

Seleksi Jagung Inbrida dengan Marka Molekuler dan Toleransinya terhadap Kekeringan dan Nitrogen Rendah

Roy Efendi¹, Yunus Musa², M. Farid Bdr², M. Danial Rahim², M. Azrai¹, dan Marcia Pabendon¹

¹Balai Penelitian Tanaman Serealia
Jl. Dr. Ratulangi 274, Maros, Sulawesi Selatan
E-mail: roysereal@yahoo.com

²Universitas Hasanuddin, Fakultas Pertanian, Jurusan Agronomi
Jl. Perintis Kemerdekaan km 10, Makassar, Sulawesi Selatan

Naskah diterima 7 Mei 2014 dan disetujui diterbitkan 23 September 2014

ABSTRAC. Maize Inbred Line Selection Using Molecular Marker and Its Tolerance to Drought and Low Nitrogen Stress.

Information on genetic diversity, homozygosity, drought stress and low N tolerance of maize inbred line are useful for parental selection in developing maize varieties tolerant to drought and low N. The objectives of this study were (a) selection for homozygotes lines and analysis of genetic diversity among 51 maize inbred lines applying simple sequence repeats (SSRs) using thirty six markers (b) selection for inbred lines (homozygosity over 80%) for drought and low nitrogen (N) tolerance. Experiment was conducted using split-split plots design with three replications. Water treatments were as the main plots (well-watered and drought stress conditions), subplots were nitrogen fertilization at rate of 75 and 150 kg N/ha and the sub-sub plots were 51 inbred lines. The results showed that there were broad ranges of genetic variability among inbred lines with genetic similarity coefficient values ranging from 0.22 to 0.87 and polymorphism information content average was 0.57. Thirty inbreds having homozygosity over 80% were spread into six heterotic groups. Drought tolerance inbreds were in heterotic groups C and F, namely DTPYC9-F46-3-9-1-1-B and 1044-30, the drought medium tolerance in heterotic group A and B, namely CML 161/NEI 9008 and MR 14. Inbred for low-N fertility tolerance was in the heterotic group D namely G20133077, while medium tolerance to low-N fertility inbreds were in heterotic group A, B, C, D, and F, and they were CML 161/NEI 9008, CY 11, CY 15, CY 6, CLRCY039, Nei9008, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, G2013627, G2013649, 1044-30. Inbreds tolerance to both medium drought and to low-N fertility were in heterotic group C and F they were DTPYC9-F46-1-2-1-2-B and 1044-30. Inbred lines of maize tolerant to drought and to low-N fertility can be used as parent to develop hybrid or synthetic varieties, possessing stress tolerances, by cross recombination between heterotic groups.

Keywords: Maize inbred, homozygosity, SSR, drought, low nitrogen fertility.

ABSTRAK. Informasi keragaman genetik, tingkat homozigositas, dan toleransi cekaman kekeringan dan N rendah dari jagung inbrida sangat bermanfaat untuk pemilihan tetua dalam merakit varietas jagung yang toleran cekaman kekeringan dan N rendah. Penelitian bertujuan untuk (a) menyeleksi homozigositas dan analisis keragaman genetik dari 51 jagung inbrida menggunakan 36 marka simple sequence repeats (SSRs) dan (b) menyeleksi inbrida (homozigositas >80%) yang toleran kekeringan dan pemupukan N rendah. Percobaan menggunakan rancangan petak-petak terbagi dengan tiga ulangan. Sebagai petak utama adalah cekaman kekeringan (pemberian air normal dan cekaman kekeringan), anak petak adalah tingkat pemupukan N yaitu 75 dan 150 kg N/ha dan

anak-anak petak adalah 51 inbrida. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik jagung inbrida tergolong cukup besar dengan kisaran nilai koefisien kemiripan genetik 0,22-0,87 dengan rata-rata nilai polimorfis 0,57. Jagung inbrida dengan tingkat homozigositas >80% sebanyak 30 inbrida yang terbagi ke dalam enam kelompok heterotik. Inbrida yang toleran kekeringan terdapat pada kelompok heterotik C dan F yaitu DTPYC9-F46-3-9-1-1-B dan 1044-30, sedangkan yang medium toleran kekeringan terdapat pada kelompok heterotik A dan B yaitu CML 161/NEI 9008 dan MR 14. Inbrida yang toleran pemupukan N rendah terdapat pada kelompok heterotik D yaitu G20133077, sedangkan inbrida yang medium toleran pemupukan N rendah terdapat pada kelompok heterotik A, B, C, D, dan F yaitu CML 161/NEI 9008, CY 11, CY 15, CY 6, CLRCY039, Nei9008, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, G 2013627, G2013649, 1044-30. Inbrida yang medium toleran kekeringan dan pemupukan N rendah terdapat pada kelompok C dan F yaitu DTPYC9-F46-1-2-1-2-B dan 1044-30. Jagung inbrida dengan tingkat toleransi kekeringan dan pemupukan N medium-toleran dapat digunakan sebagai tetua dalam pembentukan jagung hibrida atau sintetik unggul yang toleran pada kondisi cekaman tersebut dengan melakukan rekombinasi persilangan antarkelompok heterotik.

Kata kunci: Jagung inbrida, homozigositas, SSR, kekeringan, nitrogen rendah.

Galur jagung inbrida merupakan materi genetik yang berasal dari populasi atau varietas melalui penyerbukan atau silang dalam (*selfing*) selama 5-6 generasi, sehingga menghasilkan tanaman yang seragam. Silang dalam pada tanaman jagung mengakibatkan terjadinya segregasi pada lokus yang heterozigot, sehingga frekuensi gen homozigot meningkat dan heterozigot berkurang (Singh *et al.* 1987). Hal tersebut mengakibatkan penurunan vigor dan produktivitas tanaman akibat terjadinya depresi silang dalam (*inbreeding depression*).

Pembentukan jagung inbrida ditujukan sebagai tetua dalam perakitan varietas unggul jagung hibrida atau jagung sintetik (bersari bebas). Dalam proses pembentukan tersebut dibutuhkan inbrida dengan tingkat homozigositas yang tinggi dan keragaman genetik yang luas. Menurut Liu *et al.* (2003), keragaman genetik yang luas dari sejumlah inbrida dan membagi-

baginya ke dalam kelompok-kelompok heterotik bermanfaat untuk memandu para pemulia dalam menyeleksi kandidat tetua dalam program persilangan. Informasi tersebut memungkinkan pemulia memilih inbrida sebagai calon tetua dalam pembentukan varietas unggul jagung hibrida atau jagung sintetik (Legesse *et al.* 2007, Pabendon *et al.* 2008).

Mendeteksi tingkat homosigositas dan keragaman genetik dapat dilakukan secara konvensional berdasarkan keseragaman morfologi atau warna dari bagian tanaman. Data morfologi yang mengacu pada *Union Pour la Protection des Obtention Vegetales* (UPOV) telah lama digunakan sebagai parameter deskripsi untuk identifikasi dan membedakan varietas atau inbrida (Gunjaca *et al.* 2007). Namun karakter-karakter morfologi sering tidak menggambarkan hubungan genetik, karena adanya interaksi lingkungan dan sejumlah kontrol genetik yang tidak diketahui, sehingga seleksi homosigositas dan keragaman genetik berdasarkan morfologi menjadi kurang akurat.

Pemanfaatan markah molekuler sebagai alat bantu seleksi tanaman telah banyak dilakukan dengan tingkat akurasi yang lebih baik. Seleksi dengan markah molekuler hanya didasarkan pada sifat genetik tanaman dan tidak dipengaruhi oleh faktor lingkungan, sehingga hasilnya lebih akurat dibanding seleksi berdasarkan morfologi. Markah molekuler yang banyak digunakan pada tanaman jagung adalah *Simple Sequence Repeats* (SSRs). SSRs merupakan markah berdasarkan reaksi rantai polimerase (*Polymerase Chain Reaction*, PCR) menggunakan sekuen-sekuen nukleotida sebagai primer (Gupta *et al.* 1996). Beberapa pertimbangan untuk menggunakan markah SSRs di antaranya adalah primer terdistribusi secara melimpah dan merata dalam genom serta variabilitasnya sangat tinggi (Powell *et al.* 1996), memiliki reproduksibilitas yang tinggi (Smith *et al.* 1997a, Mingsheng *et al.* 2010), sebagai studi keragaman genetik (Li *et al.* 2002, Legesse *et al.* 2007, Shehata *et al.* 2009, Yang *et al.* 2011) serta mendeteksi tingkat homosigositas dan kemurnian genetik inbrida dengan akurat (Mingsheng *et al.* 2010, Daniel *et al.* 2012, Hipi *et al.* 2012, Semagn *et al.* 2012, Mulsanti *et al.* 2013). Tingkat homosigositas dan kemurnian genetik yang tinggi pada jagung inbrida merupakan syarat penting dalam mengajukan permohonan hak paten atas materi genetik inbrida sebagai tetua persilangan (Gunjaca *et al.* 2008, Heckenberger *et al.* 2002).

Informasi keragaman dan tingkat homosigositas inbrida juga perlu didukung informasi karakter penting lainnya, seperti toleransi terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan nitrogen takaran rendah. Hal tersebut untuk mendukung perakitan varietas unggul yang toleran cekaman kekeringan sebagai antisipasi ketersediaan air

pada lahan pertanian yang semakin terbatas, karena bersaing dengan kebutuhan air di sektor industri, pemukiman, dan anomali iklim yang mempengaruhi ketidakpastian suplai air pada lahan pertanian. Pada daerah tropis, cekaman kekeringan mengakibatkan penurunan hasil jagung 15-61% (Monneveux *et al.* 2006, Iriany *et al.* 2007, Suwardi dan Azrai 2013).

Pada musim hujan, area pertanaman pangan menjadi luas, dan sekitar 57% produksi jagung diperoleh pada akhir musim hujan (Kasryno 2002). Kondisi tersebut mengakibatkan permintaan pupuk N meningkat tajam, sehingga sering terjadi kelangkaan pupuk N. Kelangkaan pupuk N menjadi masalah besar karena kandungan N dalam tanah umumnya rendah akibat mobilitasnya yang sangat tinggi. Menurut Ladha *et al.* (2005), kandungan N dalam tanah sangat rendah, hanya berkisar antara 0,02-0,4%. Lahan-lahan subur dengan sistem budi daya yang intensif telah mengalami degradasi akibat terkurasnya kandungan N tanah secara terus-menerus dan tidak diimbangi oleh pengembalian N yang berasal dari biomas tanaman ke dalam tanah. Kondisi tersebut mengharuskan tanaman jagung dipupuk N. Kendala modal dan kelangkaan pupuk N (urea) bersubsidi sering dialami sehingga jumlah pemberian pupuk N pada tanaman kurang optimal, dan hasil jagung tidak sesuai dengan potensi hasil. Salah satu upaya untuk mengantisipasi kondisi tersebut adalah merakit varietas unggul jagung yang toleran kekeringan dan pemupukan N takaran rendah. Menurut Banziger *et al.* (2000), indikator tanaman jagung yang toleran cekaman kekeringan dan pemupukan N takaran rendah dapat ditentukan berdasarkan tingkat penurunan hasil biji yang relatif lebih kecil pada kondisi cekaman tersebut dibanding pada kondisi optimum.

Tujuan penelitian ini adalah untuk: (1) menyeleksi 51 genotipe jagung inbrida yang memiliki tingkat homosigositas tinggi, toleran terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan N takaran rendah, dan (2) mengetahui keragaman genetiknya.

BAHAN DAN METODE

Penelitian terdiri atas dua tahapan. Tahap pertama adalah menyeleksi 51 genotipe jagung inbrida dengan marka SSRs. Tahap kedua, genotipe hasil seleksi pada tahap I diseleksi kembali toleransinya terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan N takaran rendah.

Seleksi dengan Marka SSR

Seleksi 51 genotipe jagung inbrida dengan marka SSR dilaksanakan di laboratorium Biologi Molekuler Balai

Penelitian Tanaman Serealia, Maros, Sulawesi Selatan, pada bulan April-Juni 2013. Seleksi bertujuan untuk menyaring 51 genotipe jagung inbrida yang memiliki tingkat homozigositas >80% dan mengetahui tingkat keragaman genetiknya. Genotipe yang diseleksi terdiri atas 20 genotipe inbrida toleran pemupukan N takaran rendah yang diintroduksi dari CIMMYT dan 31 genotipe inbrida yang berasal dari Balitsereal yang digunakan untuk program perakitan jagung hibrida dengan hasil tinggi dan toleran kekeringan (Tabel 3).

Benih inbrida ditanam 15 benih/pot pada pot berdiameter 17 cm dan tinggi 14 cm yang berisi \pm 625 g campuran tanah dan pupuk kompos dengan perbandingan 1:1 (v/v). Tanaman dipelihara sampai umur 10 hari setelah tanam (HST). Kemudian dilakukan pengambilan sampel daun yang telah membuka sempurna dari 10 individu tanaman per inbrida, dipotong kecil, dicampur, dan ditimbang 0,4 g/sampel.

Ekstraksi DNA mengikuti prosedur George *et al.* (2004). Pelet DNA dihasilkan melalui sentrifuse, kemudian dicuci, dikeringkan dan dilarutkan kembali dalam larutan TE Buffer serta diinkubasi pada suhu 60°C selama 15 menit.

Amplifikasi DNA menggunakan mesin PCR yang bertujuan untuk menggandakan DNA pada masing-masing primer. Primer yang digunakan sebanyak 36 yang menyebar secara merata pada seluruh genom jagung (Tabel 1). Primer-primer tersebut diseleksi berdasarkan sebaran yang merata pada ke-10 kromosom jagung dan sudah banyak digunakan sebagai marker SSR jagung (Warburton *et al.* 2002, George *et al.* 2004, Pabendon *et al.* 2007). Untuk setiap reaksi PCR diambil 8 μ l dari hasil pencampuran 1 μ l DNA, 6,25 μ l TaqDNA polymerase, 0,5 μ l primer, 2,25 μ l ddH₂O. Larutan tersebut masing-masing ditutup dengan satu tetes mineral oil. Proses amplifikasi terdiri atas tahap denaturasi 1 menit pada 94°C yang

Tabel 1. Primer yang digunakan dalam seleksi homozigositas dan analisis keragaman genetik jagung inbrida.

No.	Primer	Bin No.	Repeat type	Susunan basa	Temperatur anealing
1	phi109275	1.00	AGCT	CGGTTCATGCTAGCTCTGC//GTTGTGGCTGTGGTGGTG	54
2	bnlg1614	1.02	AG(15)	CCAACCCACCCAGAGGAGA//AGCGGGCGAGATCTTCAT	58
3	bnlg439	1.03	-	TTGACATCGCCATCTTGGTGACCA/CTTAATGCGATCGTACGAAGTTGTGGAA	54
4	umc1196	1.07	CACACG	CGTGCTACTACTGCTACAAAGCGA//AGTCGTTCTGTCTTCCGAAACT	54
5	phi227562	1.12	ACC	TGATAAAGCTCAGCCACAAGG//ATCTCGGCTACGGCCAGA	54
6	phi083	2.04	AGATG	AGGAGGACCCCAACTCCTG//TTGCACGAGCCATCGTAT	54
7	bnl1621	2.07	AG(18)	CAAGTGCTCCGAGATCTTCCA//CGCGAACATATTCAGAAGTTTG	54
8	phi101049	2.09	AGCT	CCGGGAACCTGTTCATCG//CCACGTCCATGATCACACC	52
9	umc1504	3.00	AGATG	CCGGGAACCTGTTCATCG//CCACGTCCATGATCACACC	54
10	phi374118	3.03	ACC	TACCCGGACATGGTTGAGC//TGAAGGGTGTCTTCCGAT	56
11	phi102228	3.04	ACC	TACCCGGACATGGTTGAGC//TGAAGGGTGTCTTCCGAT	54
12	phi053	3.05	AAGC	ATTCCGACGCAATCAACA//TTCATCTCTCCAGGAGCCTT	54
13	phi072	4.01	ATAC	ACCGTGATGATTAATTTCCAGCCTT//GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT	56
14	phi079	4.05	AAAC	TGGTGCTCGTTGCCAAATCTACGA//GCAGTGGTGGTTTCGAACAGACAA	52
15	phi093	4.08	AGATG	TGGTGCTCGTTGCCAAATCTACGA//GCAGTGGTGGTTTCGAACAGACAA	60
16	phi109188	5.00	AGCT	AGTGCGTCAGCTTCATCGCTACAAG//AGGCCATGCATGCTTGAACAATGGATACA	60
17	phi331888	5.04	AAAG	AAGCTCAGAAGCCGGAGC//GGTCATCAAGCTCTCTGATCG	54
18	phi048	5.07	ATCG	GCAAACCTTGATGAACCCGATTGT//CAAGCGTCCAGCTCGATGATTTT	56
19	umc1153	5.09	AAGC	TTGCGCAAGTTTGTAGCTG//ACTGAACCCGATGCCAAC	58
20	phi423796	6.02	(TCA)4	CAGCATCTATAGCTTGCTTGCAAT//TGGGTTTTGTTGTTTGTGTTGTTG	54
21	phi081	6.05	AGATG	CACTACTCGATCTGAACCACCA//CGCTCTGTGAATTTGCTAGCTC	54
22	phi452693	6.06	GAT-TAC	CAAGTGCTCCGAGATCTTCCA//CGCGAACATATTCAGAAGTTTG	56
23	phi299852	6.08	AGCC	CAAGTGCTCCGAGATCTTCCA//CGCGAACATATTCAGAAGTTTG	52
24	umc2059	6.09	(CAG)8	GGAAAAGGAGGAACAGTGTAAGCA//AGCGTGATCAGACGTACAATGCTA	56
25	umc1545	7.00	AGC	GATGTGGGTGCTACGAGCC//AGATCTCGGAGCTCGGCTA	58
26	phi034	7.02	CCT	TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT//GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	54
27	phi328175	7.04	CCT	TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT//GGGGAGCACGCCTTCGTTCT	56
28	umc1304	8.02	AGG	GGGAAGTGTCTCTTGACAG//CGGTAGGTGAACGCGGTA	54
29	phi233376	8.03	CCG	GGGAAGTGTCTCTTGACAG//CGGTAGGTGAACGCGGTA	58
30	umc1858	8.04	(TA)8	GTTGTTCTCTTGCTGACCAGTTT//ATCAGCAAATTAAGCAAAGGCAG	56
31	umc1279	9.00	(TCGA)4	GATGAGCTTGACGACGCCTG//CAATCCAATCCGTTGACAGGTC	54
32	umc1506	9.01	AGCC	TTGGCTCCCAGCGCCGAAA//GATCCAGAGCGATTTGACGGCA	56
33	phi032	9.04	CCG	CCGGCAGGATTAATCTCC//CGAGACCAAGAGAACCCTCA	54
34	phi448880	9.05	(CCT)6	GATGAGCTTGACGACGCCTG//CAATCCAATCCGTTGACAGGTC	54
35	phi041	10.00	AAAG	CTCCAGCAAGTGATGCGTGAC//GACACCCGGATCAATGATGGAAC	56
36	phi96342	10.02	AAGC	CGATCCGGAGGAGTTTCTTA//CCATGAACATGCCAATGC	54

Sumber: <http://www.maizegdb.org/ssr.php>

diikuti oleh *touch down* profil. Profil ini dimulai dengan dua siklus selama 1 menit pada 94°C, 1 menit pada 65°C, dan 2 menit pada 72°C. Temperatur *annealing* kemudian diturunkan dari 1°C setiap dua siklus hingga berakhir pada saat temperatur *annealing* tercapai. Siklus diulang 29 kali.

Elektroforesis produk PCR menggunakan gel akrilamid yang dibuat dengan campuran akrilamid 8% sebanyak 100 ml, Temed 100 µl, dan APS 10% 1.000 µl. Proses elektroforesis menggunakan alat Dual Triple Mini-vertical Electrophoresis System, CE, 2-place, 33 cm (w) x 10 cm (h) dan buffer TBE 1x dengan voltase 100 volt selama 45-60 menit. Visualisasi pola pita DNA melalui proses *silver staining* menggunakan protokol Promega Silver Sequence. Gel direndam selama 5 menit dalam larutan silver (1 g silver/l), kemudian dibilas dengan aquades selama 30 detik dan direndam kembali kedalam campuran larutan NaOH (20 g/l) dan formaldehid 3000 µl sampai muncul pita DNA. Pita-pita yang muncul diberi label berdasarkan posisi relatif pasang basa (bp) dari pita-pita terhadap fragmen marker yaitu öX174/Hin f I.

Pita-pita DNA yang muncul dari produk amplikasi DNA dengan gel akrilamid diskor berdasarkan kode data biner dengan kriteria: skor 1 = terbentuk pita; skor 0 = tidak terbentuk pita; skor 9 = pita yang terbentuk tidak sempurna atau kabur.

Tingkat polimorfisme DNA dianalisis berdasarkan nilai *polymorphic information content* (PIC) yang merupakan gambaran tingkat keragaman genetik (Weir 1996). Locus dengan jumlah alel yang banyak memiliki nilai PIC yang tinggi (Smith *et al.* 1997b). Nilai PIC dihitung dengan formula:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n f_i^2 \quad i = 1, 2, 3, \dots, n;$$

dimana f_i^2 adalah frekuensi alel ke-i. Koefisien korelasi kofenetik (r) dihitung dengan program NTSYS.

Tingkat heterosigositas inbrida dianalisis berdasarkan jumlah pita DNA yang muncul lebih dari satu pita/lokus. Analisis ini bertujuan untuk menghindari terseleksi genotipe-genotipe dengan tingkat heterosigositas tinggi, yang pada pengamatan secara fenotipik tidak terdeteksi. Tingkat heterosigositas masing-masing inbrida dapat diketahui dengan formula:

$$\text{Heterozigositas} = \frac{\text{Jumlah lokus heterozigot}}{\text{Total lokus SSRs yang digunakan}} \times 100\%$$

Untuk memperoleh hasil analisis data yang lebih akurat, inbrida yang memiliki heterosigositas >20% dieliminasi lebih awal, sehingga inbrida yang digunakan sebagai calon tetua memiliki tingkat homosigositas >80%.

Tingkat kemiripan genetik (*genetik similarity*, GS) diestimasi dengan koefisien Jaccard (Rohlf 2000)

menggunakan formula $S = \frac{m}{n+u}$; di mana m = jumlah pita (alel) DNA yang sama posisinya, n = total pita (alel) DNA, dan u = jumlah pita (alel) DNA yang tidak sama posisinya. Kemiripan genetik dianalisis berdasarkan *Unweighted Pair Kelompok Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA) menggunakan *software* NTSYS versi 2.1. Analisis matriks jarak genetik diperoleh dari hasil analisis kemiripan genetik dengan formula: $S = 1 - GS$, dimana S adalah jarak genetik dan GS adalah kemiripan genetik. Analisis Boot-Strapping dilakukan untuk mengetahui tingkat kepercayaan pengelompokan menggunakan program WinBoot.

Seleksi terhadap Cekaman Kekeringan dan Pemupukan Nitrogen Rendah

Hasil seleksi tingkat homosigositas dari 51 genotipe jagung inbrida berdasarkan marka SSRs pada percobaan tahap pertama hanya 30 inbrida yang memiliki tingkat homosigositas >80%, yang layak digunakan sebagai tetua untuk membentuk jagung unggul hibrida atau sintetik. Inbrida tersebut diseleksi tingkat toleransinya terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan N takaran rendah di dua lokasi, yaitu di Kebun Percobaan Balai Penelitian Tanaman Serealia di Maros dan Gowa, Sulawesi Selatan, pada bulan Juni-November 2013.

Percobaan menggunakan rancangan petak-petak terbagi dengan tiga ulangan. Petak utama adalah cekaman kekeringan (kondisi cekaman kekeringan dan pemberian air normal), anak petak adalah tingkat takaran pupuk N. Takaran pupuk N rendah adalah 75 kg/ha dan pupuk N rekomendasi 150 kg N/ha sebagai kontrol. Anak-anak petak adalah 30 genotipe jagung inbrida. Metode cekaman kekeringan yang digunakan merujuk kepada metode CIMMYT (Bänzinger *et al.* 2000, Messmer *et al.* 2009). Perlakuan cekaman kekeringan diberikan pada saat tanaman menjelang berbunga sampai 2 minggu setelah berbunga. Pada perlakuan cekaman kekeringan, pemberian air dihentikan pada saat tanaman berumur 40-70 HST. Perlakuan kontrol adalah pemberian air secara normal dengan frekuensi 10 hari sekali sampai umur 80 HST.

Sebelum ditanam, benih diberi perlakuan fungisida dengan dosis 2,5 g/kg benih untuk mencegah penyakit bulai, kemudian ditanam pada lubang tanam yang diberi insektisida carbofuran 30% dengan dosis 15 kg/ha untuk menghindari serangan hama. Setiap inbrida ditanam dalam subpetak satu baris dengan panjang 5 m, jarak tanam 75 cm x 20 cm. Pupuk 100 kg SP36/ha dan 75 kg KCl/ha dasar diberikan pada saat tanaman berumur 14

HST. Pupuk N diberikan $\frac{1}{2}$ takaran perlakuan pada 14 HST dan sisanya pada 30 HST.

Parameter yang diamati adalah hasil biji yang juga digunakan untuk menganalisis tingkat toleransi inbrida pada kondisi cekaman kekeringan, pemupukan N takaran rendah serta kombinasi cekaman kekeringan dan nitrogen dihitung menggunakan rumus indeks sensitivitas cekaman (ISC) yang dikemukakan Fischer dan Maurer (1978):

$$ISC = \frac{1 - (Yp / Y)}{1 - (Xp / X)}$$

Yp = Rata-rata hasil suatu genotipe yang mendapat cekaman kekeringan atau pemupukan N rendah

Y = Rata-rata hasil suatu genotipe yang tidak mendapat cekaman kekeringan atau pemupukan N rendah

Xp = Rata-rata hasil dari seluruh genotipe yang mendapat cekaman kekeringan atau pemupukan N rendah

X = Rata-rata hasil dari seluruh genotipe yang tidak mendapat cekaman kekeringan atau pemupukan N rendah

Kriteria untuk menentukan tingkat toleransi genotipe atau inbrida terhadap cekaman kekeringan adalah sebagai berikut: nilai $ISC < 0,50$ = toleran; $0,50 < ISC < 0,75$ = medium toleran; $0,75 < ISC < 1,00$ = peka; $S > 1,00$ = sangat peka.

Tingkat toleransi genotipe jagung inbrida terhadap cekaman kekeringan dinilai berdasarkan ISC dari parameter hasil yang diperoleh pada perlakuan cekaman kekeringan dan dosis pemupukan N 150 kg/ha. Tingkat toleransi genotipe jagung inbrida terhadap cekaman pemupukan N rendah dinilai berdasarkan ISC dari parameter hasil yang diperoleh pada kondisi pemberian air normal dan pemupukan N 75 kg/ha. Tingkat toleransi genotipe jagung inbrida terhadap kombinasi cekaman kekeringan dan pemupukan N rendah dinilai berdasarkan ISC dari parameter hasil yang diperoleh pada kondisi cekaman kekeringan dengan pemupukan N 75 kg/ha.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Seleksi dengan Marka SSR

Berdasarkan skoring visualisasi pita DNA dari tiap primer diperoleh nilai skoring 0 dan 9 yang berarti tidak munculnya pita atau data hilang. Persentase data hilang

yang ditolerir adalah $< 15\%$ (CIMMYT 2005). Dari 36 primer yang digunakan, dua primer yang data hilangnya $> 15\%$ yaitu phi041 dan phi45269 masing-masing sebesar 25,49% dan 31,37% (Tabel 2). Primer dengan data hilang $> 15\%$ tidak dieliminasi sehingga tidak diikutkan dalam analisis data, hanya 34 primer yang diikutkan untuk analisis lebih lanjut.

Jumlah alel yang teridentifikasi dari 30 inbrida yang dianalisis dengan 34 marka SSRs adalah 152 alel, dimana variasi jumlah alel/inbrida/marka yang terdeteksi berkisar 2-8 alel dengan rata-rata 4,28 alel. Menurut Wu *et al.* (2010), jumlah alel tersebut masih perlu ditambah dengan menambah jumlah primer yang diikutkan karena jumlah alel berkorelasi nyata dengan tingkat kestabilan pengelompokan heterotik sejumlah genotipe jagung. Jika ingin menganalisis pengelompokan heterotik dari 30 inbrida sebaiknya menggunakan 350 alel.

Nilai polimorfisme marka bervariasi antara 0,11-0,85. Nilai polimorfisme terendah terdapat pada primer phi448880 dan phi081 dengan nilai masing-masing 0,11 dan 0,26. Total primer yang diikutkan untuk analisis data lebih lanjut menjadi 32 primer dengan rata-rata polimorfisme cukup tinggi yaitu 0,57. Tingkat polimorfisme yang cukup tinggi mengindikasikan bahwa keragaman genetik di antara inbrida cukup besar. Menurut Buckler *et al.* (2006), semua variasi fenotipik dalam suatu spesies dikontrol oleh polimorfisme sejumlah gen.

Heterosigositas dari inbrida dapat diidentifikasi dengan marka SSR dimana jumlah pita DNA yang terdeteksi lebih dari satu. Tingkat heterosigositas dari 51 inbrida yang dianalisis menunjukkan persentase heterosigositas berkisar antara 5,41-59,46% (Tabel 3). Dari 51 genotipe inbrida yang diseleksi hanya 30 genotipe yang persentase heterosigositasnya $< 20\%$ dengan asumsi tingkat persentase homosigositas untuk satu lebih dari 80%, yaitu CML 161/NEI 9008, CY 11, CY 12, CY 14, CY 15, CY 7, G2013631, G2013645, MR 14, Nei9008, CLRCY017, CLRCY034, CLRCY039, CLYN249, CLYN253, CLYN257, CLYN260, CLYN261, DTPYC9-F13-2-3-1-2-B, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, DTPYC9-F65-2-2-1-1-B, DTPYC9-F46-3-9-1-1-B, G2013649, G2013627, G20133077, G20133036, AMB 20, 1044-30, 1042-69, dan AMB0, sedangkan sisanya sebanyak 21 inbrida memiliki persentase heterosigositas $> 20\%$ (Tabel 3). Diperkirakan genotipe dengan tingkat heterosigositas tinggi mengalami kontaminasi polen pada saat persilangan atau tercampurnya benih lain pada saat prosesing benih. Inbrida dengan persentase homosigositas $< 80\%$ akan dieliminasi dan tidak digunakan dalam program pembentukan jagung hibrida dan sintetik.

Tabel 2. Persentase missing, jumlah alel, polimorfis, dan kisaran relatif lokus yang ditemukan dari 51 inbrida.

No.	Primer	Kromosom No.	Data hilang (%)	Jumlah alel	Polimorfisme (%)	Kisaran relatif lokus SSRs (bp)
1	phi109275	1,00	7,84	5	0,71	104,73-124,11
2	bnlg1614	1,02	0,00	6	0,73	168,15-294,09
3	bnlg439	1,03	3,92	4	0,52	195,54-306,23
4	phi227562	1,12	3,92	4	0,67	276,55-297,22
5	phi083	2,04	0,00	5	0,57	122,4-179,58
6	bnlg1621	2,07	1,96	5	0,71	91,03-140,05
7	phi101049	2,09	0,00	4	0,51	261,4-377,28
8	umc1504	3,00	0,00	4	0,49	145,5-206,53
9	phi374118	3,02	0,00	4	0,53	204,45-246,77
10	phi102228	3,04	0,00	4	0,40	121,14-149,16
11	phi053	3,05	5,88	6	0,70	155,92-185,31
12	phi072	4,01	0,00	4	0,42	130,57-166,31
13	phi079	4,05	9,80	3	0,59	179,95-195,54
14	phi093	4,08	1,96	3	0,33	276,55-304,11
15	phi109188	5,00	3,92	5	0,60	156,65-210,88
16	phi331888	5,04	0,00	5	0,51	127,77-169,14
17	phi048	5,07	0,00	4	0,37	153,45-311,09
18	umc1153	5,09	1,96	5	0,71	100,12-111,36
19	phi423796	6,01	1,96	4	0,50	107,99-119,22
20	phi299852	6,08	0,00	8	0,72	106,75-200,00
21	umc2059	6,09	0,00	5	0,65	125,33-170,60
22	umc1545	7,00	0,00	3	0,56	68,91-83,89
23	phi034	7,02	0,00	5	0,66	118,00-135,61
24	phi328175	7,04	0,00	4	0,55	98,21-129,02
25	umc1304	8,02	7,84	4	0,59	122,41-130,11
26	phi233376	8,03	0,00	3	0,54	140,01-181,15
27	umc1858	8,04	0,00	4	0,68	111,99-380,6
28	umc1279	9,00	9,80	3	0,43	91,02-110,49
29	umc1506	9,01	5,88	4	0,62	104,73-124,11
30	phi032	9,04	0,00	6	0,66	96,72-149,16
31	phi96342	10,02	0,00	4	0,31	233,92-271,54
32	umc1196	10,07	7,84	5	0,65	137,25-155,90
33	phi448880	9,05	0,00	2	0,11	151,00-231,70
34	phi081	6,05	0,00	3	0,26	138,53-156,16
*	phi452693	6,06	25,49	-	-	-
*	phi041	10	31,37	-	-	-
Total				152		
Rata-Rata				4	0,57	

*Primer yang tidak diikuti dalam analisis lanjut

Analisis Kemiripan Genetik dan Kelompok Heterotik

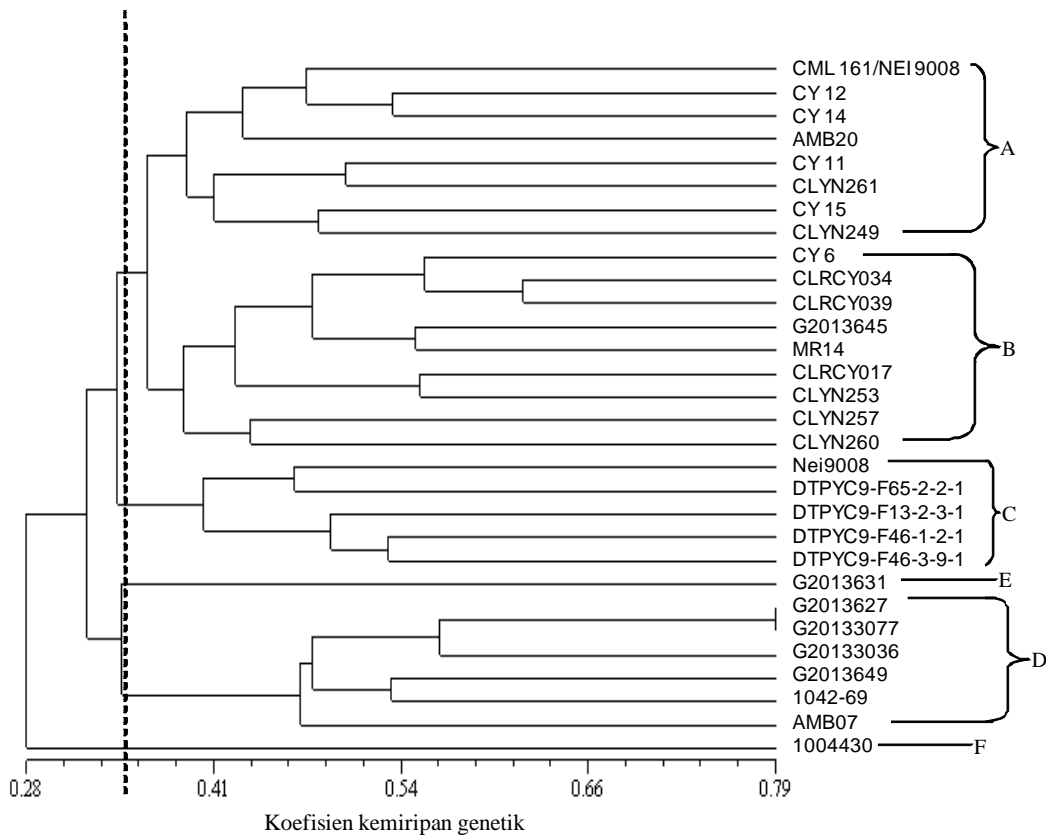
Analisis kemiripan genetik digunakan untuk menentukan hubungan kekerabatan secara genetik di antara 30 inbrida yang diuji. Berdasarkan kekerabatan tersebut diperoleh nilai jarak genetik antarinbrida yang dapat dibagi ke dalam kelompok heterotik (Senior *et al.* 1998) dalam bentuk visualisasi dendrogram (Gambar 1). Dari analisis *bootstrapping* diperoleh nilai koefisien kofenetik dari pengelompokan 30 inbrida sebesar 0,78 dengan tingkat kestabilan pengelompokan mendekati *good fit*. Nilai koefisien kofenetik menggambarkan tingkat kestabilan pengelompokan inbrida secara genotipik yang dikarakterisasi dari sejumlah primer. Menurut Wu

et al. (2010), untuk meningkatkan kestabilan pengelompokan heterotik dari 30 genotipe inbrida, sebaiknya menambah jumlah primer dengan jumlah alel mencapai 350 alel. Pada percobaan ini jumlah alel yang digunakan adalah 152 alel, sehingga perlu penambahan jumlah primer yang diikuti agar tingkat stabilitas pengelompokan inbrida menjadi lebih baik.

Tingkat koefisien kemiripan genetik (*genetic similarity*) dari 30 inbrida berkisar antara 0,28-0,79. Kisaran nilai tersebut menggambarkan keragaman genetik dari 30 genotipe inbrida yang cukup besar. Semakin besar nilai koefisien kemiripan genetik semakin besar peluang kekerabatan. Sebaliknya, semakin kecil nilai koefisien kemiripan genetik semakin kecil pula peluang tingkat kekerabatannya.

Tabel 3. Jumlah lokus heterosigot dan persentase heterosigositas dari 51 inbrida.

No.	Nama inbrida	Lokus heterosigot	Heterosigot (%)	No.	Nama inbrida	Lokus heterosigot	Heterosigot (%)
1	CML 161/NEI 9008	7	18,92	27	CLYN226	18	48,65
2	CY 10	9	24,32	28	CLYN231	14	37,84
3	CY 11	6	16,22	29	CLYN248	8	21,62
4	CY 12	5	13,51	30	CLYN249	7	18,92
5	CY 14	6	16,22	31	CLYN253	4	10,81
6	CY 15	7	18,92	32	CLYN257	5	13,51
7	CY 16	18	48,65	33	CLYN260	5	13,51
8	CY 4	8	21,62	34	CLYN261	3	8,11
9	CY 6	6	16,22	35	CLYN262	9	24,32
10	CY 7	8	21,62	36	DTPYC9-F114-2-4-1-1-B	8	21,62
11	DTPY C9-F47-1-7-1-B	8	21,62	37	DTPYC9-F13-2-3-1-2-B	3	8,11
12	G180	8	21,62	38	DTPYC9-F143-5-4-1-2-B	9	24,32
13	G2013619	12	32,43	39	DTPYC9-F46-1-2-1-2-B	7	18,92
14	G2013620	17	45,95	40	DTPYC9-F46-3-9-1-1-B	5	13,51
15	G2013621	13	35,14	41	DTPYC9-F65-2-2-1-1-B	7	18,92
16	G2013623	22	59,46	42	G2013649	6	16,22
17	G2013631	2	5,41	43	G 2013627	7	18,92
18	G2013632	12	32,43	44	G20133077	5	13,51
19	G2013634	8	21,62	45	G20133036	2	5,41
20	G2013645	6	16,22	46	G2013640	10	27,03
21	MR 14	6	16,22	47	AMB 20	5	13,51
22	Nei9008	5	13,51	48	1044-30	2	5,41
23	CLRCY017	3	8,11	49	AMB-36	9	24,32
24	CLRCY031	9	24,32	50	1042-69	3	8,11
25	CLRCY034	5	13,51	51	AMB07	3	8,11
26	CLRCY039	5	13,51				



Gambar 1. Hubungan kekerabatan genetik 30 inbrida jagung berdasarkan analisis kluster UPGMA.

Berdasarkan hasil pemotongan dendrogram dengan tingkat koefisien kemiripan sebesar 0,35 terbentuk enam kelompok yaitu kelompok A-F. Kelompok A terdiri atas delapan inbrida, yaitu CML161-NEI9008, CY12, CY14, AMB20, CY11, CLYN261, CY15, dan CLYN249. Kelompok B terdiri atas sembilan inbrida, yaitu CY6, CLRCY034, CLRCY039, G2013645, MR14, CLRCY017, CLYN235, CLYN257, dan CLYN260. Kelompok C terdiri atas lima inbrida, yaitu DTPYC9-F65-2-2-1, DTPYC9-F13-2-3-1, DTPYC9-F46-1-2-1, DTPYC9-F46-3-9-1, dan Nei9008. Kelompok D terdiri atas enam inbrida, yaitu G2013627, G20133077, G20133036, G2013649, 104269, dan AMB07. Kelompok E dan F masing-masing hanya terdiri dari satu inbrida yaitu G2013627 dan 104430 (Gambar 1). Sejumlah inbrida yang tergabung dalam satu kelompok heterotik diindikasikan memiliki kemiripan genetik yang dekat, sehingga dihindari rekombinasi persilangan antarinbrida

karena peluang terjadinya *inbreeding* akan semakin besar. Untuk mendapatkan peluang heterosis yang besar adalah melakukan rekombinasi persilangan inbrida antarkelompok heterotik. Inbrida G2013627 dan 104430 berdiri sendiri atau tunggal yang masing-masing masuk ke dalam heterotik E dan F. Inbrida tersebut berpeluang besar direkombinasikan dengan seluruh inbrida pada semua kelompok heterotik untuk mendapatkan heterosis yang besar.

Hasil penelitian Pabendon *et al.* (2008) menunjukkan bahwa persilangan inbrida antarkelompok heterotik yang berbeda berpeluang besar memperoleh hasil biji yang lebih tinggi dibandingkan dengan persilangan inbrida dalam satu kelompok heterotik. Dengan demikian pengelompokan inbrida berbasis marka molekuler SSR sangat membantu pemulia dalam memilih inbrida sebagai calon tetua untuk membentuk

Tabel 4. Rata-rata hasil beberapa inbrida dari dua lokasi (Maros dan Gowa) pada kondisi cekaman kekeringan dan tingkat takaran pemupukan nitrogen.

Inbrida	Hasil (t/ha)			
	Pemberian air optimum dengan pemupukan N (kg/ha)		Cekaman kekeringan dengan pemupukan N (kg/ha)	
	75	150	75	150
1042-69	1,53	2,12	0,31	0,71
1044-30	1,94	2,51	1,42	2,08
AMB07	1,43	2,34	0,43	0,75
AMB20	2,12	2,99	1,10	1,16
CLRCY017	0,42	0,95	0,21	0,25
CLRCY034	1,07	1,43	0,61	0,72
CLRCY039	1,51	1,83	0,32	0,58
CLYN249	1,07	2,33	0,68	1,08
CLYN253	1,66	2,68	1,00	0,91
CLYN257	1,81	2,39	0,57	0,86
CLYN260	1,80	2,70	1,29	1,54
CLYN261	2,11	2,88	0,83	1,35
CML161NEI9008	1,80	2,30	0,86	1,60
CY11	2,13	2,59	0,70	1,27
CY12	1,82	3,57	0,70	0,85
CY14	1,71	3,29	0,92	0,98
CY15	1,68	1,99	0,95	0,97
CY6	1,46	1,82	0,45	0,76
DTPYC9-F13-2-3-1-2-B	1,68	2,34	0,69	1,17
DTPYC9-F46-1-2-1-2-B	1,45	2,48	1,48	1,53
DTPYC9-F46-3-9-1-1-B	1,73	2,37	0,96	1,83
DTPYC9-F65-2-2-1-1-B	1,41	1,94	0,71	0,98
G-180	1,18	2,13	0,58	0,84
G20133036	1,40	1,87	0,48	0,87
G20133077	2,04	2,32	0,57	1,23
G2013627	1,79	2,31	0,50	0,98
G2013631	2,19	2,96	1,25	1,63
G2013645	1,92	2,92	0,77	0,89
G2013649	2,42	3,07	1,36	1,73
MR14	1,20	1,94	0,92	1,29
Nei9008	2,87	3,42	0,69	1,17
Rata-rata	1,69	2,41	0,78	1,11

jagung unggul hibrida. Semakin jauh jarak genetik antar inbrida untuk disilangkan semakin besar peluang mendapatkan efek heterosis yang tinggi.

Seleksi terhadap Cekaman Kekeringan dan Pemupukan Nitrogen Rendah

Cekaman kekeringan dan pemupukan N rendah berdampak negatif terhadap hasil biji. Hasil biji jagung dari 30 genotipe inbrida yang diuji pada kondisi optimum (pemberian air normal dan takaran N sebanyak 150 kg/ha) rata-rata 2,41 t/ha. Angka ini menurun 30% menjadi 1,69 t/ha bila tanaman mengalami cekaman pemupukan N rendah dan penurunan lebih besar (53%) menjadi 1,11 t/ha bila tanaman mengalami cekaman kekeringan. Penurunan hasil biji semakin tajam (68-88%) bila tanaman mengalami kombinasi cekaman kekeringan dan pemupukan N rendah dengan rata-rata hasil hanya 0,78 t/ha (Tabel 4).

Indikator jagung inbrida yang toleran cekaman kekeringan dan pemupukan N rendah dapat ditentukan berdasarkan tingkat penurunan hasil biji yang lebih kecil pada kondisi cekaman dibanding kondisi optimum (Banziger *et al.* 2000) dan tingkat toleransinya dapat digolongkan berdasarkan nilai indeks sensitivitas cekaman (ISC) (Fischer and Maurer 1978). Semakin kecil penurunan hasil biji pada kondisi cekaman maka nilai ISC akan semakin kecil pula sehingga berpotensi digolongkan sebagai inbrida toleran.

Berdasarkan nilai ISC diketahui inbrida yang tergolong toleran kekeringan adalah 1044-30 dan DTPYC9-F46-3-9-1-1-B dengan nilai ISC kekeringan masing-masing 0,32 dan 0,42 yang masuk ke dalam kelompok heterotik F dan C (Tabel 5). Inbrida tersebut mengalami penurunan hasil yang paling kecil masing-masing 17% dan 22%. Inbrida yang tergolong medium toleran kekeringan adalah CML161/NEI9008, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, dan MR14 dengan nilai ISC kekeringan

Tabel 5. Rata-rata nilai indeks sensitivitas cekaman beberapa inbrida terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan nitrogen rendah dari dua lokasi (Maros dan Gowa).

Kelompok heterotik	Inbrida	Nilai indeks sensitivitas cekaman			
		Kekeringan ^ε (K)	Pemupukan nitrogen rendah* (PNR)	Kombinasi cekaman ^δ (K dan PNR)	
A	CML 161/NEI 9008	0,57 (MT)	0,72 (MT)	0,93 (P)	
	CY 12	1,42 (SP)	1,64 (SP)	1,19 (SP)	
	CY 14	1,31 (SP)	1,60 (SP)	1,07 (SP)	
	AMB 20	1,26 (SP)	1,30 (SP)	1,21 (SP)	
	CY 11	0,95 (P)	0,59 (MT)	1,08 (SP)	
	CLYN261	0,99 (P)	0,89 (P)	1,06 (SP)	
	CY 15	0,96 (P)	0,53 (MT)	0,78 (P)	
	CLYN249	0,99 (P)	1,80 (SP)	1,05 (SP)	
	B	CY 6	1,09 (SP)	0,67 (MT)	1,11 (SP)
		CLRCY034	0,93 (P)	0,84 (P)	0,86 (P)
CLRCY039		1,27 (SP)	0,58 (MT)	1,22 (SP)	
G2013645		1,29 (SP)	1,14 (SP)	1,09 (SP)	
MR 14		0,62 (MT)	1,27 (SP)	0,78 (P)	
CLRCY017		1,36 (SP)	1,86 (SP)	1,15 (SP)	
CLYN253		1,23 (SP)	1,27 (SP)	0,93 (P)	
CLYN257		1,19 (SP)	0,81 (P)	1,13 (SP)	
CLYN260		0,80 (P)	1,11 (SP)	0,77 (P)	
C		Nei9008	1,22 (SP)	0,53 (MT)	1,18 (SP)
	DTPYC9-F13-2-3-1-2-B	0,94 (P)	0,95 (P)	1,05 (SP)	
	DTPYC9-F65-2-2-1-1-B	0,92 (P)	0,90 (P)	0,94 (P)	
	DTPYC9-F46-1-2-1-2-B	0,71 (MT)	1,39 (SP)	0,60 (MT)	
	DTPYC9-F46-3-9-1-1-B	0,42 (T)	0,90 (P)	0,88 (P)	
D	G 2013627	0,99 (P)	0,84 (P)	1,10 (SP)	
	G20133036	1,07 (SP)	0,75 (MT)	1,16 (SP)	
	G20133077	0,87 (P)	0,40 (T)	1,12 (SP)	
	G2013649	0,81 (P)	0,71 (MT)	0,83 (P)	
	1042-69	1,24 (SP)	0,93 (P)	1,27 (SP)	
	AMB07	1,14 (SP)	0,97 (P)	0,94 (P)	
	G2013631	0,83 (P)	0,87 (P)	0,86 (P)	
F	1044-30	0,32 (T)	0,75 (MT)	0,64 (MT)	

*Pemupukan nitrogen 75 kg/ha, ^εcekaman kekeringan dengan pemupukan 150 kg N/ha, ^δkombinasi cekaman kekeringan dan pemupukan N 75 kg/ha, MT = medium toleran, P = peka, SP = sangat peka, dan T = toleran

0,57-0,71 dan tingkat penurunan hasil 30,6-38,3% dan masuk ke dalam kelompok heterotik B dan C (Tabel 5).

Inbrida yang tergolong toleran pemupukan N rendah hanya G20133036 dengan nilai ISC 0,40 dan penurunan hasilnya hanya 11,95%. Inbrida yang tergolong medium toleran pemupukan N rendah adalah CML 161/NEI 9008, CY 11, CY 15, CY 6, CLRCY039, Nei9008, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, G2013627, G2013649, dan 1044-30 dengan nilai ISC 0,53-0,75 dan penurunan hasil 15,9-24,3%. Genotipe inbrida tersebut masuk ke dalam kelompok heterotik A, B, C dan D.

Inbrida yang tergolong medium toleran kekeringan dan pemupukan N rendah adalah DTPYC9-F46-1-2-1-2-B dan 1044-30 dengan nilai ISC masing-masing 0,60 dan 0,64 (Tabel 5) dan tingkat penurunan hasil 40-43%. Genotipe inbrida tersebut masuk ke dalam kelompok heterotik C dan F.

Tersedianya keragaman genetik inbrida yang luas dan toleran terhadap cekaman kekeringan dan pemupukan N rendah berperan penting dalam membentuk jagung hibrida atau sintetis unggul yang toleran cekaman tersebut. Tetua yang toleran cekaman kekeringan dalam kelompok heterotik berbeda dapat disilangkan dalam perakitan jagung hibrida toleran cekaman kekeringan atau pemupukan N rendah. Hasil penelitian Silvestro *et al.* (2013) menunjukkan bahwa hasil persilangan dari tetua yang toleran kekeringan menghasilkan jagung hibrida yang toleran. Sebaliknya, hasil persilangan tetua yang peka cekaman kekeringan menghasilkan hibrida yang peka kekeringan.

KESIMPULAN

1. Dari 51 genotipe jagung inbrida yang diseleksi berdasarkan markah SSR terdapat 30 genotipe yang memiliki tingkat homosigositas yang tinggi dengan tingkat keragaman genetik cukup besar, di mana nilai koefisien kemiripan genetiknya berkisar antara 0,22-0,87 yang terbagi dalam enam kelompok heterotik.
2. Inbrida yang toleran kekeringan adalah DTPYC9-F46-3-9-1-1-B dan 1044-30, masing-masing masuk ke dalam kelompok heterotik C dan F. Inbrida yang tergolong medium toleran kekeringan adalah CML 161/NEI 9008 dan MR 14, masing-masing masuk ke dalam kelompok heterotik A dan B.
3. Inbrida yang toleran pemupukan N rendah adalah G20133077 yang masuk dalam kelompok heterotik D. Inbrida yang medium toleran pemupukan N rendah adalah CML 161/NEI 9008, CY 11, CY 15, CY

6, CLRCY039, Nei9008, DTPYC9-F46-1-2-1-2-B, G 2013627, G2013649, dan 1044-30.

4. Inbrida yang medium toleran kekeringan dan pemupukan N rendah adalah DTPYC9-F46-1-2-1-2-B dan 1044-30, masing-masing tergolong kelompok heterotik C dan F.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Proyek Kerjasama Kemitraan Penelitian dan Pengembangan Pertanian (KKP3N) tahun 2013 atas bantuan dana penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

- Bänzinger, M., G.O. Edmeades, D. Beck, and M. Bellon. 2000. Breeding for drought and nitrogen stress tolerance in maize: From Theory to Practice. Page 68. CIMMYT, Mexico, D.F.
- Buckler, E.S., B.S. Gaut, and M.D. McMullen. 2006. Molecular and functional diversity of maize. *Curr. Opin. Plant Biol.* 9:172-176.
- CIMMYT. 2005. Laboratory protocols: CIMMYT applied molecular genetics laboratory. Page 102. CIMMYT, Mexico, D.F.
- Daniel, I.O., J.A. Adetumbi, O.O. Oyelakin, S.A. Olakojo, M.O. Ajala, and S.O. Onagbesan. 2012. Application of SSR markers for genetic purity analysis of parental inbred lines and some commercial hybrid maize (*Zea mays L.*). *Amer. J. of Expt. Agric.* 2:597-605.
- Fischer, R. and R. Maurer. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. *Austral. J. Agric. Res.* 29:897-912.
- George, M.L., E. Regalado, M. Warburton, S. Vasal, and D. Hoisington. 2004. Genetic diversity of maize inbred lines in relation to downy mildew. *Euphytica* 135:145-155.
- Gunjaca, J., I. Buhinicek, M. Jukic, H. Sarcevic, A. Vragolovic, Z. Kozic, A. Jambrovic, and I. Pejic. 2007. Discriminating maize inbred lines using molecular and DUS data. *Euphytica* 161:165-172.
- Gunjaca, J., I. Buhinicek, M. Jukic, H. Sarcevic, A. Vragolovic, Z. Kozic, A. Jambrovic, and I. Pejic. 2008. Discriminating maize inbred lines using molecular and DUS data. *Euphytica* 161:165-172.
- Gupta, P.K., H.S. Balyan, P.C. Sharma, and B. Ramesh. 1996. Microsatellites in plants: A new class of molecular markers. *Current Science* 71(1):45-54.
- Heckenberger, M., M. Bohn, J.S. Ziegler, L.K. Joe, J.D. Hauser, M. Hutton, and A.E. Melchinger. 2002. Variation of DNA fingerprints among accessions within maize inbred lines and implications for identification of essentially derived varieties. I. Genetic and technical sources of variation in SSR data. *Molecular Breeding* 10:181-191.
- Hipi, A., M. Surahman, S. Ilyas, and Giyanto. 2012. Seed genetic purity assessment of hybrid maize using microsatellite markers (SSR). *In: Proceeding of an International Maize Conference, Gorontalo.*

- Iriany, R.N., A.M. Takdir, M. Yasin, H.G. and M.J. Mejaya. 2007. Maize genotypes tolerance to drought stress. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 26(3):156-160.
- Kasryno, F. 2002. Perkembangan produksi dan konsumsi jagung dunia selama empat dekade yang lalu dan implikasinya bagi Indonesia. Makalah disampaikan pada diskusi nasional agribisnis jagung. Badan Litbang Pertanian, Bogor.
- Ladha, J.K., H. Pathak, J.T. Krupnik, J. Six, and V.C. Kessel. 2005. Efficiency of fertilizer nitrogen in cereal production: Retrospects and prospects. Pages 85-156 in L.S. Donald, *Advances in Agronomy*, Academic Press.
- Legesse, B.W., A.A. Myburg, K.V. Pixley, and A.M. Botha. 2007. Genetic diversity of African maize inbred lines revealed by SSR markers. *Hereditas* 144:10-17.
- Li, Y., J. Du, T. Wang, Y. Shi, Y. Song, and J. Jia. 2002. Genetic diversity and relationships among chinese maize inbred lines revealed by SSR markers. *Maydica* 47:93-101.
- Liu, K., M. Goodman, S. Muse, J.S. Smith, E. Buckler, and J. Doebley. 2003. Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. *Genetics* 165:2117-2128.
- Messmer, R., Y. Fracheboud, M. Bänziger, M. Vargas, P. Stamp, and J.M. Ribaut. 2009. Drought stress and tropical maize: QTL-by-environment interactions and stability of QTLs across environments for yield components and secondary traits. *Theoret. Appl. Genet.* 119:913-930.
- Mingsheng, W., X. Jia, L. Tian, and L. Baochun. 2010. Rapid and reliable purity identification of F1 hybrids of maize (*Zea mays* L.) using SSR markers. *Maize Genomics and Genetics* 1(1):1-4.
- Monneveux, P., C. Sanchez, D. Beck, and G.O. Edmeades. 2006. Drought Tolerance improvement in tropical maize source populations: Evidence of progress. *Crop Science* 46:180-191.
- Mulsanti, I.W., M. Surahman, S. Wahyuni, and D.W. Utami. 2013. Identifikasi galur tetua padi hibrida dengan marka SSR spesifik dan pemanfaatannya dalam uji kemurnian benih. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 32(1):1-8.
- Pabendon, M.B., M. Azrai, M.J. Mejaya, dan Sutrisno. 2008. Keragaman genetik inbrida jagung QPM dan normal berbasis marka mikrosatelit dan hubungannya dengan penampilan hibrida. *Jurnal AgroBiogen* 4(2):77-82.
- Pabendon, M.B., M.J. Mejaya, J. Koswara, dan H. Aswidinnoor. 2007. Analisis keragaman genetik inbrida jagung berdasarkan marka SSR dan korelasinya dengan data fenotipik F1 hasil silang uji. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 26(2):69-77.
- Powell, W., G.C. Machray, and J. Provan. 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science* 1:215-222.
- Rohlf, F.J. 2000. NTSYSpc numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.1. Applied Biostatistics Inc.
- Semagn, K., Y. Beyene, D. Makumbi, S. Mugo, B.M. Prasanna, C. Magorokosho, and G. Atlin. 2012. Quality control genotyping for assessment of genetic identity and purity in diverse tropical maize inbred lines. *Theoret. Appl. Genet.* 125:1487-1501.
- Senior, M.L., J.P. Murphy, M.M. Goodman, and C.W. Stuber. 1998. Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system. *Crop Sci.* 38:1088-1098.
- Shehata, A.I., H.A. Al-Ghethar, and A.A. Al-Homaidan. 2009. Application of simple sequence repeat (SSR) markers for molecular diversity and heterozygosity analysis in maize inbred lines. *Saudi J. Biol. Sci.* 16:57-62.
- Silvestro, K., Meseka, A. Menkir, A.S. Elhassan, Ibrahim, and S.O. Ajala. 2013. Genetic analysis of maize inbred lines for tolerance to drought and low nitrogen. *Jonares* 1:29-36.
- Singh, J., M.Y. Chaudhri, and W.M. Tahir. 1987. Field manual of maize breeding procedures. Food and Agriculture Organization of The United Nations, Rome.
- Smith, J.S.C., E.C.L. Chin, H. Shu, O.S. Smith, S.J. Wall, M.L. Senior, S.E. Mitchell, S. Kresovich, and J. Ziegler. 1997a. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree. *Theoretical and Applied Genetics* 95:163-173.
- Smith, J.S.C., E.C.L. Chin, H. Shu, O.S. Smith, S.J. Wall, M.L. Senior, S.E. Mitchell, S. Kresovich, and J. Ziegler. 1997b. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree. *Theoret. Appl. Genet.* 95: 163-173.
- Suwardi dan M. Azrai. 2013. Pengaruh cekaman kekeringan genotipe jagung terhadap karakter hasil dan komponen hasil. *in* Seminar Nasional Serealia. Meningkatkan Peran Peneliti Serealia Menuju Pertanian Berkelanjutan. Maros, 18 Juni 2013. Badan Penelitian dan pengembangan Pertanian. Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan. Balai Penelitian Tanaman Serealia.
- Warburton, M.L., X. Xia, J. Crossa, and J. Franco. 2002. Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Science* 42:1832-1840.
- Weir, B.S. 1996. Genetic data Analysis II. 2nd ed. edition. Sinauer Associates. Sunderland.
- Wu, C., S. Li, B. Dong, Q. Zhang, and C. Zhang. 2010. Determination of the number of SSR alleles necessary for the analysis of genetic relationships between maize inbred lines. *Agricultural Sciences in China* 9:1713-1725.
- Yang, X., Y. Xu, T. Shah, H. Li, Z. Han, J. Li, and J. Yan. 2011. Comparison of SSRs and SNPs in assessment of genetic relatedness in maize. *Genetica* 139:1045-1054.