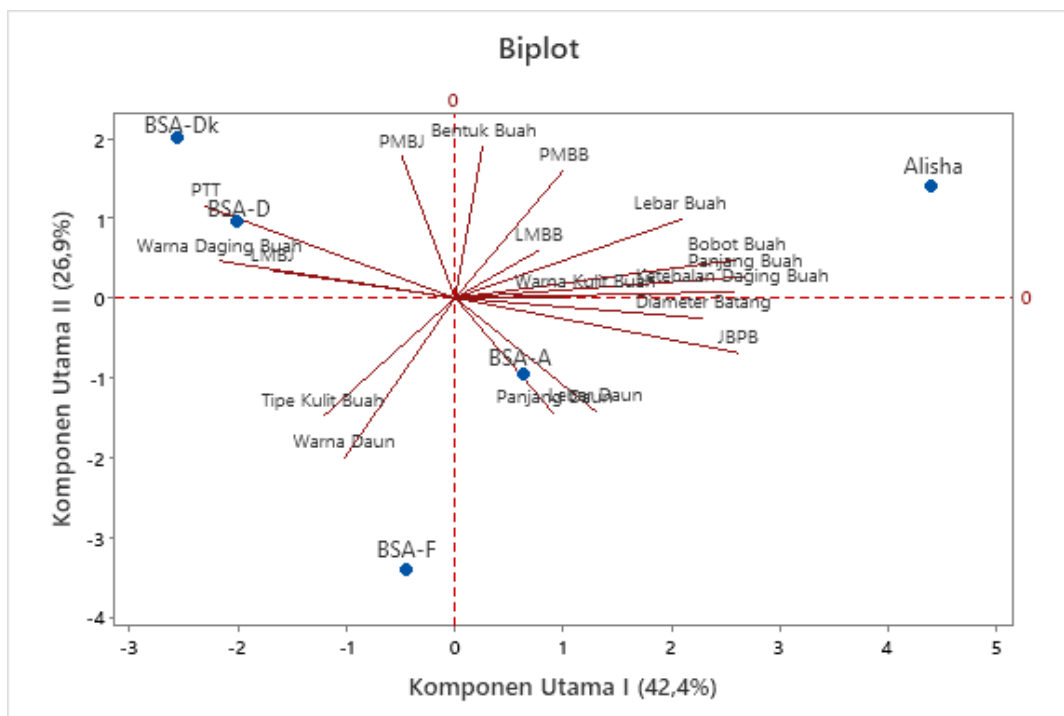
Tabel 4. Parameter karakter kuantitatif empat galur elit melon dan varietas pembandingan

Genotipe	Parameter Populasi	PD (cm)	LD (cm)	DB (cm)	PMBJ (cm)	LMBJ (cm)	PMBB (cm)	LMBB (cm)	JBPB (butir)	BB (g)	PB (cm)	LB (cm)	KDB (cm)	PTT (°brix)
BSA-A	$\bar{x}$	15,86	20,49	0,97	1,77	1,21	2,19	1,42	681,50	1112,21	14,54	12,18	3,19	9,63
	SD	0,30	0,48	0,02	0,06	0,05	0,07	0,06	22,52	260,86	1,47	1,07	0,43	3,19
	KKF (%)	10,31	12,74	9,95	20,13	22,34	17,47	24,87	18,10	23,45	10,10	8,75	13,44	33,09
	KKL (%)	12,96	12,82	20,34	21,33	25,73	14,43	21,85	10,79	24,87	9,16	8,34	14,83	16,63
	KKG (%)	-2,65	-0,08	-10,39	-1,20	3,39	3,04	3,02	7,31	-1,41	0,94	0,41	-1,40	16,46
BSA-D	$\bar{x}$	15,54	19,97	0,97	1,89	1,26	2,22	1,51	534,60	821,31	13,87	11,07	2,56	14,11
	SD	0,31	0,51	0,02	0,07	0,05	0,06	0,06	15,58	123,61	0,87	0,54	0,28	0,95
	KKF (%)	10,97	14,18	9,95	19,86	24,55	14,54	22,45	15,96	15,05	6,31	4,89	10,84	6,72
	KKL (%)	9,33	13,60	18,85	14,20	16,29	18,75	25,38	6,69	0,85	6,84	5,38	24,94	19,82
	KKG (%)	1,64	0,57	-8,91	5,66	-8,26	4,21	-2,93	9,266	14,20	-0,53	-0,49	-14,10	-13,10
BSA-Dk	$\bar{x}$	14,30	18,30	0,97	1,81	1,31	2,22	1,51	513,10	896,77	13,93	11,58	2,77	13,78
	SD	0,34	0,43	0,02	0,07	0,05	0,06	0,06	13,84	140,63	0,79	0,58	0,21	1,05
	KKF (%)	13,14	12,84	9,95	22,28	23,10	14,54	22,45	14,78	15,68	5,65	5,03	7,63	7,63
	KKL (%)	12,37	14,41	16,24	16,74	19,27	12,75	19,77	7,92	26,49	8,72	8,92	10,01	35,03
	KKG (%)	0,77	-1,57	-6,29	5,54	-3,82	1,78	2,68	6,85	-10,81	-3,08	-3,89	-2,38	-27,41
BSA-F	$\bar{x}$	15,66	20,31	1,03	1,70	1,28	2,20	1,52	690,80	873,20	14,30	10,82	2,84	8,92
	SD (%)	0,33	0,48	0,03	0,07	0,05	0,06	0,06	28,78	146,74	1,02	0,74	0,30	1,83
	KKF (%)	11,51	12,99	16,16	22,21	21,77	14,67	22,49	22,82	16,80	7,14	6,81	10,48	20,53
	KKL (%)	8,39	11,49	16,24	22,33	17,57	10,90	19,61	16,63	17,43	5,22	4,03	12,89	27,86
	KKG (%)	3,13	1,50	-6,29	-0,12	-4,20	3,77	2,88	6,19	-0,63	1,92	2,78	-2,41	-7,33
F1 Alisha	$\bar{x}$	15,29	19,99	1,08	1,81	1,24	2,24	1,56	807,50	1285,63	16,17	12,43	3,41	7,72
	SD	0,32	0,47	0,03	0,06	0,04	0,06	0,06	15,94	272,02	1,22	0,84	0,54	1,86
	KKL (%)	10,76	13,08	18,36	18,65	19,72	14,21	21,65	10,51	20,75	7,5	6,67	15,67	24,84

Keterangan: PD = Panjang Daun; LD = Lebar Daun; DB = Diameter Batang; PMBJ = Panjang Mahkota Bunga Jantan; LMBJ = Lebar Mahkota Bunga Jantan; PMBB = Panjang Mahkota Bunga Betina; LMBB = Lebar Mahkota Bunga Betina; JBPB = Jumlah Biji per Buah; BB = Bobot Buah; PB = Panjang Buah; LB = Lebar Buah; KDB = Ketebalan Daging Buah; PTT = Padatan Total Terlarut; SD = Standar Deviasi; KKF = Koefisien Keragaman Fenotipe; KKG = Koefisien Keragaman Genetik; KKL = Koefisien Keragaman Lingkungan.

Informasi mengenai karakter kuantitatif empat galur elit melon yang disajikan pada Tabel 4 menunjukkan bahwa semua karakter pada galur masing-masing memiliki nilai koefisien keragaman genetik yang rendah. Hasil ini mengindikasikan bahwa pada semua karakter kuantitatif yang diamati, penampilan individu-individu pada setiap galur menunjukkan penampilan yang homogen.

D. Pengelompokan Empat Galur Elit Melon dan Varietas Pembanding Berdasarkan Analisis Komponen Utama



Gambar 4. Pola penyebaran empat galur elit melon dan varietas pembanding berdasarkan analisis komponen utama

Analisis komponen utama (AKU) bertujuan untuk mengetahui karakter-karakter mana yang mempengaruhi keragaman terhadap hasil genotipe uji (Ismail *et al*, 2015). Selain itu, analisis AKU dapat mengetahui karakter mana yang menjadi ciri khas dari suatu genotipe. Pada AKU ini akan tercipta sejumlah kecil variabel baru yang disebut dengan komponen utama yang dapat menginterpretasikan kemungkinan variasi variabel-variabel asal. Seluruh galur BSA mempunyai sifat keunikan tersendiri dan berbeda dengan varietas pembanding. Sifat unik pada masing-masing galur menjadi penciri sekaligus pembeda antara satu galur dengan galur lainnya yang menandakan bahwa terdapat keragaman antar galur.

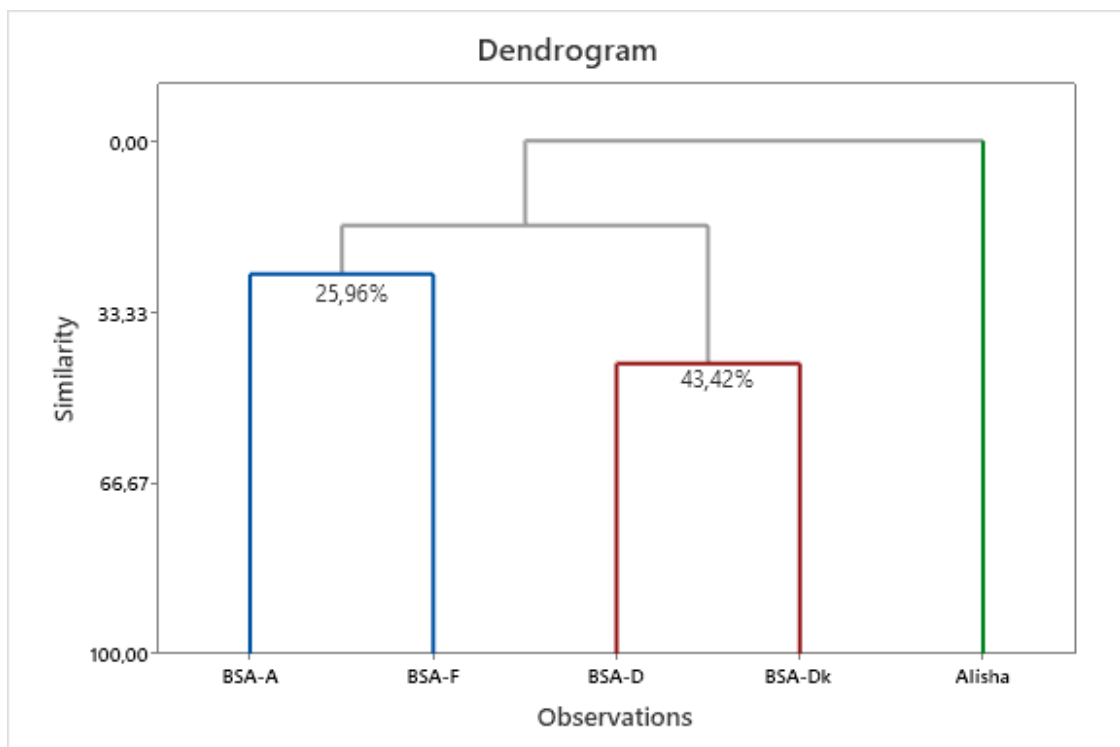
Berdasarkan hasil analisis komponen utama pada empat populasi galur elit melon dan varietas pembanding terdapat dua komponen utama yaitu KU1 dan KU2 yang merupakan hasil reduksi dari sembilan belas karakter amatan kuantitatif dan kualitatif. Komponen utama I memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 42,4%, sedangkan komponen utama II memberikan kontribusi maksimum sebesar 26,9%, sehingga komponen utama I dan komponen utama II ini mampu mendefinisikan 69,3% dari total keragaman data. Hasil analisis AKU menunjukkan bahwa masing-masing

genotipe dikelompokkan dalam jarak yang berbeda. Jarak antar genotipe menunjukkan tingkat keseragaman atau korelasi yang erat, semakin jauh jarak maka semakin beragam.

Hasil analisis komponen utama yang ditampilkan pada Gambar 4 dapat mengetahui 1) karakter terbaik yang menjadi penciri dari suatu galur, 2) karakter yang paling dapat membedakan antar galur-galur uji. Galur BSA-D dan galur BSA-Dk memiliki nilai terbaik pada karakter panjang mahkota bunga jantan, lebar mahkota bunga jantan, PTT dan warna daging buah. Galur BSA-F memiliki nilai terbaik pada karakter warna kulit buah dan tipe kulit buah sekaligus menjadi penciri galur BSA-F serta menjadi pembeda karakter dengan galur uji yang lain. Galur BSA-A berbeda dengan galur lain yang dibedakan oleh karakter panjang daun, lebar daun, bentuk buah, lebar buah, dan bobot buah. Alisha memiliki ketebalan daging buah dan panjang buah terbaik.

D. Pengelompokkan Empat Galur Elit Melon dan Varietas Pembanding Berdasarkan Analisis Klaster

Menurut Talakua, *et al.* (2017), *Clustering* adalah proses membuat pengelompokan sehingga semua anggota dari setiap partisi mempunyai persamaan berdasarkan matriks tertentu. Analisis *cluster* atau analisis kelompok merupakan teknik analisa data yang bertujuan untuk mengelompokkan individu atau objek ke dalam beberapa kelompok yang memiliki sifat berbeda antar kelompok, sehingga individu atau objek yang terletak di dalam satu kelompok akan mempunyai sifat relatif homogen sedangkan yang berbeda kelompok memiliki sifat cenderung heterogen. Tujuan analisis *cluster* adalah mengelompokkan objek-objek tersebut. Genotipe yang berada di klaster yang berbeda memiliki keragaman pada seluruh karakter kuantitatif dan kualitatif yang diuji, sedangkan genotipe yang berada pada klaster yang sama memiliki kemiripan pada karakter kuantitatif dan kualitatif yang diamati.



Gambar 5. Pola penyebaran empat galur elit melon dan varietas pembanding berdasarkan analisis komponen utama

Klaster 1 yang terdiri dari genotipe BSA-A dan BSA-F merupakan pengelompokan genotipe yang memiliki karakter yang baik pada tipe kulit buah, panjang daun, lebar daun, warna daun, dan jumlah biji per buah. Pada klaster 2 yang terdiri dari genotipe BSA-D dan BSA-Dk memiliki karakter bentuk buah, warna daging buah, panjang mahkota bunga jantan, lebar mahkota bunga jantan, dan padatan total terlarut yang terbaik. Pada klaster 3 yang terdiri dari genotipe F1 Alisha memiliki karakter bobot buah, panjang buah, lebar buah, ketebalan daging buah, warna kulit buah, diameter batang, panjang mahkota bunga betina dan lebar mahkota bunga betina yang terbaik.

Dilihat dari nilai kesamaan (*similarity*) pada Gambar 5, bahwa pada klaster 1 antara genotipe BSA-A dan BSA-F memiliki nilai *similarity* sebesar 25,96%, sedangkan untuk klaster 2 yang terdiri dari genotipe BSA-D dan BSA-Dk memiliki nilai *similarity* 43,42%, dan pada klaster 3 nilai *similarity* yaitu 0,0% artinya pada F1 Alisha tidak memiliki kesamaan dengan galur genotipe yang lainnya.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian diperoleh kesimpulan:

1. Galur BSA-D dan BSA-Dk sudah seragam secara genetik, sedangkan pada Galur BSA-A dan BSA-F masih terdapat keragaman di dalam masing-masing galur.
2. Terdapat keragaman diantara galur melon unggul yang diuji berdasarkan hasil analisis deskriptif, analisis komponen utama, dan analisis kluster.

SARAN DAN UCAPAN TERIMA KASIH

Galur BSA-D memiliki penampilan karakteristik hortikultura lebih baik dibandingkan dengan varietas pembanding, sehingga direkomendasikan sebagai tester untuk membentuk hibrida dengan rancangan persilangan *top cross*. Penulis menyampaikan terimakasih kepada Benih Sumber Andalan Research Center yang telah memberikan kesempatan bagi penulis untuk melakukan penelitian ini. Penulis juga berterimakasih kepada Jurusan Agroekoteknologi Universitas Sultan Ageng Tirtayasa yang telah membantu dalam penelitian ini. Penulis juga berterimakasih kepada seluruh pihak yang terlibat dalam kepenulisan dan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Badan Pusat Statistik [BPS]. 2020. *Statistik Hortikultura*. Jakarta: BPS-RI.
- Direktorat Perbenihan Hortikultura. 2019. *Pedoman Pendaftaran Varietas*. Jakarta:
- Dutt, D. and S. Saran. 1994. *Cytogenetics*. In: Nayar, N. M. and T. A. More (eds). *Cucurbits*. Science Publishers, Inc. USA. p. 340.
- Ismail A, N Wicaksana, Z Daulati. 2015. Heritabilitas, Variabilitas, dan Kekerabatan Genetik Pada 15 Genotipe Pisang (*Musa paradisiaca*) varietas asal Jawa Barat Berdasarkan Karakter Morfologi di Jatinangor. *Jurnal Kultivasi*. Vol 14(1): 9-16. Kementerian Pertanian.
- Khumaero, Wida W., Darda E., Willy B. S., dan Sobir. 2014. Evaluasi Karakteristik Hortikultura Empat Genotipe Melon (*Cucumis melo* L.) Pusat Kajian Hortikultura Tropika IPB. *J. Hort. Indonesia*. 5:56-63.

- Koiruningtias AP, Andy S. 2018. Keragaman Genetik dan Fenotipik 3 Galur Buncis (*Phaseolus vulgaris* L.) Berpolong Ungu Generasi F6 di Dataran Rendah. *Jurnal Produksi Tanaman*. Vol 6(3): 415-422.
- Parjono, Candra Tri. 2012. *Usaha Budidaya Tanaman Buah Melon untuk Pembenihan*. Surakarta: Universitas Sebelas Maret.
- Prasojo, W., Suhartati, dan Sri Rahayu. 2013. Pemanfaatan Kulit Singkong Fermentasi Menggunakan *Leuconostoc mesenteroides* dalam Pakan Pengaruhnya Terhadap N-Nh3 Dan VFA (*In Vitro*). *J. Penelitian Perternakan*. 1:397-404.
- Rindiyastuti, R. dan Ayu Umami M. 2019. Fenologi, Struktur dan Produktivitas Bunga dan Buah Tumbuhan Endemik Kalimantan *Diospyros perfida* Bakh. Prodising Seminar Nasional Biologi.
- Sasmita, P. 2009. *Evaluation of Uniformity, Variability, and Stability of Agronomic Traits of Doubled Haploid Rice Lines Resulting from Anther Culture*. *Bioscience*. Vol 2 (2): 67-72.
- Siswanto, Bakti W, Purwadi. 2010. Karakteristik Lahan untuk Tanaman Melon (*Cucumis melo* L.) dalam Kaitannya dengan Peningkatan Kadar Gula. *Jurnal Pertanian Mapeta*. Vol 12(2): 125-131.
- Sobir dan D. F. Siregar. 2014. *Budidaya Melon Unggul*. Jakarta: Penebar Swadaya.
- Sriyadi B. 2015. Penilaian Hubungan Genetik Klon Teh Berdasarkan Komponen Senyawa Kimia Utama dan Potensi Hasil. *J. Penelitian Teh dan Kina*. Vol 18(1): 1-10.
- Talakua, M. W., Z. A. Leleury., dan A. W. Tallauta. 2017. Analisis *Cluster* dengan Menggunakan Metode *K-Means* untuk Pengelompokan Kabupaten/Kota di Provinsi Maluku Berdasarkan Indikator Indeks Pembangunan Manusia Tahun 2014. *J. Ilmu matematika dan terapan*. 11:119-128.

Pendugaan Parameter Genetik dan Seleksi Jagung Manis Hibrida Berdasarkan Karakter Hasil dan Komponen Hasil di Kecamatan Dramaga, Bogor, Jawa Barat

Estimation of Genetic Parameters and Selection of Hybrid Maize Based on Yield Character and Yield Component in Dramaga District, Bogor, West Java

Astikaria¹⁾, Rusmana¹⁾, Dewi Firnia¹⁾, Ratna Fitry Yenny¹⁾, Rahma Nurul Muslimah²⁾, Danu Sabda M. ³⁾, Azis Natawijaya⁴⁾

¹⁾Jurusan Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sultan Ageng Tirtayasa.

²⁾PT. Fitotech Agri Lestari, ³⁾Benih Sumber Andalan Research Center, ⁴⁾ PT. Bumitama Gunajaya Agro

Corresponding author: aznatawijaya@yahoo.com

Diterima: 27 Juli 2023 **Disetujui:** 24 September 2023 **Dipublikasi:** 25 September 2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.48688](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.48688)

ABSTRAK

Kebutuhan jagung manis nasional mengalami peningkatan setiap tahunnya. Varietas hibrida jagung manis dapat menjadi solusi untuk meningkatkan produksi jagung. Tujuan penelitian ini untuk menduga parameter genetik dan menyeleksi jagung hibrida rakitan Benih Sumber Andalan Research Center berdasarkan karakter hasil dan komponen hasil. Penelitian ini dilaksanakan di kebun percobaan Benih Sumber Andalan Research Center yang terletak di Kampung Carang Pulang, Kabupaten Bogor, Jawa Barat pada bulan Desember 2022 - Februari 2023. Penelitian ini menggunakan rancangan *augmented design* dengan 20 genotipe uji dan empat pembanding (*checks*). Berdasarkan hasil seleksi yang diperoleh terhadap karakter pengamatan, diperoleh 15 genotipe terpilih hasil seleksi. Untuk uji keseragaman, 20 genotipe uji telah seragam hal ini dibuktikan dengan adanya keseragaman dengan tiga varietas pembanding, hal ini dibuktikan hasil analisis rekapitulasi sidik ragam memiliki nilai koefisien keragaman < 25% pada seluruh karakter yang diamati.

Kata kunci: *Augmented Design, Korelasi, Jagung Hibrida, Keragaman Genetik, Seleksi.*

ABSTRACT

The national demand for maize is projected to increase every year. Sweet corn hybrid varieties can be a solution to increasing maize production. The research aimed to analyze the genetic parameters and select the maize hybrid assembled by Benih Sumber Andalan Research Center based on yield character and yield component. This research was conducted in the experimental field of Benih Sumber Andalan Research Center located in Carang Pulang Village, Bogor Regency, West Java, from December 2022 until February 2023. The experiment was conducted based on the augmented design with 20 sweet corn genotypes tested and four checks. The result showed the best genotype. Based on the selection research result there were 15 genotypes selected lines. For the homogeneity test, 20 sweet corn genotypes tested have a high level of uniformity this was proven by the results of the recapitulation analysis of variance, which had a coefficient of variance < 25% for all characters observed.

Keywords: *Augmented Design, Correlation, Genetic Variability, Hybrid Maize, Selection.*

PENDAHULUAN

Jagung manis merupakan tanaman hortikultura yang banyak dibudidayakan oleh masyarakat karena memiliki nilai ekonomis yang tinggi, rasa yang manis, juga umur panen yang relatif singkat dibanding jagung bersari bebas. Salah satu alasan mengapa jagung manis diminati oleh masyarakat di Indonesia karena jagung manis memiliki kandungan karbohidrat yang dapat digunakan sebagai pangan pengganti nasi, juga terdapat kandungan nutrisi di dalamnya. Pada tahun 2014, Indonesia memproduksi jagung manis sebanyak 57 juta ton dengan luas panen 3.838.015 ha (Kementan, 2015). Sedangkan produksi di Indonesia adalah sebanyak 15 ton/ha, dan kebutuhan jagung di Indonesia yaitu sebanyak 200 juta ton/tahun (BPS, 2015). Selain itu, Badan Pusat Statistik (2019), menyebutkan bahwa terjadinya peningkatan impor biji jagung manis (*frozen sweet corn kernel*) pada tahun 2019 sebesar 12,42%.

Budidaya jagung manis dikalangan petani masih memiliki beberapa permasalahan karena produktivitas yang masih rendah diakibatkan penanaman menggunakan benih dari tanaman hasil periode tanam sebelumnya. Penggunaan benih hibrida menjadi solusi untuk meningkatkan produktivitas panen jagung manis. Jagung hibrida dapat diperoleh melalui aktivitas pemuliaan tanaman. Pemuliaan tanaman merupakan kolaborasi antara seni dan sains dalam proses perakitan keanekaragaman genetik suatu tanaman untuk menjadi bentuk tanaman baru yang memiliki karakter unggul (Syukur et al, 2018). Jagung hibrida dihasilkan dari persilangan antar dua galur murni yang berkerabat jauh dan memiliki sifat fenotipe yang lebih baik dibandingkan tetua penyusunnya (Priyanto et al, 2019).

Menurut Sidiq et al. (2017) pada pengembangan varietas hibrida diperlukan analisis pewarisan karakter yang berkorelasi dengan tingkat produksi, baik karakter kualitatif maupun karakter kuantitatif. Analisis pewarisan yang perlu dilakukan meliputi evaluasi keragaman genetik dan fenotipe serta pendugaan nilai heritabilitas. Hal tersebut sangat mempengaruhi keberhasilan suatu proses seleksi dalam program pemuliaan tanaman. Seleksi yang baik akan tercapai apabila nilai duga heritabilitas tergolong tinggi. Informasi mengenai kualitas dan kuantitas karakter yang berkorelasi dengan tingkat produksi perlu diketahui sebagai salah satu acuan untuk melihat keunggulan suatu hibrida. Maka dari itu, perlu dilakukan evaluasi guna mengetahui karakter yang ingin diseleksi. Disertakan juga varietas pembanding (*checks*) berupa varietas hibrida unggul yang bersifat komersial untuk diketahui keunggulannya (Mutaqin et al. 2019).

Benih Sumber Andalan Research Center (BSA) telah memiliki koleksi plasma nutfah 20 generasi F1 jagung manis. Namun informasi karakter jagung manis hibrida BSA belum diketahui sehingga perlu dilakukan evaluasi pada 20 genotipe F1 hasil rakitan Benih Sumber Andalan Research Center. Tujuan penelitian ini adalah untuk menduga parameter genetik dan menyeleksi hibrida potensial jagung manis rakitan Benih Sumber Andalan Research Center berdasarkan karakter hasil dan komponen hasil.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan pada bulan Desember 2022 – Februari 2023 di kebun percobaan Benih Sumber Andalan Research Center, Kabupaten Bogor, Jawa Barat. Bahan uji yang digunakan dalam penelitian ini adalah 20 genotipe jagung manis F1 rakitan Benih Sumber Andalan Research Center (Tabel 1), 4 varietas pembanding (*checks*), pupuk kandang, pupuk majemuk, pupuk tunggal, furadan dan insektisida. 20 genotipe yang akan diseleksi tersebut diberi kode BSA-(21-40).

Varietas pembanding menggunakan varietas yang sudah dilepas di pasar dan sudah biasa digunakan sebagai varietas pembanding, yaitu Secada F1, Panglima, Paragon dan Exsotic Pertiwi. Karakter pengamatan terdiri dari warna biji, warna rambut, warna malai, bentuk baris biji, tinggi tanaman (cm), jumlah daun (helai), diameter batang (cm), bobot tongkol segar (gram), bobot tongkol tanpa kelobot (gram), panjang tongkol (cm), diameter tongkol (cm), jumlah biji per baris, jumlah baris per tongkol, padatan total terlarut (^obrix), bobot 1000 biji (gram), umur berbunga jantan (HST), umur berbunga betina (HST), dan umur panen (HST).

Metode penelitian disusun berdasarkan percobaan secara *augmented design*. Bahan genetik disebar ke dalam dua blok, setiap blok ditanam 10 genotipe uji, genotipe BSA 21-30 pada blok 1 dan genotipe BSA 31-40 pada blok 2. *Checks* diulang pada masing-masing blok, sehingga didapatkan total 28 plot penelitian. Setiap plot terdiri dari 20 tanaman sampel. Plot percobaan terdiri dari 4 baris sepanjang 6 m dengan jarak antar plot 100 cm. Jarak baris di dalam plot 70 cm dan jarak tanaman dalam baris 20 cm.

Data pengamatan karakter kuantitatif dianalisis menggunakan sidik ragam (ANOVA) dengan uji F untuk *augmented design* (Tabel 2) dan dilanjutkan dengan uji *least significant increase* (LSI) pada taraf 5% untuk mengetahui genotipe yang mempunyai hasil lebih baik dibandingkan pembanding. Nilai LSI dihitung dengan rumus (Petersen, 1994):

$$LSI = t_{\alpha} \sqrt{\frac{(r+1)(c+1) KTe}{r.c}}$$

Keterangan: t_{α} = nilai t-tabel pada derajat bebas dari Kte pada satu arah
r = jumlah ulangan
c = jumlah varietas pembanding
KTe = kuadrat tengah galat

Kategori dari pengambilan kesimpulan dari rumus ini adalah:

Genotipe uji > checks + LSI = Terseleksi Genotipe uji < checks + LSI = Tidak terseleksi
Genotipe uji < checks – LSI = Terseleksi Genotipe uji > checks – LSI = Tidak terseleksi

Tabel 1. Daftar 20 genotipe uji yang digunakan

No.	Kode	Nomor Genotipe	No.	Kode	Nomor Genotipe
1	BSA-21	7.46 x 14.3	11	BSA-31	9.4 x 4.23
2	BSA-22	5.13 x 14.18	12	BSA-32	20.9 x 15.12
3	BSA-23	5.40 x 14.3	13	BSA-33	3.17 x 12.13
4	BSA-24	11.2 x 6.46	14	BSA-34	13.32 x 6.45
5	BSA-25	12.17 x 7.39	15	BSA-35	3.4 x 15.5
6	BSA-26	5.30 x 14.5	15	BSA-36	3.9 x 16.27
7	BSA-27	3.5 x 14.25	15	BSA-37	9.10 x 7.39
8	BSA-28	6.16 x 14.34	18	BSA-38	8.21 x 4.23
9	BSA-29	12 x 5.16	19	BSA-39	8.16 x 1.2
10	BSA-30	9.22 x 5.16	20	BSA-40	8 x 4

Tabel 2. Model ANOVA untuk *augmented design*

Sumber keragaman	Db	JK	KT	Fhitung	Ftabel
Ulangan (<i>block</i>)	r-1	JKb	KTb	KTb/Kte	
Perlakuan (<i>entries</i>)	(g+c)-1	JKp	KTp	KTp/Kte	
<i>checks</i> (c)	c-1	JKc	KTc	KTc/Kte	
genotipe (g)	g-1	JKg	KTg	KTg/Kte	
c vs g	1	JKcvsg	KTcvsg	KTcvsg/Kte	
Error (galat)	((g+rc)-1)-((g+c)-1)-(r-1)	Jke	Kte		
Total	(g+rc)-1	JKt			

Sumber: Syahril, (2018)

Analisis lain dilakukan untuk mengetahui koefisien keragaman genetik dan fenotipe serta nilai heritabilitas arti luas. Analisis tersebut dihitung dengan persamaan:

Ragam lingkungan (σ^2_e) = KTe

Ragam fenotipe (σ^2_f) = KTg

$$\text{Ragam genetik } (\sigma^2_g) = \sigma^2_f - \sigma^2_e$$

Koefisien keragaman genetik (KKg) dan fenotipe (KKf) pada masing-masing karakter menurut Singh dan Chaudhary (1979) dan nilai duga heritabilitas dalam arti luas (h^2) berdasarkan pemisahan komponen keragaman menurut Acquaah, (2012) dihitung menggunakan rumus:

$$\begin{aligned} \text{KKg} &= \frac{\sqrt{\sigma^2_g}}{x} \times 100\% & h^2 &= \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_g - \sigma^2_e} \\ \text{KKf} &= \frac{\sqrt{\sigma^2_f}}{x} \times 100\% \end{aligned}$$

HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Karakter Kualitatif

Atsikaria, Rusmana, Firnia D, Yenny RF, Muslimah RN, Sabda DM, Natawijaya A. 2023 Pendugaan Parameter Genetik dan Seleksi Jagung Manis Hibrida Berdasarkan Karakter Hasil dan Komponen Hasil di Kecamatan Dramaga, Bogor, Jawa Barat. Jurnal Zuriat, 34(2): 73-84

Tabel 3. Karakter Kualitatif Hibrida BSA dan Varietas Pembanding

Populasi	WM	WR	WB	BBB
Genotipe				
BSA-21	150C	145C	21C	Regular
BSA-22	150C	145C	21C	Regular
BSA-23	150C	145C	21C	Regular
BSA-24	150C	145C	21C	Spiral
BSA-25	150C	145C	23C	Regular
BSA-26	150C	145C	21C	Regular
BSA-27	150C	145C	23C	Regular
BSA-28	150C	145C	21C	Regular
BSA-29	150C	145C	21C	Regular
BSA-30	150C	145C	21C	Spiral
BSA-31	150C	145C	21C	Regular
BSA-32	150C	145C	22B	Regular
BSA-33	150C	145C	21C	Spiral
BSA-34	150C	145C	21C	Spiral
BSA-35	150C	145C	23C	Spiral
BSA-36	150C	145C	22B	Spiral
BSA-37	150C	145C	21C	Regular
BSA-38	150C	145C	21C	Regular
BSA-39	150C	145C	21C	Regular
BSA-40	150C	145C	21C	Regular
Checks				
Secada	150C	N144D	10A	Regular
Panglima	150C	N144D	13C	Regular
Paragon	150C	N144D	13C	Regular
Exsotic	150C	N144D	10A	Regular

Keterangan:(150C) *brilliant yellow green*, (145C) *light yellow green*, (N144D) *strong yellow green*, (21C) *brilliant yellow*, (23C dan 22B) *light orange yellow*, (WM) warna malai, (WR) warna rambut, (WB) warna biji, (BBB) bentuk baris biji.

Karakter kualitatif diamati secara visualisasi mengacu pada *description for maize* dari *The International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR) dan menggunakan RHS (*Royal Horticultural Society*) *color chart*. Tabel 3. menampilkan data hasil pengamatan yang dilakukan pada populasi jagung manis hibrida mencakup karakter kualitatif.



Gambar 1. Keragaman penampilan jagung manis hibrida BSA dan empat varietas pembanding

Berdasarkan pengamatan pada sifat kualitatif (Tabel 1) dapat diketahui bahwa terdapat keseragaman karakter warna rambut dan warna malai antar 20 genotipe uji dan terdapat keragaman pada karakter warna biji dan bentuk baris biji. Karakter kualitatif pada jagung manis sangat dipengaruhi oleh penurunan salah satu sifat dominan dari tetua-tetuanya yang menyebabkan adanya kesamaan karakter pada beberapa varietas jagung manis. Menurut Syukur *et al.* (2011) dalam Handini *et al.* (2020), karakter kualitatif lebih banyak dikendalikan oleh gen sederhana (satu atau dua gen) dan tidak atau sedikit dipengaruhi oleh lingkungan.

B. Karakter Kuantitatif

Untuk mengetahui pengaruh perlakuan terhadap karakter kuantitatif tanaman yang diamati maka dilakukan sidik ragam. Masing-masing genotipe memiliki karakter kuantitatif yang berbeda, terdapat beberapa karakter antar perlakuan yang tidak berbeda nyata yaitu tinggi tanaman, jumlah daun, diameter batang, panjang tongkol dan jumlah biji per baris. Pengaruh *checks* karakter umur berbunga jantan dan umur berbunga betina berbeda nyata, menandakan terdapat perbedaan antar varietas pembanding. Pengaruh genotipe pada karakter bobot tongkol segar, bobot tongkol tanpa kelobot, diameter tongkol, jumlah baris per tongkol, padatan total terlarut dan bobot 1000 biji berbeda nyata, menandakan terdapat perbedaan antar genotipe yang diuji. Pengaruh interaksi pada karakter bobot tongkol segar, bobot tongkol tanpa kelobot, diameter tongkol, jumlah baris per tongkol, padatan total terlarut, bobot 1000 biji, umur berbunga jantan dan umur berbunga betina berbeda nyata, menandakan terdapat genotipe uji yang lebih baik dibanding varietas pembanding. Data rekapitulasi sidik ragam uji F ditampilkan pada Tabel 4.

Tabel 4. Rekapitulasi sidik ragam genotipe BSA dan *checks* untuk karakter kuantitatif

Karakter	Perlakuan	Checks	Genotipe	c vs g	KK
Tinggi Tanaman	tn	tn	tn	tn	2,59
Jumlah Daun	tn	tn	tn	tn	1,38
Diameter Batang	tn	tn	tn	tn	3,31
Bobot Tongkol Segar	**	tn	**	**	2,65
Bobot Tongkol Tanpa Kelobot	*	tn	*	*	4,03
Diameter Tongkol	*	tn	*	*	3,12
Panjang Tongkol	tn	tn	tn	tn	4,04
Jumlah Biji Per Baris	tn	tn	tn	tn	5,15
Jumlah Baris Per Tongkol	*	tn	*	*	2,45
Padatan total terlarut	*	tn	*	*	6,47
Berat 1000 Biji	*	tn	*	**	4,45
Umur Berbunga Jantan	**	**	tn	**	1,06
Umur Berbunga Betina	**	**	tn	**	0,82
Umur Panen	~	~	~	~	0,00

Keterangan: (tn) tidak nyata, (*) beda nyata pada taraf 5%, (**) beda nyata pada taraf 1%, (~) tidak terdefinisi (angka pembagi nol), (KK) koefisien keragaman

Tabel 5. Nilai duga komponen ragam, heritabilitas arti luas dan koefisien keragaman genetik dan fenotipe tiap karakter kuantitatif

Karakter	σ^2_e	σ^2_g	σ^2_f	$h^2(\%)$	KKg(%)	KKf(%)
Tinggi Tanaman	25,27	72,62	97,89	74,19	4,39	5,10
Jumlah Daun	0,04	0,10	0,14	71,92	2,21	2,61
Diameter Batang	0,01	0,01	0,01	50,00	3,37	4,73
Bobot Tongkol Segar	72,52	1637,03	1709,55	95,76	12,61	12,89
Bobot Tongkol Tanpa Kelobot	82,79	534,09	616,88	86,58	10,23	10,99
Diameter Tongkol	0,02	0,10	0,13	80,82	6,40	7,12
Panjang Tongkol	0,54	0,88	1,42	62,10	5,17	6,56
Jumlah Biji Per Baris	2,71	2,45	5,16	47,51	4,90	7,10
Jumlah Baris Per Tongkol	0,15	0,59	0,74	78,68	4,80	5,39
Padatan total terlarut	0,78	3,17	3,95	80,16	13,00	14,52
Berat 1000 Biji	211,42	1371,27	1582,68	86,64	11,34	12,18

Keterangan: (σ^2_e) ragam lingkungan, (σ^2_g) ragam genetik, (σ^2_f) ragam fenotipe, (h^2) heritabilitas, (KKg) koefisien keragaman genetik, (KKf) koefisien keragaman fenotipe

Menurut Acquaah (2012) kriteria nilai duga heritabilitas terbagi menjadi tinggi ($h^2 > 0,50$), sedang ($0,20 \leq h^2 \leq 0,50$) dan rendah ($h^2 < 0,20$). Menurut Miligan *et al.* (1996) kriteria KKg dan KKf terbagi menjadi rendah (KKg dan KKf $< 5\%$), sedang ($5\% \leq$ KKg dan KKf $\leq 14,5\%$) dan tinggi (KKg dan KKf $> 14,5\%$).

Berdasarkan data yang disajikan Tabel 5 dapat dijelaskan bahwa karakter yang memiliki nilai duga heritabilitas yang tinggi yaitu karakter tinggi tanaman, jumlah daun, bobot tongkol segar, bobot tongkol tanpa kelobot, diameter tongkol, panjang tongkol, jumlah baris per biji, padatan total terlarut dan bobot 1000 biji. Barcchiya *et al.* (2018) menjelaskan bahwa nilai heritabilitas dalam arti luas membantu pemulia mengidentifikasi karakter yang sesuai untuk seleksi berdasarkan penampilan fenotipeiknya. Nilai KKg dan KKf pada 20 genotipe jagung manis hibrida yang diuji memiliki nilai yang bervariasi. Karakter dengan nilai KKf dengan tertinggi didapatkan pada karakter padatan total terlarut. Jhanavi *et al.* (2018) menjelaskan bahwa semakin tinggi nilai KKg dan KKf menunjukkan adanya variabilitas yang cukup pada sumberdaya genetik yang digunakan

dan sifat tersebut diatur oleh gen aditif. Hal ini menunjukkan bahwa terdapat banyak peluang untuk meningkatkan karakter tersebut melalui seleksi secara langsung.

Seleksi genotipe jagung manis dilakukan untuk mencari genotipe berdasarkan karakter hasil. Seleksi dilakukan pada karakter yang memiliki hasil analisis varians berbeda nyata dan memengaruhi karakter hasil. Genotipe yang terpilih ialah genotipe yang memiliki nilai rata-rata lebih besar dibandingkan rata-rata pembanding tambah nilai LSI, kecuali pada karakter umur berbunga dan umur panen. Pada kedua karakter ini, genotipe yang terseleksi ialah genotipe yang memiliki rata-rata lebih kecil dibanding rata-rata pembanding dikurang nilai LSI.

Menurut uji LSI pada taraf 5% genotipe uji yang diikuti notasi “a” dinilai lebih baik dibanding varietas Secada. Genotipe uji yang diikuti notasi “b” dinilai lebih baik dibanding varietas Panglima. Genotipe uji yang diikuti notasi “c” dinilai lebih baik dibanding varietas Paragon. Genotipe uji yang diikuti notasi “d” dinilai lebih baik dibanding varietas Exsotic. Tabel 6 menampilkan hasil seleksi 20 hibrida BSA berdasarkan karakter kuantitatif.

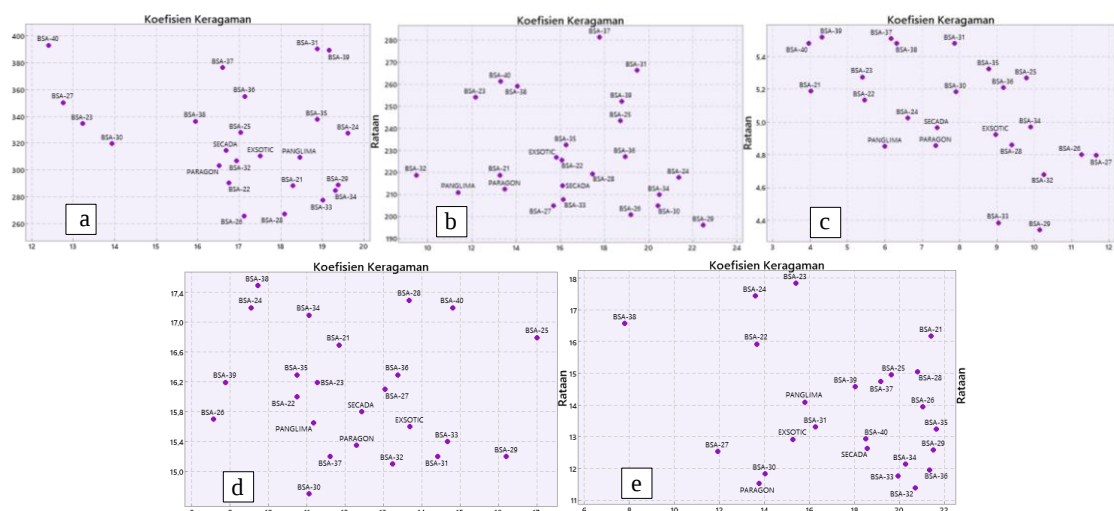
Berdasarkan hasil uji LSI (Tabel 6) jumlah genotipe uji terseleksi diantaranya 11 hibrida BSA berdasarkan bobot tongkol segar, 7 hibrida BSA berdasarkan bobot tongkol tanpa kelobot, 7 hibrida BSA berdasarkan diameter batang, 7 hibrida BSA berdasarkan jumlah baris per tongkol, 9 hibrida BSA berdasarkan padatan total terlarut, 4 hibrida BSA berdasarkan bobot 1000 biji dan 20 hibrida BSA berdasarkan umur berbunga jantan, umur berbunga betina dan umur panen.

Scatter plot atau grafik sebar adalah salah satu teknik statistika deskriptif berupa representasi grafik dengan penggunaan titik-titik untuk menyajikan dua variabel berbeda dalam satu grafik dua dimensi. Tampilan *scatter plot* bertujuan untuk menunjukkan peringkat genotipe berdasarkan rata-rata dan koefisien keragamannya. Pola penyebaran genotipe berdasarkan rata-rata dan koefisien keragaman pada karakter yang memiliki hasil analisis varians berbeda nyata dan memengaruhi karakter hasil ditampilkan pada Gambar 2. Pola penyebaran (Gambar 2) menunjukkan genotipe dengan peringkat terbaik berdasarkan bobot tongkol segar, bobot tongkol tanpa kelobot dan diameter tongkol adalah BSA-40, berdasarkan jumlah biji per tongkol dan padatan total terlarut adalah BSA-38. Sedangkan genotipe dengan peringkat terendah berdasarkan bobot tongkol segar adalah BSA-33, berdasarkan bobot tongkol tanpa kelobot, diameter tongkol dan jumlah biji per tongkol adalah BSA-29, berdasarkan padatan total terlarut adalah BSA-33

Tabel 5. Rekapitulasi data hasil seleksi 20 genotipe jagung manis hibrida BSA

	BTS (g)	BTK (g)	DT (cm)	JBT	PTT (°brix)	1000B (g)	UBJ (hst)	UBB (hst)	UP (hst)
Genotipe									
BSA-21	288,40	218,81	5,19	16,70 cd	16,18 acd	318,22	50,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-22	290,40	226,75	5,14	16,00	15,93 acd	343,03	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-23	334,61 bcd	254,09 abcd	5,28 b	16,20	17,84 abcd	339,53	49,00 abcd	52,00 abcd	66,00 abcd
BSA-24	327,40 c	217,60	5,03	17,20 abcd	17,45 abcd	279,42	50,00 abcd	52,00 abcd	68,00 abcd
BSA-25	327,90 c	243,40 abc	5,27	16,80 bcd	14,96 c	341,73	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-26	265,90	200,79	4,80	15,70	13,95	261,86	50,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-27	350,42 abcd	204,75	4,80	16,10	12,54	371,72 a	52,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-28	267,50	219,38	4,86	17,30 abcd	15,05 c	274,79	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-29	288,90	196,04	4,34	15,20	12,58	283,00	50,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-30	319,85	205,02	5,19	14,70	11,84	288,89	51,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-31	390,40 abcd	266,20 abcd	5,48 abcd	15,10	13,32	320,68	50,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-32	307,10	218,78	4,68	15,10	11,40	303,55	51,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-33	277,70	207,80	4,39	15,40	11,77	260,20	50,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-34	284,70	209,76	4,97	17,10 abcd	12,14	287,67	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-35	337,60 bcd	232,30	5,33 bc	16,30	13,24	350,20	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-36	355,00 abcd	227,05	5,21	16,30	11,95	273,72	51,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-37	376,30 abcd	281,20 abcd	5,51 abcd	15,10	14,76 c	382,96 ad	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
BSA-38	336,50 bcd	259,21 abcd	5,48 abcd	17,50 abcd	16,57 abcd	312,28	50,00 abcd	52,00 abcd	66,00 abcd
BSA-39	389,30 abcd	252,20 abcd	5,52 abcd	16,20	14,59 c	373,75 a	51,00 abcd	54,00 abcd	68,00 abcd
BSA-40	393,20 abcd	261,15 abcd	5,48 abcd	17,20 abcd	12,93	364,45 a	51,00 abcd	53,00 abcd	68,00 abcd
Checks									
Secada	314,69	213,95	4,97	12,64	332,56	332,56	57,50	59,50	77,00
Panglima	309,57	210,87	4,85	14,10	362,80	362,80	54,00	56,00	72,00
Paragon	303,25	212,28	4,86	11,53	359,14	359,14	54,50	57,00	74,00
Exsotic	310,32	225,50	4,92	12,93	352,40	352,40	54,50	56,50	74,00
LSI	23,50	25,11	0,43	2,44	29,30	29,30	1,51	1,23	0,00

Keterangan: angka yang diikuti huruf a, b, c, dan d berturut-turut nyata lebih unggul dibanding varietas Secada, Panglima, Paragon dan Exsotic. BTS= bobot tongkol segar, BTK= bobot tongkol tanpa kelobot, DT= diameter tongkol, JBT= jumlah biji per tongkol, PTT= padatan total terlarut, 1000B= bobot 1000 biji, UBJ = umur berbunga jantan, UBB= umur berbunga betina, UP= umur panen.



Gambar 2. Pola penyebaran 20 genotipe jagung BSA dan empat *checks* berdasarkan koefisien keragaman dan rata-rata karakter: (a) bobot tongkol segar, (b) bobot tongkol tanpa kelobot, (c) diameter tongkol, (d) jumlah baris per tongkol, (e) padatan total terlarut

Menurut Wulandari dan Sugiharto (2017) dan Yuwariah *et al.* (2022) potensi hasil akhir berkaitan dengan tongkol, baik berat tongkol, ukuran tongkol maupun jumlah biji. Diameter tongkol mempunyai korelasi yang positif dengan potensi hasil, semakin besar diameter tongkol maka semakin tinggi hasil (Dialista dan Sugiharto, 2017). Karakter diameter tongkol berhubungan dengan total biji yang dihasilkan dalam satu tongkol. Pembentukan tongkol sangat terpengaruh dari banyaknya fotosintat yang dialirkan ke tongkol (Supriatna *et al.* 2022).

Diameter tongkol akan memberikan dampak bagi jumlah baris biji per tongkol. Karakter diameter tongkol dan akan berbanding lurus terhadap hasil dari baris dan jumlah biji. Jumlah biji pada tongkol dipengaruhi proses polinasi. Pembentukan biji adalah proses pembuahan yang didahului oleh polinasi. Pembuahan dapat berlangsung ketika serbuk sari mengenai kepala putik, kemudian serbuk sari akan terus masuk ke tangkai putik hingga bertemu sel telur dan terjadi pembentukan biji (Wulan *et al.* 2017).

KESIMPULAN

Terdapat genotipe uji terseleksi diantaranya 11 hibrida BSA berdasarkan bobot tongkol segar, 7 hibrida BSA berdasarkan bobot tongkol tanpa kelobot, 7 hibrida BSA berdasarkan diameter batang, 7 hibrida BSA berdasarkan jumlah baris per tongkol, 9 hibrida BSA berdasarkan padatan total terlarut, 4 hibrida BSA berdasarkan bobot 1000 biji dan 20 hibrida BSA berdasarkan umur berbunga jantan, umur berbunga betina dan umur panen.

SARAN DAN UCAPAN TERIMA KASIH

Saran yang dapat disampaikan yaitu pada hibrida BSA yang memiliki keunggulan dan keseragaman dapat dilakukan tahap selanjutnya dalam proses pemuliaan tanaman, yaitu uji adaptasi dan uji multilokasi. Peneliti juga menyampaikan ucapan terimakasih pada Benih Sumber Andalan Research Center yang telah memfasilitasi dan mendanai penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Acquaah, G. 2012. *Principles of Plant Genetics and Breeding*, 2nd ed. Wiley Blackwell A John Wiley & Sons, Ltd Publication. Oxford. 584 p.
- Barcchiya, J., Naidu, A.K., Mehta, A.K., Upadhyay, A., 2018. *Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and yield components in pea (Pisum sativum L.)*. Vol. 6: 3324–3327.
- BPS. 2015. Statistik Indonesia. Jakarta: Badan Pusat Statistik Republik Indonesia.
- BPS. 2019. Impor. Jakarta: Statistik Perdagangan Luar Negeri
- Dialista, R., & Sugiharto, A.N. 2017. *Performance of Sweet Corn (Zea mays L. Saccharata Sturt) at 2 Altitude. Plantropica Journal of Agriculktural Science*. Vol. 2(2): 155–163.
- Handini, M.A., Saptadi, D., dan Waluyo, B. 2020. Parameter Genetik Karakter Komponen Hasil dan Seleksi 82 Genotipe Ercis di Dataran Rendah. *Jurnal Kultivasi*. Vol. 19(2): 1162-1173.
- Jhanavi, D.R., Patil, H.B., Justin, P., Hadimani, R.H.P., Mulla, S.W.R., dan Sarvamangala, C. 2018. *Genetic Variability, Heritability And Genetic Advance Studies In French Bean (Phaseolus vulgaris L.) Genotypes. Indian Journal Agric. Res.* Vol. 52: 162–166.
- Kementan (Kementerian Pertanian). 2015. Data Produksi Jagung Manis 2014. (http://alpalikasi.pertanian.go.id/bdsp/hasil_komp.asp). Diakses pada tanggal 18 Februari 2023.
- Miligan, S.B., Martine, F.A., dan Grovis K.A. 1996. *Inheritance of Sugarcane Ratooning Ability and The Relationship of Younger Crop Traits to Older. Crop Science Journal*. Vol. 36(1): 45–60.
- Mutaqin, Z., Saputra, H., dan Ahyuni, D. 2019. Respons Pertumbuhan dan Produksi Jagung Manis terhadap Pemberian Pupuk Kalium dan Arang Sekam. *Jurnal Planta Simbiosis*. Vol. 1(1): 39–50.
- Petersen, R.G. 1994. *Agriculture Field Experiments Design and Analysis*. Oregon State University. Corvallis Oregon. 426 p.
- Priyanto, S, B., Andi T M., dan R Neni, I. 2019. Estimasi Nilai Daya Gabung Galur Jagung Menggunakan Metode Line X Tester. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*. Vol 3 (2): 83-90.
- Sidiq, A.R.F., Syukur, M., dan Marwiyah, S. 2017. Pendugaan Parameter Genetik dan Seleksi Karakter Kuantitatif Cabai Rawit (*Capsicum annum L.*) Populasi F3. *Jurnal Agrohorti*. Vol. 5(2): 213–225
- Singh, R.K., dan Chaudary, B.D. 1977. *Biometrical Methods in Quantitative Genetics Analysis*. Revised ed. Kalyani Publishers. Ludhiana. 304 p.
- Syahril, M. 2018. Rancangan Bersekat (*Augmented Design*) untuk Penelitian Bidang Pemuliaan Tanaman. *Agrosamudra Jurnal Penelitian*. Vol. 5(1): 63–66.
- Syukur H dan Rifanto. 2014. Respon Pertumbuhan dan Produksi Tanaman Jagung (*Zea mays L.*) Terhadap Pemberian Pupuk Kandang Ayam dan Pupuk Organik Cair Plus. *Agrium*. Vol 18(1):13-22.

- Wulan, P. N., Yulianah, I., dan Damanhuri. 2017. Penurunan Ketegaran (*Inbreeding Depression*) Pada Generasi F1, S1 dan S2 Populasi Tanaman Jagung (*Zea mays* L.). *Jurnal Produksi Tanaman*. Vol. 5(3): 521–530.
- Wulandari, D.R., dan Sugiharto A.N. 2017. Uji Daya Hasil Pendahuluan Beberapa Galur Jagung Manis (*Zea mays* L.). *Jurnal Produksi Tanaman*. Vol. 5(12):1998–2007.
- Yuwariah, Y., Putri, D.N., Ruswandi, D., Wicaksono, F.Y., dan Esperanza, D. 2022. Karakter Agronomi Beberapa Jagung Hibrida Padjadjaran dan Hubungannya dengan Hasil Di Dataran Medium. *Jurnal Kultivasi*. Vol. 21(2): 231–238.

Uji Keunggulan Calon Varietas Melon Minion (*Cucumis Melo L.*) di Desa Cikarawang Dramaga

Excellence Test of Melon Minion Varieties (*Cucumis Melo L.*) in Cikarawang Dramaga Village

Agung Sunandar¹⁾, Ratna Fitry Yenny²⁾, S. Hilal²⁾, Z. Millah²⁾, Danu Sabda M³⁾, Azis
Natawijaya⁴⁾

¹⁾Mahasiswa Program Sarjana. ²⁾Jurusan Agroekoteknologi, Fakultas Pertanian,
Universitas Sultan Ageng Tirtayasa. ³⁾Benih Sumber Andalan Research Center. ⁴⁾PT.
Bumitama Gunajaya Agro

Korespondensi: aznatawijaya@yahoo.com

Diterima: 27 Juli 2023. **Disetujui:** 24 September 2023. **Dipublikasi:** 25 September
2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.48689](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.48689)

ABSTRAK

Melon merupakan tanaman semusim yang memiliki tingkat permintaan tinggi. Ketersediaan benih melon di Indonesia masih didatangkan dari luar negeri untuk memenuhinya. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keunggulan antara calon varietas melon minion dan tiga varietas tanaman melon pembanding. Penelitian ini dilakukan di Kebun Percobaan Benih Sumber Andalan Research Center Dramaga Bogor, pada bulan Desember sd maret 2023. Metode penelitian menggunakan Rancangan Acak Kelompok (RAK) terdiri dari 4 perlakuan yaitu 1 calon varietas minion dan 3 varietas pembanding yaitu Merlion, Kinanti dan Alisha. Berdasarkan hasil rekapitulasi sidik ragam calon varietas Minion memiliki keunggulan pada parameter kadar gula 12,7⁰ brix dan umur panen 65 HST. Penampilan memiliki keunikan berupa bentuk buah Ovate dengan ukuran kecil namun memiliki rasa yang sangat manis, calon varietas Minion memiliki nilai koefisien keragaman < 25% pada seluruh parameter yang diamati. Calon varietas Minion memiliki ketahanan penyakit begomovirus lebih baik dari pada varietas merlion.

Kata kunci: Hibrida , Keunggulan, Keseragaman, Kadar Gula, Melon Minion

ABSTRACT

Melon is an annual plant that has a high level of demand. The availability of melon seeds in Indonesia is still imported from abroad to fulfill them. This study aims to determine the superiority of the minion melon variety candidates with the three comparative melon plant varieties. The current problem is that not all variety or lines produced by breeders can adapt well to an area. This research aimed to determine the adaptability of prospective hybrid melon variety assembled by Benih Sumber Andalan Research Center to adapt in Cikarawang Dramaga Village. This research was conducted at the research station Benih Sumber Andalan Research Center Dramaga Bogor, from December 2022 to March 2023. This research used a one-factor randomized block design consisting of four treatments, namely 1 candidate Minion variety and three control varieties namely Merlion, Kinanti and Alisha. Based on the results of the recapitulation of variance, the Minion variety candidate had an advantage in terms of sugar content of 12.7⁰ brix and harvesting age of 65 HST. The appearance is unique in the form of Ovate fruit shape with small size but has a very sweet taste. The Minion variety candidate has a coefficient of variation <25% for all observed parameters. The Minion variety has better begomovirus disease resistance than the Merlion variety.

Keywords: Superior, Hybrid, Minion Melons, Uniformity, Sugar Content

PENDAHULUAN

Tanaman melon (*Cucumis melo* L.) adalah salah satu tanaman hortikultura yang banyak digemari karena memiliki cita rasa buah yang khas dan manis. Melon di Indonesia pertama kali dibudidayakan di daerah Cisarua (Bogor) dan Kalianda (Lampung) (Daryono, 2018). Potensi dari tanaman melon untuk dikembangkan cukup bagus, melon memiliki harga jual yang cukup tinggi baik nilai jual benih ataupun buahnya. Secara ekonomi pendistribusian dari buah ini sangat perlu diperhatikan untuk memenuhi kebutuhan pasar. Produksi nasional tanaman melon meningkat setiap tahunnya pada tahun 2017-2020. Berdasarkan data Badan Pusat Statistik (2021) menunjukkan bahwa produksi melon mengalami penurunan dari 138.177 ton pada tahun 2020 menjadi 129.147 ton pada tahun 2021.

Desa Cikarawang Dramaga merupakan salah satu desa Bogor dengan luas lahan pertanian yang luas. Kondisi fisik berupa jenis tanah yang subur dan didukung dengan keberadaan air yang melimpah dengan adanya sungai dan irigasi yang memadai, berpotensi untuk memproduksi melon karena luas tanah 25,29 km berada dataran menengah yaitu ketinggian wilayah 197 mdpl, kecepatan angin yang normal sebesar 3,7 km/jam dengan suhu rata-rata 26°C. Pada data Badan Pusat Statistik (2021) bahwa tahun 2021 produksi melon di Jawa Barat mencapai 1080 ton.

Budidaya melon terkendala berbagai faktor, salah satunya pemenuhan ketersediaan benih melon. Handayani (2019), menyatakan budidaya melon di Indonesia masih impor dari luar negeri untuk memenuhi ketersediaan benih. Menurut Pembengo (2020), bahwa penggunaan jenis varietas unggul juga merupakan upaya yang dapat meningkatkan produksi melon. Salah satu cara untuk meningkatkan produktifitas dan kualitas melon adalah melalui penggunaan varietas unggul. Benih unggul dapat dihasilkan melalui program pemuliaan tanaman. Benih unggul adalah benih tanaman yang memiliki potensi tinggi dalam hasil, kualitas yang terbaik, tahan terhadap berbagai hama dan penyakit, serta umur panen yang lebih cepat.

Pemuliaan tanaman merupakan ilmu yang mempelajari bagaimana memperoleh dan menciptakan suatu tanaman menjadi lebih baik. Langkah ini menjadi salah satu bagian penting dalam menciptakan tanaman yang berkualitas, PT. Benih Sumber Andalan (BSA) merupakan salah satu perusahaan yang bergerak di bidang pertanian dimana fokus utamanya yaitu pemuliaan tanaman untuk menyiapkan bahan tanam yang berkualitas. Salah satu produknya adalah genotipe melon hibrida yaitu calon varietas melon minion. Penggunaan benih hibrida merupakan salah satu cara dalam meningkatkan produksi.

Pelaksanaan pengujian varietas menjadi persyaratan teknis yang mutlak dalam pelepasan varietas, salah satunya melalui uji keunggulan, yang merupakan kegiatan uji lapang di beberapa agromorfologi bagi tanaman semusim, untuk mengetahui keunggulan dan interaksi varietas terhadap lingkungan. Berdasarkan uraian tersebut, maka diperlukannya adanya Uji Keunggulan Calon Varietas Melon (*Cucumis melo* L.) di Desa Cikarawang Dramaga. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui mengetahui keunggulan antara calon varietas melon minion dan tiga varietas tanaman melon pembandingan.

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini merupakan penelitian eksperimen yang dilaksanakan di Kebun Percobaan PT. Benih Sumber Andalan Dramaga Bogor, dari bulan Desember 2022 s.d Maret 2023. Rancangan penelitian yang digunakan adalah Rancangan Acak Kelompok (RAK) satu faktor berdasarkan Gaspersz (1991) dengan model linier sebagai berikut:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \sum \epsilon_{ij}$$

Penelitian ini menggunakan model Rancangan Acak Kelompok (RAK) non faktorial, terdiri dari 1 calon varietas minion dan 3 varietas pembanding (Merlion, Kinanti, Alisha) dan diulang sebanyak 4 kali. Data analisis menggunakan uji F (ANOVA) dan dilanjutkan dengan uji lanjut BNJ (Beda Nyata Jujur) taraf 5%. Masing-masing varietas ditanam sebanyak 15 tanaman pada setiap blok, Sehingga jumlah total tanaman yang diamati sebanyak 240 tanaman. Karakter kualitatif yang diamati yaitu bentuk daun, warna daun, warna kulit buah, tipe kulit buah, warna daging buah, bentuk buah, dan rasa buah. Pengamatan kuantitatif meliputi diameter batang, panjang daun, lebar daun, panjang mahkota bunga jantan, lebar mahkota bunga jantan, panjang *peduncle* bunga jantan, jumlah helai mahkota bunga jantan jumlah anther bunga jantan, panjang mahkota bunga betina, lebar mahkota bunga betina, jumlah helai mahkota bunga betina, jumlah anther bunga, betina panjang *ovary* bunga betina, panjang *peduncle* bunga betina, bobot buah, panjang buah, lebar buah, ketebalan daging buah, kadar gula buah, dan umur panen.

Variabel kualitatif dianalisis deskriptif sesuai dengan description for melon dari IPGRI. Panduan Pelaksanaan Uji (PPU) Keunikan, Keseragaman Dan Kestabilan, Dan Direktorat Pembenihan Hortikultura. Sedangkan untuk data kuantitatif dilakukan dengan menggunakan analisis statistik deskriptif. Data hasil pengamatan dianalisis secara statistik menggunakan software Minitab. Data diolah menggunakan software Minitab.

HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Kualitatif

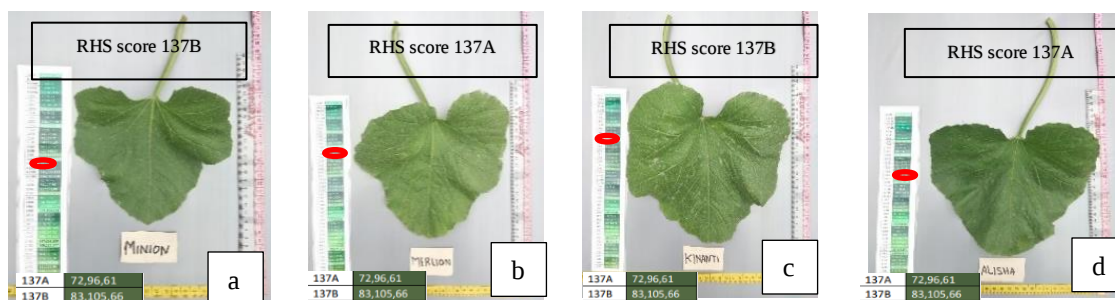
Karakter kualitatif merupakan uji yang dibedakan secara visual. Hasil pengamatan karakter kualitatif calon varietas minion disajikan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Karakter fenotipe calon varietas minion dan 3 varietas pembanding

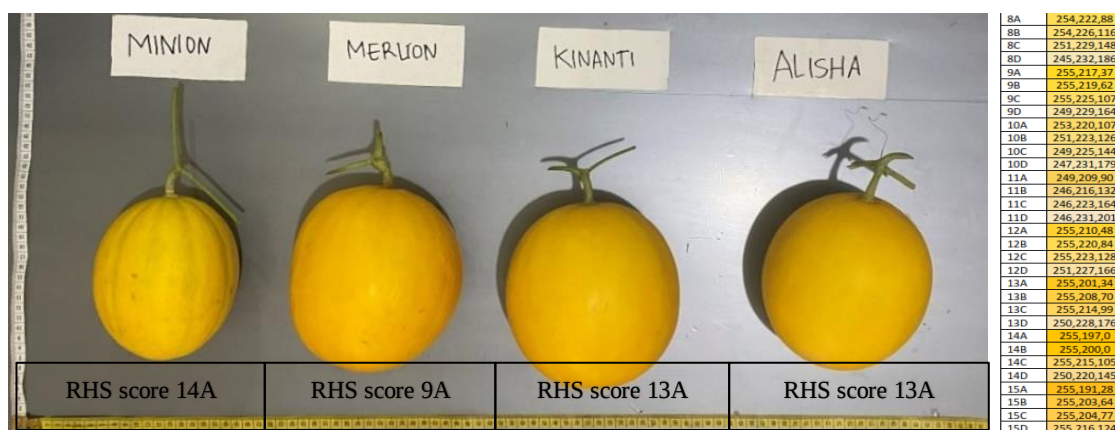
No	Karakter Fenotipe	Minion	Merlion	Kinanti	Alisha
Kualitatif					
1	Bentuk Daun	Lemah-Pendek	Lemah-Pendek	Lemah-Pendek	Lemah-Pendek
2	Warna Daun	Hijau Gelap (<i>moderate Olive green</i> RHS2022 137B)	Hijau Gelap (<i>moderate Olive green</i> RHS2022 137A)	Hijau Gelap (<i>moderate Olive green</i> RHS2022 137B)	Hijau Gelap (<i>moderate Olive green</i> RHS2022 137A)
3	Warna Kulit buah	Kuning Orange (<i>Vivid Yellow</i> RHS2022 14A)	Kuning Orange (<i>Vivid Yellow</i> RHS2022 9B)	Kuning (<i>Brilliant Yellow</i> RHS2022 13C)	Kuning Orange (<i>Vivid Yellow</i> RHS2022 13A)
4	Tipe Kulit Buah	Mulus Beralur	Mulus Kasar	Mulus Licin	Mulus Licin
5	Warna daging buah	Orange kekuningan (<i>Light Orange Yellow</i> RHS2022 24C)	Orange kekuningan (<i>Light Orange Yellow</i> RHS2022 24C)	Kuning Pucat (<i>Pale Yellow</i> RHS2022 18C)	Kuning Pucat (<i>Pale Yellow</i> RHS2022 158A)
6	Bentuk Buah	Ovate	Ovate	Medium elliptic	Ovate
7	Rasa Buah	Sangat Manis	Manis	Manis	Manis

Pemuliaan tanaman dilakukan untuk menghasilkan kultivar yang Baru, Unggul, Stabil, dan Seragam (BUSS). Menurut Shimelis (2012) Pemuliaan tanaman yang menghasilkan varietas unggul membutuhkan waktu yang lama. Beberapa faktor yang mempengaruhi kecepatan pemulia membawa varietas tanaman baru ke pasar meliputi 1) pemuliaan biologis dan kebiasaan pertumbuhan tanaman, 2) sumber daya yang tersedia bagi pemulia, 3) lamanya waktu yang diperlukan untuk kegiatan pra-pemuliaan, 4) periode pengembangan kultivar yang akan diikuti, dan 5) dukungan kelembagaan yang

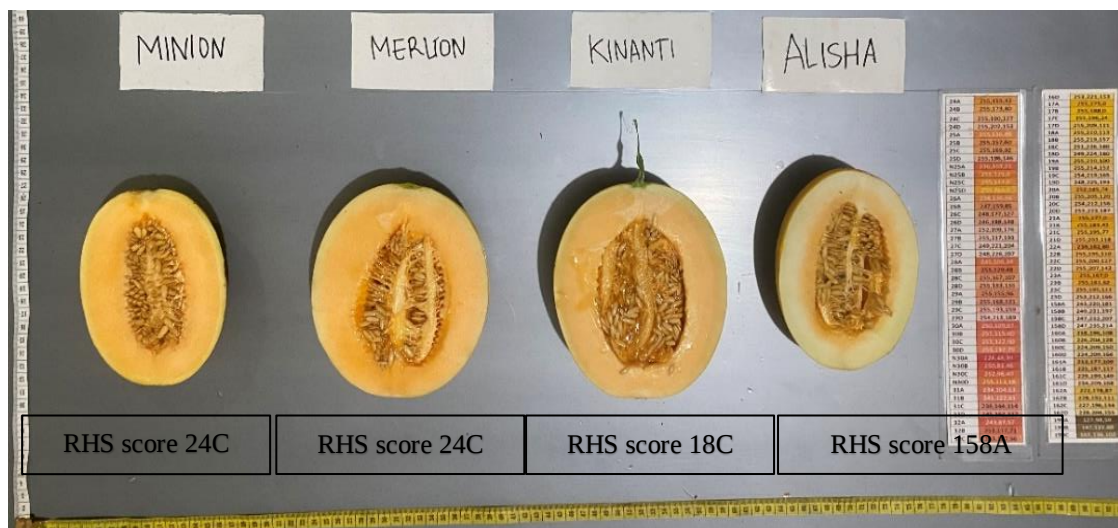
berbeda di setiap negara. Pemuliaan tanaman melon dilakukan dengan menyilangkan indukan melon ♀ BSA-D dan ♂ BSA-DK menghasilkan hibrida (F1) yaitu Minion. Selanjutnya kultivar Minion dilakukan uji adaptasi di kebun percobaan Benih Sumber Andalan Research Center. Berdasarkan hasil pengamatan, dari keempat populasi yang ditanam umumnya memiliki karakter yang seragam termasuk karakter kualitatif buah melon ‘Minion’ yang muncul. Berdasarkan (Tabel 1) menunjukkan melon ‘Minion’ memiliki bentuk daun lemah-pendek, warna daun hijau gelap, warna kulit buah kuning orange, tipe kulit buah mulus beralur, warna daging buah orange kekuningan, bentuk buah ovate, dan rasa buah yang sangat manis. Karakter tersebut perhatian utama dari pengamatan karena merupakan bagian yang paling membedakan melon ‘Minion’ dengan varietas lain. Suatu tanaman dalam perakitan kultivar harus memenuhi sifat BUSS yaitu baru, unik, stabil, dan seragam (Daryono & Maryanto, 2016). Suatu varietas dapat dikatakan unik jika memiliki perbedaan yang konsisten dan jelas (Aryawati & Sobir, 2013). Calon varietas minion secara penampilan memiliki sifat yang menarik yaitu pada bentuk buah ovate (oval/bulat telur), kulit buah berwarna kuning menyala, serta kulit buah yang mulus dan beralur yang membuat melon menarik, mudah di bawa ke mana-mana dan bentuknya tidak terlalu besar namun tidak terlalu kecil akan mempermudah konsumen dalam penyajian buah melon, serta rasa buah sangat manis.



Gambar 1. Bentuk dan Warna daun. (a. Daun calon varietas Minion, b. Daun Merlion, c. Daun Kinanti, d. Daun Alisha)



Gambar 2. Variasi buah melon (a. Calon varietas Minion, b. Varietas Merlion, c. Varietas Kinanti, d. Varietas Alisha)



Gambar 3. Variasi warna daging buah (a. Calon varietas Minion, b. Varietas Merlion, c. Varietas Kinanti, d. Varietas Alisha)

B. Kuantitatif

Karakter kuantitatif dilakukan pada saat memasuki masa generatif dan pada saat setelah panen. Analisis sidik ragam dilakukan untuk mengetahui pengaruh perlakuan varietas terhadap pertumbuhan dan hasil tanaman melon hibrida yang diamati. Hasil analisis sidik ragam pada karakter-karakter kuantitatif ditampilkan dalam tabel 2, sebagai berikut:

Tabel 2. Rekapitulasi hasil sidik ragam karakter kuantitatif pada empat varietas melon (*Cucumis melo* L.)

Parameter Pengamatan	Perlakuan Varietas	Koefisien Keragaman (%)
Diameter Batang (cm)	*	9.40
Panjang Daun (cm)	**	2.58
Lebar Daun (cm)	**	5.01
Panjang Mahkota Bunga Jantan (cm)	*	4.90
Lebar Mahkota Bunga Jantan (Cm)	tn	6.71
Panjang <i>Peduncle</i> Bunga Jantan (cm)	*	14.62
Jumlah Helai Mahkota Bunga Jantan	tn	1.19
Jumlah Anther Bunga Jantan	tn	2.74
Panjang Mahkota Bunga Betina (cm)	**	3.93
Lebar Mahkota Bunga Betina (cm)	*	14.62
Jumlah Helai Mahkota Bunga Betina	tn	1.71
Jumlah Anther Bunga Betina	tn	4.62
Panjang <i>Ovary</i> bunga Betina (cm)	tn	6.28
Panjang <i>Peduncle</i> Bunga Betina (cm)	tn	16.07
Bobot Buah (kg)	**	9.57
Panjang Buah (cm)	**	3.60
Lebar Buah (cm)	**	4.46
Ketebalan Daging Buah (cm)	tn	8.52
Kadar Gula Buah	**	4.73
Umur Panen	**	0.34

Keterangan : * = Berpengaruh Nyata, ** = Berpengaruh Sangat Nyata, dan tn = Berpengaruh Tidak nyata

Hasil uji calon varietas Minion menunjukkan beberapa kemiripan dengan varietas pembanding antara lain parameter panjang daun, panjang mahkota bunga jantan, lebar mahkota bunga jantan, panjang *peduncle* bunga jantan, jumlah helai mahkota bunga

jantan, jumlah anther bunga jantan, panjang mahkota bunga betina, lebar mahkota bunga betina, jumlah helai mahkota bunga betina, jumlah anther bunga betina, panjang *ovary* bunga betina, dan panjang *Peduncle* bunga betina. Dibuktikan dengan analisis ragam (Tabel 2) tidak berbeda nyata (tn). Calon varietas Minion menunjukkan performa yang sama baik dengan varietas pembanding, hal ini membuktikan bahwa baik varietas pembanding maupun calon varietas Minion mampu beradaptasi di lingkungan uji. Sedangkan varietas terdapat pengaruh nyata pada parameter diameter batang, panjang mahkota bunga jantan, panjang *peduncle* bunga jantan, dan lebar mahkota bunga betina. sedangkan pada parameter panjang daun, lebar daun, panjang mahkota bunga betina, bobot buah, panjang buah, lebar buah, kadar gula buah dan umur panen. Kemudian hasil sidik ragam dibuktikan dengan uji lanjut untuk mengetahui pengaruh perlakuan (Tabel 3).

Tabel 3. Hasil uji lanjut karakter kuantitatif pada calon varietas Minion dan 3 varietas pembanding

Parameter Pengamatan	Varietas			
	Minion	Merlion	Kinanti	Alisha
Diameter Batang (cm)	0.51b	0.62ab	0.58ab	0.64a
Panjang Daun (cm)	15.71c	18.75b	20.24a	17.94c
Lebar Daun (cm)	18.10b	23.68a	23.75a	21.60a
Panjang Mahkota Bunga Jantan (cm)	2.04b	2.25ab	2.32a	2.11ab
Panjang <i>Peduncle</i> Bunga Jantan (cm)	2.38ab	2.04b	2.99a	2.38ab
Panjang Mahkota Bunga Betina (cm)	2.29b	2.37b	3.08a	2.51b
Lebar Mahkota Bunga Betina (cm)	1.88ab	1.71b	2.42a	2.21ab
Bobot Buah (kg)	723.58b	1249.03a	1325.40a	1243.82a
Panjang Buah (cm)	12.81b	15.40a	15.67a	14.90a
Lebar Buah (cm)	10.75b	12.86a	13.28a	12.72a
Kadar Gula Buah	12.73a	11.05b	11.25b	11.7ab
Umur Panen	66.21a	76.96b	77.33b	77.33b

Keterangan : Angka yang diikuti dengan notasi yang sama dalam satu baris menunjukkan hasil berbeda tidak nyata pada uji BNT dengan taraf 5%; tn: berbeda tidak nyata

Berdasarkan hasil yang diperoleh dalam penelitian ini semua karakter kuantitatif yang diuji memiliki nilai keseragaman tinggi yaitu nilai koefisien keragaman < 25%. Berdasarkan Tabel 2, Menampilkan nilai koefisien keragaman (KK) pada komponen pengamatan kuantitatif tanaman melon. Menurut Susanto (2015), nilai KK dibagi menjadi 4 kelompok yaitu nilai KK rendah (0-25%), sedang (25-50%), tinggi (50- 75%) dan sangat tinggi (75-100%). Sehingga kriteria koefisien keragaman genetik pada setiap variabel pengamatan tergolong rendah. Nilai koefisien keragaman terendah terdapat pada karakter pengamatan umur panen dengan nilai koefisien keragaman 0,34%, sedangkan nilai koefisien keragaman tertinggi terdapat pada karakter pengamatan panjang *peduncle* bunga betina dengan koefisien keragaman 16,07%. Keragaman adalah sifat individu pada setiap populasi tanaman yang memiliki perbedaan antara tanaman yang satu dengan yang lainnya berdasarkan sifat yang dimiliki. Kemudian dilakukan penghitungan koefisien keragaman antar perlakuan dengan nilai koefisien keragaman terendah terdapat pada karakter pengamatan panjang daun dengan nilai koefisien keragaman 1,7% dimiliki oleh calon varietas minion dan lebar mahkota bunga betina dengan nilai koefisien keragaman 1,77% dimiliki oleh varietas Merlion, sedangkan nilai koefisien keragaman tertinggi terdapat pada karakter pengamatan panjang *peduncle* bunga betina dengan koefisien keragaman 33,25% dimiliki oleh varietas Merlion. Menurut Ridwan (2018), perhitungan

nilai koefisien keragaman (KK) dapat digunakan untuk menduga tingkat perbedaan antar spesies atau populasi pada karakter-karakter terpilih. Nilai koefisien keragaman (KK) menunjukkan derajat kejitian dan keandalan kesimpulan pada suatu percobaan. Jika dibandingkan dengan morfologi buah melon secara umum calon varietas Minion mampu untuk memiliki nilai rata-rata serupa bahkan lebih dengan deskripsi melon pada umumnya, dan dapat diartikan genotipe-genotipe mampu beradaptasi pada lingkungan karena terdapat interaksi antara genotipe dengan lingkungan dibuktikan dengan hasil sidik ragam berbeda nyata.

Tabel 4. Hasil pengamatan karakter kuantitatif pada empat varietas melon (*Cucumis melo* L.)

Parameter Pengamatan	Hasil	Varietas			
		Minion	Merlion	Kinanti	Alisha
Diameter Batang (cm)	Rataan	0.51	0.62	0.58	0.64
	Koefisien Keragaman	11.54	9.57	6.98	8.27
Panjang Daun (cm)	Rataan	15.71	18.75	20.24	17.94
	Koefisien Keragaman	1.77	3.13	5.2	4.55
Lebar Daun (cm)	Rataan	18.10	23.68	23.75	21.60
	Koefisien Keragaman	4.27	2.33	6.31	6.56
Panjang Mahkota Bunga Jantan (cm)	Rataan	2.04	2.25	2.32	2.11
	Koefisien Keragaman	6.09	4.63	4.48	3.26
Panjang <i>Peduncle</i> Bunga Jantan (cm)	Rataan	2.38	2.04	2.99	2.38
	Koefisien Keragaman	16.33	33.25	8.27	8.67
Panjang Mahkota Bunga Betina (cm)	Rataan	2.29	2.37	3.08	2.51
	Koefisien Keragaman	2.83	7.8	3.71	4.14
Lebar Mahkota Bunga Betina (cm)	Rataan	1.88	1.71	2.42	2.21
	Koefisien Keragaman	7.15	6.78	6.63	21.87
Bobot Buah (kg)	Rataan	723.58	1249.03	1325.40	1243.82
	Koefisien Keragaman	6.3	9.15	4.56	11.87
Panjang Buah (cm)	Rataan	12.81	15.40	15.67	14.90
	Koefisien Keragaman	3.22	2.61	4.03	4.96
Lebar Buah (cm)	Rataan	10.75	12.86	13.28	12.72
	Koefisien Keragaman	1.8	5.21	4.47	3.04
Kadar Gula Buah	Rataan	12.73	11.05	11.26	11.70
	Koefisien Keragaman	1.9	5.63	5.36	4.58

Berdasarkan Tabel 4, melon ‘Minion’ memiliki diameter batang 0,51 cm, karakter daun memiliki panjang daun 15,71 cm dan lebar helai daun 18,10 cm. Karakter lain yang diamati meliputi panjang mahkota bunga jantan, lebar mahkota bunga jantan, panjang *peduncle* bunga jantan, jumlah helai mahkota bunga jantan jumlah anther bunga jantan, panjang mahkota bunga betina, lebar mahkota bunga betina, jumlah helai mahkota bunga betina, jumlah anther bunga, betina panjang *ovary* bunga betina, panjang *Peduncle* bunga betina, bobot buah, panjang buah, lebar buah, ketebalan daging buah, kadar gula buah, dan umur panen. Berat per buah melon ‘Minion’ berkisar 723 gram. Berdasarkan ukuran tersebut. melon ‘Minion’ pada penelitian ini tergolong ke dalam ukuran kecil – sedang. Menurut Khumaero *et al.* (2014) melon dengan bobot buah kecil merupakan potensi untuk tipe buah yang dikonsumsi pribadi dan dapat dihabiskan pada satu atau dua kesempatan. Berdasarkan IPGRI 2003, ukuran buah melon digolongkan menjadi 9, antara

lain 1) sangat kecil ($<100\text{gr}$); 2) sangat kecil sampai dengan kecil ($\pm 200\text{gr}$); 3) kecil ($\pm 450\text{gr}$); 4) kecil sampai dengan sedang ($\pm 800\text{gr}$); sedang ($\pm 1200\text{gr}$); sedang sampai dengan besar ($\pm 1600\text{gr}$); besar ($\pm 2000\text{gr}$); besar sampai dengan sangat besar ($\pm 2600\text{gr}$) dan sangat besar ($>3000\text{gr}$). Menurut Khumaero (2014), Bobot buah dikaitkan berkorelasi positif dengan ketebalan daging, dan keduanya juga berkorelasi positif dengan kapasitas penyimpanan buah. Melon 'Minion' memiliki rasa manis dengan brix mencapai 12° brix dan umur panen relatif lebih cepat sehingga petani akan senang dalam memproduksi melon dikarenakan biaya yang akan dikeluarkan bisa di perkecil, umur panen varietas uji rata-rata pada 65 HST sedangkan varietas pembanding 75 HST. Hal ini diperkuat oleh Ayu (2021) bahwa salah satu proses sortasi pascapanen yaitu menentukan tingkat kemanisan buah melon karena tingkat kemanisan buah melon yang diinginkan oleh distributor $> 11^{\circ}\text{brix}$ dan tingkat kemanisan yang diinginkan oleh pasar tradisional $> 9^{\circ}\text{brix}$. Ukuran kemanisan buah melon dalam satuan persen (%) atau derajat (-o).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil rekapitulasi sidik ragam calon varietas Minion memiliki keunggulan pada parameter kadar gula $12,7^{\circ}$ brix dan umur panen 65 HST. Penampilan memiliki keunikan berupa bentuk buah Ovate dengan ukuran kecil namun memiliki rasa yang sangat manis, sehingga berpotensi digemari petani dan konsumen. Berdasarkan hasil penelitian calon varietas Minion mampu beradaptasi dengan baik, hal ini dibuktikan dengan adanya keseragaman dengan tiga varietas pembanding, hal ini di buktikan hasil analisis rekapitulasi sidik ragam memiliki nilai koefisien keragaman $< 25\%$ pada seluruh parameter yang diamati. Calon varietas Minion memiliki ketahanan penyakit *begomovirus* lebih baik dari pada varietas merlion.

SARAN DAN UCAPAN TERIMA KASIH

Adapun saran yang dapat diberikan dalam hasil penelitian ini yaitu terlihat bahwa calon varietas Minion dapat disarankan untuk dilakukan pelepasan varietas. Untuk menguji tingkat keseragaman lebih lanjut, calon varietas Minion perlu dilakukan uji multilokasi untuk memenuhi persyaratan berupa Baru, Unggul, Stabil, dan Seragam (BUSS). Peneliti juga menyampaikan ucapan terimakasih pada Benih Sumber Andalan Research Center yang telah memfasilitasi dan membiayai penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Aryawati, P. A. (2013). Simulasi Uji BUSS (Baru, Unik, Seragam Stabil) Enam Varietas Nenas (*Ananas comosus* L. Merr.). *Buletin Agrohorti*, 1 (4) : 83-93.
- Ayu, K. S., & Utaminingrum, F. (2021). Rancang Bangun Sistem Tingkat Kemanisan Buah Sky Rocket Melon menggunakan Metode *Gray Level Co-Occurrence Matrix* dan *Backpropagation Neural Network*. *Jurnal Pengembangan Teknologi Informasi Dan Ilmu Komputer*, 5 (8) : 3349-3355.
- Badan Pusat Statistik. (2021). *Statistik Hortikultura*. Diakses pada Kamis 13 Juli 2023.
- Daryono, B. S., dan Maryanto, S. D. (2018). *Keanekaragaman Dan Potensi Sumber Daya Genetik Melon*. Gadjah Mada University Press.
- Gaspersz, V. (1991). *Metode Perancangan Percobaan*. Penerbit Armico. Bandung.
- Handayani, D. R., & Ashari, S. (2019). Uji Multilokasi Beberapa Genotipe Melon (*Cucumis Melo* L. Var. *Makuwa*) Di Tiga Wilayah Multilocation Test Some

- Melon Genotype (*Cucumis Melo L. Var. Makuwa*) In Three Regions. *Jurnal Produksi Tanaman*, 7 (11): 2010-2017.
- International Plant Genetic Resources Institute. (2003). *Descriptors for Melon (Cucumis melo L.)*. Rome, Italy. ISBN 92- 9043-597-7.
- Khumaero, W. W., Efendi, D., & Suwarno, W. B. (2014). Evaluasi Karakteristik Hortikultura Empat Genotipe Melon (*Cucumis melo L.*) Pusat Kajian Hortikultura Tropika IPB. *Jurnal Hortikultura Indonesia*, 5 (1): 56-63.
- Pembengo, W. (2020). Respon Produksi Dua Varietas Tanaman Melon (*Cucumis melo L.*) Terhadap Waktu Pemangkasan Pucuk. *Journal of Applied Accounting and Taxation*, 5 (3): 321–326.
- Panduan Pelaksanaan Uji (PPU). (2014). Melon (*Cucumis melo L.*). Pusat Perlindungan Varietas Tanaman Dan perizinan Pertanian.
- Ridwan, W. (2018). Keragaan Beberapa Galur Inbrida Jagung Manis (*Zea mays L. Var. Saccharata Sturt*) Generasi S6. Fakultas Pertanian. Universitas Brawijaya.
- Shimelis, H., & Laing, M. (2012). *Timelines in conventional crop improvement: pre-breeding and breeding procedures*. *Australian Journal of Crop Science*, 6 (11): 1542-1549.
- Susanto, N., Respatijarti, R., & Sugiharto, A. N. (2018). Uji Keunikan dan Keseragaman Beberapa Galur Inbrida Jagung Manis (*Zea mays L. saccharata Sturt*). *PLANTROPICA: Journal of Agricultural Science*, 1(2)

Seleksi Marka SSR untuk Toleransi Terhadap Cekaman Suhu Tinggi pada Populasi F2 Padi

SSR Markers Selection for Tolerance to High Temperature Stress on the Population of F2 in Rice

Victor Manotar Pademan Manalu¹⁾, Desta Wirnas²⁾, Sudarsono Sudarsono²⁾

¹⁾ Alumni Sekolah Pascasarjana, Mayor Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman, Institut Pertanian Bogor (IPB University), Bogor, Indonesia, ²⁾ Departemen Agronomi dan Hortikultura, Institut Pertanian Bogor (IPB University), Bogor, Indonesia. Jl. Meranti, Kampus IPB Dramaga

Korespondensi: dwirnas@gmail.com

Diterima: 17 Agustus 2023 **Disetujui:** 15 September 2023. **Dipublikasi:** 25

September 2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.49422](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.49422)

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh primer SSR terpaut toleran terhadap suhu tinggi dengan menggunakan *bulked segregant analysis* (BSA) dan dilanjutkan dengan *single marker analysis* (SMA). Penelitian dilakukan di Laboratorium Biologi Molekuler Tanaman, Departemen Agronomi dan Hortikultura, Institut Pertanian Bogor (IPB). Bahan genetik yang digunakan DNA tetua IPB 4S, Situ Patenggang, DNA dari genotipe F2, 12 Primer SSR. Hasil penelitian menunjukkan primer SSR RM 337 mengikuti segregasi hukum Mendel, kemudian berdasarkan *single marker analysis* dengan menggunakan karakter bobot gabah bernas menunjukkan primer SSR RM 337 terpaut toleran terhadap suhu tinggi dengan nilai peluang yang sangat nyata. Genotipe F2 yang memiliki pola pita DNA seperti Situ Patenggang (Tetua toleran) dan daya hasil tinggi menghasilkan 54 genotipe F2. Diferensial seleksi berdasarkan *genotyping* dengan menggunakan primer RM 337 menghasilkan kenaikan bobot gabah bernas sebesar 37.96%.

Kata kunci: Analisis Segregasi Bulk, Analisis Marka Tunggal, Marka Molekuler, Populasi F2, SSR

ABSTRACT

This study aims to obtain SSR markers linked to tolerance to high temperature using bulked segregant analysis (BSA) and continued with single marker analysis (SMA). The experiment was conducted at the Laboratory of Plant Molecular Biology, Departement Agronomy and Horticulture, Bogor Agricultural University (IPB). The genetic materials include parental DNA IPB 4S, Situ Patenggang, and the DNA of F2 genotypes, and the 12 primer SSR. The primary result showed that the primer RM 337 followed segregation based on the Law of Mendel. After that, based on single marker analysis the using weight grain character, the primer RM 337 was linked to tolerance to high temperature with a significant result. Based on analysis of molecular, F2 genotypes are similar to the DNA pattern of Situ Patenggang (tolerant parent), and high yielding was the result 54 genotypes F2. Selection differential based on genotyping use primer RM 337 can increase weight grain were 37.96%.

Keywords: *Bulked Segregant Analysis, F2 Population, Molecular Marker, Single Marker Analysis, SSR*

PENDAHULUAN

Padi (*Oryza sativa* L.) merupakan salah satu tanaman pangan yang di konsumsi oleh lebih dari setengah penduduk dunia dan kebutuhannya terus meningkat (Krishnalatha dan Sharma 2012). Salah satu tantangan dalam mempertahankan produksi pangan, khususnya beras adalah perubahan iklim global yang ditandai dengan peningkatan suhu muka bumi. IPCC (2007) melaporkan bahwa pada akhir abad ke-21 suhu permukaan bumi akan meningkat sebesar rata-rata 2-4 °C dan akan berakibat buruk pada komoditas pertanian yaitu tanaman akan tercekam suhu tinggi.

Sifat toleransi padi terhadap cekaman suhu tinggi dapat diperbaiki melalui program pemuliaan tanaman. Seleksi pada lingkungan bercekaman harus dilakukan di lingkungan target dengan tujuan untuk dapat memaksimalkan ekspresi gen-gen yang mengendalikan daya hasil maupun daya adaptasi (Cooper dan Byth, 1996). Seleksi pada kondisi bercekaman dapat dilakukan berdasarkan fenotipe, marka molekuler, dan gabungan antara fenotipe dan marka molekuler (Bernando, 2002).

Pemanfaatan marka molekuler dalam seleksi materi pemuliaan tanaman disebut *molecular marker assisted selection* (MAS). Teknik MAS memiliki kelebihan, antara lain sifatnya yang stabil dan tidak terpengaruh lingkungan. MAS dapat diujikan pada tanaman, bahkan pada saat tanaman masih muda, dan ditanam di rumah kaca maupun di lapang, tanpa terpengaruh musim. Beberapa kelebihan tersebut menyebabkan seleksi berdasarkan marka molekuler berpotensi memberikan hasil yang lebih akurat dibandingkan dengan seleksi berdasarkan fenotipe tanaman yang terpengaruh oleh musim, iklim mikro, spesifik organ, dan fase pertumbuhan tanaman (Susanto *et al.*, 2008).

Marka makrosatelit merupakan marka genetik yang bersifat kodominan, dapat mendeteksi keragaman alel. Beberapa pertimbangan untuk penggunaan marka mikrosatelit diantaranya: (a) marka terdistribusi secara melimpah dan merata dalam genom, variabilitasnya sangat tinggi, dan lokasi genom dapat diketahui; (b) merupakan alat bantu yang sangat akurat untuk membedakan genotipe, evaluasi kemurnian benih, pemetaan dan seleksi genotipe untuk karakter yang diinginkan; (c) studi genetik populasi dan analisis diversitas genetik (Powell *et al.*, 1996).

Populasi F2 merupakan populasi yang sangat baik untuk dijadikan studi genetik, hal ini dikarenakan pada populasi ini terlihat jelas rasio pola segregasi dan mudah untuk di amati. Oleh sebab itu pada penelitian ini digunakan populasi F2 padi hasil persilangan IPB 4S dengan Situ Patenggang. Penelitian ini dilaksanakan dengan tujuan untuk memperoleh marka SSR terpaut sifat toleran suhu tinggi pada padi melalui analisis segregasi populasi F2 dengan menggunakan BSA dan SMA.

BAHAN DAN METODE

A. Bahan Tanaman

Bahan tanaman yang digunakan adalah varietas IPB 4S sebagai tetua peka, varietas Situ Patenggang sebagai tetua toleran dan populasi F2 hasil persilangan IPB 4S dan Situ Patenggang (Manalu, *et. al.*, 2017).

B. Prosedur Penelitian

Metode yang digunakan untuk menyeleksi 12 primer SSR yaitu metode *bulk segregant analysis* (BSA) dan *single marker analysis* (SMA). Metode BSA ini dipergunakan dengan terlebih dahulu melakukan identifikasi fenotipik pada genotipe-genotipe F2 hasil persilangan IPB 4S dan Situ Patenggang menggunakan hasil pengamatan terhadap bobot

gabah bernas. Selanjutnya dilakukan identifikasi genotipik yang terdiri dari tiga tahapan seleksi primer. Pertama yang dilakukan yaitu seleksi primer dengan menggunakan DNA tetua untuk mendapatkan primer yang polimorfik terhadap tetua toleran dan peka. Kedua dilakukan pengelompokan berdasarkan karakter bobot gabah bernas, *bulk* toleran terdiri atas campuran DNA dari individu-individu tanaman yang toleran dalam populasi F2 dan *bulk* peka terdiri atas campuran DNA dari individu-individu tanaman yang peka dalam populasi F2. *Bulk* DNA toleran dan *bulk* DNA peka ini dipergunakan untuk menyeleksi kembali primer yang menunjukkan polimorfik dan terpaut pada tetua toleran. Tahap ketiga dilakukan seleksi primer pada masing-masing individu dari *bulk* DNA toleran dan *bulk* DNA peka serta di ujikan ke seluruh individu F2 individu untuk mengetahui ko-segregasi marker yang terpilih. Primer yang dipilih adalah primer yang bersifat polimorfik dan terpaut pada tetua toleran, *bulk* DNA toleran dan masing-masing individu yang toleran pada populasi F2.

Setelah metode BSA selesai di kerjakan maka dilakukan metode SMA. Tahapan seleksi primer di tetua sama seperti dengan yang dikerjakan pada metode BSA, perbedaannya adalah pada metode SMA semua primer yang polimorfik di tetua dilakukan *genotyping* pada seluruh individu F2. SMA dilakukan dengan cara menggabungkan data fenotip dan genotip kemudian dilakukan analisis ANOVA faktor tunggal dengan program SPSS.

C. Ekstraksi DNA dan Ampifikasi DNA

Bahan yang digunakan untuk ekstraksi DNA adalah daun tanaman padi pada usia menjelang generatif yang mengalami cekaman suhu tinggi. Isolasi DNA digunakan dengan menggunakan metode *cetyltrimethylammonium bromida* (CTAB) (Doyle dan Doyle, 1987) yang telah di modifikasi.

Metode amplifikasi DNA dengan mesin *polymerase chain reaction* (PCR). Pada penelitian ini digunakan 12 primer SSR untuk mengamplifikasi semua sampel yang ada. Informasi sekuen primer tersebut disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Jenis Primer SSR yang digunakan dalam penelitian ini

No	Primer	Sekuen Primer	Tipe Repetisi	Kisaran Produk PCR (pb)	Ta (°C)	Kromosom
1	RM3586	f: gaagagagagccagagccag r: acacgatcgagctagaagacg	(GA)12	118	63.5	3
2	RM160	f: agctagcagctatagcttagctggagatcg r: tctcatcgccatgcgagcctc	(GAA)23	131	65	3
3	RM3735	f: gcgaccgatcagctagctag r: ataactcctccttgctgcc	(GA)16	138	61	4
4	RM310	f: ccaaaacatttaaataatcatg r: gcttggtggtcattaccattc	(GT)19	105	47	8
5	RM26212	f: gtcgctcctctcctccaatcc r: gctcgctgcttctaattctgtgc	(CTC)9	180	61	4
6	RM127	f: gtgggatagctgcgtcgcgtcg r: aggccagggtgttgcatgctg	(AGG)8	223	67	4
7	RM5687	f: gatcgctggcgattgatc r: gacttggtgggtgtgttttg	(AAT)17	158	58	4
8	RM471	f: acgcacaagcagatgatgag r: gggagaagacgaatgtttgc	(GA)12	106	56	4
9	RM6132	f: ccgcatctctcttcagttc r: cagtgcataggagaggagcag	(CGC)8	184	60	10
10	RM6100	f: tctctaccagtaccgcacc r: gctggatcacagatcattgc	(CGA)8	144	55	10
11	RM103	f: cttcaattcaggccggctggc r: cgccacagctgacatgcatgc	(GAA)5	336	67	6
12	RM337	f: gtaggaaaggaaggcgagag r: cgatagatagctagatgtggcc	(CTT)4-19 (CTT)8	210	60	8

Sumber: Zhu *et al.* 2005; Zhang *et al.* 2009; Xiao *et al.* 2011; Buu *et al.* 2014

Metode amplifikasi DNA dengan mesin PCR. Untuk amplifikasi DNA, 3 μ l primer (sudah ada primer forward dan reverse), 3 μ l DNA ekstrak (untuk DNA *bulk*, sebelumnya di *bulk*ed dulu DNA individu-individu yang toleran dan peka) dan 6 μ l taq polymerase (Merk Kappa seri *ready to use with dye*) dan dimasukkan ke dalam PCR tube dan diamplifikasi pada mesin PCR (ESCO), sehingga total volume reaksi PCR adalah 12 μ l. Proses amplifikasi ini dilakukan sebanyak 35 siklus, yaitu pre denaturasi selama 3 menit pada suhu 95 °C, denaturasi siklus selama 15 detik pada suhu 95 °C, annealing selama 15 detik pada suhu 47-67 °C (tergantung suhu annealing primer) dan extension selama 15 detik pada suhu 72 °C, stop PCR / post PCR dilakukan pada suhu 72 °C selama 10 menit dan pendinginan hasil PCR selama 10 menit pada suhu 4 °C. Hasil dari amplifikasi ini dilanjutkan dengan elektroforesis menggunakan agarose biasa (Vivantis) untuk melihat ada atau tidak adanya pita, setelah di lihat ada baru dilanjutkan elektroforesis dengan menggunakan agarose *Super Fine Resolution* (Amresco).

D. Elektroforesis dengan Agarose *Super Fine Resolution* (SFR)

Produk PCR primer SSR dipisahkan dengan elektroforesis gel menggunakan agarose *super fine resolution* (SFR) dari Amresco dengan konsentrasi 3%, buffer LB (Lithium Boric) merk Faster Better Media ½ x pada volume 40 mL. Elektroforesis horizontal menggunakan alat elektroforesis merk Bio-Rad selama 120 menit pada voltase 120 volt. Marker DNA yang digunakan adalah marker 100 bp (Vivantis). Kemudian pewarnaan hasil elektroforesis dengan menggunakan Etidium Bromide dengan cara perendaman selama 10 detik kemudian di rendam dengan aquadest selama 30 menit.

E. Analisis Data

Analisis SSR dilakukan pada populasi P₁, P₂ dan F₂. Pertama yang dilakukan yaitu seleksi primer dengan menggunakan DNA tetua untuk mendapatkan primer yang polimorfik terhadap tetua toleran dan peka. Metoda BSA (*bulk segregation analysis*) dilakukan dengan pengelompokan berdasarkan karakter agronomi yang mempunyai korelasi tinggi dengan hasil tanaman. Terdapat 1 kelompok *Bulk* toleran terdiri atas campuran DNA dari individu-individu tanaman yang toleran (masing-masing 5 genotipe per grup toleran) dalam populasi F₂ dan 1 kelompok *bulk* peka terdiri atas campuran DNA dari individu-individu tanaman yang peka (masing-masing 5 genotipe per grup peka) dalam populasi F₂. Setelah diperoleh primer yang menunjukkan polimorfik pada tetua, selanjutnya dilakukan analisis terhadap bulk. Primer yang polimorfik pada bulk kemudian di ujikan ke seluruh individu tanaman dari populasi F₂ untuk mengetahui ko-segregasi dari primer terpilih.

Genotipe yang memiliki posisi satu alel pada posisi bagian atas diskor sebagai A (homosigot AA), genotipe yang memiliki posisi satu alel pada posisi bagian bawah diskor sebagai B (homosigot BB), sedangkan yang memiliki dua alel diberi skor H (Heterosigot AB). Hasil pengujian marka SSR terpilih dari seleksi marka di bulk yang dicobakan pada seluruh individu F₂ di analisis dengan menggunakan uji *chi square* untuk mengetahui apakah mengikuti pola segregasi hukum Mendel I yaitu 1:2:1 (A:H:B), rasio ini sebenarnya modifikasi dari rasio fenotipe Hukum Mendel I yaitu 3:1 dimana secara fenotipe individu heterozigot masuk dalam kategori dominan, sementara jika kita lakukan *genotyping* maka individu heterozigot akan menjadi nisbah tersendiri. Hipotesis yang diajukan untuk analisis ini adalah:

H_0 : data sesuai dengan nisbah 1:2:1

H_1 : data tidak sesuai dengan nisbah 1:2:1

Untuk mengetahui akurasi hasil BSA maka pekerjaan selanjutnya dilakukan metoda SMA (*Single Marker Analysis*). Metode SMA dilakukan setelah diperoleh primer yang menunjukkan polimorfik pada tetua, selanjutnya dilakukan analisis terhadap seluruh individu F2. Data genotipe hasil skoring primer SSR digabungkan dengan data bobot gabah bernas. *Single Marker Analysis* dilakukan dengan menggunakan software IBM SPSS Statistics 22.

Diferensial seleksi pada populasi F2 terpilih (mengikuti pola pita DNA Situ Patenggang dan berdaya hasil tinggi) diestimasi berdasarkan menggunakan formula Falconer dan Mackay (1996):

$$S = \frac{(\bar{x}_i - \bar{x}_0)}{\bar{x}_0} \times 100 \%$$

Keterangan:

S = diferensial seleksi,

$\bar{x}_i$ = nilai tengah populasi terseleksi

$\bar{x}_0$ = nilai tengah populasi sebelum seleksi.

Nilai duga kemajuan genetik diestimasi menggunakan formula Falconer dan Mackay (1996):

$$R = i \sigma_p h^2$$

Keterangan:

R = dugaan kemajuan genetik,

i = intensitas seleksi (pada penelitian ini dengan terpilih 54 genotipe berdasarkan primer RM 337 maka intensitas seleksi adalah 1.290)

σ_p = standar deviasi dari ragam fenotipe

h^2 = heritabilitas

Pendugaan nilai respon seleksi untuk generasi berikutnya yaitu F3 dilakukan dengan menjumlahkan dari nilai tengah populasi terseleksi (generasi F2 yang berasal dari seleksi primer RM 337 terpilih) ditambah nilai kemajuan genetik.

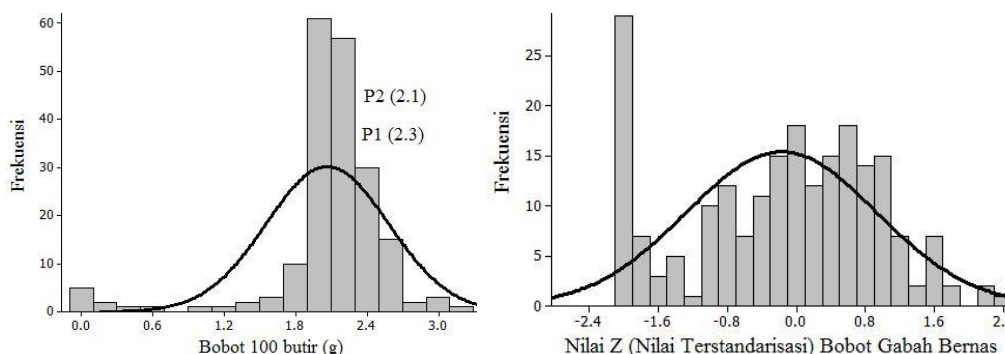
HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Seleksi Primer di Tetua

Analisis yang dilakukan yaitu seleksi 12 primer SSR pada kedua tetua IPB 4S dan Situ Patenggang. Hasil amplifikasi 12 primer SSR terhadap DNA tetua padi toleran (IPB 4S) dan peka (Situ Patenggang) terhadap cekaman suhu tinggi di rumah kaca diperoleh 5 primer SSR yang menghasilkan polimorfik. Hal ini membuktikan bahwa primer-primer tersebut dapat digunakan untuk melakukan seleksi ke tahap selanjutnya.

B. Bulk Segregant Analysis

Hasil pengujian pada generasi F2 hasil persilangan IPB 4S dan Situ Patenggang menunjukkan sebaran tidak mendekati normal, sehingga untuk memperoleh dua kelompok genotipe yang memiliki tingkat toleransi yang berbeda dalam keadaan toleran cekaman suhu tinggi maka sebaran ini perlu dinormalkan, dengan peubah Z (Gambar 1).



Gambar 1. Pola sebaran data bobot gabah bernas sebelum dan setelah distandarisasi dengan nilai Z pada populasi F2 padi (IPB 4S x Situ Patenggang)

Berdasarkan sebaran normal dapat dipilih sebanyak lima individu toleran dan lima individu peka. Individu yang termasuk kategori sangat toleran yaitu individu yang mempunyai nilai bobot gabah bernas $X \geq \bar{x} + 3SD$ (nilai $Z \geq 3$) dan individu yang sangat peka yaitu individu yang mempunyai nilai bobot hasil $X \leq \bar{x} - 3SD$ (nilai $Z \leq -3$) (Aluko and Oard 2004). Berdasarkan hasil data terstandarisasi ditetapkan genotipe-genotipe toleran dan peka yang disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2 Nilai fenotipe bobot gabah bernas populasi F2 padi (IPB 4S x Situ Patenggang) pada kondisi tercekam suhu tinggi

Nomor Individu	Bobot gabah bernas (g)	Nilai Z	Kategori
F2-114/IT1	80.6	2.38	Toleran
F2-28/IT2	77.67	2.22	Toleran
F2-48/IT3	75.96	2.13	Toleran
F2-93/IT4	64.75	1.52	Toleran
F2-190/IT5	64.66	1.52	Toleran
F2- 153/IP1	4.57	-1.88	Peka
F2-182/IP2	4.04	-1.82	Peka
F2-122IP3	4.00	-1.76	Peka
F2-201/IP4	2.83	-1.76	Peka
F2-31/IP5	1.79	-1.73	Peka

Keterangan: IT1: Individu Toleran ke-1; IT2: Individu Toleran ke-2; IT3: Individu Toleran ke-3; IT4: Individu Toleran ke-4; IT5: Individu Toleran ke-5; BP: Bulk Peka; IP1: Individu Peka ke-1; IP2: Individu Peka ke-2; IP3: Individu Peka ke-3; IP4: Individu Peka ke-4; IP5: Individu Peka ke-5

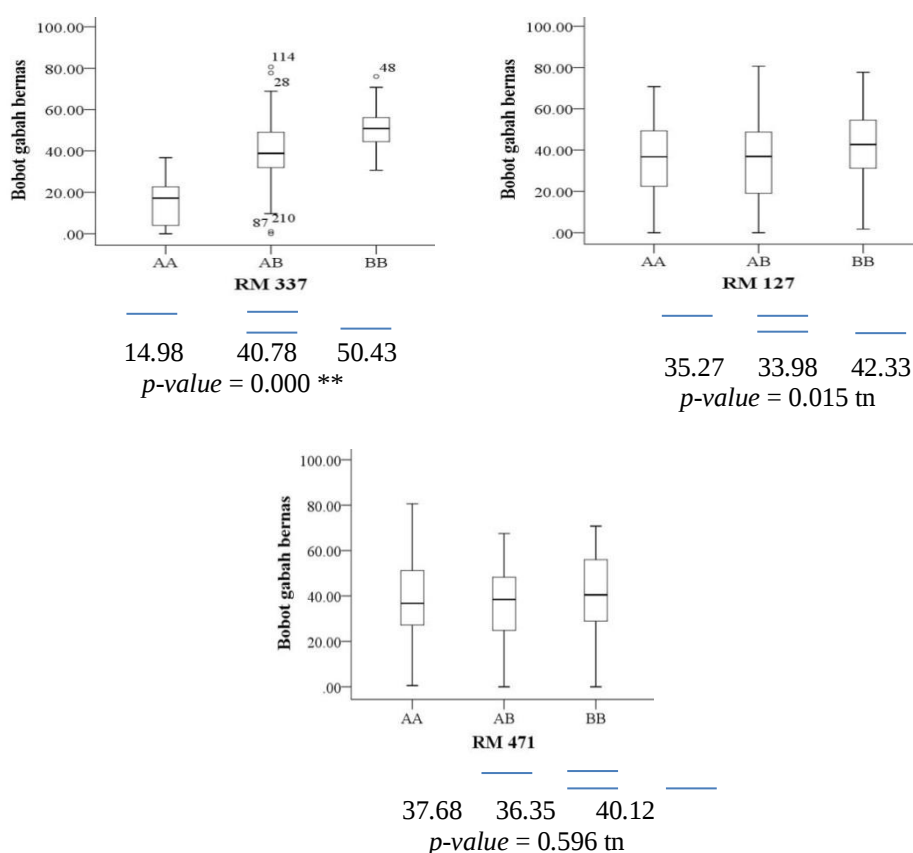
Analisis fenotipe dengan metode diskriminan ini telah berhasil memisahkan genotipe yang toleran dan peka. Pemisahan ini sangat menentukan dalam keberhasilan metode *bulk segregant analysis* yang digunakan dalam seleksi marka. Hal yang sama juga telah dilakukan oleh Sihalo (2015) pada penelitian kedelai untuk toleransi terhadap cekaman tanah masam. Berdasarkan seleksi primer dari kedua tetua di dapatkan 5 primer yang polimorfik, kelima primer ini kemudian digunakan untuk analisis pada bulk DNA dan individu bulk.

Berdasarkan hasil kegiatan BSA didapatkan bahwa primer RM 337 mempunyai ko-segregasi sesuai Hukum Mendel I, akan tetapi belum bisa dipastikan hubungan primer tersebut dengan karakter agronomi tertentu untuk mencari segrekan yang toleran terhadap suhu tinggi. Karakter agronomi yang berhubungan langsung dengan sifat toleransi terhadap cekaman suhu tinggi salah satunya adalah karakter bobot gabah bernas (Mohammadi *et al.* 2007). Oleh sebab itu perlu dilakukan analisis marka tunggal (*single*

marker analysis). Doerge (2002) menyatakan bahwa *single marker analysis* merupakan analisis segregasi fenotipe dengan marker genotipe dimana marker yang akan kita analisis apakah ada hubungan atau asosiasi pada karakter kuantitatif yang kita inginkan. Collard *et al.* (2005) menyatakan bahwa *single marker analysis* merupakan salah satu metode analisis *quantitative trait loci* (QTL) dengan memanfaatkan *analysis of varian* (ANOVA).

Berdasarkan hasil *single marker analysis* terhadap bobot gabah bernas pada seluruh individu F2 yang di uji, menunjukkan hanya satu penanda yang memiliki asosiasi, yaitu RM 337 (Gambar 2). Kombinasi alel dari lokus tersebut terdiri dari tiga kombinasi, masing-masing kombinasi memiliki rata-rata bobot gabah bernas (BGB) yang berbeda. Genotipe AA memiliki bobot gabah bernas terendah, yaitu sebesar 14.98 g tanaman⁻¹. Genotipe AB memiliki rata-rata bobot gabah bernas menengah, yaitu sebesar 40.78 g tanaman⁻¹. Genotipe BB memiliki rata-rata bobot gabah bernas tertinggi, yaitu sebesar 50.43 g tanaman⁻¹.

Berdasarkan Gambar 2, boxplot menunjukkan pada primer RM 337 terlihat terdapat 2 genotipe yang memiliki nilai *outlier* (pencilan) atas, genotipe tersebut adalah: F2-28 dan F2-114 pada genotipe AB dan pencilan bawah pada genotipe F2-87 dan F2-210 pada genotipe AB, sementara pada genotipe BB, terdapat pencilan atas yaitu genotipe F2-48. Untuk keperluan proses seleksi dalam pemuliaan berdasarkan marka molekuler umumnya pemulia menginginkan genotipe yang homosigot dominan tapi fenotipenya berdaya hasil tinggi, maka genotipe F2-28 dan F2-114 tidak akan terpilih meskipun berdaya hasil tinggi karena heterosigot. Primer RM 127 dan RM 471 berdasarkan hasil *single marker analysis* tidak memberikan pengaruh yang nyata. Primer RM 3586 dan RM 310 menghasilkan pita yang monomorfik pada seluruh populasi F2.



Gambar 2. Boxplot hasil *single marker analysis* pada padi F2 (IPB 4S x Situ Patenggang)

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan didapatkan bahwa primer RM 337 memiliki signifikansi yang nyata dan nilai R^2 52.50% terhadap karakter bobot gabah bernas pada kondisi tercekam suhu tinggi. Buu (2014) dalam penelitiannya juga mendapatkan bahwa primer RM 337 dengan nilai R^2 21.70% dan nilai peluang yang nyata terhadap karakter bobot gabah bernas pada kondisi tercekam suhu tinggi. Sementara peneliti lainnya melaporkan bahwa primer RM 1089 dan RM 229 memiliki signifikansi yang nyata terhadap karakter bobot gabah bernas (Poli *et al.* 2013). Hal ini bisa disebabkan karena hasil tersebut hanya berlaku pada populasi yang di uji dan memerlukan pengujian jika akan digunakan pada latar belakang genetik yang berbeda. Hal ini diperkuat oleh Xie *et al.* (2008) yang menyatakan bahwa QTL dipengaruhi oleh latar belakang genetik, namun terdapat marka yang stabil pada beberapa latar belakang genetik dan dapat digunakan dalam seleksi.

Penggunaan marka molekuler untuk toleransi terhadap cekaman suhu tinggi telah banyak dilaporkan oleh para peneliti dengan menggunakan marka SSR pada tanaman padi (Zhu *et al.* 2005; Jagadish *et al.* 2010; Xiao *et al.* 2011; Poli *et al.* 2013; Buu *et al.* 2014). Ye *et al.* (2015) melaporkan bahwa terdapat 1 QTL yang bertanggung jawab terhadap cekaman suhu tinggi yaitu QHTSF4.1 pada kromosom nomor 4 yang konsisten ditemui pada populasi F2 hasil persilangan IR64/N22 dan IR64/Giza170 dengan menggunakan 6000 marka SNP.

Penggunaan marka molekuler untuk toleransi terhadap cekaman suhu tinggi pada tanaman lainnya juga telah banyak dilaporkan oleh para pemulia antara lain: Lin *et al.* (2006) pada tanaman tomat untuk mengidentifikasi marka RAPD yang terpaut toleran cekaman suhu tinggi dengan menggunakan karakter bobot buah, Garg *et al.* (2012) pada tanaman gandum dengan menggunakan marka SNP untuk mendeteksi gen *heat shock protein*, Barakat *et al.* (2012) seleksi menggunakan marka SSR dengan metode BSA untuk identifikasi penanda molekuler terkait dengan tingkat pengisian biji-bijian sebagai indikator untuk gen toleransi suhu tinggi pada tanaman gandum, Yamin (2014) pada tanaman gandum dengan menggunakan marka SSR pada populasi F4 menggunakan metode *bulk segregant analysis* (BSA) berdasarkan karakter bobot gabah bernas, Thudi *et al.* (2014) pada kacang arab (*chickpea*) dengan menggunakan pendekatan pemetaan asosiasi marka SNP.

C. Kemajuan Seleksi Menggunakan *Marker Assisted Selection*

Seleksi merupakan suatu prosedur memilih sejumlah individu dari suatu populasi dan membiarkannya membentuk generasi baru. Seleksi merupakan salah satu penyebab terjadinya perubahan dari frekuensi suatu alela dalam populasi, karena hanya alela yang dipilih akan diteruskan ke generasi berikutnya. Tujuan seleksi adalah untuk memperoleh peningkatan frekuensi gen-gen yang diinginkan pada generasi berikutnya (Falconer dan Mackay 1996). Kemajuan seleksi sangat bergantung dari adanya keragaman genetik dan metode seleksi yang tepat. Seleksi berdasarkan fenotipe umumnya dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Potensi dan penggunaan marka molekuler DNA sebagai instrumen dalam pemuliaan tanaman sangat menguntungkan. Keuntungan memanfaatkan marka molekuler sebagai *marker assisted selection* adalah marka molekuler bersifat stabil karena tidak dipengaruhi oleh lingkungan sehingga tidak dipengaruhi oleh kondisi dimana tumbuhan berada dan dapat terdeteksi pada semua tahap perkembangan tanaman, jumlah tidak terbatas dan memiliki nilai heritabilitas tinggi sehingga hasil seleksi yang diperoleh lebih akurat (Mohan *et al.* 1997; Gupta *et al.* 2002; Collard dan Mackill 2007; Susanto *et al.* 2008).

Hasil seleksi menggunakan marka molekuler yang dilakukan terhadap genotipe F2 berdasarkan *single marker analysis* diperoleh 54 genotipe yang pola pita DNA nya (Homosigot BB) terpaut dengan Situ Patenggang (tetua toleran suhu tinggi) dan berdaya hasil tinggi. Hal ini menunjukkan bahwa seleksi menggunakan marka molekuler tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan, namun sangat dipengaruhi oleh faktor genetik tanaman (Pakniyat dan Tavakol 2007).

Kemajuan seleksi yang telah dilakukan terhadap semua karakter yang diamati pada populasi F2 terpilih dengan menggunakan marka molekuler disajikan pada Tabel 3. Pada umumnya kemajuan seleksi adalah linier, terutama kalau ditinjau dari jangka pendek. Kemajuan yang cepat pada generasi awal menunjukkan suatu perubahan yang besar dari frekuensi mayor gen (Syukur *et al.* 2015). Penggunaan marka molekuler DNA pada penelitian ini akan sangat menguntungkan, karena mempunyai nilai heritabilitas yang tinggi. Nilai kemajuan seleksi tersebut dapat dijadikan indikator keberhasilan pelaksanaan seleksi.

Tabel 3. Kemajuan seleksi berdasarkan primer RM 337 pada padi

Karakter	Rata-rata populasi awal	Rata-rata populasi terseleksi	Diferensial seleksi (%)
Kehijauan daun 105 HST	44.4	44.76	0.81
Tinggi tanaman saat panen (cm)	140.35	142.67	-1.65
Jumlah anakan total	21.77	24.80	13.92
Jumlah anakan produktif	17.23	20.06	17.17
Panjang malai (cm)	28.02	29.14	4.11
Jumlah gabah bernas	144.02	175.94	21.98
Jumlah gabah hampa	105.19	115.04	9.66
Jumlah gabah hampa (%)	44.24	38.94	-11.98
Jumlah gabah total	249.21	290.98	16.78
Lama pengisian biji (hari)	31.59	33.83	-7.26
Bobot 100 butir (g)	2.08	2.25	8.70
Bobot gabah bernas (g)	36.56	50.44	37.96

Berdasarkan hasil *single marker analysis* maka kemajuan seleksi akan memberikan akan memberikan perbaikan nilai tengah bobot gabah bernas sebesar 37.96%, bobot 100 butir sebesar 8.70%, jumlah gabah bernas sebesar 21.98%. Seleksi dengan menggunakan marka RM 337 mempunyai keunggulan yaitu meningkatnya nilai tengah kehijauan daun, jumlah anakan produktif, jumlah anakan total, panjang malai, jumlah gabah bernas, dan jumlah gabah total sedangkan kelemahannya adalah meningkatnya tinggi tanaman sebesar 1.65%, lama pengisian biji sebesar 7.26%, dan meningkatnya jumlah gabah hampa sebesar 9.66% yang hal ini tidak diinginkan pemulia. Penggunaan kemajuan seleksi dengan menggunakan marka molekuler di laporkan oleh Sihalo (2015) pada kedelai untuk toleransi terhadap cekaman Al dan tanah masam pada populasi F4. Sihalo (2015) dalam penelitiannya mendapatkan 20 genotipe yang membawa marka RAPD terpaut toleran tanah masam menghasilkan bobot biji tanaman⁻¹ lebih baik dari pada genotipe yang tidak membawa marka dan memperoleh kemajuan seleksi sebesar 18.3%.

D. Kemajuan Genetik dan Dugaan Respon Seleksi

Kegiatan yang terpenting dari seleksi adalah bagaimana penampilan keturunan dari individu-individu hasil seleksi. Kemajuan seleksi dapat diduga sebelum dilakukan seleksi, apabila nilai heritabilitas dari karakter yang diseleksi diketahui. Perbaikan penampilan populasi yang dibentuk dari individu-individu hasil seleksi dibandingkan dengan populasi dasarnya disebut sebagai kemajuan genetik. Nilai pendugaan kemajuan genetik dan dugaan respon seleksi pada generasi F3 berdasarkan seleksi primer RM 337 disajikan pada Tabel 4.

Tabel 4. Kemajuan genetik dan dugaan respon seleksi pada padi generasi F3 berdasarkan seleksi primer RM 337

Karakter	σ_p	h^2_{bs}	ΔR	Dugaan respon seleksi
Kehijauan daun 105 HST	2.72	0.25	1.78	46.54
Tinggi tanaman saat panen (cm)	15.86	0.90	10.38	153.05
Jumlah anakan total	6.39	0.55	4.18	28.98
Jumlah anakan produktif	6.53	0.63	4.27	24.33
Panjang malai (cm)	2.95	0.74	1.93	31.07
Jumlah gabah bernas	61.62	0.70	40.33	216.27
Jumlah gabah hampa	45.94	0.51	30.07	145.11
Jumlah gabah hampa (%)	18.09	0.76	11.84	27.10
Jumlah gabah total	80.27	0.76	52.53	343.51
Lama pengisian biji (hari)	4.81	0.31	3.14	36.97
Bobot 100 butir (g)	0.48	0.62	0.31	2.56
Bobot gabah bernas (g)	18.46	0.50	12.08	62.52

Keterangan: σ_p : standart deviasi dari ragam fenotipe; h^2_{bs} : heritabilitas arti luas; ΔR : kemajuan genetik; DRSL: dugaan respon seleksi langsung; DRSM: dugaan respon seleksi dengan multikarakter

Pendugaan respon seleksi yang telah dilakukan terhadap semua karakter yang diamati pada populasi F2 dengan menggunakan marka molekuler menunjukkan bahwa nilai dugaan respon seleksi terbesar terdapat pada karakter bobot gabah bernas tanaman⁻¹. Nilai dugaan respon seleksi itu dapat dijadikan indikator keberhasilan pelaksanaan seleksi, karakter yang mempunyai nilai respon seleksi tinggi seperti pada karakter bobot gabah bernas tanaman⁻¹ dapat dijadikan variabel yang tepat untuk menyeleksi populasi F2.

KESIMPULAN

Seleksi marka yang dilakukan baik menggunakan metode BSA maupun SMA menghasilkan satu marka yaitu RM 337 yang konsisten teramplifikasi pada tetua toleran dan genotipe-genotipe F2. Berdasarkan *single marker analysis* diperoleh 54 genotipe yang pola pita DNAny seperti Situ Patenggang (tetua toleran suhu tinggi) dan hanya fenotipe yang berdaya hasil tinggi. Hasil *single marker analysis* maka kemajuan seleksi akan memberikan akan memberikan perbaikan nilai tengah bobot gabah bernas sebesar 37.96%. Pendugaan respon seleksi dengan menggunakan primer RM 337 akan memberikan perbaikan nilai tengah bobot gabah bernas pada generasi berikutnya (F3) menjadi 62.52 g.

DAFTAR PUSTAKA

- Aluko GK, Oard JH. 2004. Evaluation of discriminant analysis as a tool for rapid identification of marker associated with drought resistance in rice. In Polland D, Sawkend CM, Ribaut JS, Hoisirgton D, editor. *Resalient Crops for Water Limited Environment: Proceeding at Workshop 24-28 May 2004*.
- Barakat MN, Al-Doss AA, Elshafei AA, Moustafa KA. 2012. Bulk segregant analysis to detect quantitative trait loci (QTL) related to heat tolerance at grain filling rate in wheat using simple sequence repeat (SSR) markers. *Afr. J. Biotechnol.* 11(61):12436-12442.
- Bernando R. 2002. *Breeding for Quantitative Traits in Plant*. Woodbury, Minnesota (US): Stemma Press.
- Buu B C, Ha PTT, Tam BP, Nhien TT, Hieu NV, Phuoc NT, Minh L, Giang L H, Lang NT. 2014. Quantitative Trait Loci Associated with Heat Tolerance in Rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breed. Biotech.* 2(1):14-24. <http://dx.doi.org/10.9787/PBB.2014.2.1.014>.
- Collard BCY, Mackill DJ. 2007. Marker-assisted selection: An approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Philos. Trans. R. Soc.Lond. B Biol. Sci.* 17:1–16.
- Collard BCY, Jahufer MZZ, Brouwer JB, Pang ECK. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica*. 142: 169–196
- Cooper M, Byth DE. 1996. Understanding plant adaptation to achieve systematic applied crop improvement – a fundamental challenge. In: M. Cooper dan G.L Hammer. *Plant Adaptation and Crop Improvement*. Manila (FI): IRRI dan CAB International. Hlm. 5-23.
- Dourge RW. 2002. Mapping and analysis of quantitative trait loci in experimental population. *Nat. Rev. Genet.* 3:43-52.
- Doyle, J.J.; Doyle, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, v.19, p.11-15, 1987.
- Falconer DS, Mackay TFC. 1996. *Introduction to Quantitative Genetic 4th Edition*. London (GB): Longman Group Ltd.
- Garg D, Sareen S, Dalal S, Tiwari R, Singh R. 2012. Heat shock protein based SNP marker for terminal heat stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *AJCS* 6(11):1516-1521.
- Gupta PK, Varshney RK, Prasad M. 2002. Molecular markers: Principles and Methodology. In S. Mohan Jain. D.S. Brar. B.S. Ahloowalia, editor. *Molecular Techniques in Crop Improvement*. Dordrecht (NL): Kluwer Academic Publisher.
- Intergovernmental Panel on Climate Change. 2007. Climate Change 2007: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fourth Assessment Report of the Inter-governmental Panel on Climate Change. p. 29-34. In Solomon S, Qin D, Manning M, Chen Z, Marquis M, Averyt KB, Tignor M, Miller HL (Editor). Cambridge University Press, Cambridge, GB.
- Jagadish S, Cairns J, Lafitte R, Wheeler T, Price A, Craufurd P. 2010. Genetic analysis of heat tolerance at anthesis in rice. *Crop Sci* 50:1633–1641.

- Krishnalatha S, Sharma S. 2012. Identification of maintainers and restorers for WA and Kalinga sources of CMS lines in rice (*Oryza sativa* L.). *Elec. J. Plant Breeding*. 3:949-951
- Lin K-H, Lo H-F, Lee S-P, Kuo G, Chen J-T, Yeh W-L. 2006. RAPD markers for the identification of yield traits in tomatoes under heat stress via bulked segregant analysis. *Hereditas*. 143:142-154.
- Manalu, V. M. P., Wirnas D, Sudarsono S. 2017. Karakter Seleksi pada Generasi Awal untuk Adaptasi Padi terhadap Cekaman Suhu Tinggi. *J. Agron. Indonesia*, Agustus 2017, 45(2):109-116.
- Mohammadi V, Bihamta MR, Zali AA. 2007. Evaluation of screening techniques for heat tolerance in wheat. *Pakistan J. Biol. Sci.* 10:887-892.
- Mohan M, Nair S, Bhagwat A, Krishna TG, Masahiro Y. 1997. Genom mapping, molecular markers and marker assisted selection in crop plants. *Molecular Breeding*. 3:87-103.
- Poli Y, Basava RK, Panigrahy M, Vinukonda VP, Dokula NR, Voleti SR, Desiraju S, Neelamraju S. 2013. Characterization of a Nagina22 rice mutant for heat tolerance and mapping of yield traits. *Rice*. 6:36-44.
- Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breeding*. 2: 225-238.
- Ribaut JM, William HM, Khairallah M, Worland AJ, and Hoisington D. 2001. Genetic Basis of Physiological Traits. In Reynolds MP, Ortiz-Monasterio JI, McNab A (Eds). *Application of Physiology in wheat breeding*. CIMMYT. Mexico.
- Roldan-Ruiz I. 2014. *Marker-trait associations*. Hand Out Advanced Course Modern Breeding Techniques Cassava. 8-19 September 2014 - Ghent University, Belgium.
- Sihaloho AN. 2015. Analisis genetik dan efisiensi seleksi menggunakan *single seed descent* pada kedelai [*Glycine max* (L.) Merr.] untuk adaptasi tanah masam. [Disertasi]. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Sihaloho, AN, Trikoesoemaningtyas, Sopandie D, Wirnas D. 2015. Identifikasi aksi gen epistasis pada toleransi kedelai terhadap cekaman aluminium. *J. Agron. Indonesia*. 43:30–35.
- Susanto U, Sutrisno, Aswidinnoor H. 2008. Pemanfaatan teknik marka molekuler untuk perbaikan varietas padi. Di dalam: *Padi, Inovasi Teknologi dan Ketahanan Pangan*, Buku 1. Subang (ID): Balai Besar Penelitian Tanaman Padi (BB Padi). Hlm 324-336.
- Syukur M, Sujiprihati S, Yuniarti R. 2015. *Teknik Pemuliaan Tanaman*. Edisi Revisi. Jakarta (ID): Penebar Swadaya.
- Thudi M, Upadhyaya HD, Rathore A, Gaur PM, Krisnamurthy L, Roorkiwal M, Nayak SN, Chaturvedi SK, Basu PS, Gangarao NVPR, et al. 2014. Genetic dissection of drought and heat tolerance in chickpea through genome-wide and candidate gene-base association mapping approaches. *Plos one*. 9(5):96758-96770.

- Xiao Y, Pan Y, Luo L, Zhang G, Deng H, Dai L, Liu X, Tang W, Chen L, Wang GL. 2011. Quantitative trait loci associated with seed set under high temperature stress at the flowering stage in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*. 178:331–338.
- Xie XW, Xu MR, Zang JP, Sun Y, Zhu LH, Xu JL, Zhou YL, Li ZK. 2008. Genetic background and environmental effects on QTLs for sheath blight resistance revealed by reciprocal introgression lines in rice. *Acta Agronomica Sinica*. 34:1885-1893.
- Yamin M. 2014. Pendugaan komponen ragam karakter agronomi gandum (*Triticum aestivum* L.) dan identifikasi marka simple sequence repeat (SSR) terpaut suhu tinggi menggunakan *bulk segregant analysis* (BSA). [tesis]. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Ye C, Tenorio FA, Argayoso MA, Laza MA, Koh H-J, Redona ED, Jagadish KSV, Gregorio GB. 2015. Identifiying and confirming quantitative trait loci associated with heat tolerance at flowering stage in different rice populations. *BMC Genetics*. 16:41-51.
- Zhang G, Chen L, Xiao G, Xiao Y, Chen X and Zhang S. 2009. Bulk Segregant Analysis to Detect QTL Related to Heat Tolerance in Rice (*Oryza sativa* L.) Using SSR Markers. *Agricultural Sciences in China*. 8(4): 482-487.
- Zhu C, Xiao Y, W C, Jiang L, Zhai H, Wan J. 2005. Mapping QTL for Heat-Tolerance at Grain Filling Stage in Rice. *Rice Science*. 12(1): 33–38.

Pendugaan Parameter Genetik Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli (*Coix lacryma-jobi* L.) di Jatinangor

Estimated Genetic Parameters of Yield and Yield Component Characters of Job's Tear (*Coix lacryma-jobi* L.) in Jatinangor

Warid Ali Qosim¹⁾, Utarie Ayu Ningtias²⁾, Anas Zubair¹⁾, Farida Damayanti¹⁾, Fiky Yulianto Wicaksono¹⁾, Meddy Rachmadi¹⁾, Suseno Amien¹⁾

¹⁾Staf Pengajar Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat, Indonesia, ²⁾Alumnus Prodi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat, Indonesia.

Corresponding author: warid.ali.qosim@unpad.com

Diterima: 06 September 2023 **Disetujui:** 19 September 2023 **Dipublikasi:** 25

September 2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.49820](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.49820)

ABSTRAK

Hanjeli merupakan tanaman serealia yang potensial dikembangkan sebagai sumber pangan alternatif. Keberhasilan proses seleksi diperlukan untuk memperoleh varietas hanjeli berdaya hasil tinggi. Evaluasi karakter komponen hasil dan hasil pada tanaman hanjeli dapat diketahui melalui pendugaan parameter genetik. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui nilai variabilitas genetik, heritabilitas, serta korelasi antar karakter komponen hasil dan hasil. Percobaan dilaksanakan di Kebun Percobaan Ciparanje, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran, pada bulan Maret sampai bulan Agustus tahun 2022. Perlakuan terdiri dari 21 genotipe hanjeli dan tiga genotipe cek yang disusun dalam rancangan acak kelompok (RAK) dengan tiga ulangan. Hasil penelitian menunjukkan bahwa nilai variabilitas genetik sempit pada karakter yang diamati kecuali jumlah biji pertanaman dan umur panen. Nilai heritabilitas menunjukkan kategori sedang dan rendah. Nilai heritabilitas sedang terdapat pada karakter tinggi tanaman, berat 100 biji, jumlah biji pertanaman, umur berbunga dan umur panen. Karakter bobot biji pertanaman berkorelasi positif nyata dengan jumlah biji pertanaman dan hasil panen perhektar. Karakter tinggi tanaman berkorelasi positif nyata dengan jumlah srisip, jumlah ruas, diameter batang dan umur berbunga. Karakter diameter batang berkorelasi positif nyata dengan jumlah daun. Korelasi negatif terdapat pada karakter jumlah biji per tanaman dengan bobot 100 biji. Karakter jumlah biji pertanaman dapat digunakan sebagai kriteria seleksi karena memiliki variabilitas genetik yang luas serta berkorelasi nyata positif dengan hasil panen.

Kata kunci: Variabilitas Genetik, Heritabilitas, Korelasi, Hanjeli

ABSTRACT

Job tears is a cereal crop that has the potential to be developed as an alternative food source. The success of the selection process is needed to obtain high-yielding job tears varieties. Evaluation of yield and yield component characters in job tears plant can be identified by estimating genetic parameters. This study aims to determine the value of genetic variability, heritability and the correlation between yield and yield component characters. The experiment was conducted at Ciparanje Experimental Garden, Faculty of Agriculture, Universitas Padjadjaran, from March to August 2022. The treatment consisted of 21 job tears genotypes and three check genotypes arranged in a randomized block design with three replications. The observed characters were evaluated using analysis of variability, heritability, and Pearson correlation. The results showed that the value of genetic variability is narrow results in the observed characters except for the grain number per plant and the harvest age, indicating that there is character uniformity in the tested population. The grain number per plant has the highest coefficient of genetic variance. Heritability values indicate moderate and low categories. Moderate heritability values were found in the characters of plant height, the weight of 100 grains, grain number per plant, flowering time and harvest age. The results of the correlation analysis show that there is a relationship between the characters. The character of the grain

weight panicle has a significant positive correlation with the grain number per plant and the yield per hectare. The character of plant height has a significant positive correlation with the number of branches, number of internodes, stem diameter, and flowering time. The character of stem diameter has a significant positive correlation with the number of leaves. There is a significant negative correlation in the grain number per plant with a 100 grains weight. The character of the grain number per plant can be used as selection criteria because it has a high variability value and a significantly positive correlation with yields.

Keywords: Genetic Variability, Heritability, Correlation, Hanjeli

PENDAHULUAN

Hanjeli (*Coix lacryma-jobi* L.) merupakan tanaman serealialia yang dapat dimanfaatkan sebagai bahan pangan alternatif dan pangan fungsional. Sebagai bahan pangan hanjeli memiliki kandungan karbohidrat, lemak, protein, vitamin B₁ dan kalsium yang cukup tinggi (Nurmala, 2011). Biji hanjeli dapat diolah menjadi produk pangan yang memiliki nutrisi tinggi serta kadar index glikemik yang rendah (Tensiska *et al.*, 2019). Komponen senyawa bioaktif hanjeli dapat digunakan sebagai bahan obat herbal (Xi *et al.*, 2016). Selain itu, hanjeli juga banyak dimanfaatkan sebagai ornamen seperti tasbih dan hijauan nya dijadikan silase untuk pakan hewan ternak (Nurmala dkk., 2020).

Hanjeli merupakan tanaman multifungsi yang potensial dikembangkan namun kendala dalam proses budaya memiliki umur panen yang relatif lama serta hasil produksi yang rendah. Nurmala & Irwan (2007) melaporkan bahwa potensi hasil produksi yang dihasilkan petani mencapai 2-4 ton per hektar. Hasil produksi yang optimal perlu ditingkatkan sehingga dapat menguntungkan secara ekonomi. Peningkatan produktivitas tanaman hanjeli dapat dilakukan salah satunya melalui program pemuliaan tanaman untuk memperoleh varietas hanjeli berdaya hasil tinggi.

Pengembangan tanaman hanjeli di Jawa Barat dilakukan melalui metode pemuliaan diantaranya eksplorasi plasma nutfah, karakterisasi, persilangan, proses seleksi serta pengujian daya hasil. Metode seleksi SSD dengan pengambilan satu biji dari satu tanaman dilakukan pada generasi F₂ sampai dengan F₅. Terpilih 21 genotipe terbaik pada generasi F₅ yang memiliki karakter daya hasil lebih tinggi dibandingkan tetuanya lalu di seleksi dan ditanam perbaris pada generasi selanjutnya.

Hasil eksplorasi plasma nutfah hanjeli di Jawa Barat teridentifikasi 41 aksesori yang ditanaman secara liar maupun dibudidayakan (Qosim & Nurmala, 2011). Persilangan tanaman hanjeli telah dilakukan dan terpilih tiga populasi terbaik diantaranya #38 x #37, #28 x #26 dan #28 x #9 (Qosim dkk., 2018). Aksesori hanjeli tersebut memiliki keunggulan diantaranya umur bunga dan panen cepat pada aksesori #9, bobot biji pertanaman paling berat pada aksesori #26, jumlah daun dan srisip paling banyak pada aksesori #28, diameter batang besar dan bobot 100 butir paling berat pada aksesori #37 dan jumlah anakan dan malai utama yang banyak pada aksesori #28 (Pratiwi, 2015).

Evaluasi karakter daya hasil diperlukan untuk memperoleh varietas hanjeli yang berdaya hasil tinggi. Karakter daya hasil merupakan karakter kuantitatif yang dipengaruhi banyak gen serta faktor lingkungan yang tinggi. Karakter yang diamati secara fenotifik berbeda belum tentu disebabkan oleh faktor genetik. Hal ini menunjukkan bahwa penampilan suatu karakter merupakan ekspresi yang dipengaruhi genetik, lingkungan serta interaksi antar keduanya dan ekspresi tersebut akan baik pada kondisi lingkungan yang optimal (Albugis dkk., 2008). Agar proses seleksi berjalan efektif pendugaan parameter genetik perlu dilakukan untuk mengidentifikasi adanya genotipe yang potensial serta mengevaluasi karakter karakter yang dipengaruhi oleh faktor genetik.

Populasi yang diuji pada penelitian ini merupakan hasil persilangan generasi F₉. Pengujian nilai variabilitas genetik diperlukan untuk menilai perbedaan karakter yang disebabkan oleh faktor genetik. Variabilitas genetik yang sempit diperlukan untuk membentuk varietas baru yang unggul dan seragam, sehingga berpeluang untuk mendapatkan populasi yang stabil (Rachmawati dkk., 2013).

Pendugaan nilai heritabilitas diperlukan untuk menduga proporsi ragam genetik dan ragam fenotipenya serta menunjukkan seberapa besar karakter tersebut diwariskan pada generasi berikutnya (Singh & Chaudhary, 1979).

Informasi mengenai karakter yang berkorelasi dengan hasil juga perlu diketahui mengingat umur panen hanjeli yang relatif lama sehingga harapannya terdapat karakter komponen hasil yang berkorelasi dengan hasil sebagai penunjang diperolehnya hanjeli berdaya hasil tinggi. Seleksi menjadi efektif jika nilai duga parameter karakter genetik tersebut tinggi, ditunjang oleh korelasi nyata dengan hasil (Hapsari, 2014).

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi parameter genetik karakter komponen hasil dan hasil melalui pendugaan nilai heritabilitas, variabilitas dan korelasi antar karakter hanjeli.

BAHAN DAN METODE

Percobaan lapangan dilaksanakan pada bulan Maret sampai September 2022 di Kebun Percobaan Ciparanje Universitas Padjadjaran, Jatinangor, Sumedang, Jawa Barat. Penelitian ini menggunakan 21 genotipe hanjeli generas F₈ dan tiga genotipe cek yaitu varietas watani wado (#26), #28 dan #37. Perlakuan disusun dalam rancangan acak kelompok (RAK) dengan tiga ulangan. Ditanam pada petak berukuran 5 m x 1,95 m dengan jarak tanam 60 cm x 40 cm. Setiap petak percobaan terdapat 20 tanaman. Sampel diambil sebanyak enam tanaman. Sehingga terdapat 432 tanaman sampel yang diamati.

Pupuk kandang sapi dengan dosis 5 ton/ha digunakan sebagai pupuk dasar. Penanaman satu tanaman per lubang tanam. Pemupukan NPK majemuk dengan dosis 350 kg per ha diberikan dua kali, 1/3 bagian diberikan saat tanaman berumur saat tanam berumur 21 HST dan 2/3 bagian diberikan saat 90 HST. Pemeliharaan tanaman diantaranya penyiraman, penjarangan, penyulaman, pembumbunan, penyiangan gulma, pengendalian hama dan penyakit tanaman dengan bahan aktif profenofos (Curacron) 500 g/l dosis 2 ml/l, corona (Azzoxistrobin 200 g/l dan difenokonazol 125 g/l dosis 2 ml/l). Pemanenan dilakukan per sampel tanaman dan penjemuran selama tiga hari untuk mencegah pertumbuhan jamur dan penurunan kualitas benih.

Karakter yang diamati terdiri dari karakter hasil dan komponen hasil diantaranya Tinggi tanaman (cm), Diameter batang (cm), Jumlah daun, Jumlah ruas, Jumlah srisip, jumlah anakan, umur berbunga (HST), umur panen (HST), jumlah biji pertanaman, bobot biji pertanaman, bobot seratus biji dan hasil per hektar.

Analisis data meliputi ragam fenotipe, ragam lingkungan dan ragam genetik yang diketahui melalui rumus turunan dari analisis ragam (Gaspersz, 1995):

$$\text{Ragam genetik } (\sigma_g^2) = \frac{KTg - KTe}{r}$$

$$\text{Ragam lingkungan } (\sigma_e^2) = KTe$$

$$\text{Ragam fenotipe } (\sigma_f^2) = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

$$\text{Heritabilitas arti luas (h)} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Kriteria heritabilitas menurut Stansfield 1983 dalam (Priyanto dkk., 2017). Nilai 0-0,20 Rendah, 0,20 - 0,50: Sedang, 0,50 -1,00: Tinggi.

Standar deviasi ragam genetik ($\sigma\sigma_g^2$)

$$\sigma\sigma_g^2 = \sqrt{\frac{2}{r^2} \left[\left(\frac{KTg^2}{dbg+2} \right) + \left(\frac{KTe^2}{dbe+2} \right) \right]}$$

Keragaman genetik dikatakan luas jika $\sigma_g^2 \geq 2\sigma\sigma_g^2$ dan sempit jika $\sigma_g^2 \leq 2\sigma\sigma_g^2$ (Priyanto dkk., 2017).

$$\text{Koefisien Varians Genetik (KVG)} = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{x} \cdot 100\%$$

$$\text{Koefisien Varians Fenotipe (KVF)} = \frac{\sqrt{\sigma_f^2}}{x} \cdot 100\%$$

$$\text{Koefisien Varians (KV)} = \frac{\sqrt{KTe}}{x} \cdot 100\%$$

Keterangan : r = ulangan, g = genotipe, e = galat, dbg = derajat bebas genotipe, dbe = derajat bebas galat, KTg= Kuadrat tengah genotipe, KTe=Kuadrat tengah galat, x= nilai rata rata seluruh populasi tiap karakter tanaman. σ_g^2 =varians genotipe, σ_f^2 =varians fenotipe, $\sigma\sigma_g^2$: standar deviasi varians genotipe, $2\sigma\sigma_g^2$: 2 kali standar deviasi varians genotipe

Analisis koefisien variasi diperlukan untuk mengetahui ketepatan pada lingkungan percobaan. Kriteria nilai KV diantaranya rendah ($<10\%$), sedang ($10\% \leq KV < 20\%$), tinggi ($20\% \leq KV < 30\%$) dan sangat tinggi ($\leq 30\%$) (Couto *et al.*, 2013). Hubungan antar karakter dapat diketahui melalui analisis korelasi pearson

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil analisis ragam Tabel 1. menunjukkan terdapat kakakter yang berbeda nyata diantaranya pada jumlah anakan, tinggi tanaman, bobot seratus biji, bobot biji pertanaman, jumlah biji pertanaman dan hasil perhektar.

Variasi penampilan hanjeli pada populasi ini teramati pada karakter tinggi tanaman dengan kisaran 1,5 – 2,2 m, jumlah anakan 4 – 12, bobot biji pertanaman dengan berat 98-263 g per tanaman, bobot seratus biji 9-21 g, umur berbunga di 80 - 90 Hari Setelah Tanam (HST), umur panen 140-176 HST, jumlah biji pertanaman dengan kisaran 595-1763 g, serta hasil per hektar dengan kisaran 2 – 6 ton/ha. Karakter jumlah daun, jumlah ruas daun dan diameter batang menunjukkan nilai ragam yang tidak berbeda nyata.

Nilai koefisien variasi (KV) tujuh dari 12 karakter yang diamati memiliki nilai KV yang rendah, hal ini menunjukkan bahwa tingkat ketelitian yang tinggi pada karakter yang diamati. Nilai KV sedang terdapat pada karakter bobot 100 biji, jumlah biji pertanaman dan hasil per hektar, sedangkan nilai KV yang tinggi terdapat pada karakter jumlah anakan (22%) dan bobot biji pertanaman (21%).

Tabel 1. Nilai Ragam Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli

Karakter	Min	Max	Rata-rata	F-hitung	KV (%)
Jumlah daun	7,83	12,17	10,46	1,28 ^{ns}	7,0
Jumlah anakan	4,00	12,17	6,79	1,82 ^{**}	22,0
Jumlah ruas daun	7,33	10,50	9,04	0,90 ^{ns}	6,0
Jumlah srisip	5,17	8,67	7,69	1,19 ^{ns}	7,0
Tinggi tanaman (cm)	148,8	225,33	198,88	2,07 [*]	7,0
Diameter batang (cm)	9,42	13,86	12,48	1,65 ^{ns}	6,0
Bobot 100 biji (g)	9,40	21,95	16,21	2,29 ^{**}	12,0
Bobot biji pertanaman (g)	98,52	263,63	164,72	1,79 [*]	21,0
Jumlah biji pertanaman	595,83	1763,33	1082,16	2,49 [*]	20,0
Hasil perhektar (ton/ha)	2,53	6,76	4,22	1,79 [*]	20,0
Umur berbunga (HST)	80,00	100,00	88,40	2,15 [*]	7,0
Umur panen (HST)	140,00	176,00	155,53	2,93 ^{**}	3,0

Keterangan : F_{hitung} = Berbeda sangat nyata^{**} ; Berbeda nyata^{*} ; ns= Tidak berbeda nyata, KV= Koefisien Variasi

Hasil analisis pada Tabel 2. menunjukkan bahwa karakter yang diamati memiliki nilai variabilitas genetik yang sempit diantaranya pada karakter jumlah daun, jumlah ruas daun, jumlah srisip, jumlah anakan, tinggi tanaman, diameter batang, umur berbunga, bobot 100 biji, hasil perhektar dan bobot biji pertanaman. Nilai varians negatif ditunjukkan pada jumlah ruas daun hal ini disebabkan karena hasil operasi hitungan komponen varians sehingga diperoleh nilai negatif. Hasil analisis varians pada karakter yang memiliki nilai negatif menunjukkan hasil tidak berbeda nyata sehingga dianggap tidak terdapat keragaman (Handini dkk., 2020).

Variabilitas genetik sempit pada karakter yang diamati menunjukkan keseragaman karakter pada genotipe yang diuji. Penyerbukan sendiri secara terus menerus dapat meningkatkan homozigositas struktur genetiknya. Wirdarmi dkk (2015) juga menyatakan keseragaman pada galur yang diuji dapat ditunjukkan oleh nilai koefisien variasi fenotipe yang kurang dari 12,5%.

Hasil analisis pada Tabel 2. menunjukkan bahwa karakter yang diamati memiliki nilai variabilitas genetik yang sempit diantaranya pada karakter jumlah daun, jumlah ruas daun, jumlah srisip, jumlah anakan, tinggi tanaman, diameter batang, umur berbunga, bobot 100 biji, hasil perhektar dan bobot biji pertanaman. Nilai varians negatif ditunjukkan pada jumlah ruas daun hal ini disebabkan karena hasil operasi hitungan komponen varians sehingga diperoleh nilai negatif. Hasil analisis varians pada karakter yang memiliki nilai negatif menunjukkan hasil tidak berbeda nyata sehingga dianggap tidak terdapat keragaman (Handini dkk., 2020).

Variabilitas genetik sempit pada karakter yang diamati menunjukkan keseragaman karakter pada genotipe yang diuji. Penyerbukan sendiri secara terus menerus dapat meningkatkan homozigositas struktur genetiknya. Wirdarmi dkk (2015) juga menyatakan keseragaman pada galur yang diuji dapat ditunjukkan oleh nilai koefisien variasi fenotipe yang kurang dari 12,5%.

Variabilitas genetik luas karakter jumlah biji pertanaman dan umur panen pada Tabel 4 menandakan pengaruh genetik lebih dominan dari pada faktor lingkungannya. Karakter jumlah biji pertanaman memiliki nilai nilai KVG dan KVF tertinggi 14% dan 25%.

Nilai variabilitas genetik yang luas menandakan karakter yang diamati masih bervariasi. Fenomena ini di duga akibat dari faktor genetik gen poligenik yang terdapat pada karakter umur panen dan jumlah biji per tanaman, sehingga masih ada potensi seleksi pada genotipe yang diuji berdasarkan karakter tersebut.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa nilai KVF lebih besar dibandingkan nilai KVG hal ini menunjukkan karakter yang memiliki keragaman genetik yang sempit belum tentu memiliki keragaman fenotipe yang sempit, fenomena ini terjadi karena fenotipe merupakan hasil interaksi antara faktor genetik dan lingkungan (Priyanto dkk., 2018).

Nilai heritabilitas dapat menentukan waktu dan metode seleksi sifat tanaman karena memberikan gambaran tentang proporsi ragam genetik dan ragam fenotipik yang dapat diwariskan kepada keturunannya (Priyanto dkk., 2018).

Nilai heritabilitas yang tinggi menandakan bahwa faktor genetik lebih berperan serta dapat diwariskan sehingga hal ini menandakan keberhasilan dalam proses seleksi.

Tabel 2. Variabilitas Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli Generasi F₉

Karakter	σ_g^2	$\sigma\sigma_g^2$	$2\sigma\sigma_g^2$	Kriteria	KVG (%)	KVF (%)
Jumlah Daun	0,05	0,08	0,15	Sempit	2	7
Jumlah Anakan	0,63	0,43	0,85	Sempit	12	25
Jumlah Ruas	-0,01	0,04	0,07	Sempit	-	6
Jumlah Srisip	0,02	0,04	0,08	Sempit	2	7
Tinggi Tanaman	63,44	36,71	73,41	Sempit	4	8
Diameter Batang	0,12	0,10	0,19	Sempit	3	7
Berat 100 Biji	1,65	0,87	1,74	Sempit	8	14
Bobot Biji Pertanaman	301,24			Sempit	11	23
	4	207,81	415,62			
Jumlah Biji Pertanaman	2401,92			Luas	14	25
	9,29	11837,54	23675,08			
Hasil Per-Hektar	0,20	0,14	0,27	Sempit	11	23
Umur Berbunga	16,11	8,98	17,96	Sempit	5	9
Umur Panen	11,12	4,91	9,83	Luas	2	3

Tabel 3. Heritabilitas Karakter Hasil dan Komponen Hasil Hanjeli Generasi F₉

Karakter	σ_g^2	σ_f^2	Heritabilitas	
			Nilai	Kategori
Jumlah Daun	0,05	0,61	0,09	Rendah
Jumlah Anakan	0,63	2,93	0,22	Sedang
Jumlah Ruas	-0,01	0,33	-0,03	Rendah
Jumlah Srisip	0,02	0,30	0,06	Rendah
Tinggi Tanaman	63,44	240,81	0,26	Sedang
Diameter batang	0,12	0,68	0,18	Rendah
Berat 100 Biji	1,65	5,49	0,30	Sedang
Bobot Biji per Tanaman	301,24	1442,12	0,21	Sedang
Jumlah Biji per Tanaman	24019,29	72536,42	0,33	Sedang
Hasil per Hektar	0,20	0,95	0,21	Sedang
Umur berbunga	16,11	58,11	0,28	Sedang
Umur panen	11,12	28,37	0,39	Sedang

Hasil analisis pada Tabel 3 karakter yang diamati memiliki nilai duga heritabilitas yang tergolong sedang dan rendah. Nilai heritabilitas sedang dengan kisaran nilai 0,21 – 0,39 terdapat pada tinggi tanaman (0,26),Jumlah anakan (0,22), bobot biji pertanaman (0,21), berat 100 biji (0,30), jumlah biji pertanaman (0,33), hasil per hektar (0,20), umur berbunga (0,28) dan umur panen (0,39) sedangkan empat karakter lainnya diantaranya jumlah daun, jumlah ruas, jumlah srisip dan umur panen memiliki nilai heritabilitas rendah. Hasil analisis heritabilitas yang bernilai negatif terdapat pada karakter ruas daun. Nilai heritabilitas negatif diperoleh karena nilai varians lingkungan yang lebih besar dibandingkan varians fenotipe. Hasil analisis yang memiliki nilai heritabilitas sedang dan rendah pada karakter yang diuji menunjukkan bahwa faktor lingkungan lebih berpengaruh ditandai dengan nilai varians lingkungan yang lebih tinggi dibandingkan dengan varians genetik (Albugis dkk., 2008).

Karakter yang diamati dalam penelitian ini merupakan karakter kuantitatif yang dikendalikan oleh banyak gen serta banyak dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Pendugaan nilai heritabilitas pada satu lingkungan akan sulit mengestimasi interaksi antar genotipe dan lingkungannya. Pendugaan ragam genetik akan lebih baik jika populasi uji ditanam pada minimal dua lokasi dan dua musim sehingga interaksi antar genotipe dan lingkungan, genotipe dan musim, genotipe x musim x lingkungan dapat dipisahkan (Hermanto dkk., 2017).

Tabel 4. Korelasi Fenotipik Antar Karakter pada Hanjeli Generasi F₉

	JD	JA	JR	JS	TT	DB	BSP	BBP	JBP	HPH	UB
JD											
JA	-0.19										
JR	0.33	0.22									
JS	0.36	-0.21	0.36								
TT	0.34	0.40	0.56**	0.44*							
DB	0.48*	0.18	0.27	0.25	0.47*						
BSP	0.07	0.28	0.25	0.03	0.16	0.07					
BBP	-0.10	0.15	-0.17	0.36	0.13	0.29	0.20				
JBP	-0.20	-0.13	-0.37	0.16	-0.15	0.16	-0.52	0.67**			
HPH	-0.10	0.16	-0.17	0.36	0.13	0.29	0.20	1.00**	0.67**		
UB	0.23	0.07	0.27	0.24	0.53**	0.14	-0.37	-0.11	0.05	-0.11	
UP	0.35	-0.30	0.24	0.10	0.03	-0.04	0.05	-0.25	-0.31	-0.25	-0.05

Keterangan : JD = Jumlah Daun; JA = Jumlah Anakan; JR = Jumlah ruas daun ; JS = Jumlah serisip ; TT = Tinggi Tanaman; DB = Diameter Batang; BSP = Bobot 100 Biji per Tanaman; BBP = Bobot biji pertanaman; HPH = Hasil panen perhektar; JB = Jumlah biji pertanaman; UB = Umur Berbunga; UP = Umur Panen; * = berbeda nyata pada taraf 5%; ** = berbeda nyata pada taraf 1%. (+) korelasi positif; (-) korelasi negatif.

Hasil analisis pada Tabel 4 menunjukkan terdapat korelasi antara karakter komponen hasil dengan hasil yang di tunjukkan oleh karakter jumlah biji pertanaman yang berkorelasi positif dengan bobot biji pertanaman dan hasil panen sedangkan karakter bobot 100 biji per tanaman berkorelasi negatif dengan jumlah biji per tanaman. Selain itu, terdapat korelasi antar karakter yang diamati ditunjukkan oleh tinggi tanaman yang berkorelasi positif dengan umur berbunga, jumlah ruas daun, jumlah daun dan diameter batang. Jumlah daun berkorelasi positif dengan diameter batang. Hal ini sejalan dengan hasil penelitian Shen *et al.*, (2019) pada beberapa aksesori hanjeli di Cina diketahui adanya korelasi nyata positif antar karakternya.

Bobot biji per tanaman berkorelasi nyata positif dengan jumlah biji pertanaman dan hasil panen yang memiliki nilai korelasi ($r = 0,66^{**}$) dan ($r=0,10^{**}$) dapat diartikan bahwa peningkatan bobot biji pertanaman akan diikuti dengan kecenderungan peningkatan hasil panen dan jumlah biji pertanaman.

Hasil analisis korelasi yang memiliki nilai nyata positif terjadi antara diameter batang dengan jumlah daun dengan nilai korelasi ($r = 0,475^*$), dapat diartikan bahwa jumlah daun yang semakin banyak cenderung akan meningkat pula diameter batang. Hasanah & Purnamaningsih, (2019) menyatakan proses fotosintesis akan meningkat seiring bertambahnya jumlah daun dan hasil fotosintesis tersebut disebarkan ke seluruh bagian tanaman sehingga meningkatkan diameter batang.

Karakter tinggi tanaman memiliki nilai korelasi yang dengan jumlah srisip ($r = 0,438^*$), jumlah ruas ($r = 0,666^{**}$), diameter batang ($r = 0,473^*$) dan umur berbunga ($r = 0,533^{**}$). Korelasi positif yang terjadi antara tinggi tanaman dan umur berbunga menandakan semakin tinggi tanaman cenderung akan semakin lama berbunga oleh karena itu untuk mendapatkan tanaman yang berumur genjah diperlukan memilih individu tanaman yang masa vegetatifnya lebih singkat.

Hasil analisis dengan nilai korelasi yang bernilai negatif terdapat antara jumlah biji per tanaman terhadap bobot 100 biji dengan nilai korelasi ($r = -0,515^{**}$). Hal ini menandakan bahwa semakin banyak jumlah biji maka semakin ringan bobot 100 biji. Bobot seratus biji dipengaruhi oleh ukuran biji yang dihasilkan, ukuran biji yang besar menghasilkan jumlah 100 biji yang lebih sedikit berbeda dengan ukuran biji yang kecil menghasilkan jumlah biji yang relatif lebih banyak.

KESIMPULAN

1. Nilai variabilitas genetik sempit terdapat pada karakter jumlah daun, jumlah anakan, jumlah ruas, jumlah srisip, tinggi tanaman, diameter batang, berat 100 biji, bobot biji pertanaman, hasil biji per hektar dan umur berbunga sedangkan karakter umur dan jumlah biji pertanaman memiliki nilai variabilitas genetik luas.
2. Nilai heritabilitas menunjukkan hasil yang rendah sampai sedang. Karakter dengan nilai heritabilitas sedang diantaranya karakter tinggi tanaman, jumlah anakan, bobot biji pertanaman, berat 100 biji jumlah biji pertanaman, hasil per hektar, umur berbunga dan umur panen.
3. Terdapat korelasi antar karakter yang diamati. Karakter bobot biji pertanaman berkorelasi positif dengan jumlah biji pertanaman dan hasil panen perhektar. Karakter tinggi tanaman berkorelasi nyata positif dengan jumlah srisip, jumlah ruas, diameter batang dan umur berbunga. Karakter diameter batang berkorelasi positif dengan jumlah daun. Korelasi negatif terdapat pada karakter jumlah biji per tanaman dengan bobot 100 biji.

UCAPAN TERIMAKASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Universitas Padjadjaran yang telah menyediakan Hibah *Academic Leadership Grant* (ALG) 2023 untuk kegiatan penelitian baik di laboratorium maupun di lapangan.

DAFTAR PUSTAKA

- Albugis, F., Polii Mandang, J., Doodoh, B., & Pinaria, A. (2008). Variabilitas genetik dan heritabilitas 12 genotipe kedelai. *Eugenia*, 14(2), 121–128
- Couto, M. F., Peternelli, L. A., & Barbosa, M. H. P. (2013). Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. *Ciência Rural*, 43(6), 957–961. <https://doi.org/10.1590/s0103-84782013000600003>
- Gaspersz, V. (1995). *Teknik Analisa Dalam Penelitian Percobaan* (Edisi Pert). Penerbit Tarsito
- Handini, M. A., Saptadi, D., & Waluyo, B. (2020). Parameter genetik karakter dan seleksi 82 genotipe ercis di dataran rendah. *Kultivasi*, 19(2), 1162–1173. <https://doi.org/10.24198/kultivasi.v19i2.22931>
- Hapsari, R. T. (2014). Pendugaan keragaman genetik dan korelasi antara komponen hasil kacang hijau berumur genjah. 20(2), 51–58.
- Nurmala, T. (2011). Potensi dan Prospek Pengembangan Hanjeli (*Coix lacryma jobi* L) sebagai Pangan Bergizi Kaya Lemak untuk Mendukung Diversifikasi Pangan Menuju Ketahanan Pangan Mandiri. *Pangan*, 20(1), 41–48
- Nurmala, T., & Irwan, A. W. (2007). *Pangan Alternatif Berbasis Serealia Minor*. Bandung.
- Nurmala, T., Wicaksono, F. Y., & Wiyono, S. N. (2020). Pengembangan hanjeli sebagai tanaman multifungsi potensial untuk mendukung program diversifikasi pangan dan industri pertanian (W. A. Qosim & N. Bafdal (eds.)).
- Pratiwi, N. (2015). Variabilitas Fenotipik dan Korelasi Komponen Hasil dan Hasil Tiga Populasi Generasi F3 Hasil Persilangan Tanaman Hanjeli (*Coix lacryma-jobi* L.) dengan Metode Single Seed Descent di Ciparanje. Universitas Padjadjaran.
- Priyanto, S. B., Azrai, M., & Syakir, M. (2018). Analisis ragam genetik, heritabilitas dann sidik lintas karakter agronomik jagung hibrida silang tunggal. *Informatika Pertanian*, 27(1), 1–8.
- Priyanto, S. B., Azrai, M., & Takdir, A. M. (2017). Parameter genetik dan korelasi karakter komponen hasil jagung hibrida. *Buletin Penelitian Tanaman Serealia*, 1(2), 9–15.
- Qosim, W. A., & Nurmala, T. (2011). Eksplorasi, identifikasi dan analisis keragaman plasma nutfah tanaman hanjeli (*Coix lacryma jobi* L.) sebagai sumber bahan pangan berlemak di jawa barat. *Jurnal Pangan*, 20(November), 265–275.
- Qosim, W. A., Nurmala, T., Ismail, A., & Jannah, S. (2018). Estimasi heritabilitas dengan metode regresi tetua-turunan (parent-offspring regression) pada tiga populasi hanjeli (*Coix lacryma-jobi* L.). *Zuriat*, 29(2), 104. <https://doi.org/10.24198/zuriat.v29i2.20756>
- Rachmawati, R. Y., Kuwanto, & Purnamaningsih, S. L. (2013). Uji keseragaman dan analisis sidik lintas antara karakter agronomis dengan hasil pada tujuh genotipe padi hibrida japonica (pp. 293–299). Universitas Brawijaya.
- Shen, G., Girdthai, T., Liu, Z. Y., Fu, Y. H., Meng, Q. Y., & Liu, F. Z. (2019). Principal component and morphological diversity analysis of job's-tears (*Coix lacryma-jobi*

- L.). *Chilean Journal of Agricultural Research*, 79(1), 131–143. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392019000100131>
- Singh, R. ., & Chaudhary, B. . (1979). *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Kalyani.
- Tensiska, Setiasih, I. S., Suprijana, O., Qosim, W. A., & Cahyana, Y. (2019). The Glycemic Index (GI) of Adlay (*Coix lacryma-jobi var-mayuen*) on processed products. *International Journal on Advanced Science, Engineering and Information Technology*, 9(3), 1058–1062. <https://doi.org/10.18517/ijaseit.9.3.7419..>
- Wirdarmi, W. D., Qosim, W. A., & Rostini, N. (2015). Variabilitas genetik dan heritabilitas karakter komponen hasil dan hasil lima belas genotip cabai merah. *April 2020*. <https://doi.org/10.24198/zuriat.v17i1.6808>.
- Xi, X. J., Zhu, Y. G., Tong, Y. P., Yang, X. L., Tang, N. N., Ma, S. M., Li, S., & Cheng, Z. (2016). Assessment of the genetic diversity of different job's tears (*coix lacryma-jobi* l.) accessions and the active composition and anticancer effect of its seed oil. *PLoS ONE*, 11(4), 1–22. <https://doi.org/10.1371/ journal.pone.0153269>

The Success of Freshwater Aquaculture Program: Nile Tilapia or “Nila” Culture In Indonesia

Keberhasilan Program Budidaya Perikanan Air Tawar: Budidaya Ikan Nila di Indonesia

Rudhy Gustiano¹⁾, Otong Z. Arifin²⁾, Jojo Subagja²⁾, Kurniawan Kurniawan³⁾, Tri H. Prihadi⁴⁾, Adang Saputra⁴⁾, M.H.F. Ath-Thar²⁾, Wahyulia Cahyanti²⁾, Vitas A. Prakoso³⁾, Deni Radona⁵⁾, Irin I. Kusmini²⁾, Anang H. Kristanto²⁾

¹⁾Research Center for Biosystematics and Evolution, National Research and Innovation Agency, Jl. Raya Jakarta Bogor KM 46 Cibinong, West Java, Indonesia 16911,

²⁾Research Center for Applied Zoology, National Research and Innovation Agency, Jl. Raya Jakarta Bogor KM 46 Cibinong, Indonesia 16911, ³⁾Research Center for Conservation of Marine and Inland Water Resources, National Research and Innovation Agency, Jl. Raya Jakarta Bogor KM 46 Cibinong, Indonesia 16911, ⁴⁾Research Center for Fisheries, National Research and Innovation Agency, Jl. Raya Jakarta Bogor KM 46 Cibinong, Indonesia 16911, ⁵⁾PhD Degree Program in Aquaculture Science, IPB University, Bogor 16680, West Java, Indonesia

Corresponding author: rudhy.gustiano@brin.go.id

Diterima: 20 September 2023 **Disetujui:** 24 September 2023 **Dipublikasi:** 25 September 2023

DOI: [10.24198/zuriat.v34i2.50108](https://doi.org/10.24198/zuriat.v34i2.50108)

ABSTRACT

This paper discusses the current status of tilapia aquaculture production, historical development based on the production growth, technological advances in genetic improvement and culture system, trade and product development, strategies, and policies in maintaining and improving national production. All data and information used in this manuscript were collected from available publications relating to the past and present status of tilapia cultivation in the country. Nowadays, Indonesia is the second-largest tilapia producer in the world with the contribution of about 25.89% to tilapia global production. In Indonesia, tilapia is the largest production among other cultured species. The annual growth production of tilapia is increased 11.61% from 2011 to 2018. West Java Province is the largest tilapia producer followed by West Sumatra, South Sumatra, and Central Java. In the last six years, most of tilapia production comes from pond culture followed by floating cages, net cages, paddy fields, and pen culture. The success of tilapia culture is much influenced by technological improvement in grow-out and genetic improvement of the local varieties. A side of that, trading and global market oriented are also established with various acceptable products. Tilapia aquaculture in Indonesia shows the success story of freshwater aquaculture program from nothing before 1990 to be something at present time. To maintain and increase the future production of tilapia, it needs strategies and policies in production and trade. The tilapia program maybe used as a role model for another economic important freshwater species in Indonesia.

Keywords: Tilapia, Aquaculture, Freshwater, Indonesia

ABSTRAK

Makalah ini membahas status produksi perikanan budidaya nila saat ini, perkembangan historis berdasarkan pertumbuhan produksi, kemajuan teknologi perbaikan genetik dan sistem budi daya, perdagangan dan pengembangan produk, strategi dan kebijakan dalam mempertahankan dan meningkatkan produksi nasional. Semua data dan informasi yang digunakan dalam naskah ini dikumpulkan dari publikasi yang tersedia yang berkaitan dengan status budidaya ikan nila di Indonesia di masa lalu dan sekarang. Saat ini,

Indonesia merupakan produsen ikan nila terbesar kedua di dunia dengan kontribusi sekitar 25,89% terhadap produksi ikan nila dunia. Di Indonesia, ikan nila merupakan produksi terbesar di antara spesies budidaya lainnya. Pertumbuhan produksi ikan nila setiap tahunnya mencapai 11,61% dari tahun 2011 hingga 2018. Provinsi Jawa Barat merupakan penghasil ikan nila terbesar, diikuti oleh Sumatera Barat, Sumatera Selatan, dan Jawa Tengah. Dalam enam tahun terakhir, sebagian besar produksi ikan nila berasal dari budidaya di kolam, diikuti oleh keramba apung, keramba jaring apung, sawah, dan karamba. Keberhasilan budidaya ikan nila banyak dipengaruhi oleh kemajuan teknologi pembesaran dan perbaikan genetik varietas lokal. Selain itu, perdagangan dan orientasi pasar global juga dibangun dengan berbagai produk yang dapat diterima. Budidaya ikan nila di Indonesia menunjukkan kisah sukses program budidaya ikan air tawar dari yang tidak ada sama sekali sebelum tahun 1990 menjadi sesuatu yang besar saat ini. Untuk mempertahankan dan meningkatkan produksi ikan nila di masa depan, diperlukan strategi dan kebijakan dalam produksi dan perdagangan. Program ikan nila dapat digunakan sebagai contoh untuk spesies air tawar lain yang penting secara ekonomi di Indonesia.

Kata kunci: Ikan Nila, Akuakultur, Air Tawar, Indonesia

INTRODUCTION

Indonesia is the second-largest producer of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in the world after China, with total production of 1,171,698 tons in 2018 (FAO, 2020) representing an estimate of 25 percent of the country's total national aquaculture production. This species is also the second rank below seaweed in Indonesian aquaculture production and number one among other finfish species. Originally, Nile tilapias is a native species to Africa, but it has been successfully introduced to more than 140 countries both in tropical and subtropical regions (El-Sayed, 2019). It was first introduced to Indonesia in 1969 from Taiwan (Gustiano *et al.*, 2008). There after, several strains were also introduced from Thailand (Chitralada and Red NIFI) in 1989, Philippines (GIFT) in 1994, and Japan (JICA) in 2002. In 2016, fourteen new developed local strain have been officially released to support the national production of Nile tilapia. Nile tilapia which is locally known as “Nila” now has been widely cultured in most regions. Nila has become the main freshwater aquaculture commodity in the country due to its ease of maintenance and relatively fast growth. The main production areas for nila are in West Java and West Sumatra (MMAF, 2020). In the last six years, most of nila production comes from pond culture followed by floating cages, net cages, paddy fields, and pen culture. The success of nila culture is much influenced by technological improve in breeding, grow-out and genetic improvement of the local varieties. In the aquaculture development policy for 2020-2024, nila is included in 12 priority commodities, where the planned target for nila culture is to increase from 1.6 million tonnes in 2020 to be 2,245 million tonness in 2024 (DGA, 2020).

The large population of Indonesia and the government's efforts to increase protein per capita, 56.39 kg/capita in 2020, is strongly supported nila culture. Apart from the domestic market, it is also projected to be export-oriented one. Currently, various export products have been developed with almost 70% of its products in 2018 for the USA market. This paper discusses the current status of tilapia aquaculture, historical development based on the production growth, technological advances in genetic improvement and culture system, trade and product development, strategies, and policies in maintaining and improving national production.

MATERIAL AND METHODS

Literature study has been carried out in preparing the manuscript. All collected data and information based on available publications regarding to the past and present status of tilapia cultivation in the country were used in analyses. The data and information obtained were then used to explain the obstacles faced, strategies for increasing and maintaining national production, as well as strategies for increasing and maintaining national production. Along with the latest technological advances, analysis to see the feasibility of implementing is also considered to decide or propose strategies related to the challenges, obstacles, and problems faced.

RESULT AND DISCUSSION

The current status of nila or tilapia aquaculture in Indonesia concerning production, history, genetic improvement, cultivation techniques, and trade will be discussed below. Based on this description, the constraints of the challenge will be synthesized to determine a strategy for increasing and maintaining national production.

A. Production

The culture of tilapia provides an excellent model for the success story of a group of fish species cultured outside its natural distribution. The world production of tilapia aquaculture has increased year by year from 2.35 million tonnes in 2010 to 4.52 million tonnes in 2018 (Figure 1) which accounts for nearly 6% of total world aquaculture production. Tilapia currently is the third-largest cultured species produced in the world aquaculture. The main producers of tilapia aquaculture are mostly from Asia regions, and Indonesia contributes about 25.89% to tilapia world's production in 2018 (Table 1). However, it is important to note that tilapia aquaculture in Africa and South America is also increasing.

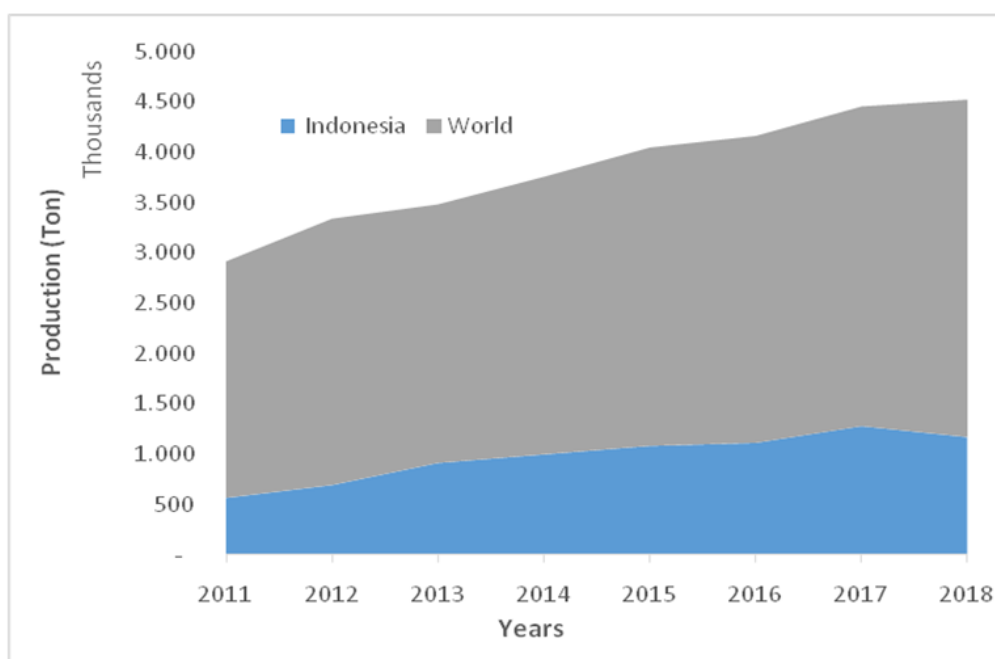


Figure 1. Tilapia production in Indonesia and the world from 2011 to 2018. (Data modified from FAO Fish Stat J)

Tabel 1. Nilai Ragam Karakter Komponen Hasil dan Hasil Hanjeli

No	Country	Culture Environment	Production	Procentage (%)
1	China	Freshwater	1,218,547	26.93%
2	Indonesia	Freshwater /Brackishwater	1,171,698	25.89%
3	Egypt	Freshwater /Brackishwater	1,051,444	23.23%
4	Brazil	Freshwater	317,000	7.00%
5	Thailand	Freshwater	211,368	4.67%
6	Philippines	Freshwater	167,830	3.71%
7	Ghana	Freshwater	70,628	1.56%
8	Uganda	Freshwater	70,095	1.55%
9	Honduras	Freshwater	33,500	0.74%
10	Lao	Freshwater	31,000	0.69%
	Other countries	Freshwater /Brackishwater	182,321	4.03%
	Global production	Freshwater /Brackishwater	4,525,431	100.00%

Keterangan : Data modified from FAO Fish Stat J

Tilapia culture recorded the highest annual growth rates for decades among all finfish groups. The average growth of tilapia aquaculture in Asia and the Pacific has lagged slightly behind world growth, 11.61% during the period 2011 to 2018. Table 2 shows the trend of tilapia production in Indonesia in the same period increased from year to year, but the slope decreased in 2018. Nowadays, tilapia is the biggest contributor to aquaculture production in Indonesia compare to others species. This species is widespread in all provinces in Indonesia, where West Java is the largest producer followed by West Sumatra, South Sumatra, and Central Java. South Sumatra, and Central Java. Tilapia farming was carried out in five different culture systems, mono or mixed with other species, including ponds, net, floating cages, pen, and rice cum fish (Figure 2). In the last six years period, the dominant production of tilapia monoculture came from pond followed by floating cages, net cages, rice cum fish fields, and pen net.

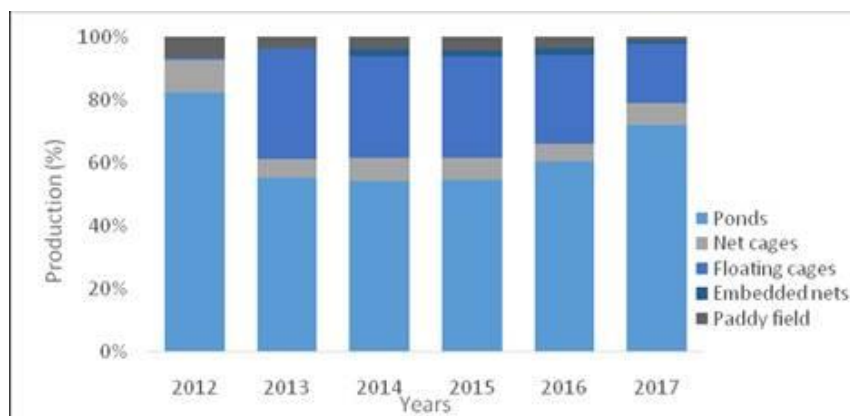


Figure 2. Comparison of Tilapia production in Indonesia based on culture systems from 2012 to 2017. Data were acquired from MMAF Statistic.

B. Historical Status of Tilapia Farming

Nila or Tilapia which refers to *O. niloticus* has been cultured in Indonesia for more than 50 years. At present time, tilapia has become an important fish both for domestic

consumption and export product. The historical phase of the success of tilapia aquaculture is focused on the growth of production and technological advances adopted by tilapia aquaculture development. We divided the historical development of Indonesian tilapia culture into four phases of growth based on production increase and technological development including introduction phase (1970-1990), initial growth phase (1990 to 2000), growth phase (2001 to 2010), and rapid growth phase (2011 to recently) (Figure 3).

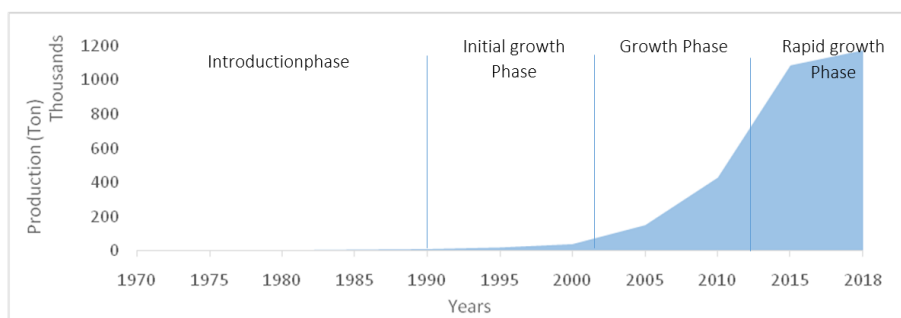


Figure 3. The history of tilapia culture-based production growth in Indonesia (Data modified from FAO Fish Stat J).

C. Introduction Phase (1970 to 1990)

In Indonesia, tilapia is locally known for Nile tilapia (*O. niloticus*) and Mosambique tilapia (*O. mossambicus*). Although it is not a native species to Indonesia, *O. mossambicus* has a local name, “Mujair”, which comes from the name of the person who discovered this fish in 1936 in the Serang River, Blitar, East Java. This species of tilapia is thought to be a species introduced by the Dutch from Africa to Indonesia (Schuster, 1950). However, the Mozambique tilapia in Asia including Indonesia shows low production performance due to early maturation, uncontrolled breeding, and slow growth rate.

Nile tilapia or *O. niloticus* which is popularly known as “Nila” is introduced to Indonesia from Taiwan. Hereafter, it was distributed to several provinces in order to increase production and diversify of aquaculture species. The superior selected strain, “Citrilada” and “Red NIFI” were also introduced to Indonesia from Thailand in 1988 and 1989, respectively. In 1975 production of tilapia was recorded about 225 tons, it increased significantly to 5772 tons in 1980 and 12.085 tons in 1990. In this period, despite a significant increase in tilapia production, uncontrolled spawning frequently occurs in grow-out ponds resulting in an overload of larvae with slow growth and unacceptable market size. The turning point for tilapia to become a mainstay commodity occurred when there was an outbreak of the koi herpes virus (KHV) in common carp. This has led to a shift in the cultivation of common carp to tilapia as an alternative commodity in fish farming in the community.

D. Initial Growth Phase (1990 to 2000)

Initially the national aquaculture program focused on optimizing cultivation techniques and systems as well as seed production. Genetic improvements related to growth rate, food conversion ratio and disease resistance have not been taken into account. Fish quality problems arise when intensification is carried out to pursue high production targets. To solve this problem, efforts were made to import another new strain, GIFT tilapia from Phillipines. The effect of superior tilapia on Indonesia in the early growth phase shows a

significant increase in production from 13,156 mt in 1991 to 40,836 mt in 2000. In Indonesia, many previous researchers have conducted the genetic research on tilapia (Brzesky and Doyle, 1988; Matricia *et al.*, 1989; Jangkaru *et al.*, 1992; Arifin *et al.*, 2007). However, these studies were not under national breeding programs. The strategy of improving the genetic quality of tilapia in Indonesia through “selective breeding” was started in 1997 (Gjedrem *et al.*, 1997).

E. Growth Phase (2001 to 2010)

The introduction of superior tilapia is a major factor in increasing national tilapia production. This is happening not only in Indonesia, but also in most tilapia producing countries such as China, the Philippines and Thailand. In this case, GIFT tilapia gives a big contribution in increasing production. National tilapia production increased from 50,876 mt in 2001 and increased significantly to 429,053 tonnes in 2010 (Figure 3). Another excellent tilapia, "JICA" was also imported in 2002 from Kagoshima, Japan. Then followed by blue tilapia, *Oreochromis aureus*, from Africa, and GET from the Philippines in 2002. However, the performance of imported superior strains could not be maintained after several years due to lack of knowledge in broodstock management to maintain excellence (Gustiano, 2007). To solve this problem, the national tilapia breeding program was initiated in Indonesia (PPINN, 2002).

F. Rapid growth phase (2011 to present)

The tilapia aquaculture industry entered a rapid growth phase in 2011 following the development of advanced technology through an intensive and super intensive cultivation system supported by local superior seeds. Tilapia production in this period increased from 567,081 mt in 2011 to 1,171,698 mt in 2018 (Figure 3). In this phase, several private export market-oriented companies have made massive investments in Indonesia.

G. Technological advances in tilapia aquaculture

1. Breeding program based genetic improvement.

Improvements in genetic quality to increase tilapia production and productivity can be done in various ways. The introduction of superior strains from outside is a shortcut to improve the performance of local fish (Gustiano, 2007). Crosses or hybridization is another way to improve genetic quality with the aim to get superior characteristics that are better than the original population. Crosses are basically the use of heterotic traits because these traits are dominant and heterozygous at many loci (Tave, 1993) or allele interactions at loci (Kapuscinski and Miller, 2007). Crosses are generally carried out between populations that have certain advantages. In the past, tilapia breeding activities in Indonesia are mostly carried out by farmers to obtain species that have faster growth or certain appearance. Hybrid products are found in many communities. However, if the crossing is carried out uncontrollably, it will result in the loss of certain traits/characters from the original population. To avoid things that are not desirable, it is better if the results of the cross/hybrid are only used as the final product for consumption. There are not many scientific publications on tilapia crossing in Indonesia. It is noted that the results of crosses with better hybrid yields between tilapia (*Oreochromis niloticus*) and tilapia (*Oreochromis mosambicus*) (Sumantadinata and Subardja, 1979; Suseno, 1983) and between tilapia strains (Yunus *et al.*, 1987; Mahardika *et al.*, 2011).

The fact shows, there are many hybrids found in communities with local names which are sometimes difficult to trace their origins. We recommend that cross/hybridize should follow the breeding principles and be well programmed. In its development, the crossing method was compiled so that it could produce a superior "Larasati" strain of red tilapia in 2009. Crosses were initiated by bringing in various Tilapia strains such as GIFT, NIFI, Singapore, Citralada, and White Tilapia. In 2005, a cross was carried out to get an overview of the performance of the seeds produced. In 2006, it was found that a cross between a female parent of a GIFT line and a male parent of a Singapore line produced the best hybrid.

Next is the "Srikandi" strain, which is a hybridized line that thrives in brackish waters released in 2012. This tilapia is a superior strain resulting from a cross between female Nirwana Tilapia (*Oreochromis niloticus*) and male blue tilapia (*Oreochromis aureus*). Similar to Srikandi, in 2013 a new strain of tilapia was released, namely "Salina" tilapia. This strain has high salinity tolerance up to 20-30 ppt. Apart from crossing/hybridization, selective breeding is another common method for the genetic improvement on tilapia. Selection is a technique for enhancing quantitative traits. The basic principle of selection is to exploit 'additive' alleles in all loci that control measurable traits to increase the population (Tave, 1993). The result of superior genetic improvement of tilapia is the "JICA" strain released in 2004. "Nirwana" strain was released in 2006. This tilapia is a superior strain from the family selection method. The genetic sources of selection activities are Tilapia GIFT and Tilapia GET (Genetically Enhanced Tilapia). Nirwana II was released in 2011 followed by Nirwana III in 2016. The "Jati Umbulan" strain was released in 2007. This tilapia strain is the result of genetic improvement through individual selection. The selection of these individuals used 6 basic populations, namely G3 Black Tilapia, G6 Black Tilapia, Punten Black Tilapia, Citralada Red Tilapia, Kedung Ombo Red Tilapia, and Sleman Nila Putih.

Next is the "BEST" strain (Bogor Enhanced Strain Tilapia) which was released in 2008. This family selection program begins with characterization of population types (Arifin *et al.*, 2007), population evaluation (Gustiano *et al.*, 2005), followed by selection (Gustiano 2007; Gustiano and Arifin, 2010), performance testing, and multilocation (Gustiano *et al.*, 2005; Kusdiarti *et al.*, 2007; Winarlin and Gustiano, 2007) and evaluation of selection results (Gustiano *et al.*, 2013). The "Sultana" strain was released in 2012 in tilapia aquaculture from the individual selection, the following strains were released in 2012: the "Anjani", "Nilasa" red tilapia, "Pandu" male, and "Kunti" female. Sex manipulation is also carried out on the genetic improvement of tilapia in Indonesia. The "Gesit" (Genetically Supermale Indonesia Tilapia) was released in 2006. This strain is a type of tilapia that has been manipulated by its chromosomes. This tilapia has a YY chromosome type which when mated with female tilapia will produce 95-100% monosex male tilapia. This fish strain was created to control the rapid reproduction of female tilapia and to take advantage of male tilapia which grows faster than female tilapia.

2. Development of Culture Systems.

Research related to cultivation technology, the introduction of tilapia (*O. mossambicus* and *O. niloticus*) was originally spread in public waters such as lakes and reservoirs in Indonesia in 1971-1987 (Hardjamulia and Wardoyo, 1992). *O. mossambicus* is scattered in the Lindu, Limboto, and Tondano lakes as well as the Jatiluhur, Saguling, Cirata, and Selorejo reservoirs. Meanwhile, *O. niloticus* is scattered in Jatiluhur, Saguling, Cirata, and Selorejo reservoirs as well as Tondano Lake. *O. niloticus* which was introduced in 1969 has a larger size, tastier and higher price but stable in population due to the number

stocked and the unsustainability of the distribution program (Hardjamulia and Wardoyo, 1992).

At the beginning of development, cultivation activities focused a lot on the rice-fish pond, earthen ponds, and running water ponds. The floating net cages (FNC) method was adopted from the Philippines in 1987 (Costa-Pierce and Hadikusumah, 1990). In the further development tilapia farming in the double net cages installed in the lakes and reservoirs was an excellent method for productivity improvement of tilapia (Gustiano and Arifin, 2010). Common carp were commonly stocked at the first layer, while tilapia was cultured in the second layer (Pratiwi *et al.*, 2017). This method resulted in double production and improved feed efficiency as tilapia reared in the second layer fed uneaten feed from the first layer. The double net cages system commonly can be found in intensive tilapia farming at Saguling, Cirata, and Jatiluhur reservoirs, West Java. In terms of superior strains for growth, environmental tolerance, and disease resistance, they still consistently showed superiority in different environments even though they were not optimal (Matricia *et al.*, 1989; Kusdiarti *et al.*, 2008; Winarlin *et al.*, 2008) or in the system different cultures (Huwoyon and Gustiano, 2008).

Research on the resistance of tilapia to various environmental conditions has also been carried out such as in salinity environments and low pH/peatlands (Ath-thar and Gustiano, 2010; Huwoyon and Gustiano, 2008). Another alternative is a polyculture of tilapia farming. The increasing interest in polyculture in Indonesia has indirectly boosted the production of tilapia because most see tilapia as an important component in this polyculture system (Fitzsimmons *et al.*, 2011). Fitzsimmons (2013) reported that tilapia polyculture activities in Indonesia were also carried out with a combination of tilapia-tiger prawns, tilapia-milkfish, and tilapia-seaweed-shrimp. Tilapia in the polyculture system with shrimp, apart from providing economic benefits, is also beneficial for shrimp health because it can endanger vibriosis and WSSV infection (Naim and Desyana, 2011).

Nowadays, the use of microbubble technology is a promising technique applied in intensive aquaculture (Jainontee *et al.*, 2019). A microbubble generator can be applied for the improvement of water quality in fish culture through the optimum supply of dissolved oxygen in water (Endo *et al.*, 2008; Ebina *et al.*, 2013). These methods accelerated the growth of tilapia in intensive ponds and provided faster degradation of organic waste in water (Budhijanto *et al.*, 2017; Firman *et al.*, 2019). The bioflock culture system also has developed rapidly in tilapia super-intensive culture in Indonesia. This technology is an environmentally friendly fish farming method based on manipulation of water resources in the production of heterotroph microorganisms, microalgae, and zooplankton in the ponds used for water quality maintenance and microbial protein as additional fish nutrition (Avnimelech, 2009; Emerenciano *et al.*, 2017). Tilapia reared in bioflock system presented more compatible and ideal as compared with other freshwater species. This species has unique capabilities to adapt to bioflock environment system that positively impacts growth and reproduction success (Ekasari *et al.*, 2015).

On the other hand, tilapia culture also still has a major problem dealing with disease outbreak occurred both in intensive and super intensive culture systems. The main diseases that lead to tilapia mass mortality are streptococcosis caused by *Streptococcus* spp infection and Motile Aeromonas Septicemia (MAS) caused by infection of *Aeromonas hydrophila* (Supriyadi and Gardenia, 2010). Dealing with this issue, tilapia vaccines were successfully released and registered for commercial production by the Ministry of Marine Affairs and Fisheries such as Caprivac AERO-L (KKP RI. No. D 1206201 BKC) and Streptovac vaccine (KKP RI NO. D 1305224 BKC) (Maskur, 2013). The combination of two vaccines created from *Streptococcus agalactiae* dan *Aeromonas hydrophila* antigens has been developed to improve the efficiency and capability of

product against tilapia diseases (Sugiani *et al.*, 2012). Availability of vaccine products for tilapia is an essential factor not only to cope with disease outbreaks but also to improve the quality of tilapia production and replace the use of antibiotics in tilapia culture.

3. Trade and product development

The production of Indonesian tilapia is mostly distributed for the domestic market's needs. The supply chain of aquaculture trade including tilapia for the domestic market involved producers/farmers, collectors, retailers/wholesalers, and consumers. Tilapia products are distributed live and fresh from the producers through collectors as intermediate traders to wholesalers in several big cities. It is reported that the value chain mapping of tilapia for export destinations in Indonesia has four categories of operators including input suppliers, farmers, middlemen/collectors, and processors/exporters. In fact, the supply chain of tilapia for the domestic market was more flexible as the domestic consumers have many options to buy tilapia products from many providers (Figure 4).

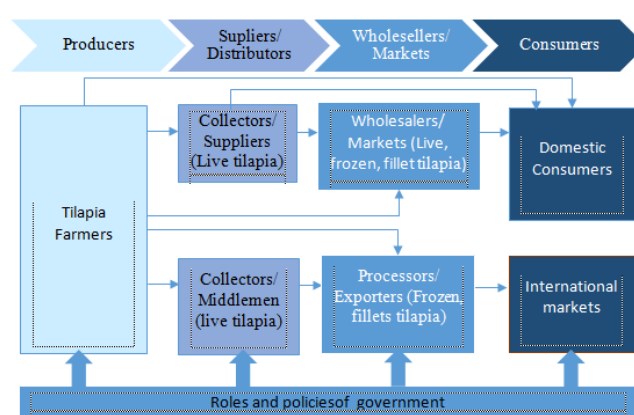


Figure 4. Supply chain mapping of the domestic and international market distribution of tilapia products in Indonesia.

The trend of total tilapia export from 2012 to 2018 shows in figure 5. The highest tilapia export occurred in 2014 (16.972 tonnes) and slightly decreased to 2017 (9179 tonnes) and then increased to 10.938 tonnes in 2018. The production of tilapia in 2018 with the value of USD 60.49 million was recorded that Indonesia was still the second-largest exporter of tilapia in the world after China. Indonesia mainly produced frozen and filleted tilapia for the international market which most tilapia is exported to the US market.

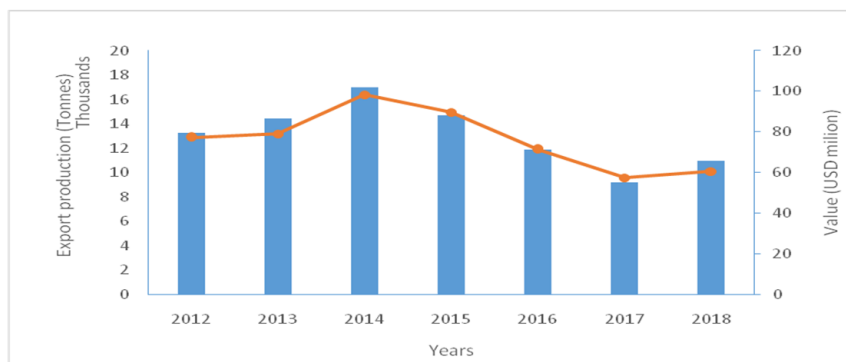


Figure 5. Value and quantity of tilapia products exported by Indonesia from 2012 to 2018.

4. Strategies and policy for development of tilapia farming

The appropriate strategy and policy developments need to consider further development of tilapia production for both short-term and long-term purposes related to farmer's welfare, business, and environmental sustainability. Thus, the spreading of superior tilapia strains and available technologies to the areas that are potential for tilapia development is essential to achieve targeted production. For the long-term planning, broodstock tilapia center can be considered to be established in potential regions. For the expansion of the tilapia farms, revitalization of "idel" ponds for tilapia farming is an another option. Super intensive culture can also be developed into high-scale and export-oriented products. In this case, the operational standard procedures in super-intensive aquaculture should be standardized and provided. The successful of tilapia industries need suitable areas for development related to technical and economical aspect equipped with regulation, infrastructure and market.

Further development should also be undertaken in parallel with aquatic biodiversity and genetic resources conservation. Concerning to environmental problems, the government have the implementation of the regulation released by the Minister of Marine Affairs and Fisheries (MMAF) of the Republic of Indonesia (No. Per. 03/Men/2010) regarding the procedures for implementing the protection status of fish species and the MMAF regulation (No. Per. 04/Men/2010) related to the procedures for exploitation of fish species and fish genetics.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors would like to appreciate the colleagues who did research on tilapia quoted in this manuscript: OZ Arifin, MHF Ath-Athar, Iskandariah, and VA Prakoso.

REFERENCES

- Arifin, O.Z., Nugroho, E. & Gustiano, R. (2007). Genetic variability of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) population in selection program based on RAPD. *Berita Biologi*, 8 (6), 465-471. <https://doi.org/10.14203/beritabiologi.v8i6.826>
- Ath-thar, M.H.F. & Gustiano, R. (2010). Riset pengembangan pra-budidaya ikan nila Best (*Oreochromis niloticus*) di media salintas. *Media Akuakultur*, 5 (1), 1-9. <http://dx.doi.org/10.15578/ma.5.1.2010.1-9>
- Avnimelech, Y. & Kochba, M. (2009). Evaluation of nitrogen uptake and excretion by tilapia in bio floc tanks, using ¹⁵N tracing. *Aquaculture*, 287 (1-2), 163-168. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.10.009>
- Brzesky, V.J. & Doyle, R.W. (1988). A morphometric criterion for sex discrimination in tilapia. In ICLARM Conference Proceedings (Philippines). ICLARM, Departement of Fisheries, 15, 439-444.
- Budhijanto, W., Darlianto, D., Pradana, Y.S. & Hartono, M. (2017). Application of micro bubble generator as low cost and high efficient aerator for sustainable fresh water fish farming. AIP Conference Proceedings 1840, 110008 (2017). <https://doi.org/10.1063/1.4982338>
- Costa-Pierce, B.A. & Hadikusumah, H.Y. (1990). Research on cage aquaculture systems in the Saguling Reservoir, West Java, Indonesia. *Reservoir fisheries and aquaculture development for resettlement in Indonesia*. Philippines: PLN-IOW-ICLARM, 112-217.

- Directorate General of Aquaculture (DGA). (2020). Strategic Plan 2020-2024. Indonesia, 95 P.
- Ebina, K., Shi, K., Hirao, M., Hashimoto, J., Kawato, Y., Kaneshiro, S., Morimoto, T., Koizumi, K. & Yoshikawa, H. (2013). Oxygen and air nanobubble water solution promote the growth of plants, fishes, and mice. *PLoS One*, 8(6), 1-7. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0065339>
- Ekasari, J., Zairin Jr, M., Putri, D.U., Sari, N.P., Surawidjaja, E.H. & Bossier, P. (2015). Biofloc-based reproductive performance of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* L. broodstock. *Aquaculture Research*, 46 (2), 509-512. <https://doi.org/10.1111/are.12185>
- El-Sayed, A. F. (2019). Tilapia culture. 2nd ed. Academic Press. 346 P.
- Emerenciano, M.G.C., Martínez-Córdova, L.R., Martínez-Porchas, M. & Miranda-Baeza, A. (2017). Biofloc technology (BFT): a tool for water quality management in aquaculture. *Water quality*, 5, 92-109. <https://doi.org/10.5772/66416>
- Endo, A., Srithongouthai, S., Nashiki, H., Teshiba, I., Iwasaki, T., Hama, D. & Tsutsumi, H. (2008). DO-increasing effects of a microscopic bubble generating system in a fish farm. *Marine pollution bulletin*, 57 (1-5), 78-85. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2007.10.014>
- FAO. (2020). The state of world fisheries and aquaculture. The United Nation. Food and Agricultural Organization. Rome, Italy, 244 P.
- Firman, S.W., Nirmala, K., Supriyono, E. & Rochman, N.T. (2019). Performance evaluation of micro bubble generator on physiological response of Nile tilapia *Oreochromis niloticus* (Linnaeus, 1758) farmed at different densities in recirculating aquaculture system. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 19 (3), 425-436. <https://doi.org/10.32491/jii.v19i3.504>
- Fitzsimmons, K., Martinez-Garcia, R. & Gonzalez-Alanis, P. (2011). Why tilapia is becoming the most important food fish on the planet. *Better science, better fish, better life*. Proceedings Of The Ninth International Symposium On Tilapia In Aquaculture. Shanghai, China. 8 P.
- Fitzsimmons, K. (2013). Latest trends in tilapia production and worldwide. Presentation in Rio de Janeiro, Brazil. 61 P.
- Gjedrem, T., Gjoen, H.M., Hardjamulia, A., Widiaty, A., Gustiano, R., Kristanto, A.H., Emmawati, L. & Hadie, W. (1997). Breeding plan for Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in Indonesia: individual selection. INGA, ICLARM report. 4, 11 P.
- Gustiano, R., Widiyati, A. & Suryanti, Y. (2005). Evaluasi pertumbuhan populasi nila (*Oreochromis niloticus*) di dua lokasi penelitian berbeda. *Aquaculture Indonesiana*, 6, 79-84.
- Gustiano, R. (2007). Perbaikan mutu genetik ikan nila. Symposium Badan Riset Kelautan dan Perikanan. 7 P.
- Gustiano, R., Arifin, O. Z. & Nugroho, E. (2008). Growth improvement of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) based on family selection. *Media Akuakultur*, 3(2), 98-106. <http://dx.doi.org/10.15578/ma.3.2.2008.98-106>
- Gustiano, R. & Arifin, O.Z. (2010). Menjaring laba dari budidaya ikan nila best. Indonesia: IPB Press Bogor. 92 P.

- Gustiano, R., Kusmini, I.I., Iskandariah, I., Arifin, O.Z., Huwoyon, G.H. & Ath-thar, M.H.F. (2016). Heritability, response selection and genotype using RAPD on F3 of Nile tilapia. *Jurnal Riset Akuakultur*, 8 (3), 347-354. <http://dx.doi.org/10.15578/jra.8.3.2013.347-354>
- Hardjamulia, A. & Wardoyo, S.E. (1992). The role of tilapia in capture and culture enhanced fisheries in Indonesia. *FAO Fisheries Report*, (458 Supplement), 162-174.
- Huwoyon, G.H. & Gustiano, R. (2008). Uji keragaan ikan nila dan hitam dalam pemeliharaan bersama di kolam. Jakarta: *Pusat Riset Perikanan Budidaya*, 225-228.
- Jainontee, K., Norarat, R., Boonchuay, S., Thongdon-a, R., Unsing, A., Booncharoen, P., Janwong, W. & Wesanarat, P. (2019). Preliminary study of the effects of air fine (micro/nano) bubbles (FB) on the growth rate of tilapia in Phan District, Chiang Rai, Thailand. *International Journal of Plasma Environmental Science & Technology*, 12 (2), 84-88.
- Jangkaru, Z., Sulhi, M. & Asih, S. (1992). Uji banding pertumbuhan ikan nila merah jantan dan hitam jantan dipelihara dalam kolam secara intensif. In *Prosiding Seminar Hasil Penelitian Perikanan Air Tawar*, 1992, 68-72.
- Kapuscinski, A.R. & Jacobson, L.D. (1987). Genetic guidelines for fisheries management (No. 17). Duluth, Minnesota: Minnesota Sea Grant, University of Minnesota. 66 P.
- Kusdiarti, K., Widiyati, A., Winarlin, W. & Gustiano, R. (2008). Growth of selected and non selected *Oreochromis Niloticus* in floating net cages in Grata Reservoir and Lido Lake. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 8 (1), 21-24. <https://doi.org/10.32491/jii.v8i1.283>
- Matricia, T., Talbot, A.J. & Doyle, R.W. (1989). Instantaneous growth rate of tilapia genotypes in undisturbed aquaculture systems. I. "Red" and "Grey" morphs in Indonesia. *Aquaculture*, 77, 295-302. [https://doi.org/10.1016/0044-8486\(89\)90214-7](https://doi.org/10.1016/0044-8486(89)90214-7)
- Mahardhika, P., Soelistyowati, D.T., Gustiano, R. & Ath-thar, M.H.F. (2011). Performance of four intraspecific hybridization of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in experimental floating net cages in Lake Lido, Bogor. *Berita Biologi*, 10 (4), 533-540. <https://doi.org/10.14203/beritabiologi.v10i4.771>
- Maskur. (2013). Indonesian Country Report on Emergency Aquatic Animal Diseases Response. OIE Regional workshop on Emergency Aquatic Animal Diseases Response Collaboration with NACA, Bali, Indonesia.
- MMAF. (2020). Indonesian marine and fisheries statistic. Jakarta, Indonesia. <https://statistik.kkp.go.id/home.php?m=eksim&i=211>
- Naim, S. & Desyana, C. (2011). Stocking tilapia in shrimp reservoir: Field trial in Aceh, Indonesia. In *Better science, better fish, better life. Proceedings of the Ninth International Symposium on Tilapia in Aquaculture, Shanghai, China, 22-24 April 2011*. AQUAFISH Collaborative Research Support Program, 383-385.
- PPIINN. (2002). Standar prosedur operasional pemuliaan (genetic improvement) ikan nila. Balai Budidaya Air Tawar Sukabumi, DJPB, DKP.

- Pratiwi, E., Wardoyo, S.E., Suhenda, N. & Iriana, I. (2017). Utilization of common carp uneaten feed by Nile tilapia in environmentally-sound floating double-net cage culture. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 4 (2), 41-48. <http://dx.doi.org/10.15578/jppi.4.2.1998.41-48>
- Schuster, WH. (1950). Comment on importation and transplantation of different species of fish into Indonesia. INA: Kantor Pertjetakan Archipel. 31 P.
- Sugiani, D., Sukenda, S., Harris, E. & Lusiastuti, A.M. (2012). Haemato responses and histopathology of tilapia (*Oreochromis niloticus*) to co-infection *Streptococcus agalactiae* and *Aeromonas hydrophila*. *Jurnal Riset Akuakultur*, 7 (1), 85-91. <http://dx.doi.org/10.15578/jra.7.1.2012.85-91>
- Sumantadinata, K. & Subardja, D. (1979). Hybridization of Nile tilapia (*Tilapia nilotica*) with Java tilapia (*Tilapia mossambica* Peters). Indonesian: Lembaga Penelitian Perikanan Darat Pewarta, 2, 31-34.
- Supriyadi, H. & Gardenia, L. (2010). Streptococcosis pada ikan nila budidaya di Danau Maninjau. Indonesia: Prosiding FITA. 905-910 P.
- Suseno, D. (1983). Pertumbuhan penelitian pertumbuhan ikan mujair (*Tilapia mosambica*) dan nila (*Tilapia nilotica*). Buletin Penelitian Perikanan Darat, 4, 27-34.
- Tave, D. (1993). Genetics for fish managers. NY, USA: The AVI Publ. Comp. Inc. 418 P.
- Winarlin. & Gustiano, R. (2007). Pertumbuhan nila (*Oreochromis niloticus*) jantan di lingkungan danau dan kolam. *Sainteks*, 14, 210-214.
- Winarlin., Gustiani, R. & Kristanto, A.H. (2008). Uji Banding pertumbuhan biomassa ikan nila (*Oreochromis niloticus*) seleksi dan non seleksi di kolam dan danau. Jakarta: *Pusat Riset Perikanan Budidaya*, 21-2.
- Yunus, M., Rusmaedi. & Widiyati, A. (1987). Budidaya ikan nila hibrida. Buletin Penelitian Perikanan Darat, 6, 27-31.