

ANALISIS RATA-RATA GENERASI JAGUNG UNPAD TOLERAN NAUNGAN PADA SISTEM AGROFORESTRI DENGAN ALBIZIA DI JAWA BARAT

GENERATION MEAN ANALYSIS (GMA) OF UNPAD MAIZE GENOTYPE SHADE TOLERANT UNDER AGROFORESTRY SYSTEM WITH ALBIZIA IN WEST JAVA

Muhammad Syafii¹⁾ dan Dedi Ruswandi²⁾

¹⁾ Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian Universitas Singaperbangsa Karawang
Jl. H. S. Ronggowaluyo Teluk Jambe Karawang 41361

²⁾ Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran Bandung
Jl. Raya Bandung Sumedang KM.21, Sumedang 45363

Korespondensi: muhammad.syafii@staff.unsika.ac.id

Diterima 24 September 2018 /Disetujui 5 Juli 2019

ABSTRAK

Aksi gen yang berperan terhadap suatu karakter dapat dipelajari dan dijadikan dasar dalam menentukan metode seleksi kegiatan pemuliaan. Analisa rata-rata generasi (*generation mean analysis*) merupakan salah satu cara yang dapat digunakan untuk menduga aksi gen, baik aditif, dominan dan interaksi non-alelik (*epistasis*) terhadap ekspresi suatu karakter. Metode ini digunakan untuk menduga model genetik yang berperan dalam ekspresi suatu karakter. Tujuan riset untuk menduga peran gen jagung toleran naungan pada sistem agroforestri dengan albizia. Penelitian dilaksanakan pada Oktober 2015 - Maret 2016 di Kebun Percobaan Kutamandiri, Kabupaten Sumedang. Materi genetik yang digunakan adalah galur toleran naungan M7DR 4.8.8, galur peka naungan G-203-1, F₁ hasil persilangan G-2031 x M7DR 4.8.8, F₂ keturunan dari F₁, dan BC₁F₁ dan BC₂F₁. Hasil penelitian menunjukkan bahwa karakter jumlah baris per tongkol terdapat kesesuaian model dengan aditif-dominan dan tidak terdapat efek epistasis pada hasil persilangan antara G-2031 x M7DR 4.8.8. Model genetik m [d] [h] [i] sesuai dengan karakter tinggi tanaman dan bobot pipil per tongkol; model m [d] [h] [i] [l] sesuai dengan karakter panjang ruas, diameter tongkol, dan karakter bobot tongkol per tongkol; dan model m [d] [h] [j] [l] sesuai dengan karakter panjang tongkol. Karakter kadar klorofil tidak memiliki kesesuaian dengan model genetik yang diduga.

Kata kunci: Aditif-dominan, GMA, Jagung, Naungan.

ABSTRACT

Gene action that has a role in a character can be studied and used as a basic on determining the method of selection in breeding programs. Generation mean analysis is one of the methods that can be used to estimate the gene action, both additive, dominant and non-allelic (epistatic) interactions to the expression of a character. The method was used to predict the genetic model that plays a role in the expression of a character. The objective of the research was to predict the role of shade tolerant maize genes in the agroforestry system with albizia. The research was conducted on October 2015 - March 2016 at Kutamandiri Experiment Garden, Kabupaten Sumedang. The genetic materials was the shade tolerant line M7DR 4.8.8, shade susceptible G-203-1, F₁ derived from G-2031 x M7DR 4.8.8, F₂ breeds from F₁, and BC₁F₁

ISSN : 2407-7933

66

Cite this as: Syafii, M dan Ruswandi, D. (2019). Analisis rata-rata generasi jagung Unpad toleran naungan pada sistem agroforestri dengan albizia di Jawa Barat. *Jurnal Agro*, 6(1), 66-76 <https://doi.org/10.15575/3301>

and BC_2F_1 . The results showed that number of row per cob character was suitable to the dominant additive model and there was no effect of epistasis on the crosses between G-2031 x M7DR 4.8.8. The genetic model m [d] [h] [i] corresponded to the plant height and the weight of seed per cob; model m [d] [h] [i] [l] corresponded to the character of the length of the node, cob diameter, and cob weight per ear; and the m [d] [h] [j] [l] model corresponded to the cob length character. The chlorophyll content character has no corresponding alleged genetic model.

Key words: Corn, GMA, Shade, Additive-dominant

PENDAHULUAN

Jagung (*Zea mays* L.) adalah salah satu tanaman serealia penting di dunia, setelah padi dan gandum. Jagung merupakan komoditas strategis dan bernilai ekonomis tinggi, disamping sebagai sumber karbohidrat juga sebagai salah satu komponen utama dalam industri pangan dan pakan ternak, industri biofuel, kosmetik dan sebagai bahan baku obat (farmakologi) baik di Asia, Eropa, Amerika Tengah, Amerika Selatan maupun Amerika Serikat (Ruswandi *et al.*, 2017; Syafii *et al.*, 2015).

Upaya peningkatan produksi jagung nasional terus dilakukan, diantaranya melalui strategi perakitan kultivar jagung unggul baru yang adaptif lingkungan serta pemanfaatan areal lahan sub optimal dan lahan agroforestri secara optimal (Syafii *et al.*, 2015). Agroforestri merupakan sistem pengelolaan sumber daya alam yang dinamis dan berbasis ekologi, dengan memadukan berbagai jenis pohon dan tanaman sela pada bentang lahan tertentu (Gao *et al.*, 2013; Senoaji, 2012). Potensi pengembangan jagung pada lahan agroforestri sangat prospektif terutama pada lahan penanaman albizia (Syafii *et al.*, 2016). Penanaman jagung dibawah tegakan albizia dapat dilakukan pada tanaman belum menghasilkan, yaitu pada

tahun pertama sampai tahun ketiga. Pada tahun pertama penanaman dilakukan tanpa naungan, namun pada tahun ketiga tinggi tanaman albizia dapat mencapai 6 m yang dapat menaungi tanaman jagung. Tanaman yang ternaungi dapat menyebabkan berkurangnya potensi genetik karena kekurangan pencahayaan sehingga mengurangi aktivitas fotosintesis (Wang *et al.*, 2013). Sistem agroforestri berpotensi memberikan manfaat sosial, ekonomi dan lingkungan bagi para pengguna lahan (Hairiah *et al.*, 2002). Potensi areal lahan agroforestri di Indonesia sangat luas sekitar 14,1 juta ha dan sekitar 4,7 juta ha dapat ditanami dengan tanaman pangan (Krisnawati *et al.*, 2011).

Program pemuliaan untuk merakit varietas jagung unggul baru pada karakter tertentu telah dilaksanakan dengan menggunakan metode yang lebih modern yaitu dengan memanfaatkan marka morfologi maupun marka molekuler (Kumar *et al.*, 2009). Pada karakter toleransi terhadap cekaman lingkungan abiotik telah banyak ditemukan gen-gen pengendali karakter tersebut baik secara konvensional maupun menggunakan teknologi maju seperti biomolekuler dan penanda molekuler (Liu & Tollenaar, 2009). Perilaku aksi gen yang bertanggung jawab terhadap suatu karakter penting untuk

dipelajari dan diketahui karena dapat dijadikan dasar dalam menentukan metode seleksi dan penentuan target atau tujuan suatu kegiatan pemuliaan (Trikoesoemaningtyas *et al.*, 2017).

Analisa rata-rata generasi (*generation mean analysis*) merupakan salah satu cara yang dapat digunakan untuk menduga aksi gen, meliputi adanya peran gen aditif, dominan dan interaksi non-alelik (*epistasis*) terhadap ekspresi suatu karakter. Disamping itu, metode GMA (*generation mean analysis*) dapat juga digunakan untuk menduga model genetik yang berperan dalam ekspresi suatu karakter. Semakin besar jumlah generasi yang digunakan (3-6 generasi), maka semakin baik model genetik yang dapat diduga (Rao *et al.*, 2017). Terdapat dua macam metode pendugaan, yaitu uji skala secara individu (*scaling test*), menduga aksi gen dan model genetik dengan menguji sejumlah generasi secara terpisah; dan uji skala gabungan (*joint scaling test*), menduga aksi gen dan model genetik dengan menguji sejumlah generasi secara bersama-sama dan memungkinkan dilakukannya uji kesesuaian model genetik.

Para peneliti telah menggunakan metode analisis rata-rata generasi untuk menduga aksi gen dan parameter genetik, diantaranya: Rao *et al.* (2017) pada tanaman padi; Ruswandi *et al.* (2017) pada ketahanan penyakit *downy mildew* pada jagung; Syukur *et al.* (2009) pada ketahanan penyakit antraknosa pada cabai; Dea *et al.* (2015) pada kapas; Deshmukh & Gawande (2016); Farshadfar *et al.* (2011); Said, (2014) pada Wheat. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pola pewarisan, model kendali genetik dan perilaku aksi gen pada jagung Unpad

toleran naungan pada sistem agroforestri dengan albizia di Jawa Barat.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan pada Oktober 2015 sampai Maret 2016 di Kebun Percobaan Desa Kutamandiri, Tanjungsari, Kab. Sumedang dibawah tegakan pohon albizia berumur 3-4 tahun dengan radiasi surya yang diterima oleh tajuk tanaman jagung sebesar 1057.6 ft cd. Enam populasi generasi dasar yang digunakan terdiri dari populasi P₁ sebagai tetua peka (G-203-1), P₂ sebagai tetua toleran (M7DR 4.8.8), F₁ (P₁ x P₂), F₂ (F₁ selfing), BCP₁ (F₁ x P₁) dan BCP₂ (F₁ x P₂). Data parameter hasil pengamatan dianalisis dengan menggunakan uji skala secara individu (*scaling test*) menurut Hayman (1954) dan Jinks & Jones, (1958) dan uji skala gabungan (*joint scaling test*) menurut Bellmann (1973); Singh (1979).

Pada uji skala, pendugaan model genetik dan komponen dari rata-rata generasi dilakukan dengan menggunakan skala individual yaitu: A, B dan C (Bellmann, 1973) dengan menggunakan data dari populasi dasar P₁, P₂, F₁, F₂, BCP₁, dan BCP₂. Sedangkan pada uji skala gabungan, model diuji dengan uji kebaikan kesesuaian terboboti dan dapat digunakan untuk menduga parameter m, [d], [h] dan interaksi keduanya. Heritabilitas dihitung menggunakan rumus: $h^2_{bs} = \sigma^2G/\sigma^2P$, dimana h^2_{bs} = heritabilitas arti luas, σ^2G = ragam genetik, σ^2P = ragam fenotipe, heritabilitas arti sempit menggunakan rumus $h^2_{ns} = \sigma^2A/\sigma^2P$, dimana σ^2A adalah ragam aditif. Menurut Syukur *et al.* (2009) kriteria nilai heritabilitas adalah rendah = $h^2_{bs} < 0.2$; sedang = $0.2 < h^2_{bs} < 0.5$; dan tinggi = $h^2_{bs} > 0.5$, untuk kriteria antara

heritabilitas arti sempit dan heritabilitas arti luas adalah sama (Reddy & Jabeen, 2016).

Pendugaan rasio dominansi dihitung berdasarkan rumus pendugaan potensi rasio (hp) yang disarankan oleh Laurentin & Karlovsky (2006); Petr & Frey (1966) yaitu $hp = (F_1 - MP) / (HP - MP)$, dimana F_1 adalah rata-rata F_1 , HP adalah rata-rata tetua tahan, dan MP adalah nilai tengah kedua tetua. Berdasarkan nilai potensi rasio, derajat dominansi diklasifikasikan sebagai: $hp = 0$ (tidak ada dominansi); $hp = 1$ atau $hp = -1$ (dominan atau resesif penuh); $0 < hp < 1$ (dominan parsial); $-1 < hp < 0$ (resesif parsial); dan $hp > 1$ atau $hp < -1$ (overdominansi). Variabel yang diamati adalah karakter morfologi dan fisiologi yaitu tinggi tanaman, tinggi

tongkol, panjang ruas, dan kadar klorofil. Karakter komponen hasil terdiri dari diameter tongkol, jumlah baris per tongkol, bobot tongkol per plot, dan bobot pipil per plot pada populasi generasi dasar.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Uji Skala (*Scaling Test*)

Uji skala dilakukan untuk menduga model genetik dan komponen genetik dari rata rata generasi (*generation mean*) secara individual dengan menggunakan data pengamatan populasi P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_{P_1} , dan BC_{P_2} . Hasil uji skala secara individual untuk persilangan antara galur G-2031 x MDR 4.8.8 pada karakter tinggi tanaman, disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Analisis uji skala persilangan G-2031 x MDR 4.8.8 pada tinggi tanaman

	A		B		C
A	-19,24	A	-10,62	A	-64,06
Var (A)	18,10	Var (B)	16,73	Var (C)	87,30
SE (A)	4,26	SE (B)	4,09	SE (C)	9,34
t hit (A)	-4,52*	t hit (B)	-2,60*	t hit (C)	-6,87*

Keterangan: *= berbeda nyata pada t (0,05); ns= tidak berbeda nyata; Var= varian; SE= standar error; t hit= nilai t hitung

Pada Tabel 1 memperlihatkan bahwa nilai t hitung untuk skala A, B dan C berbeda nyata ($t \text{ hit} > 1,96$). Hal ini mengindikasikan bahwa model aditif-

dominan tidak sesuai untuk menduga komponen parameter genetik dan terdapat interaksi non-alelik (terdapat efek epistasis) (Dea *et al.*, 2015).

Tabel 2. Pendugaan Komponen Genetik pada Uji Skala pada Tinggi Tanaman

Pendugaan Komponen Genetik		Nilai
Pengaruh rata-rata	m	165,68
Pengaruh aksi gen aditif	[d]	31,28
Pengaruh aksi gen dominan	[h]	110,48
Pengaruh interaksi aditif x aditif	[i]	34,20
Pengaruh interaksi aditif x dominan	[j]	-4,31
Pengaruh interaksi dominan x dominan	[l]	-4,35

Ket: m: pengaruh rata-rata, [d]: pengaruh aksi gen aditif, [h]: pengaruh aksi gen dominan, [i]: pengaruh interaksi aditif x aditif, [j]: pengaruh interaksi aditif x dominan, [l]: pengaruh interaksi dominan x dominan

Hasil perhitungan nilai pendugaan komponen genetik adalah pengaruh rata-rata (m) sebesar 165,68, pengaruh aksi gen aditif [d] 31,28 dan pengaruh aksi gen dominan [h] sebesar 110,48 (Tabel 2). Nilai tersebut menunjukkan adanya pengaruh gen dominan yang lebih besar dibandingkan pengaruh aksi gen aditif. Karakter tinggi tanaman sangat dipengaruhi oleh aksi gen dominan dibanding gen aditif, dan arahnya positif.

Besarnya tingkat dominansi dapat dilihat dari derajat dominansi. Hasil perhitungan rasio dominansi persilangan adalah sebesar 2,14 (*overdominan*) artinya rata-rata tinggi tanaman diatas nilai tengah kedua tetua.

Hal ini juga dapat dilihat pada uji kesesuaian model, terlihat bahwa komponen yang berbeda nyata adalah pengaruh gen aditif [d], pengaruh gen dominan [h], dan pengaruh interaksi aditif x aditif (Tabel 3).

Tabel 3. Uji Kesesuaian model aditif-dominan dan interaksi non-alelik

Model	Nilai	Nilai Ragam	Nilai SE	t hit
m	165,68	3,54	1,88	88,11*
d	31,28	3,15	1,77	17,61*
h	110,48	76,87	8,77	12,60*
i	34,20	69,19	8,32	4,11*
j	-4,31	6,58	2,56	-1,68 ^{ns}
l	-4,35	137,77	11,74	-0,37 ^{ns}

Keterangan.: S.E.= nilai standar error, *= berbeda nyata pada t (0,05); ns= tidak berbeda nyata

Tabel 3 memperlihatkan bahwa pengaruh gen aditif berbeda nyata, pengaruh gen dominan berbeda nyata, dan pengaruh interaksi aditif x aditif berbeda nyata, hal ini mengindikasikan: (1) aksi gen dominan dan aksi gen aditif keduanya yang berperan pada karakter tinggi tanaman pada jagung, tetapi aksi gen dominan lebih berperan dan terdapat interaksi non-alelik. Efek aditif masing-masing gen akan diteruskan kepada turunannya, sehingga terjadi kemiripan antara tetua dan turunannya (Allard, 1960); (2) Terdapat interaksi non alelik pada populasi jagung yang diuji, yaitu pengaruh interaksi aditif x aditif, mungkin interaksi ini yang menyumbang pengaruh aditif didalam populasi dan nilai aditifnya tidak terlalu tinggi.

Uji Skala Gabungan (*Joint Scaling Test*)

Analisis menggunakan uji skala gabungan dengan model genetik aditif-dominan m [d] [h] menunjukkan hal yang sama dengan uji skala, bahwa model aditif-dominan tidak sesuai pada karakter tinggi tanaman. Hal ini menunjukkan bahwa pada persilangan tersebut ada interaksi antar alel (Noori *et al.*, 2016; Verma *et al.*, 2018). Pada analisis ini terdapat delapan model genetik yang diuji menggunakan uji χ^2 (Tabel 4), sedangkan model enam parameter m [d] [h] [i] [j] [l] tidak dapat diuji karena kekurangan derajat bebas.

Model genetik dengan nilai χ^2 hitung yang tidak berbeda nyata (ns) terhadap χ^2 tabel dinyatakan sebagai model genetik yang sesuai untuk karakter tinggi tanaman pada jagung. Berdasarkan uji χ^2 , terdapat tiga model genetik yang sesuai, yaitu m [d]

[h] [i], model m [d] [h] [i] [j], dan model m [d] [h] [i] [l].

Tabel 4. Pendugaan model genetik pada uji skala gabungan

Model Genetik	χ^2 hitung	χ^2 tabel
m [d]	844,49*	9,49
m [d] [h]	49,22*	7,81
m [d] [h] [i]	2,89 ^{ns}	5,99
m [d] [h] [j]	48,65*	5,99
m [d] [h] [l]	18,27*	5,99
m [d] [h] [i] [j]	0,14 ^{ns}	3,84
m [d] [h] [i] [l]	2,82 ^{ns}	3,84
m [d] [h] [j] [l]	16,91*	3,84

Keterangan: * = berbeda nyata χ^2 tabel (0,05); ns= tidak berbeda nyata

Selanjutnya, komponen genetik individual dari model yang sesuai diuji menggunakan uji t-student (Tabel 5). Komponen genetik yang berbeda nyata dianggap memberikan sumbangan terhadap model (Li *et al.*, 2008; Ljubičić *et al.*, 2016). Hasil uji t-student pada masing-masing komponen genetik individual menunjukkan bahwa model m [d] [h] [i] mempunyai semua nilai komponen genetik yang berbeda nyata baik pengaruh gen aditif, dominan, dan interaksi aditif x aditif. Pada model m [d] [h] [i] [j], semua komponen berbeda nyata tetapi interaksi aditif x dominan tidak nyata, dan pada model m [d] [h] [i] [l], semua komponen juga berbeda nyata kecuali interaksi dominan x dominan. Hasil tersebut menunjukkan bahwa model yang paling sesuai untuk karakter tinggi tanaman adalah model m [d] [h] [i] karena semua komponen genetiknya memberikan sumbangan yang nyata terhadap model genetik ini.

Adanya pengaruh aditif [d], dominan [h] dan [i] (interaksi aditif x aditif) serta pengaruh dominan lebih besar dari aditif secara teoritis dapat diasumsikan bahwa

populasi ini dapat dimanfaatkan untuk membuat jagung hibrida. Nilai dominan [h] mempunyai nilai positif dan interaksi aditif x aditif [i] positif tetapi nilainya kecil, dan jika kita buat nilai rata-rata populasi F₁ (219,84) lebih besar dibandingkan rata-rata kedua tetuanya ((179,16 + 107,97)/2 = 143,56) sangat signifikan penambahannya, sehingga populasi persilangan ini sangat cocok untuk dimanfaatkan dalam pembuatan jagung hibrida.

Tabel 5. Pendugaan komponen genetik individual pada karakter tinggi tanaman pada jagung persilangan galur G-2031 x MDR 4.8.8

Model	Komponen genetik	Nilai Komponen genetik
m [d] [h] [i]	m	111,97 ± 28,40*
	[d]	33,44 ± 1,22*
	[h]	108,05 ± 5,50*
m [d] [h] [i] [j]	[i]	30,64 ± 4,50*
	m	112,16 ± 3,94*
	[d]	35,70 ± 1,82*
	[h]	107,94 ± 5,50*
m [d] [h] [i] [l]	[i]	31,62 ± 4,50*
	[j]	-8,50 ± 5,12 ns
	m	110,03±8,51*
	[d]	33,34±1,28*
	[h]	112,82±19,37*
	[i]	32,41±8,25*
	[l]	-3,01±11,71 ^{ns}

Ket: m: pengaruh rata-rata; [d]: pengaruh aksi gen aditif; [h]: pengaruh aksi gen dominan; [i]: pengaruh interaksi aditif x aditif; [j]: pengaruh interaksi aditif x dominan; [l]: pengaruh interaksi dominan x dominan

Rekomendasi perakitan hibrida biasanya diberikan bila terdapat efek over-dominan yang menyebabkan terjadinya efek heterosis. Heritabilitas arti luas (h^2_{bs}) untuk karakter tinggi tanaman pada jagung persilangan galur G-2031 x MDR 4.8.8 mempunyai nilai 1,23, termasuk katagori tinggi (Barmawi *et al.*, 2013; Syafruddin *et*

al., 2012; Trikoesoemaningtyas *et al.*, 2017). Heritabilitas arti luas yang tinggi menunjukkan bahwa seleksi yang dilakukan pada karakter ini akan memberikan peluang mendapatkan kemajuan seleksi yang tinggi (kemajuan genetik “ΔG”) (Shereen & El-Nahrawy, 2018).

Heritabilitas arti sempit (h^2_{ns}) merupakan gambaran dari genetik aditif yang diwariskan kepada keturunannya. Nilai heritabilitas arti sempit mempunyai nilai 0.75, termasuk katageri tinggi (Tabel 6), menunjukkan bahwa seleksi pada karakter tersebut memberikan peluang besar untuk mendapatkan kemajuan seleksi yang lebih besar, sehingga karakter tinggi tanaman dapat digunakan dalam kriteria seleksi untuk pembentukan jagung hibrida.

Tabel 6. Nilai heritabilitas pada karakter tinggi tanaman

Heritabilitas	Nilai	Kategori
h^2_{bs}	1,23	tinggi
h^2_{ns}	0,75	tinggi

Ket. : $bs = broad\ sense\ heritability$ (heritabilitas arti luas); $ns = narrow\ sense\ heritability$ (heritabilitas arti sempit; kriteria nilai heritabilitas rendah = $h^2_{bs} < 0,2$, sedang = $0,2 < h^2_{bs} < 0,5$ dan tinggi = $h^2_{bs} > 0,5$)

Rekapitulasi hasil analisis menggunakan uji skala individual dan uji skala gabungan terhadap karakter tinggi tanaman, tinggi tongkol, panjang ruas, kadar klorofil, diameter tongkol, jumlah baris per tongkol, bobot tongkol per plot dan bobot pipil per plot, disajikan pada Tabel 7.

Sesuai dengan Tabel 7, rekapitulasi dari hasil uji skala dan uji skala gabungan pada semua karakter yang diamati dari hasil persilangan antara G-2031 x M7DR-4.8.8

menunjukkan bahwa tidak terdapat kesesuaian dengan model genetik aditif-dominan dan terdapat interaksi non-alelik, kecuali karakter jumlah baris per tongkol terdapat kesesuaian model dengan aditif-dominan dan tidak terdapat efek epistasis. Untuk semua karakter mempunyai tingkat dominansi dengan kategori overdominan, kecuali karakter panjang ruas dan diameter batang mempunyai tingkat dominansi dengan kategori resesif-parsial, hal ini sesuai penelitian (Yuan *et al.*, 2012). Berdasarkan hasil uji kesesuaian model dan pendugaan model genetik dapat diketahui bahwa model genetik yang sesuai dengan karakter tinggi tanaman adalah $m [d] [h] [i]$; karakter tinggi tongkol adalah $m [d] [h] [j] [l]$; karakter panjang ruas adalah $m [d] [h] [i] [l]$; karakter diameter tongkol adalah $m [d] [h] [i] [l]$; karakter bobot tongkol per tongkol adalah $m [d] [h] [i] [l]$; dan karakter bobot pipil per tongkol adalah $m [d] [h] [i]$. Pada karakter kadar klorofil dan jumlah baris per tongkol tidak ada yang sesuai dengan model genetik yang diduga.

Nilai heritabilitas arti luas semua karakter yang diamati antara 0,55 – 11,23 dengan kategori rendah sampai tinggi. Nilai heritabilitas arti sempit antara 0,10 – 9,8 dengan kategori rendah sampai tinggi. Karakter-karakter yang memiliki nilai heritabilitas tinggi adalah karakter tinggi tanaman, tinggi tongkol, kadar klorofil, dan bobot tongkol per plot sehingga karakter tersebut dapat dijadikan tolak ukur dalam seleksi untuk pembentukan varietas hibrida pada jagung toleran naungan.

Tabel 7. Rekapitulasi hasil uji skala individu dan uji skala gabungan pada persilangan antara G-2031 x MDR 4.8.8

Model	Ttan	Ttong	P Ruas	KLO	DT	JBT	BTT	BPT
Uji Skala :								
A	*	*	*	ns	*	ns	ns	ns
B	*	*	*	*	ns	ns	*	*
C	*	*	ns	*	*	ns	*	*
Kesesuaian model (aditif-dominan):	tidak sesuai	tidak sesuai	tidak sesuai	tidak sesuai	tidak sesuai	sesuai	tidak sesuai	tidak sesuai
Derajat dominansi:	OD	OD	RP	OD	OD	OD	OD	OD
Kesesuaian model: (aditif-dominan-epistasis)								
M	*	*	*	*	*	*	*	*
[d]	*	*	*	*	*	ns	*	*
[h]	*	*	*	*	*	*	*	*
[i]	*	ns	*	*	*	ns	*	*
[j]	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	*
[l]	ns	*	*	ns	*	ns	*	ns
Pendugaan model genetik:								
m [d]	*	*	*	*	*	*	*	*
m [d] [h]	*	*	*	*	*	ns	*	*
m [d] [h] [i]	ns	*	*	ns	*	ns	*	ns
m [d] [h] [j]	*	*	*	*	*	ns	*	*
m [d] [h] [l]	*	*	*	*	*	ns	*	*
m [d] [h] [i] [j]	ns	*	*	ns	*	ns	*	ns
m [d] [h] [i] [l]	ns	*	ns	ns	ns	ns	ns	*
m [d] [h] [j] [l]	*	ns	*	*	*	ns	*	*
Model yang sesuai:	m[d][h][i]	m[d][h][j][l]	m[d][h][i][l]	tidak ada	m[d][h][i][l]	tidak ada	m[d][h][i][l]	m[d][h][j][l]
Heritabilitas:								
h^2_{bs} (arti luas)	1.23	1.78	1.19	1.0	0,67	0.91	11,23	0.55
h^2_{ns} (arti sempit)	0.75	0.55	0.34	0.65	0,18	0.16	9,88	0,10

Keterangan: Ttan: tinggi tanaman; Ttong: tinggi tongkol; PR: panjang ruas; KLO: kadar klorofil; DT: diameter tongkol; JBT: jumlah baris per tongkol; BTT: bobot tongkol per plot; BPT: bobot pipil per plot; OD: over-dominan; D: dominan; RP: resesif parsial; R: resesif

SIMPULAN

Dari hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa model genetik yang sesuai adalah karakter tinggi tanaman: m[d][h][i]; karakter tinggi tongkol: m[d][h][j][l];

karakter panjang ruas: m[d][h][i][l]; karakter diameter tongkol: m[d][h][i][l]; karakter bobot tongkol: m[d][h][i][l]; dan karakter bobot pipil per tongkol yaitu: m[d][h][i]. Terdapat kesesuaian model aditif-dominan dengan dominansi tinggi

tanpa efek epistasis pada karakter jumlah baris per tongkol, namun tidak ada kesesuaian model genetik yang diduga. Sedangkan, karakter kadar klorofil tidak terdapat model yang sesuai dengan model aditif-dominan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih kami ucapkan sebesar-besarnya kepada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi Ristekdikti atas Beasiswa BPP-DN Tahun 2013 kepada penulis dan Puslitbangtan Kementerian Pertanian atas dukungan dana hibah penelitian melalui skema KKP3N Tahun 2014 & 2015.

DAFTAR PUSTAKA

- Barmawi, M., Sa'diyah, N., & Yantama, E. (2013). Kemajuan genetik dan heritabilitas karakter agronomi kedelai (*Glycine max* [L.] Merrill) generasi F2 persilangan Wilis Dan Mlg2521. In *Prosiding SEMIRATA 2013* (Vol. 1, pp. 77–82). Retrieved from <http://jurnal.fmipa.unila.ac.id/index.php/semirata/article/view/590>
- Bellmann, K. (1973). MATHER, K., and J. L. JINKS: Biometrical Genetics. The study of continuous Variation. Chapman and Hall, London 1971. XII, 382 S., £ 8.00. *Biometrische Zeitschrift*, 15(5), 364–365. <https://doi.org/10.1002/bimj.19730150511>
- Dea, M. Y., Moussa, S., Ibnou, D., Nasser, Y. K., & Adam, A. (2015). Generation mean analysis to estimate genetic parameters of some traits for rice – weed competitiveness. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 7(6), 163–169. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2014.0450>
- Deshmukh, R. A., & Gawande, V. I. (2016). Generation mean analysis for seed yield and its contributing traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 7(1), 86–93. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2016.00012.0>
- Farshadfar, E., Zali, H., & Mohammadi, R. (2011). Evaluation of phenotypic stability in chickpea genotypes using GGE-Biplot. *Annals of Biological Research*, 2(6), 282–292.
- Gao, L., Xu, H., Bi, H., Xi, W., Bao, B., Wang, X., Chang, Y. (2013). Intercropping competition between apple trees and crops in agroforestry systems on the Loess Plateau of China. *PLoS ONE*, 8(7), e70739. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070739>
- Hairiah, K., Noordwijk, V., Meine, & Suprayogo, D. (2002). Interaksi antara Pohon-Tanah-Tanaman Semusim: Kunci Keberhasilan atau Kegagalan dalam Sistem Agroforestri. In *Bahan ajar 2*. Retrieved from <http://www.worldagroforestry.org/sea/Publications/files/lecturenote/LN0035-06.pdf>
- Hayman, B. (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39(1), 789–809.
- Jinks, J. & Jones, R. M. (1958). Estimation of the components of heterosis. *Genetics*, 43(2), 223–234. Retrieved from <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1209876/>
- Krisnawati, H., Varis, E., Kallio, M. & Kanninen, M. (2011). *Paraserienthes falcata* (L.) Nielsen: ekologi, silvikultur dan produktivitas. Bogor: CIFOR. Retrieved from http://www.cifor.org/publications/pdf_files/Books/BKrisnawati1109.pdf
- Kumar, A., Kumar, J., Singh, R., Garg, T.,

- Chhuneja, P., Balyan, H. S., & Gupta, P. K. (2009). QTL analysis for grain colour and pre-harvest sprouting in bread wheat. *Plant Science*, 177(2), 114–122. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2009.04.004>
- Laurentin, H. E., & Karlovsky, P. (2006). Genetic relationship and diversity in a sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using amplified fragment length polymorphism (AFLP). *BMC Genetics*, 7(July), 431–436. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-7-10>
- Li, H., Ribaut, J. M., Li, Z., & Wang, J. (2008). Inclusive composite interval mapping (ICIM) for digenic epistasis of quantitative traits in biparental populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 116(2), 243–260. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0663-5>
- Liu, W., & Tollenaar, M. (2009). Physiological Mechanisms Underlying Heterosis for Shade Tolerance in Maize. *Crop Science*, 49(5), 1817–1826. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.07.0423>
- Ljubičić, N., Petrović, S., Dimitrijević, M., & Hristov, N. (2016). Genetic Analysis of some Important Quantitative Traits in Bread Wheat. *Journal of Crop Breeding and Genetics*, 2(2), 47–53. Retrieved from <https://dergipark.org.tr/download/article-file/333355>
- Noori, Z., Saleh, G., Foroughi, M., Behmaram, R., & Kashiani, P. (2016). Generation mean analysis for forage yield and quality in Kenaf. *Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 5(2), 23–31.
- Petr, F. C., & Frey, K. J. (1966). Genotypic correlations, dominance, and heritability of quantitative characters in oats. *Crop Science*, 6(3), 259–262. <https://doi.org/doi:10.2135/cropsci1966.0011183X000600030013x>
- Rao, M., Grithlahre, S., Bisen, P., Loitongbam, B., Dar, M. H., Zaidi, N. W., ... Singh, P. K. (2017). Generation mean analysis for grain yield and its component traits in submergence rice. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 49(4), 327–335. Retrieved from https://www.researchgate.net/publication/321386177_Generation_mean_analysis_for_grain_yield_and_its_component_traits_in_submergence_rice
- Reddy, V. R. A. M., & Jabeen, F. (2016). Narrow sense heritability, correlation and path analysis in maize (*Zea mays* L.). *Sabrao Journal of Breeding and Genetics*, 48(2), 120–126. Retrieved from <http://sabraojournal.org/wp-content/uploads/2018/01/SABRAO-J-Breed-Genet-48-2-120-126-Reddy-1.pdf>
- Robert W. Allard. (1960). *Principles of Plant Breeding*. New York/Chichester /London/Singapore/Sidney/Toronto: John Wileys & Sons.
- Ruswandi, D., Waluyo, B., Takdir Mak, A., Azizah, E., Yuwariah, Y., & Rostini, N. (2017). Simple sequence repeats analysis of new Indonesian maize inbred. *Asian Journal of Crop Science*, 9(4), 141–148. <https://doi.org/10.3923/ajcs.2017.141.148>
- Said, A. A. (2014). Generation mean analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress conditions. *Annals of Agricultural Sciences*, 59(2), 177–184. <https://doi.org/10.1016/j.aoas.2014.11.003>
- Senoaji, G. (2012). Pengelolaan lahan dengan sistem agroforestry oleh masyarakat baduy di banten selatan.

- Jurnal Bumi Lestari*, 12(2), 283–293. Retrieved from <http://docplayer.info/44164653-Pengelolaan-lahan-dengan-sistem-agroforestry-oleh-masyarakat-baduy-di-banten-selatan.html>
- Shereen, M., & El-Nahrawy. (2018). Agro-Morphological and Genetic Parameters of some Cowpea Genotypes. *Alexandria Science Exchange Journal*, 39(1), 56–64. Retrieved from <https://pdfs.semanticscholar.org/ed09/07e65dc102f083a268848cb556e3ede50ae8.pdf>
- Singh, H. K. and B. D. C. (1979). *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Ludhiana. New Delhi: Kalyani Publisher.
- Syafii, M., Cartika, I., & Ruswandi, D. (2015). Multivariate analysis of genetic diversity among some maize genotypes under maize- albizia cropping system in Indonesia. *Asian Journal of Crop Science*, 7(4), 244–255. <https://doi.org/10.3923/ajcs.2015.244.255>
- Syafii, M., Cartika, I., & Ruswandi, D. (2016). Penilaian tingkat respon galur jagung Unpad toleran naungan pada sistem Agroforestri dengan Albizia (*Albizia falcataria* L.) berdasarkan komponen indeks toleran. *Agrotek Indonesia*, 1(2), 73–80. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.33661/jai.v1i2.316.g312>
- Syafruddin, Azrai, M., & Suwarti. (2012). Genotipe jagung hibrida toleran N rendah. In *Prosiding Insinas 2012* (pp. 287–292). Retrieved from http://biofarmaka.ipb.ac.id/biofarmaka/2013/PIRS_2012_file-PG-TeX_48.pdf
- Syukur, M., Sujiprihati, S., & Koswara, J. (2009). Ketahanan terhadap Antraknosa yang Disebabkan oleh *Colletotrichum acutatum* pada Beberapa Genotipe Cabai (*Capsicum annuum* L.) dan Korelasinya dengan Kandungan Kapsaicin dan Peroksidase Resistance of Several *Capsicum annuum* L. Genotypes to Anthracnose ca. *J. Agron. Indonesia*, 37(3), 233–239. Retrieved from <http://pkht.ipb.ac.id/wp-content/uploads/2015/11/2009.pdf>
- Trikoesoemaningtyas, Wirnas, D., Leonardo Saragih, E., Puspita Rini, E., Sari, M., Marwiyah, S., & Didy Sopandie, D. (2017). Kendali genetik karakter morfologi dan agronomi pada tiga populasi sorgum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). *Jurnal Agronomi Indonesia (Indonesian Journal of Agronomy)*, 45(3), 285–291. <https://doi.org/10.24831/jai.v45i3.18387>
- Verma, S., Malik, M., Kumar, P., Choudhary, D., Jaiwal, P., & Jaiwal, R. (2018). Susceptibility of four Indian grain legumes to three species of stored pest, bruchid (*Callosobruchus*) and effect of temperature on bruchids. *International Journal of Entomology Research*, 3(2), 5–10. Retrieved from <http://www.entomologyjournals.com/archives/2018/vol3/issue2/3-1-33>
- Wang, L., Deng, F., Ren, W., & Yang, W. (2013). Effects of shading on starch pasting characteristics of indica hybrid rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS ONE*, 8(7), e68220. <https://doi.org/https://doi.org/10.1371/journal.pone.0068220>
- Yuan, L., Tang, J., Wang, X., & Li, C. (2012). QTL Analysis of Shading Sensitive Related Traits in Maize under Two Shading Treatments. *PLoS ONE*, 7(6), e38696. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038696>