

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

Arya Widura Ritonga^{1,2*}, Dwiwanti Sulistyowati³, Candra Budiman¹, Ahmad Zamzami¹, Okti Syah Isyani Permatasari¹

¹ Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor, Jl. Meranti, Kampus IPB Dramaga, Bogor, Jawa Barat, Indonesia

² Pusat Kajian Hortikultura Tropika, Lembaga Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Baranangsiang Jalan Pajajaran – Bogor, Jawa Barat, Indonesia

³ Program Studi Agribisnis Hortikultura, Politeknik Pembangunan Pertanian Bogor Jalan Aria Suryalaga d/h Cibalagung No. 1 KP 188 Bogor, Jawa Barat, Indonesia

*Korespondensi : aryaagh@apps.ipb.ac.id

Diterima : 02 Januari 2023 / Disetujui : 31 Mei 2023

ABSTRAK

Jagung manis merupakan salah satu tanaman yang sangat populer di negara-negara Asia tenggara, termasuk Indonesia. Hal ini menjadikan perakitan varietas unggul jagung manis dengan produktivitas dan kualitas tinggi perlu dilakukan. Informasi keragaman genetik sangat penting dalam program pemuliaan tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi keragaan dan keragaman genetik berbagai galur jagung manis sehingga dapat diperoleh tetua potensial untuk pembentukan hibrida F₁ jagung manis. Percobaan dilakukan di Kebun Percobaan Leuwikoppo, Departmen Agronomi, Fakultas Pertanian, IPB, dari bulan Januari sampai Maret 2022. Sebanyak 12 galur murni jagung manis ditanam menggunakan rancangan kelompok lengkap teracak dengan 3 ulangan. Data diolah dengan menggunakan analisis ragam, pendugaan parameter genetik komponen ragam, heritabilitas arti luas, koefisien keragaman genotipik dan fenotipik serta analisis kluster. Hasil penelitian menunjukkan adanya perbedaan pada karakter kualitatif dan kuantitatif diantara galur jagung manis yang diuji. Selain itu, diperoleh informasi bahwa karakter tinggi tanaman, tinggi tongkol, diameter batang, panjang tongkol, dan bobot tongkol memiliki nilai heritabilitas yang tinggi serta nilai koefisien keragaman genetik kategori moderat sampai tinggi. Berdasarkan penelitian ini, galur jagung manis SM12-2 dan T10-3 merupakan tetua yang potensial menghasilkan bobot tongkol dan kemanisan biji yang tinggi.

Kata kunci: hibrida, jagung manis, keragaman genetik, *Zea mays L. Saccharata*,

ABSTRACT

Sweet corn is one of the most popular crops in Southeast Asian countries, including Indonesia. Superior sweet corn varieties breeding is important to do in order to improve the quality and productivity of sweet corn in Indonesia. Plant breeding programs rely on genetic

ISSN : [2407-7933](https://doi.org/10.15575/22932)

68

Cite this as: Ritonga, A. W., Sulistyowati, D., Budiman, C., Zamzami, A., Diaguna, R. & Permatasari, O. S. I. (2023). Evaluasi keragaman genetik berbagai galur murni jagung manis untuk penentuan tetua hibrida. *Jurnal Agro*, 10(1), 68-82. <https://doi.org/10.15575/22932>

quality variability and heritability information. Therefore, this study aimed to evaluate the performance and genetic variability of various sweet corn inbred lines to determine the best prospective parents for hybridization. The study was conducted at the Leuwikoppo experimental field of the Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, IPB, from January to March 2022. Twelve sweet corn inbred lines were planted in the field using a completely randomized block design with three replications. Analysis of variance, estimation of the genetic parameters, broad sense heritability, genetic and phenotypic coefficients variability and cluster analysis were carried out in this study. The results showed that there were differences in qualitative and quantitative characters between the tested sweet corn genotypes. Plant height, ear height, stem diameter, ear length, and ear weight had a high broad sense heritability and moderate to high of genetic coefficients of variability. SM12-2 and T10-3 lines become the prospective parents generating a high cob weight and seed sweetness.

Key words : genetic variability, hybrid, sweet corn, *Zea mays L. Saccharata*

PENDAHULUAN

Jagung manis (*Zea mays L. saccharata*) merupakan salah satu komoditas sayuran yang sangat populer di negara-negara Asia Tenggara seperti Indonesia (Dermail *et al.*, 2022). Jagung manis populer karena memiliki kandungan karbohidrat yang tinggi, rasa yang manis, serta kandungan protein dan lemak yang baik bagi tubuh (Subardja, 2017). Konsumsi jagung manis di Indonesia dari 4.1 juta ton pada tahun 2015 menjadi 5.2 juta ton pada tahun 2016 (Purba *et al.*, 2019) karena jagung manis memiliki kandungan gula yang lebih tinggi dibandingkan dengan jenis jagung lainnya sehingga memiliki rasa yang lebih manis dan sesuai dengan keinginan masyarakat (Ruswandi *et al.*, 2021). Selain itu, tanaman jagung manis memiliki nilai ekonomi yang cukup tinggi, berumur genjah, dan mudah dibudidayakan sehingga banyak petani Indonesia membudidayakan tanaman jagung manis. Hal ini menjadikan pengembangan varietas jagung manis di Indonesia perlu terus dilakukan.

Pengembangan varietas jagung manis di Indonesia masih dapat diarahkan pada peningkatan produktivitas. Terutama dalam menghadapi tantangan semakin

berkurangnya lahan optimum untuk pertanian (Mulyani & Sarwani, 2013). Jawa Barat sebagai salah satu sentra jagung manis memiliki produktivitas berkisar antara 6.87–17.71 t ha⁻¹ (Ruswandi *et al.*, 2021) dan masih dapat ditingkatkan menjadi lebih dari 20 t ha⁻¹. Selain peningkatan produktivitas, pengembangan varietas jagung manis yang termasuk tanaman hortikultura juga sangat penting diarahkan pada perbaikan kualitas hasil (Nurdiana *et al.*, 2020; Yurlisa *et al.*, 2019) seperti peningkatan kandungan gizi dan kemanisan jagung manis yang saat ini berkisar 14 °Brix (Niji *et al.*, (2018).

Tanaman jagung manis sebagai tanaman yang menyerbuk silang umunya diarahkan untuk menghasilkan varietas hibrida dibandingkan varietas non hibrida (Ritonga, Syukur, *et al.*, 2018). Produktivitas varietas unggul hibrida umumnya lebih tinggi dibandingkan varietas unggul non hibrida pada tanaman jagung karena adanya efek heterosis (Kandel, 2021). Varietas hibrida memerlukan minimal 2 galur murni untuk dijadikan tetua persilangan F₁. Penentuan galur murni sebagai tetua hibrida memerlukan beberapa kriteria diantaranya mudah dilakukan persilangan, memiliki heterosis dan daya gabung yang tinggi. Heterosis dan daya gabung yang tinggi

umumnya dihasilkan dari galur yang memiliki jarak genetik yang jauh (Mahato *et al.*, 2018, 2021). Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi keragaan dan keragaman genetik berbagai galur tetua (galur murni) jagung manis sehingga dapat diperoleh tetua potensial untuk pembentukan hibrida F_1 jagung manis dengan karakter daya hasil dan kemanisan yang tinggi.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan IPB Leuwikoppo, Dramaga, Bogor, Jawa Barat, Indonesia dengan tipe tanah Latosol. Curah hujan selama penelitian (Januari - Maret 2022) berkisar antara 309 – 321 mm per bulan dengan rata-rata temperatur udara berkisar antara 26-27°C. Sebanyak 12 galur murni jagung manis (SM12-2, SB12-2, T10-3, T8-2B, T8-2A, SM7-3, T9-2, SM&-8, SB9-2, SB5-1C, SM10-1 dan SM6-3) ditanam menggunakan rancangan kelompok lengkap teracak dengan 3 ulangan sehingga diperoleh total 36 satuan percobaan. Setiap satuan percobaan terdiri atas 20 tanaman dimana 5 tanaman digunakan sebagai tanaman sampel dan 2 tanaman di selfing untuk digunakan pada pengamatan kemanisan biji.

Dua minggu sebelum penanaman dilakukan penggemburan tanah, pembuatan petakan, aplikasi 10 t ha^{-1} pupuk kandang dan 2 t ha^{-1} kapur pertanian. Penanaman dilakukan dengan sistem tugal menggunakan jarak tanam $80 \text{ cm} \times 20 \text{ cm}$ dan 1 benih per lubang. Pupuk anorganik yang diberikan yaitu 400 kg ha^{-1} urea, 200 kg ha^{-1} SP36 dan 200 kg ha^{-1} KCl dengan cara aplikasi alur. Aplikasi pupuk urea dilakukan 2 kali, dimana 50% dosis diberikan pada 1 minggu setelah tanam (MST) dan 50% sisanya diberikan saat

4 MST. Pupuk SP36 dan KCL diaplikasikan 1 kali yaitu pada saat 1 MST. Pemeliharaan yang dilakukan terdiri atas penyulaman, penyiraman, penyiraman gulma dan pengendalian OPT. Penyiraman dilakukan pada pagi dan sore hari saat tidak terjadi hujan. Penyiraman gulma dilakukan secara manual pada 1, 3, 5 dan 7 MST. Pengendalian OPT dilakukan dengan penyemprotan insektisida dan fungisida sesuai dosis anjuran pada 3 MST.

Karakter yang diamati terdiri atas karakter kualitatif dan karakter kuantitatif. Karakter kualitatif yang diamati terdiri atas karakter antosianin permukaan daun, bentuk ujung daun, intensitas hijau daun, gelombang tepi daun, sudut daun, kelengkungan daun, sudut daun utama dan tasel lateral, lengkungan cabang lateral tasel, antosianin pada rambut tongkol, antosianin pada internode dan warna biji. Pengamatan terhadap karakter kualitatif mengikuti panduan pengujian umum (PPU) jagung manis yang dikeluarkan oleh Kementerian Pertanian Republik Indonesia. Karakter kuantitatif yang diamati terdiri atas karakter yang diamati pada saat muncul berbunga betina (tinggi tanaman, tinggi tongkol, diameter tongkol, panjang daun, dan lebar daun) dan karakter yang diamati saat panen (panjang tongkol, diameter tongkol, padatan total terlarut, bobot tongkol berkelobot dna bobot tongkol tanpa kelobot). Pengamatan padatan total terlarut dilakukan dengan cara menekan biji jagung sampai meneteskan cairannya pada hand refractometer digital.

Data karakter kualitatif disajikan secara deskriptif. Analisis ragam dilakukan terhadap data karakter kuantitatif yang dilanjutkan dengan uji lanjut BNJ pada taraf $\alpha = 5\%$ menggunakan PKBT STAT 3.1 (<http://pbstat.com/pkbt-stat/>). Analisis klaster dilakukan berdasarkan “Gower

dissimilarity" dan "Complete linkage clustering method" menggunakan PBStat-Cl (<https://apps.pbstat.com/reports/pbstat-cl/>). Analisis koefisien keragaman genotipik dan koefesien keragaman fenotipik dilakukan untuk mengevaluasi keragaman genetik dan fenotipik dari berbagai karakter yang diamati berdasarkan Stanfield (1983).

$$\text{Koefisien keragaman genotipik: } \frac{\sqrt{\sigma^2_g}}{X} \times 100$$

$$\text{Koefisien keragaman fenotipik: } \frac{\sqrt{\sigma^2_p}}{X} \times 100$$

Selain itu juga dihitung nilai heritabilitas arti luas (H_{BS}) untuk mengetahui proporsi ragam genetik dari ragam fenotipe suatu karakter seperti pada Stanfield, 1983.

$$\text{Heritabilitas arti luas } (H_{BS}) : \sigma^2_g / \sigma^2_p \times 100\%$$

$H_{BS} > 50\%$ = Tinggi

$25\% < H_{BS} < 50\%$ = Sedang

$H_{BS} < 25\%$ = Rendah

Ragam lingkungan (σ^2_e) : KTE

Ragam genetik (σ^2_g) : (KTG – KTE) / r

Ragam fenotipe (σ^2_p) : $\sigma^2_g + \sigma^2_e$, dimana

KTE = Kuadrat tengah error

KTG = Kuadrat tengah galur

r = Jumlah ulangan

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakter Kualitatif berbagai Galur Murni Jagung Manis

Informasi keragaman karakter kualitatif daun jagung manis disajikan pada Tabel 1. Keragaman karakter daun pada penelitian ini ditunjukkan oleh karakter intensitas kehijauan daun (hijau gelap dan sedang), gelombang tepi daun (bergelombang kuat, sedang dan sangat lemah), sudut daun (bersudut besar, sedang dan kecil) serta karakter kelengkungan daun (kuat dan sedang).

Tabel 1. Deskripsi berbagai karakter kualitatif daun pada berbagai galur murni jagung manis

Galur	APD	BUD	IHD	GTD	SD	KD
SM10-1	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Kuat	Sedang	Sedang
T9-2	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sedang	Sedang	Kuat
T13-1	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sangat lemah	Kecil	Sedang
SB9-2	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sedang	Sedang	Sedang
T8-2B	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sangat lemah	Besar	Kuat
SB5-1C	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Kuat	Sedang	Kuat
SM6-3	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Sedang	Sedang	Sedang
SM12-2	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Kuat	Sedang	Sedang
SB12-2	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Kuat	Kecil	Sedikit
T8-2A	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sedang	Sedang	Kuat
SM7-3	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Sangat lemah	Kecil	Sedang
T15-1	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sedang	Sedang	Sedang
T10-3	Sangat lemah	Runcing	Gelap	Kuat	Sedang	Kuat
SM7-8	Sangat lemah	Runcing	Sedang	Sedang	Sedang	Kuat

Keterangan : APD = Antosianin permukaan daun, BUD = Bentuk ujung daun, IHD = Intensitas hijau daun, GTD = Gelombang tepi daun, SD = Sudut daun, KD = Kelengkungan daun

Genotipe jagung manis yang memiliki daun berwarna hijau gelap yang bertahan lama umumnya lebih disukai petani karena dapat menghasilkan produktivitas yang lebih tinggi dan dapat digunakan sebagai pakan ternak. Terdapat korelasi yang positif dan nyata antara nilai kehijauan daun (SPAD) dan produktivitas pada tanaman jagung manis (Ghimire *et al.*, 2015). Genotipe jagung dengan *stay green* yang lama (daun masih hijau saat akan panen) sangat baik digunakan sebagai bahan pakan dalam integrasi budidaya tanaman dan peternakan (Talanca, 2015).

Sudut daun yang kecil antara daun dan batang dapat meningkatkan proses fotosintesis dan produktivitas jagung manis karena mampu meningkatkan efisiensi penggunaan cahaya matahari. Sudut daun yang kecil dapat meningkatkan pemanfaatan

cahaya matahari sehingga tanaman dapat ditanam menjadi lebih rapat dan akhirnya meningkatkan produktivitas tanaman (Sudika & Anugrahwati, 2021). Tidak terdapat keragaman karakter antosianin permukaan daun dan bentuk ujung daun. Seluruh galur jagung manis menghasilkan antosianin permukaan daun yang sangat lemah dan bentuk ujung daun yang runcing pada penelitian ini.

Keragaman karakter kualitatif jagung manis juga dihasilkan pada karakter sudut antara cabang utama dan cabang lateral tasel (sedang, kecil dan sangat kecil), lengkungan cabang lateral tasel (sedang dan sedikit melengkung), antosianin pada rambut tongkol (lemah), serta antosianin pada internode (lemah dan sangat lemah) (Tabel 2).

Tabel 2. Deskripsi berbagai karakter kualitatif tasel, rambut tongkol dan biji berbagai galur murni jagung manis

Galur	ST	LT	ART	AI	WB
SM10-1	Sedang	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
T9-2	Sangat kecil	Tidak melengkung	Lemah	Lemah	Kuning
T13-1	Sangat kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
SB9-2	Kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
T8-2B	Sedang	Sedang melengkung	Lemah	Lemah	Kuning
SB5-1C	Kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
SM6-3	Kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
SM12-2	Sedang	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
SB12-2	Kecil	Sedikit melengkung	Lemah	Sangat lemah	Kuning
T8-2A	Kecil	Sedikit melengkung	Lemah	Lemah	Kuning
SM7-3	Sangat kecil	Tidak melengkang	Sangat lemah	Lemah	Kuning
T15-1	Sangat kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning
T10-3	Sedang	Sedang melengkung	Lemah	Lemah	Kuning
SM7-8	Sangat kecil	Tidak melengkung	Sangat lemah	Lemah	Kuning

Keterangan : ST = Sudut cabang utama dan lateral tasel, LT = Lengkungan cabang lateral tasel, ART – Antosianin pada rambut tongkol, AI = Antosianin pada internode, WB = Warna biji

Selain sudut yang sedang dan kecil, juga terdapat sudut yang besar antara cabang utama dan cabang lateral pada tasel (Selvi *et*

al., 2013). Sudut antara cabang utama dan cabang lateral yang kecil pada tasel jagung dapat meningkatkan efisiensi penangkapan

cahaya matahari oleh tanaman untuk fotosintesis (Upadyayula *et al.*, 2006). Tidak terdapat keragaman warna biji pada penelitian ini karena seluruh galur jagung manis menghasilkan biji berwarna kuning.

Keragaman karakter kualitatif sangat penting bagi identifikasi keragaman kgenetik suatu populasi tanaman. Karakter kualitatif dikendalikan oleh satu atau sedikit gen dan sedikit dipengaruhi lingkungan, sementara karakter kuantitatif dikendalikan oleh banyak gen dan besar dipengaruhi oleh lingkungan (Hartati *et al.*, 2013; Heryanto *et al.*, 2022). Hal ini mengindikasikan bahwa adanya keragaman karakter kualitatif juga menunjukkan adanya keragaman genetik.

Tabel 3. Rekapitulasi koefesien keragaman, kuadrat tengah galur, dan galat karakter jagung manis

Karakter	Galur	Galat	kk (%)
Tinggi tanaman	792,29	**	53,85
Tinggi tongkol	369,97	**	16,96
Diameter batang	0,52	**	0,07
Panjang daun	124,78	**	26,66
Lebar daun	1,87	**	0,33
Panjang tongkol	10,71	**	0,68
Diameter tongkol	0,36	*	0,13
Padatan total terlarut	3,41	**	0,23
Bobot tongkol berkelobot	7.761,52	**	305,91
Bobot tongkol tanpa kelobot	5.073,72	**	289,64

Keterangan : kk = koefesie keragaman, * = berbedanya pada taraf α 5%, ** = berbeda nyata pada taraf α 1%.

Tinggi tanaman jagung manis berkisar antara 135,33 – 192,67 cm, sedangkan tinggi tongkol jagung manis pada penelitian ini berkisar antara 40,00 – 79,67 cm pada penelitian ini (Tabel 4). Nilai ini lebih tinggi dibandingkan dengan penelitian Mahato *et al.* (2018) yang menghasilkan tinggi tanaman berkisar antara 80 – 140 cm dan tinggi tongkol jagung manis berkisar antara 28 – 55 cm. Namun demikian, hasil penelitian ini lebih rendah dibandingkan tinggi tanaman

Karakter Agronomi berbagai Galur Murni Jagung Manis

Hasil analisis ragam menunjukkan bahwa galur jagung manis berpengaruh nyata terhadap seluruh karakter kuantitatif jagung manis (Tabel 3). Hal ini dapat menjadi indikasi awal adanya keragaman genetik karakter kuantitatif diantara galur jagung manis yang digunakan pada penelitian ini (Saravanan *et al.*, 2019). Nilai koefesien keragaman <20% menunjukkan pengambilan data yang sudah baik (Ritonga, *et al.*, 2018).

jagung manis pada penelitian Alan *et al.* (2013) serta Jumaa & Madab, (2018) yang mencapai 170 – 220 cm dan tinggi tongkol pada penelitian Ayodeji & Adelegan, (2019) yang berkisar antara 70 – 150 cm. Diameter batang jagung manis pada penelitian ini berkisar antara 1.17 – 2.44 cm, sementara panjang dan lebar daun berkisar antara 67,33 – 87,33 cm dan 8,00 – 10,77 cm (Tabel 4). Hasil ini hampir tidak jauh berbeda dengan hasil penelitian Magar *et al.* (2021)

yang melaporkan rata-rata panjang dan lebar daun 10 varietas bersari bebas jagung manis sebesar 78.89 cm dan 8.16 cm.

Pengamatan terhadap karakter hasil dan komponen hasil memperlihatkan bahwa panjang dan diameter tongkol pada penelitian ini berkisar antara 14.53 – 21.00 cm dan 3.51 – 4.62 cm dengan bobot tongkol berkelobot dan tanpa kelobot berkisar antara 108.33 – 300.00 g dan 87.33 – 235.50 g (Tabel 5). Hasil ini tidak jauh berbeda dengan hasil penelitian Abe & Adelegan (2019) yang melaporkan rata-rata panjang

dan diameter tongkol 11 genotipe jagung hasil persilangan jagung manis dan jagung pipil sebesar 15.7 dan 4.5 cm. Namun, lebih rendah dibandingkan hasil penelitian Alan *et al.* (2013) yang melaporkan panjang dan diameter tongkol jagung manis berkisar antara 20-25 cm dan 4.5 – 5.5 cm dengan bobot berkelobot dan tanpa kelobot berkisar antara 418 – 525 g dan 340 – 430 g. Pengamatan terhadap kualitas hasil memperlihatkan bahwa padatan terlarut total jagung pada penelitian ini berkisar natara 10.13 – 13.43 °Brix (Tabel 5).

Tabel 4. Tinggi tanaman, tinggi tongkol, diameter batang, panjang daun dan lebar daun berbagai galur murni jagung manis

Galur	Tinggi tanaman	Tinggi tongkol	Diameter batang	Panjang daun	Lebar daun
	--cm--	--cm--	--cm--	--cm--	--cm--
SM6-3	135,33 d	42,67 c	2,44 a	71,00 bc	9,00 bc
SM10-1	142,67 cd	48,67 bc	2,34 ab	67,33 c	9,50 abc
SB9-2	148,00 bcd	40,00 c	1,70 abcde	73,33 abc	8,97 bc
SM12-2	192,67 a	61,00 b	2,12 abc	87,33 a	9,67 abc
T8-2A	140,00 d	48,00 c	1,38 cde	84,33 ab	8,33 bc
SM7-8	136,67 d	42,67 c	1,17 e	77,67 abc	8,00 c
SB12-2	165,00 bcd	79,67 a	1,59 bcde	77,00 abc	9,00 bc
SM7-3	145,00 bcd	42,33 c	1,27 de	79,00 abc	8,33 bc
T8-2B	163,00 bcd	52,33 bc	1,49 cde	67,33 c	8,33 bc
SB5-1C	144,33 bcd	48,00 c	2,02 abcd	75,67 abc	9,83 ab
T9-2	146,33 bcd	41,67 c	1,70 abcde	68,00 c	9,33 abc
T10-3	141,67 cd	47,33 c	2,02 abcd	72,67 abc	10,77 a

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

Perbedaan ini diduga disebabkan oleh perbedaan populasi jagung manis yang digunakan diantara percobaan-percobaan tersebut. Populasi jagung manis pada penelitian ini menggunakan galur-galur yang sama dengan Mahato *et al.* (2018) yaitu galur-galur jagung manis inbrida, namun berbeda dengan Magar *et al.* (2021) yang menggunakan populasi jagung bersari bebas

dan Alan *et al.* (2013) yang menggunakan populasi jagung manis F₁ hibrida.

Galur-galur inbrida jagung manis umumnya memiliki karakter lebih inferior (tinggi tanaman lebih pendek atau ukuran tongkol lebih kecil) dibandingkan populasi jagung manis bersari bebas dan hibrida. Hal ini akibat adanya *inbreeding depression* yang tinggi pada galur inbrida jagung manis.

Terjadinya penurunan tinggi tanaman dan hasil tanaman jagung merupakan akibat dari *inbreeding depression* dari populasi jagung S_1 (generasi hasil selfing pertama) yang masih heterozigot sampai dengan S_5 (generasi hasil selfing kelima) yang memiliki homozigositas tinggi (Ali *et al.*, 2019). Terdapat *inbreeding depression* sebesar 2,46 – 16,80% pada tinggi tanaman populasi jagung F_2 dibandingkan populasi F_1 atau

hibridanya (Hussein & Mohammed, 2018; Kumari *et al.*, 2018). Jagung manis merupakan tanaman menyerbuk silang yang umumnya memiliki heterosis dan *inbreeding depression* yang tinggi dibandingkan tanaman menyerbuk sendiri. Selain itu, heterosis tinggi tanaman dan panjang tongkol jaung manis berkisar antara 27,70 – 39,97% dan 12,26 – 19,51% (Armandoni *et al.*, 2022).

Tabel 5. Panjang tongkol, diameter tongkol, padatan total terlarut, bobot tongkol berkelobot dan bobot tongkol tanpa kelobot berbagai galur murni jagung manis

Galur	Panjang tongkol	Diameter tongkol	Padatan total terlarut	Bobot tongkol berkelobot	Bobot tongkol tanpa kelobot
	--cm--	--cm--	--°Brix--	--g--	--g--
SM6-3	15,53 ef	3,99 ab	12,43 abc	210,83 bcd	142,33 bcd
SM10-1	17,53 bcde	3,83 ab	12,13 abc	221,53 bc	114,53 cdef
SB9-2	17,03 cde	3,83 ab	11,43 cd	164,83 de	87,33 f
SM12-2	21,00 a	4,62 a	11,70 bc	300,00 a	235,50 a
T8-2A	19,03 abc	3,51 b	13,13 a	168,83 de	113,33 cdef
SM7-8	18,03 bcd	3,99 ab	11,33 cd	165,83 de	146,00 bc
SB12-2	14,53 f	3,83 ab	10,13 d	108,33 f	89,83 ef
SM7-3	15,53 ef	4,31 ab	10,23 d	160,83 de	127,33 bcdef
T8-2B	18,03 bcd	4,31 ab	12,93 ab	189,33 cde	140,83 bcde
SB5-1C	18,53 abc	3,67 ab	11,03 cd	210,33 bcd	127,33 bcdef
T9-2	16,03 def	3,51 b	11,53 bcd	151,33 ef	93,83 def
T10-3	19,53 ab	4,31 ab	13,43 a	252,33 ab	171,83 b

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

Pendugaan Parameter Genetik dari berbagai Karakter Jagung Manis

Nilai KKG berbagai karakter kuantitatif jagung manis yang diamati pada penelitian ini bervariasi (6,96 – 30,14%) dari rendah sampai tinggi. Nilai KKG tinggi dihasilkan oleh karakter tinggi tongkol, diameter batang, bobot tongkol berkelobot dan bobot otngkol tanpa kelobot. Nilai KKG sedang dihasilkan oleh karakter tinggi tanaman dan panjang tongkol, sedangkan nilai KKG rendah dihasilkan oleh karakter panjang daun, lebar

daun, diameter tongkol dan padatan terlarut total (Tabel 6). Hasil ini tidak jauh berbeda dengan Chavan *et al.* (2020) namun lebih relatif lebih tinggi dibandingkan hasil penelitian Niji *et al.* (2018). Hal ini disebabkan karena Chavan *et al.* (2020) menggunakan populasi galur jagung manis yang sama dengan penelitian ini yaitu galur jagung manis inbrida, sedangkan Niji *et al.* (2018) menggunakan populasi jagung manis hibrida yang diduga sudah memiliki idiotipe sesuai dengan preferensi konsumen

sehingga keragamannya menjadi lebih terbatas.

Nilai KKG mengindikasikan adanya keragaman yang tinggi pada suatu karakter sedangkan nilai KKG yang rendah mengindikasikan keragaman genetik yang rendah pada suatu karakter (Heryanto *et al.*, 2022). Hal ini menjadikan perbaikan terhadap karakter-karakter dengan nilai KKG

yang tinggi dapat lebih efektif dibandingkan perbaikan pada karakter dengan nilai KKG yang rendah (Gao, 2021). Peningkatan keragaman genetik dapat dilakukan dengan berbagai pendekatan seperti dengan hibridisasi buatan, induksi mutasi, transformasi gen, dan genome editing (Graham *et al.*, 2020; Kumar *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2020).

Tabel 6. Parameter genetik berbagai karakter jagung manis

Karakter	Rata-rata	S.E.	σ^2_e	σ^2_g	σ^2_f	H_{BS}	KKG	KKF
TTan	150,06	4,49	53,85	246,15	300,00	82,05	10,46	11,54
TTong	49,53	3,07	16,96	117,67	134,63	87,40	21,90	23,43
DBat	1,77	0,11	0,07	0,15	0,22	68,18	21,88	26,50
PD	75,06	1,78	26,66	32,71	59,37	55,09	7,62	10,27
LD	9,09	0,22	0,33	0,51	0,84	60,87	7,88	10,10
PTong	17,53	0,52	0,68	3,34	4,02	83,10	10,43	11,44
DTong	3,98	0,10	0,13	0,08	0,21	37,10	6,96	11,43
PTT	11,79	0,29	0,23	1,06	1,29	82,17	8,74	9,64
BTKel	192,03	14,06	305,91	2485,20	2791,11	89,04	25,96	27,51
BTTKel	132,5	11,37	289,64	1594,69	1884,33	84,63	30,14	32,76

Keterangan : Ttan = tinggi tanaman (cm), Ttong = tinggi tongkol (cm), Dbat = Diameter batang (cm), PD = Panjang daun (cm), LD = Lebar daun (cm), Ptong = Panjang tongkol (cm), Dtong = Diameter tongkol, PTT = Padatan total terlarut ($^{\circ}\text{Brix}$), BTKel = Bobot tongkol berkelobot (g), BTTKel = Bobot tongkol tanpa kelobot (cm), S.E. = Standar error ($\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$), σ^2_e = Ragam lingkungan, σ^2_g = Ragam genetik, σ^2_p = Ragam fenotipe, H_{BS} = Heritabilitas arti luas (%), KKG = Koefisien keragaman genotipik (%), KKF = Koefisien keragaman fenotipe (%).

Nilai KKF lebih tinggi dibandingkan nilai KKG pada seluruh karakter menunjukkan adanya pengaruh lingkungan (Bayisa *et al.*, 2020; Behera *et al.*, 2018; Buthelezi *et al.*, 2019). Hal ini dapat terjadi karena karakter-karakter tersebut merupakan karakter kuantitatif yang dikendalikan oleh banyak gen dan mudah dipengaruhi lingkungan (Rosmaina *et al.*, 2021). Hasil ini sama dengan penelitian yang telah dilakukan oleh Niji *et al.* (2018), Abe & Adelegan (2019) dan Chavan *et al.* (2020). Namun demikian, nilai KKG dan KKF yang tidak berbeda jauh ($KKG/KKF > 0,5$) pada hampir seluruh karakter yang diamati mengindikasikan

keragaman pada karakter-karakter tersebut lebih besar dipengaruhi oleh keragaman faktor genetik dibandingkan keragaman lingkungan (Andini *et al.*, 2021; Hapsari, 2016). Metode seleksi fenotipe akan lebih efektif dilakukan pada karakter-karakter yang keragamannya lebih banyak dipengaruhi oleh genetik dibandingkan lingkungan (Niji *et al.*, 2018; Shweta *et al.*, 2020).

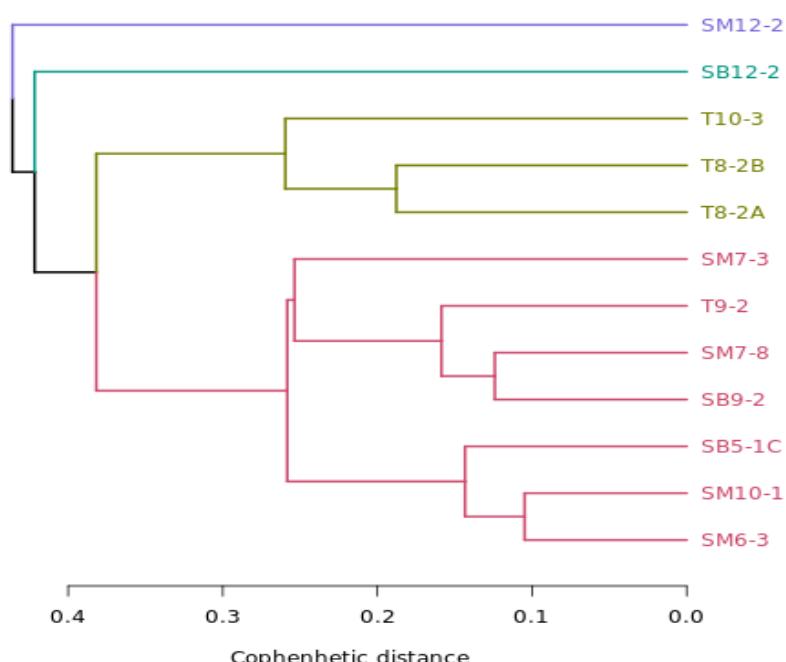
Proporsi pengaruh ragam genetik terhadap ragam fenotipe suatu karakter juga dapat diduga dengan menggunakan nilai heritabilitas arti luas (H_{BS}) selain dengan menggunakan perbedaan nilai KKG dan KKF.

Nilai H_{BS} yang tinggi pada suatu karakter mengindikasikan bahwa faktor genetik lebih berperan dibandingkan faktor lingkungan pada keragaman fenotipe karakter tersebut (Taneva *et al.*, 2019). Seluruh karakter agronomi jagung manis yang diamati pada penelitian ini menghasilkan nilai H_{BS} yang tinggi kecuali karakter diameter tongkol (Tabel 6). Hal ini menunjukkan bahwa keragaman pada sebagian besar karakter pada penelitian ini lebih besar disebabkan oleh genetik dibandingkan lingkungan. Hasil ini hampir sama dengan hasil penelitian Niji *et al.* (2018), Abe & Adelegan (2019), serta (Vanipraveena *et al.* 2022) yang menunjukkan bahwa faktor genetik lebih berperan dibandingkan faktor lingkungan pada berbagai agronomi tanaman jagung manis. Seleksi langsung lebih efektif

dilakukan pada yang memiliki nilai H_{BS} tinggi dibandingkan pada karakter dengan H_{BS} yang rendah (Ghasolia *et al.*, 2021). Seleksi langsung pada karakter-karakter dengan H_{BS} rendah dapat menyebabkan lambatnya kemajuan seleksi (Ritonga *et al.*, 2018).

Analisis Klaster terhadap Berbagai Galur Murni Jagung Manis

Analisis klaster berdasarkan karakter kualitatif dan kuantitatif membagi 12 galur jagung manis kedalam 4 klaster utama. Klaster 1 dan 2 masing-masing terdiri atas 1 galur yaitu galur jagung manis SM12-2 dan SB12-2. Kluster 3 terdiri atas 3 galur (T10-3, T8-2B dan T8-2A) sedangkan kluster 5 terdiri atas 7 galur yaitu SM7-3, T9-2, SM7-8, SB5-2, SB%1C, SM10-1 dan SM6-3.



Gambar 1. *Hierarchical cluster* berbagai galur murni jagung manis menggunakan “*Gower dissimilarity*” dan “*Complete linkage clustering method*”

Berdasarkan nilai tengah karakter bobot tongkol dan kemanisan biji serta hasil analisis kluster, hibrida F_1 hasil persilangan

galur SM12-2 dan galur T10-3 diduga merupakan hibrida yang potensial menghasilkan produktivitas dan kemanisan

biji yang terbaik diantara kombinasi berbagai galur di penelitian ini. Hal ini karena galur tetua SM12-2 berasal dari kluster yang berbeda dengan T10-3 (Gambar 1) namun sama-sama memiliki bobot tongkol dan kemanisan yang tinggi (Tabel 5). Salah satu kriteria dalam penentuan tetua untuk hibrida tanaman jagung manis adalah memiliki heterosis yang tinggi. Heterosis yang tinggi pada tanaman jagung dapat diidentifikasi salah satunya dengan memilih galur yang memiliki jarak genetik yang jauh yang dapat ditunjukkan dengan perbedaan kluster pada analisis kluster (Mahato *et al.*, 2018, 2021). Selain itu, produktivitas hibrida yang tinggi juga sangat ditentukan oleh tingginya produktivitas dari kedua galur tetua yang dipilih (Ganefianti & Fahrurrozi, 2018).

SIMPULAN

1. Terdapat perbedaan karakter kualitatif dan kuantitatif diantara galur jagung manis yang diuji
2. Karakter tinggi tanaman, tinggi tongkol, diameter batang, panjang tongkol, dan bobot tongkol memiliki nilai heritabilitas yang tinggi serta nilai koefesien keragaman genetik yang moderate sampai tinggi
3. Galur jagung manis SM12-2 dan T10-3 merupakan galur tetua yang potensial menghasilkan bobot tongkol dan kemanisan biji yang tinggi.

UCAPAN TERIMAKASIH

Ucapan terimakasih disampaikan kepada Balai Penyuluhan dan Pengembangan Sumberdaya Manusia Pertanian, Kementerian Pertanian Republik Indonesia yang telah membiayai penelitian ini melalui skema Penelitian Strategis Tahun 2022.

DAFTAR PUSTAKA

- Abe, A., & Adelegan, C. A. (2019). Genetic variability, heritability and genetic advance in shrunken-2 super-sweet corn (*Zea mays L. saccharata*) populations. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 11(4), 100–105. <https://doi.org/10.5897/jpbcs2018.0799>
- Alan, O., Kinaci, G., Kinaci, E., Kutlu, I., Budak Basciftci, Z., Sonmez, K., & Evrenosoglu, Y. (2013). Genetic variability and association analysis of some quantitative characters in sweet corn. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 41(2), 404–413. <https://doi.org/10.15835/nbha4129175>
- Ali, M., Kuswanto, & Kustanto, H. (2019). Phenomenon of inbreeding depression on maize in perspective of the quran. *Agrivita*, 41(2), 385–393. <https://doi.org/10.17503/agrivita.v41i2.2022>
- Andini, S. N., Kartahadimaja, J., & Sari, M. F. (2021). Seleksi mutan generasi dua (M2) kedelai hitam terhadap produksi tinggi. *Jurnal Penelitian Pertanian Terapan*, 21(1), 32–39. <https://doi.org/10.25181/jppt.v21i1.950>
- Armandoni, E. A., Purnamaningsih, L., & Rifianto, A. (2022). Pendugaan nilai heterosis tujuh hibrida jagung manis (*Zea mays L. Saccharata*). *Plantropica Journal of Agricultural Science*, 72(2), 10–17. <http://dx.doi.org/10.21776/ub.jpt.2022.007.2.2>
- 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.v10i1.633>
- 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>
- Chavan, S., Bhadru, D., Swarnalatha, V., & Malliah, B. (2020). Studies on genetic parameters, correlation and path analysis for yield and yield attributing traits in sweet corn (*Zea mays L. saccharata*). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 9(7), 1725–1734. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2020.907.199>
- Dermail, A., Fuengtee, A., Lertrat, K., Suwarno, W. B., Lübbertsdet, T., & Suriharn, K. (2022). Simultaneous selection of sweet-waxy corn ideotypes appealing to hybrid seed producers, growers, and consumers in Thailand. *Agronomy*, 12(1). <https://doi.org/10.3390/agronomy12010087>
- Ganefianti, D. W., & Fahrurrozi, F. (2018). Heterosis and combining ability in complete diallel cross of seven chili pepper genotypes grown in Ultisol. *AgriVita*, 40(2), 360–370. <https://doi.org/10.17503/agrivita.v40i2.991>
- Gao, C. (2021). Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*, 184(6), 1621–1635. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.005>
- Ghasolia, M. K., Meena, A. K., Yadav, G. L., & Meena, R. K. (2021). Assessment of genetic variability parameters in cluster bean (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.). *Frontiers in Crop Improvement*, 9(May), 4045–4048.
- Ghimire, B., Timsina, D., & Nepal, J. (2015). Analysis of chlorophyll content and its correlation with yield attributing traits on early varieties of maize (*Zea mays L.*). *Journal of Maize Research and Development*, 1(1), 134–145. <https://doi.org/10.3126/jmr.v1i1.14251>
- Graham, N., Patil, G. B., Bubeck, D. M., Dobert, R. C., Glenn, K. C., Gutsche, A. T., Kumar, S., Lindbo, J. A., Maas, L., May, G. D., Vega-Sanchez, M. E., Stupar, R. M., & Morrell, P. L. (2020). Plant genome editing and the relevance of off-target changes [OPEN]. *Plant Physiology*, 183(4), 1453–1471. <https://doi.org/10.1104/pp.19.01194>
- Hapsari, R. T. (2016). Pendugaan keragaman genetik dan korelasi antara komponen hasil kacang hijau berumur genjah. *Buletin Plasma Nutfah*, 20(2), 51. <https://doi.org/10.21082/blpn.v20n2.2014.p51-58>
- Hartati, S., Barmawi, M., & Sadiyah, N. (2013). Pola segregasi karakter agronomi tanaman kedelai generasi F2 hasil persilangan Wilis x B3570. *Jurnal Agrotek Tropika*, 1(12), 8–13. <https://doi.org/10.23960/jat.v2i2.2097>
- Heryanto, F. S. S., Wirnas, 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>
- Hussein, Z. T., & Mohammed, A. O. (2018). Relationship between Selfing Generations and hybrid vigor in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Plant Production*, 9(1), 7–12. <https://doi.org/10.21608/jpp.2018.35231>
- Jumaa, R. F., & Madab, D. S. (2018). Estimation genetic diversity by using cluster, D2 and principle component analysis of maize inbred lines (*Zea mays* L.). *Tikrit Journal for Agricultural Science*, 18(4), 39–50.
- 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). <https://doi.org/10.1007/s10722-020-01032-0>
- Kumar, S., Palve, A., Joshi, C., Srivastava, R. K., & Rukhsar. (2019). Crop biofortification for iron (Fe), zinc (Zn) and vitamin A with transgenic approaches. *Helixon*, 5(6), e01914. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2019.e01914>
- Kumari, R., Singh, A. K., & Suman, S. (2018). Quantitative studies on heterosis and inbreeding depression in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Applied and Natural Science*, 10(1), 64–69. <https://doi.org/10.31018/jans.v10i1.1580>
- Magar, B. T., Acharya, S., Gyawali, B., Timilsena, K., Upadhyaya, J., & Shrestha, J. (2021). Genetic variability and trait association in maize (*Zea mays* L.) varieties for growth and yield traits. *Helixon*, 7(9), e07939. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e07939>
- Mahato, A., Shahi, J. P., Singh, P. K., & Kumar, M. (2018). Genetic diversity of sweet corn inbreds using agro-morphological traits and microsatellite markers. *3 Biotech*, 8(8), 1–9. <https://doi.org/10.1007/s13205-018-1353-5>
- Mahato, A., Shahi, J. P., Singh, P. K., Kumar, M., & Singamsetti, A. (2021). Heterotic grouping of sweet corn (*Zea mays* L. *sachharata*) genotypes based on their combining ability and molecular diversity Enhancing the cotton productivity by reducing the inter culture operations through chemical weed control View project STRASA Vie. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 81(3), 410–421. <https://doi.org/10.31742/IJGPB.81.3.8>
- Mulyani, A., & Sarwani, M. (2013). Karakteristik dan potensi lahan kering beriklim kering untuk pengembangan pertanian di Provinsi Nusa Tenggara Timur. *Jurnal Sumberdaya Lahan*, 7(1), 47–55.
- Niji, M. S., Ravikesavan, R., Ganesan, K. N., & Chitteshwari, T. (2018). Genetic variability, heritability and character association studies in sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 9(3), 1038–1044. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2018.00129.1>
- Nurdiana, K., Suyudi, S., & Nuryaman, H. (2020). Preferensi konsumen terhadap buah pepaya califonia di Pasar Banjar. *Jurnal Agristan*, 2(1). <https://doi.org/10.37058/ja.v2i1.2347>
- Purba, R., Matondang, T. D., & Wulan Minda Sari. (2019). Pengaruh pupuk kalium dan kompos tandan kosong kelapa sawit terhadap pertumbuhan dan

- produksi jagung manis. *Jurnal Rhizobia*, 1(1), 16–31.
<https://doi.org/10.36985/rhizobia.v8i1.69>
- Ritonga, A. W., Chozin, M. A., Syukur, M., Maharijaya, A., & Sobir. (2018). Short communication: Genetic variability, heritability, correlation, and path analysis in tomato (*Solanum lycopersicum*) under shading condition. *Biodiversitas*, 19(4), 1527–1531.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d190445>
- Ritonga, A. W., Syukur, M., Yunianti, R., & Sobir, S. (2018). Assessment of natural cross-pollination levels in chili pepper (*Capsicum annuum L.*). *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 196(1).
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/196/1/012008>
- Rosmaina, Elfianis, R., Almaksur, A., & Zulfahmi. (2021). Minimal number of morphoagronomic characters required for the identification of pineapple (*Ananas comosus*) cultivars in peatlands of riau, indonesia. *Biodiversitas*, 22(9), 3854–3862.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d220931>
- Ruswandi, D., Supriatna, J., Suryadi, E., Indriani, N. P., Wicaksana, N., & Syafii, M. (2021). Evaluasi kegenjahan dan daya hasil jagung manis hibrida Indonesia menggunakan analisis GGE biplot pada lingkungan yang berbeda. *Kultivasi*, 20(2), 120–128.
<https://doi.org/10.24198/kultivasi.v20i2.32748>
- Saravanan, K. R., Vishnupriya, V., Prakash, M., & Anandan, R. (2019). Variability, heritability and genetic advance in tomato genotypes. *Indian Journal of Agricultural Research*, 53(1), 92–95.
<https://doi.org/10.18805/IJARe.A-5030>
- Selvi, D. T., Srimathi, P., Senthil, N., & Ganesan, K. N. (2013). Distinctness, uniformity and stability (DUS) characterization on phenological traits and assessing the diversity of inbreds in maize (*Zea mays L.*). *African Journal of Agricultural Research*, 8(48), 6086–6092.
<https://doi.org/10.5897/AJAR2013.7410>
- Shweta, Upadhyay, N., & Singh, H. C. (2020). Genetic analysis of sweet corn inbred lines and hybrids. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 9(5), 920–924.
- Stanfield, W.D., (1983). Theory and Problems of Genetics, 2nd ed. Schain's Outline Series. Mc. Graw-Hill, New Delhi
- Subardja, V. (2017). Karakteristik Pertumbuhan dan hasil jagung manis di lahan marginal dengan dosis pemupukan N yang berbeda. *Jurnal Agrotek Indonesia*, 2(1), 7–12.
<https://doi.org/10.33661/jai.v2i1.712>
- Sudika, I. W., & Anugrahwati, D. R. (2021). Perbaikan sudut daun populasi komposit tanaman jagung melalui hibridisasi dengan varietas hibrida. *Jurnal Sains Teknologi & Lingkungan*, 13(13), 254–266.
<https://doi.org/10.29303/jstl.v0i0.261>
- Talanca, A. H. (2015). Evaluasi varietas/genotipe jagung quality protein maize (QPM) terhadap penyakit bulai. *J. Agrotan*, 1(2), 48–58.
- Taneva, K., Bozhanova, V., & Petrova, I. (2019). Variability, heritability and genetic advance of some grain quality traits and grain yield in durum wheat genotypes. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 25(2), 288–295.

- Upadyayula, N., Da Silva, H. S., Bohn, M. O., & Rocheford, T. R. (2006). Genetic and QTL analysis of maize tassel and ear inflorescence architecture. *Theoretical and Applied Genetics*, 112(4), 592–606. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0133-x>
- Vanipraveena, M., Talekar, S. C., & Kachapur, R. M. (2022). Studies on genetic variability, heritability and genetic advance in sweet corn for green ear yield and yield related traits. *International Journal of Agricultural Sciences*, 18(2), 592–594. <https://doi.org/10.5958/2230-7338.2017.00071.4>
- Yurlisa, K., Dawam Maghfoer, M., Aini, N., & Sumiya Dwi Yamika, W. (2019). Preferensi konsumen terhadap atribut kualitas tiga jenis sayuran indigenous di Jawa Timur, Indonesia. *Jurnal Hortikultura Indonesia*, 9(3), 158–166. <https://doi.org/10.29244/jhi.9.3.158-166>
- Zhang, Y., Pribil, M., Palmgren, M., & Gao, C. (2020). A CRISPR way for accelerating improvement of food crops. *Nature Food*, 1(4), 200–205. <https://doi.org/10.1038/s43016-020-0051-8>.