

**ESTIMASI DAYA GABUNG GALUR JAGUNG MANIS (*Zea mays*) PADA KARAKTER
KEGENJAHAN DAN HASIL DENGAN MENGGUNAKAN GENOTIPE-GENOTIP X
ENVIRONMENT (GGE) BILOT**

**ESTIMATION OF THE COMBINING ABILITY OF SWEET CORN LINES (*ZEA MAYS*
SACCHARATA STURT) ON EARLINESS AND YIELD USING GENOTYPE+GENOTYPE X
ENVIRONMENT (GGE) BILOT**

Fakhri Nasharul Syihab, Agung Karuniawan, Ade Ismail, Yuyun Yuwariah, Dedi Ruswandi*

Departemen Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran

*Korespondensi : d.ruswandi@unpad.ac.id

Diterima : 10 Juli 2024 / Direvisi : 25 Oktober 2024 / Disetujui : 08 Desember 2024

ABSTRAK

Jagung manis merupakan salah satu komoditas penting di Indonesia, namun produktivitasnya rendah karena penggunaan benih yang mengalami degradasi genetik. Penelitian ini bertujuan mengestimasi daya gabung umum (DGU) dan daya gabung khusus (DGK) pada karakter kegenjahan dan hasil jagung manis. Penelitian dilakukan di Desa Cikajang, Kabupaten Garut, dari April hingga Juli 2023, menggunakan rancangan acak kelompok dengan 40 perlakuan yang diulang tiga kali. Analisis dilakukan menggunakan metode Genotipe + Genotipe x Lingkungan (GGE) Biplot. Hasil varians menunjukkan pengaruh signifikan dari line, tester, serta interaksi line x tester terhadap umur berbunga jantan, umur berbunga betina, umur panen, dan hasil. Dari analisis GGE Biplot, pola "mean vs stability" mengidentifikasi DGU, dengan 9 galur memiliki DGU baik pada umur berbunga jantan, 14 pada umur berbunga betina, 7 pada umur panen, dan 10 pada hasil. Pola "Which Won Where/What" mengidentifikasi DGK, di mana 3 kombinasi line x tester terbaik ditemukan pada umur berbunga jantan, 2 pada umur berbunga betina, 3 pada umur panen, dan 4 pada hasil. Penggunaan GGE Biplot mempermudah estimasi daya gabung, sehingga galur dengan DGU baik direkomendasikan sebagai tetua, dan hibrida dengan DGK terbaik direkomendasikan sebagai kultivar unggul yang menghasilkan umur genjah dan hasil tinggi.

Kata kunci: Daya Gabung, GGE Biplot, Hasil, Jagung Manis, Kegenjahan

ABSTRACT

Sweet corn is an important commodity in Indonesia, but its productivity is low due to the use of seeds that have undergone genetic degradation. This research aims to estimate general combining ability (GCA) and spesific combining Ability (SCA) on maturity characteristics and sweet corn yield. The research was conducted in Cikajang Village, Garut Regency, from April to July 2023, using a randomized block design with 40 treatments repeated three times. Analysis was carried out using the Genotype + Genotype x Environment (GGE) Biplot method. The variance results showed a significant effect of line, tester, and line x tester interactions on male

flowering age, female flowering age, harvest age, and yield. From the GGE Biplot analysis, the "mean vs stability" pattern identified GCA, with 9 lines having good GCA at male flowering age, 14 at female flowering age, 7 at harvest age, and 10 at yield. The "Which Won Where/What" pattern identified SCA, where the 3 best line x tester combinations were found at male flowering age, 2 at female flowering age, 3 at harvest age, and 4 at yield. The use of GGE Biplot makes it easier to estimate combining ability, so that lines with good GCA are recommended as parents, and hybrids with the best SCA are recommended as superior cultivars that produce earliness and high yields.

Key words : Combining Ability, Earliness, GGE Biplot, Sweet Corn, Yield

PENDAHULUAN

Jagung manis memiliki kandungan gizi seperti glukosa, protein, lemak, vitamin, dan antioksidan yang baik untuk kesehatan (Swapna *et al.*, 2020). Produksi jagung manis dalam negeri masih rendah (Subaedah *et al.*, 2021). Berdasarkan data Badan Pusat Statistik (2018) rata – rata produksi jagung manis nasional berkisar 19,81 t. Untuk mengatasi permasalahan tersebut, Pemerintah mengadakan impor jagung manis. Namun, impor ini setiap tahunnya mengalami kenaikan. Berdasarkan data Badan Pusat Statistik (2020), pemerintah mengimpor jagung manis sebesar 517,5 ribu t dan meningkat ditahun 2019 menjadi 737,2 ribu t.

Salah satu penyebab dari produksi jagung manis yang rendah diakibatkan oleh penggunaan benih unggul yang lama dan mengalami penurunan kualitas benih (Sejati, 2015). Kualitas benih yang rendah dan telah mengalami degradasi genetik akan mengurangi hasil panen dan memperpanjang umur tanaman. Penggunaan benih unggul dan berkualitas baik diperlukan untuk meningkatkan produktivitas yang sesuai dan waktu panen yang genjah (Nuraini *et al.*, 2018). Maka dari itu, program pemuliaan dalam mengembangkan varietas jagung manis unggul yang berumur genjah dan memiliki

hasil tinggi untuk mengatasi produksi jagung manis yang rendah sangat diperlukan. Karakter umur genjah dan hasil merupakan karakter penting dalam pemuliaan jagung manis (Ruswandi *et al.*, 2020).

Hibridisasi merupakan salah satu program pemuliaan tanaman dalam perakitan varietas unggul (Gao *et al.*, 2020). Melalui metode hibridisasi, pemulia tanaman dapat mengestimasi daya gabung pada karakter yang diujikan (Larièpe *et al.*, 2017). Analisis daya gabung mampu memberikan informasi mengenai pewarisan dan memungkinkan pemulia untuk menyeleksi galur superior guna mendapatkan tetua yang memiliki hasil tinggi (Amegbor *et al.*, 2023). Salah satu metode yang digunakan dalam mengestimasi daya gabung adalah metode *line x tester*.

Analisis *line x tester* merupakan modifikasi dari design topcross, sehingga dapat menggunakan lebih dari satu *tester*. Analisis *line x tester* mampu memperkirakan pengaruh daya gabung umum (DGU) dan daya gabung khusus (DGK) suatu galur dalam persilangan (Kamara *et al.*, 2014). *Genotype + Genotype x Environment* (GGE) biplot merupakan analisis multi-lingkungan yang digunakan untuk efek genotipe dengan interaksi genotipe dan lingkungannya (Ahmed *et al.*, 2019). Penggunaan *Genotype + Genotype x Environment* (GGE) biplot

dalam mengestimasi daya gabung dalam analisis *line x tester*, dapat memudahkan perkiraan daya hasil dari *tester* yang mudah diestimasi dengan menggunakan metode *line x tester* (Momeni *et al.*, 2020). Penggunaan *Genotype + Genotype x Environment* (GGE) biplot juga, memungkinkan hibrida unggul yang dievaluasi pada berbagai kondisi lingkungan yang penting dalam program pemuliaan jagung (Ruswandi *et al.*, 2023).

Laboratorium Pemuliaan Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran memiliki hibrida jagung manis multiparental yang tetuanya dikembangkan dari dari seleksi dan mutasi. Galur jagung manis Unpad memiliki daya gabung yang beragam berdasarkan analisis topcross (Melati *et al.*, 2013). Galur jagung manis Unpad memiliki daya hasil tinggi dan tahan terhadap penyakit bulai serta telah dilakukan uji multilokasi di beberapa lokasi di Jawa Barat (Putra *et al.*, 2008). Menurut Ruswandi *et al.* (2016), berdasarkan analisis dialel Jagung manis Unpad juga memiliki daya gabung yang beragam dalam kondisi pertanaman tumpangsari dengan cabai. Penelitian Hanifah *et al.* (2018) mengungkapkan bahwa jagung manis Unpad memiliki variabilitas fenotipik yang luas. Selain dari itu, hibrida silang tunggal memiliki daya hasil tinggi dan berumur genjah (Ruswandi *et al.*, 2021).

Berdasarkan uraian tersebut, hibrida jagung manis multiparental yang dikembangkan belum diketahui mengenai daya gabungnya. Maka dari itu, penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi daya gabung karakter kegenjahan jagung manis yang dikembangkan berdasarkan analisis *line x tester* dengan menggunakan GGE Biplot.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Desa Cikajang, Kecamatan Cikajang, Kabupaten Garut Jawa Barat yang terletak ditinggian 1.346 meter diatas permukaan laut (mdpl). Penelitian ini dilaksanakan pada bulan April 2023 sampai bulan Juli 2023. Bahan yang digunakan adalah 20 galur yang dikembangkan Laboratorium Pemuliaan Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran yang digunakan sebagai *line* dan 2 galur hasil selfing hibrida komersial sebagai *tester* (Tabel 1), sehingga menciptakan kombinasi persilangan sebanyak 40 persilangan. Penelitian ini menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) dengan 40 hibrida sebagai perlakuan yang diulang sebanyak 3 kali. Karakter yang diamati diantaranya yaitu, umur berbunga bunga jantan hari Setelah Tanam (HST), umur berbunga bunga betina (HST), umur panen (HST), dan Hasil ($t\ ha^{-1}$).

Pengukuran umur berbunga jantan dilakukan dengan cara menghitung jumlah hari dari awal penanaman hingga 50% populasi bunga jantan tumbuh dan mengeluarkan pollennya. Pengukuran umur berbunga betina dilakukan dengan cara menghitung jumlah hari dari awal penanaman hingga 50% populasi tanaman terisi bunga betina yang ditunjukkan munculnya rambut (*silk*). Pengukuran umur panen dilakukan dengan cara menghitung jumlah hari tanaman jagung dari awal hingga jagung manis memasuki fase matang fisiologis siap panen yang dicirikan jika ditekan keluar matang susu. Pengukuran hasil dilakukan dengan cara menimbang bobot hasil panen jagung manis dalam satu petak dengan menggunakan timbangan analitik lalu dikonversi kedalam satuan $t\ ha^{-1}$.

Jumlah sampel yang digunakan adalah 30% per genotipe yaitu sebanyak 3 tanaman. Sampel diambil dengan menggunakan

random sampling. Data dianalisis dengan menggunakan software Analysis Genetic

Design with R (AGD – R) by Cimmyt dan Gea-R by Cimmyt.

Tabel 1. Materi Genetik yang Digunakan

Parental		
L1	Line	20040 – 1
L2	Line	20042 – 3
L3	Line	20136 – 2
L4	Line	20136 – 1
L5	Line	20136 – 3
L6	Line	20136 – 5
L7	Line	20163
L8	Line	20072 – 2
L9	Line	20072 – 4
L10	Line	20072 – 3
L11	Line	20137 – 9
L12	Line	20137 – 6
L13	Line	20151 – 6
L14	Line	20031 – 2
L15	Line	20157
L16	Line	20169
L17	Line	20172
L18	Line	20171
L19	Line	20165
L20	Line	20166
T1	Tester	20157
T2	Tester	20172

Analisis Data

a. Analisis varians line x tester

Model linier analisis varians analisis line x tester berdasarkan Singh dan Chaudary (1977) adalah sebagai berikut :

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Dimana, Y_{ijk} : nilai genotipe persilangan antara Line ke – i, tester ke – j, dan ulangan ke – k, μ : nilai rata – rata semuan persilangan, g_i : daya gabung umum (DGU) Line ke - i, g_j : daya gabung umum (DGU)

tester ke - j, S_{ij} : daya gabung khusus (DGK) antara Line ke – i dan tester ke – j, pengaruh galat percobaan pada Line ke – i, ε_{ijk} : tester ke – j, dan ulangan ke – k.

b. Analisis Daya Gabung Berdasarkan GGE Biplot

Model linier atau persamaan model GGE Biplot analisis line x tester berdasarkan Yan (2001) sebagai berikut :

$$Y_{ij} - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Dimana : Y_{ij} : nilai genotipe persilangan antara *Line* ke $- i$ dan *tester* ke $- j$, β_j : nilai rata-rata persilangan yang melibatkan

tester ke $- j$, λ_1 dan λ_2 = nilai tunggal untuk PC1 dan PC2, $\xi_{i1}\eta_{j1}$: vektor eigen untuk PC 1 terkait dengan *Line* ke $- i$, $\xi_{i2}\eta_{j2}$: vektor eigen untuk PC 2 terkait dengan *Line* ke $- j$, ε_{ij} : pengaruh galat percobaan pada karakter ke $- i$ dan karakter ke j .

Analisis daya gabung berdasarkan *ranking plot*. *Ranking plot* terbentuk dari komponen *average tester coordination* (ATC) yang terdiri pusat rata-rata *tester*, sumbu ATC dan ordinat ATC. DGU tertinggi merupakan entri yang terletak paling ujung berdasarkan arah proyeksi sumbu ATC. DGK terbaik dapat ditentukan berdasarkan letak *entri* dan *tester* pada sektor yang sama berdasarkan tampilan *scatter plot* (Yan, 2001).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Varians *line x tester*

Data pada Tabel 2. Menampilkan hasil analisis varians (ANOVA) daya gabung *line x*

tester. Pada karakter umur berbunga jantan, ulangan, genotipe, *tester*, dan *line x tester* menunjukkan hasil yang sangat signifikan ($P>0,01$) dan *line* juga menunjukkan hasil yang signifikan ($P>0,05$). Pada karakter umur berbunga betina ulangan, genotipe, *line*, *tester*, dan *line x tester* menunjukkan hasil yang sangat signifikan ($P>0,01$). Pada karakter umur panen ulangan, genotipe, *line*, *tester*, dan *line x tester* menunjukkan hasil juga hasil yang sangat signifikan ($P>0,01$). Pada karakter hasil genotipe dan *tester* menunjukkan menunjukkan hasil yang sangat signifikan ($P>0,01$), sedangkan *line* dan *line x tester* menunjukkan hasil yang signifikan ($P>0,05$). Suatu karakter memiliki nilai yang signifikan pada komponen sumber keragaman maka dapat dilakukan uji penghitungan estimasi nilai daya gabung (Liu *et al.*, 2021). Munculnya signifikansi pada *line x tester*, menunjukkan pengaruh daya gabung khusus (DGK) yang tinggi. Hal ini lebih dipengaruhi oleh gen non-aditif dibandingkan gen aditif (Ruswandi *et al.*, 2015).

Tabel 2. Analisis Varians Daya Gabung *Line x tester*

Sumber	DB	UBJ	UBB	UP	Hasil
Ulangan	2	9,04**	9,36**	22,49**	1,24
Genotipe	39	4,53**	6,03**	8,37**	2,10**
<i>Line</i>	19	2,13 *	3,89**	2,16**	1,85*
<i>Tester</i>	1	80,73**	117,42**	244,97**	12,97**
<i>Line x tester</i>	19	2,92**	2,31**	2,13*	1,78*

Keterangan : ** Berbeda nyata berdasarkan uji-F pada taraf 0,01; * Berbeda nyata berdasarkan uji - F pada taraf 0,05; DB : Derajat Bebas; UBJ :Umur Berbunga Jantan (HST); UBB : Umur Berbunga Betina (HST); UP : Umur Panen (HST) ; Hasil : Hasil Panen (t ha⁻¹)

**Analisis Daya Gabung Berdasarkan GGE Biplot
Daya Gabung Umum (DGU)**

Daya gabung umum adalah salah satu parameter yang penting dalam penentuan tetua dalam persilangan. Nilai daya gabung umum, diperlukan dalam menyeleksi tetua

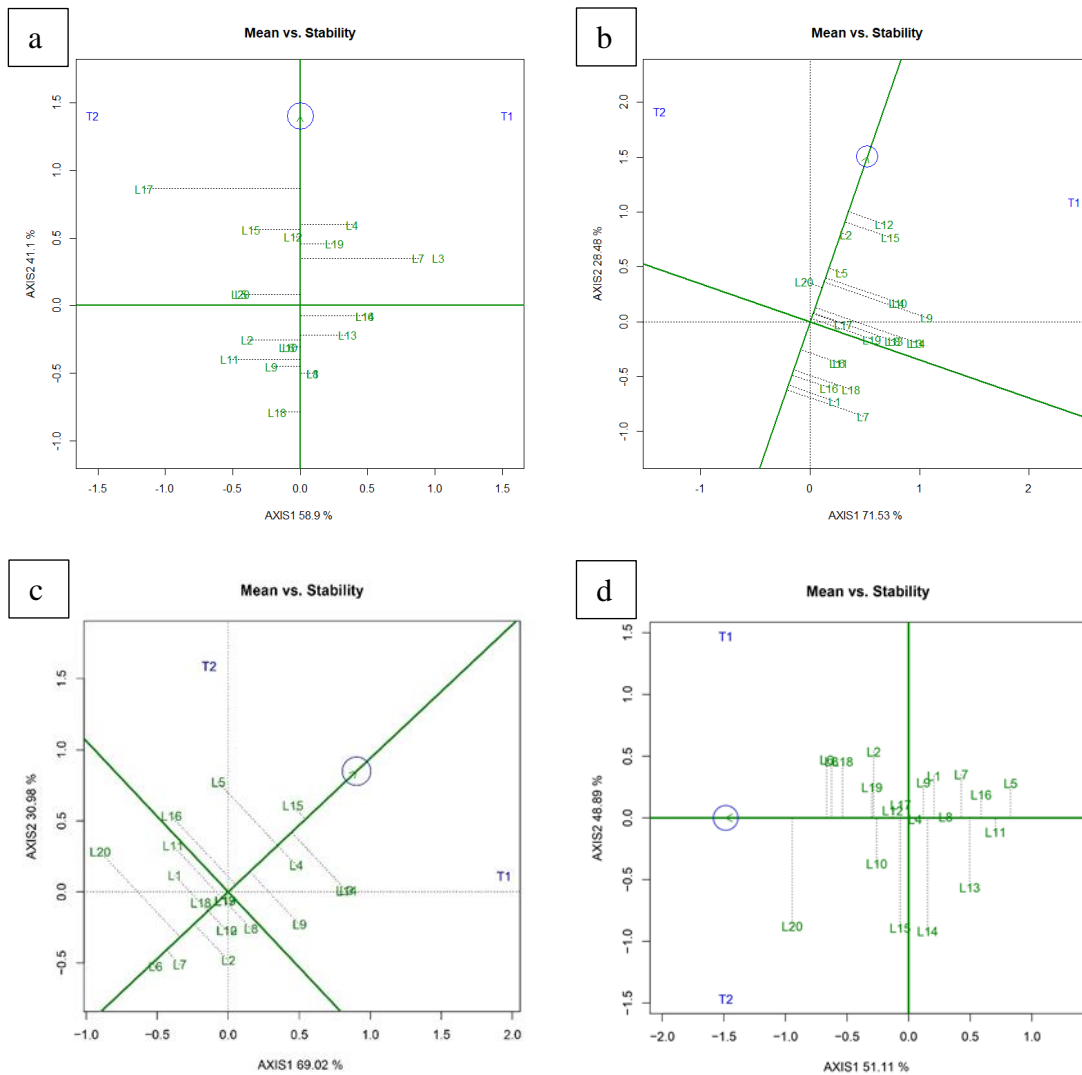
yang dapat direkomendasikan kepada pemulia tanaman sebagai sumber daya genetik dalam perakitan varietas tanaman. Informasi pengaruh DGU telah banyak dimanfaatkan oleh pemulia tanaman untuk evaluasi calon tetua (Supriyanta *et al.*, 2023). Hasil estimasi daya gabung umum (DGU) dapat dilihat pada Gambar 1.

Data pada Gambar 1 menunjukkan pola biplot GGE “*Mean vs. Stability*” pada karakter umur berbunga jantan (a), umur berbunga betina (b) dan umur panen (c). Pola biplot GGE “*Mean vs stability*” mengurutkan genotipe berdasarkan berbagai sifat dan mengidentifikasi genotipe yang memiliki daya gabung umum (DGU) yang baik (Yan & Kang, 2002). DGU tertinggi adalah entri yang terletak di akhir berdasarkan arah proyeksi biplot “*Mean vs stability*” (Yan, 2001). Hasil penelitian pada karakter umur berbunga jantan (Gambar 1a) menunjukkan galur terbaik secara berurutan berdasarkan daya gabung umum ditunjukkan oleh L17, L4, L15, L12, L19, L7, L3, L20, dan L5. Hasil penelitian pada karakter umur berbunga betina (Gambar 2a) menunjukkan galur terbaik secara berurutan berdasarkan daya gabung umum ditunjukkan oleh L12, L15, L2, L5, L10, L4, L9, L20, L14, L3, L17, L13, L8, dan L19. Hasil penelitian pada karakter umur panen (Gambar 1c) menunjukkan galur terbaik pada secara berurutan berdasarkan daya gabung umum ditunjukkan oleh L15, L3, L14, L5, L4, L9, dan L16. Hasil penelitian pada karakter hasil (Gambar 1d) menunjukkan galur terbaik secara berurutan berdasarkan daya gabung umum ditunjukkan oleh L20, L6, L3, L18, L19, L2, L10, L12, L17, L15.

GGE biplot “*Mean vs stability*” menunjukkan ranking galur yang terseleksi. Tampilan vektor dari biplot *Mean vs*

stability mengungkapkan daya gabung umum (DGU) galur. Menurut Yan & Kang, (2002) garis dengan tanda panah menunjuk ke rata-rata *tester* disebut *average tester coordination* (ATC). Panjang dari vektor rata-rata *tester* [yaitu, jarak antara titik asal biplot dan rata-rata *tester* (lingkaran kecil pada absis)] adalah peringkat relatif interaksi GCA pada *line × tester*. Galur dengan nilai DGU tertinggi menunjukkan aksi gen aditif yang dominan dalam suatu karakter.

Nilai daya gabung umum, diperlukan dalam menyeleksi tetua yang dapat direkomendasikan kepada pemulia tanaman sebagai sumber daya genetik dalam perakitan varietas tanaman. Informasi pengaruh DGU telah banyak dimanfaatkan oleh pemulia tanaman untuk evaluasi calon tetua (Awad-allah *et al.*, 2022). Galur yang memiliki DGU tinggi dapat digunakan dalam perakitan varietas bersari bebas (Hallauer & Miranda, 2010). Genotipe jagung manis yang memiliki karakteristik umur genjah akan lebih adaptif pada dengan kondisi lingkungan sehingga lebih toleran terhadap cekaman. Selain dari itu keunggulan dari jagung manis berumur genjah yaitu dapat meningkatkan intensitas panen sehingga hasil dan keuntungan panen meningkat (Ruswandi *et al.*, 2014). Tetua yang memiliki nilai DGU terbaik pada karakter umur panen dan awal berbunga berpotensi menjadi tetua pada perakitan hibrida berumur genjah (Handayani *et al.*, 2022). Tetua yang memiliki keunggulan dalam karakter hasil tinggi dapat digunakan sebagai tetua yang potensial untuk perakitan hibrida dengan hasil tinggi. Hasil panen yang tinggi menyebabkan keuntungan secara ekonomis kepada petani (Jagwe *et al.*, 2020)



Gambar 1. GGE biplot “Mean vs Stability” analisis daya gabung line x tester ‘L’ menunjukkan line dan ‘T’ menunjukkan tester. “Mean vs Stability” biplot menunjukkan Daya Gabung Umum (DGU). a) Umur Berbunga Jantan (HST), b) Umur Berbunga Betina (HST), c) Umur Panen (HST), d) Hasil (t ha⁻¹)

Daya Gabung Khusus (DGK)

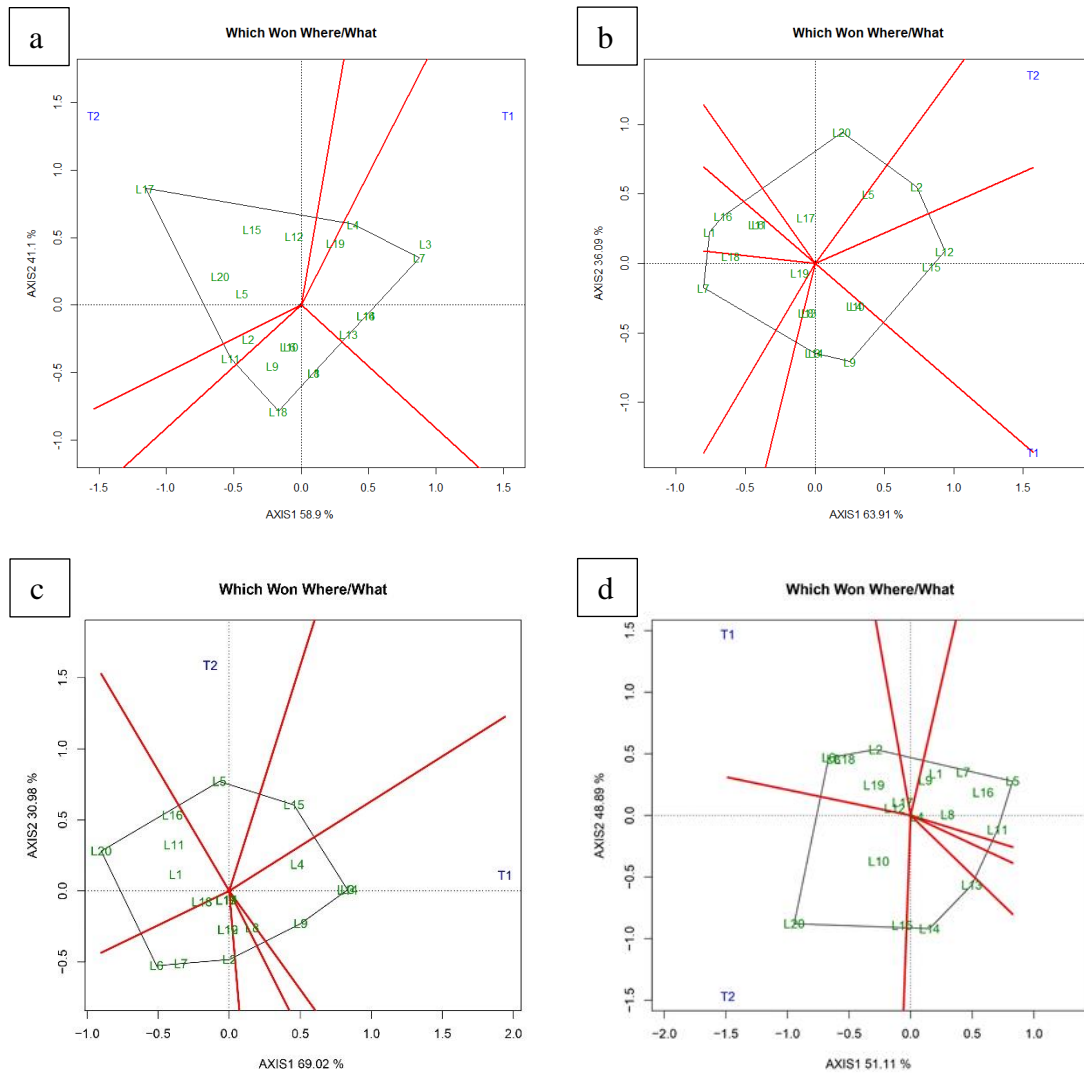
Daya gabung khusus (DGK) merupakan komponen penting dalam perakitan varietas hibrida. Daya gabung khusus (DGK) digunakan untuk mengestimasi suatu penampilan genotipe kombinasi persilangan tertentu yang didasarkan pada penampilan rata-ran galur yang terlibat (Setyowidianto *et al.*, 2017). Penilaian terhadap nilai daya gabung khusus (DGK) diperlukan untuk melakukan seleksi pasangan galur yang

memiliki kombinasi tinggi (Supriatna *et al.*, 2022). Hasil estimasi daya gabung khusus (DGK) menggunakan GGE biplot dapat dilihat pada Gambar 2.

Data pada Gambar 2 menunjukkan GGE biplot pola “Which Won Where/What” pada karakter umur berbunga jantan (a), umur berbunga betina (b) dan umur panen (c). GGE biplot pola “Which Won Where/What” memperlihatkan data berupa interaksi antara line dengan tester. Penggunaan GGE

biplot pola “Which Won Where/What” dapat digunakan untuk mengestimasi galur (*line*) mana yang memiliki penampilan terbaik pada *tester* tertentu (Yan & Kang, 2002).

Daya gabung khusus (DGK) yang baik ditentukan berdasarkan letak *line* dan *tester* pada sektor yang sama dalam tampilan *scatter plot* (Yan, 2001).



Gambar 2. GGE biplot “Which-Won-Where/What” analisis daya gabung *line* x *tester* ‘L’ menunjukkan *line* dan ‘T’ menunjukkan *tester*. “Which-Won-Where/What” biplot menunjukkan Daya Gabung Khusus (DGK). a) Umur Berbunga Jantan (HST) ; b) Umur Berbunga Betina (HST) ; c) Umur Panen (HST), d) Hasil (Ton.ha⁻¹)

Hasil penelitian pada karakter umur berbunga jantan (Gambar 2a) yang memiliki kombinasi persilangan terbaik antara *line* dengan *tester* berdasarkan daya gabung khusus (DGK) secara berurutan ditunjukkan oleh L17xT2, L7xT1, dan L3 x T1. Hasil

penelitian pada karakter umur berbunga betina (Gambar 2b) yang memiliki kombinasi persilangan terbaik antara *line* dengan *tester* berdasarkan daya gabung khusus (DGK) secara berurutan ditunjukkan oleh L2xT2 dan L12xT1. Hasil penelitian pada karakter umur

panen (Gambar 2c) yang memiliki kombinasi persilangan terbaik antara *line* dengan *tester* berdasarkan daya gabung khusus (DGK) secara berurutan ditunjukkan oleh L5xT2, L14xT1, dan L3xT1. Hasil penelitian pada karakter hasil (Gambar 2d) yang memiliki kombinasi persilangan terbaik antara *line* dengan *tester* secara berurutan ditunjukkan dengan oleh L6 x T1, L18 xT1, L2xT1 dan L20 x T2. Kombinasi persilangan antara *line* dengan *tester* yang memiliki daya gabung khusus yang tinggi berdasarkan tampilan *scatter plot* yaitu ditunjukkan dengan galur (*line*) yang terletak pada garis *convex hull* dengan *tester* yang berada pada sektor yang bersebrangan (Yan & Kang, 2002).

Daya gabung khusus (DGK) adalah kemampuan kombinasi persilangan yang berkaitan dengan aksi gen non – aditif, terutama oleh rasio dominan, epistatis, atau pengaruh dari interaksi antara genotipe x lingkungan (Rukundo *et al.*, 2017). Analisis GGE biplot digunakan untuk menentukan hibrida yang digunakan memiliki pengaruh daya gabung khusus yang kuat. Pengaruh Daya gabung khusus yang kuat diidentifikasi dari biplot berdasarkan proyeksi jarak *entri (tester)* ke ordinat ATC (Mufidah *et al.*, 2021). Nilai DGK yang tinggi diakibatkan oleh adanya persilangan tetua yang memiliki DGU baik dengan DGU buruk (Sunny *et al.*, 2022). Hal tersebut diakibatkan oleh efek aditif dari tetua yang memiliki DGU baik dan efek epistatis dari tetua yang memiliki DGU buruk (Shumbulo *et al.*, 2018). DGK yang tinggi juga bisa diakibatkan oleh persilangan tetua yang memiliki DGU rendah. Hal tersebut diakibatkan oleh efek dominan dengan efek dominan dari interaksi non – alel yang menghasilkan over dominan (Lu *et al.*, 2020). Persilangan dengan nilai DGK terbaik mengindikasikan bahwa galur tetua yang digunakan memiliki daya gabung yang baik

dan berpotensi menampilkan penampilan terbaik (Zewdu, 2020).

Heterosis tinggi umumnya berasal dari hibrida yang memiliki DGK unggul (Ruswandi *et al.*, 2015). Heterosis tinggi pada suatu persilangan kemungkinan dihasilkan dari kombinasi persilangan antara tetua yang memiliki perbedaan latar belakang genetik (Labroo *et al.*, 2021). Proses heterosis terjadi karena adanya aksi dan interaksi gen dominan unggul yang terkumpul pada suatu genotipe hasil persilangan antara tertuanya (Kaeppeler, 2012)

SIMPULAN

1. Daya gabung umum (DGU) terbaik berdasarkan GGE biplot pada karakter umur berbunga jantan ditunjukkan oleh sebanyak 9 galur, pada karakter umur berbunga betina ditunjukkan oleh sebanyak 14 galur, untuk karakter umur panen ditunjukkan oleh sebanyak 7 galur, dan karakter hasil ditunjukkan oleh sebanyak 10 galur.
2. Daya gabung khusus (DGK) terbaik berdasarkan GGE biplot pada karakter umur berbunga jantan ditunjukkan oleh 3 kombinasi persilangan *line x tester*, pada karakter umur berbunga betina ditunjukkan oleh 2 kombinasi persilangan *line x tester*, pada karakter umur panen ditunjukkan oleh 3 kombinasi persilangan *line x tester*, dan pada karakter hasil ditunjukkan oleh 4 kombinasi persilangan *line x tester*.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terima kasih dan apresiasi kepada Universitas Padjadjaran yang telah membiayai riset ini melalui hibah *Academic Leadership Grant (ALG)* tahun anggaran 2023 dan 2024 yang diberikan

kepada Prof. Ir. Dedi Ruswandi, M.Sc. Ph.D
dan Prof Dr. Ir. Yuyun Yuwariah, M.S

DAFTAR PUSTAKA

- Ahmed, M. A., Abdelsatar, M. A., Attia, M. A., & Abeer, A. A. (2019). GGE biplot analysis of Line by tester for seed yield and its attributes in sunflower. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*, 14(4), 374–389. <https://doi.org/10.22363/2312-797x-2019-14-4-374-389>
- Amegbor, I. K., van Biljon, A., Shargie, N. G., Tarekegne, A., & Labuschagne, M. T. (2023). Combining ability estimates for quality and non-quality protein maize inbred lines for grain yield, agronomic, and quality traits. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 7. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2023.1123224>
- Awad-allah, M. M. A., Attia, K. A., Omar, A. A., Mohamed, A. H., Habiba, R. M., Alzuaibr, F. M., Alshehri, M. A., Alqurashi, M., Aloufi, S., Dessoky, E. S., & Abdein, M. A. (2022). Combining Ability and Gene Action Controlling Agronomic Traits for Cytoplasmic Male Sterile Line, Restorer Lines, and New Hybrids for Developing of New Drought-Tolerant Rice Hybrids. *Genes*, 13(906), 1–26. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/genes13050906>
- BPS. (2018). *Produksi Jagung Menurut Provinsi (Ton)*. <https://bps.go.id/>
- BPS. (2020). *Volume Impor Jagung Manis Di Indonesia 2017 - 2019*. <https://bps.go.id/>
- Gao, C., El-Sawah, A. M., Ismail Ali, D. F., Hamoud, Y. A., Shaghaleh, H., & Sheteiwy, M. S. (2020). The integration of bio and organic fertilizers improve plant growth, grain yield, quality and metabolism of hybrid maize (*Zea mays* L.). *Agronomy*, 10(3), 1–25. <https://doi.org/10.3390/agronomy10030319>
- Hallauer, A., & Miranda, J. . (2010). Quantitative Genetics in Maize Breeding. In *Iowa State University Press*. Iowa State University Press.
- Handayani, D. R., Ashari, S., & Adiredjo, A. L. (2022). Persilangan Dialel Penuh pada Beberapa Genotipe Melon (*Cucumis melo* L.). *Agropross: National Conference Proceedings of Agriculture*, 253–262. <https://doi.org/10.25047/agropross.2022.295>
- Hanifah, N. F., Amien, S., & Ruswandi, D. (2018). Variabilitas Fenotipik Komponen Hasil Galur Jagung Manis Padjadjaran SR Generasi S3 di Arjasari. *Jurnal Agrotek Indonesia*, 3(1), 39–43. <https://www.kci.go.kr/kciportal/ci/serArticleSearch/ciSereArtiView.kci?sereArticleSearchBean.artild=ART002408552>
- Kaeppeler, S. (2012). Heterosis : Many Genes , Many Mechanisms — End the Search for an Undiscovered Unifying Theory. *Hindawi: International Scholarly Research Network*, 2012, 1–13. <https://doi.org/10.5402/2012/682824>
- Kamara, M. M., El-Degwy, I. S., & Koyama, H. (2014). Estimation combining ability of some maize inbred lines using line x tester mating design under two nitrogen levels. *Australian Journal of Crop Science*, 8(9), 1336–1342.
- Labroo, M. R., Studer, A. J., & Rutkoski, J. E. (2021). Heterosis and Hybrid Crop Breeding: A Multidisciplinary Review. *Frontiers in Genetics*, 12(643761), 1–19. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.6>

43761

- Larièpe, A., Moreau, L., Laborde, J., Bauland, C., Mezrouk, S., Décousset, L., Mary-Huard, T., Fiévet, J. B., Gallais, A., Dubreuil, P., & Charcosset, A. (2017). General and specific combining abilities in a maize (*Zea mays* L.) test-cross hybrid panel: relative importance of population structure and genetic divergence between parents. *Theoretical and Applied Genetics*, *130*(2), 403–417. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2822-z>
- Liu, Z., Jiang, J., Ren, A., Xu, X., Zhang, H., Zhao, T., Sun, X. J. Y., Li, J., & Yang, H. (2021). Heterosis and combining ability analysis of fruit yield, early maturity, and quality in tomato. *Agronomy*, *11*(4), 1–15. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY11040807>
- Lu, X., Zhou, Z., Yuan, Z., Zhang, C., Hao, Z., Wang, Z., Li, M., Zhang, D., Yong, H., Han, J., Li, X., & Weng, J. (2020). Genetic Dissection of the General Combining Ability of Yield-Related Traits in Maize. *Frontiers in Plant Science*, *11*(788), 1–15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00788>
- Melati, R., Rachmadi, M., & Ruswandi, D. (2013). Parameter Genetik dan Penampilan Fenotipik Hibrida Jagung Manis Unpad Di Arjasari, Bandung, Jawa Barat. *Prosiding Seminar Nasional Perhorti 2013*.
- Momeni, H., Shiri, M., Hervan, E. M., & Khosroshahli, M. (2020). The usefulness of gge biplot methodology for line \times tester data of maize inbred lines. *Bragantia*, *79*(4), 412–420. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20200130>
- Mufidah, N., Sugiharto, A. N., & Waluyo, B. (2021). Assessment of combining ability in purple corn parents under line \times tester mating design using gge biplot. *Biodiversitas*, *22*(10), 4545–4554. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d221048>
- Nuraini, A., Sumadi, S., Kadapi, M., Wahyudin, A., Ruswandi, D., & Anindya, M. N. (2018). Evaluasi ketahanan simpan enam belas genotip benih jagung hibrida Unpad pada periode simpan empat bulan. *Kultivasi*, *17*(1), 568–575. <https://doi.org/10.24198/kultivasi.v17i1.15854>
- Putra, R. Y., P, A., & Ruswandi, D. (2008). Daya Gabung Umum Galur-Galur Jagung Manis Di Jawa Barat. *Zuriat*, *19*(2), 210–217. <https://doi.org/10.24198/zuriat.v19i2.6663>
- Rukundo, P., Shimelis, H., Laing, M., & Gahakwa, D. (2017). Combining ability, maternal effects, and heritability of drought tolerance, yield and yield components in sweetpotato. *Frontiers in Plant Science*, *7*, 1–14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01981>
- Ruswandi, D., Agustian, Anggia, E. P., Canama, A. O., Marta, H., Ruswandi, S., & Suryadi, E. (2014). Mutation breeding of maize for anticipating global climate change in Indonesia. *Asian Journal of Agricultural Research*, *8*(5), 234–247. <https://doi.org/10.3923/ajar.2014.234.247>
- Ruswandi, D., Maulana, H., Karuniawan, A., Mansyur, Ismail, A., Maxiselly, Y., Fauzan, M. R., Abdullah, M. A., & Yuwariah, Y. (2023). Multi-Traits Selection of Maize Hybrids under Sole-Crop and Multiple-Crops with Soybean. *Agronomy*, *13*(10), 1–20. <https://doi.org/10.3390/agronomy131>

02448

- Ruswandi, D., Supriatna, J., Makkulawu, A. T., Waluyo, B., Marta, H., Suryadi, E., & Ruswandi, S. (2015). Determination of combining ability and heterosis of grain yield components for maize mutants based on linextester analysis. *Asian Journal of Crop Science*, 7(1), 19–33. <https://doi.org/10.3923/ajcs.2015.19.33>
- Ruswandi, D., Supriatna, J., Rostini, N., & Suryadi, E. (2016). Assessment of sweetcorn hybrids under sweetcorn/chilli pepper intercropping in West Java, Indonesia. *Journal of Agronomy*, 15(3), 94–103. <https://doi.org/10.3923/ja.2016.94.103>
- 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>
- Ruswandi, D., Supriatna, J., Waluyo, B., Makkulawu, A. T., Suryadi, E., Chindy, Z. U., & Ruswandi, S. (2015). GGE biplot analysis for combining ability of grain yield and early maturity in maize mutant in Indonesia. *Asian Journal of Crop Science*, 7(3), 160–173. <https://doi.org/10.3923/ajcs.2015.160.173>
- Ruswandi, D., Yuwariah, Y., Ariyanti, M., Syafii, M., & Nuraini, A. (2020). Stability and Adaptability of Yield among Earliness Sweet Corn Hybrids in West Java, Indonesia. *International Journal of Agronomy*, 2020, 1–9. <https://doi.org/10.1155/2020/4341906>
- Sejati, W. K. (2015). Peranan Benih Unggul Jagung Hibrida Dalam Peningkatan Produksi Pangan: Studi Kasus Di Kabupaten Klaten. *Prosiding Seminar Nasional Swasembada Pangan*, 1, 285–292. ISBN 978-602-70530-2-1
- Setyowidianto, E. P., Basuki, N., & Damanhuri. (2017). Daya Gabung dan Heterosis Galur Jagung (*Zea mays* L.) pada Karakter Hasil dan Komponen Hasil. *J. Agron. Indonesia*, 45(2), 124. <https://doi.org/10.24831/jai.v45i2.11650>
- Shumbulo, A., Nigussie, M., & Alamerew, S. (2018). *Combining ability and gene action of hot pepper (Capsicum annum L.) genotypes in Southern Ethiopia*. 10(July), 157–163. <https://doi.org/10.5897/JABSD2018.0320>
- Singh, S. ., & Chaudary, B. . (1977). *Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis*. Kalyani Publisher.
- Subaedah, S., Edy, E., & Mariana, K. (2021). Growth, Yield, and Sugar Content of Different Varieties of Sweet Corn and Harvest Time. *International Journal of Agronomy*, 2021. <https://doi.org/10.1155/2021/8882140>
- Sunny, A., Chakraborty, N. R., Kumar, A., Singh, B. K., Paul, A., Maman, S., Sebastian, A., & Darko, D. A. (2022). Understanding Gene Action, Combining Ability, and Heterosis to Identify Superior Aromatic Rice Hybrids Using Artificial Neural Network. *Journal of Food Quality*, 2022, 1–15. <https://doi.org/10.1155/2022/9282733>
- Supriatna, J., Chaidir, L., Miharja, D., Rahmani, D., & Ruswandi, D. (2022). Combining Ability and Heterosis of Eight Sweetcorn Inbred-lines Based on Diallel Analysis in West Java Indonesia. *Conference: The 2nd Universitas*

- Lampung International Conference on Science, Technology, and Environment (ULISCoSTE)* 2021. <https://doi.org/https://doi.org/10.1063/5.0105057>
- Supriyanta, B., Pratama, M. S., & Nabila, N. (2023). Pendugaan Daya Gabung Umum dan Daya Gabung Khusus Jagung Manis dengan Persilangan Dialel Metode Griffing-1. *Vegetalika*, 12(2), 146–159.
- Swapna, G., Jadesha, G., & Mahadevu, P. (2020). Sweet Corn - A Future Healthy Human Nutrition Food. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 9(7), 3859–3865. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2020.907.452>
- Yan, W. (2001). GGEbiplot - A windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93(5), 1111–1118. <https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x>
- Yan, W., & Kang, M. S. (2002). *GGE Biplot Analysis A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1201/9781420040371>
- Zewdu, Z. (2020). Combining ability analysis of yield and yield components in selected rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *Cogent Food and Agriculture*, 6(1), 1–10. <https://doi.org/10.1080/23311932.2020.1811594>
- Yan, W. (2001). GGEbiplot - A windows