

**PREDIKSI DAN VERIFIKASI HIBRIDA JAGUNG PULUT MANIS BERDAYA HASIL TINGGI
BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI KERNEL, BIOKIMIA, DAN MOLEKULER**

***PREDICTING AND VERIFYING HIGH-YIELD SWEET WAXY CORN HYBRIDS BASED ON
KERNEL MORPHOLOGY, BIOCHEMICAL, AND MOLECULAR***

Sri Indrayani^{1,2*}, Arya Widura Ritonga³, Wahyuni⁴

¹ Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman, Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor

² Pusat Riset Botani Terapan, Badan Riset dan Inovasi Nasional
Jalan Raya Bogor KM. 46. Cibinong. 16911. Jawa Barat Indonesia

³ Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor
Jl. Meranti, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680, Jawa Barat, Indonesia

⁴ Pusat Riset Rekayasa Genetika Badan Riset dan Inovasi Nasional
Jalan Raya Bogor KM. 46. Cibinong. 16911. Jawa Barat Indonesia

*Korespondensi: srii003@brin.go.id

Diterima: 19 Januari 2026/ Direvisi: 18 Februari 2026 / Disetujui: 06 Juli 2026

ABSTRAK

Ketersediaan hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi masih terbatas di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk memprediksi dan memverifikasi hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi berdasarkan karakter morfologi kernel, biokimia, dan molekuler pada galur tetua. Penelitian dilakukan di Kebun Percobaan Pasir Kuda, Bogor, dan BRIN Cibinong. Penanaman tetua dilakukan pada bulan November 2024 sampai Maret 2025 menggunakan lima galur jagung pulut dan dua galur jagung manis, sedangkan penanaman hibrida generasi pertama (F1) dilakukan pada bulan Juli-Okttober 2025 menggunakan dua genotipe hibrida jagung pulut manis. Percobaan lapangan menggunakan Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLT) dengan satu faktor dan tiga ulangan. Data diolah menggunakan analisis ragam, pendugaan parameter genetik, komponen ragam, heritabilitas arti luas, koefisien keragaman genotipik dan fenotipik serta analisis kluster. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman fenotipik pada warna, bentuk, dan ukuran kernel. Selain itu, diperoleh informasi bahwa koefisien keragaman genetik pada karakter glukosa, fruktosa, dan panjang kernel tergolong dalam kategori luas, sedangkan karakter padatan terlarut total, lebar kernel, dan tebal kernel termasuk sedang, dan keragaman fenotipik berkisar antara 9,92% hingga 16,89% serta seluruh karakter menunjukkan nilai heritabilitas tinggi. Persilangan antar galur dengan jarak genetik yang lebih jauh yaitu JPM 12P3 × JPS 1361K1 diprediksi berpotensi menghasilkan keragaman genetik yang lebih tinggi dan heterosis yang lebih besar. Hibrida H2 (JPM 12P3 × JPS 1361K1) merupakan kandidat hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi.

Kata kunci: analisis klaster, fenotipik, genotipik, heritabilitas, kernel

ABSTRACT

Superior high-yielding hybrid varieties availability remains limited in Indonesia. This study aimed to predict and verify high-yield sweet waxy corn hybrids based on kernel morphology, biochemical, and molecular characteristics of the parental lines. The research was conducted at the Pasir Kuda Experimental Field, Bogor, and the BRIN Cibinong. Parental lines were planted from November 2024 to March 2025 using five waxy corn inbred lines, two sweet corn inbred lines, while the first-generation (F1) hybrids were planted from July to October 2025 using two waxy sweet corn hybrid genotypes. The field experiment was arranged in a Randomized Complete Block Design (RCBD) with one factor and three replications. Data were analyzed using analysis of variance, estimation of genetic parameters, variance components, broad-sense heritability, genotypic and phenotypic coefficients of variation, and cluster analysis. The results showed phenotypic variation in kernel color, shape, and size. In addition, the genetic coefficient of variation for glucose, fructose, and kernel length was classified as wide, while total soluble solids, kernel width, and kernel thickness were classified as moderate, and Phenotypic diversity ranged from 9.92% to 16.89%, and all observed traits exhibited high heritability values. Crosses between parental lines with greater genetic distance, namely JPM 12P3 × JPS 1361K1, were predicted to have the potential to produce higher genetic variability and greater heterosis. Hybrid H2 (JPM 12P3 × JPS 1361K1) is a promising candidate for a high-yielding sweet waxy corn hybrid.

Keywords: cluster analysis, genotypic, heritability, kernel, phenotypic

PENDAHULUAN

Jagung pulut merupakan salah satu komoditas pangan lokal Indonesia yang berpotensi dikembangkan untuk diversifikasi pangan. Jagung ini memiliki citarasa yang lebih pulen, gurih dan lembut dibandingkan jenis jagung lainnya. Rasa gurih pada jagung pulut berkaitan erat dengan kandungan amilopektin yang sangat tinggi, berkisar antara 90–99%, yang berkontribusi terhadap sifat sensori serta karakteristik tekstur produk berbasis pati jagung pulut (Palijama *et al.*, 2020; Tauhid & Murdono, 2024). Namun, masih terdapat beberapa tantangan dalam pengembangan jagung pulut di Indonesia. Citarasa jagung pulut yang tidak manis menjadikan jagung pulut belum banyak dikonsumsi di wilayah Indonesia seperti pulau Sumatera, Kalimantan, dan Jawa bagian barat ke tengah. Konsumsi jagung pulut paling banyak di Indonesia masih terbatas di

daerah Sulawesi dan Maluku (Genesiska *et al.*, 2020).

Selain itu, produktivitas jagung pulut ($< 10 \text{ t ha}^{-1}$) yang masih lebih rendah dibandingkan produktivitas jagung manis ($> 10 \text{ t ha}^{-1}$) menurunkan minat petani dalam membudidayakan jagung pulut. Rendahnya produktivitas ini disebabkan karena varietas jagung pulut masih bersari bebas sementara jagung manis merupakan varietas hibrida. Varietas hibrida tanaman jagung menyerbuk silang memiliki produktivitas yang tinggi dibandingkan varietas bersari bebasnya (Heryanto *et al.*, 2022; Kandel, 2021).

Keberhasilan perakitan hibrida pada tanaman menyerbuk silang, seperti jagung pulut manis, bergantung pada tingkat perbedaan genetik antar tetua. Semakin besar jarak genetik di antara tetua yang disilangkan, semakin tinggi tingkat heterosis yang dihasilkan (Ritonga *et al.*, 2023). Informasi mengenai jarak genetik dapat

diperoleh melalui karakter morfologi maupun pendekatan berbasis marka molekuler. Identifikasi menggunakan karakter morfologi memiliki keterbatasan karena ekspresi fenotip sering dipengaruhi oleh kondisi lingkungan sehingga tidak selalu mencerminkan perbedaan genetik yang sebenarnya (Yang *et al.*, 2020). Oleh sebab itu, analisis molekuler diperlukan sebagai pelengkap data morfologi dalam menentukan tetua yang tepat untuk program pemuliaan tanaman (Li *et al.*, 2025; Varshney *et al.*, 2020). Pemanfaatan marka molekuler telah terbukti mampu meningkatkan ketepatan dalam evaluasi keragaman genetik tanaman.

Salah satu teknik yang digunakan dalam penelitian ini adalah *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) dengan memanfaatkan primer tunggal untuk mengamplifikasi fragmen DNA genom (Amiteye, 2021). RAPD ini tetap digunakan sebagai pendekatan awal dalam studi keragaman genetik karena relatif cepat, sederhana, dan berbiaya rendah (Bidyananda *et al.*, 2024; Sudhir *et al.*, 2024). Prinsip kerja RAPD didasarkan pada variasi sekuens DNA target yang menghasilkan pola pita DNA yang beragam setelah elektroforesis, sehingga bermanfaat sebagai dasar dalam analisis hubungan genetik antar genotipe (Niklas & Olszewska, 2021; Trovato *et al.*, 2025).

Berdasarkan uraian di atas, penelitian keragaman jagung manis dan pulut diperlukan sebagai dasar dalam perakitan hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi. Evaluasi keragaman dengan menggabungkan karakter morfologi kernel, biokimia, dan molekuler diharapkan dapat memberikan informasi yang lebih jelas mengenai hubungan kekerabatan dan jarak

genetik antar genotipe, sehingga dapat membantu ketepatan dalam pemilihan tetua dan informasi yang menghubungkan ketiga pendekatan tersebut sangat terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk memprediksi dan memverifikasi hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi berdasarkan karakter morfologi kernel, biokimia, dan molekuler pada galur tetua.

BAHAN DAN METODE

Percobaan 1. Prediksi Hibrida Jagung Pulut Manis Berdaya Hasil Tinggi Menggunakan Keragaman Berdasarkan Morfologi Kernel, Biokimia, dan Molekuler

Waktu dan Tempat Penelitian

Kegiatan persiapan bahan tanam serta penanaman tetua jagung pulut dan jagung manis dilaksanakan pada bulan November 2024 hingga Maret 2025. Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan Pasir Kuda, Bogor, serta di Laboratorium GH Riset Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) Cibinong.

Materi genetik

Materi genetik yang digunakan terdiri atas lima galur jagung pulut dan dua galur jagung manis disajikan pada Tabel 1.

Rancangan Percobaan

Percobaan lapangan menggunakan Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLT) dengan satu faktor dan tiga ulangan pada setiap galur, sehingga diperoleh total 21 unit percobaan. Setiap unit percobaan ditanami sebanyak 10 tanaman dalam satu baris (*single row*), dan tiga tanaman dipilih

Tabel 1. Materi genetik galur kandidat tetua jagung pulut dan jagung manis

Kode Sampel	Genotipe	Sifat	Keterangan
P1	SRI. 4	pulut	
P2	JPT.1.4	pulut	
P3	JPS 2.1.5.8	pulut	
P4	JPS 13.6.1K.1	pulut	
P5	JPS 13.1.6	pulut	
P6	JPM 1.5.1.9	manis	mengandung gen <i>waxy</i>
P7	JPM 1.2P3	manis	mengandung gen <i>waxy</i>

untuk dilakukan penyerbukan sendiri (*selfing*) sebagai sumber bahan sampel. Dari setiap tongkol hasil *selfing*, diamati sebanyak 20 kernel.

Untuk mencegah terjadinya persilangan acak, dilakukan isolasi bunga dengan membungkus bunga jantan (*tassel*) dan bunga betina (*tongkol*) menggunakan kantong kertas sebelum *anthesis*. Penyerbukan sendiri dilakukan pada pagi hari (07.00-10.00 WIB) untuk memastikan viabilitas serbuk sari optimal. Setelah penyerbukan, bunga betina kembali ditutup untuk mencegah kontaminasi serbuk sari dari tanaman lain.

Metode Pelaksanaan

Penyiapan sampel tanaman

Penanaman benih dilakukan pada lahan percobaan yang telah dipersiapkan melalui pemberian pupuk kandang 10 t ha⁻¹ serta kapur pertanian sebanyak 1 t ha⁻¹. Pemupukan diberikan pada 1 minggu setelah tanam (MST) menggunakan pupuk NPK (16:16:16) dengan dosis 300 kg ha⁻¹. Benih ditanam secara tugal dengan satu benih per lubang pada kedalaman sekitar 3–5 cm dan jarak tanam 80 × 20 cm. Pemupukan kedua dilakukan pada umur 4 MST dengan pupuk urea sebanyak 200 kg ha⁻¹ yang diberikan melalui sistem pengaluran di sekitar tanaman. Pengendalian hama dan penyakit dilakukan

dengan memberikan insektisida dan fungisida.

Ekstraksi DNA Genom

Proses isolasi DNA dilakukan sesuai protokol dari *Plant Genomic DNA Mini Kit* (Geneaid; GP100). Daun jagung yang digunakan adalah daun muda berumur 10 hari. DNA genom diekstraksi menggunakan *Elution Buffer* sebanyak 50 µL dan disimpan pada suhu –20 °C hingga digunakan untuk analisis selanjutnya.

Evaluasi kualitas dan kuantitas DNA genom jagung

Kualitas DNA genom jagung dievaluasi dengan elektroforesis gel agarose 1% dalam buffer TAE pada 75 volt selama 30 menit, kemudian divisualisasi menggunakan *gel documentation system*. Kuantitas DNA ditentukan dengan spektrofotometer nanodrop pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm, kemudian dicatat rasio absorpsi $\lambda_{260}/\lambda_{280}$.

Analisis PCR dengan marka RAPD

Sepuluh primer RAPD yang digunakan disajikan pada Tabel 2. Primer dipilih berdasarkan penelitian sebelumnya. Amplifikasi dilakukan dalam volume total 10 µL sesuai dengan protokol kit MyTaq™ HS Red Mix (Bioline; BIO-25047). Amplifikasi DNA dilakukan dengan siklus sebagai berikut: pre-denaturasi 95°C selama 1

menit, 35 siklus yang terdiri atas denaturasi 95°C selama 15 detik, *annealing* 36°C selama 15 detik, *elongation* 72°C selama 2

menit, serta *final elongation* 72°C selama 10 menit.

Tabel 2. Primer RAPD yang digunakan dalam proses PCR

No	Primer	Sequence (5' – 3')	Referensi
1	OPA-04	AATCGGGCTG	(Osipova <i>et al.</i> , 2003)
2	OPB-07	GGTGACGCAG	(Saputro <i>et al.</i> , 2017)
3	OPB-10	CTGCTGGGAC	(Heiba <i>et al.</i> , 2023)
4	OPC-09	CTCACCGTCC	(Osipova <i>et al.</i> , 2003)
5	OPE-12	TTATCGCCCC	(Singh <i>et al.</i> , 2016)
6	OPE-15	ACGCACAACC	(Simarmata & Rustikawati, 2015)
7	OPK-10	GTGCAACGTG	(Krishna <i>et al.</i> , 2020)
8	OPM-06	CTGGGCAACT	(Osipova <i>et al.</i> , 2003)
9	OPQ-05	CCGCGTCTTG	(Santos <i>et al.</i> , 2008)
10	OPQ-07	CCCCGATGGT	(Phulwaria <i>et al.</i> , 2012)

Elektroforesis hasil PCR dan penyekoring pita DNA

Hasil amplifikasi DNA divisualisasikan dengan gel agarosa 1% dalam buffer 1× TAE dengan tegangan awal 50 V selama 1 jam, kemudian dilanjutkan pada 80 V selama 2 jam. Gel hasil elektroforesis didokumentasikan dengan Gel Doc™ (*Bio-Rad, USA*). Pola pita DNA diamati dan diskor berdasarkan keberadaan (1) atau ketiadaan (0) pita pada setiap sampel. Analisis hubungan kekerabatan antar genotipe dilakukan menggunakan metode *Gower's dissimilarity* yang dikombinasikan dengan teknik *complete linkage clustering* melalui aplikasi PBStat-Cl (<https://apps.pbstat.com/reports/pbstat-cl/>).

Pengamatan Karakterisasi Morfologi Kernel Kandidat Tetua

Pemanenan tongkol hasil *selfing* pada setiap genotipe tanaman jagung (P1-P7). dilakukan pada hari ke-65 setelah tanam (HST). Pengamatan karakter kernel dilakukan pada warna dan ukuran kernel jagung (panjang, lebar, dan tebal) menggunakan jangka sorong. Selain itu, analisis kandungan padatan total terlarut,

fruktosa, dan glukosa dengan pemerasan sampel dilakukan menggunakan lima biji kernel per tongkol, dengan tiga tongkol yang berasal dari setiap satuan percobaan. Cairan bening hasil pemerasan diambil (bebas dari endapan pati) kemudian diukur °Brix menggunakan refractometer digital tipe AMP303.

Analisis Data

Data kualitatif dianalisis menggunakan pendekatan deskriptif, sedangkan data kuantitatif diolah melalui analisis ragam (ANOVA) yang kemudian dilanjutkan dengan uji lanjut Beda Nyata Jujur (BNJ) pada tingkat signifikansi $\alpha=5\%$ menggunakan perangkat lunak PKBT STAT 3.2 (<http://pbstat.com/pkbt-stat/>). Analisis kluster genotipe dilakukan dengan *Gower's dissimilarity* dan *complete linkage clustering* menggunakan aplikasi PBStat-Cl (<https://apps.pbstat.com/reports/pbstat-cl/>).

Koefisien keragaman genotipik (KKG) dan koefisien keragaman fenotipik (KKF) dihitung berdasarkan metode Stanfield (1983), dengan rumus:

$$KKG = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}} \times 100$$

$$KKF = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{x}} \times 100$$

Keragaman genetik dan fenotipe dikategorikan menjadi tiga, yaitu luas ($\geq 14\%$), sedang ($5\% < 14\%$), dan sempit ($< 5,00\%$) (Halide et al. 2020). Nilai heritabilitas arti luas (HBS) dihitung dengan rumus berdasarkan Stanfield (1983):

$$HBS = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} \times 100\%$$

HBS dikategorikan menjadi tinggi ($HBS > 50\%$), sedang ($25 < HBS \leq 50\%$), dan rendah ($HBS < 25\%$). Komponen ragam dihitung dengan persamaan: $\sigma^2_e = KTE$, $\sigma^2_g = (KTG - KTE) / r$, dan $\sigma^2_p = \sigma^2_g + \sigma^2_e$, dengan keterangan KTE adalah kuadrat tengah

error, KTG adalah kuadrat tengah galur, dan r adalah jumlah ulangan.

Percobaan 2. Verifikasi Hibrida Jagung Pulut Manis Berdaya hasil Tinggi

Waktu dan Tempat Penelitian

Kegiatan persiapan benih serta penanaman hibrida generasi pertama (F1) jagung pulut manis dilaksanakan bulan Juli - Oktober 2025 di Kebun Percobaan Pasir Kuda, Kabupaten Bogor.

Materi genetik

Materi genetik yang digunakan adalah dua genotipe hibrida jagung pulut manis yang dipilih berdasarkan perbedaan jarak genetik (jauh dan dekat) sebagai tahap verifikasi, sebagaimana disajikan pada Tabel 3.

Tabel 3. Materi genetik galur kandidat tetua jagung pulut dan jagung manis serta hibrida hasil persilangan

Kode Sampel	Genotipe	Sifat	Keterangan
H1	JPS 13.1.6.27 x JPM 1.2P3	pulut manis	Hibrida
H2	JPM 12P3 x JPS 1361K1	pulut manis	Hibrida

Rancangan Percobaan

Percobaan menggunakan RKLTL dengan satu faktor dan tiga ulangan untuk setiap galur, sehingga diperoleh enam unit percobaan. Pada setiap unit percobaan ditanam 10 tanaman dalam satu baris (*single row*), dan tiga tanaman dipilih untuk dilakukan *selfing* sebagai bahan pengamatan. Dari setiap tongkol hasil *selfing*, diamati sebanyak 20 kernel.

Metode Pelaksanaan

Penyiapan sampel tanaman dilakukan dengan prosedur yang sama seperti pada tanaman tetua.

Pengamatan Hibrida Hasil Persilangan

Karakter kuantitatif pada hibrida jagung diamati pada fase panen, seperti bobot tongkol berkelebot, bobot tongkol tanpa kelebot, panjang tongkol, dan diameter tongkol. Kualitas tongkol dianalisis melalui kandungan padatan total terlarut dan kandungan amilopektin diamati pada biji jagung yang matang dan kering menggunakan metode *spektrofotometri UV-Vis*.

Analisis Data

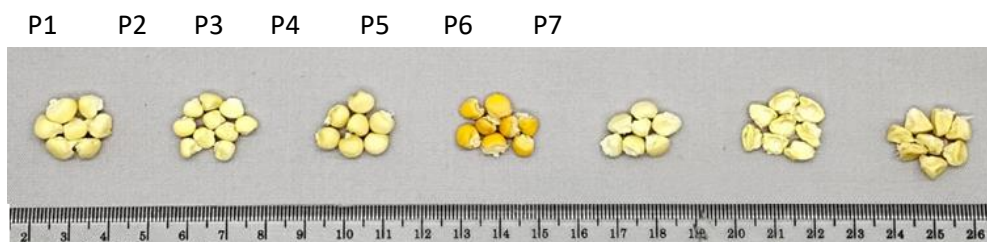
Data karakter kuantitatif (potensi dan kualitas hasil) dianalisis menggunakan uji t pada taraf nyata 5% untuk membandingkan dua genotipe.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaman Fenotipik dan Genotipik Berdasarkan Karakter Morfologi dan Agronomi

Berdasarkan karakter kualitatif, perbedaan warna dan bentuk kernel menunjukkan adanya variasi genetik yang jelas antar genotipe, sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 1 dan Tabel 4. Enam galur memperlihatkan warna kernel

putih berbentuk mutiara, satu galur berwarna oranye-kuning (P4) memiliki bentuk kernel yang sama, sedangkan dua galur: P6 dan P7 menunjukkan bentuk kernel keriput. Variasi kernel tersebut menegaskan bahwa setiap genotipe membawa latar belakang genetik yang berbeda dan berpotensi dimanfaatkan sebagai sumber keragaman dalam program pemuliaan tanaman.



Gambar 1. Morfologi 7 genotipe kernel jagung pulut dan jagung manis

Keterangan: P1= jagung pulut SRI.4, P2= jagung pulut JPT 1.4, P3= jagung pulut JPS 2.1.5.8, P4=jagung pulut JPS 13.6.1K.1, P5= jagung pulut JPS 13.1.6, P6= jagung manis JPM 1.5.1.9, P7=jagung manis JPM 1.2P3

Tabel 4. Deskripsi karakter kualitatif tujuh galur jagung pulut dan jagung manis yang mengandung gen *wxwx*

Galur	Genotipe	Warna kernel	Bentuk kernel
P1	SRI. 4	Putih	Mutiara
P2	JPT.1.4	Putih	Mutiara
P3	JPS 2.1.5.8	Putih	Mutiara
P4	JPS 13.6.1K.1	Oranye kuning	Mutiara
P5	JPS 13.1.6	Putih	Mutiara
P6	JPM 1.5.1.9	Putih	Keriput
P7	JPM 1.2P3	Putih	Keriput

Keragaman karakter agronomi pada tujuh galur jagung pulut dan jagung manis disajikan pada Tabel 5. Hasil analisis ragam terhadap sifat-sifat agronomi yang diamati menunjukkan bahwa perbedaan genotipe memberikan pengaruh signifikan terhadap

seluruh karakter kuantitatif. Nilai koefisien keragaman (KK) berada di bawah 20% (kategori rendah). Hal ini menunjukkan bahwa keragaman galat (*error*) relatif kecil dibandingkan dengan rata-rata perlakuan, sehingga hasil percobaan ini lebih valid.

Tabel 5. Rekapitulasi koefisien keragaman, kuadrat tengah galur, dan galat karakter berbagai tetua jagung pulut dan jagung manis yang mengandung gen wxwx

Karakter	Galur	Galat	KK (%)
Panjang Kernel	2,37**	0,10	5,01
Lebar Kernel	1,42**	0,01	1,62
Tebal Kernel	0,33*	0,07	6,84
Brix	8,66**	0,75	7,24
Fruktosa	9,29**	0,63	7,12
Glukosa	9,44**	0,67	7,30

Keterangan: KK = koefisien keragaman, * = berbeda nyata pada taraf α 5%, ** = berbeda nyata pada taraf α 1%

Tabel 6. Rata-rata panjang kernel, Lebar kernel, dan Tebal kernel Padatan Total Terlarut, Fruktosa, dan Glukosa Berbagai tetua jagung pulut dan jagung manis

Galur	Panjang Kernel (mm)	Lebar Kernel (mm)	Tebal Kernel (mm)	Padatan Total Terlarut ($^{\circ}$ Brix)	Fruktosa (%)	Glukosa (%)
P1	6,70 ^{ab}	7,67 ^a	4,29 ^a	10,39 ^c	9,21 ^c	9,26 ^b
P2	7,15 ^a	7,43 ^a	4,20 ^a	12,52 ^{abc}	11,56 ^{ab}	11,60 ^{ab}
P3	6,83 ^{ab}	6,73 ^b	4,01 ^{ab}	10,22 ^c	9,64 ^{bc}	9,66 ^b
P4	6,06 ^b	6,23 ^c	4,28 ^a	10,87 ^{bc}	11,38 ^{abc}	11,42 ^{ab}
P5	4,94 ^c	5,67 ^d	3,96 ^{ab}	11,56 ^{bc}	9,66 ^{bc}	9,69 ^b
P6	5,07 ^c	6,45 ^{bc}	3,84 ^{ab}	13,08 ^{ab}	13,18 ^a	13,29 ^a
P7	6,74 ^{ab}	6,53 ^{bc}	3,34 ^b	14,94 ^a	13,60 ^a	13,62 ^a

Keterangan: Huruf yang sama dalam kolom yang sama menandakan tidak berbeda nyata berdasarkan uji BNJ 5%.

Perbedaan mutu panen memperlihatkan variasi genetik yang cukup nyata. Kandungan $^{\circ}$ Brix jagung pulut berkisar antara 10,22 hingga 12,52 $^{\circ}$ Brix, sedangkan pada jagung manis lebih tinggi, yaitu 13,08 dan 14,94 $^{\circ}$ Brix. Demikian pula fruktosa dan glukosa pada jagung pulut relatif lebih rendah, masing-masing berkisar 9,21–11,56% dan 9,26–11,60%, dibandingkan jagung manis dengan kandungan fruktosa 13,18 dan 13,60% serta glukosa 13,29 dan 13,62%. Variasi tersebut menunjukkan adanya perbedaan ekspresi sifat kuantitatif yang berpotensi dimanfaatkan dalam seleksi genetik.

Pada tabel 7, pendugaan keragaman genetik berdasarkan karakter kuantitatif menunjukkan bahwa KKG berkisar antara 7,38% - 15,24%. Beberapa karakter seperti

glukosa, fruktosa, dan panjang kernel termasuk dalam KKG luas, yang menandakan adanya potensi seleksi yang tinggi. Sementara itu, karakter padatan terlarut total, lebar kernel, dan tebal kernel tergolong dalam kategori keragaman sedang, yang menunjukkan bahwa pengaruh genetik dan lingkungan relatif seimbang dalam menentukan ekspresi sifat tersebut. Semakin besar keragaman genetik suatu karakter dalam populasi, maka semakin tinggi pula tingkat keragaman sifat yang ditunjukkan oleh karakter tersebut (Hidayat, 2019). Nilai KKF berkisar antara 9,92% hingga 16,89% dan secara umum lebih tinggi dibandingkan nilai KKG pada seluruh karakter yang diamati. Hal ini menunjukkan bahwa variasi fenotip tidak hanya dipengaruhi oleh faktor genetik,

tetapi juga oleh kondisi lingkungan tempat tanaman tumbuh (Bayisa *et al.*, 2020; Behera *et al.*, 2018; Buthelezi *et al.*, 2019).

Nilai heritabilitas menunjukkan bahwa seluruh karakter yang diamati memiliki nilai heritabilitas tinggi, yang mengindikasikan efektivitas seleksi yang besar dalam program pemuliaan tanaman. Nilai heritabilitas tinggi menunjukkan bahwa kontribusi genetik lebih dominan dibandingkan pengaruh lingkungan,

sehingga karakter tersebut berpeluang diwariskan secara konsisten pada generasi berikutnya (Hikmah *et al.*, 2023). Temuan ini sejalan dengan kajian pemuliaan modern yang menyatakan bahwa respons seleksi dipengaruhi oleh parameter genetika kuantitatif seperti heritabilitas, sehingga karakter dengan heritabilitas tinggi cenderung memberikan peningkatan genetik yang lebih besar (Vieira *et al.*, 2025).

Tabel 7. Parameter genetik berbagai karakter tetua jagung pulut dan jagung manis

Karakter	rata-rata	S.E.	σ^2_e	σ^2_g	σ^2_p	HBS	KKG	KKF
PK	6,21	0,31	0,1	0,76	0,86	88,33	14,01	14,90
LK	6,67	0,24	0,01	0,47	0,48	97,92	10,28	10,39
TK	3,99	0,12	0,07	0,09	0,16	55,32	7,38	9,92
PTT	11,94	0,59	0,75	2,64	3,39	77,85	13,60	15,41
Fruktosa	11,17	0,62	0,63	2,89	3,52	82,08	15,21	16,79
Glukosa	11,22	0,62	0,67	2,92	3,59	81,35	15,24	16,89

Keterangan: PK = panjang kernel (mm), LK = lebar kernel (mm), TK = tebal kernel, PTT = padatan total terlarut, S.E. = standar error ($\sigma/\sqrt{n}$), σ^2_e = ragam lingkungan, σ^2_p = ragam fenotipe, HBS = Heritabilitas arti luas (%), KKG = koefisien keragaman genetik (%), KKF = koefisien keragaman fenotipe (%).

Keragaman Genetik Berdasarkan Marka Molekuler RAPD

Hasil isolasi DNA genom daun dari ketujuh sampel jagung menunjukkan rasio absorbansi $\lambda 260/\lambda 280$ berkisar antara 1,7 hingga 1,9. Hasil ini menunjukkan kualitas DNA genom sampel yang diisolasi memiliki kualitas baik. Rasio absorbansi $\lambda 260/\lambda 280$ sekitar $\sim 1,8$ mengindikasikan kemurnian DNA yang layak digunakan untuk analisis molekuler lanjutan. Nilai rasio yang lebih rendah ($<1,6$) menunjukkan adanya protein, fenol, atau kontaminan lain (Lucena-Aguilar *et al.*, 2016). Dari ketujuh sampel jagung, P1, P2, P5, dan P7 memiliki rasio $\lambda A260/A280$ sebesar 1,9, yang menunjukkan tingkat kemurnian DNA yang sangat baik. Sementara itu, galur P3 dan P6 memiliki rasio 1,8, yang juga masih berada

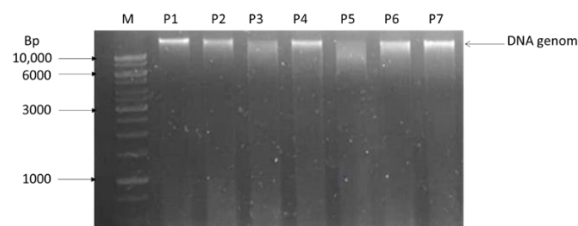
dalam kisaran ideal untuk DNA genomik. Galur P4 menunjukkan rasio sedikit lebih rendah 1,7, yang mengindikasikan kemungkinan adanya kontaminasi protein dalam jumlah kecil dan nilai tersebut masih dapat digunakan untuk sebagian besar aplikasi molekuler.

Selain itu, DNA genom yang dihasilkan menunjukkan kualitas pita DNA yang jelas. Pita DNA dari seluruh sampel (P1–P7) tampak jelas yang berada di atas pita DNA marker yang terbesar (Gambar 2). Hal ini mencerminkan bahwa pita tersebut adalah DNA genom jagung yang diketahui berukuran sekitar 2,3–2,5 Gb (Hufford *et al.*, 2021), sehingga posisi DNA sampel berada jauh di atas DNA marker berukuran 10 Kb. Profil pita DNA pada Gambar 3 memperlihatkan keberagaman pola

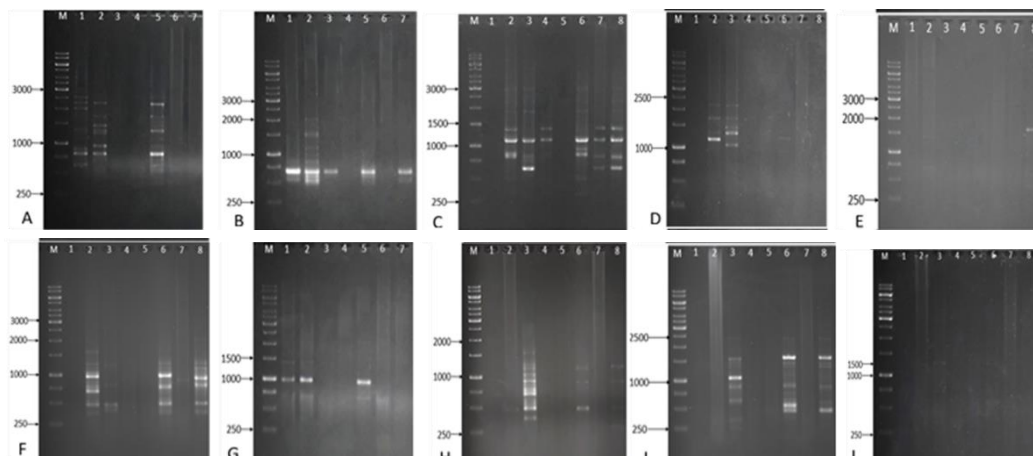
amplifikasi DNA antar galur yang menandakan adanya perbedaan susunan basa DNA pada lokus yang diamplifikasi.

Variasi jumlah dan posisi pita DNA mencerminkan tingkat heterogenitas genetik antar genotipe. Hasil ini menunjukkan bahwa primer yang digunakan berhasil mengidentifikasi

keberadaan lokus polimorfik spesifik yang dapat dijadikan dasar penentuan hubungan kekerabatan dan pemetaan genetik. Menurut Hromadová *et al.*, (2023), teknik RAPD efektif untuk mendeteksi variasi genetik antar genotipe dan dapat digunakan tanpa informasi sekuens genom lengkap (Hromadová *et al.*, 2023).



Gambar 2. Hasil Elektroforesis Gel Agarosa 1% Pada DNA Genom.
M: Marker Lambda, P1-P7: Sampel DNA Daun Jagung



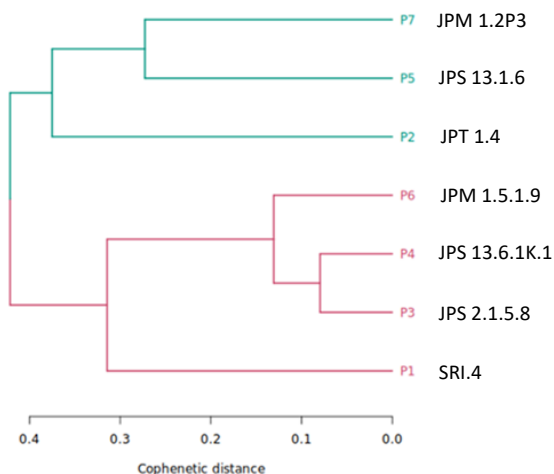
Gambar 3. Profil pita RAPD pada tujuh galur jagung pulut dan jagung pulut manis menggunakan primer (A) OPA-04, (B) OPB-07, (C) OPB-10, (D) OPC-09, (E) OPE-12, (F) OPE-15, (G) OPK-10, (H) OPM-06, (I) OPQ-05, dan (J) OPQ-07.

M= Marker, 1-7= sampel pada primer OPA-04, OPB-07, dan OPK-10, 2-8= sampel pada primer OPB-10, OPC-09, OPE-12, OPE-15, OPM-06, OPQ-05, dan OPQ-07

Analisis Kluster Karakter Morfo-Agronomi dan Marka Molekuler RAPD

Analisis kluster terhadap tujuh galur jagung pulut dan jagung manis menggunakan marka RAPD menghasilkan dua kluster utama yang menggambarkan tingkat keragaman genetik antar galur (Gambar 4). Kluster 1 terdiri atas tiga galur

jagung pulut (P1, P3, dan P4) serta satu galur jagung manis (P6), sedangkan kluster 2 mencakup dua galur jagung pulut (P2 dan P5) dan satu galur jagung manis (P7). Pemisahan kedua kluster terjadi pada jarak *dissimilarity* sekitar 0,3–0,35, yang menunjukkan adanya perbedaan genetik yang cukup jelas antar kelompok.



Gambar 4. *Hierarchical cluster* tujuh jagung pulut dan jagung manis menggunakan *Gower's dissimilarity* dan *Complete linkage clustering method*

Pengelompokan ini menegaskan adanya keragaman genetik antar galur. Kemiripan genetik paling tinggi ditemukan pada galur P3 dan P4 dengan jarak *dissimilarity* sangat rendah ($<0,1$) dan menunjukkan kemiripan pola pita RAPD yang sangat tinggi. Kondisi tersebut mengindikasikan bahwa kedua galur memiliki latar belakang genetik yang sama dan berasal dari sumber plasma nutfah yang serupa. Galur jagung manis P6 memiliki jarak *dissimilarity* dengan P3–P4 melebihi 0,1. Hal ini menunjukkan adanya variasi genetik antara galur P6 dengan P3–P4 meskipun ketiganya berada dalam kelompok yang sama, sehingga kemungkinan masih memiliki hubungan kekerabatan dari sumber plasma nutfah yang berdekatan.

Pada klaster 1, galur P1 terpisah dengan kelompok P3, P4, dan P6 dengan jarak genetik yang jauh, sekitar 0,3. Hal ini mengindikasikan bahwa P1 memiliki karakter genetik yang berbeda dibandingkan galur lain dalam kelompok tersebut. Pada klaster 2, galur P5 dan P7 menunjukkan kemiripan genetik yang dekat

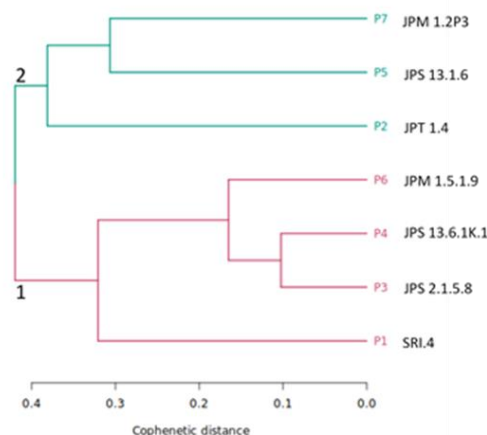
dibandingkan dengan P2. Galur P7 merupakan jagung manis, sedangkan P2 dan P5 merupakan jagung pulut. Kedekatan P5 dan P7 menunjukkan adanya kesamaan latar belakang genetik atau berasal dari plasma nutfah yang serupa. Efektivitas penggunaan marka RAPD dalam memetakan keragaman genetik antar galur jagung terlihat dari kemampuannya mengidentifikasi polimorfisme DNA secara acak tanpa memerlukan informasi sekuens gen spesifik. Studi oleh Chňapek *et al.* (2024) juga menunjukkan bahwa penanda RAPD pada beberapa galur jagung memiliki tingkat polimorfisme tinggi dan analisis pola pita DNA mampu mengelompokkan genotipe secara efektif (Chňapek *et al.*, 2024).

Informasi dari dendrogram pengelompokan tersebut memberikan gambaran mengenai hubungan kekerabatan dan potensi pemanfaatan galur dalam program pemuliaan. Galur-galur dengan jarak genetik jauh, seperti P1 terhadap P5 atau P7, berpotensi digunakan sebagai tetua persilangan untuk menghasilkan varietas jagung pulut atau

manis baru yang memiliki keragaman genetik lebih luas. Sebaliknya, galur dengan jarak genetik sangat dekat seperti P3 dan P4 dapat dimanfaatkan sebagai galur pembanding atau sebagai bahan pemurnian galur.

Analisis klaster menggunakan data gabungan karakter morfologi kernel, parameter biokimia, dan marka molekuler RAPD, menunjukkan pola pengelompokan yang mirip dengan pengelompokan berdasarkan marka RAPD saja (Gambar 5). Kedua pendekatan tersebut membentuk dua klaster utama yang identik, yaitu klaster 1 terdiri atas P1, P3, P4, dan P6, serta klaster 2 mencakup P2, P5, dan P7. Pengelompokan jagung manis dan jagung

pulut dalam satu kluster menunjukkan kedekatan genetik yang didukung oleh beberapa karakter yang sama, seperti warna kernel putih. Kesamaan warna kernel mencerminkan kemiripan fenotipik, sedangkan karena keduanya berasal dari spesies yang sama (*Zea mays*), marka RAPD juga menunjukkan hubungan genetik yang dekat. Hasil ini menunjukkan bahwa pola pengelompokan berdasarkan marka RAPD sejalan dengan karakter morfologi dan biokimia, sehingga mendukung validitas hubungan kekerabatan antar galur. Integrasi data morfo-agronomi, biokimia, dan molekuler memberikan gambaran keragaman genetik yang lebih komprehensif.



Gambar 5. *Hierarchical cluster* berbagai galur murni jagung pulut, dan jagung manis menggunakan *Gower's dissimilarity* dan *Complete linkage clustering method* gabungan analisis marka morfologi kernel, biokimia, dan RAPD

Prediksi Jagung Pulut Berdaya Hasil Tinggi Berdasarkan Analisis Kluster

Analisis klaster berdasarkan gabungan karakter morfologi kernel, parameter biokimia, dan marka molekuler RAPD mengelompokkan galur jagung pulut dan jagung manis yang mengandung gen *wxwx* ke dalam dua kelompok utama. Kelompok pertama terdiri atas P1, P3, P4, dan P6, sedangkan kelompok kedua terdiri atas P2, P5, dan P7. Pola pengelompokan ini

konsisten dengan hasil analisis RAPD, menunjukkan bahwa marka tersebut mampu mencerminkan variasi genetik yang sejalan dengan perbedaan fenotipik dan biokimia antar galur.

Galur P7 dan P4 berada pada klaster yang berbeda dengan jarak genetik yang relatif jauh, menunjukkan perbedaan genetik dan fenotipik yang lebih besar dibandingkan galur lainnya. Oleh karena itu, persilangan antara kedua galur tersebut

berpotensi menghasilkan keturunan dengan keragaman genetik yang lebih tinggi serta peluang heterosis yang lebih besar. Temuan ini sejalan dengan Geng *et al.* (2021), yang menyatakan bahwa pasangan tetua dengan jarak genetik lebih besar umumnya memiliki peluang heterosis yang lebih tinggi dalam program pemuliaan tanaman.

Verifikasi Hibrida Jagung Pulut Manis Berdaya Hasil Tinggi

Verifikasi terhadap prediksi tersebut dilakukan melalui evaluasi daya hasil dua hibrida jagung pulut manis. Rata-rata bobot tongkol berkelobot, bobot tongkol tanpa kelobot, panjang tongkol, diameter tongkol, padatan total terlarut, dan kadar amilopektin disajikan pada Tabel 8. Hibrida H2 menunjukkan bobot tongkol berkelobot yang lebih tinggi dan berbeda sangat nyata dibandingkan H1, masing-masing sebesar 306,5 g dan 258,2 g. Bobot tongkol tanpa kelobot pada H2 (165,5 g) juga lebih tinggi dan berbeda nyata dibandingkan H1 (150,7 g). Panjang tongkol H2 (17,5 cm) lebih besar dan berbeda sangat nyata dibandingkan H1 (16,4 cm), sedangkan diameter tongkol tidak menunjukkan perbedaan nyata.

Perbedaan nyata pada komponen hasil utama tersebut menunjukkan bahwa kombinasi genetik tetua berpengaruh terhadap daya hasil hibrida. Hibrida H2 yang berasal dari tetua dengan jarak genetik lebih jauh memiliki potensi hasil lebih tinggi dibandingkan H1 yang berasal dari tetua dengan jarak genetik lebih dekat. Hasil ini mendukung penelitian Ritonga *et al.* (2023) yang menyimpulkan bahwa kelompok galur jagung dengan jarak genetik terjauh berpotensi sebagai tetua untuk menghasilkan heterosis tinggi pada hibrida

berdasarkan analisis klaster galur jagung manis (Ritonga *et al.*, 2023).

Pada karakter kualitas hasil, nilai padatan total terlarut pada H2 (15,8 °Brix) lebih tinggi dibandingkan H1 (15,0 °Brix), namun tidak berbeda nyata. Kandungan amilopektin pada H1 (60,0%) lebih tinggi dibandingkan H2 (57,9%) dan juga tidak berbeda nyata. Hal ini menunjukkan bahwa pengaruh jarak genetik tetua dalam percobaan ini lebih nyata terhadap karakter daya hasil dibandingkan terhadap karakter kualitas kernel. Secara keseluruhan, berdasarkan komponen hasil utama yang berbeda nyata, hibrida H2 (JPM 12P3 × JPS 1361K1) memiliki daya hasil lebih tinggi dan dapat dinyatakan sebagai kandidat hibrida jagung pulut manis yang berpotensi untuk dikembangkan lebih lanjut.

SIMPULAN

1. Terdapat variasi morfologi pada warna, bentuk, dan ukuran kernel
2. Nilai koefisien keragaman genetik pada karakter glukosa, fruktosa, dan panjang kernel tergolong dalam kategori luas, sedangkan karakter padatan terlarut total, lebar kernel, dan tebal kernel termasuk sedang, nilai koefisien keragaman fenotipik (KKF) berkisar antara 9,92% hingga 16,89% serta seluruh karakter menunjukkan nilai heritabilitas tinggi.
3. Persilangan antar galur dengan jarak genetik yang lebih jauh yaitu JPM 12P3 × JPS 1361K1 diprediksi berpotensi menghasilkan keragaman genetik yang lebih tinggi dan heterosis yang lebih besar.
4. Hibrida H2 (JPM 12P3 × JPS 1361K1) merupakan kandidat hibrida jagung pulut manis berdaya hasil tinggi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) atas Beasiswa Degree by Research dan pendanaan Rumah Program Organisasi Riset Hayati dan Lingkungan Tahun Anggaran 2025 (B-1721/III.5/PR.03.06/7/2025). Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Direktorat Jenderal Riset dan Pengembangan, Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi atas pendanaan penelitian berdasarkan Kontrak Pelaksanaan Program Penelitian Tahun Anggaran 2025 (006/C3/DT.05.00/PL/2025).

DAFTAR PUSTAKA

- Amiteye, S. (2021). Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 7(10), 1–20. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08093>
- Bayisa, T., Tefera, H., & Letta, T. (2020). Genetic variability, heritability and genetic advance among bread wheat genotypes at southeastern Ethiopia. *Agriculture, Forestry and Fisheries*, 9(4), 128. <https://doi.org/10.11648/j.aff.20200904.15>
- Behera, B., Sahu, S., Kar, R. K., & Pandey, R. K. (2018). Studies on genetic variability for some metric traits in slender grain rice genotypes. *Journal of Applied and Natural Science*, 10(1), 375–378. <https://doi.org/10.31018/jans.v10i1.1633>
- Bidyananda, N., Jamir, I., Nowakowska, K., Varte, V., Vendrame, W. A., Devi, R. S., & Nongdam, P. (2024). Plant Genetic Diversity Studies: Insights from DNA Marker Analyses. *International Journal of Plant Biology*, 15(3), 607–640. <https://doi.org/10.3390/ijpb15030046>
- Buthelezi, L. G., Mavengahama, S., & Ntuli, N. R. (2019). Morphological variation and heritability studies of *Lagenaria siceraria* landraces from northern Kwazulu-Natal, South Africa. *Biodiversitas*, 20(3), 922–930. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200342>
- Chňapek, M., Balážová, Ž., Špaleková, A., Gálová, Z., Hromadová, Z., Čištěcká, L., & Vivodík, M. (2024). Genetic diversity of maize resources revealed by different molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 71(8), 4685–4703. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01908-5>
- Genesiska, G., Susanto, B., & Mulyono, M. (2020). Karakter fenotip tanaman jagung (*Zea mays* L.) lokal varietas Pulut Sulawesi di Daerah Istimewa Yogyakarta. *Plantropica: Journal of Agricultural Science*, 5(1), 85–94.
- Geng, X., Qu, Y., Jia, Y., He, S., Pan, Z., Wang, L., & Du, X. (2021). Assessment of heterosis based on parental genetic distance estimated with SSR and SNP markers in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *BMC Genomics*, 22(1), 123. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07431-6>
- Heiba, S. A. A., El-Demerdash, I. S., & Rashad, S. E. (2023). Evaluation of Biological Control of Sorghum Strains Using *Bacillus Thuringiensis* and *Pseudomonas Aeruginosa* Under Drought Stress. *Egyptian Pharmaceutical Journal*, 43(1), 410–424. <https://doi.org/10.53555/jaz.v43iS1.1321>
- Heryanto, F. S. S., Wirthas, D., & Ritonga, A. W. (2022). Diversity of twenty-three sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*) varieties in Indonesia. *Biodiversitas*, 23(11), 6075–6081. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d231164>
- Hidayat, R. (2019). *Keragaman Genetik dan Heritabilitas Beberapa Karakter Kuantitatif Pada Populasi Tanaman Padi (Oryza sativa L.) Generasi F2*.

- Universitas Brawijaya.
- Hikmah, L. M. K., Sudika, I. W., Yakop, U. M., Sutresna, I. W., & Anugrahwati, D. R. (2023). Perubahan sifat akibat silang diri pada generasi S1 populasi tanaman jagung (*Zea mays* L.) di lahan kering. *Agroteksos*, 33(2), 634–644.
- Hromadová, Z., Gálová, Z., Mikolášová, L., Balážová, Ž., Vivod'ík, M., & Ch'vnapek, M. (2023). Efficiency of RAPD and SCoT markers in the genetic diversity assessment of the common bean. *Plants*, 12(15), 2763. <https://doi.org/10.3390/plants12152763>
- Hufford, M. B., Seetharam, A. S., Woodhouse, M. R., Chougule, K. M., Ou, S., Liu, J., others, & Dawe, R. K. (2021). De novo assembly, annotation, and comparative analysis of 26 diverse maize genomes. *Science*, 373(6555), 655–662. <https://doi.org/10.1126/science.abg5289>
- Kandel, B. P. (2021). Status, prospect and problems of hybrid maize (*Zea mays* L.) in Nepal: a brief review. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68(1), 1–10.
- Krishna, T. P. A., Maharajan, T., Roch, G. V., Ramakrishnan, M., Ceasar, S. A., & Ignacimuthu, S. (2020). Hybridization and hybrid detection through molecular markers in finger millet [*Eleusine coracana* (L.) Gaertn.]. *Journal of Crop Improvement*, 34(3), 335–355. <https://doi.org/10.1080/15427528.2019.1709596>
- Li, X., Hu, Z., Yu, W., Xie, H., Wang, X., Huang, P., Zhang, X., & others. (2025). Advances and challenges in plant molecular marker technologies and their applications in the artificial intelligence empowered era. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1757949. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1757949>
- Lucena-Aguilar, G., Sánchez-López, A. M., Barberán-Aceituno, C., Carrillo-Ávila, J. A., López-Guerrero, J. A., & Aguilar-Quesada, R. (2016). DNA source selection for downstream applications based on DNA quality indicators analysis. *Biopreservation and Biobanking*, 14(4), 264–270. <https://doi.org/10.1089/bio.2015.0064>
- Niklas, A., & Olszewska, D. (2021). Application of the RAPD technique to identify genetic diversity in cultivated forms of *Capsicum annuum* L. *BioTechnologia*, 102(2), 209. <https://doi.org/10.5114/bta.2021.106523>
- Osipova, E. S., Koveza, O. V, Troitskij, A. V, Dolgikh, Y. I., Shamina, Z. B., & Gostimskij, S. A. (2003). Analysis of Specific RAPD and ISSR Fragments in Maize (*Zea mays* L.) Somaclones and Development of SCAR Markers on Their Basis. *Russian Journal of Genetics*, 39(12), 1412–1419. <https://doi.org/10.1080/15427528.2019.1709596>
- Palijama, S., Breemer, R., & Topurmera, M. (2020). Karakteristik kimia dan fisik bubur instan berbahan dasar tepung jagung pulut dan tepung kacang merah. *AGRITEKNO: Jurnal Teknologi Pertanian*, 9(1), 20–27. <https://doi.org/10.30598/jagritekno.2020.9.1.20>
- Phulwaria, M., Rai, M. K., Patel, A. K., Kataria, V., & Shekhawat, N. S. (2012). A genetically stable rooting protocol for propagating a threatened medicinal plant *Celastrus paniculatus*. *AoB Plants*, 5, pls054. <https://doi.org/10.1093/aobpla/pls054>
- Ritonga, A. W., Sulistyowati, D., Budiman, C., Zamzami, A., & Permatasari, O. S. I. (2023). Evaluasi Keragaman Genetik Berbagai Galur Murni Jagung Manis Untuk Penentuan Tetua Hibrida Evaluation of Genetic Variability In Various Sweet Corn Inbred Lines For Determining Hybrid Parents. *Jurnal Agro*, 10, 1. <https://doi.org/10.15575/22932>
- Santos, M. D., Buso, G. C., & Torres, A. C.

- (2008). Evaluation of genetic variability in micropropagated propagules of ornamental pineapple [*Ananas comosus* var. *bracteatus* (Lindley) Coppens and Leal] using RAPD markers. *Genetics and Molecular Research*, 7(4), 1097–1105. <https://doi.org/10.4238/vol7-4gmr489>
- Saputro, T. B., Dianawati, S., Sholihah, N. F., & Ermavitalini, D. (2017). Genetic diversity of improved salt tolerant calli of maize (*Zea mays* L.) using RAPD. *AIP Conference Proceedings*, 1854. <https://doi.org/10.1063/1.4985424>
- Simarmata, M., & Rustikawati, R. (2015). Identifikasi Genetik Kultivar Padi Gogo dengan Menggunakan Marka RAPD. *Akta Agrosia*, 18(2), 1–10. <https://doi.org/10.31186/aa.18.2.1-10>
- Singh, R., Kashyap, S. P., Kumari, N., & Singh, M. (2016). Regeneration of soapnut tree through somatic embryogenesis and assessment of genetic fidelity through ISSR and RAPD markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 22(3), 381–389. <https://doi.org/10.1007/s12298-016-0364-0>
- Stanfield, W. D. (1983). *Theory and Problems of Genetics* (2nd ed.). McGraw-Hill, Schaum's Outline Series.
- Sudhir, S., Vel, S. V., Selvam, H., & Arunprasath, A. (2024). Using RAPD and ISSR markers to assess genetic diversity and conservation of *Bruguiera gymnorrhiza* (L.) Lam. for sustainable management on Kerala's West Coast. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, 12(6), 105–111.
- Tauhid, Y. I., & Murdono, D. (2024). Pengelompokan genotipe pada tanaman jagung pulut lokal (*Zea mays* L. var. *ceratina*) dengan seleksi tongkol ke baris. *AGROTEK: Jurnal Ilmiah Ilmu Pertanian*, 8(1), 98–104.
- Trovato, L., Calvo, M., Marino, A., Betta, P. M. L., Mattia, C. L., & Scalia, G. (2025). Role of the Random Amplified Polymorphic DNA Detection in Typing {*Malassezia pachydermatis*} Strains from Neonatal Intensive Care Unit (NICU) Patients' Clinical Isolates. *Acta Microbiologica Hellenica*, 70(4), 46. <https://doi.org/10.12681/amh.XXXXX>
- Varshney, R. K., Sinha, P., Singh, V. K., Kumar, A., Zhang, Q., & Bennetzen, J. L. (2020). 5Gs for crop genetic improvement. *Current Opinion in Plant Biology*, 56, 190–196. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2019.12.004>
- Vieira, R. A., Nogueira, A. P. O., & Fritsche-Neto, R. (2025). Optimizing the selection of quantitative traits in plant breeding using simulation. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1495662.
- Yang, W., Feng, H., Zhang, X., Zhang, J., Doonan, J. H., Batchelor, W. D., Xiong, L., & Yan, J. (2020). Crop phenomics and high-throughput phenotyping: past decades, current challenges, and future perspectives. *Molecular Plant*, 13(2), 187–214. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.01.008>