

EVALUASI FENOTIPE DAN PENDUGAAN PARAMETER GENETIK JAGUNG SEMI PADA DUA GENERASI *SELFING* DAN *SIBBING*

Phenotype Evaluation and Estimation of Genetic Parameter of Baby Corn From Two Generation Selfing and Sibbing

Nailan Nabila^{1)*}, Yudiwanti Wahyu²⁾

¹Jurusan Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Pembangunan Nasional "Veteran" Yogyakarta

²Departement Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor

Diterima redaksi: 09 Maret 2023/ Direvisi: 08 Mei 2023/ Disetujui: 23 Mei 2023/

Diterbitkan online: 12 Juni 2023

DOI: 10.21111/agrotech.v9i1.9620

Abstrak. Jagung semi banyak dikonsumsi oleh masyarakat, namun varietas jagung khusus jagung semi masih belum tersedia di Indonesia. Penelitian bertujuan untuk mengevaluasi fenotipe, pendugaan parameter genetik dua generasi *selfing* dan *sibbing*, dan mengidentifikasi genotipe untuk dikembangkan sebagai varietas jagung semi. Penelitian menggunakan Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLT) dengan 3 ulangan. Bahan genetik yang digunakan terdiri dari 19 genotipe, yaitu 4 genotipe S_0 , 4 genotipe HS_1 , 3 genotipe HS_2 , 4 genotipe S_1 dan 4 genotipe S_2 . Progenitor (S_0) berupa varietas jagung manis Laksmi, Golden, Hawaii, dan Baruna. Karakter jagung semi dari dua generasi *sibbing* lebih vigor dibandingkan *selfing*. Keturunan HS_2 dan S_2 memiliki persentase tongkol layak pasar kelas A yang lebih tinggi dibandingkan generasi pertama. Dua generasi *sibbing* dan *selfing* meningkatkan keragaman genetik dan nilai duga heritabilitas arti luas. Keturunan HS_2 memiliki keragaan fenotipe lebih baik dibandingkan S_2 dan persentase tongkol layak pasar kelas A lebih tinggi dibandingkan S_0 dan HS_1 , nilai heritabilitas arti luas tertinggi pada jumlah tongkol per tanaman. Genotipe HS_2 dapat dipertimbangkan dalam pengembangan varietas jagung semi bersari bebas.

Kata Kunci: Genotipe, heritabilitas, jagung semi, progenitor, *sibbing*,

Abstract. Baby corn is consumed widely in Indonesia, but special corn varieties for baby corn production are not available until now. The objectives of this study were to evaluate phenotypes, estimate the genetic parameters from two generations of *selfing* and *sibbing*, and identify the genotypes to develop as baby corn variety. This study was conducted using a completely randomized block design with three replications. Genetic materials used consist of 19 genotypes. They were four genotypes S_0 , HS_1 , S_1 , S_2 and three genotypes of HS_2 . Progenitors (S_0) were Laksmi, Golden, Hawaii, and Baruna belonging sweet corn type. Baby corn's phenotypes from two generations *sibbing* were more vigor than *selfing*. Families of HS_2 dan S_2 have a higher percentage of class A marketable cobs than generations before. Two generations *sibbing* and *selfing* increased genetic variances and broad-sense heritability. Families of HS_2 had better phenotypic performance than S_2 , the percentage of class A marketable cobs was higher than S_0 and HS_1 , number of cobs per plant was the highest broad-sense heritability estimation. HS_2 families were considered to develop as open-pollinated baby corn varieties.

Keywords: Baby corn, genotype, heritability, progenitor, *sibbing*.

* Korespondensi email: nailan.nabila@upnyk.ac.id

Alamat : Jl. Ring Road Utara No 104, Ngropoh, Condongcatur, Kec. Depok, Kab. Sleman, DIY 55283

PENDAHULUAN

Dalam rangka diversifikasi dan peningkatan nilai tambah, tanaman jagung banyak ditanam untuk tujuan sayuran yaitu sebagai jagung semi. Di Indonesia, jagung semi banyak dikonsumsi masyarakat, namun produksi per tanaman dan kualitas tongkol masih memerlukan perbaikan. Tanaman jagung yang dipanen sebagai jagung semi biasanya menggunakan varietas jagung pipil atau jagung manis. Menurut Rani *et al.* (2017), tidak terdapat perbedaan pada rasa jagung semi diantara keduanya karena tongkol dipanen sebelum gula terakumulasi pada kernel. Penggunaan jagung manis pada produksi jagung semi menjadi pilihan petani karena memiliki umur panen yang lebih cepat dibandingkan jagung pipil. Di India, varietas jagung semi inbrida maupun hibrida yang dihasilkan oleh sektor publik dan swasta masih terbatas (Archana *et al.*, 2021). Di Indonesia belum ada varietas tanaman jagung yang telah dilepas untuk tujuan khusus jagung semi

Produksi jagung semi dapat diprediksi menggunakan pendekatan jumlah tongkol per tanaman, sedangkan kualitas tongkol melalui pendekatan dari ukuran tongkol dan karapian bakal biji. Karakter produksi, panjang tongkol, dan bobot tongkol pada jagung semi memiliki nilai koefisien keragaman genotipe dan fenotipe serta nilai heritabilitas arti luas yang sedang hingga tinggi (Kirti *et al.*, 2022). Penemuan yang sama juga dilaporkan oleh Nascimento *et al.* (2018), Variabel produksi jagung semi seperti jumlah tongkol layak pasar, panjang tongkol dan tinggi tanaman memiliki nilai heritabilitas lebih dari 80% dan nilai indeks keragaman yang tinggi, menunjukkan bahwa ada kemungkinan yang lebih besar untuk mendapatkan genotipe superior dan kemajuan seleksi yang tinggi pada populasi tersebut.

Karakter prolifrik (jumlah tongkol per tanaman lebih dari satu) pada tanaman

jagung dari segi fenotipe maupun genetik menjadi salah satu penentu tingkat produksi ketika dipanen sebagai jagung semi. Komponen hasil pada jagung prolifrik lebih dikendalikan oleh aksi gen non aditif (Efendi *et al.*, 2021). Karakter jumlah tongkol per tanaman memiliki varian aditif yang lebih tinggi dibandingkan dominannya (Al-Naggar *et al.*, 2016), sehingga akumulasinya dapat dilakukan melalui *inbreeding*. Pembentukan populasi *inbreeding* dapat dilakukan melalui *selfing* dan *sibbing*. *Selfing* berperan dalam memelihara galur-galur inbred agar tetap homozigot, sedangkan *sib-mating* untuk mengendalikan kehilangan vigor tanaman yang sangat drastis (Chauhan *et al.*, 2022). *Sibbing* mengalami *inbreeding depression* lebih ringan sehingga diperoleh tanaman yang lebih vigor dengan kualitas tongkol jagung semi yang lebih bagus (Porcher & Lande, 2016).

Pada evaluasi generasi pertama, diperoleh hasil bahwa jumlah tongkol layak pasar kelas A pada populasi *selfing* lebih tinggi dibandingkan progenitor dan populasi *half-sib* (Nabila *et al.*, 2022). Percobaan ini bertujuan untuk mengevaluasi fenotipe jagung semi, pendugaan nilai parameter genetik dua generasi *selfing* dan *sibbing* pada tipe jagung manis untuk produksi jagung semi, dan mengidentifikasi genotipe yang bisa dikembangkan sebagai varietas jagung semi.

METODE PENELITIAN

Bahan Genetik

Bahan genetik yang digunakan pada percobaan ini terdiri dari 19 genotipe terdiri dari empat progenitor (S_0), empat keturunan *sibbing* generasi pertama (HS_1), tiga keturunan *sibbing* generasi kedua (HS_2), empat keturunan *selfing* generasi pertama (S_1) dan empat keturunan *selfing* generasi kedua (S_2). Progenitor terdiri dari varietas jagung manis Laksmi, Golden, Hawaii, Baruna. Keturunan HS_2 dari progenitor

Evaluasi Fenotipe dan Pendugaan Parameter Genetik Jagung Semi pada Dua Generasi *Selfing* dan *Sibbing*

Hawaii tidak dievaluasi karena sebagian besar tanaman terserang penyakit bulai.

Metode Penelitian

Setiap genotipe ditanam dalam satu baris tunggal dengan jarak tanam 0.75 m x 0.25 m. Penanaman dan pemeliharaan jagung semi menggunakan teknik budidaya yang biasa digunakan pada tanaman jagung.

Peubah yang diamati terdiri dari umur tasseling (hari setelah tanam (HST)), tinggi tanaman (cm), jumlah buku (buku), jumlah tongkol per tanaman, bobot tongkol (g), panjang tongkol (cm), dan diameter tongkol (mm). Tongkol jagung semi layak pasar yang sudah dipanen dilakukan pengkelasan berdasarkan standar CODEX. Pengkelasan jagung semi berdasarkan standar CODEX dikelompokkan menjadi tiga kelas, yaitu kelas A, kelas B, dan kelas C. Jagung semi yang termasuk dalam kelas A memiliki ukuran panjang tongkol 5-7 cm, kelas B memiliki panjang tongkol 7-9 cm, dan kelas C memiliki ukuran panjang tongkol 9-12 cm. Pada semua kelas, tongkol jagung semi memiliki diameter 10-20 mm, bakal biji teratur, berujung runcing, dan bebas dari kerusakan hama dan penyakit (FAO, 2007).

Analisis Data

Percobaan dilakukan menggunakan rancangan kelompok lengkap teracak (RKLK) dengan 3 ulangan. Model linier yang digunakan yaitu:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

Keterangan:

- Y_{ij} = pengamatan pada genotipe ke-i dan ulangan ke-j,
- α_i = pengaruh genotipe ke-i;
- β_j = pengaruh ulangan ke-j,
- ϵ_{ij} = galat umum.

Karakter yang berbeda nyata pada $\alpha = 0.05$ dilakukan uji lanjut kontras orthogonal menggunakan SAS 9.0.

Persentase *inbreeding depression* dirumuskan sebagai berikut:

$$ID_{HS_n} = \left(\frac{\bar{S}_0 - \overline{HS_n}}{\bar{S}_0} \right) \times 100; ID_{S_n} = \left(\frac{\bar{S}_0 - \bar{S}_n}{\bar{S}_0} \right) \times 100.$$

Pendugaan komponen ragam diduga menggunakan pendekatan sidik ragam dari rancangan RKLK seperti yang dikemukakan dalam (Syukur *et al.*, 2018).

Tabel 1. Sidik ragam dan harapan kuadrat tengah percobaan

Sumber keragaman	Derajat bebas	Kuadrat tengah	Nilai harapan
Ulangan	(r-1)		
Galur	(g-1)	M_2	$\sigma^2 + r\sigma^2g$
Galat	(r-1)(g-1)	M_1	σ^2

Berdasarkan kuadrat tengah dan nilai harapan pada Tabel 1 dapat diduga nilai komponen ragam sebagai berikut (Syukur *et al.*, 2018);

$$\begin{aligned} \sigma^2e &= M_1 \\ \sigma^2g &= \frac{(M_2 - M_1)}{r} \\ \sigma^2p &= \sigma^2g + \sigma^2e \end{aligned}$$

Keterangan :

- r : banyaknya ulangan pada percobaan
- g : banyaknya galur yang digunakan pada percobaan
- σ^2e : nilai ragam lingkungan
- σ^2g : nilai ragam genotipe
- σ^2p : nilai ragam fenotipe

Koefisien keragaman genetik menggambarkan tinggi rendahnya keragaman genetik suatu karakter pada populasi, dengan model yang digunakan yaitu:

$$KKG = \frac{\sqrt{\sigma^2g}}{x} \times 100\%$$

Keterangan :

- KKG : Koefisien keragaman genetik
- x : nilai tengah populasi.

Kriteria nilai KKG yaitu rendah 0–10, sedang 10–20, dan tinggi >20.

Nilai duga heritabilitas arti luas dihitung dengan menggunakan rumus sebagai berikut:

$$h^2_{bs} = \frac{\sigma^2g}{(\sigma^2g + \sigma^2e)}$$

Keterangan :

- h^2_{bs} : heritabilitas arti luas
- σ^2g : nilai ragam genetik
- σ^2e : nilai ragam lingkungan.

Kriteria nilai heritabilitas dikelompokkan menjadi tiga kategori yaitu kategori tinggi ($h^2 > 0.5$), kategori sedang ($0,2 \leq h^2 \leq 0.5$), dan kategori rendah ($h^2 < 0.2$).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaan tanaman dan tongkol jagung semi

Berdasarkan analisis ragam, terdapat perbedaan diantara genotipe yang diuji pada karakter jagung semi. Hasil uji lanjut kontras orthogonal menunjukkan bahwa keturunan S_2 merupakan populasi yang memiliki karakter jagung semi yang berbeda nyata dengan kelompok progenitor paling banyak (Tabel 2).

Tabel 2. Analisis ragam dan uji kontras orthogonal karakter jagung semi

Karak- Ter	Kuadrat tengah	Selisih nilai tengah									
		S_0 vs HS ₁	S_0 vs HS ₂	S_0 vs S ₁	S_0 vs S ₂	HS ₁ vs HS ₂	S ₁ vs S ₂	HS ₁ vs S ₁	HS ₁ vs S ₂	HS ₂ vs S ₁	HS ₂ vs S ₂
UT	14,29**	-1,25	-1,74	-2,79**	-2,21*	-0,49	0,58	-1,54	-0,96	-1,06	-0,47
TT	1521,14**	-8,13	-9,76	2,68	4,39	-1,62	1,71	10,81*	12,52**	12,43	14,14
JT	0,36**	-0,50*	0,28	0,14	1,97*	0,78*	1,83	0,64**	2,46**	-0,14	1,69
DT	6,50**	-1,84	0,20	0,01	0,13**	2,04	0,12*	1,85	1,97**	-0,19	-0,07
BT	6,21**	0,25	5,06	0,12	9,76**	4,81	9,65	-0,13	9,51**	-4,94	4,71**
PT	2,13**	0,84	1,76	-0,64**	1,48**	0,91	2,12	-1,49**	0,63**	-2,40*	-0,28**
DT	3,04*	-0,49	0,88	-0,05	1,31	1,38	1,36	0,45	1,80	-0,93	0,43

Ket: UT: umur tasseling (HST); TT: tinggi tanaman (cm); JT: jumlah tongkol; DT: diameter tanaman (mm); BT: bobot tongkol tanpa kelobot (g); PTTK: panjang tongkol tanpa kelobot (cm); DTTK: diameter tongkol tanpa kelobot (mm). **: berbeda nyata pada taraf 1% ; *: berbeda nyata pada taraf 5% berdasarkan kontras orthogonal.

Pada keturunan HS₁, sebagian besar karakter jagung semi tidak mengalami penurunan nilai tengah, sedangkan keturunan HS₂, S₁, dan S₂ sebagian besar karakter jagung semi memiliki nilai tengah yang lebih rendah dibandingkan dengan progenitor (Tabel 2). Perubahan nilai tengah tersebut menjadi salah satu penanda adanya *inbreeding* pada karakter kuantitatif. Sebagian besar karakter jagung semi dari keturunan HS₁ pada penelitian ini tidak mengalami penurunan nilai tengah menunjukkan bahwa pada populasi

tersebut dampak dari perkawinan dengan karabat belum terekspresi dalam fenotipe tanaman. Persilangan *half-sib* memiliki adaptasi genetik yang lebih menguntungkan pada populasi *inbreeding*. Terdapat dua keuntungan dari persilangan *half-sib*, yaitu penurunan heterozigositas yang rendah dan resiko kepunahan populasi (Theodorou & Couvet, 2015). Derajat *inbreeding* dari yang paling besar yaitu *selfing*, *sib mating* kemudian varietas bersari bebas. Diantara semua generasi *inbreeding* tersebut, *inbreeding depression*

Evaluasi Fenotipe dan Pendugaan Parameter Genetik Jagung Semi pada Dua Generasi *Selfing* dan *Sibbing*

yang paling tinggi terjadi pada generasi pertama ke kedua, dilanjutkan generasi kedua ke ketiga, dan generasi ketiga ke keempat (Priya *et al.*, 2019). Penggunaan model *inbreeding* dan parameter non-aditif

yang dilanjutkan dengan pendekatan interaksi orthogonal alami dapat meningkatkan akurasi ketepatan prediksi pada populasi campuran (Roth *et al.*, 2022).

Tabel 3. Nilai tengah dan standar deviasi karakter jagung semi

Karakter	Nilai tengah ± standar deviasi				
	S ₀	HS ₁	HS ₂	S ₁	S ₂
UT	56,55±2,37	58,00±0,44	58,44±2,99	59,50±1,50	59,18±3,13
TT	149,41±42,27	158,68±12,09	153,53±13,35	141,80±18,43	131,77±23,05
JT	2,48±0,28	2,75±0,20	2,38±0,50	2,38±0,37	2,23±0,37
DT	15,09±1,77	15,61±1,07	14,75±0,92	14,89±1,30	12,98±1,38
BT	6,86±2,80	6,96±1,00	6,44±0,72	5,97±2,14	5,09±1,07
PT	7,58±0,68	7,61±1,00	7,16±0,29	6,59±1,01	6,37±0,56
DT	14,02±0,91	14,02±0,41	13,76±0,16	13,55±1,77	13,28±1,22

Ket: UT: umur tasseling (HST); TT: tinggi tanaman (cm); JT: jumlah tongkol; DT: diameter tanaman (mm); BT: bobot tongkol tanpa kelobot (g); PTTK: panjang tongkol tanpa kelobot (cm); DTTK: diameter tongkol tanpa kelobot (mm).

Adanya penurunan nilai tengah dari karakter jagung semi merupakan dampak *inbreeding* yang ada dalam populasi. Penurunan nilai tengah pada keturunan *selfing* lebih besar dibandingkan keturunan *sibbing* (Tabel 3). Perhitungan nilai persentase ID (%ID) juga menunjukkan hasil yang serupa yaitu %ID karakter jagung semi pada populasi *selfing* lebih tinggi dibandingkan dengan *sibbing* (Tabel 4). Beberapa karakter tidak mengalami penurunan nilai tengah, kemungkinan dipengaruhi oleh seleksi dan faktor genetik yang mengendalikan keragaman dari karakter tersebut pada saat pembentukan populasi.

Informasi terkait *inbreeding* pada karakter tanaman dapat diterapkan pada tahapan seleksi untuk memilih tanaman dengan keragaman agronomi baik yang akan digunakan sebagai *inbred* ataupun tetua persilangan (de Freitas *et al.*, 2016). Pada karakter yang memiliki ID rendah dan keragaman yang luas maka pada proses

seleksi dapat memilih keturunan yang memiliki nilai tengah karakter yang tinggi sehingga dampak negatif dari *inbreeding* dapat diabaikan (Oliveira *et al.*, 2015). Adanya fenomena *inbreeding depression* pada beberapa karakter tanaman jagung dapat dijadikan sebagai bahan pertimbangan dalam tahapan seleksi (Cascao *et al.*, 2022). *Inbreeding depression* pada karakter produksi dan karakter kuantitatif tanaman jagung yang terkait dengan produksi pada keturunan *selfing* mengakibatkan hilangnya vigor tanaman yang terbesar, sedangkan metode *full sibbing* menjadi metode yang paling stabil dalam mempertahankan vigor tanaman (Gayatonde *et al.*, 2021). Keturunan galur murni menunjukkan adanya *inbreeding depression* yang sangat ekstrim, sehingga untuk memelihara galur-galurnya dapat dilakukan melalui *sib-mating* atau kombinasi *selfing* dan *sib-mating* (Chauhan *et al.*, 2022).

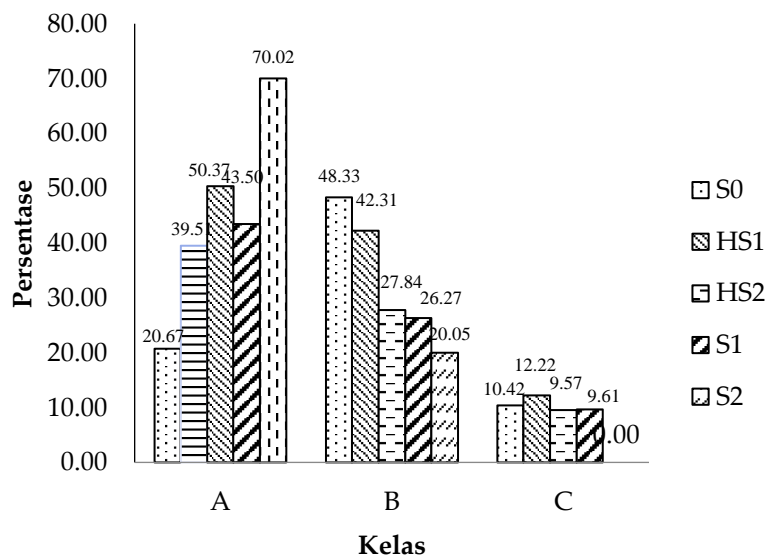
Tabel 4. Persentase *inbreeding depression* karakter jagung semi

Karakter	%ID			
	HS ₁	HS ₂	S ₁	S ₂
TT	-10,35	-4,06	1,95	6,94
JT	-12,05	6,05	3,49	10,60
DT	-3,30	5,06	0,95	13,09
BTTK	-1,94	12,84	12,80	26,69
PTTK	-1,97	7,62	12,61	16,44
DTTK	0,14	3,52	3,16	4,76

Ket: TT: tinggi tanaman (cm); JT: jumlah tongkol; DT: diameter tanaman (mm); BT: bobot tongkol tanpa kelobot (g); PTTK: panjang tongkol tanpa kelobot (cm); DTTK: diameter tongkol tanpa kelobot (mm).

Sistem *inbreeding* melalui *sibbing* dan *selfing* selama dua generasi mampu meningkatkan Dari segi kualitas tongkol jagung semi. Berdasarkan standar CODEX, persentase tongkol layak pasar dari progenitor adalah 79,42%, keturunan HS₁ sebesar 94,05%, keturunan HS₂ sebesar

87,78%, keturunan S₁ sebesar 80,07%, dan keturunan S₂ sebesar 90,07% (Gambar 1). Hal ini menunjukkan bahwa melalui sistem *inbreeding* melalui *sibbing* dan *selfing* mampu meningkatkan tongkol layak pasar jagung semi.



Gambar 1. Pengkelasan tongkol layak pasar jagung semi berdasarkan standar CODEX pada tipe jagung manis

Pendugaan parameter genetik jagung semi

Keragaman pada karakter panjang tongkol dengan kelobot pada dua generasi *inbreeding* melalui *sibbing* maupun *selfing* lebih dipengaruhi oleh

faktor genetik, sedangkan pada populasi progenitornya lebih dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Tabel 5). Seleksi menggunakan karakter tersebut akan memberikan peluang kemajuan genetik yang besar. Dalam program pemuliaan tanaman, adanya keragaman sangat penting karena seleksi akan lebih efektif ketika populasi pemuliaan memiliki keragaman yang cukup dan akan diperoleh

Evaluasi Fenotipe dan Pendugaan Parameter Genetik Jagung Semi pada Dua Generasi *Selfing* dan *Sibbing*

kemajuan yang signifikan. Diantara faktor-faktor yang bisa mempengaruhi keragaman dalam populasi, hanya ragam genetik yang diwariskan dari satu generasi ke generasi selanjutnya (Ahsan *et al.*, 2015). Ragam genetik akan meningkat seiring dengan meningkatnya *inbreeding* (Oliveira *et al.*, 2015).

Karakter dengan KKG tinggi dan ragam genetik lebih besar dibandingkan ragam lingkungan, menunjukkan bahwa keragaman genetik yang tinggi pada karakter tersebut kemungkinan mewarisnya lebih tinggi (Tabel 5). Pada karakter yang mengalami peningkatan keragaman genetik akibat *inbreeding* maka

seleksi lebih efektif dilakukan pada generasi kedua, sedangkan karakter yang mengalami penurunan keragaman genetik akibat *inbreeding*, maka seleksi efektif dilakukan pada generasi pertama. Secara umum nilai koefisien keragaman genetik dari keturunan *selfing* lebih tinggi dibandingkan keturunan *sibbing*. Hal ini menunjukkan bahwa metode seleksi keturunan S_1 lebih efektif dalam mengurai keragaman yang tersembunyi dibandingkan *sibbing*. Kirti *et al.*, (2022) melaporkan bahwa karakter jagung semi memiliki nilai duga koefisien keragaman genetik dan fenotip dari menengah hingga tinggi.

Tabel 5. Parameter Ragam Lingkungan, Ragam Genetik, dan Koefisien Keragaman Genetik Karakter Jagung Semi pada Dua Generasi Keturunan *Selfing* dan *Sibbing*

Karakter	σ^2e	σ^2g					KKG				
		S_0	HS_1	HS_2	S_1	S_2	S_0	HS_1	HS_2	S_1	S_2
UT	4,23	3,80	0,00 [#]	7,52	0,85	7,36	3,34	0,00 [#]	4,70	1,58	4,65
TT	203,27	1381,66	66,19	110,33	271,92	347,19	25,34	5,55	7,16	11,24	12,70
JB	0,35	2,76	0,32	0,00 [#]	1,05	0,63	15,48	5,28	0,00 [#]	9,55	7,41
JT	0,09	0,04	0,01	0,22	0,11	0,10	8,25	4,22	19,10	13,59	12,88
BT	1,94	1,88	0,34	0,00 [#]	3,95	0,40	21,93	9,39	0,00 [#]	31,77	10,18
PT	0,43	0,30	0,76	0,00 [#]	0,88	0,11	7,82	12,39	0,00 [#]	13,30	4,74
DT	1,27	0,39	0,00 [#]	0,00 [#]	2,71	1,05	4,53	0,00 [#]	0,00 [#]	11,99	7,48

Ket: UT: umur tasseling (HST); TT: tinggi tanaman (cm); JT: jumlah tongkol; DT: diameter tanaman (mm); BT: bobot tongkol tanpa kelobot (g); PTTK: panjang tongkol tanpa kelobot (cm); DTTK: diameter tongkol tanpa kelobot (mm). #: nilai negatif pada ragam

Karakter yang memiliki nilai heritabilitas arti luas tertinggi pada populasi S_0 yaitu jumlah buku sebesar 88,63%, karakter panjang tongkol pada keturunan HS_1 sebesar 64,14%, karakter jumlah tongkol pada keturunan HS_2 sebesar 71,89%, karakter jumlah buku pada keturunan S_1 dan S_2 sebesar 74,77% dan 64,09% (Tabel 6). Karakter jagung semi yang memiliki nilai heritabilitas arti luas tinggi juga dilaporkan oleh Rathod *et al.*, (2021) pada karakter produksi, tinggi tanaman, jumlah buku. Hal serupa juga dilaporkan

oleh Begum *et al.* (2018), bahwa nilai karakter tinggi tanaman, jumlah tongkol per tanaman, panjang tongkol, dan diameter tongkol memiliki heritabilitas yang tinggi. Karakter dengan nilai duga heritabilitas tinggi menunjukkan keragaan karakter sebagian besar dikendalikan oleh faktor genetik dan respon seleksinya dapat diperkirakan dengan baik karena bersifat mewaris. Heritabilitas sedang hingga tinggi yang diikuti dengan adanya kemajuan genetik menunjukkan adanya peran gen aditif sehingga pewarisan dari satu generasi

ke generasi selanjutnya lebih cepat terbentuk (Islam Matin *et al.*, 2017). Karakter dengan heritabilitas kemajuan genetik tinggi akan meningkatkan keefektifan seleksi pada tanaman jagung (Samudin *et al.*, 2021). Nilai duga heritabilitas maksimum ketika ragam genetik total dan ragam aditif menacapai nilai paling tinggi

atau frekuensi dari alel yang tidak sama mencapai maksimum (Nietlisbach *et al.*, 2016). Nilai duga heritabilitas akan meningkat dari generasi ke generasi hingga mencapai titik maksimum pada F3 ke F4 lalu akan menurun seiring dengan bertambahnya generasi (Sutaryo, 2014).

Tabel 6. Nilai heritabilitas karakter jagung semi pada dua generasi keturunan *selfing* dan *sibbing*

Karakter	h ² _{bs}				
	S ₀	HS ₁	HS ₂	S ₁	S ₂
UT	47,31	0,00 [#]	63,97	16,70	63,50
TT	87,17	24,56	35,18	57,22	63,07
JB	88,63	47,58	0,00 [#]	74,77	64,09
JT	32,28	11,08	71,89	56,42	53,77
BT	49,23	15,10	0,00 [#]	67,06	17,28
PT	41,58	64,14	0,00 [#]	67,31	20,76
DT	23,36	0,00 [#]	0,00 [#]	68,16	45,43

Ket: UT: umur tasseling (HST); TT: tinggi tanaman (cm); JT: jumlah tongkol; DT: diameter tanaman (mm); BT: bobot tongkol tanpa kelobot (g); PTTK: panjang tongkol tanpa kelobot (cm); DTTK: diameter tongkol tanpa kelobot (mm). #: heritabilitas arti luas bernilai negatif

KESIMPULAN

1. Keturunan jagung semi dari dua generasi *sibbing* mengalami penurunan nilai tengah yang lebih rendah dibandingkan keturunan *selfing* pada karakter jagung semi. Keturunan *sibbing* dan *selfing* generasi kedua memiliki persentase tongkol layak pasar kelas A yang lebih tinggi dibandingkan generasi pertama dari masing-masing sistem *inbreeding* yang sama.
2. Sistem *inbreeding* melalui *sibbing* dan *selfing* selama dua generasi dapat meningkatkan keragaman genetik dan nilai duga heritabilitas arti luas. *Inbreeding* melalui *selfing* dapat memiliki keragaman genetik pada karakter jagung semi yang lebih besar dibandingkan *sibbing*.
3. Keturunan HS₂ memiliki keragaan agronomi yang lebih baik dibandingkan keturunan S₂ dan persentase tongkol layak

pasar kelas A yang lebih tinggi dibandingkan progenitor dan keturunan HS₁, nilai heritabilitas yang paling tinggi pada karakter jumlah tongkol per tanaman, sehingga genotipe - genotipe HS₂ dapat diarahkan untuk pengembangan varietas jagung semi bersari bebas.

DAFTAR PUSTAKA

Ahsan, M. Z., Majidano, M. S., Bhutto, H., Soomro, A. W., Panhwar, F. H., Channa, A. R., & Sial, K. B. (2015). Genetic variability, coefficient of variance, heritability and genetic advance of some *Gossypium hirsutum* L. accessions. *Journal of Agricultural Science*, 7(2), 147–151. <https://doi.org/10.5539/jas.v7n2p147>

Al-Naggar, A., Atta, M., Ahmed, M., & Younis, A. (2016). Genetic parameters controlling inheritance of agronomic

Evaluasi Fenotipe dan Pendugaan Parameter Genetik Jagung Semi pada Dua Generasi *Selfing* dan *Sibbing*

- and yield traits of maize (*Zea mays* L.) under elevated plant density. *Journal of Advances in Biology & Biotechnology*, 9(3), 1–19.
<https://doi.org/10.9734/jabb/2016/28413>
- Archana, K. A., Hosamani, J., Deshpande, S. K., Bhat, J. S., Kachapur, R. M., & Mummigatti, U. v. (2021). Identification of transgressive segregants among newly derived F₄ inbred maize lines (*Zea mays* L.) for baby corn characteristics. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 10(2), 404–411.
<https://www.phytojournal.com/archives/2021/vol10issue2/PartE/10-2-34-262.pdf>
- Begum, S., Alam, S., Amiruzzaman, M., & Rohman, M. (2018). Heritability, character relationship and path coefficient analysis in agronomic traits of baby corn over different environments. *Journal of Experimental Agriculture International*, 19(6), 1–10.
<https://doi.org/10.9734/jeai/2017/38529>
- Cascão, L. M., Santana, P. N. de, Costa, N. V., Crispim Filho, A. J., Resende, M. P. M., & Melo, P. G. S. (2022). Inbreeding depression and genetic variability of populations for green maize production. *Revista Ceres*, 69(6), 709–719.
<https://doi.org/10.1590/0034-737x202269060010>
- Chauhan, J. S., Choudhury, P. R., Singh, K. H., & Thakur, A. K. (2022). Recent trends in crop breeding, the varietal induction in seed chain and its impact on food grain production in India. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding (The)*, 82(03), 259–279.
<https://doi.org/10.31742/isgpb.82.3.1>
- de Freitas, J. P. X., da Silva Santos, V., & de Oliveira, E. J. (2016). Inbreeding depression in cassava for productive traits. *Euphytica*, 209(1), 137–145.
<https://doi.org/10.1007/s10681-016-1649-7>
- Efendi, R., Priyanto, S. B., & Azrai, M. (2021). Daya gabung dan aksi gen komponen hasil jagung profilik hasil tinggi menggunakan analisis line X tester. *Jurnal Agro*, 8(1), 113–129.
<https://doi.org/10.15575/9209>
- [FAO] Food and Agriculture Organization. (2007). *Codex Alimentarius: fresh fruits and vegetables*. FAO United Nation.
- Gayatonde, V., Shahi, J. P., Vennela, P. R., & Srivastava, K. (2021). Assessment of maintenance breeding methods in maize (*Zea mays* L.). *Maydica Electronic Publication*, 66(14), 1–18.
[https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)02489-8](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)02489-8)
- Islam Matin, M. Q., Uddin, Md. S., Rohman, Md. M., Amiruzzaman, M., Azad, A. K., & Banik, B. R. (2017). Genetic Variability and Path Analysis Studies in Hybrid Maize (&i>Zea mays</i> L.). *American Journal of Plant Sciences*, 08(12), 3101–3109.
<https://doi.org/10.4236/ajps.2017.812209>
- Kirti, S., Kumar, A., & Sharma, V. K. (2022). Evaluation of genetic variability and diversity for yield and yield attributing traits among inbred lines of baby corn. *The Pharma Innovation Journal*, 11(10), 499–504.
<https://www.thepharmajournal.com/archives/2022/vol11issue10/PartG/11-9-275-181.pdf>
- Nabila, N., Wahyu, Y., & Widodo, W. D. (2022). Determination of genetic parameters and inbreeding depression of half-sib and selfing families to developed as baby corn variety. In *Current Topics in Agricultural Sciences Vol. 6* (pp. 58–65). Book Publisher International (a part of Sciencedomain International).

- <https://doi.org/10.9734/bpi/ctas/v6/3525e>
- Nascimento, M. R., Santos, P. R., Coelho, F. C., Jaeggi, M. E. P. C., Costa, K. D. S., & Souza, M. N. (2018). Biometric analysis in maize genotypes suitable for baby corn production in organic farming system. *Horticultura Brasileira*, 36(3), 419–425. <https://doi.org/10.1590/s0102-053620180322>
- Nietlisbach, P., Keller, L. F., & Postma, E. (2016). Genetic variance components and heritability of multiallelic heterozygosity under inbreeding. *Heredity*, 116(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/hdy.2015.59>
- Oliveira, A. S., Miranda Filho, J. B., & Reis, E. F. (2015). Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. *Genetics and Molecular Research*, 14(1), 1184–1199. <https://doi.org/10.4238/2015.February.6.21>
- Porcher, E., & Lande, R. (2016). Inbreeding depression under mixed outcrossing, self-fertilization and sib-mating. *BMC Evolutionary Biology*, 16(105), 1–14. <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0668-2>
- Priya, P. B., Pradeep, T., Sumalini, K., Vishnu, D., Reddy, V., & Supriya, K. (2019). Effect of different mating systems on magnitude of inbreeding depression in maize. *The J. Res. PJTSAU*, 47(4), 9–20. <https://epubs.icar.org.in/index.php/TJRP/article/view/108407>
- Rani, R., Sheoran, R. K., Soni, P. G., Kaith, S., & Sharma, A. (2017). Baby corn: a wonderful vegetable. *International Journal of Science, Environment and Technology*, 6(2), 1407–1412. <https://www.ijset.net/journal/1697.pdf>
- Rathod, S. D., Shinde, G. C., & Shinde, S. D. (2021). Genetic variability and path coefficient analysis studies in forage maize genotypes (*Zea mays* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 10(1), 2764–2768. <https://www.phytojournal.com/archive/s/2021/vol10issue1/PartAM/10-1-330-586.pdf>
- Roth, M., Beugnot, A., Mary-Huard, T., Moreau, L., Charcosset, A., & Fiévet, J. B. (2022). Improving genomic predictions with inbreeding and nonadditive effects in two admixed maize hybrid populations in single and multienvironment contexts. *Genetics*, 220(4), 1–18. <https://doi.org/10.1093/genetics/iyac018>
- Samudin, S. bin, Khalik, J. Moh. A., Akbar, R., Muliati, M., & Mustakin, M. (2021). Parameter genetik kultivar-kultivar jagung local pada cekaman salinitas sedang. *Jurnal Agro*, 8(1), 55–67. <https://doi.org/10.15575/10280>
- Sutaryo, B. (2014). Parameter genetik sejumlah genotip padi di lahan sawah berpengairan teknis dan tadah hujan. *Berita Biologi*, 13(1), 23–29. <https://doi.org/https://doi.org/10.14203/beritabiologi.v13i1.650>
- Syukur, M., Sujiprihati, S., & Yuniarti, R. (2018). *Teknik Pemuliaan Tanaman: Vol. Cetakan III* (S. Nugroho & Febriani, Eds.; Revisi I). Penebar Swadaya.
- Theodorou, K., & Couvet, D. (2015). The efficiency of close inbreeding to reduce genetic adaptation to captivity. *Heredity*, 114(1), 38–47. <https://doi.org/10.1038/hdy.2014.63>