

B U L E T I N Palawija

Volume 20, Nomor 2, Oktober 2022

Eksplorasi dan Identifikasi Morfologi Cendawan Entomopatogen
Isolat Lokal Sulawesi Selatan sebagai Calon Biopestisida
Potensial

Chemical and Physical Characteristics of Twenty One Sweet
Potato Genotypes Collected from Malaysia

Performance of Agronomic Characters of Soybean Lines Derived
from Different Crossing

Deteksi dan Distribusi Virus pada Kacang Tanah (*Arachis
hypogaea* L.) di Sulawesi Selatan

Interaksi Genotipe dan Lingkungan terhadap Ukuran Karakter
Ubijalar Lokal Papua Berdasarkan Analisis AMMI

Daya Hasil dan Respon Galur Kacang Tanah terhadap Penyakit
Bercak Daun, Karat Daun dan Layu Bakteri *Ralstonia
solanacearum*

Buletin Palawija	Vol. 20 No. 2	hlm. 59-120	Malang, Oktober 2022	ISSN 1693-1882	e-ISSN 2615-8108
---------------------	---------------	-------------	-------------------------	-------------------	---------------------

BALAI PENELITIAN TANAMAN ANEKA KACANG DAN UMBI
Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan
Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian

BULETIN Palawija

PENANGGUNG JAWAB:

Kepala Balitkabi

Dewan Redaksi

Ketua

Prof. Dr. Ir. Made Jana Mejaya, MSc
Pemuliaan Tanaman

Wakil Ketua

Prof. Dr. Ir. Didik Harnowo, MS
Teknologi Benih

ANGGOTA

Dr. Heru Kuswantoro
Pemuliaan Tanaman

Ir. Joko Susilo Utomo, PhD
Pasca Panen Mekanisasi Pertanian

Ir. Fachrur Rozi, MS
Ekonomi Pertanian

Dr. Ir. Yusmani, MSI
Penyakit Tanaman

Ir. Erliana Ginting, MSc
Teknologi Pangan

Prof. Dr. Arief Harsono
Ekofisiologi Tanaman

Ir. Abdullah Taufiq, MP
Ilmu Tanah

Dr. Agustina Asri Rahmianna
Ekofisiologi Tanaman

Eriyanto Yusnawan, SP., PhD
PenyakitTanaman

MITRA BESTARI

Dr. Sc.Agr. Agung Karuniawan, MScAgr
Pemuliaan Tanaman

Dr. Ir. Yulia Nuraini, MS
Ilmu Tanah

Prof. Dr. Ratya Anindita
Ekonomi Pertanian

Prof. Dr. Subiyakto
Entomologi

Prof. Ir. Loekas Soesanto, MS, PhD
Penyakit Tanaman

Dr. Ir. Bambang Dwi Argo, DEA
Mekanisasi Pertanian

Prof.Dr. Harijono, M.App. Sc
Teknologi Pangan

Dr. Budi Waluyo
Pemuliaan Tanaman

Dr. Endah Retno Palupi
Teknologi Benih

Dr. Budi Prasetyo
Ilmu Tanah

Dr. Nurul Aini
Agronomi

REDAKSI PELAKSANA

Bambang Sri Koentjoro, SP, MCom
Dian Adi Anggraeni, STP, M.AgrSc, MAP
Dr. Runik Dyah Purwaningrahayu, SP, MP
Marida Santi Yudha Ika Bayu, SP, MAg

SEKRETARIAT

Marida Santi Yudha Ika Bayu, SP, MAg

FREKUENSI TERBIT

Dua nomor per tahun: Mei dan Oktober

ALAMAT

Redaksi Buletin Palawija

Balitkabi, Jalan Raya Kendalpayak km 8 Kotak Pos 66
Malang 65101 Tel. 0341-801468 Fax. 0341-801496
e-mail: bpalawija@gmail.com

ISSN 1693-1882

E-ISSN 2615-8108

Daftar Isi

Volume 20 Nomor 2 Oktober 2022

Eksplorasi dan Identifikasi Morfologi Cendawan Entomopatogen Isolat Lokal Sulawesi Selatan sebagai Calon Biopestisida Potensial

Elisurya Ibrahim, Firmansyah, Mansur,
Yusmani Prayogo 59-70

Chemical and Physical Characteristics of Twenty One Sweet Potato Genotypes Collected from Malaysia

Joko Susilo Utomo, Erliana Ginting 71-83

Performance of Agronomic Characters of Soybean Lines Derived from Different Crossing

Purwanto, Sutrisno, Heru Kuswantoro 84-94

Deteksi dan Distribusi Virus pada Kacang Tanah (*Arachis hypogaea* L.) di Sulawesi Selatan

Niken Nur Kasim, Tri Asmira Damayanti, Sri
Hendrastuti Hidayat, Sugeng Santoso 95-102

Interaksi Genotipe dan Lingkungan terhadap Ukuran Karakter Ubijalar Lokal Papua Berdasarkan Analisis AMMI

Yohanis Amos Mustamu, Saraswati
Prabawardani, Otties Kurni 103-110

Daya Hasil dan Respon Galur Kacang Tanah terhadap Penyakit Bercak Daun, Karat Daun dan Layu Bakteri *Ralstonia solanacearum*

Joko Purnomo, Agustina Asri Rahmianna,
Eriyanto Yusnawan 111-120

Indeks Buletin Palawija Volume 20 Nomor 2

Tahun 2022 121

Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi

Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan
Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian

KATA PENGANTAR

Ungkapan syukur kepada Tuhan yang Maha Kuasa, karena dengan izin-Nya Buletin Palawija Volume 20 Nomor 2 telah berhasil diterbitkan. Terbitnya Buletin Palawija tidak terlepas dari kesediaan para penulis yang telah mengirimkan naskahnya untuk diterbitkan pada Buletin Palawija, serta kerja keras Tim Redaksi dan Mitra Bestari. Terbitan kali ini memuat enam judul tulisan hasil penelitian primer yang membahas mengenai eksplorasi dan identifikasi cendawan entomopatogen sebagai calon biopestisida potensial, karakteristik fisik dan kimia ubi jalar serta aspek pemuliaannya, aspek agronomis dan penyakit komoditas kacang tanah, serta karakter agronomis komoditas kedelai.

Semoga tulisan-tulisan tersebut di atas bermanfaat, baik bagi peneliti, pengambil kebijakan, maupun para praktisi dalam rangka mendukung pengembangan pertanian, khususnya komoditas kacang dan umbi di Indonesia.

Redaksi

Eksplorasi dan Identifikasi Morfologi Cendawan Entomopatogen Isolat Lokal Sulawesi Selatan sebagai Calon Biopestisida Potensial

Exploration and Morphology Identification of Entomopathogenic Fungi Local Isolate South Sulawesi as Potential Biopesticide Candidates

Elisurya Ibrahim¹, Firmansyah¹, Mansur², Yusmani Prayogo¹

¹Pusat Riset Tanaman Pangan, Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN) Cibinong Science Center- Botanical Garden, Jl.Raya Jakarta-Bogor KM 46 Cibinong Bogor, Jawa Barat16911

²Loka Penelitian Penyakit Tungro Jl. Bulu No.101 Lanrang, Sidrap Sulawesi Selatan 91651

*E-mail: elisuryaibrahim@gmail.com

NASKAH DITERIMA 03 JANUARI 2022 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 31 OKTOBER 2022

ABSTRAK

Cendawan entomopatogen merupakan salah satu jenis agens hayati yang potensial digunakan sebagai biopestisida dalam pengendalian hama. Untuk mendapatkan cendawan entomopatogen yang efektif dan potensial dapat dilakukan melalui eksplorasi dari isolat lokal yang mempunyai daya adaptasi, virulensi dan kemampuan epizootik lebih unggul dibandingkan isolat dari hasil introduksi. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan isolat lokal cendawan entomopatogen di Kabupaten Sidrap, Sulawesi Selatan yang dilaksanakan mulai bulan Juli hingga September 2020. Metode eksplorasi yang digunakan adalah isolasi menggunakan sistem pengumpanan serangga (*insect baiting*). Isolat yang diperoleh kemudian diuji patogenitasnya pada larva ulat *Tenebrio molitor*. Hasil eksplorasi dan identifikasi morfologi menunjukkan bahwa seluruh isolat lokal cendawan entomopatogen yang diperoleh mempunyai peluang yang cukup besar untuk digunakan sebagai agens pengendalian hayati. Dua isolat diantaranya yang cukup menonjol, yaitu *Beauveria bassiana* dan *Metarhizium anisopliae* memiliki kemampuan membunuh serangga uji *T. molitor* hingga 80-100% dengan indeks kematian berkisar 5-9 hari. Isolat cendawan *M. anisopliae* yang diperoleh dari Merittengae lebih patogenik, karena mampu menyebabkan mortalitas *T. molitor* mencapai 100% hanya dalam waktu lima hari jika dibandingkan dengan isolat lainnya. Oleh karena itu, isolat tersebut mempunyai potensi besar untuk digunakan sebagai agens hayati dalam pengendalian hama karena mampu menyebabkan epizootik.

Kata kunci: biopestisida, cendawan entomopatogen, eksplorasi, morfologi, isolat

ABSTRACT

Entomopathogenic fungi are one of the potential biological agents to be used as biopesticides for pest control. To obtain an effective and potential entomopathogenic fungus, it can be done through exploration of local isolates which have superior adaptability, virulence and epizootic ability compared to those of introduction isolates. This study aimed to obtain local isolates of entomopathogenic fungi in Sidrap Regency, South Sulawesi which was carried out from

July to September 2020. The exploration method used was isolation using an insect baiting system. The isolates obtained were then tested for pathogenicity on the larvae of the caterpillar *Tenebrio molitor*. The exploration and identification showed that all local isolates of entomopathogenic fungi obtained had opportunity to be used as biological control agents. Two types of them, namely *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* had the ability to kill *T. molitor* test insects up to 80-100% with a mortality index ranging from 5-9 days. The isolate of *M. anisopliae* fungus obtained from Merittengae was more pathogenic compared to other isolates because it caused *T. molitor* mortality up to 100% in just five days. Therefore, these isolates have great potential to be used as biological agents to control pests as they have epizootic capabilities.

Keywords: biopesticides, entomopathogenic fungi, exploration, morphology, isolate

PENDAHULUAN

Hama menjadi salah satu kendala utama dalam upaya peningkatan produktivitas berbagai komoditas tanaman pangan, perkebunan maupun hortikultura, yang semakin sulit dikendalikan. Kondisi tersebut terjadi akibat cekaman lingkungan seperti terjadinya resistensi dan resurgensi terhadap sebagian besar formulasi produk pestisida sintetik yang beredar, perubahan iklim global yang tidak menentu seperti musim kemarau yang berkepanjangan sehingga memicu peningkatan produksi hormon perkembangan (*juvenile hormone*) dan terbentuknya strain atau biotipe baru (Fang *et al.* 2014; Nayak *et al.* 2020; Skendzic *et al.* 2021). Selain itu, tuntutan pencapaian swasembada pangan dengan menerapkan peningkatan indeks pertanaman (IP) 300 menjadi 400 mendorong terbentuknya sistem tanam monokultur sepanjang tahun. Hal ini berakibat keanekaragaman hayati menjadi sangat terbatas (Sing 2017; Sarina dan Singh 2017). Pada kondisi demikian, teknologi konvensional yang diandalkan petani sebagai senjata ampuh justru tidak

memperoleh hasil seperti yang diharapkan karena populasi hama di lapangan semakin meningkat. Oleh karena itu, strategi pengendalian hama yang tepat, efektif, dan efisien sangat diperlukan untuk menekan terjadinya resistensi maupun resurgensi (Zhu *et al.* 2016; Ibrahim dan Mugiasih 2020; Liu *et al.* 2020).

Salah satu alternatif yang menjadi pilihan untuk menekan atau menghambat terjadinya resistensi dan resurgensi yaitu memanfaatkan biopestisida yang berasal dari agens hayati khususnya cendawan entomopatogen (Sujeetha dan Sahayaraj 2014; Maina *et al.* 2018; Chang *et al.* 2021). Cendawan entomopatogen merupakan organisme heterotrof yang bersifat patogenik yang dapat menginfeksi serangga inang (*host*) dengan cara penetrasi menggunakan tabung kecambah (*germ tube*). Tabung kecambah kemudian memproduksi berbagai enzim seperti protease, kitinase, dan lipase untuk mendegradasi kutikula. Tabung kecambah berkembang membentuk miselium masuk ke dalam hemosol untuk mengabsorpsi darah (*hemolymph*) serangga. Selanjutnya, cendawan membentuk blastospora yang memproduksi berbagai jenis toksin seperti *beauvericin*, *bassionalide*, *oosporein*, *tenellin*, dan *bassiacridin* yang dapat meracuni darah dan mengganggu sistem saraf sehingga aktivitas serangga menjadi lamban yang diakhiri dengan kematian (Gul *et al.* 2014; Mascarin *et al.* 2021; Wang *et al.* 2021).

Kematian serangga umumnya terjadi antara tiga sampai empat hari setelah infeksi (HSI) atau tergantung dari jenis isolat cendawan entomopatogen. Miselium berkembang memenuhi seluruh rongga hemosol, setelah nutrisi habis di dalam hemosol selanjutnya miselium menembus ke luar tubuh serangga dan mengkolonisasi menginfeksi inang yang lain dengan memproduksi konidia sebagai organ infeksi. Tubuh atau bangkai serangga (*cadaver*) yang sudah mati terinfeksi dan terkolonisasi miselium cendawan entomopatogen umumnya mengeras seperti mumi (*mumification*) (Mwanburi *et al.* 2019; Sharma *et al.* 2020). Isolat cendawan entomopatogen yang memiliki virulensi tinggi mampu membunuh inang dalam rentang waktu lebih singkat dibandingkan dengan isolat yang avirulen.

Eksplorasi isolat cendawan entomopatogen dapat dilakukan dengan berbagai cara antara lain: mengambil bangkai serangga yang terinfeksi cendawan di lapangan, isolasi dari permukaan tanah serta sistem pengumpanan menggunakan serangga (*insect baiting*) yang diberi tanah (Herlinda 2010; Masoudi *et al.* 2020; Kidanu dan Hagos 2020; Manzoukas *et al.* 2020). Isolat lokal cendawan entomopatogen yang diperoleh dari lokasi setempat

akan mempunyai adaptasi dan kinerja yang lebih tinggi dalam membunuh hama sasaran dibandingkan dengan agens hayati yang diintroduksi dari daerah lain (Nidhi *et al.* 2018; Teja dan Rahman 2020; Alfiky 2021; Sahin dan Yanar 2021; Sutanto *et al.* 2021). Isolat lokal cendawan entomopatogen bersifat kosmopolit sehingga sangat mudah diperoleh di berbagai negara agraris terutama di Indonesia (Herdatiarni *et al.* 2014; Ginting *et al.* 2020; Herlinda *et al.* 2020a; Suwandi 2021). Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan isolat lokal cendawan entomopatogen yang potensial sebagai agens hayati untuk pengendalian hama di Kabupaten Sidrap. Sulawesi Selatan.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan pada bulan Juli sampai September 2020 di Laboratorium Loka Penelitian Penyakit Tungro (Lolit Tungro) Sulawesi Selatan. Penelitian disusun menggunakan Rancangan Acak Lengkap (RAL), lokasi pengambilan sampel digunakan sebagai perlakuan, dan masing-masing perlakuan diulang tiga kali sehingga terdapat 18 titik pengambilan sampel tanah. Lokasi tersebut berada di Provinsi Sulawesi Selatan Kabupaten Sidrap meliputi; 1) Marittengae (-3°52'54", 120°0'44", -101,7FT, 141°), 2) Panca Rijang (-3°50'57", 119°49'29", 92,0m), 3) Pitu Riase III (-3°52'53", 120°0'43", -162,7FT, 245°), 4) Pitu Riase II (-3°49'19", 120°1'59", -163,4FT, 191°), 5) Pitu Riase I (-3°48'50", 120°2'24", 124,0FT, 93°) dan 6) Pitu Riawa (-3°50'51", 119°58'16", 85,0m). Pada setiap titik, sampel tanah diambil pada areal berukuran 20 cm x 20 cm.

Sampel tanah diambil dengan menggali tanah pada kedalaman sekitar 15 cm (*top soil*) di sekitar perakaran tanaman pisang. Pada setiap titik diambil kurang lebih sebanyak 2000 g tanah, kemudian dimasukkan ke dalam kantong plastik dan diberi label sesuai dengan informasi lokasi dan tanggal pengambilan sampel. Sampel tanah kemudian dibawa ke laboratorium untuk dilakukan proses isolasi cendawan.

Isolasi cendawan dari tanah dilakukan dengan metode perangkap serangga (*Insect bait method*) yang sudah dimodifikasi mengacu metode Nishi *et al.* (2011), Anwar *et al.* (2015), dan Nishi dan Sato (2019). Sampel tanah dibersihkan dari kotoran dan akar tumbuhan kemudian dimasukkan ke dalam kotak plastik yang berukuran 13 x 13 x 10 cm³. Masing-masing kotak diisi 500 g tanah. Sampel tanah dilembabkan menggunakan air steril kemudian dimasukkan sebanyak 25 ekor larva *Tenebrio molitor* instar V yang sudah berganti ganti kulit (*moulting*),

selanjutnya kotak plastik ditutup. Sampel tanah yang sudah berisi larva *T. molitor* diinkubasi selama 2 minggu pada suhu $\pm 21^\circ\text{C}$ di dalam ruang gelap dengan posisi kotak plastik dibolak balik setiap hari selama 1 minggu pertama untuk meningkatkan kelembaban sehingga cendawan mampu membentuk tabung kecambah dan melakukan penetrasi ke lapisan kutikula serangga. Mortalitas larva *T. molitor* karena terinfeksi cendawan diamati setiap hari.

Pengamatan persentase mortalitas *T. molitor* yang terinfeksi cendawan entomopatogen dilakukan dengan menghitung jumlah larva *T. molitor* yang mati pada saat perlakuan metode perangkap serangga berdasarkan Hofgaard *et al.* (2016) yaitu:

$$IP = \frac{ib}{tb} \times 100 \%$$

Keterangan;

IP = Inokulum potensial

ib = Jumlah larva *T. molitor* yang mati terinfeksi cendawan

tb = Jumlah total larva *T. molitor* yang diuji.

Indeks kecepatan kematian atau masa inkubasi serangga uji *T. molitor* akibat infeksi cendawan entomopatogen dilakukan dengan menghitung jumlah larva *T. molitor* yang mati pada sistem perangkap mengacu metode Setiawan dan Supriyadi (2014) dengan menggunakan rumus sebagai berikut:

$$V = T_1P_1 + T_2P_2 + T_3P_3 + T_nP_n \cdot k_n / N$$

Keterangan;

T = Waktu pengamatan

P = Jumlah serangga yang mati terinfeksi cendawan entomopatogen

n = waktu pengamatan yang diperlukan hingga selesai

N = Jumlah total serangga yang diuji

Isolasi cendawan entomopatogen diawali dengan memotong-motong bangkai larva (*cadaver*) *T. molitor* yang terinfeksi cendawan entomopatogen berukuran 0,5 - 1 cm kemudian dimasukkan ke dalam cawan petri steril yang berisi cairan sodium hipoklorit 1% selama 30 detik. Selanjutnya preparat direndam air steril di dalam cawan petri selama 30 detik perendaman dilakukan 3 kali, kemudian dikeringkan menggunakan kertas saring. Preparat yang sudah kering kemudian diinkubasi pada media *potato dextrose agar* (PDA) dan disimpan di dalam *moist chamber* kurang lebih selama tujuh hari untuk merangsang pertumbuhan koloni cendawan mengikuti metode yang dikembangkan Rosa *et al.*

(2020) dan Rodrigues *et al.* (2021). Setelah tujuh hari, masing-masing miselium dari isolat cendawan yang tumbuh dari hasil isolasi bangkai *T. molitor* dimurnikan dengan cara mengambil miselium menggunakan jarum ose, ditumbuhkan di dalam media PDA dan diinkubasi selama tujuh hari. Masing-masing isolat biakan cendawan entomopatogen yang sudah dimurnikan selanjutnya diamati menggunakan mikroskop untuk proses identifikasi berdasarkan kunci determinasi.

Identifikasi berdasarkan karakter morfologi yang terbentuk dengan mengacu metode yang dikembangkan Samson dan Evans (2013), serta Benjamin *et al.* (2017). Identifikasi secara makroskopis berdasarkan penampakan morfologi cendawan, baik bentuk dan warna koloni serta bentuk konidia. Pengamatan secara mikroskopis berdasarkan bentuk konidia menggunakan mikroskop Olympus CX31 dengan perbesaran 100x.

Data yang sudah dikumpulkan kemudian dianalisis menggunakan program Minitab 16, apabila terdapat perbedaan antarperlakuan maka dilanjutkan dengan uji jarak berganda (*Duncan multiple range test*) pada taraf uji dengan $\alpha = 0,05$.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Identifikasi dan karakterisasi morfologi koloni cendawan entomopatogen

Identifikasi morfologi cendawan entomopatogen dari enam lokasi pengambilan sampel memperoleh dua jenis cendawan entomopatogen. Isolat pertama yaitu cendawan entomopatogen *Beauveria bassiana* yang diperoleh hanya dari satu titik pengambilan sampel, yaitu di Kecamatan Pitu Riawa. Jenis isolat kedua yaitu cendawan entomopatogen *Metharizium anisopliae* yang diperoleh dari lima titik pengambilan sampel masing-masing di Kecamatan Pitu Riase I, Pitu Riase II, Pitu Riase III, Panca Rijang dan Marittengae. Karakterisasi cendawan menunjukkan warna dan bentuk koloni serta hifa yang beragam.

Isolat *B. bassiana* menunjukkan warna koloni putih dengan bentuk koloni melingkar dan hifa hialin, sedangkan bentuk konidia bulat dan hialin. Koloni *B. bassiana* berwarna putih pada media PDA (Gambar 1), selanjutnya koloni berubah warna menjadi kuning keruh dengan bertambahnya umur sesuai yang dilaporkan Bayu *et al.* (2021) dan Bich *et al.* (2021). Hasil eksplorasi *B. bassiana* dari larva ulat sutra (Wang *et al.* 2013) dan dari kutu putih (Yadav *et al.* 2019) menunjukkan koloni *B. bassiana* berwarna putih pada media PDA. Namun Wang *et al.* (2022) melaporkan ragam warna koloni isolat *B. bassiana* mulai putih hingga kuning keruh sesuai

dengan jenis isolat tersebut diperoleh dan umur koloni.

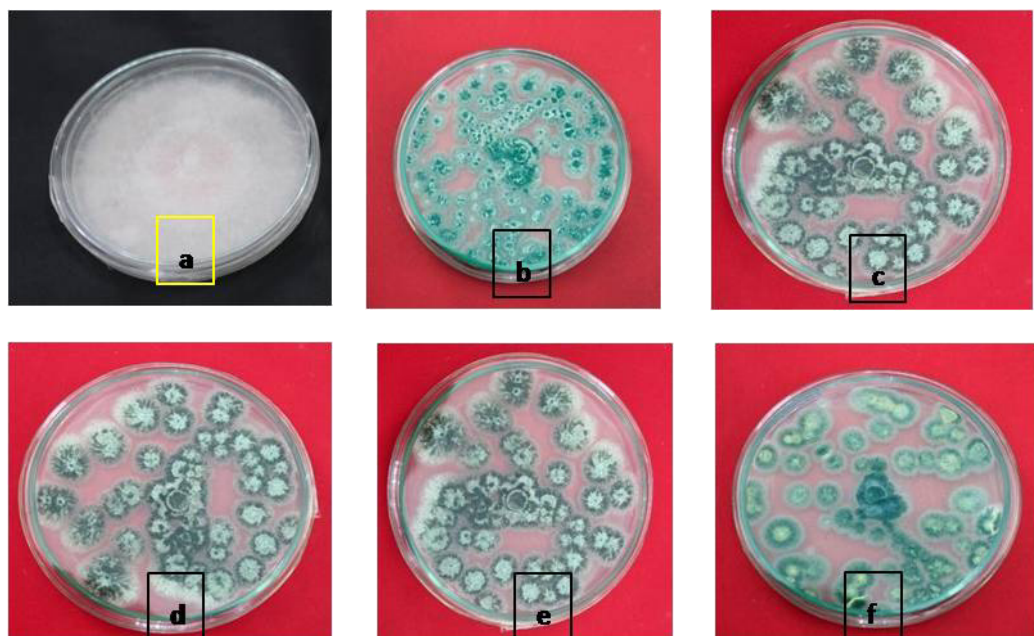
Isolat cendawan *M. anisopliae* yang ditemukan pada lima titik juga menunjukkan warna koloni yang beragam mulai dari kuning kehijauan, putih kehijauan, sampai hijau tua dengan bentuk koloni menyebar dan melingkar, sedangkan bentuk hifa dan konidia seragam yaitu hialin dan silinder (Tabel 1). Menurut Herlinda *et al.* (2020b) isolat *Metarhizium* sp. yang tumbuh pada media PDA memiliki koloni berwarna putih kemudian berubah warna menjadi putih kekuningan, selanjutnya berubah menjadi hijau dengan bertambahnya umur koloni. Oleh karena itu, isolat cendawan *M. anisopliae* cukup beragam dan mampu menginfeksi lebih dari 200 species serangga dari ordo Coleoptera, Dermoptera, Homoptera, Lepidoptera, Ortoptera dan serangga dari ordo lainnya (Feed dan Jin 2011; Chinniah *et al.* 2016a dan 2016b; Nishi dan Sato 2017).

Karakteristik mikroskopik cendawan *B. bassiana* dan *M. anisopliae* dicantumkan pada Gambar 2. Konidiofor *B. bassiana* memiliki ciri miselium berwarna putih seperti tepung, konidiofor tunggal, berkelompok tidak teratur, konidia (*sympodulo-spores*) hialin agak bulat hingga ovoid dan bersel satu (Wargane *et al.* 2019; Bich *et al.* 2021). Menurut beberapa peneliti sebelumnya bahwa bentuk konidia bulat dengan panjang berkisar $2,27 \pm 0,22 \mu\text{m}$ dan lebar $1,85 \pm 0,32 \mu\text{m}$ (Ali 2010; Lopez-Perez *et al.* 2015; Oliveira *et al.* 2015; Castrejon-Antonio *et al.* 2020) (Gambar 3a). Sedangkan konidia cendawan *M. anisopliae* berbentuk silindris bersel satu yang memanjang dengan konidiofor yang hialin tersusun tegak, berlapis, bercabang dan konidia membentuk rantai paralel jika jumlahnya banyak (Gambar 2b).

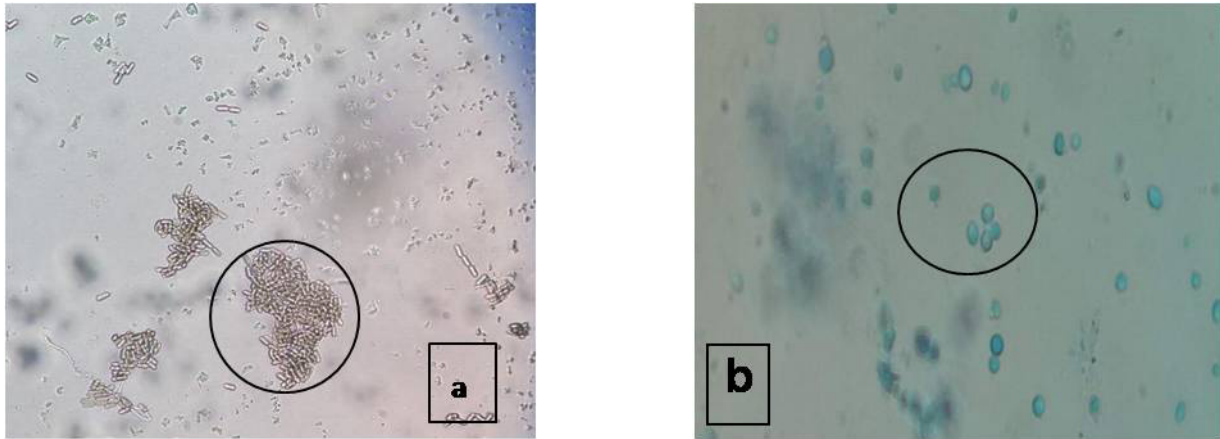
Gambar 3 menunjukkan hasil penelitian beberapa peneliti sebelumnya bahwa konidia cendawan *M. anisopliae* juga bervariasi dengan

Tabel 1. Karakterisasi morfologi cendawan entomopatogen hasil pengumpulan serangga dari enam lokasi pengambilan sampel tanah

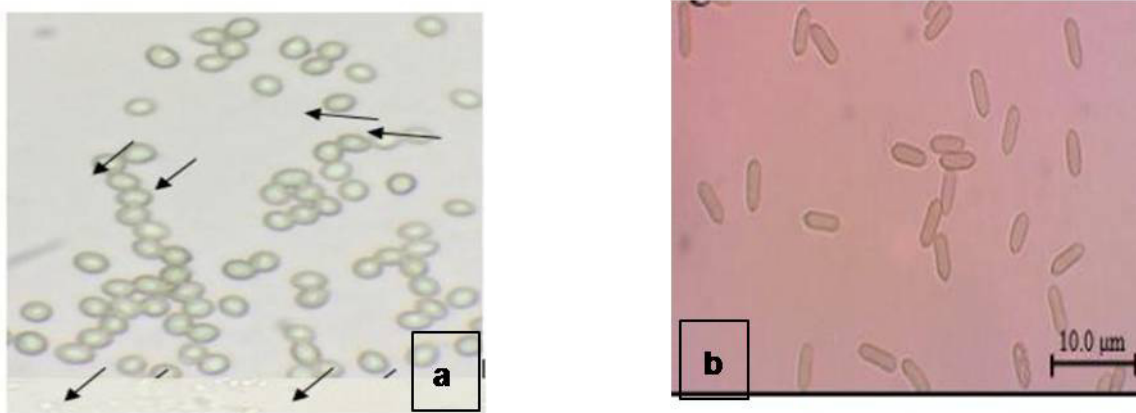
Lokasi	Jenis isolat cendawan entomopatogen	Karakteristik makroskopis cendawan			
		Warna koloni	Bentuk koloni	Hifa	Konidia
Marittengae	<i>M. anisopliae</i>	Hijau Tua	Melingkar	Hialin	Silinder, hialin
Panca Rijang	<i>M. anisopliae</i>	Putih Kehijauan	Melingkar	Hialin	Silinder, hialin
Pitu Riase III	<i>M. anisopliae</i>	Putih Kehijauan	Menyebar	Hialin	Silinder, hialin
Pitu Riase II	<i>M. anisopliae</i>	Hijau tua	Menyebar	Hialin	Silinder, hialin
Pitu Riase I	<i>M. anisopliae</i>	Kuning Kehijauan	Menyebar	Hialin	Silinder, hialin
Pitu Riawa	<i>B. bassiana</i>	Putih	Melingkar	Hialin	Bulat, hialin



Gambar 1. Karakter koloni isolat cendawan entomopatogen yang ditumbuhkan pada media PDA dari enam titik pengambilan sampel tanah (a) *B. bassiana* (b) *M. anisopliae* (c) *M. anisopliae* (d) *M. anisopliae* (e) *M. anisopliae* dan (f) *M. anisopliae*.



Gambar 2. Pengamatan mikroskopis konidia isolat cendawan entomopatogen *M. anisopliae* dari Merittengae yang berbentuk silinder (a) dan isolat konidia cendawan *B. bassiana* dari Pitu Riawa yang berbentuk bulat hingga oval (b).



Gambar 3. Bentuk konidia *B. bassiana* (a) dan bentuk konidia *M. anisopliae* (b). Sumber: Ali (2010), Oliveira *et al.* (2015), Castrejon-Antonio *et al.* (2020), dan Shahriari *et al.* (2021).

panjang berkisar antara 5,09-6,50 μm dan lebar berkisar antara 1,92-1,99 μm , tergantung jenis isolat dan jenis media tumbuh (Shahriari *et al.* 2021)

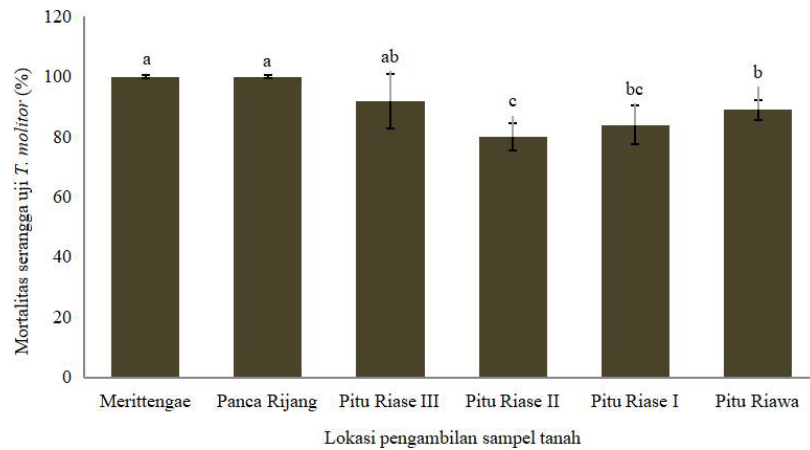
Sopialena *et al.* (2020) mengemukakan bahwa cendawan *Metarhizium* sp. memiliki ciri hifa bersepta, konidiofor dan konidia hialin, konidiana ber sel satu dan berbentuk bulat silinder. Sementara itu, Chen *et al.* (2019) dan Ayele *et al.* (2020) melaporkan bahwa *M. anisopliae* memiliki konidiofor hialin, bercabang, membentuk lapisan sporulasi, phialides tunggal, berpasangan atau dalam lingkaran, konidia berbentuk bulat telur panjang sampai silindris dan diproduksi dalam rantai basipetal.

Mortalitas larva *T. molitor*

Hasil penelitian menunjukkan bahwa mortalitas *molitor* larva uji *T.* tertinggi dihasilkan oleh isolat cendawan *M. anisopliae* yang diambil dari rizosfer tanaman pisang dari Kecamatan Panca Rijang dan Marittengae dengan jumlah larva mati mencapai 100%. Demikian pula isolat cendawan *M. anisopliae* yang diperoleh dari daerah Pitu Riase III menyebabkan kematian 92% serangga uji, dan tidak

berbeda nyata dengan tingkat mortalitas di Kec. Panca Rijang dan Marittengae (Gambar 4). Isolat cendawan entomopatogen *Beauveria bassiana* yang diperoleh dari Pitu Riawa juga tergolong tinggi karena mampu menyebabkan kematian serangga uji mencapai 89% dan tidak berbeda signifikan dengan isolat *M. anisopliae* yang diperoleh dari Pitu Riase III. Sementara itu, isolat cendawan entomopatogen *M. anisopliae* yang diperoleh dari Pitu Riase I juga mampu menyebabkan mortalitas serangga uji relatif tinggi, yaitu mencapai 84% tetapi tidak berbeda signifikan dengan isolat cendawan *B. bassiana* dari Pitu Riawa.

Hasil uji mortalitas menunjukkan perbedaan tingkat kematian *T. molitor* yang disebabkan oleh masing-masing isolat cendawan. Perbedaan tingkat mortalitas serangga uji diduga terjadi karena faktor virulensi dari masing-masing isolat dan faktor lingkungan seperti kelembaban maupun penggunaan pupuk, serta pestisida sintetik yang dilakukan di lokasi pengambilan sampel. Hal ini sesuai dengan penelitian Permadi *et al.* (2018) dan Arsi *et al.* (2020) yang menyatakan bahwa aplikasi pupuk dan pestisida



Gambar 4. Mortalitas larva serangga uji *T. molitor* yang terinfeksi isolat lokal cendawan entomopatogen dari enam lokasi di Kabupaten Sidrap, Sulawesi Selatan menggunakan metode perangkap serangga (*insect baiting*).

sintetik berdampak negatif terhadap kinerja cendawan entomopatogen dalam menyebabkan mortalitas serangga uji. Concalves *et al.* (2019) juga melaporkan bahwa beberapa jenis fungisida sintetik dapat mempengaruhi efikasi cendawan entomopatogen terhadap tingkat mortalitas serangga uji. Mishra *et al.* (2015) sebelumnya menyatakan bahwa faktor lingkungan khususnya kelembaban cukup berperan dalam menentukan tingkat mortalitas pada pengujian efikasi cendawan entomopatogen *B. bassiana*. Namun demikian, ditegaskan Trizelia *et al.* (2017) dan Pedrini (2022) bahwa produk enzimatis dan toksin yang dihasilkan oleh cendawan entomopatogen lebih berpengaruh terhadap tingkat mortalitas larva *T. molitor*.

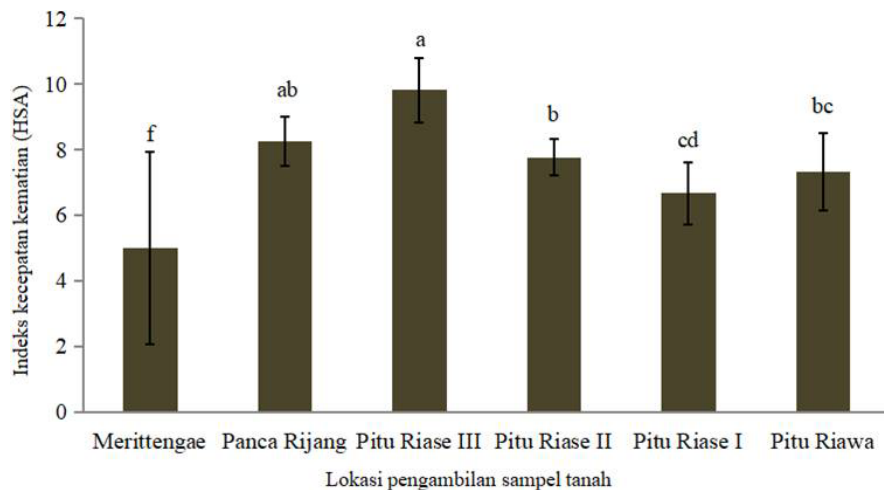
Tingkat mortalitas larva *T. molitor* terendah terjadi pada isolat yang diperoleh dari Pitu Riase II yaitu sekitar 80% meskipun persentase kematian serangga uji tersebut tidak berbeda nyata dengan isolat cendawan *M. anisopliae* yang diperoleh dari Pitu Riase I (Gambar 4). Dilihat dari tingkat mortalitas serangga uji, isolat *M. anisopliae* dan *B. bassiana* menyebabkan kematian serangga uji berkisar 80-100% sehingga kedua isolat tersebut potensial untuk digunakan sebagai calon agens pengendalian hayati. Menurut Godonou *et al.* (2009), Dembilio *et al.* (2010), Abdel-Raheem *et al.* (2015), dan Erler dan Ates (2015), serta Sullivan *et al.* (2022), isolat cendawan entomopatogen dapat dikatakan potensial jika mempunyai kemampuan membunuh serangga inang di atas 60%.

Indeks kecepatan kematian

Indeks kecepatan kematian atau masa inkubasi serangga uji *T. molitor* setelah terinfeksi isolat cendawan entomopatogen menggunakan metode pengumpanan diperoleh kisaran waktu antara 5-9 hari setelah pengumpanan (HSP). Indeks kematian

tercepat terjadi pada isolat cendawan entomopatogen *M. anisopliae* yang diperoleh dari Merittengae yaitu hanya lima HSP (Gambar 5). Isolat cendawan *M. anisopliae* yang diperoleh dari Pitu Riase I juga relatif tergolong agak cepat dalam menyebabkan kematian serangga uji yaitu sekitar 6 HSP atau lebih lambat satu hari jika dibandingkan isolat dari Merittengae. Begitu juga isolat yang diperoleh dari Pitu Riawa, Pitu Riase II dan Panca Rijang masing-masing menyebabkan waktu kematian berselang satu hari yaitu 7-8 HSP. Sementara itu, indeks kecepatan kematian paling lambat terjadi pada isolat yang diperoleh dari Pitu Riase III yaitu mencapai 9,8 HSP.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa isolat cendawan *M. anisopliae* yang berasal dari Merittengae mampu menyebabkan indeks kecepatan kematian serangga uji jauh lebih pendek dengan tingkat mortalitas mencapai 100% sehingga tergolong patogenik. Dengan demikian, isolat tersebut berpotensi besar dalam menyebabkan epizootik dan dapat menekan populasi hama sasaran dalam waktu singkat jika digunakan sebagai agens hayati di lapangan. Isolat cendawan *M. anisopliae* lainnya dan *B. bassiana* juga mempunyai peluang yang tinggi untuk digunakan sebagai agens hayati dalam pengendalian hama karena mampu menyebabkan mortalitas serangga uji di atas 80%, terutama isolat dari Panca Rijang meskipun indeks kecepatan kematian sedikit lebih lambat. Cendawan entomopatogen tersebut masih bertindak secara tunggal dan belum dikombinasikan dengan komponen teknologi pengendalian lainnya. Apabila dikombinasikan dengan komponen teknologi pengendalian lainnya seperti predator maupun parasitoid yang memiliki kompatibilitas dan sinergisme tinggi, maka potensinya akan meningkat (Labe *et al.* 2009, Wu *et al.* 2015, Wang *et al.* 2015,



Gambar 5. Indeks kecepatan kematian larva serangga uji *T. molitor* (hari) yang terinfeksi isolat lokal cendawan entomopatogen dari enam lokasi di Kabupaten Sidrap, Sulawesi Selatan menggunakan metode perangkap serangga (*insect baiting*).



Gambar 6. Cadaver serangga uji *T. molitor* yang terkolonisasi cendawan entomopatogen dari hasil sistem pengumpanan (*insect baiting*). (a) Isolat *B. bassiana* dari Pitu Riawa, (b) Isolat *M. anisopliae* dari Pitu Riase I, (c) Isolat *M. anisopliae* dari Pitu Riase II, (d) Isolat *M. anisopliae* dari Pitu Riase III, (e) Isolat *M. anisopliae* dari Panca Rijang, dan (f) Isolat *M. anisopliae* dari Maritengae.

Abbas 2020, Assadi *et al.* 2021; Basat *et al.* 2021). Sementara itu, isolat-isolat tersebut juga masih dapat ditingkatkan efikasinya melalui penambahan seyawa kitin dalam media tumbuh atau bahan aditif seperti minyak esensial (Mohamed 2009, Saputro *et al.* 2019, Birnbaum *et al.* 2021, Gopal *et al.* 2021).

Gambar 6 menunjukkan bangkai larva (*cadaver*) *T. molitor* yang terkolonisasi cendawan *B. bassiana* maupun *M. anisopliae* setelah sembilan HSP. Kondisi abdomen mengeras dan kaku karena seluruh cairan tubuh khususnya darah serangga (*hemolymph*) sudah habis diabsorpsi oleh cendawan. Safitri *et al.* (2018) melaporkan bahwa tubuh serangga yang terinfeksi cendawan entomopatogen akan mengering, berkerut dan bagian luar integumen terlapisi miselia dan kumpulan konidia cendawan.

Oleh karena itu, beberapa ahli patologi serangga memberi istilah terjadi mumifikasi (*mummification*) (Shang *et al.* 2015, Wu *et al.* 2015). Kolonisasi cendawan *B. bassiana* pada bangkai tubuh larva *T. molitor* tampak berwarna putih sehingga sering disebut dengan istilah *white muscardine* (Tuan 2014, Kathirvelu 2018, Kovac *et al.* 2020). Sementara itu, kolonisasi cendawan *M. anisopliae* pada bangkai tubuh larva *T. molitor* tampak berwarna hijau gelap sehingga dikenal dengan istilah *green muscardine* (Ard *et al.* 2012, Ung *et al.* 2018).

Hasil eksplorasi dan identifikasi yang dilakukan di Kabupaten Sidrap, provinsi Sulawesi Selatan menunjukkan terdapat isolat lokal cendawan entomopatogen *B. bassiana* dan *M. anisopliae* yang mempunyai kemampuan untuk menyebabkan

kematian serangga uji *T. molitor* di atas 80%. Bahkan dua isolat cendawan entomopatogen tersebut mampu menyebabkan mortalitas hingga mencapai 100% sehingga mempunyai karakter epizootik yang sangat tinggi. Meskipun demikian, seluruh isolat lokal cendawan entomopatogen yang diperoleh tersebut juga berpotensi untuk digunakan sebagai agens hayati dalam upaya pengendalian hama. Potensi yang tinggi dapat dicapai karena isolat lokal tersebut masih bekerja secara tunggal (*single action*) dan belum dikombinasikan dengan komponen teknologi pengendalian hama yang lain (Kumar & Kaur 2017; Ozdemir *et al.* 2020). Sementara itu, dalam konsep pengelolaan hama terpadu kombinasi berbagai komponen teknologi pengendalian sangat dianjurkan agar dapat memperoleh tingkat efikasi pengendalian hama yang efektif dan efisien dalam menurunkan populasi hama hingga di bawah ambang kendali dan dapat menandingi efikasi pestisida sintetis (Ownley *et al.* 2004; Hollingsworth *et al.* 2020).

KESIMPULAN

Hasil eksplorasi yang dilakukan di Kabupaten Sidrap telah diperoleh satu isolat lokal cendawan entomopatogen *B. bassiana* dan lima jenis isolat *M. anisopliae*. Isolat cendawan *M. anisopliae* asal Merittengae mampu membunuh serangga uji dengan mortalitas mencapai 100% hanya dalam rentang waktu lima hari sehingga mempunyai kemampuan epizootik cukup tinggi dibandingkan isolat cendawan lainnya. Seluruh isolat lokal cendawan entomopatogen yang diperoleh juga berpotensi sebagai agens hayati untuk pengendalian hama karena mampu membunuh serangga uji larva *T. molitor* antara 80-100%.

DAFTAR PUSTAKA

- Abbas MST. 2020. Interactions between entomopathogenic fungi and entomophagous insects. *Advances in Entomology* 8: 130-146. <https://doi.org/10.4236/ae/2020.83010> [diakses 21 Juni 2022].
- Abdel-Raheem MA, Ismail IA, Rahman RSA, Farag NA, Rahman AIE. 2015. Entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* (Bals.) and *Metarhizium anisopliae* (Metsch.) as biological control agenst on some stored product insects. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 3(6): 316-320.
- Alfiky A. 2021. Screening and identification of indigenous entomopathogenic fungal isolates from Agricultural farmland soils in Nile Delta, Egypt. *Journal of Fungi* 8(54): 1-12. <https://doi.org/10.3390/jof8010054> [diakses 19 Juni 2021].
- Ali SS. 2010. Isolation, identification and pathogenicity assessment of a new isolate of entomopathogenic fungus, *Beauveria bassiana* in Iran. *Journal of Plant Protection Research* 50(2): 158-163.
- Anwar W, Khan SK, Aslam M, Haider MS, Shaid AA, Ali M. 2015. Exploring fungal flora associated with insects of cotton agroecological zones of punjab, Pakistan *Entomology* 37(1): 27-31.
- Ard WS, Suksen K, Kernasa O. 2012. Utilisation of the green muscardine, *Metarhizium anisopliae* to control the sugarcane longhorn stem borer *Dorysthenes buqueti* Guerin (Coleoptera: Cerambycidae) *International Sugar Journal* 114(1357): 37-40.
- Arsi A, Pujiastuti Y, Kusuma SSH, Gunawan B. 2020. Eksplorasi, isolasi dan identifikasi jamur entomopatogen yang menginfeksi serangga hama. *Jurnal Proteksi Tanaman Tropis* 1(2): 70-76.
- Assadi BH, Chouokhi S, Ettaib R, M'hamdi NB Belkadhi MS. 2021. Effect of the native strain of the predator *Nesidiocoris tenuis* Reuter and the entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* and *Lecanicillium muscarium* against *Bemisia tabaci* (Genn.) under greenhouse conditions in Tunisia. *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 31(47): 1-11. <https://doi.org/10.1186/s41938-021-00395-5> [diakses 21 Juni 2022].
- Ayele BA, Muleta D, Venegas J, Assefa F. 2020. Morphological, molecular, and pathogenicity characteristics of the native isolates of *Metarhizium anisopliae* against the tomato leafminer, *Tuta absoluta* (Meyrick 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae) in Ethiopia. *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 30:59 <https://doi.org/10.1186/s41938-020-00261-w> [diakses 21 Juni 22].
- Bayu, MSYI, Prayogo Y, Indiaty SW. 2021. *Beauveria bassiana*: Biopestisida ramah lingkungan dan efektif untuk mengendalikan hama dan penyakit tanaman. *Buletin Palawija* 19(1): 41-63.
- Benjamin L, Kennedy SJ, Sevuggaperumal N. 2017. Morphological and molecular characterization of entomopathogenic fungi, isolated from different *Beauveria bassiana* from India. *Green Farming. International Journal of Applied Agricultural & Horticulture Science* 8(4): 940-944.
- Basat R, Akter M, Tumpa TA, Sharmin D, Ullah MS. 2021. Laboratory bioassay of six pesticides, an entomopathogenic fungus, and a botanical pesticide on two-spotted spider mite, *Tetranychus urticae* Koch (Acari: Tetranychidae). *Persian Journal Acarology* 10(23): 269-280.
- Bich GA, Castrillo ML, Kramer FL, Villalba LL, Zapata PD. 2021. Morphological and molecular identification of entomopathogenic fungi from agricultural and forestry crops. *Floresta e Ambiente* 28(2): e20180086. <https://doi.org/10.1590/2179-8087-Floram-2018->

0086 [diakses 23 Juni 2022].

- Birnbaum N, Reingid V, Matveev S, Kottakota C, Davidovitz M, Mani KA, Faidbaum R, Yaakov N, Mechrez G, Ment D. 2021. Not only a formulation: The effects of pickering emulsion on the entomopathogenic action of *Metarhizium brunneum*. *Journal Fungi* 7(7): 499. <https://doi.org/10.3390/jof707499> [diakses 22 Juni 2022].
- Chang JC, Wu SS, Liu YC, Yang YH, Tsai YF, Li YH, Tseng CT, Tang LC, Na YS. 2021. Construction and Selection of an Entomopathogenic Fungal Library From Soil Samples for Controlling *Spodoptera litur*. *Front. Sustain. Food Syst.* <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fsufs.2021.596316/full> [diakses 18 Juni 2022].
- Castrejon-Antonia JE, Tamez-Guerra P, Montesinos-Matias R, Ek-Ramos MJ. 2020. Selection of *Beauveria bassiana* (Hypocreales: Cordycipitaceae) strains to control *Xyleborus affinis* (Curculionidae: Scolytinidae) females. <https://doi.org/10.7717/preerj.9472>. [diakses 23 Juni 2022].
- Chen WH, Han YF, Liang JD, Liang ZQ. 2019. Morphological and phylogenetic characterization of novel *Metarhizium* species in Guizhou, China. *Phytotaxa* 419(2):189-196.
- Chinniah C, Ravikumar A, Kalyanasundaram M, Parthiban P. 2016a. Management of sucking pests, by integration of organic sources of amendments and foliar application of entomopathogenic fungi on chilli. *Journal Biopesticide* 9(1): 34-40. Chinniah C, Ravikumar A, Kalyanasundaram M, Parthiban P. 2016b. Field evaluation of *Metarhizium anisopliae* liquid formulation (Bio-Magic) against brown plant hopper, *Nilaparvata lugens* Stal on rice. *Journal Biopest* 9 (2):211- 219.
- Concalves VP, Farias CRJ, Moreira-Nunez V, Moccellini R, Gaviria-Hernandez V, Rosa APSA. 2019. Effect of agrochemicals used in the cultivation of soybean and irrigated rice on *Beauveria bassiana* (Bals.) Vuill. and *Metarhizium anisopliae* (Metsch.) Sorok. *Journal of Agricultural Science* 11(17). <https://doi.org/10.5539/jas.v11n17p167> [diakses 23 Juni 2022].
- Dembrío O, Quesada-Moraga E, Santiago-Alvarez C, Jacas JA. 2010. Potential of an indigineous strains of the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana* as a biological control agent against the red palm weevil *Rhynchophorus ferrugineus*. *Journal of Invertebrate Pathology* 104(3): 214-221.
- Erlér F, Ates A. 2015. Potential of two entomopathogenic fungi *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* (Coleoptera: Scarabidaeidae) as biological control agents against the June beetle. *Medicine, Biology Journal of Insect Science* 15(1):44. <https://doi.org/10.1093/jisesa/iev029> [diakses 21 Juni 22].
- Fang O, cang H, Saiying G, Xin-Yuan M, Zi-Hua Z, Pei-Jian S, Yong-Sheng Z, Bai-Lian L. 2014. Weakening density depece from climate change and agricultural intensification triggers pest outbreaks. *Ecology and Evolution* 4(17): 3362–3374 [diakses 18 Juni 2022].
- Feed S, Jin FJ. 2011. Determination of genetic variability among the isolates of *M.anisopliae* var. *Anisopliae* from different geographical origins. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 27(2): 359-370.
- Ginting S, Narawati, Zarkani A, Sumarni T. 2020. Natural incidence of entomopathogenic fungus *Noruraea rileyi* on *Spodoptera frugiperda* infesting corn in Bengkulu. *Journal of Tropical Plant Pests and Diseases* 20(2): 85-91
- Godonou I, James B, Atacha-Ahowe C, Vodouhe S, Kooyman C, Ahanchede Am Korie S. 2009. Potential of *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* isolates from Benin to control *Plutella xylostella* L. (Lepidoptera: Plutellidae). *Crop Protecion* 28(3): 220-224.
- Gopal GS, Venkateshalu B, Nadaf AM, Guru PN, Pattepur S. 2021 Management of the grape mealy bug, *Maconellicoccus hirsutus* (green), using entomopathogenic fungi and botanical oils: A laboratory study. *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 31(100): 1-8.
- Gul HT, Saeed S, Khan FZA. 2014. Entomopathogenic fungi as effective insect pest management tactic: a review. *Applied Sciences and Business Economics* 1(1): 10-18.
- Herdatiarni F, Himawan T, Rachmawati R. 2014. Eksplorasi cendawan entomopatogen *Beauveria* sp. menggunakan serangga umpan pada komoditas jagung, tomat dan wortel organik di Batu, Malang. *Jurnal Hama dan Penyakit Tumbuhan* 1(3): 1-11.
- Herlinda S, Irsan C, Rekamayasari, Septariani S. 2010. Identification and selection of entomopathogenic fungi as biocontrol agents for *Aphis gossypii* from South Sumatra. *Microbiology Indonesia* 4(3): 137-142.
- Herlinda S, Octariati N, Suwandi S, Hasbi. 2020a. Exploring entomopathogenic fungi from South Sumatra (Indonesia) soil and their pathogenicity against a new invasivemaize pest, *Spodoptera frugiperda*. *Biodiversitas* 21(7): 2955-2965.
- Herlinda S, Effendi RA, Suharjo R, Hasbi, Setiawan A, Elfita, Verawaty M. 2020b. New emerging entomopathogenic fungi isolated from soil in South Sumatra (Indonesia) and their filtrate and conidial insecticidal activity against *Spodoptera litura*. *Biodiversitas* 21(11): 5103-5113.
- Hofgaard IS, Seehusen T, Aamot HU, Riley H, Razzaghian J, Le VH, Hjelkrem AGR, Macky RD, Brodal G. 2016. Inoculum potential of *Fusarium* spp.

- relates to tillage and straw management in Norwegian fields of spring oats. *Frontiers in Microbiology* 7(556): 1-15.
- Hollingsworth R, Aristizabal LF, Shiner S, Mascarin GM, Moral RA, Arturs SP. 2020. Incorporating *Beauveria bassiana* into an integrated pest management plant for coffee berry borer in Hawaii. *Front Sustainable Food Systems* 27. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.00022> [diakses 24 Juni 2022].
- Ibrahim E, Mugiasih A. 2020. Diversity of pests and natural enemies in rice field agroecosystem with ecological engineering and without ecological engineering. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science* 484. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/484/1/012108>.
- Kathirvelu C. 2018. Field evaluation of white muscardine fungus *Beauveria bassiana* 1.15% W/W against leaf folder *Cnaphalocrosis medinalis* Guenee in rice. *International Journal of Current Research in Life Science* 07(4): 1518-1528
- Kidanu S, Hagos L. 2020. Research and application of entomopathogenic fungi as pest management option: A Review. *Journal of Environment and Earth Science* 10(3): 31-39.
- Kovac M, Lackovic N, pernek M. 2020. Effect of *Beauveria bassiana* fungal infection on survival and feeding behavior of pine-tree lappet moth (*Dendrolimus pini* L.). *Forests* 11(9): 974. <https://doi.org/10.3390/f11090974> [diakses 22 Juni 2022].
- Kumar S, Kaun J. 2017. Efficacy of *Beauveria bassiana* and *Bacillus thuringiensis* as ecosafe alternatives to chemical insecticides against sunflower capitulum borer *Helicoverpa armigera* (Hubner). *Journal of Entomology and Zoology Studies* 5(2): 185-188.
- Labbe RM, Gillespie DR, Cloutier C, Brodeur J. 2009. Compatibility of an entomopathogenic fungus with a predator and a parasitoid in the biological control of greenhouse whitefly. *Biocontrol Science and Technology* 19(4): 429-446.
- Liu B, Hu, Kang B, Huang X. 2020. Analysis of a hybrid pest management model incorporating pest resistance and different control strategies. *Mathematical Biosciences and Engineering*. MBE 17(5): 4364-4383. <https://www.aimspress.com/journal/MBE> [diakses 23 Juni 2022].
- Liu XC, Ni NT, Chang JC, Liu YH, Lee MR, Kim JS, Nai YS. 2021. Isolation and Selection of Entomopathogenic Fungi from Soil Samples and Evaluation of Fungal Virulence against Insect Pests. *JoVE Journal Biology* 28. doi: 10.3791/62882
- Lopez-Perez M, Redrigues-Gomez D, Loera O. 2015. Production of conidia *Beauveria bassiana* in solid-state culture: current status and future perspectives. *Critical Reviews in Biotechnology* 35(3): 334-341. <https://doi.org/10.3109/07388551.2013.857293> [diakses 23 Juni 2022].
- Maina UM, Galadina IB, Gambo FM, Zakaria D. 2018. A review on the use of entomopathogenic fungi in the management of insect pests of field crops. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 6(1): 27-32.
- Mantzoukas S, Lagogiannis I, Ntoulas A, Aliopoulos PA, Kouretas D, Karpouzas D, Poulas K. 2020. Trapping entomopathogenic fungi from vine terroir soil samples with insect baits for controlling serious pests. *Journal Applied Science* 10(10): 3539-3549. <https://doi.org/10.3390/app10103539>. www.mdpi.com/journal/applsci [diakses 19 Juni 2022].
- Mascarin GM, Iwanicki NSA, Ramirez L, Delalibera Jr I, Dunlap CA. 2021. Transcriptional responses of *Beauveria bassiana* blastospores cultured under varying Glucose concentrations. *Frontier in Cellular and Infection Microbiology Fungal Pathogenesis* 24. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.644372> [diakses 19 Juni 2022].
- Masoudi A, Wang M, Zhang X, Wang C, Qiu Z, Wang W, Wang H, Liu J. 2020. Meta-analysis and evaluation by insect mediated baiting reveal different patterns of Hypocrealean entomopathogenic fungi in the soil from two regions of China. *Frontiers in Microbiology* 12. Section Fungi and Their Interactions. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01113> [diakses 19 Juni 2022].
- Mishra S, Kumar P, Malik A. 2015. Effect of temperature and humidity on pathogenicity of native *Beauveria bassiana* isolate against *Musca domestica* L. *Journal of Parasitic Diseases* 39(4): 697-704.
- Mohamed GA. 2009. Increasing the efficacy of *Metarhizium anisopliae* var. *acridum* (Metchnikoff) Sorokin and *Beauveria bassiana* (Bals.) Vuill. using certain essential oils against desert locust and grasshopper. *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 19(1): 67-72.
- Mwanburi LA, Laing MD, Miller RM. 2019. External development of the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana* on the Housefly (*Musca domestica*). *Biological Science* 89(3): 833-839.
- Nayak SB, Rao KS, Ramalakshmi. 2020. Impact of climate change on insect pests and their natural enemies. *International Journal of Ecology and Environmental Sciences* 2(4): 579-584.
- Nidhi K, Gaur N, Pandey R. 2018. A survey of the local isolates of entomopathogenic fungi in Uttarakhand region. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 6(1): 1725-1730.
- Nishi O, Iiyama K, Yasunaga-Aoki C, Shimizu S. 2011. Isolation of entomopathogenic fungi from soil by using bait method with termite, *Reticulitermes speratus*.

- Project: Ecology of soil entomopathogenic fungi *Metarhizium* spp. <https://www.researchgate.net> [diakses 19 Juni 2022].
- Nishi O, Sato H. 2017. Species diversity of the entomopathogenic fungi *Metarhizium anisopliae* and *M. flavoviride* species complexes isolated from insects in Japan. *Mycoscience* 58(6): 472-479.
- Nishi O, Sato H. 2019. Isolation of *Metarhizium* spp. from rhizosphere soils of wild plants reflects fungal diversity in soil but not plant specificity. *Mycology* 10(1): 22- 31. <https://doi.org/10.1080/21501203.2018.1524799> [diakses 21 Agustus 2022].
- Oliveira DGP, Pauli G, Mascarini GM, Delalibera I. 2015. A protocol for determination of conidial viability of the fungal entomopathogens *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* from commercial products. *Journal of Microbiological Methods* 119(12): 44-52.
- Ownley BH, Pereira RM, Klingeman WE, Quigley NB, Lecide BM. 2004. *Beauveria bassiana*, a dual purpose biocontrol organism, with activity against insect pests and plant pathogens. *Emerging Concepts in Plant Health Management*:255-269.
- Ozdemir IO, Tuncer C, Erper I, Kushiye R. 2020. Efficacy of the entomopathogenic fungi: *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* against the cowpea weevil *Callosobruchus maculatus* F. Coleoptera: Chrysomelidae). *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 2020(30): 24. <https://doi.org/10.1186/s41938-020-00219-y> [diakses 24 Juni 2022].
- Pedrini N. 2022. The entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana* shows its toxic side within insects: Expression of genes encoding secondary metabolites during pathogenesis. *Journal of Fungi* 8: 488-497. <https://doi.org/10.3390/jof8050488> [diakses 19 Juni 2022].
- Permadi MA, Lubis RA, Sari D. 2018. Eksplorasi cendawan entomopatogen dari berbagai rizosfer tanaman hortikultura di beberapa wilayah Kabupaten Mandailing Natal Provinsi Sumatera Utara. *Agritech* 20(1): 23-32.
- Rodrigues J, Bergamini C, Montala C, Humber RA, Luz C. 2021. Simple method to detect and to isolate entomopathogenic fungi (Hypocreales) from mosquito larvae. *Journal of Invertebrate Pathology* 182(6). <https://doi.org/10.1016/j.jip.2021.107581> [diakses 19 Juni 2022].
- Rosa E, Ekowato CN, Handayani TT, Widiastuti EL. 2020. Isolation and identification entomopathogenic fungi as candidate of bioinsecticide from flies and cockroaches "insect vector disease". IOP Publishing. *Journal of Physics: Conference Series* 1751(2021)012049. doi:10.1088/1742-6596/1751/1/012049.
- Safitri A, Herlinda S, Setiawan A. 2018. Entomopathogenic fungi of soils of freshwater swamps, tidal lowlands, peatlands, and highlands of South Sumatra, Indonesia. *Biodiversitas* 19(6): 2365-2373.
- Sahin F, Yanar Y. 2021. Pathogenicity of some local entomopathogenic fungus isolates on the cotton leafworm larvae, *Spodoptera littoralis* (Boisd.) (Lepidoptera: Noctuidae). *Egyptian Journal of Biological Pest Control* 31: 150-156. <https://doi.org/10.116/s41938-021-00494-3> [diakses 19 Juni 2022].
- Samson RA, Evans HC, Latge JP. 2013. Atlas of entomopathogenic fungi. <https://books.google.co.id/books/> [diakses 18 Juni 2022].
- Saputro TB, Prayogo Y, Rohman FL, Alami NH. 2019. The virulence improvement of *Beauveria bassiana* in infecting *Cylas formicarius* modulated by various chitin based compounds. *Biodiversitas* 20(9): 2486-2493.
- Sarina M, Michael NA. 2017. Broad spectrum pesticide application alters natural enemy communities and may facilitate secondary pest outbreaks. *PeerJ*. 5:e4179. <https://doi.org/10.7717/peerj.4179>. PMID: 29302395; PMCID: PMC5740959. [diakses 18 Juni 2022].
- Setiawan AN, Supriyadi A. 2014. Uji efektivitas berbagai konsentrasi pestisida nabati Bintaro (*Cerbera manghas*) terhadap hama ulat grayak (*Spodoptera litura*) pada tanaman kedelai. *Planta Tropika Journal of Agro Science* 2(2): 99-105.
- Shang Y, Feng P, Wang C. 2015. Fungi that infect insects: altering host behavior and beyond. *Plos Pathogens* 11(8): e10050337. doi:10.1371/ journal. ppat. 1005037
- Sharma A, Srivastava A, Shuka AK, Srivastava K, Srivastava A, Saxena A. 2020. Entomopathogenic fungi: a potential source for biological control of insect pests. In M. K. Solanki et al. (eds.), *Phytobiomes: Current Insights and Future Vistas*. pp. 225-250. https://doi.org/10.1007/978-981-15-3151-4_9 [diakses 19 Juni 2022].
- Shahriari M, Zibae A, Khodaparast SA, Fazeli-Dinann M. 2021. Screening and virulence of the entomopathogenic fungi associated with *Chilo suppressalis* Walker. *Journal Fungi* 7(1): 34. <https://doi.org/10.3390/jof7010034> [diakses 22 Juni 2022].
- Singh SKD. 2017. Pest outbreak, insecticidal resistance in agricultural pests. *International Journal of Scientific and Engineering Research* 8(3): 2012-2016.
- Skendizc S, Zovko M, Zivkovic IP, Lesic V, Lemic D. 2021. The impact of climate change on agricultural insect pests. *Insect* 12(5):440. <https://doi.org/10.390/insects1250440> [diakses 4 Juli 2022].
- Sopialena MA, Mirza R, Soraya. 2020. Influence of biopesticides on growth (*Colletotrichum capsici* Sydow) causes antraknosa in cayenne pepper (*Capsicum frutescens* L.). *Jurnal Agroekoteknologi*

- Tropika Lembab 2(2): 105-110.
- Sujeetha ARP, Sahayaraf K. 2014. Role of entomopathogenic fungus in pest management. Basic and Applied Aspects of Biopesticides:31-46. doi:10.1007/978-81-322-1877-7-3.
- Sullivan CF, Parker BL, Skinner M. 2022. A review of commercial *Metarhizium* and *Beauveria*-based biopesticides for the biological control of Ticks in the USA. Insects 13(3): 260; <https://doi.org/10.3390/insects13030260> [diakses 21 Juni 2022].
- Sutanto KD, Huain M, Rasool KG, Al-Qahtani WH, Aldawood AS. 2021. Pathogenicity of local and exotic entomopathogenic fungi isolates against different life stages of red palm weevil (*Rhynchophorus ferrugineus*). Plos ONE 16(7): 1-12. e0255029. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255029> [diakses 19 Juni 2022].
- Suwandi. 2021. Exploration entomopathogenic fungi from South Sumatra (Indonesia) soil and their pathogenicity against a new invasive maize pest, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae). <http://repository.unsri.ac.id/id/id/eprint/48279>. [diakses 19 Juni 2022].
- Teja C, Rahman SJ. 2020. Virulence of local isolates of entomopathogenic fungi on the common agricultural pest *Spodoptera litura* (Fabricius) (Lepidoptera: Noctuidae). International Journal of Current Microbiology and Applied Science 9(2): 1-11. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2020.902.xx> [diakses 19 Juni 2022].
- Trizelia, Winarto, Tanjung A. 2017. Keanekaragaman jenis cendawan endofit pada tanaman gandum (*Triticum aestivum*) yang berpotensi sebagai bioinsektisida. Prosiding Seminar Masyarakat Biodiversitas Indonesia 3(3): 433-477. <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m030323>.
- Tuan PP. 2014. Dermal toxicity of white muscardine fungus *Beauveria bassiana* (Bals.) Vuill. on vertebrates. Innovative Systems Design and Engineering 5(3): 42-49.
- Ung NH, Hanh DK, Xuan TT, Vang LV, Hai TV. 2018. Effectiveness of green muscardine fungus *Metarhizium anisopliae* and some insecticides on lesser coconut weevil *Diocalandra frumenti* Fabricius (Coleoptera: Curculionidae). Can Tho University Journal of Science 54(8): 1-7.
- Wang JJ, Yang L, Qiu X, Liu YG, Zhou W, Wan WJ. 2013. Diversity analysis of *Beauveria bassiana* isolated from infected silkworm in outhwest China based on molecular data and morphological features of colony Word Journal Microbiol Biotechnol 29(7): 1263-1269.
- Wang H, Peng H, Li W, Cheng P, Gong M. 2021. The toxin of *Beauveria bassiana* and the strategies to improve their virulence to insects. Frontiers in Microbiology 12: 7-5343. doi:10.3389/fmicb.2021.7-5343. www.frontiersin.org [diakses 19 Juni 2022].
- Wargane VS, Parate SRL, Bramhankar DSB, Rakhonde PN, Sonune BD, Mane KK, Lavhe. 2019. Cultural and morphological characterizations of *Beauveria bassiana*. Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry 8(9): 591-594.
- Wu SY, Gao YL, Xu Xn, Goettel MS, Lei ZR. 2015. Compatibility of *Beauveria bassiana* with *Neoseiulus narkeri* for control of *Frankliniella occidentalis*. Journal of Integrative Agriculture 14(1): 98-105.
- Yadav DS, Ranade S, Mhaske S, Ghule S. 2019. Compatibility of insecticides with *Metarhizium brunneum* (Petch) and *Beauveria bassiana* (Bals.) for bio-intensive management of pink mealybug, *Maconellicoccus hirsutus* (green) in grapes. Journal of Biological Control 33 (3): 253-263.
- Zhu F, Lavine L, O'Neal S, Lavine M, Foss C, Walsh D. 2016. Insecticide resistance and management strategies in urban ecosystems. Insect 7(2); doi:10.3390/insects7010002 www.mdpi.com/journal/insects [diakses 23 Juni 2022].

Chemical and Physical Characteristics of Twenty One Sweet Potato Genotypes Collected from Malaysia

Karakteristik Kimia dan Fisik Dua Puluh Satu Genotip Ubijalar Asal Malaysia

Joko Susilo Utomo* and Erliana Ginting

Research Center for Food Technology and Processing

National Research and Innovation Agency

*E-mail: jokosut@gmail.com

NASKAH DITERIMA 20 SEPTEMBER 2022 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 06 DESEMBER 2022

ABSTRACT

The chemical and physical characteristics of sweet potatoes are essential in terms of quality and preference of the products. Breeding of sweet potatoes has resulted in a large number of genotypes which generates variation in chemical composition and physical properties. Therefore, such characteristics of 17 sweet potato germplasm accessions and four commercial cultivars originated from Malaysia were evaluated to be able to select them for breeding and food purposes. The starch contents were significantly different ($p < 0.05$) that ranged from 10.67 to 25.40% fresh weight basis (fwb). The purple-fleshed group showed a higher amylose content than those of the orange, white, and yellow-fleshed groups. A variation in sugar contents was also noted and the highest amount of fructose was observed in the yellow-fleshed group, followed by the orange, white, and purple-fleshed groups. However, glucose, sucrose, and maltose could not be grouped according to their tuber flesh colors. The textural properties of steamed tubers considerably varied between sweet potato genotypes. The white-fleshed sweet potato showed the lowest hardness value, followed by the orange, yellow and purple-fleshed genotypes. Moisture, starch, and amylose contents significantly correlated with hardness of the steamed tuber with $r = -0.83^{**}$, 0.60^{**} , and 0.61^{**} , respectively, while adhesiveness was affected by moisture and amylose contents with $r = 0.54^{**}$ and -0.37^{**} , respectively. Springiness had a positive correlation with adhesiveness and chewiness exhibited a negative correlation with moisture content, however, it positively correlated with hardness. Sweet potatoes with low hardness and chewiness are suitable to be used as raw material for juice and jam, while those with medium hardness and chewiness are suitable for products made from mashed tubers. Sweet potatoes with firm texture are tailored for flour preparation, which can be further used for flour-based products. This study reflects a great variation in chemical and physical characteristics of sweet potato genotypes that can be further used for the breeding of improved varieties with desired criteria as well as suitability for particular food products.

Keywords: chemical, correlation, sweet potato, texture

ABSTRAK

Karakteristik kimia dan fisik ubijalar merupakan sifat penting yang menentukan kualitas dan tingkat penerimaan produknya. Kegiatan pemuliaan telah menghasilkan banyak varietas ubijalar yang bervariasi komposisi kimia dan sifat fisiknya. Oleh karena itu, dilakukan evaluasi karakteristik fisik dan kimia 21 genotipe ubijalar yang terdiri dari 17 aksesori plasma nutfah dan empat varietas komersial asal Malaysia yang selanjutnya dapat digunakan sebagai materi pemuliaan maupun bahan pangan. Kandungan pati pada 21 genotipe berbeda nyata ($p < 0,05$) dan berkisar antara 10,67 sampai 25,40% basis basah (bb). Kelompok ubijalar yang daging umbinya berwarna ungu memiliki kandungan amilosa lebih tinggi dibandingkan dengan kelompok yang berwarna oranye, putih, dan kuning. Kandungan fruktosa tertinggi tampak pada kelompok ubijalar kuning, diikuti kelompok oranye, putih dan ungu. Namun, glukosa, sukrosa dan maltosa tidak dapat dikelompokkan menurut warna daging umbinya. Tekstur umbi kukus sangat bervariasi antargenotipe ubijalar. Ubijalar berdaging umbi putih menunjukkan tingkat kekerasan paling rendah, diikuti oleh genotipe berdaging umbi oranye, kuning dan ungu. Kadar air, pati dan amilosa berkorelasi nyata dengan kekerasan umbi kukus masing-masing dengan nilai $r = -0,83^{**}$, $0,60^{**}$, dan $0,61^{**}$, sedangkan *adhesiveness* dipengaruhi oleh kadar air dan kadar amilosa dengan $r = 0,54^{**}$ dan $-0,37^{**}$. *Springiness* berkorelasi positif dengan *adhesiveness*, sedangkan *chewiness* berkorelasi negatif dengan kadar air namun berkorelasi positif dengan tingkat kekerasan. Ubijalar dengan tingkat kekerasan dan kekenyalan rendah sesuai digunakan sebagai bahan baku jus dan selai, sedangkan ubijalar dengan tingkat kekerasan dan kekenyalan sedang sesuai untuk produk yang terbuat dari pasta umbi. Ubijalar dengan tekstur yang keras sesuai untuk bahan baku tepung, yang selanjutnya dapat diolah menjadi produk berbasis tepung. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa karakteristik kimia dan fisik ubi jalar bervariasi antargenotipe. Genotipe-genotipe tersebut selanjutnya dapat digunakan sebagai tetua dalam perakitan varietas unggul untuk bahan pangan yang sesuai.

Kata kunci: kimia, korelasi, tekstur, ubijalar

INTRODUCTION

As a foodstuff, sweet potato is highly nutritious with a good source of energy, dietary fiber, vitamins and minerals (Sajeev *et al.* 2012, Lee and Lee 2016). Over 95% of global sweet potato is produced in developing countries (Ali *et al.* 2015), thus this crop is essential in terms of supporting the food security and combating malnutrition (Adu-Kwarteng *et al.* 2021). Therefore, development of sweet potato production was intensively performed through breeding to obtain high yielding cultivars with desired characteristics. This results in a large number of sweet potato cultivars with different physical properties (color, shape, and texture) and chemical composition, such as moisture, starch, amylose, natural pigments and bioactive components which ultimately would influence the quality and preference of both the intermediate and end products (Aina *et al.* 2012, Nafeesa *et al.* 2012, Ginting *et al.* 2015, Shaari *et al.* 2021).

Moisture as the major component (52–85%) in sweet potato tubers is an important factor affecting the physical and chemical characteristics of sweet potato products (Nwosisi *et al.* 2019). The moisture content is highly dictated by genetic or cultivar and environment factors (Shekar *et al.* 2015). Orange-fleshed sweet potato naturally tends to contain higher moisture relative to the white and purple-fleshed sweet potatoes (Ginting *et al.* 2015, Cartier *et al.* 2017). In addition, the moisture content normally changes during cooking that may vary from 1 to 4% and this considerably affects the texture properties of the steamed sweet potato tubers (Utomo and Rahman 2015, Eke-Ejiofor and Onyeso 2019, Utomo and Ginting 2021).

Other essential components are carbohydrate and starch, which makes up 80–90% and 30–70% of the total dry matter (Woolfe 1992, Zhu and Wang 2014). Differences in carbohydrate degradation during cooking due to varietal differences may lead to variation in textural properties (Sulaiman *et al.* 2020). During cooking (boiling, steaming, baking), the heat stable amylase enzymes (up to 70 °C) that endogenously exist in sweet potato tubers would hydrolyze starch into sugar and dextrin (Sajeev *et al.* 2012). The interaction of sugars or dextrin with pectic compounds in the cooked tubers would generate certain textural properties such as loss of firmness (Utomo and Rahman 2015, Adu-Kwarteng *et al.* 2021).

In addition, the pasting properties of sweet potato are also related to its chemical composition, particularly starch which may vary across cultivars (Sajeev *et al.* 2012). The gelatinization temperature

of sweet potato starch may range from 60 to 90 °C (Allen *et al.* 2012, Sajeev *et al.* 2012). Other pasting properties, such as peak, final, and setback viscosity are also likely dictated by the physicochemical of sweet potato starch (Collado *et al.* 1999, Sajeev *et al.* 2012). These pasting properties can be used to predict the cooking quality of sweet potato cultivars (mealy and non-mealy) (Sajeev *et al.* 2012), which would influence the acceptance of the cooked products.

Sugar composition also plays an important role in determining the eating quality of sweet potato products. Although in general the term of sweet is considered as sweet by definition, there is a wide range in perceived sweetness levels of sweet potato cultivars, depending on the sugar profiles and degree of starch conversion into sugars during cooking. Sucrose, glucose, and fructose are the principal sugars present in fresh sweet potato tubers (Owusu-Mensah *et al.* 2016). In addition to such sugars, maltose and dextrin are respectively presence as a result of starch hydrolysis by alpha-amylase and beta-amylase during cooking (Owusu-Mensah *et al.* 2016). However, the degree of starch conversion into sugars may differ among cultivars due to differences in degree of amylose and amylopectin polymerization as the main components of starch (Wei, *et al.* 2017), the activity of amylase enzymes, and cooking methods (Owusu-Mensah *et al.* 2016) that result in different sweetness levels. The sugar contents in fresh tubers exhibit interrelationships with individual sugar that can be used in screening the germplasm accessions for specific characteristics and uses. Sweet potato with high sweetness level after steaming or baking is desired for direct consumption purpose.

Sweet potato is commonly consumed as food snacks in Malaysia and highly appreciated for its sensorial quality, good source of energy, and nutrients (Shaari *et al.* 2021). In addition to local varieties, a number of improved varieties have been released in Malaysia (Zulkifli *et al.* 2021), reflecting that breeding of sweet potato and its development is of concerned. The availability of sweet potato germplasm accessions or collections with different traits is therefore essential regarding such activity. Characterization and evaluation of germplasm accessions have been conducted for morphology, yield, and organoleptic attributes (Thigayu *et al.* 2013) as well as phenotypic characters (Karim *et al.* 2022), however limited studies were noted for physicochemical properties. In the last few years, Malaysian Agriculture Research and Development Institute (MARDI), which has the responsibility to conserve agricultural crops also concerned on how to enhance the utilization of germplasm collections

either for the breeder or the user (Nordin *et al.* 2015). The study on chemical composition and physical properties of sweet potato accessions in Malaysia has never been performed previously. Therefore, this study needs to be carried out in order to support the breeding in releasing the most suitable sweet potato varieties for high-quality food ingredients following the consumer preferences in Malaysia.

MATERIALS AND METHODS

Seventeen sweet potato accessions used in this study belonged to the University of Putra Malaysia (UPM) germplasm collection, which consisted of white, yellow, orange, and purple-fleshed sweet potato. In addition, four sweet potato cultivars were purchased at a local market. As there is no specific name of these commercial sweet potatoes, we named them according to their flesh color as *White*, *Yellow*, *Orange*, and *Purple* (Table 1).

The preparation was initiated by cutting the middle portion of each raw sweet potato tuber transversely to the long axis into 3.5 cm thick slab. Using a cork borer with 1.35 cm diameter (N, 10, Cork borer, Ambala, India), cylindrical samples were taken from each slab and trimmed into cylinders of 2.2 cm thickness. Samples were taken at the inner tissue of the tubers at an approximate distance of 1 cm from the tuber skin. The cylindrical samples were washed with tap water to remove adhered starch and steamed in a steamer (CPC 61, Rational, Germany) at 100°C and atmospheric pressure for 20 min. Cooked samples were kept in a closed container to avoid moisture losses and subjected to moisture content determination, uniaxial compression test and texture profile analysis (TPA) on the day of preparation.

Moisture content of fresh and cooked sweet potato tubers was determined using oven method (AOAC 1984). Approximately 5 g of samples were dried at 105°C overnight or until constant weight was attained.

Sweet potato flour was prepared by oven-drying the sliced fresh tubers at 55°C until the moisture content of about 6% and ground into flour. The flour was then packed, sealed tightly in a plastic bag and stored at -20°C for further analysis. Meanwhile, starch was prepared from fresh sweet potato tubers, which were peeled, cut, and ground using a Waring blender for 4 min at high speed with the addition of water (ratio of water to tuber = 4 : 1). The slurry was then filtered using a double layer of muslin cloth. This grinding and filtering process was repeated three times and the filtrate was settled for 2 h. The

Table 1. Seventeen accessions and four commercial cultivars of sweet potato

Accession/Cultivar	Flesh Colour	Planted in
10116	White	Serdang, Selangor
10168	White	Serdang, Selangor
10166	White	Serdang, Selangor
10217	White	Serdang, Selangor
11072	White	Serdang, Selangor
<i>White</i>	White	Bidor, Perak
0061	Yellow	Serdang, Selangor
10071	Yellow	Serdang, Selangor
10073	Yellow	Serdang, Selangor
10100	Yellow	Serdang, Selangor
10123	Yellow	Serdang, Selangor
10200	Yellow	Serdang, Selangor
<i>Yellow</i>	Yellow	Sepang, Selangor
10236	Orange	Serdang, Selangor
11085	Orange	Serdang, Selangor
11090	Orange	Serdang, Selangor
11092	Orange	Serdang, Selangor
<i>Orange</i>	Orange	Sepang, Selangor
10120	Purple	Serdang, Selangor
11214	Purple	Serdang, Selangor
<i>Purple</i>	Purple	Sepang, Selangor

mucilaginous layer was removed and the sediment/starch was re-suspended with water. This sedimentation and washing activity were repeated three times. Wet starch was dried in a cabinet drier at 45 °C for 8 h, ground and sieved with a 100-mesh sieve.

Starch and amylose contents of sweet potato flour were expressed in fresh weight basis (fwb) and dry basis (db). Starch content was measured using acid-hydrolysis method and the subsequent sugars produced were determined using a Nelson-Somogyi method (AOAC 1984). Approximately 5 g of sweet potato flour was homogenized with 50 ml of 85% ethanol for about 1 h. Sediment was removed quantitatively by filtering the suspension using Whatman No 1 paper into erlenmeyer flask containing 200 ml of distilled water and 20 ml of 25% HCl. Hydrolysis was conducted by boiling the mixture for about 2.5 h. The solution was cooled, neutralized using 45% NaOH and made up into 500 ml. The solution was then filtered using a Whatman filter paper and the filtrate collected was measured using an analysis procedure for glucose determination (AOAC 1984). Starch content was calculated by multiplying the glucose content with a conversion factor of 0.9.

The apparent amylose content was determined using a colorimetric iodine binding procedure

according to the method used by Juliano (1971). This method consists of two steps, viz. preparing the standard curve of amylose (Merck) using different concentrations and determination of amylose content in the sweet potato starch. The standard curve was created by plotting the absorbance versus amylose concentration.

Amylose content was determined through mixing 100 mg of sweet potato flour with 1 ml of 95% ethanol and 9 ml of 1 N NaOH, heated in boiling water for 10 min, cooled and made up to 100 ml. About 5 ml of the sample solution was filled into a volumetric flask, added with 1 ml of 1 N Acetic acid and 2 ml of Iodine solution, stirred well then measured the absorbance at 625 nm wavelength using a spectrophotometer (Genesys 10uv, Thermo Scientific). The results were plotted into the standard curve to calculate the content of amylose in the samples.

Individual sugar of glucose, fructose, maltose, and sucrose existing in fresh sweet potato tuber was determined using HPLC method as described by Picha (1985) and Rees *et al.* (2003). A Waters liquid chromatography unit (Waters Co., Milford, Massachusetts, USA) was equipped with a Waters 410 RI detector, a Waters 501 injector and Pump and a Waters 600 controller. The sugars were separated using a Lichrosper® 100 NH₂ column (10 µm; 250 x 4.6 mm i.d., Merck). The isocratic elution of acetonitrile and water (80 : 20, v/v) was applied with a flow rate of 1.0 mL/min and the analyte was detected using RI detector.

About 1 g of sweet potato flour was heated with 100 ml of 85% methanol on a steam bath for 30 min. The mixture was filtered through Whatman No. 1 paper into round bottom flask and re-extracted the residue twice with 75 ml of methanol. The filtrate was then evaporated to about 10 ml using a vacuum rotary evaporator at 50 °C and made up the volume to 10 ml in a volumetric flask. About 2.5 ml of the extract was passed through a cation-ion exchange (Sep Pak C₁₈) cartridge and gently eluted 1.25 ml to the waste, while the rest was collected for analysis. Finally, the extract was filtered through a 0.45 µm membrane filter (Whatman) using a syringe. Ten micro liters (µL) of the sample extract was injected into the HPLC unit. Individual sugar in the samples was identified and quantified through the retention time and comparing the peak areas of samples with respective sugar standards. The mixed standard containing fructose, glucose, maltose, and sucrose was prepared by dissolving each standard in the mobile phase of acetonitrile and water with the proportion of 80 : 20 (v/v). The concentration of each sugar standard was 1% (w/v).

Peak force deformation was measured using uniaxial compression on cylinder of cooked tissue adopted from Walter *et al.* (2000). Uniaxial compression test was performed using a Texture Analyzer (TA.TX2i, Godalming, UK) fitted with a 25 kg load cell with a probe having 50 mm diameter compression plate. The compression was along the longitudinal axis of the steamed cylindrical specimen to about 75% of its initial height at a constant crosshead speed of 1 mm/s. The data was collected from the graph generated during the test. The peak force-deformation curves were obtained from 15 replicates per sample.

Hardness, adhesiveness, springiness, and chewiness were measured using Texture Profile Analysis (TPA) method as described by Nishinari *et al.* (2013). Texture Analyzer (TA.TX2i, Godalming, UK) was fitted with a 25 kg load cell with a probe having 50 mm diameter compression plate. The steamed cylindrical specimen was compressed longitudinal for two cycles. The test condition was: pre-test speed 2 mm/s, test speed 1 mm/s, post test speed 2 mm/s, time between two cycles 5 second and degree of compression 35% of its initial height. The TPA curves were obtained from 15 replicates per sample. Data collection and analysis were accomplished by the EXTRAD Dimension Software that is supplied together with the Texture Analyzer.

The experiment was arranged in a randomized complete block design with three replications. The data were statistically evaluated by analysis of variance (ANOVA) using a MSTAT-C software. Duncan's multiple range test (DMRT) was subsequently employed to see differences among sweet potato cultivars with a significant level of 0.05.

RESULTS AND DISCUSSION

Moisture content

Table 2 shows that the moisture content of fresh tubers ranged from 62.94 to 80.29% with the average of 74.56 %. The mean of each group was 76.27, 76.26, 74.23, and 67.70% for white, yellow, orange, and purple-fleshed sweet potato, respectively. Within the white-fleshed group, three accessions had higher moisture contents than the mean value, while the other two accessions and *White* cultivar were lower. The mean value of yellow-fleshed group was similar to that of the white-fleshed group, however the variation was larger with the highest value of 80.29% and the lowest was 72.16%. *Yellow* cultivar exhibited the highest moisture content compared to three other commercial cultivars. Conversely, small variation was noted for the orange-

Table 2. Moisture content of fresh and steamed tuber from 17 accessions and four commercial cultivars of sweet potato

Accession/Cultivar	Flesh colour	Moisture of fresh tuber (% fwb)	Moisture of steamed tuber (% fwb)
10116	White	78.69±0.17 ^b	81.33±0.23 ^a
10168	White	79.67±0.37 ^a	81.08±0.10 ^{ab}
10166	White	73.18±0.91 ⁱ	72.46±0.64 ^j
10217	White	75.26±0.61 ^{ef}	79.31±0.27 ^c
11072	White	76.59±0.09 ^{de}	75.68±0.01 ^{ef}
White	White	73.82±0.45 ^{hi}	75.96±0.40 ^e
10061	Yellow	80.29±0.28 ^a	80.54±0.78 ^{abc}
10071	Yellow	77.93±0.51 ^{bc}	79.77±0.42 ^{bc}
10073	Yellow	73.62±0.21 ^{hi}	72.80±0.24 ^{ij}
10100	Yellow	72.16±0.18 ^j	70.47±0.97 ^k
10123	Yellow	77.15±0.06 ^{cd}	79.62±0.66 ^{bc}
10200	Yellow	74.16±0.37 ^{hi}	75.73±0.30 ^{ef}
Yellow	Yellow	78.53±0.14 ^b	80.54±0.57 ^{abc}
10236	Orange	70.80±0.02 ^k	74.05±0.81 ^{ghi}
11085	Orange	75.32±0.13 ^{fg}	73.73±0.18 ^{hij}
11090	Orange	73.89±0.46 ^{hi}	74.31±0.09 ^{fgh}
11092	Orange	74.67±0.38 ^{gh}	74.47±0.34 ^{efgh}
Orange	Orange	76.48±0.35 ^{de}	75.44±0.56 ^{efg}
10120	Purple	62.94±0.78 ^l	65.12±1.26 ^l
11214	Purple	63.39±0.92 ^l	63.53±0.13 ^m
Purple	Purple	76.78±0.48 ^d	77.78±1.61 ^d
Mean ± std dev		74.56±4.52	75.41±4.85

Means within a column followed by different superscript letters are significantly different at $p < 0.05$.

fleshed group compared to other flesh color groups. However, a significant difference ($p < 0.05$) was found within the member of this group. Meanwhile, high variation of moisture content was observed in the purple-fleshed group associated with a relatively high moisture seen in the *Purple* cultivar (76.78%) compared to two other UPM accessions.

The variation of moisture content does not depend only on the accession or cultivar/genetic factor, but also environmental factors, such as location, climate/season, day length, soil type, pest and disease attacks, and cultivation practices (Ali *et al.* 2012, Laurie *et al.* 2012, Shekar *et al.* 2015). Four commercial cultivars were cultivated in different areas. *White* was cultivated by farmer in sandy soil of Bidor, Perak, Malaysia, whereas the three other cultivars were planted in peat soil of Sepang, Selangor, Malaysia. Meanwhile, the 17 germplasm accessions were grown in Serdang, Selangor Malaysia. In addition, fertilizer application also affected the moisture content of the tubers as it normally decreases with the increasing amounts of nitrogen (Relente and Asio, 2020).

The changes of moisture content occurred after sweet potato tubers were steamed at 100°C for 20 min. A positive correlation was found between the moisture content of fresh tubers and steamed tubers

($r = 0.94$, $p < 0.01$) (Table 6). The increase in moisture content was observed in 11 accessions and three commercial cultivars, which varied from 1-4%. It does seem that the intercellular spaces were filled by moisture during steaming. Meanwhile, six accessions showed a decrease in moisture content after 20-min steaming varying from 0.45 to 1.7%. This phenomenon of increase and decrease in moisture content during steaming was also reported by Utomo and Ginting (2021) in white and yellow-fleshed sweet potato as well as by Eke-Ejiofor and Onyeso (2019) due to absorption of external water and evaporation (Utomo and Ginting 2021). Sweet potato with higher dry matter or amylose content tends to absorb more water for undergoing the gelatinization process and the absorption is quitted if the cellular water is sufficient (Li *et al.* 2013).

Starch and amylose contents

The carbohydrates in sweet potato tubers play an important part not only in the degree of sweetness of the cooked tubers, but also in their texture. Starch is the major component of carbohydrates, which may comprise 30 to 70% of sweet potato dry matter (Woolfe, 1992). The starch contents of 17 accessions and four cultivars varied widely, particularly for the white and purple-fleshed groups (Table 3). The starch

Table 3. Starch and amylose content of 17 accessions and four sweet potato cultivars

Accession/Cultivar	Flesh colour	Starch (% fwb)	Starch (% db)	Amylose (% db)
10116	White	11.02 ± 0.84 ^{hij}	53.47 ± 0.02 ^b	23.95 ± 0.13 ^{bc}
10168	White	10.67 ± 0.13 ^{ij}	52.98 ± 0.04 ^{gh}	23.76 ± 0.09 ^{bc}
10166	White	16.59 ± 1.01 ^d	52.93 ± 0.03 ^{ghi}	25.61 ± 1.39 ^{abc}
10217	White	14.86 ± 0.21 ^{de}	53.75 ± 0.01 ^a	24.64 ± 1.40 ^{abc}
11072	White	13.53 ± 0.05 ^{efg}	53.53 ± 0.05 ^b	24.96 ± 1.38 ^{abc}
White	White	19.30 ± 0.57 ^c	53.21 ± 0.02 ^{de}	25.53 ± 1.55 ^{abc}
10061	Yellow	9.87 ± 0.13 ^j	53.71 ± 0.01 ^a	23.11 ± 0.09 ^c
10071	Yellow	11.72 ± 1.07 ^{ghij}	53.52 ± 0.05 ^b	19.15 ± 3.73 ^d
10073	Yellow	15.51 ± 0.09 ^{de}	52.90 ± 0.00 ^{hi}	24.67 ± 0.09 ^{abc}
10100	Yellow	15.08 ± 2.17 ^{de}	52.98 ± 0.01 ^{gh}	25.06 ± 0.53 ^{abc}
10123	Yellow	13.27 ± 0.05 ^{efgh}	53.05 ± 0.14 ^f	23.57 ± 0.15 ^{bc}
10200	Yellow	14.16 ± 0.55 ^{def}	52.85 ± 0.02 ^{ij}	24.67 ± 0.23 ^{abc}
Yellow	Yellow	12.34 ± 1.01 ^{fghi}	53.37 ± 0.02 ^c	24.83 ± 0.94 ^{abc}
10236	Orange	16.23 ± 0.66 ^d	52.95 ± 0.11 ^{fghi}	27.93 ± 5.71 ^{ab}
11085	Orange	11.51 ± 0.80 ^{ghij}	53.29 ± 0.02 ^{cd}	26.52 ± 1.20 ^{abc}
11090	Orange	15.01 ± 0.16 ^{de}	53.22 ± 0.05 ^{de}	26.35 ± 0.88 ^{abc}
11092	Orange	14.34 ± 0.05 ^{def}	53.51 ± 0.24 ^b	26.33 ± 1.15 ^{abc}
Orange	Orange	14.43 ± 1.40 ^{def}	53.01 ± 0.01 ^{fg}	27.15 ± 1.59 ^{abc}
10120	Purple	22.53 ± 1.94 ^b	52.79 ± 0.04 ^j	26.94 ± 0.50 ^{abc}
11214	Purple	25.40 ± 1.61 ^a	53.15 ± 0.07 ^e	26.69 ± 1.38 ^{abc}
Purple	Purple	14.47 ± 1.23 ^{def}	53.03 ± 0.04 ^{fg}	28.79 ± 4.05 ^a
Mean ± std. dev		14.85 ± 3.77	53.20 ± 0.29	25.25 ± 2.03

Means within a column followed by different superscript letters are significantly different at $p < 0.05$

content was presented in fresh weight basis (fwb) and dry basis (db), respectively to show its real amount in fresh tuber condition and to compare the amount between accession/cultivar without any moisture in dry tuber as the content of moisture considerably varies in the tubers. The starch content of 17 accessions and four commercial cultivars in this study varied from 9.87 - 25.40% (fwb) or 52.79 - 53.75% (db). These results were in agreement with the values reported by Sato *et al.* (2018) for cream, yellow, and orange-fleshed sweet potatoes that ranged from 6.02 - 23.40% (fwb). Similarly, Yoon *et al.* (2018) obtained a starch content ranging from 8.78% to 20.05% (fwb) for different flesh colors of Korean cultivars. A range value of 50.3 - 66.6% (db) was also noted by Ginting *et al.* (2015) for 12 purple-fleshed sweet potato genotypes. This suggests a high variation in moisture content of the fresh tubers as the starch contents in dry basis are relatively similar.

Amylose as a linear component of starch greatly affects the functional properties of starch, such as water absorption capacity during heating, swelling power, solubility, pasting and gelatinization temperature, and viscosity (Dereje *et al.* 2020, Wang *et al.* 2020). The amylose content showed a considerable variation among sweet potato accessions and cultivars that ranged from 19.15%

to 28.79% (db) as listed in Table 3. On average, the purple-fleshed group contained the highest amylose (27.48% db), followed by orange (26.86%), white (24.74%), and yellow-fleshed group (23.58%). Four commercial cultivars differing in flesh colors likely showed a similar pattern of amylose content with those of 17 accessions. The amylose contents obtained in this study were within the range values reported by other studies, *c.a.* 23.3-26.5% (Lai *et al.* 2016), 20.8-25.2% (db) in purple-fleshed sweet potato genotypes (Ginting *et al.* 2015) and 19.5-24.6% (db) in nine cultivars with white, yellow, and purple flesh colors (Guo *et al.* 2019). Guo *et al.* (2019) also revealed that the flesh color was likely have no relationship with the physico-chemical properties of starch as it is more related with the genetic factor or cultivar. Similarly, the variation of amylose content in sweet potato starch was found to be affected by cultivar as well as growth environment conditions to a limited range (Lai *et al.* 2016).

Sugar contents

Figure 1 illustrates a chromatogram of sugar profiles in fresh sweet potato tubers. The peak of fructose initially appeared, followed by glucose, sucrose, and maltose, respectively. Sucrose, glucose and fructose are the principal sugars present in fresh

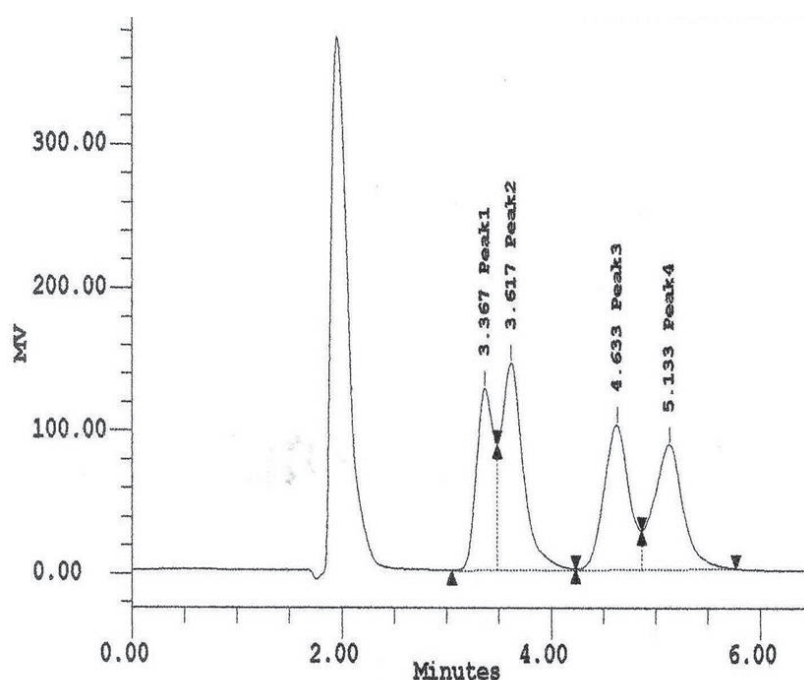


Fig. 1. Chromatogram of the major sugars existing in fresh sweet potato tubers. Peak 1=fructose, Peak 2=glucose, Peak 3=sucrose, Peak 4=maltose. MV = millivolt

sweet potato (Owusu-Mensah *et al.* 2016, Wei *et al.* 2017). However, the profile and concentration may change during processing, particularly heat treatment, and would influence the eating quality and preferences of the products (Wei *et al.* 2017).

The amount of individual sugar in fresh tubers of 17 accessions and four commercial cultivars is shown in Table 4. Sucrose was the most abundant sugar, followed by glucose, fructose, and maltose. Glucose was the second major sugar in 14 out of 17 accessions with the content varied from 1.1 - 2.37% (db), and one accession (11214) having less than 1%. The white-fleshed group contained the highest glucose, followed by yellow, orange, and purple-fleshed group. Meanwhile, four commercial cultivars contained much lower glucose that varied from 0.07 to 0.89 % (db). The higher contents of glucose relative to fructose in this study was in agreement with the results obtained by Lai *et al.* (2013) in seven sweet potato varieties grown in Taiwan, while relatively similar of both values were noted by Agnes *et al.* (2012).

Fructose was present in a lower content than glucose which varied from 0.05 to 1.87% (Table 4). The average of fructose content was 1.09, 1.47, 1.06, and 0.75% for white, yellow, orange, and purple-fleshed group, respectively, with the mean of 1.16%. In general, insignificant difference was found in fructose content among the members of white, yellow and orange-flesh colour groups of 17 accessions, while it was significantly different for purple-fleshed group. Four commercial cultivars

showed a significant difference in fructose content compared to their respective flesh color in the germplasm accessions (<0.05) due to much lower value that ranged from 0.05% to 0.8%.

Sucrose was the predominant sugar in fresh sweet potato tubers. Lai *et al.* (2013) noted that sucrose constitutes about 50-92% of the total sugar. In this study, sucrose also showed the highest amount compared to other sugars, particularly for the orange and purple-fleshed accessions, including four commercial cultivars. The sucrose content varied from 1.22 to 3.79% (db) as seen in Table 4. On average, the sucrose content was 1.91, 1.71, 2.95 and 2.60% (db) for white, yellow, orange, and purple-fleshed group, respectively. The white and yellow-fleshed groups showed similar sucrose contents, while it was significantly different for the orange and purple-fleshed groups as the latter had higher amounts of sucrose. The orange accession of 10236 contained the highest sucrose (3.79%), followed by the purple accession of 11214 with a value of 3.34%. Among four commercial cultivars, *Orange*, *Yellow*, and *Purple* showed the higher content of sucrose (2.41-2.92%), while the lowest value was obtained in *White* (1.70%). These values of sucrose were relatively lower than those reported by Agnes *et al.* (2012) in 10 sweet potato varieties grown in Uganda c.a. 5.79-14.42% db.

In contrast, maltose generally exists in a very low amount in fresh sweet potato tubers and considerably present in the cooked tubers (Lai *et al.* 2013, Owusu-Mensah *et al.* 2016). A wide variation of maltose

content was noted in 17 accessions and four commercial cultivars, ranging from 0% to 1.53% (Table 4). The mean values of the four groups were as follow: white 0.77%, yellow 1.13%, orange 0.95%, and purple 0.74%, whereas an overall mean was 0.93 %. All the 17 accessions and two cultivars (*Orange* and *Yellow*) had relatively similar maltose contents, while it was different for *White* and *Orange* cultivars as the presence of maltose was not detected. Lai et al (2013) reported relatively similar amounts of glucose (1.17% db) and maltose (0.13% db) in seven sweet potato varieties with the values obtained in this study, however the fructose content was lower (0.60% db) and the sucrose amount was higher (4.43%). CYY95-26 variety in the latter study particularly gave a considerable amount of sucrose (7.77% db). Differences in sugar profiles and amounts are considerably related to cultivar as well as amylase activity and growing environment conditions (Agnes *et al.* 2012).

Textural characteristics

Table 5 shows the textural characteristics of 17 accessions and four cultivars. A wide variation of textural properties between sweet potato genotypes was noted. In general, the peak force deformation

values of 17 accessions were higher than those of *White*, *Orange*, and *Purple*, except for *Yellow* which showed higher value than three other commercial cultivars. The highest value was seen in the purple accession of 10120, followed by 11214 (purple) and 10116 (white), suggesting a firm characteristic of the steamed tubers of such accessions. Meanwhile, the orange and yellow groups gave relatively lower values. Utomo and Ginting (2021) also noted that the white-fleshed cultivar showed a higher value of peak deformation than that of the yellow-fleshed cultivar. Texture determination using both methods of TPA and peak deformation exhibited similar results of hardness and peak force, giving a positive correlation with $r = 0.90$ ($p < 0.01$) (Table 6). A similar finding ($r = 0.92$) was also observed by Utomo and Ginting (2021) for white and yellow-fleshed cultivars. This reflects that both methods were suitable for hardness determination of steamed sweet potato samples, even though different settings of instruments were applied during testing.

Moisture content was an important factor affecting peak force deformation and hardness, which showed a negative correlation ($p < 0.01$) as presented in Table 6. Yellow-fleshed cultivar which contained higher moisture gave a higher value of peak force

Table 4. Sugar content of fresh sweet potato tubers from 17 accessions and four cultivars

Cultivar	Flesh colour	Glucose (% db)	Fructose (% db)	Sucrose (% db)	Maltose (% db)
10116	White	1.59 ± 0.27 ^{bcdef}	1.40 ± 0.06 ^{abcd}	1.80 ± 0.40 ^{fg}	0.88 ± 0.24 ^{abcd}
10168	White	1.90 ± 0.16 ^{abcd}	1.54 ± 0.39 ^{abc}	2.55 ± 0.10 ^{cdef}	0.58 ± 0.03 ^{cde}
10166	White	1.73 ± 0.86 ^{abcde}	0.89 ± 0.55 ^{defg}	1.79 ± 0.88 ^{fg}	1.23 ± 0.72 ^{abc}
10217	White	1.99 ± 0.04 ^{abc}	1.07 ± 0.19 ^{cdef}	1.72 ± 0.00 ^{fg}	0.73 ± 0.01 ^{bcd}
11072	White	2.37 ± 0.09 ^a	1.22 ± 0.21 ^{bcdef}	1.94 ± 0.01 ^{efg}	1.20 ± 0.09 ^{abc}
<i>White</i>	White	0.63 ± 0.25 ^{hij}	0.45 ± 0.19 ^{ghi}	1.70 ± 0.26 ^{fg}	0.00 ^e
10061	Yellow	1.42 ± 0.13 ^{cdefg}	1.61 ± 0.03 ^{abc}	1.22 ± 0.17 ^g	0.80 ± 0.02 ^{abcd}
10071	Yellow	1.53 ± 0.37 ^{cdefg}	1.35 ± 0.40 ^{abcd}	1.29 ± 0.23 ^g	0.92 ± 0.21 ^{abcd}
10073	Yellow	1.10 ± 0.72 ^{efgh}	1.53 ± 0.09 ^{abc}	1.24 ± 0.28 ^g	1.39 ± 0.00 ^{ab}
10100	Yellow	2.34 ± 0.19 ^a	1.77 ± 0.39 ^{ab}	2.09 ± 0.09 ^{defg}	1.51 ± 0.02 ^a
10123	Yellow	2.28 ± 0.30 ^{ab}	1.87 ± 0.55 ^a	1.45 ± 0.15 ^g	1.41 ± 0.21 ^{ab}
10200	Yellow	1.39 ± 0.12 ^{cdefg}	1.41 ± 0.43 ^{abcd}	1.87 ± 0.15 ^{efg}	1.52 ± 0.20 ^a
<i>Yellow</i>	Yellow	0.89 ± 0.19 ^{fghi}	0.80 ± 0.19 ^{efg}	2.84 ± 0.06 ^{bcd}	0.91 ± 0.04 ^{abcd}
10236	Orange	1.44 ± 0.05 ^{cdefg}	1.29 ± 0.30 ^{bcde}	3.79 ± 0.01 ^a	1.40 ± 0.03 ^{ab}
11085	Orange	1.51 ± 0.05 ^{cdefg}	1.36 ± 0.25 ^{abcd}	3.49 ± 0.08 ^{ab}	1.31 ± 0.09 ^{abc}
11090	Orange	1.19 ± 0.53 ^{defgh}	1.16 ± 0.60 ^{cdef}	2.73 ± 0.92 ^{bcde}	0.94 ± 0.45 ^{abcd}
11092	Orange	1.33 ± 0.38 ^{cdefg}	1.20 ± 0.13 ^{cdef}	1.82 ± 0.51 ^{fg}	1.13 ± 0.27 ^{abc}
<i>Orange</i>	Orange	0.35 ± 0.02 ^{ij}	0.27 ± 0.01 ^{hi}	2.92 ± 0.27 ^{bcd}	0.00 ^e
10120	Purple	1.63 ± 0.36 ^{bcde}	1.50 ± 0.56 ^{abc}	2.06 ± 0.44 ^{defg}	0.72 ± 0.33 ^{bcd}
11214	Purple	0.82 ± 0.01 ^{ghi}	0.70 ± 0.14 ^{fgh}	3.34 ± 0.48 ^{abc}	0.42 ± 0.60 ^{de}
<i>Purple</i>	Purple	0.07 ± 0.10 ^j	0.05 ± 0.07 ⁱ	2.41 ± 0.00 ^{def}	1.07 ± 0.02 ^{abcd}
Mean ± std dev		1.40 ± 0.62	1.16 ± 0.48	2.19 ± 0.75	0.93 ± 0.43

Means within a column followed by different superscript letters are significantly different at $p < 0.05$

Table 5. Textural characteristics of 17 accessions and four sweet potato cultivars

Accession/ Cultivar	Flesh colour	Peak force deformation (N)	Hardness (N)	Adhesive-ness (Ns)	TPA Cohesive-ness (Ns) ^{ns}	Springi-ness (%)	Chewi-ness (N)
10116	White	13.51 ± 1.52 ^{bc}	9.80 ± 2.20 ^c	0.17 ± 0.03 ^{abc}	0.54 ± 0.01	79.75 ± 2.94 ^{def}	426.12 ± 1.27 ^b
10168	White	7.80 ± 0.29 ^{efg}	7.75 ± 0.03 ^{de}	0.11 ± 0.02 ^{cdefg}	0.53 ± 0.02	76.08 ± 1.63 ^f	316.84 ± 0.01 ^{cd}
10166	White	6.98 ± 0.64 ^{fgh}	6.76 ± 0.54 ^{ef}	0.07 ± 0.02 ^g	0.42 ± 0.00	83.19 ± 1.39 ^{cdef}	236.56 ± 0.27 ^{defg}
10217	White	6.55 ± 0.75 ^{gh}	4.52 ± 0.03 ^{hi}	0.17 ± 0.03 ^{abc}	0.44 ± 0.01	85.96 ± 3.03 ^{abcde}	170.00 ± 0.06 ^g
11072	White	6.53 ± 0.12 ^{gh}	6.20 ± 1.04 ^{efg}	0.15 ± 0.03 ^{bcdef}	0.49 ± 0.01	82.86 ± 3.02 ^{cdef}	253.38 ± 0.59 ^{defg}
White	White	5.59 ± 0.77 ^h	6.73 ± 0.29 ^{ef}	0.24 ± 0.07 ^a	0.44 ± 0.01	92.57 ± 6.38 ^a	273.07 ± 0.01 ^{def}
10061	Yellow	5.56 ± 0.46 ^h	5.74 ± 0.07 ^{fgh}	0.15 ± 0.02 ^{bcde}	0.50 ± 0.01	79.74 ± 4.43 ^{def}	231.66 ± 0.11 ^{defg}
10071	Yellow	8.78 ± 0.15 ^e	6.94 ± 0.17 ^{ef}	0.16 ± 0.01 ^{bcd}	0.52 ± 0.02	79.53 ± 0.28 ^{def}	288.91 ± 0.10 ^{cde}
10073	Yellow	10.82 ± 1.14 ^d	12.11 ± 0.51 ^b	0.12 ± 0.02 ^{cdefg}	0.52 ± 0.01	81.80 ± 0.98 ^{cdef}	517.50 ± 0.23 ^a
10100	Yellow	12.28 ± 1.55 ^c	13.23 ± 0.53 ^{ab}	0.15 ± 0.02 ^{bcde}	0.52 ± 0.00	81.42 ± 0.02 ^{def}	564.94 ± 0.21 ^a
10123	Yellow	6.20 ± 0.57 ^{gh}	5.76 ± 0.08 ^{fgh}	0.22 ± 0.01 ^{ab}	0.52 ± 0.01	81.59 ± 5.42 ^{def}	242.96 ± 0.12 ^{defg}
10200	Yellow	6.68 ± 0.53 ^{fgh}	6.79 ± 1.22 ^{ef}	0.09 ± 0.02 ^{defg}	0.47 ± 0.00	79.27 ± 4.20 ^{def}	258.13 ± 0.60 ^{defg}
Yellow	Yellow	10.24 ± 0.06 ^d	4.94 ± 0.44 ^{ghi}	0.21 ± 0.01 ^{ab}	0.46 ± 0.01	84.81 ± 2.43 ^{bcde}	193.28 ± 0.09 ^{efg}
10236	Orange	8.67 ± 0.47 ^e	8.84 ± 0.80 ^{cd}	0.11 ± 0.05 ^{cdefg}	0.53 ± 0.01	82.66 ± 1.74 ^{cdef}	381.96 ± 0.20 ^{bc}
11085	Orange	8.20 ± 0.40 ^{ef}	7.28 ± 0.09 ^{ef}	0.08 ± 0.03 ^{efg}	0.51 ± 0.01	91.38 ± 3.48 ^{ab}	322.19 ± 0.24 ^{cd}
11090	Orange	7.49 ± 0.30 ^{efg}	6.33 ± 0.36 ^{efg}	0.07 ± 0.02 ^g	0.47 ± 0.01	85.54 ± 0.05 ^{abcde}	261.30 ± 0.24 ^{defg}
11092	Orange	7.40 ± 0.38 ^{efg}	7.18 ± 0.08 ^{ef}	0.09 ± 0.01 ^{defg}	0.49 ± 0.04	83.88 ± 1.59 ^{bcde}	300.01 ± 0.29 ^{cd}
Orange	Orange	5.59 ± 0.03 ^h	5.94 ± 0.85 ^{fgh}	0.17 ± 0.03 ^{abc}	0.49 ± 0.02	86.63 ± 3.36 ^{abcd}	253.17 ± 0.35 ^{defg}
10120	Purple	16.40 ± 0.76 ^a	14.25 ± 0.14 ^a	0.10 ± 0.02 ^{cdefg}	0.50 ± 0.04	77.90 ± 6.73 ^{ef}	576.86 ± 0.37 ^a
11214	Purple	14.88 ± 0.16 ^b	14.24 ± 0.91 ^a	0.07 ± 0.02 ^g	0.47 ± 0.00	81.07 ± 4.03 ^{def}	552.03 ± 0.73 ^a
Purple	Purple	4.02 ± 0.27 ⁱ	4.01 ± 0.16 ⁱ	0.20 ± 0.05 ^{ab}	0.52 ± 0.02	90.04 ± 0.70 ^{abc}	187.40 ± 0.03 ^{fg}
Mean± std dev		8.58 ± 3.30	7.87 ± 3.09	0.14 ± 0.05	0.49 ± 0.03	82.98 ± 3.97	324.20 ± 128.48

Mean within a column followed by different superscript letters are significantly different at $p < 0.05$, ^{ns} = not significant, N = Newton, Ns = Newton second

deformation relative to white-fleshed cultivar with lower moisture content (Utomo and Ginting 2021). In addition, both starch and amylose contents significantly affected the peak force deformation and hardness of the steamed sweet potato, reflecting a positive correlation ($p < 0.01$) as presented in Table 6. Sato *et al.* (2018) also reported that the starch content positively correlated with peak force ($r = 0.51$, $p < 0.01$) and hardness ($r = 0.67$, $p < 0.01$) of deep-fried sweet potato derived from 16 genotypes as well as Yoon *et al.* (2018) in 10 Korean varieties with $r = 0.64$ between starch and hardness of the steamed tubers. Previous studies reported that amylose content and the proportion of amylose and amylopectin were also responsible for textural characteristics of sweet potato products, particularly hardness (Lai *et al.* 2016, Nwosisi *et al.* 2019, Wang *et al.* 2020). However, Utomo and Rahman (2015) found that amylose content had no significant correlation with hardness of the cooked tubers, while it was significant for starch content ($r = 0.92$). Amylose contributes to pasting and gelling properties through swelling of the starch granule prior to gelatinization and retrogradation upon cooling (Idowu *et al.* 2013, Allan *et al.* 2021). Therefore, variation on the peak force deformation and hardness could be due to varietal differences in the extent of degradation of starch and cell wall substances during cooking associated with starch swelling and gelatinization (Sajeev *et al.* 2012, Aamir *et al.* 2013, Dekker *et al.* 2014). Smaller values of hardness

relative to this study results were noted in steamed tubers of white and yellow-fleshed cultivars, c.a. 4.48-4.96 N (Utomo and Ginting 2021), while higher values (12.3-32.9 N) were investigated in three sweet potato cultivars (Wang *et al.* 2020).

Other texture characteristics were adhesiveness, cohesiveness, springiness and chewiness. Adhesiveness is closely related to the stickiness mouthfeel of food (Nishinari *et al.* 2019). In sweet potato, it reflects the stickiness of the tuber surface after cooking in relation to starch gelatinization. High adhesiveness normally gives soft texture (Wang *et al.* 2020). Table 45 shows a wide variation occurred in adhesiveness of the studied accessions. Three commercial cultivars (*White*, *Yellow*, and *Purple*) had lower adhesiveness values than those of 17 accessions, while *Orange* was relatively similar with some of the accessions. Based on the mean value, the samples could be simply grouped into low, medium, and high adhesiveness. Low adhesiveness was addressed to those genotypes having value ranged from 0.07 to 0.127 Ns, medium for 0.128 to 0.184 Ns, and high for 0.185 to 0.24 Ns. Ten accessions belonged to low adhesiveness group, consisting of two white, two yellow, four orange and two purple-fleshed sweet potatoes. Medium adhesiveness group consisted of three white and three yellow accessions as well as *Orange* commercial cultivar. Meanwhile, high adhesiveness group was dominated by the commercial cultivars (*White*, *Yellow* and *Purple*), and one yellow accession (10123). In

this study, adhesiveness of the steamed tuber positively correlated with its moisture content ($r = 0.54$, $p < 0.01$) as seen in Table 6. Meanwhile, a negative correlation ($r = -0.37$, $p < 0.01$) was found for amylose content and adhesiveness (Table 6). This means that high adhesiveness might be caused by low amylose content of the tubers. A negative correlation between amylose content and adhesiveness was also noted by Allan *et al.* (2021), however it was not significant ($r = -0.24$). The results in this study were within the range of adhesiveness (0.015-4.32 Ns) obtained by Allan *et al.* (2021) in 16 sweet potato varieties.

Cohesiveness is one of the characteristics of the product exhibiting the rate at which the material disintegrates under mechanical action or a direct function of the work needed to overcome the internal bonds of the material (Nishinari *et al.* 2019). Insignificant values of cohesiveness occurred (Table 5), indicating that all samples had similar such characteristic after cooking. Table 6 also exhibited that there was no significant correlation between cohesiveness and other attributes. However, Allan *et al.* (2021) noted that amylose content had a negative correlation ($r = -0.53$, $p < 0.05$) with cohesiveness. This reflects that amylose content does not solely affect the pasting and textural properties of starch gel. The latter study observed greater values of cohesiveness in 16 sweet potato varieties (0.34-0.87Ns) relative to this study, while it was relatively lower in three cultivars (0.30-0.41Ns) reported by Wang *et al.* (2020).

Elasticity of the steamed tubers was determined through springiness measurement that is stated as “the rate at which a deformed material goes back to its un-deformed condition after the deforming

force is removed” (Zhu and Sun 2019). Table 5 shows that springiness of the steamed sweet potato varied from 76.08 to 92.57%. A wide variation was found in 17 accessions and four cultivars studied as well as among the flesh color groups. The orange group showed the highest mean value, followed by white, purple and yellow groups. In this study, springiness was not significantly dictated by starch and amylose contents (Table 6). However, it had a positive correlation with adhesiveness with $r = 0.64$ ($p < 0.01$) as presented in Table 6, suggesting a relation between stickiness and elasticity. It seems that springiness is affected by typical changes in the starch physicochemical properties and cell structure components (cell wall and middle lamella) during cooking (Wang *et al.* 2020). Utomo and Ginting (2021) also revealed similar values of springiness (80% and 86%) for white and yellow-fleshed cultivar, respectively.

Chewiness indicates the energy required to masticate a solid food, which is calculated as a multiplication result of hardness, cohesiveness and springiness (Sajeev *et al.* 2012). Table 5 shows a wide variation of chewiness, which ranged from 170.00 to 576.86 N. The mean of all genotypes was 324.20 N, whereas it was 279.33, 328.20, 303.72, and 438.76 N for white, yellow, orange and purple group, respectively. By definition, chewiness is mathematically obtained from hardness, cohesiveness and springiness values, however in this study chewiness was only affected by hardness with a significant correlation ($r = 0.99$, $p < 0.01$). Moisture content of the steamed tubers also showed a negative correlation ($r = -0.77$, $p < 0.01$) with chewiness (Table 6). This suggests that chewiness is likely to be affected by the combination of moisture

Table 6. Correlation coefficient (r) of moisture, starch, amylose content and texture profile characteristics of 17 accessions and four sweet potato cultivar

Parameter	Moisture		Starch (fwb)	Amylose (fwb)	Peak Force	TPA Characteristics				
	Fresh	Steamed				Hardness	Adhesive -ness	Springi -ness	Cohesive -ness	Chewi -ness
Moisture-fresh	1									
Moisture-steamed	0.94**	1								
Starch	-0.917**	-0.85**	1							
Amylose	-0.54*	-0.52*	0.49*	1						
Peak force	-0.72**	-0.76**	0.47*	0.50**	1					
Hardness	-0.76**	-0.83**	0.60**	0.61**	0.90**	1				
Adhesiveness	0.41	0.54**	-0.24	-0.37**	-0.36	-0.43	1			
Springiness	0.33	0.30	-0.27	0.18	-0.30	-0.32	0.64**	1		
Cohesiveness	0.19	0.13	-0.37	-0.13	0.07	0.21	0.04	0.35	1	
Chewiness	-0.69**	-0.77**	0.49	0.10	0.51**	0.99**	-0.39	-0.22	0.36	1

* = significant at $P < 0.05$

** = significant at $P < 0.01$

content and hardness. Low moisture content of steamed tubers with high hardness would generate high chewiness, and vice versa.

The physical and chemical properties considerably varied among genotypes. However, it seems that texture attributes would determine the characteristics of final products. Sweet potatoes with low hardness and chewiness are suitable to be used as raw material for juice and jam such as 10217, Purple and Yellow, 10061, 10166, and 10123, while those with medium hardness and chewiness such as Orange cultivars, 11072, 10200, 11090, White, 10071, 11092, 10168 and 11085 are suitable for products made from mashed tubers. Sweet potatoes with firm texture (10236, 10116, 10073, 11214, 10100, 10120) are tailored for flour preparation, which can be further for flour based products.

CONCLUSION

A wide variation in the chemical composition of 17 UPM sweet potato accessions and four commercial cultivars was investigated in this study, including moisture, starch, amylose, and sugar contents. Such characteristics can be also grouped or ranked for different flesh colors of sweet potatoes. Hardness measured using peak force deformation and TPA gave a positive correlation, suggesting both methods can be applied. Moisture, starch, and amylose contents individually or together may contribute to the textural properties of the steamed sweet potato tubers, resulting in a variation in the hardness, adhesiveness, springiness, and chewiness, while it was similar in cohesiveness. This relation would be useful for predicting the texture profile of steamed sweet potato cultivars as well as selection for breeding of improved varieties with desired characteristics. Hardness and chewiness would likely dictate the characteristics of the final product. Further studies are needed for the suitability identification of such sweet potato genotypes for making different food products.

REFERENCES

Aamir M, Ovissipour M, Sablani SS and Rasco B. 2013. Predicting the quality of pasteurized vegetables using kinetic models: a review. *International Journal of Food Science*. 2013. article ID 271271: 29 pp.

Adu-Kwarteng E, Baafi E, Amoa-Owusu A, Okyere F, Carey E. 2021. Expanding industrial uses of sweetpotato for food security and poverty alleviation. *Open Agriculture* 6(1): 382-391.

Agnes N, Agnes N, Yusuf B, Judith N, Trude W. 2012. Potential use of selected sweetpotato (*Ipomoea batatas*

Lam) varieties as defined by chemical and flour pasting characteristics. *Food and Nutrition Sciences* 3(7) Article ID: 20480: 8 pp.

Aina AJ, Falade KO, Akingbala JO, Titus P. 2012. Physicochemical properties of Caribbean sweet potato (*Ipomoea batatas* (L) Lam) starches. *Food and Bioprocess Technology* 5(2): 576-583.

Allan MC, Marinos N, Johanningsmeier SD, Sato A, Truong VD. 2021. Relationships between isolated sweetpotato starch properties and textural attributes of sweetpotato French fries. *Journal of Food Science* 86(5): 1819-1834.

Allen JC, Corbitt AD, Maloney KP, Butt MS, Truong VD. 2012. Glycemic index of sweet potato as affected by cooking methods. *The Open Nutrition Journal* 6: 1-11.

Ali S, Mohammed W, Shimelis B. 2015. Agronomic and physicochemical evaluation of sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] collections in Ethiopia. *Advances in Crop Science and Technology* 3(3): 1-8.

Cartier A, Woods J, Sismour E, Allen J, Ford E, Githinji L, Xu Y. 2017. Physiochemical, nutritional and antioxidant properties of fourteen Virginia-grown sweet potato varieties. *Journal of Food Measurement and Characterization* 11(3): 1333-1341.

Collado LS, Mabesa RC, Corke H. 1999. Genetic variation in the physical properties of sweet potato starch. *Journal of Agriculture and Food Chemistry* 47: 4195-4201.

Dekker M, Dekkers E, Jasper A, Baár C, Verkerk R. 2014. Predictive modelling of vegetable firmness after thermal pre-treatments and steaming. *Innovative Food Science & Emerging Technologies* 25: 14-18.

Dereje B, Girma A, Mamo D, Chalchisa T. 2020. Functional properties of sweet potato flour and its role in product development: a review. *International Journal of Food Properties* 23(1): 1639-1662.

Eke-Ejiofor J, Onyeso BU. 2019. Effect of processing methods on the physicochemical, mineral and carotene content of orange fleshed sweet potato (OFSP). *Journal of Food Research* 8(3): 50-58.

Ginting E, Yulifianti R, Jusuf M, Mejaya MJ. 2015. Identifikasi sifat fisik, kimia, dan sensoris klon-klon harapan ubijalar kaya antosianin. *Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 34(1): 69-78.

Guo K, Liu T, Xu A, Zhang L, Bian X, Wei C. 2019. Structural and functional properties of starches from root tubers of white, yellow, and purple sweet potatoes. *Food hydrocolloids* 89: 829-836.

Idowu O, Olaoye O, Sogotemi C, Ajayi B. 2013. Quality assessment of flours and amala produced from three varieties of sweet potato *ipomeabatatas*. *Int. J. Food and Nutri. Sci.* 2(4): 2320-7876.

- Lai Y-C, Huang C-L, Chan C-F, Lien CY, Liao WC. 2013. Studies of sugar composition and starch morphology of baked sweet potatoes (*Ipomoea batatas* (L.) Lam. J. Food Sci. Technol. 50(6): 1193–1199.
- Lai Y-C, Wang S-Y, Gao H-Y, Nguyen KM, Nguyen C, Shih MC, Lin KH. 2016. Physicochemical properties of starches and expression and activity of starch biosynthesis-related genes in sweet potatoes. Food Chemistry 199: 556-564.
- Laurie SM, Van Jaarsveld PJ, Faber M, Philpott MF, Labuschagne MT. 2012. Trans- α -carotene, selected mineral content and potential nutritional contribution of 12 sweetpotato varieties. Journal of Food Composition and Analysis 27(2): 151-159.
- Lee BH, Lee YT. 2016. Physicochemical and structural properties of different colored sweet potato starches. Starch/Stärke 68: 1–9.
- Li Q, Xie Q, Yu S, Gao Q. 2013. New approach to study starch gelatinization applying a combination of hot-stage light microscopy and differential scanning calorimetry. Journal of Agricultural and Food Chemistry 61(6): 1212-1218.
- Karim NA, Devarajan T, Ahmad A. 2022. Principal component analysis for phenotypic characterization of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genotypes in Malaysia. Trends in Sciences 19(12): 4612 (13 pp).
- Nafeesa A, Kolawole OF, John OA. 2012. Effect of cultivar on quality attributes of sweet potato fries and crisps. Food and Nutrition Sciences 3: 224-232.
- Nishinari K, Kohyama K, Kumagai H, Funami T, Bourne MC. 2013. Parameters of texture profile analysis. Food Science and Technology Research 19(3): 519-521.
- Nishinari K, Fang Y, Rosenthal A. 2019. Human oral processing and texture profile analysis parameters: Bridging the gap between the sensory evaluation and the instrumental measurements. Journal of Texture Studies 50(5): 369-380.
- Nordin MS, Shah MSM, Ghazali, MNM, Rahman SNA, Idris S, and Ali MSM. 2015. Conservation and utilization of crop genetic resources in Malaysia: Mardi's Effort. Journal of Agricultural Science and Technology A 5: 381-386.
- Nwosisi S, Nandwani D, Ramasamy R. 2019. Texture profile analysis of organic sweetpotato (*Ipomoea batatas*) cultivars as affected by different thermal processing methods. International Journal of Agriculture Environment and Food Sciences 3(2): 93-100.
- Owusu-Mensah E, Oduro I, Ellis WO, Carey EE. 2016. Cooking treatment effects on sugar profile and sweetness of eleven-released sweet potato varieties. Journal of Food Processing & Technology 7(4): 1-6.
- Picha DH. 1985. HPLC determination of sugar in raw and baked sweet potatoes. Journal of Food Science. 50(4): 1189-1190.
- Rees D, van Oirschot QEA, Amour R, Rwiza E, Kapinga R, Carey T. 2003. Cultivar variation in keeping quality of sweetpotatoes. Postharvest Biology and Technology 28: 313-325.
- Relente F, Asio LG. 2020. Nitrogen application improved the growth and yield performance of sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). Annals. of Tropical Research 42 (1): 45-55
- Sato A, Truong VD, Johanningsmeier SD, Reynolds R, Pecota KV, Yencho GC. 2018. Chemical constituents of sweetpotato genotypes in relation to textural characteristics of processed French fries. Journal of food science, 83(1): 60-73.
- Sajeev MS, Sreekumar J, Vimala B, Moorthy SN, Jyothi AN. 2012. Textural and gelatinization characteristics of white, cream, and orange fleshed sweetpotato tubers (*Ipomoea Batatas* L.). International journal of food properties 15(4): 912-931.
- Shaari N, Shamsudin R, Nor MZM, Hashim N. 2021. Quality attributes of Malaysia purple-fleshed sweet potato at different peel condition. Agronomy 11(5): 872 (14 pp).
- Sulaiman SA, Igwegbe AO, Nassarawa SS, Isma BB. 2020. Effect of different cooking methods on the proximate and sensory attributes of orange fleshed sweet potato harvested from Jigawa State Nigeria. American Journal Of Food And Nutrition 9(1): 1-5
- Thiyagu D, Rafii MY, Mahmud TMM, Latif MA, Malek MA, Sentoor G. 2013. Genetic variability of sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam.) genotypes selected for vegetable use. Journal of Food, Agriculture & Environment 11(2): 340-344.
- Utomo JS, Rahman RA. 2015. Physical and chemical properties of restructured sweetpotato stick from three sweetpotato cultivars. International Journal on Advance Science Engineering Information Technology 5(1): 16-22.
- Utomo JS, Ginting E. 2021. The effect of steaming time on the textural characteristics of two sweet potato cultivars. Buletin Palawija 19 (2): 103-110
- Walter WM Jr, Truong VD, Wiesenborn DP, Hamman DD. 2000. Rheological and physicochemical properties of starches from moist and dry-type sweetpotato. Journal of Agriculture Food Chemistry 48: 2937-2942.
- Wang H, Yang Q, Gao L, Gong X, Qu Y, Feng B. 2020. Functional and physicochemical properties of flours and starches from different tuber crops. International journal of biological macromolecules 148: 324-332.
- Wei S, Lu G, Cao H. 2017. Effects of cooking methods on starch and sugar composition of sweet potato storage roots. PLoS ONE 12(8): e0182604.
- Woolfe JA. 1992. Sweet potato: an untapped food resource. Cambridge University Press. Cambridge. 643 p.

- Yoon H, No J, Kim W, Shin M. 2018. Textural character of sweet potato root of Korean cultivars in relation to chemical constituents and their properties. *Food science and biotechnology* 27(6): 1627-1637.
- Zhu F, Wang S. 2014. Physicochemical properties, molecular structure, and uses of sweetpotato starch. *Trends in Food Science & Technology* 36(2): 68-78.
- Zhu F, Sun J. 2019. Physicochemical and sensory properties of steamed bread fortified with purple sweet potato flour. *Food Bioscience* 30: 100411 (38 pp).
- Zulkifli NA, Nor MZM, Omar FN, Sulaiman A, Mokhtar MN. 2021. Proximate composition of Malaysian local sweet potatoes. *Food Research* 5 (Suppl. 1): 73 – 79.
-

Performance of Agronomic Characters of Soybean Lines Derived from Different Crossing

Keragaan Karakter Agronomi Galur-galur Kedelai dari Beberapa Persilangan Berbeda

Purwanto, Sutrisno, Heru Kuswantoro

Research Center for Food Crops, Research Organization for Agriculture and Food
National Research and Innovation Agency, Cibinong Science Center-Botanical Garden
Jl. Raya Jakarta-Bogor Km. 46 Cibinong, Bogor Regency, 16911
*E-mail: purwantorosp@gmail.com

NASKAH DITERIMA 10 JUNI 2022 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 20 DESEMBER 2022

ABSTRACT

High productivity has always been a top priority in current soybean plant breeding activities. The availability of high yielding varieties would considerably increase the national soybean production and have a positive impact on farmers' income and welfare. This study aimed to evaluate selected soybean characters supporting high yield in several genotype crosses. The study was conducted in 2017 using 26 soybean lines derived from crosses among different parents. A randomized block design was used with three replications. The results showed that the soybean lines tested showed differences in days to flowering, days to maturity, plant height, number of branches per plant, number of productive nodes per plant, number of filled pods per plant, 100-seed weight, and seed yield per plot. The lines with the same days to maturity were related to selection process. Seed yield was significantly correlated with the number of productive nodes per plant, and the number of filled pods per plant. The parent of the cross had an effect on the grouping. There were two major groups with Tgm/Anj-773 as a separate group. The highest number of filled pod was achieved by Grb/Lwt-17, while the highest seed yield was noted in Tgm/Anj-773. In addition to the highest seed yield, Tgm/Anj-773 also had early days to flowering, as well as many number of branches, productive nodes and filled pods, thus this genotype is promising to be released as a variety with high yield potential.

Keywords: clustering, crossing, genotypic correlation, phenotypic correlation, soybean

ABSTRAK

Produktivitas tinggi selalu menjadi prioritas utama dalam kegiatan pemuliaan tanaman kedelai saat ini. Dengan diperolehnya varietas unggul maka peluang peningkatan produksi kedelai nasional dapat dicapai, dan hal ini akan berdampak positif terhadap pendapatan dan kesejahteraan petani. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi beberapa karakter terpilih yang mendukung hasil tinggi pada beberapa genotipe hasil persilangan. Penelitian dilakukan pada tahun 2017 menggunakan 26 galur kedelai yang berasal dari persilangan antar tetua yang berbeda. Penelitian menggunakan rancangan acak kelompok dengan tiga ulangan. Hasil penelitian menunjukkan bahwa galur-galur yang diuji menunjukkan

perbedaan umur berbunga, umur masak, tinggi tanaman, jumlah cabang per tanaman, jumlah buku produktif per tanaman, jumlah polong isi per tanaman, bobot 100 biji, dan hasil biji per tanaman. Galur dengan umur masak yang sama terjadi karena proses seleksi. Hasil biji berkorelasi nyata dengan jumlah buku per tanaman, dan jumlah polong isi per tanaman. Tetua persilangan memiliki pengaruh pada pengelompokan. Ada dua kelompok besar dengan Tgm/Anj-773 sebagai kelompok yang terpisah. Jumlah polong isi tertinggi dicapai oleh Grb/Lwt-17, sedangkan hasil biji tertinggi dicapai oleh Tgm/Anj-773. Selain hasil biji tertinggi, Tgm/Anj-773 juga memiliki umur berbunga genjah, jumlah cabang, buku subur dan polong isi yang banyak, sehingga berpeluang untuk dilepas sebagai varietas dengan potensi hasil tinggi.

Kata kunci: kedelai, korelasi fenotipik, korelasi genotipik, persilangan, pengelompokan

INTRODUCTION

High productivity has always been a top priority in current soybean breeding activities. By obtaining high yielding varieties, an increase in national soybean production can be achieved, and this will have a positive impact on farmers' income and welfare. The acquisition of high productivity soybean varieties can be done through crosses of soybean varieties that have superior traits and wide genetic variation (Jhilick *et al.* 2022). Therefore, the potential for achieving the combination of desired genetic traits is higher.

The characteristics of high yields are actually controlled by many factors, such as genetic and environmental factors, and the interaction between these two factors, making it difficult to determine the determinants of the yield. From a genetic point of view, the high yielding capacity of a variety is controlled by many genes. The selection of candidate varieties of soybeans with high yields needs to be studied more deeply on the single characteristic that is more dominant in controlling it. Approach

to the selection process of high yielding varieties can be done by observing the supporting factors of plant yields, especially vegetative and generative characters (Zhou *et al.* 2011). Some of the characters that support high productivity include plant height, number of pods per plant, number of seeds per pod, and seed size (Brensha *et al.* 2017). However, superior characters are rarely gathered in one variety (Eskandari *et al.* 2013, Silva *et al.* 2015). Plants that have large seed characters sometimes have a small number of seeds (Kuswantoro *et al.* 2021).

Identification of a single determinant of soybean yield can be done by classifying or grouping certain characters that are more dominant in determining high yields. Grouping was carried out on various lines resulting from crosses from parents with certain characters and then related them to the yields obtained (Vu *et al.* 2013). Certain characters that most dominantly affect yields can be determined as the dominant characters determining high yields (Malek *et al.* 2014). Several crosses between two lines or varieties have been carried out to combine unique traits that are thought to be associated with

high yields. This study aims to evaluate several selected characters supporting high yields in several lines crosses.

MATERIALS AND METHODS

Twenty-six soybean lines were used as the plant materials. The 26 soybean lines were derived from crosses among different parents (Table 1). These parents were germplasms collection of Indonesian Legume and Tuber Crops Research Institute (ILETRI). Those 26 soybean lines were grown in 2017 at Ngale Agricultural Technology Research and Assessment Installation (7°24'23.43" S 111°22'22.83" E with Vertisols soil type and 83 m above sea level).

The experiment used a randomized complete block design with three replicates. Each line was planted in two rows of three meters per row. The planting space was 40 cm x 15 cm with two plants per hill. The plants were fertilized using 75 kg/ha Urea, 100 kg/ha SP36, and 75 kg/ha KCl. To prevent seedling flies, 12.5 g carbosulfan was applied to every 1 kg seed. Weed controls were carried out at three, six, and nine weeks following planting.

Table 1. The 26 soybean lines derived from crosses among different parents

Code	Line	Crossing
G1	Anj/MLGG 0511-20	Anjasmoro x MLGG 0511
G2	Anj/MLGG 0511-29	Anjasmoro x MLGG 0511
G3	Brg/MLGG 0511-29	Burangrang x MLGG 0511
G4	Brg/Myp-14	Burangrang x Menyapa
G5	Brg/Myp-3	Burangrang x Menyapa
G6	Grb/Lwt-12	Grobogan x Lawit
G7	Grb/Lwt-17	Grobogan x Lawit
G8	Grb/Lwt-22	Grobogan x Lawit
G9	Grb/Myp-65	Grobogan x Lawit
G10	Mlbr/MLGG 0927-15	Malabar x MLGG 0927
G11	Sby/Pdm-651	Sibayak x Panderman
G12	Snb/MLGG 1087-147-2-2	Sinabung x MLGG 1087
G13	Snb/ MLGG 1087-147-2-7	Sinabung x MLGG 1087
G14	Snb/ MLGG 1087-148-2-1	Sinabung x MLGG 1087
G15	Snb/ MLGG 1087-148-2-10	Sinabung x MLGG 1087
G16	Snb/ MLGG 1087-148-2-3	Sinabung x MLGG 1087
G17	Snb/ MLGG 1087-210-1-1	Sinabung x MLGG 1087
G18	Snb/ MLGG 1087-210-4-12	Sinabung x MLGG 1087
G19	Tgm/Anj-743	Tanggamus x Anjasmoro
G20	Tgm/Anj-744	Tanggamus x Anjasmoro
G21	Tgm/Anj-773	Tanggamus x Anjasmoro
G22	Tgm/Anj-778	Tanggamus x Anjasmoro
G23	Tgm/Anj-871	Tanggamus x Anjasmoro
G24	Tgm/Anj-908	Tanggamus x Anjasmoro
G25	Tgm/Brg-558	Tanggamus x Burangrang
G26	Tgm/Brg-599	Tanggamus x Burangrang

The observation was conducted on days to flowering (DTF), days to maturity (DTM), duration of reproductive phase (DUR), plant height (HGT), number of branches per plant (BRC), number of productive nodes per plant (NOD), number of filled pods per plant (POF), number of unfilled pods per plant (POU), 100 seeds weight (SEW), and seed yield per plot (YLD). The data were analyzed using PKBT-STAT 3.1, and a dendrogram was done using Minitab 14. The phenotypic and genotypic correlations were estimated based on Singh and Chaudary (1985), and the significance was determined according to Dabi *et al.* (2016).

RESULTS AND DISCUSSION

The analysis of variance showed that all characters were significantly different (Table 2). It indicates that the genotypes were significantly different in all observed characters. Thus there is a variability of lines tested based on these characters. The variability of crosses, which is the genetic background of the tested lines, is thought to affect this significance.

Days to flowering had an average of 35 days with a range of 34-37 days. The earliest days to flowering was reached by Tgm/Anj-773, followed by Brg/Myp-14, Brg/Myp-3 and Snb/ MLGG 1087-148-2-1 (Figure 1). The lines with the longest days to flowering were achieved by Grb/Lwt-12 and Grb/Lwt-17. Soybean development towards early maturity is important because it can prevent plants from pests and environmental stresses. The line with the longest days to flowering was achieved by a line from Grobogan and Lawit crossing. In these lines, the days to flowering come from Lawit. Crosses Tanggamus x Anjasmoro resulted in various days to flowering.

Table 2. Analysis of variance of agronomic characters

Characters	MS Replication	MS Genotype	MS Error
DTF	12.17**	2.87**	0.53
DTM	17.23*	19.07**	5.28
DUR	42.63**	15.10**	6.03
HGT	236.75**	74.07**	19.62
BRC	0.39	1.05**	0.44
NOD	0.73	1.29**	0.55
POF	39.74	177.15**	49.25
POU	0.65*	0.46**	0.20
SEW	1.06	6.26**	1.68
YLD	0.25	0.53**	0.21

* = significant at 0.05, ** = significant at 0.01, DTF = days to flowering, DTM = days to maturity, DUR = duration of reproductive phase, HGT = plant height (cm), BRC = number of branches per plant, NOD = number of productive nodes per plant, POF = number of filled pods per plant, POU = number of unfilled pods per plant, SEW = 100 seeds weight (g), YLD = seed yield per plot (t/ha)

It seems that Tanggamus has earlier days to flowering than Anjasmoro because the lines with Anjasmoro as female parental cross (Anj/MLGG 0511-20 and Anj/MLGG 0511-29) had longer days to flowering. Days to flowering in this study is equivalent to the experiment of Kuswantoro *et al.* (2020). Differences in altitude affect flowering days, whereas higher places with lower temperatures resulted in longer days to flowering (Abugalieva 2016).

Days to maturity ranged from 77-85 days, with an average of 79 days. In general, the tested lines had early days to maturity. There were 17 lines with 77 days to maturity (Figure 2). These lines had the potential to be released as new superior varieties of early maturing soybean. However, it

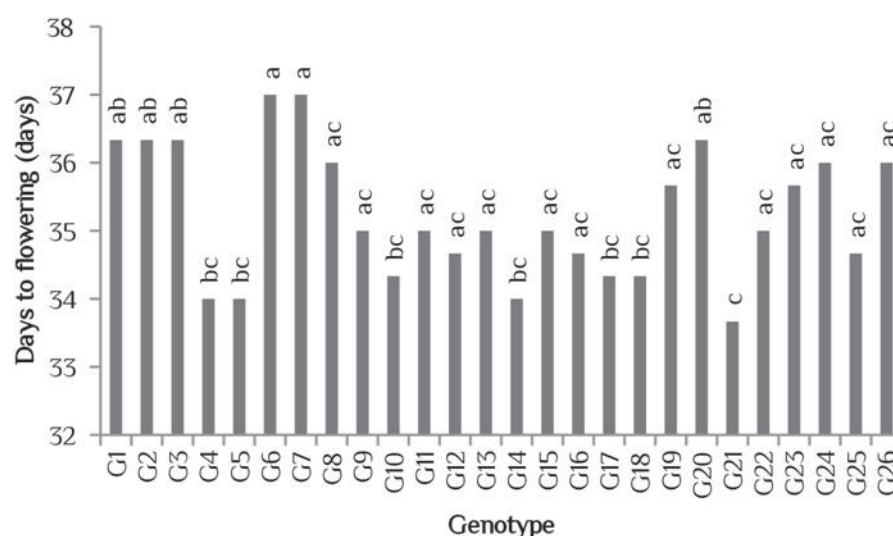


Figure 1. Days to flowering of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

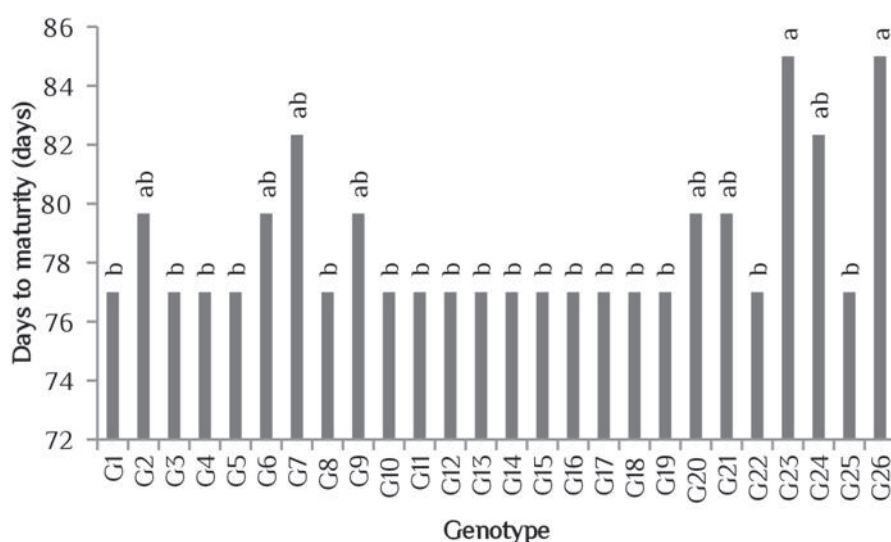


Figure 2. Days to maturity of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

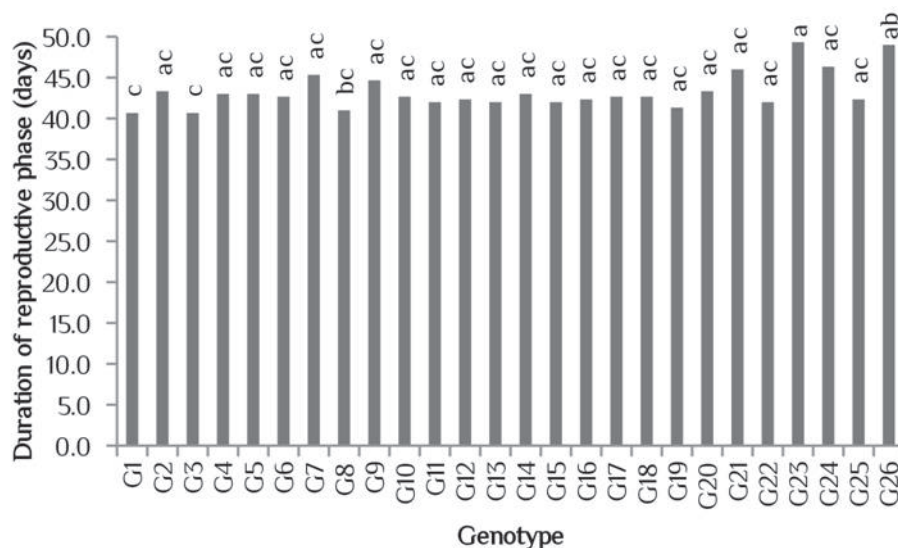


Figure 3. Duration of reproductive phase of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

seemed that environmental conditions such as were more influential than genetic factors, water conditions and soil type. The water availability was low, and the Vertisols was easy to crack when the soil water content was low. The line with the longest days to flowering did not show the longest days to maturity (Figure 2). Lines with the longest days to maturity generally came from crosses between Tanggamus and Anjasmoro. The days to maturity in this study were longer than those of Kuswanto *et al.* (2020), which used different crossbreeds where Korean varieties caused early days to flowering. The altitude or temperature of planting site affects days to maturity (Abugalieva 2016; Kuswanto *et al.* 2017).

The reproductive duration of soybean lines varied from 40.7-49.3 days (Figure 3). The lines with the shortest reproductive duration were Anj/MLGG

0511-20 and Brg/MLGG 0511-29. It is suspected that the short duration came from male parent MLGG 0511. The line with the longest reproductive duration was Tgm/Anj-871 followed by Tgm/Brg-599. The reproductive phase in this study is almost the same as Kuswanto *et al.* (2014) which reached 39-56 days, where Argomulyo and Anjasmoro reached 45 days. Reproductive duration allows soybeans to develop the reproductive organs, namely pods and seeds. He *et al.* (2018) states a correlation between growth period and plant height, pods per plant, pod length. However, in this study, there was no correlation between reproductive duration and other characters (Table 3).

Plant height (HGT) ranged from 52.8-72.0 cm with a mean of 59.1 cm. The highest HGT was

achieved by Brg/Myp-3 followed by Tgm/Anj-908 and Tgm/Anj-744, while the shortest was achieved by Tgm/Anj-743, followed by Mlbr/MLGG 0927-15 and Brg/Myp-14 (Figure 4). Plant height is very important because taller plants are easier to lodge, while the shorter plant may be resulted from waterlogging by the presence of heavy rains. Plant height in Brg/Myp-3 was more influenced by Menyapa, while at G20 (Tgm/Anj 744) it was influenced by Tanggamus and Anjasmoro. However, environmental factors can significantly affect plant height, because Tgm/Anj-743 which is the result of a cross between Tanggamus and Anjasmoro, shows the shortest plant height. In Mlbr/MLGG 0927-15 and Brg/Myp-14, plant height was more influenced by genetic factors, as Malabar and Burangrang are soybean varieties with relatively short plant figures. The plant height of this study was higher than that of Kuswanto *et al.* (2017a) and Kuswanto *et al.* (2020). The Tgm/Anj cross gave different plant heights at other locations (Kuswanto *et al.* 2017b).

The number of branches ranged from 1.9 to 4.5 with an average of 3.3 (Figure 5). Based on the characteristics of the parents, the Tanggamus and Anjasmoro lineage had more branches than that of Tanggamus but were still lower than Anjasmoro. The number of branches of the Tanggamus variety is between 3-4 while Anjasmoro

has 4-6 branches (Iletri 2016). These results indicate that male parents may control the number of branches in these lines because differences in male parents appear to significantly affect differences in the number of branches of the lineages. The mean of number of branches in the Tanggamus/Anjasmoro lineages in this study was higher than that reported by Kuswanto *et al.* (2014) but lower than Kuswanto *et al.* (2017b). The number of branches in the crosses between Grobogan/Lawit and Burangrang/Menyapa or Burangrang/MLGG 0927-11 also seems to be controlled by the male parent because there is a quite significant variation when the female parent is crossed with different male parents. Other conditions occurred in the lines with Sinabung as a female parent with relatively the same branches even though using different male parents. In the Sinabung lineage, the number of branches may be controlled by the female parent.

The number of productive nodes was relatively homogeneous in all tested lines, with variations between 8-10 nodes per plant (Figure 6). The highest number of productive nodes was produced by the Brg/Myp-3 line, while the least number was produced by the Anj/MLGG 0511-29 and Brg/Myp14 lines. The different parents, both male and female, seemed to produce relatively the same number of productive nodes. The Brg/Myp-3 and Brg/Myp-14 lines had

Table 3. Phenotypic and genotypic correlations among agronomic characters

	DTM	DUR	HGT	BRC	NOD	POF	POU	SEW	YLD
DTF	0.297	-0.070	0.110	-0.190	-0.057	0.337	0.337	-0.326	0.196
	0.621	0.257	0.343	-0.455	-0.078	0.624	0.670	-0.450	0.355
DTM		0.932**	0.095	-0.034	-0.017	0.053	0.057	0.023	0.062
		0.917*	0.382	-0.097	-0.020	0.130	0.197	0.023	0.167
DUR			0.057	-0.055	-0.013	0.023	0.029	0.052	0.047
			0.296	-0.263	-0.013	0.080	0.153	0.091	0.159
HGT				-0.140	0.304	0.059	0.003	-0.033	0.066
				-0.426	0.473	0.087	0.017	-0.094	0.097
BRC					0.617**	0.432*	0.036	0.001	0.036
					0.482	-0.001	0.117	-0.021	0.027
NOD						0.628**	0.037	-0.067	0.433*
						0.636	0.074	-0.208	0.494
POF							0.287	-0.080	0.683**
							0.742	-0.184	0.785
POU								-0.025	0.281
								-0.192	0.534
SEW									0.016
									-0.019

Upper = phenotypic correlation, Lower = genotypic correlation, * = significant at 0.05, ** = significant at 0.01, DTF = days to flowering, DTM = days to maturity, DUR = duration of reproductive phase, HGT = plant height (cm), BRC = number of branches per plant, NOD = number of productive nodes per plant, POF = number of filled pods per plant, POU = number of unfilled pods per plant, SEW = 100 seeds weight (g), YLD = seed yield per plot (t/ha)

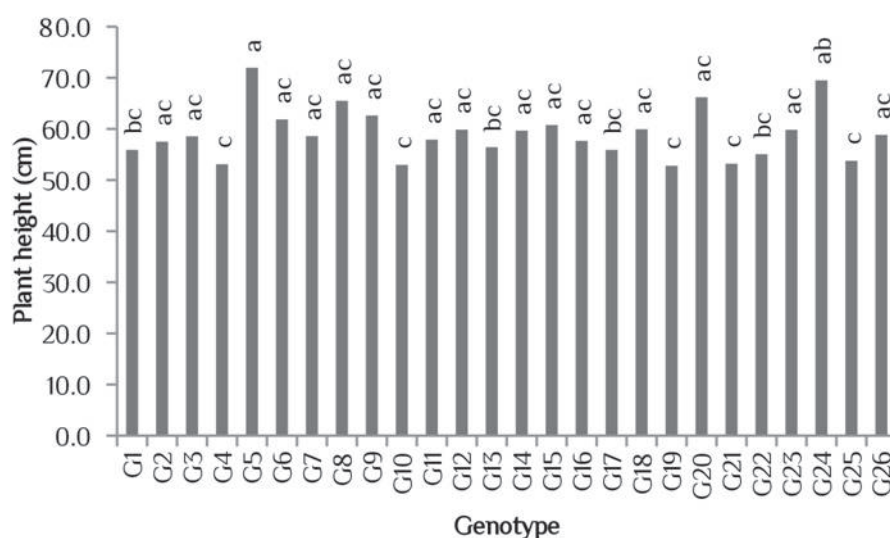


Figure 4. Plant height of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

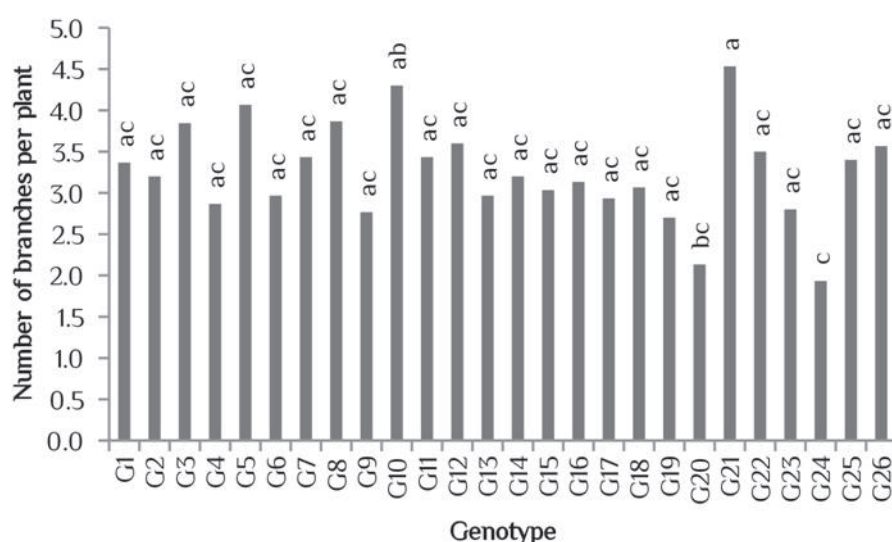


Figure 5. Number of branches of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

a different number of productive nodes even though the parents are the same. It happens because Brg/Myp-3 had characteristic similar to Menyapa with many productive nodes (Artari and Kuswanto 2017), while Brg/Myp-14 was similar to Burangrang with a few productive nodes (Iletri 2016).

The number of filled pods was significantly different among the tested lines, with the highest number of filled pods achieved by Grb/Lwt-17 which reached 55 pods, followed by Anj/MLGG 0511-20 with 52 pods (Figure 7). The lowest number of pods was achieved by Tgm/Brg-558 with 26 pods followed by Brg/Myp-14 with 28 pods. It is suspected that the small number of filled pods is caused by the female parent of Burangrang because Burangrang has large seeds. In general, large-seeded

soybeans have fewer filled pods than small or medium-seeded soybeans. Badiaraja *et al.* (2021) reported a maternal effect on the number of filled pods. The number of filled pods with Sinabung/MLGG 1087 crosses in this study was lower than the study of Artari and Kuswanto (2017). This is due to the different growing seasons, so that the availability of water during the study was lower than that in the study of Artari and Kuswanto (2017).

The least number of unfilled pods was achieved by Snb/MLGG 1087-210-1-1 followed by Snb/MLGG 1087-147-2-7. These two lines came from the same parent, namely Sinabung and MLGG 1087. The highest number of unfilled pods was achieved by Tgm/Brg-599 and Brg/MLGG 0511-29 (Figure 8). It is suspected that many unfilled pods

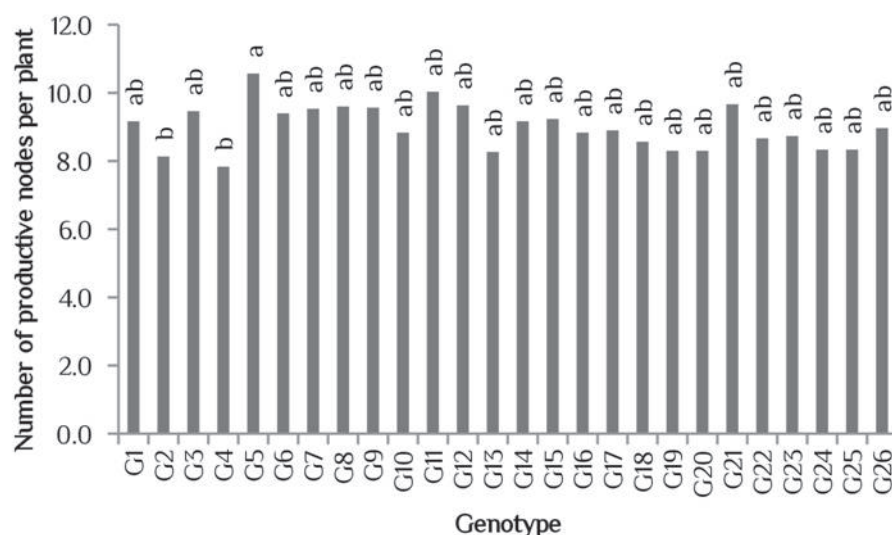


Figure 6. Number of productive nodes of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

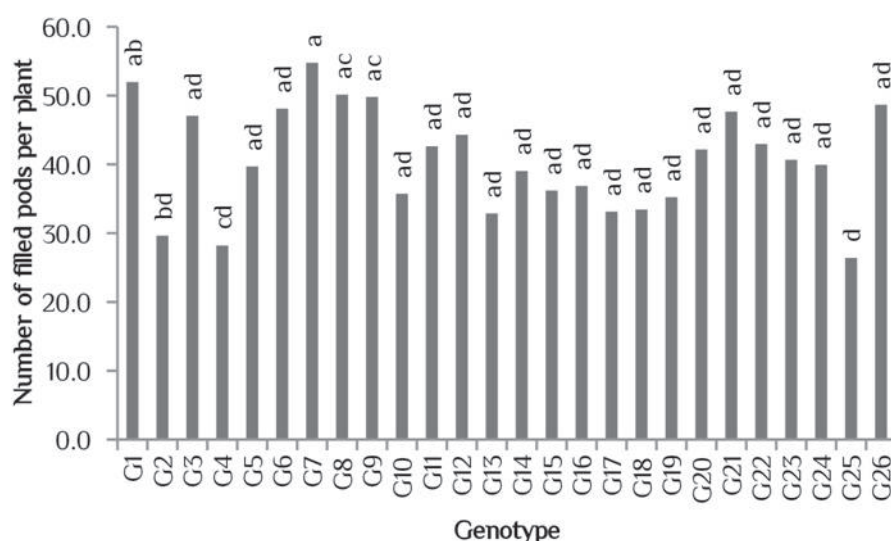


Figure 7. Number of filled pods of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

were produced by the parent of Burangrang because one of the parents of Brg/MLGG 0511-29 and Tgm/Brg-599 was Burangrang. Badiaraja *et al.* (2021) reported no maternal effect on the number of unfilled pods. The number of unfilled pods in this study was less than study of Kharel and Singh (2019), which reached eight pods. The unfilled pod was positively correlated with Cd and Zn content (Pirdashti 2017). The number of unfilled pods can also be caused by pod-sucking pests that reach an average of 44 pods (Kuswanto *et al.* 2019).

Seed size was measured based on SEW. The largest SEW was achieved by Mlbr/MLGG 0927-15 followed by Brg/Myp-14, while Grb/Lwt-17 followed by Grb/Lwt-12 achieved the smallest SEW. The average SEW is 12.68 g with a range of 9.87-

15.78 g (Figure 9). In general, the size of seeds is classified as medium, and only Mlbr/MLGG 0927-15 has a large seed size. Malabar is a large-seeded soybean variety so that its Mlbr/MLGG 0927-15 was also large-seeded. In contrast, Grb/Lwt-17 and Grb/Lwt-12 were similar to the parent of Lawit, who has small seeds. Crosses with small-seeded parents generally produce small seeds. Therefore, even though Grobogan is a parent with large seeds, because Lawit has small seeds, the descendants produce mostly small seeds. Badiaraja *et al.* (2021) also reported a maternal effect on seed size. Besides genetic factors, the environments such as low concentrations of Cd and Fe (Pirdashti 2017) and soil water availability (Wei *et al.* 2018; Wijewardana *et al.* 2019) may increase the seed sizes.

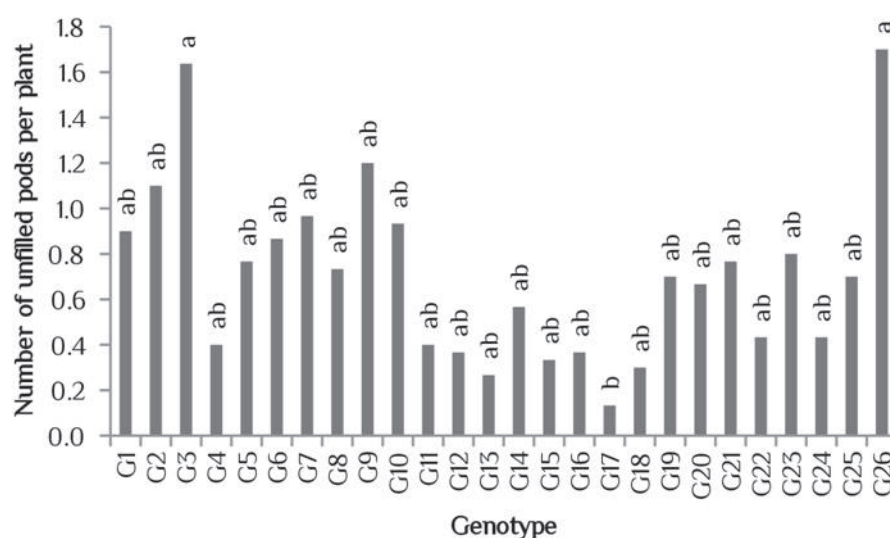


Figure 8. Number of unfilled pods of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

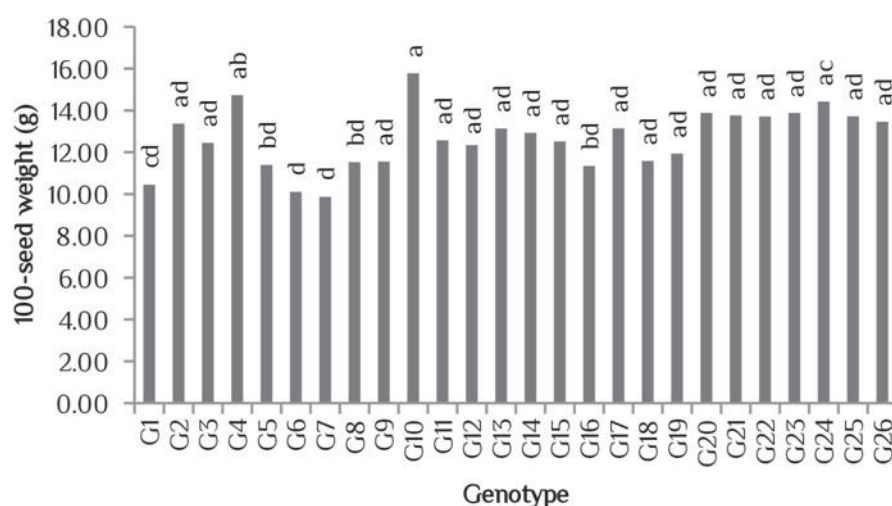


Figure 9. 100-seed weight of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

Seed yield ranged from 1.23-2.96 t/ha with a mean of 2.26 t/ha. The highest YLDs were achieved by Tgm/Anj-773 and Tgm/Anj-744 (Figure 10). These two lines are lines that come from the same cross. The lowest YLD was achieved by Tgm/Brg-558. The line with the highest YLD Tgm/Anj-773 and Tgm/Anj-744 was the progeny of a cross between Tanggamus and Anjasmoro. Tanggamus originated from a cross of Kerinci x No. 3911, while Anjasmoro was introduction variety from Mansuria. Therefore, there is no kinship between Tanggamus and Anjasmoro. The background of the cross is different from the two previous lines, so that Tgm/Brg-558 did not show a high YLD. Genetic and environmental factors may affect Tgm/Brg-558. At higher temperatures, the yield is also higher (Abugalieva 2016). Increased of soil water availability also increases seed yield (Wei *et al.* 2018;

Wijewardana *et al.* 2019). Nutrient content also affects seed yield (Taliman *et al.* 2019).

Significant phenotypic correlations were shown by DTM with DUR, BRC with NOD and POF, NOD with POF and YLD, and POF with the YLD. However, the genotypic correlation was only shown by DTM with DUR (Table 3). The significance of phenotypic and genotypic correlation suggest that these DTF had no effect on DTM. The DTM was more affected by the DUR. The significance of phenotypic correlation between YLD and NOD and POF suggest that YLD depend on NOD and POF. Balla and Ibrahim (2017) reported that YLD was correlated with number of pods. Mustofa *et al.* (2021) also stated that NOD was correlated with YLD. The direct effect of NOD on seed YLD was reported by Kumagai and Takahashi (2020). The correlation of YLD with NOD may be influenced

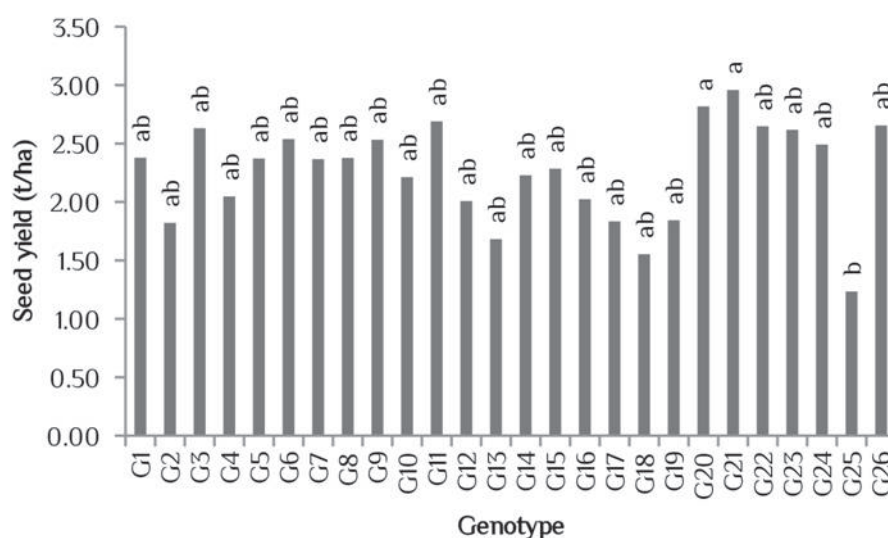


Figure 10. Seed yield of soybean lines. The bars followed by the same letter were not significantly different at α 0.05.

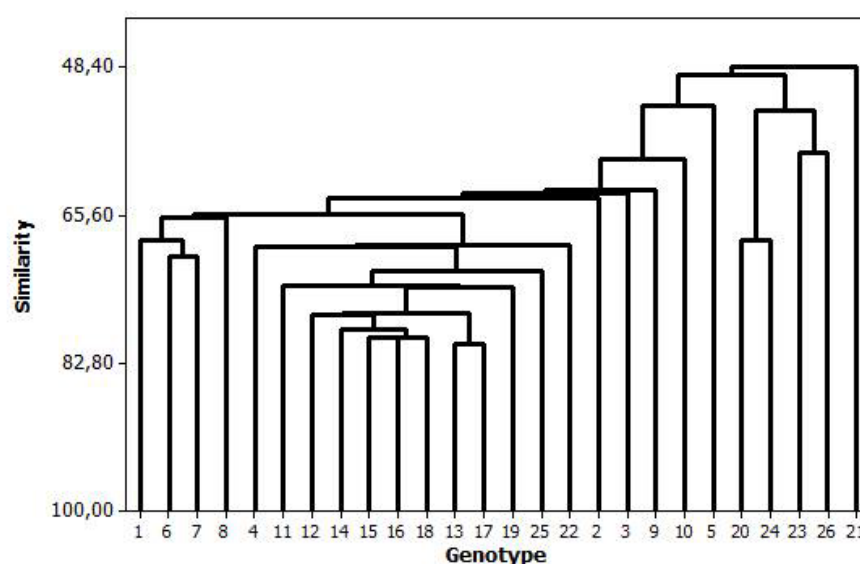


Figure 11. Dendrogram of soybean lines based on the agronomic characters

by the correlation of POF with NOD (Table 3). The indirect effect of NOD through POF was also reported by Mustofa (2021). The more NOD, the more POF. Mathematically, POF and SEW are the main components that affect YLD, but POF is often negatively correlated with SEW. Machado *et al.* (2017) and Mofokeng and Mashingaidze (2018) also reported a correlation between YLD and total pods. In this study, the genotypic correlation was only shown by DTM with DUR. With different plant materials, Kuswantoro *et al.* (2021) reported significant genotypic correlations between HGT and NOD, BRC and POF, and NOD and SEW. With the same plant materials, Balla and Ibrahim (2017) reported inconsistent genotypic correlation in two planting seasons. It suggest that the plant materials and environments affect genotypic correlation.

Based on Figure 11, there were two major groups.

The first group consisted of 25 lines, while the second group consisted of one line where Tgm/Anj-773 differed from the other 25 lines. Thus, Tgm/Anj-773 had a different character scale from the others, namely high seed yield, early flowering age, and higher number of branches, reproductive nodes, and pods. In another group with 25 members, this group was further divided into two smaller groups. The first group consisted of 21 lines, and the second group consisted of four lines. The group consisting of four lines had higher DTM, DUR, HGT, POF, SEW, and YLD than the group consisting of 21 lines. The grouping of lines is influenced by the character values of each line (Badiaraja *et al.* 2021b; Kuswantoro *et al.* 2020), and individuals in a group have similarities (Leite *et al.* 2018). Thus, the selection of a genotype in a particular group has implications for the selection

of a line with characteristics in that group.

CONCLUSION

All of the observed characteristics differed between the tested lines. The preceding selection resulted in a high number of lines with the same days to maturity. The number of productive nodes and pods were all found to be strongly correlated with seed yield per plot (t/ha). The parent had an impact on the grouping of the offsprings. Tgm/Anj-773 was a different group from the other two big groups. Tgm/Anj-773 had high seed yield, early flowering age, as well as many branches, productive nodes, and filled pods. Therefore, Tgm/Anj-773 can be used as a gene source with good agronomy characteristics and can be released as a superior variety after further assessment.

REFERENCES

- Abugalieva S, Didorenko S, Anuarbek S, Volkova L, Gerasimova Y, Sidorik I, Turuspekov Y. 2016. Assessment of soybean flowering and seed maturation time in different latitude regions of Kazakhstan. *PLoS ONE* 11(12): e0166894.
- Artari R, Kuswantoro H. 2017. Karakter Agronomis Galur-galur Kedelai Generasi Lanjut. pp. 114-119. In: Agustina Asri Rahmianna, Didik Harnowo, Sholihin, Novita Nugrahaeni, Abdullah Taufiq, Suharsono, Eriyanto Yusnawan, Erliana Ginting, Fahrur Rozi, Hermanto. Inovasi Teknologi Lahan Suboptimal untuk Pengembangan Tanaman Aneka Kacang dan Umbi Mendukung Pencapaian Kedaulatan Pangan. Prosiding Seminar Hasil Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi 2016.
- Badiaraja PH, Zubaidah S, Kuswantoro H. 2021. Maternal effect of agronomic and morphological characters on cluster structure of F3 soybean lines. *Biodiversitas* 22: 969-982.
- Badiaraja PH, Zubaidah S, Kuswantoro H. 2021. Population structure of F3 soybean lines based on agronomic characters. *AIP Conference Proceedings* 2353, 030105.
- Balla MY, Ibrahim SE. 2017. Genotypic Correlation and Path Coefficient Analysis of Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] for Yield and Its Components. *Agri Res & Tech*: 7(3): 555715.
- Brensha, Williams, Stella K. Kantartzi, Meksem K, Robert L. Grier IV, Barakat A, Lightfoot DA, Kassem MA. 2017. Genetic analysis of root and shoot traits in the 'Essex' by 'Forrest' recombinant inbred line (RIL) population of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Plant Genetics, Genomics, and Biotechnology* 1(1):1-9.
- Dabi A, Mkebib F, Desalegen T. 2016. Estimation of genetic and phenotypic correlation coefficient and path analysis of yield and yield contributing of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *International Journal of Natural Resource Ecology and Management*. 1(4): 145-154.
- Eskandari, Mehrzad, Elroy R. Cober, Rajcan I. 2013. Genetic control of soybean seed oil: i. QTL and genes associated with seed oil concentration in RIL populations derived from crossing moderately high-oil parents. *Theoretical and Applied Genetics* 126(2): 483-95.
- He LY, Yin CJ, Huang SC, He QY, Shu YJ. 2018. Correlation, clustering and principal component analysis of primary agronomic traits of vegetable soybean. *Acta Agriculturae Zhejiangensis* 30(1): 50-57.
- Iletri. 2016. Description of Varieties of Legumes and Tubers. Indonesian Legume and Tuber Crops Research Institute, Malang. [Indonesian]. <https://balitkabi.litbang.pertanian.go.id/wp-content/uploads/2016/09/kedelai.pdf>.
- Jhilick B, Shrivastava MK, Amrate P K, Singh Y, Upadhyay A, Soni M. 2022. Genetic variability and association of yield contributing traits in advanced breeding lines of soybean. *Electronic Journal of Plant Breeding* 13(2): 597-607.
- Kharel B, Singh PK. 2019. Identification of promising soybean genotypes for hill region in Khumaltar condition. *Nepalese Journal of Agricultural Sciences* 18: 23-28.
- Kumagai E, Takahashi T. 2020. Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) Yield Reduction due to Late Sowing as a Function of Radiation Interception and Use in a Cool Region of Northern Japan. *Agronomy* 10(1):66.
- Kuswantoro H, Adie MM, Putri PH. 2021. Genetic variability, heritability, and genotypic correlation of soybean agronomic characters. *Buletin Palawija* 19(2): 117-125.
- Kuswantoro H, Artari R, Iswanto R, Imani H. 2020. Family structure of F5 soybeans lines derived from soybean varieties with the main differences in seed size and maturity traits. *Biodiversitas* 21: 2576-2585.
- Kuswantoro H, Ginting E, Utomo JS, Yusnawan E. 2019. Performance of agronomical and seed biochemical traits of soybean genotypes in relation to their tolerance to and preference by *Nezara viridula*. *Biodiversitas* 20: 356-363.
- Kuswantoro H, Indriani FC, Patriawaty NR, Sulisty A, Han WY, Lee PY, Cho YH, Baek IY. 2014. Performance of acid-adaptive soybean expected lines in South Lampung, Indonesia. *Agrivita* 36(2): 153-159.
- Kuswantoro H, Suharsono, Widodo Y, Tahir Y, Soetajan W, Tarigan M, Candradijaya A. 2017a. Effect of soil

- tillage and adaptability of Argomulyo and Burangrang varieties in Madagascar dry season with cold temperature. *Agrivita* 39(1): 11-20.
- Kuswantoro H, Sutrisno, Han WY, Lee PY, Cho YH, Baek IY. 2014. performance of Korean soybean varieties in Indonesia. *Korean J. Int. Agric.* 26(2): 107-113.
- Kuswantoro H, Sutrisno, Supeno A. 2017b. Agronomic performance of the potential soybean lines on two acidic dry land agroecology. *J. Agron. Indonesia*. 45(1):23-29
- Leite WdS, Unêda-Trevisoli SH, da Silva FM, da Silva AJ, Mauro AOD. 2018. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection. *Revista Ciência Agronômica* 49(3): 491-500.
- Machado BQV, Nogueira APO, Hamawaki OT, Rezende GF, Jorge GL, Silveira IC, Medeiros LA, Hamawaki RL, Hamawaki CDL. 2017. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. *Genet.Mol.Res.* 16(2): gmr16029696
- Malek MA, Rafii MY, Afroz MSS, Nath UK, Mondal MMA. 2014. Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association, and divergence in soybean mutants. *The Scientific World Journal* 2014:1-12.
- Mofokeng MA, Mashingaidze K. 2018. Genetic differentiation of ARC Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] accessions based on agronomic and nutritional quality traits. *Agriculture and Food Sciences Research* 5(1): 6-22.
- Mustofa A, Zubaidah S, Kuswantoro H. 2021. Correlation and path analysis on yield and yield components in segregating populations. *AIP Conference Proceedings* 2353, 030030 (2021)
- Pirdashti, H. 2017. Determining the spatial distribution of some heavy metals and their effects on soybean yield at Sari Region. [Abstract]. *Journal of Environmental Science and Technology*
- Silva AF, Sediya T, Silva FCS, Bezerra ARG, Ferreira LV. 2015. Correlation and path analysis of soybean yield components. *International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences* 5(1): 177-179.
- Taliman NA, Dong Q, Echigo K, Raboy V, Saneoka H. 2019. Effect of phosphorus fertilization on the growth, photosynthesis, nitrogen fixation, mineral accumulation, seed yield, and seed quality of a soybean low-phytate line. *Plants*. 8(5):119.
- Vu VD, Baek KH, Nghia LT, Park. 2013. Characterizing morphological traits and estimating genetic relationship for intermediate soybean collected from South Korea. *Plant Breeding* 132(3):324-29.
- Wei Y, Jin J, Jiang S, Ning S, Liu L. 2018. Quantitative response of soybean development and yield to drought stress during different growth stages in the Huaibei Plain, China. *Agronomy*. 8(7): 97.
- Wijewardana C, Reddy KR, Krutz LJ, Gao W, Bellaloui N. 2019. Drought stress has transgenerational effects on soybean seed germination and seedling vigor. *PLoS ONE* 14(9): e0214977.
- Zhou R, Chen HF, Wang XZ, Wu BD, Chen SL, Zhang XJ, Wu XJ, Yang ZL, Qiu DZ, Jiang ML, Zhou XA. 2011. Analysis of QTLs for root traits at seedling stage in soybean. *Acta Agronomica Sinica* 37(7):1151-58.

Deteksi dan Distribusi Virus pada Kacang Tanah (*Arachis hypogaea* L.) di Sulawesi Selatan

*Detection and Distribution of viruses on Peanut
(Arachis hypogaea L.) in South Sulawesi*

Niken Nur Kasim, Tri Asmira Damayanti*, Sri Hendrastuti Hidayat, Sugeng Santoso

Departemen Proteksi Tanaman, Fakultas Pertanian
Institut Pertanian Bogor, Bogor, Indonesia 16680

*E-mail: triadys@apps.ipb.ac.id

NASKAH DITERIMA 27 SEPTEMBER 2022 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 20 DESEMBER 2022

ABSTRAK

Sulawesi Selatan merupakan salah satu sentra produksi kacang tanah di Indonesia. Data infeksi virus pada kacang tanah, prevalensi dan penyebarannya di Sulawesi Selatan masih terbatas. Penelitian bertujuan untuk mendapatkan informasi jenis virus, prevalensi dan sebarannya pada kacang tanah di Sulawesi Selatan. Sebanyak 747 sampel bergejala terinfeksi virus diambil dari delapan kabupaten di Provinsi Sulawesi Selatan. Frekuensi virus ditentukan secara serologi dengan metode *Dot Blot Immunobinding Assay* (DIBA) menggunakan enam antisera spesifik dan dikonfirmasi dengan *Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction* (RT-PCR). Gejala infeksi virus yang ditemukan bervariasi seperti gejala mosaik, belang (*mottle* dan *stripe*), pemucatan tulang daun, klorosis interveinal, serta klorosis dengan penebalan tulang daun disertai malformasi daun. Berdasarkan hasil DIBA menunjukkan bahwa *Bean common mosaic virus* (BCMV) dan *Cucumber mosaic virus* (CMV) merupakan virus dengan prevalensi tersebar di semua lokasi dengan frekuensi virus berturut-turut dari Kabupaten Bantaeng, Barru, Bone, Gowa, Maros, Sinjai, Soppeng dan Wajo berkisar 35–100% dan 30–100%. RT-PCR dengan primer spesifik mengonfirmasi keberadaan BCMV dan CMV, serta *Polerovirus* dari tanaman bergejala klorosis interveinal, dan klorosis dengan penebalan tulang daun disertai malformasi daun. *Bean yellow mosaic virus* (BYMV), *Peanut mottle virus* (PeMoV), *Peanut stunt virus* (PSV) dan *Soybean mosaic virus* (SMV) terdeteksi positif secara serologi, namun terdeteksi negatif dengan RT-PCR. Terdeteksinya ketiga virus yang menginfeksi tanaman kacang tanah secara alami menjadi temuan baru di Sulawesi Selatan

Kata kunci: Kacang Tanah, Klorosis, mosaik, *Polerovirus*, Sulawesi Selatan

ABSTRACT

South Sulawesi is one of the peanut producing areas in Indonesia. Data on virus infection in peanuts, its prevalence, and distribution in South Sulawesi are still limited. This research activity aimed to obtain the information related to type, prevalence and distribution of viruses infecting peanut in South Sulawesi. A total of 747 samples with virus-like symptoms were collected from eight districts in South Sulawesi Province. The

virus frequency was determined serologically by dot blot immunobinding assay (DIBA) using six specific antisera and confirmed by Reverse transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR). Virus infection induced various symptoms such as mosaic, mottle and stripe, vein clearing, chlorosis interveinal and chlorosis with green vein banding and leaf malformations. Based on serological tests, the *Bean common mosaic virus* (BCMV) and *Cucumber mosaic virus* (CMV) were detected in all locations from Bantaeng, Barru, Bone, Gowa, Maros, Sinjai, Soppeng and Wajo districts with the prevalence ranging from 35–100% and 30–100%. RT-PCR using specific primers confirmed the presence of BCMV, CMV, and *Polerovirus* from plants with symptoms of chlorosis interveinal and chlorosis with green vein banding and leaf malformations. However, *Bean yellow mosaic virus* (BYMV), *Peanut mottle virus* (PeMoV), *Peanut stunt virus* (PSV) and *Soybean mosaic virus* (SMV) were positively detected by serological test, however were negatively detected by RT-PCR. The naturally occurring of these three viruses in infected peanut plants is becoming a new finding in South Sulawesi.

Keywords: chlorosis, mosaic, peanuts, *Polerovirus*, South Sulawesi

PENDAHULUAN

Infeksi virus pada tanaman kacang tanah dapat mengakibatkan kehilangan hasil berkisar antara 10,0–74,5%, bahkan hingga puso dan menurunkan kualitas benih (Saleh dan Baliadi 2015; Ayeleke *et al.* 2018). Tingkat kehilangan hasil bergantung pada jenis dan strain virus, umur tanaman, ketahanan varietas, faktor lingkungan, serangga vektor dan epidemi penyakit disebabkan oleh virus (Saleh dan Baliadi 2015).

Sebanyak lebih dari 20 jenis virus dari famili yang berbeda dapat menginfeksi kacang tanah secara alami (Spiegel *et al.* 2008). *Cucumber Mosaic Virus* (CMV) (De Breuril *et al.* 2012), *Peanut Stripe Virus* (PStV) (Mabele *et al.* 2021), *Peanut Stunt Virus* (PSV) (Park *et al.* 2015), *Bean Common Mosaic*

Virus (BCMV) dan *Peanut Mottle Virus* (PeMoV) (Spiegel *et al.* 2008; De Breuril *et al.* 2015) dan *Peanut Bud Necrosis Virus* (PBNV) telah dilaporkan menginfeksi kacang tanah (Damayanti dan Naidu 2009a). Selain itu, *Soybean Mosaic Virus* (SMV) dan *Bean Yellow Mosaic Virus* (BYMV) (Andayanie *et al.* 2012), *Polerovirus* juga merupakan virus yang menginfeksi tanaman kacang-kacangan (Sharma *et al.* 2015; Palanga *et al.* 2016).

Di Indonesia, laporan mengenai keberadaan infeksi virus pada kacang tanah sebagian besar ada di Pulau Jawa, sedangkan di luar Jawa khususnya di Sulawesi Selatan, informasi mengenai keberadaan dan sebaran jenis virus yang menginfeksi kacang tanah masih sangat terbatas. Sulawesi Selatan merupakan salah satu daerah penghasil kacang tanah terbesar di Indonesia, namun informasi jenis virus, prevalensi dan penyebarannya belum ada. Identitas virus secara tepat merupakan kunci utama penentuan strategi pengendalian penyakit yang tepat di lapangan.

BAHAN DAN METODE

Sampel diambil dari pertanaman kacang tanah pada delapan kabupaten di Provinsi Sulawesi Selatan, yaitu Maros, Barru, Soppeng, Bone, Sinjai, Gowa, Bantaeng dan Wajo (Gambar 1). Sampel bergejala terinfeksi virus dikoleksi dengan metode *purposive sampling* dari setiap wilayah penghasil kacang tanah di Sulawesi Selatan (Sulsel) berdasarkan data realisasi dari Dinas Pertanian Sulsel tahun 2019. Setiap lokasi diambil 20-50 tanaman bergejala terinfeksi virus. Data asal benih, jenis varietas, umur tanaman, dan cara budidaya juga diambil sebagai data dukung.

Deteksi virus secara serologi dilakukan dengan metode DIBA (*Dot blot Immunobinding Assay*) mengikuti protokol yang digunakan Singh *et al.* (2020). Antiserum spesifik yang digunakan yaitu *Bean common mosaic virus*, *Peanut mottle virus*, *Soybean mosaic virus*, *Bean yellow mosaic virus*, *Cucumber mosaic virus* dan *Peanut stunt virus* (DSMZ, Jerman). Frekuensi infeksi virus (FV) selanjutnya dihitung mengikuti formula berikut:

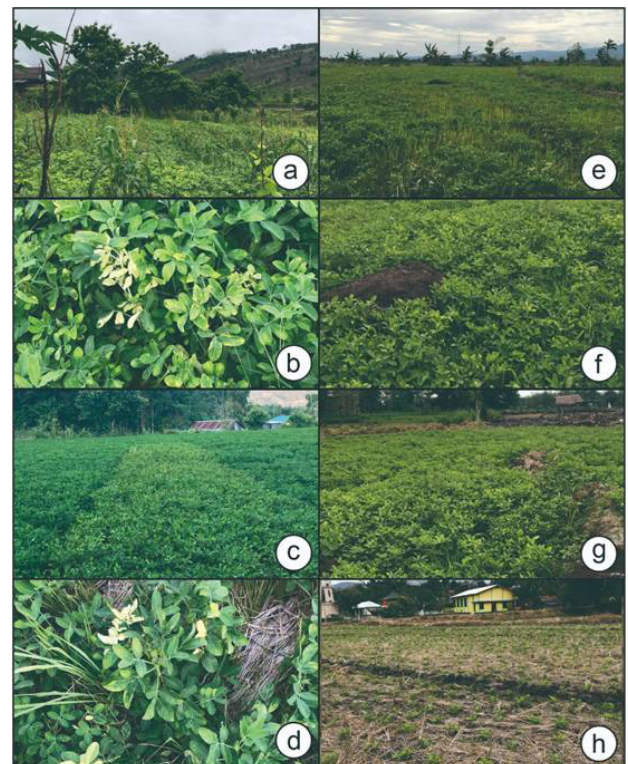
$$FV = \frac{\text{jumlah sampel yang positif terinfeksi}}{\text{jumlah sampel yang dideteksi}} \times 100 \%$$

Konfirmasi hasil deteksi serologi dilakukan dengan teknik Reverse Transcription (RT-)PCR pada sampel positif DIBA secara komposit menggunakan primer spesifik, sedangkan *Polerovirus* menggunakan primer universal (Tabel 1). Total RNA diekstraksi dari 0,1 g daun bergejala dengan metode CTAB (Doyle dan Doyle 1990). Total RNA hasil ekstraksi selanjutnya

digunakan untuk proses transkripsi balik (*reverse transcription-RT*) menjadi cDNA (*complementary DNA*). Reaksi transkripsi balik menggunakan Tetro cDNA Syntesis KIT mengikuti protokol yang direkomendasikan produsen kit (Bioline, USA). Siapan cDNA selanjutnya digunakan sebagai DNA cetakan dalam reaksi amplifikasi dengan PCR.

Amplifikasi cDNA dengan PCR menggunakan primer spesifik, volume reaksi 25 iL yang terdiri atas 2 iL cDNA, 12,5 iL premiks 2X MyTaq™ HS Red Mix (Meridian Bioscience, USA), primer *forward* dan *reverse* (10 iM iL⁻¹) masing-masing sebanyak 1 iL dan 8,5 iL *nuclease-free water*. Amplifikasi dilakukan pada *Automated Thermal Cycler* (Gene Amp PCR System 9700; PE Applied Biosystem, USA) dengan program sesuai target virus yang dideteksi (Tabel 1).

DNA produk PCR disepari pada 1% gel agarosa yang telah diberi pewarna DNA *FluoroVue* (Smobio, Taiwan) (1 iL/10 ml agarosa). Elektroforesis dilakukan dalam bufer 0.5x TBE pada tegangan 100 V selama 25 menit. Hasil elektroforesis selanjutnya divisualisasi di bawah *transilluminator ultraviolet* dan didokumentasi dengan kamera digital.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel daun pada pertanaman kacang tanah di Provinsi Sulawesi Selatan. Keterangan Kabupaten (a) Barru; (b) Maros; (c) Gowa; (d) Bantaeng; (e) Wajo; (f) Bone; (g) Sinjai; (h) Soppeng.

Tabel 1. Primer yang digunakan dalam deteksi virus menggunakan RT-PCR

Jenis Virus	Nama Primer	Runutan nukleutida	Fragmen (bp)	Rujukan
PeMoV	PeMoV 14	GCTGTGAATTGTTGTTGAGAA	327	Dietzgen <i>et al.</i> 2001
	PeMoV 17	ACAATGATGAAGTTCGTTAC		
PSV	PSV 2	CGATATACCTTTTGGGTTCA	390	Dietzgen <i>et al.</i> 2001
	PSV 5	CCGAAACTTTGACCCTTCTCAG		
SMV	CI-F	GCATTCAACTGTGCGCTTAAAGAAT	1385	Kim <i>et al.</i> 2004
	CI-R	TTGAGGCTGCAAAAATTACTCACTT		
BYMV	BYMV-pnsF	TCAGATCAAGAGCAACTCAATGCA	832	Sharma <i>et al.</i> 2015
	BYMV-pnsR	GACGGATACTCTAAATACGAACA		
CMV	AIB 1	ATGGACAAATCTGAATCAAC	650	Bhat and Siju 2007
	AIB 2	TCAAACCTGGGAGCACCC		
BCMV-PSV	PST 1	GCATGCCCTCGCCATTGCAA	234	Higgins <i>et al.</i> 2000
	PST 2	GCACACACTTCTTGGCATGG		
BCMV-B1C	BIC-cpF	TCA GGA ACT GGG CAG CCG CAA C	861	Melinda <i>et al.</i> 2015
	BIC-cpR	CTG CGG GGA ACC CAT GCC AAG		
Ploverovirus	PL4F	TGCGACAAATAGTTAATGAATACGGT	600	Correa <i>et al.</i> 2005
	O3R	GTCTACCTATTTBGRTTNTGGAA		

HASIL DAN PEMBAHASAN

Kondisi Umum Pertanaman dan Gejala Infeksi Virus

Secara umum kacang tanah dibudidayakan oleh petani di Sulawesi Selatan secara monokultur pada lahan sawah setelah tanaman padi atau jagung. Sebagian kecil petani menanam kacang tanah dengan tanaman jagung sebagai *barrier* (tanaman pinggir). Penyiangan gulma umumnya jarang dilakukan petani, sehingga gulma mengganggu pertumbuhan kacang tanah dan menjadi inang alternatif bagi serangga dan patogen (Goyal *et al.* 2012). Gulma yang ditemukan di pertanaman kacang tanah antara lain *Ageratum conyzoides*, dan beberapa jenis rumput. Populasi kutu daun *Aphis craccivora* berlimpah saat pengambilan sampel dilakukan pada setiap pertanaman yang dapat berperan sebagai vektor virus.

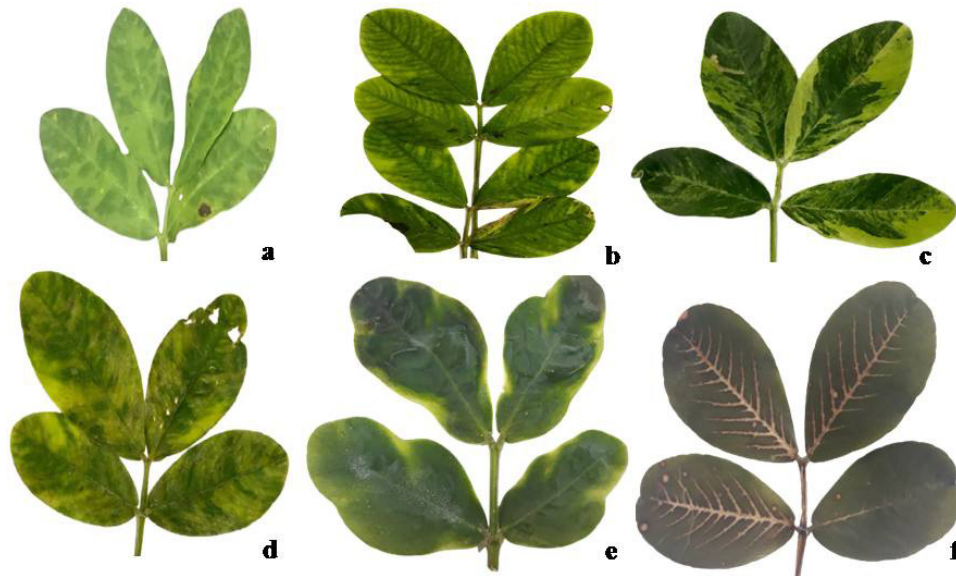
Benih yang umum ditanam petani yaitu varietas lokal dan varietas unggul diantaranya Kancil, Kelinci, dan Gajah. Pada lokasi pengamatan dan pengambilan sampel terdapat gejala infeksi virus yang bervariasi dengan dominasi tipe gejala yang berbeda.

Varietas lokal merupakan varietas yang umum dibudidayakan oleh petani (25 lokasi), diikuti oleh varietas Gajah dan Kelinci (masing-masing 15 lokasi), serta varietas Garuda (6 Lokasi) (data tidak ditampilkan). Kacang tanah ditanam di Sulawesi Selatan pada ketinggian 25 m dpl (meter di atas permukaan laut) di Kabupaten Bantaeng, Barru, Bone, Sinjai, Soppeng, dan Wajo, sampai 900 m dpl yaitu di Kabupaten Gowa dan Maros. Beberapa tipe gejala infeksi virus yang ditemukan antara lain:

mosaik, belang (*mottle* dan *stripe*), klorosis, pemucatan tulang daun (*vein clearing*), klorosis interveinal, serta klorosis dengan penebalan tulang daun (*vein banding*) disertai malformasi daun (Gambar 2). Gejala mosaik, klorosis, *vein clearing*, dan klorosis interveinal merupakan gejala yang paling banyak ditemukan pada setiap lokasi pengambilan sampel.

Frekuensi gejala infeksi virus berdasarkan gejala visual berbeda-beda pada setiap lokasi. Dari total 747 sampel daun bergejala yang diamati menunjukkan frekuensi gejala tertinggi sampai terendah yaitu mosaik (54,5%), klorosis (25,7%), *vein clearing* (23,4%), klorosis interveinal (23,2%), malformasi daun (13,8%), penebalan tulang daun (*vein banding*) (13,0%) dan belang (*mottle*) (7,6%). Frekuensi gejala mosaik, klorosis dengan penebalan tulang daun, klorosis interveinal, dan pemucatan tulang daun (*vein clearing*) tertinggi ditemukan pada varietas Kelinci di Kabupaten Maros. Frekuensi gejala belang tertinggi (23,3%) ditemukan pada varietas Kancil di Kabupaten Bone, namun gejala ini tidak ditemukan pada varietas Gajah, Kancil dan lokal pada pertanaman di Kabupaten Sinjai, Soppeng dan Wajo. Gejala malformasi daun dengan frekuensi tertinggi (55,2%) ditunjukkan oleh varietas lokal di Kabupaten Soppeng, tapi tidak ditemukan pada varietas lokal di Kabupaten Bantaeng (Tabel 2). Hal ini mengindikasikan varietas kacang tanah yang digunakan baik varietas lokal maupun unggul rentan terhadap infeksi virus tanaman.

Gejala yang bervariasi dengan frekuensi gejala berbeda-beda menunjukkan insidensi penyakit virus di Sulawesi Selatan cukup tinggi. Beberapa faktor



Gambar 2. Gejala infeksi virus pada beberapa varietas kacang tanah di Sulawesi Selatan. (a) belang (*mottle*), (b) klorosis interveinal, (c) mosaik, (d) klorosis dengan *vein banding*, (e) klorosis ujung daun dengan *vein banding* disertai malformasi daun, (f) pemucatan tulang daun (*vein clearing*).

Tabel 2. Frekuensi Tipe Gejala Pada Pertanaman Kacang Tanah di Sulawesi Selatan

Lokasi	“Sampel	Umur (MST)	Ketinggian (mdpl)	Varietas	Frekuensi tipe gejala (%)						
					Mot	Mos	KloIn	Klo	VB	VC	MD
Bantaeng	47	5-6	25-100	Lokal	8,5	74,5	21,3	34	25,5	25,5	0,0
Barru	52	5-6	50 - 100	Lokal	3,9	61,5	30,8	38,5	23,1	26,9	3,9
Bone	50	4-8	17-189	Gajah	6,0	28,0	20,0	6,0	2,0	30,0	8,0
	30			Kancil	23,3	33,3	16,7	16,7	6,7	33,3	10,0
	72			Lokal	13,9	15,3	13,9	9,7	1,4	13,9	13,9
Gowa	41	1	700-900	Lokal	2,4	70,7	14,6	14,6	0,0	41,5	12,2
Maros	85	4-8	310-750	Gajah	8,2	38,8	21,2	15,3	16,5	5,9	7,1
	50			Garuda	8,0	60,0	20,0	42,0	4,0	26,0	2,0
	35			Kelinci	11,4	100,0	74,3	91,4	42,9	71,4	28,6
	100			Lokal	15,0	52,0	10,0	34,0	19,0	30,0	13,0
Sinjai	38	4-6	25-500	Gajah	0,0	57,9	42,1	7,9	2,6	5,3	26,3
	30			Kelinci	0,0	66,7	33,3	10,0	6,7	10,0	30,0
	30			Lokal	0,0	86,7	66,7	10,0	13,3	16,7	33,3
Soppeng	29	4	0-60	Lokal	0,0	62,1	13,8	13,8	27,6	34,5	55,2
Wajo	58	1	0-78	Lokal	0,0	69,0	3,5	37,9	6,9	6,9	6,9
Total	747				7,6	54,5	23,2	25,7	23,4	13,8	

Keterangan: Mot (*mottle*); Mos (mosaik); KloIn (klorosis interveinal); Klo (klorosis); VB (*vein banding*); VC (*vein clearing*); dan MD (malformasi daun); MST =; mdpl =

penyebab insidensi penyakit virus yang tinggi di Sulawesi Selatan diantaranya karena penggunaan benih yang tidak bersertifikat bebas patogen; penggunaan benih dari musim tanam sebelumnya; penggunaan benih varietas unggul yang rentan terhadap infeksi virus, pengendalian serangga vektor, dan penyiangan gulma yang tidak optimal.

Perbedaan umur dan ketinggian lokasi budidaya tidak mempengaruhi infeksi virus pada tanaman kacang tanah karena gejala dapat teramati pada semua fase pertumbuhan tanaman dari ketinggian

terendah (25 m dpl) hingga tertinggi (900 m dpl). Pemilihan varietas lokal untuk dibudidayakan kemungkinan terkait dengan kemampuan adaptasi tanaman yang dianggap baik oleh petani terhadap kondisi lahan penanaman. Secara umum rata-rata frekuensi gejala virus spesifik seperti mosaik pada varietas lokal menunjukkan persentase yang lebih tinggi dibandingkan varietas lainnya (Tabel 2).

Gejala dominan yang ditemukan adalah mosaik, klorosis dengan *vein banding*, klorosis interveinal dan *vein clearing* ditandai dengan adanya variasi

warna hijau atau putih kuning pada permukaan daun, serta gejala klorosis dominan dengan *vein banding*. Variasi gejala yang ditemukan dapat disebabkan perbedaan varietas tanaman, kondisi lingkungan, jenis virus yang menginfeksi dan infeksi campuran virus. Pada satu tanaman kacang tanah terdapat beberapa jenis gejala yang menunjukkan variasi gejala yang berbeda-beda. Infeksi campuran dalam satu tanaman berpotensi menyebabkan gejala dan kehilangan hasil yang lebih parah dibandingkan infeksi tunggal. Oleh karena itu berdasarkan gejala yang muncul tidak dapat menentukan jenis virus yang menginfeksi tanaman. Selain itu, variasi gejala dapat disebabkan oleh faktor umur tanaman, varietas, genotipe tanaman, fase pertumbuhan tanaman, dan strain virus (Shresta *et al.* 2014; Miftakhurohmah *et al.* 2020).

Distribusi dan Frekuensi berdasarkan uji serologis DIBA

Deteksi serologi pada 747 sampel menunjukkan reaksi positif terhadap 6 antisera spesifik PeMoV, BCMV, SMV, BYMV (*Potyvirus*), PSV, dan CMV (*Cucumovirus*). Frekuensi infeksi virus pada setiap lokasi pengambilan sampel beragam. Rata-rata frekuensi infeksi CMV, BCMV, SMV, PeMoV, BYMV, dan PSV berturut-turut sebesar 70,3%, 69,1%, 62,3%, 58,9%, 50,4%, dan 35,1% (Tabel 3). Secara umum ada enam spesies virus terdeteksi hampir di seluruh kabupaten, kecuali PSV tidak terdeteksi di Kabupaten Barru dan Wajo dan BYMV tidak terdeteksi di Kabupaten Wajo. Frekuensi virus tertinggi adalah infeksi CMV di Kabupaten Bantaeng dan PSV di Kabupaten Maros; PeMoV di Kabupaten Barru, BCMV dan SMV di Kabupaten Gowa; dan BYMV di Kabupaten Bantaeng. Gejala dominan yang ditemukan pada semua lokasi adalah gejala mosaik (Tabel 2 dan 3).

Deteksi serologi menunjukkan adanya infeksi campuran beberapa spesies virus dari genus

Potyvirus (BCMV, PeMoV, SMV, BYMV) dan *Cucumovirus* (CMV dan PSV). Infeksi campuran PeMoV, PSTv, CMV dan PSV pada tanaman kacang tanah dilaporkan juga terjadi di Nigeria (De Breuil *et al.* 2008). Hal ini menunjukkan bahwa infeksi campuran di lapangan umum terjadi. Infeksi PeMoV dan BCMV-PSt sering menunjukkan gejala yang sama, begitu juga dengan PSV dan CMV (Dietzgen *et al.* 2001). Berdasarkan hasil pengamatan gejala dan deteksi serologi dengan metode DIBA, pada infeksi campuran variasi gejala tidak berasosiasi dengan infeksi virus tertentu. Infeksi campuran antara BCMV-BIC dan CMV yang menginfeksi tanaman kacang panjang di Jawa Barat menunjukkan gejala berupa mosaik kuning pada daun, *vein clearing*, serta mosaik dan deformasi pada polong (Damayanti *et al.* 2009b)

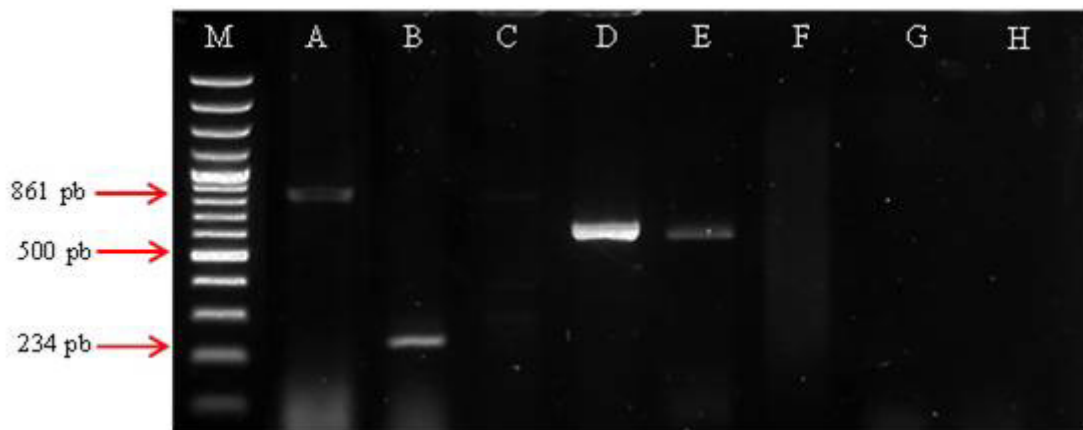
Deteksi Asam Nukleat dengan Teknik Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)

Hasil deteksi DIBA dengan intensitas warna ungu yang pekat dari masing-masing virus dipilih untuk dikonfirmasi dengan RT-PCR menggunakan primer spesifik. Pita DNA berhasil teramplifikasi untuk BCMV strain PSt (*Peanut stripe virus*-PStV), BCMV strain *Blackeye* (BIC), dan CMV dengan masing-masing DNA ampikon berukuran berturut-turut ± 234 bp, ± 861 bp, dan ± 650 bp (Gambar 3, lajur A, B, D). Namun, PeMoV, SMV, BYMV dan PSV tidak teramplifikasi dengan primer spesifik (Gambar 3, lajur C, F, G, H). Hal ini menunjukkan terjadinya *cross reaction* (reaksi silang) dalam deteksi serologi, sehingga walaupun positif terhadap antisera spesifik, tetapi konfirmasi keberadaan virus dengan RT-PCR menggunakan primer spesifik menunjukkan hasil negatif.

Antiserum komersial umumnya adalah antiserum poliklonal yang dapat mengenali protein spesies virus lain dalam genus virus yang sama, sehingga

Tabel 3. Frekuensi dan distribusi infeksi virus kacang tanah di Sulawesi Selatan berdasarkan DIBA.

Kabupaten	Frekuensi Virus pada tiap lokasi (%)					
	BCMV	BYMV	CMV	PeMoV	PSV	SMV
Bantaeng	98	89	100	60	2	96
Barru	69	31	48	87	0	60
Bone	35	35	92	63	36	34
Gowa	100	78	95	54	44	100
Maros	87	65	83	86	75	80
Sinjai	90	67	30	62	62	71
Soppeng	38	38	66	38	62	14
Wajo	36	0	48	21	0	43
Rata-rata	69,1	50,4	70,3	58,9	35,1	62,3



Gambar 3. Hasil RT-PCR konfirmasi dengan primer spesifik. M. Penanda DNA 100 pb, A) BCMV-B1C, B) BCMV strain-PSt, C) BYMV, D) CMV, E) *Polerovirus*, F) PeMoV, G) PSV dan H) SMV.

menimbulkan reaksi silang seperti yang telah dilaporkan terjadi pada virus yang menginfeksi kedelai (Rahim *et al.* 2015). BCMV, PeMoV, SMV, dan BYMV adalah anggota genus *Potyvirus*. RT-PCR dengan primer spesifik berhasil mengonfirmasi hanya BCMV-Pst dan BCMV-B1C, menunjukkan terjadi reaksi silang ketiga antiserum lainnya (PeMoV, SMV, BYMV) terhadap sampel yang hanya terinfeksi BCMV (Pst dan B1C). Hal yang sama terjadi pada CMV dan PSV yang merupakan anggota *Cucumovirus*. RT-PCR hanya mengonfirmasi keberadaan CMV, tetapi negatif terhadap PSV; menunjukkan reaksi silang antiserum PSV terhadap sampel yang hanya terinfeksi CMV. Fakta PSV tidak terkonfirmasi dengan RT-PCR merupakan hal positif, karena PSV merupakan OPTK A1 yang sampai saat ini belum ada di Indonesia berdasarkan Permentan nomor 25 tahun 2020, namun perlu diwaspadai keberadaannya.

Sampel-sampel bergejala dominan klorosis interveinal dan klorosis dengan penebalan tulang daun disertai malformasi daun (Gambar 2b dan 2e) diduga disebabkan oleh *Polerovirus*. Pada semua pertanaman kacang tanah yang diamati kutu daun ditemukan pada hampir semua lokasi pengambilan sampel. Anggota genus *Potyvirus* (BCMV, BYMV, PeMoV, SMV), *Cucumovirus* (CMV, PSV) dan *Polerovirus* diketahui penularan dan penyebarannya di lapangan melalui serangga vektor kutu daun. Hasil amplifikasi cDNA dari sampel bergejala tersebut di atas dengan primer universal *Polerovirus* berhasil teramplifikasi pita DNA berukuran sekitar ± 600 bp (Gambar 3, lajur E).

BCMV-B1C, CMV, dan *Polerovirus* merupakan virus yang baru terdeteksi menginfeksi kacang tanah di Sulawesi Selatan berdasarkan hasil deteksi serologi dan dikonfirmasi dengan deteksi asam nukleat dengan RT-PCR. Virus yang telah dilaporkan

menginfeksi kacang tanah di Indonesia antara lain BCMV strain PSt, PeMoV, dan CMV. Sebelumnya, BCMV-PSt telah dilaporkan keberadaannya di Sulawesi Selatan oleh Saleh dan Baliadi (2015), dan terkonfirmasi dengan RT-PCR dalam penelitian ini. Di Indonesia BCMV-B1C telah dilaporkan menginfeksi tanaman kacang panjang (Damayanti *et al.* 2009; Melinda *et al.* 2015), koro pedang (Damayanti 2015) dan kacang kedelai (Rahim *et al.* 2015). BCMV-B1C dilaporkan sebagai salah satu ancaman potensial pada kedelai di Cina (Zhou *et al.* 2014), sehingga terdeteksinya BCMV-B1C menginfeksi kacang tanah akan memperluas inang virus ini yang akan berdampak pada produksi kacang tanah.

CMV telah dilaporkan menginfeksi kacang tanah di Nigeria, Argentina dan Korea Selatan (De Breuil *et al.* 2012; Park *et al.* 2015; Aliyu *et al.* 2020), CMV strain *soybean* pada kedelai (Rahim *et al.* 2015) dan kacang panjang di Indonesia (Damayanti *et al.* 2009), namun belum dilaporkan terdeteksi pada kacang tanah di Indonesia. Kedua virus ini menyebar luas dengan mudah karena dapat ditularkan melalui benih (*seed-borne transmitted*) dan melalui serangga vektor kutu daun secara non persisten (El-kady *et al.* 2014; Arogundade *et al.* 2018). Keberadaan BCMV-B1C dan CMV pada kacang tanah merupakan virus yang dominan di Sulawesi Selatan dan menunjukkan ekstensi kedua virus pada legum di Indonesia. Temuan menarik dari penelitian ini adalah tidak teramplifikasinya PeMoV yang berasosiasi dengan gejala belang, mosaik oleh SMV dan mosaik kuning oleh BYMV dengan RT-PCR menggunakan primer spesifik. Hal ini menunjukkan perbedaan virus yang menginfeksi kacang tanah di Sulawesi Selatan.

Polerovirus dilaporkan menginfeksi tanaman cabai, mentimun, melon dan paria di Indonesia (Suastika *et al.* 2013; Putra *et al.* 2015; Listihani *et*

al. 2020; Damayanti *et al.* 2021), dan kacang panjang (Damayanti 2021, komunikasi pribadi; data belum dipublikasi), namun belum pernah dilaporkan menginfeksi tanaman kacang tanah. *Cowpea Polerovirus 1*, *Cowpea Polerovirus 2* dan *Chickpea chlorotic stunt virus* merupakan anggota *Polerovirus* yang dilaporkan menginfeksi tanaman kacang tunggak (*cowpea*) di Burkina Faso dan Kenya (Palanga *et al.* 2016; Patrick *et al.* 2019). Terdeteksinya *Polerovirus* pada kacang tanah berpotensi menjadi ancaman baru terhadap produksi dan peningkatan kompleksitas pengendalian virus pada tanaman kacang tanah di Sulawesi Selatan atau sentra produksi kacang tanah lainnya. Keberadaan virus ini perlu dipantau dan dideteksi eksistensinya untuk diketahui penyebaran virus ini masih terbatas di Sulawesi Selatan atau sudah meluas pada berbagai sentra produksi kacang tanah di Indonesia.

KESIMPULAN

BCMV dan CMV merupakan virus yang merata dan telah menyebar luas pada pertanaman kacang tanah di Sulawesi Selatan. Gejala klorosis interveinal, dan klorosis dengan penebalan tulang dan malformasi daun berhasil terdeteksi berasosiasi dengan infeksi *Polerovirus*. Ketiga virus ditularkan dan disebarkan oleh kutu daun. Selain itu, BCMV dan CMV merupakan virus tular benih pada kacang-kacangan, termasuk kacang tanah. Penggunaan benih sehat bebas virus, varietas tahan dan roguing tanaman sakit seawal mungkin, serta pengendalian kutu daun menjadi strategi penting untuk pengelolaan ketiga virus ini. Identifikasi berdasarkan runutan asam nukleat perlu dilakukan untuk mengkonfirmasi identitas genetik ketiga virus yang ditemukan dalam penelitian ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih kepada Lembaga Pengelola Dana Pendidikan, Kementerian Keuangan melalui Beasiswa Unggulan Dosen Indonesia Dalam Negeri (Budi DN) atas beasiswa dan dana penelitian yang diberikan kepada penulis pertama.

DAFTAR PUSTAKA

Aliyu TH. 2020. The occurrence and distribution of viruses infecting groundnut (*Arachis hypogaea* L.) in Kwara state of Nigeria. *Albanian Journal Agricultural Sciences* 18(4): 91-98.

Andayanie WR. 2012. Diagnosis penyakit mosaik (*Soybean mosaic virus*) terbawa benih kedelai. *Jurnal HPT Tropika* 12: 185 - 191.

Arogundade O, Balogun OS, Kumar PL. 2019. Seed transmissibility of *Cucumber mosaic virus* in *Capsicum* species. *International Journal of Vegetable Science* 25(2): 146-153.

Ayeleke DA, Salaudeen MT, Gana AS. 2018. Growth and yield variability of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars infected with *Cowpea aphid-borne mosaic virus* disease. *Agro-science: Journal of Tropical Agriculture, Food, Environment and Extension* 17(1): 35-43.

Bhat AI, Siju S. 2007. Development of a single tube multiplex RT-PCR for the simultaneous detection of Cucumber mosaic virus and *Piper yellow mottle virus* associated with stunt disease of black pepper. *Current Science* 93: 973-976.

Correa RL, Silva TF, Ujo SOA, Barroso PAV, Vidal MS, Vaslin MFS. 2005. Molecular characterization of a virus from the family Luteoviridae associated with cotton blue disease. *Archives of Virology* 150: 1357-1367.

Damayanti TA, Naidu RA. 2009a. Identification of *Peanut bud necrosis virus* and *Tomato spotted wilt virus* in Indonesia. *Plant Pathology* 58(4): 782-782.

Damayanti TA, Alabi OJ, Naidu RA, Rauf A. 2009b. Severe outbreak of a yellow mosaic disease on the yard long bean in Bogor, West Java. *Hayati Journal of Biosciences* 16(2): 78-82.

Damayanti TA. 2015. Penyakit mosaik pada koro pedang. *Jurnal Fitopatologi Indonesia* 11(1): 29-35.

Damayanti TA, Rahmatilah M, Listihani, Hidayat SH, Wiyono S. 2021. *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV) infecting melon and bitter melon in Java, Indonesia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 948: 012023.

De Breuil S, Giolitti FJ, Beijerman N, Lenardon SL. 2012. Effects of *cucumber mosaic virus* on the yield and yield components of peanut. *Journal of Plant Pathology* 94(3): 669-673.

De Breuil S, Nome CF, Flores C, Beijerman N, Giolitti F, Trucco V, Lenardon S. 2015. First Report of *Bean common mosaic virus*, Peanut Strain, infecting peanut in Argentina. *Plant Disease* 99(5): 735-735.

Dietzgen RG, Callaghan B, Higgins CM, Birch RG, Chen K, Xu Z. 2001. Differentiation of peanut seedborne Potyviruses and Cucumoviruses by RT-PCR. *Plant Disease* 85(9): 989-992.

Doyle JJ, Doyle JL. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.

El-Kady MAS, Badr AB, El-Attar AK, Waziri HMA, Saker KEA. 2014. Characterization and molecular studies of *Bean common mosaic virus* isolated from bean plants in Egypt. *Egyptian Journal of Virology* 11(2): 124-135.

- Goyal G, Gill HK, McSorley R. 2012. Common weed hosts of insect-transmitted viruses of Florida vegetable crops. P1-12. Gainesville: EDIS. Entomology and Nematology Department, Florida Cooperative Extension Service, Institute of Food and Agricultural Sciences, University of Florida.
- Higgins CM, Cook G, Pietersen G, Dietzgen R. G. 2000. Molecular characterisation of a strain of peanut stripe potyvirus from groundnut germplasm imported into South Africa. *African Plant Protection* 5(1): 5-12.
- Kim YH, Kim, OS, Roh JH, Moon JK, Sohn SI, Lee SC, Lee JY. 2004. Identification of *Soybean mosaic virus* strains by RT-PCR/RFLP analysis of cylindrical inclusion coding region. *Plant Disease* 88: 641-644.
- Listihani, Damayanti TA, Hidayat SH, Wiyono S. 2020. First report of *Cucurbit aphid borne yellows virus* on cucumber in Java, Indonesia. *Journal of General Plant Pathology* 86: 219-223.
- Mabele AS, Wotia F. 2021. First report of *Peanut stripe virus* infecting groundnut (*Arachis hypogaea* L.) in Western Kenya. *Biochemistry and Molecular Biology* 6(1): 11-18.
- Melinda, Damayanti TA, Hidayat SH. 2015. Identifikasi molekular *Bean common mosaic virus* yang berasosiasi dengan penyakit mosaik kuning kacang panjang. *Jurnal HPT Tropika* 15(2): 132-140.
- Miftakhurohmah, Hidayat SH, Mutaqin KH, Soekarno BPW, Wahyuno D. 2020. Incidence and severity of mottle disease in black pepper plants (*Piper nigrum*) in Sukamulya Research Station, Sukabumi Regency, West Java. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 418(1): 012054
- Palanga E, Filloux D, Martin DP, Fernandez E, Gargani D, Ferdinand R, Zabré J, Bouda Z, Neya JB, Sawadogo M, Traore O, Peterschmitt M, Roumagnac P. 2016. Metagenomic-based screening and molecular characterization of Cowpea-infecting viruses in Burkina Faso. *PLoS One* 11(10): e0165188.
- Park CY, Lee MA, Park EH, Baek DS, Lee SH, Kim JS. 2015. First report of *Cucumber mosaic virus* infection of Peanut (*Arachis hypogaea*) in South Korea. *Plant Disease* 99(5): 733-733.
- Patrick OO, Were H, Ndonga M, Benard M. 2019. First report of *Cowpea polero virus 1* (CPPV1) infecting cowpea in Kenya. *International Journal of Genetics and Genomics* 7(4): 119-123.
- Putra I, Puspawati N, Nyana I, Siadi I, Suastika G. 2015. Identifikasi virus yang berasosiasi dengan penyakit mosaik, kuning, dan klorosis pada tanaman cabai rawit (*Capsicum frutescens* L.). *Jurnal Agroekoteknologi Tropika* 4(3): 244-252
- Rahim, YF, Damayanti TA, Ghulamahdi M. 2015. Deteksi virus yang menginfeksi kedelai di Jawa. *Jurnal Fitopatologi Indonesia* 11(2): 59-67.
- Saleh N, Baliadi Y. 2015. Penyakit virus pada kacang tanah dan upaya pengendaliannya. Monograf Balitkabi No. 13. Balitkabi. 306-328.
- Sharma PN, Sharma V, Sharma A, Rajput K, Sharma SK. 2015. Identification and molecular characterization of *Bean yellow mosaic virus* infecting French bean in Himachal Pradesh. *Virus Disease* 26(4): 315-318.
- Shresta D, Wenninger EJ, Hutchinson PJS, Whitworth JL, Mondal, S, Eigenbrode SD, Bosque-Perez NA. 2014. Interactions among potato genotypes, growth stages, virus strains and inoculation methods in the *Potato virus Y* and green peach aphid pathosystem. *Environmental Entomology* 43(3): 662-671.
- Spiegel S, Sobolev I, Dombrovsky A, Gera A, Raccach B, Tam Y, Beckelman Y, Feigelson L, Holdengreber V, Antignus Y. 2008. Characterization of a *Peanut mottle virus* isolate infecting peanut in Israel. *Phytoparasitica* 36: 168-174.
- Suastika G, Hartono S, Nyana IDN, Natsuaki T. 2013. Laporan Pertama tentang Infeksi *Polerovirus* pada Tanaman Cabai di Daerah Bali, Indonesia. *Jurnal Fitopatologi Indonesia* 8(5): 151-154.
- Singh S, Kumar VN, Awasthi LP. 2020. Recent advances in *begomovirus* research in India. *Applied Plant Virology*. Academic Press. P 493-513. ISBN 9780128186541.
- Zhou GC, Wu XY, Zhang YM, Wu P, Wu XZ, Liu LW, Wang Q, Hang YY, Yang JY, Shao ZQ, Wang B, Chen JQ. 2014. A genomic survey of thirty soybean-infecting *Bean common mosaic virus* (BCMV) isolates from China pointed BCMV as a potential threat to soybean production. *Virus Research* 191: 125-133.

Interaksi Genotipe dan Lingkungan terhadap Karakter Ubijalar Lokal Papua yang Bernilai Ekonomi Berdasarkan Analisis AMMI

Genotype x Environment Interaction of Superior Local Papua Sweet Potatoes on Economic Tuber Characteristics Using AMMI Analysis

Yohanis Amos Mustamu^{1*}, Saraswati Prabawardani¹, Otties Kurni²

¹ Fakultas Pertanian, Universitas Papua, Manokwari, Papua Barat

² Dinas Pertanian dan Ketahanan Pangan, Supiori, Papua

*E-mail: ym130177@gmail.com

NASKAH DITERIMA 26 JANUARI 2021 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 31 OKTOBER 2022

ABSTRAK

Ubijalar merupakan tanaman pangan penting di Papua dan terdapat sejumlah varietas lokal yang tersebar di berbagai daerah. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan terhadap keragaan genotipe ubi jalar lokal Papua berdasarkan karakter ukuran dan bobot ubi yang bernilai ekonomi dan mendapatkan genotipe yang memiliki daya adaptasi luas berdasarkan karakter tersebut. Penelitian dilaksanakan di tiga kabupaten, yaitu Manokwari, Biak Numfor, dan Supiori pada bulan Juli hingga Desember 2020 dan pengamatan dilakukan terhadap 12 genotipe ubi jalar, yaitu Amban Pantai, Arfai, SP5, Kaimana2, Oransbari, Abepura, Koya1, Koya3, Koya5, Koya6, Koya7, dan Koya8. Hasil penelitian menunjukkan interaksi genotipe dan lingkungan berpengaruh nyata ($p < 0,01$) terhadap jumlah dan bobot ubi. Berdasarkan analisis AMMI, diperoleh beberapa genotipe yang stabil berdasarkan karakter jumlah ubi yang bernilai ekonomi, yakni SP5, Koya1 dan Koya3, sedangkan genotipe yang stabil berdasarkan karakter bobot ubi yang memiliki nilai ekonomi adalah SP5, Abepura, Koya1, Koya3, Koya5, dan Koya7.

Kata kunci: AMMI, genotipe, Interaksi Lingkungan, Ubijalar

ABSTRACT

Sweet potato plays an important role as a food crop in Papua. A number of local sweet potato varieties exist in different areas. This study aimed to obtain information on the effect of interaction between genotypes and environment on the economic tuber characters (size and weight) of local Papua sweet potato genotypes and to obtain the genotypes which have broad adaptability based on such characters. This study was conducted in three locations, consisted of Manokwari Regency, Biak Numfor Regency and Supiori Regency from July to December 2020 using 12 genotypes, namely Amban Pantai, Arfai, SP5, Kaimana2, Oransbari, Abepura, Koya1, Koya3, Koya5, Koya6, Koya7, and Koya8. The results showed that genotype and environment interaction significantly affected the number and weight of the tubers

($p < 0.01$). The results of AMMI analysis revealed that the stable genotypes based on the number of the economic tubers were SP5, Koya1 and Koya3, while the stable genotypes based on the weight of economic tuber were SP5, Abepura, Koya1, Koya3, Koya5, and Koya7.

Keywords: AMMI, genotype, environment interaction, Sweet potato

PENDAHULUAN

Ubijalar merupakan salah satu tanaman pangan yang memiliki manfaat besar. Karuniawan *et al.* (2012) menyatakan bahwa ubijalar merupakan komoditas pertanian penting dan potensial dikembangkan sebagai bahan pangan, bahan baku industri, pakan, dan bahan baku bioetanol. Mustamu *et al.* (2018) menyatakan bahwa beberapa daerah di Indonesia menggunakan ubijalar sebagai makanan pokok.

Ubijalar merupakan salah satu jenis tanaman yang memiliki potensi yang sangat besar untuk dikembangkan. Selain sebagai salah satu bahan diversifikasi pangan, ubijalar juga memiliki kandungan gizi serta kalori yang tinggi dibandingkan tanaman lainnya (Direktorat Jenderal Tanaman Pangan 2013). Prabawardani *et al.* (2013) melaporkan kandungan nutrisi beberapa aksesi ubijalar lokal Papua dan varietas unggul nasional dengan rata-rata 3,1% untuk kandungan protein, karbohidrat 28,7%, dan lemak 0,9%.

Produksi ubijalar di Papua Barat pada tahun 2015 mengalami peningkatan sebesar 10,78%, 11,83 ribu ton umbi basah pada tahun 2014 menjadi 13,10 ribu ton umbi basah pada tahun 2015. Kenaikan produksi ini disebabkan oleh meningkatnya luas panen (menjadi 77 ha atau meningkat 7,13%) dan produktifitas sebesar 3,73 t/ha atau

meningkat 3,41% (Badan Pusat Statistik 2015). Namun apabila dibandingkan dengan rata-rata produksi nasional (13,93 t/ha) (ILO – PCdP2 UNDP 2013), maka produksi ubijalar di Papua Barat masih rendah. Hasil penelitian Prabawardani *et al.* (2013) terhadap 20 genotipe ubijalar menunjukkan bahwa rata-rata produksi klon ubijalar lokal Papua lebih rendah dibandingkan dengan beberapa varietas unggul. Varietas Papua Pattipi menghasilkan 20,8 t/ha di daerah Lembah Baliem Papua dan varietas Sawentar memberikan hasil 14,4 t/ha di daerah Minyambouw, Kabupaten Pegunungan Arfak Papua Barat.

Rendahnya produksi ubijalar di Papua dan Papua Barat disebabkan oleh teknik budidaya masih sederhana, penggunaan klon-klon lokal yang produktivitasnya rendah, faktor lingkungan, dan kemampuan adaptasi klon-klon yang kurang terhadap lingkungan (Trisnawati *et al.* 2006). Oleh karena itu perlu adanya perbaikan produksi ubijalar melalui penggunaan klon-klon baru untuk menggantikan klon-klon lama yang produktivitasnya relatif rendah (Rahayuningsih 2003; Andrade *et al.* 2009). Peluang untuk meningkatkan produksi dan produktivitas ubijalar masih cukup besar. Tersedianya klon-klon lokal dengan produktivitas tinggi berpotensi untuk dilepas sebagai varietas unggul baru.

Varietas unggul dapat diperoleh melalui tahapan seleksi yang dilakukan terhadap koleksi plasma nutfah atau koleksi biji hasil persilangan. Shaumi *et al.* (2011) menyatakan bahwa upaya pengembangan dan peningkatan produktivitas ubijalar dapat dilakukan dengan penggunaan varietas unggul, cara budidaya yang sesuai, serta perbaikan potensi genetik. Setiawati *et al.* (2016) menyatakan bahwa persilangan merupakan salah satu upaya untuk meningkatkan keragaman genetik dalam program pemuliaan tanaman. Hal ini menunjukkan bahwa varietas unggul dapat dihasilkan melalui tahapan seleksi karakter-karakter yang diinginkan.

Analisis stabilitas diperlukan untuk menduga penampilan genotipe di berbagai lingkungan. Hal ini untuk menunjang tujuan pemuliaan tanaman yaitu untuk mendapatkan genotipe berdaya hasil tinggi dan beradaptasi luas, maupun genotipe berdaya hasil tinggi pada lingkungan tertentu. Salah satu metode yang digunakan untuk melihat adanya interaksi antara genotipe dengan lingkungan adalah AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*). Adebola *et al.* (2013) menyatakan bahwa Metode AMMI adalah teknik penting dalam menganalisis interaksi G X E yang membantu pemulia tanaman dalam identifikasi dan pemilihan genotipe unggul pada lingkungan spesifik atau lokasi

spesifik. Adanya interaksi nyata antara genotipe dengan lingkungan menunjukkan perbedaan tanggapan dari berbagai genotipe terhadap kondisi lingkungan yang berbeda.

Target pengembangan ubijalar berdaya hasil tinggi untuk perbaikan produksi pada kondisi lingkungan berbeda adalah perbaikan potensi hasil dan perbaikan daya adaptasi tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan terhadap penampilan genotipe ubijalar lokal Papua berdasarkan ukuran karakter ubi dan menentukan genotipe ubijalar lokal Papua yang memiliki daya adaptasi luas berdasarkan karakter ukuran ubi.

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini dilaksanakan di tiga lokasi yaitu Kabupaten Manokwari, Kabupaten Biak Numfor dan Kabupaten Supiori pada bulan Juli 2020 sampai Desember 2020. Penelitian menggunakan 12 genotipe ubijalar lokal Papua koleksi Fakultas Pertanian Universitas Papua di Manokwari dengan keunggulan antosianin, beta karoten dan pati tinggi. Penelitian ini menggunakan Rancangan Acak Kelompok (RAK) (Petersen 1998) dengan perlakuan 12 genotipe ubijalar yang diulang tiga kali sehingga terdapat 36 petak perlakuan pada masing-masing lokasi uji. Variabel yang diamati adalah jumlah dan bobot umbi mengikuti Maulana *et al.* (2011) yang tercantum pada Tabel 1.

Dilakukan analisis ragam gabungan dan analisis AMMI untuk agronomi dan morfologi. Model linier dalam Rancangan Acak Kelompok dengan pola gabungan adalah sebagai berikut (Gomez dan Gomez, 1995) :

$$Y_{ijk} = \mu + L_k + \beta_{i/k} + G_j + (LG)_{kj} + \varepsilon_{ijk}$$

dimana :

Y_{ijk} = nilai pengamatan dari ulangan ke-i, varietas ke-j, dan lokasi ke-k

μ = nilai rata-rata umum

L_k = pengaruh lokasi ke-k

$\beta_{i/k}$ = pengaruh ulangan ke-i dalam lokasi ke-k

G_j = pengaruh genotipe ke-j

$(LG)_{kj}$ = pengaruh interaksi lokasi ke-k dengan genotipe ke-j

ε_{ijk} = pengaruh galat percobaan

$i = 1, 2, 3 \quad j = 1, 2, 3, \dots, 7 \quad k = 1, 2, 3$

Tabel 1. Kriteria ubijalar kualitas ekspor

Ukuran	L	M	S
Panjang (cm)	18-22	15-20	10-15
Diameter (cm)	5-7	3-5	3-4
Bobot (gram)	250-400	200-250	150-200

Model linear analisis interaksi genotipe dan lingkungan dalam analisis AMMI (Mattjik dan Sumertajaya 2006) sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 Y_{ger} &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{ge} + \varepsilon_{ger} \\
 &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{n=1}^r \sqrt{\lambda_n} \varphi_{gn} \rho_{en} + \delta_{ge} + \varepsilon_{ger} \\
 &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \sqrt{\lambda_1} \varphi_{g1} \rho_{e1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{g2} \rho_{e2} + \dots + \sqrt{\lambda_r} \varphi_{gr} \rho_{er} + \delta_{ge} + \varepsilon_{ger}
 \end{aligned}$$

Keterangan: g = 1, 2, ..., a; e = 1, 2, ..., b; n = 1, 2, ..., m

μ = rata-rata umum

α_g = pengaruh utama genotipe ke-g

β_e = pengaruh utama lingkungan ke-e

λ_n = akar ciri ke-n dari matriks $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$

φ_{gn} = pengaruh ganda genotipe ke-g komponen bilinear ke-n,

ρ_{en} = pengaruh ganda lingkungan ke-e komponen bilinear ke-n;

δ_{ge} = simpangan dari pemodelan bilinear

ε = pengaruh galat percobaan

HASIL DAN PEMBAHASAN

Interaksi Genotipe dan Lingkungan

Variasi hasil ubijalar mungkin disebabkan kondisi genetik dan lingkungan yang ada selama periode pertumbuhan tanaman. Acquah (2007) menyatakan bahwa menentukan ekspresi sifat yang diinginkan di lebih dari satu lokasi membantu untuk mempelajari keberadaan interaksi Genotipe dan Lingkungan, respons diferensial dari genotipe di lokasi yang berbeda untuk sifat yang diinginkan. Sedangkan Shafii and Price (1998) menyatakan bahwa interaksi genotipe dengan lingkungan (GE) merupakan aspek penting dalam program pemuliaan tanaman dan pengenalan komoditas tanaman pangan baru. Caliskan *et al.* (2007); Adebola *et al.* (2013); Kivuva *et al.* (2014) melaporkan bahwa penelitian interaksi genotipe dan lingkungan tanaman ubijalar di beberapa lokasi dalam kegiatan uji multi lokasi memainkan peran penting dalam program pengembangan ubijalar.

Gomez dan Gomez (1995), Gaspersz (2006), dan Doha (2011) menyatakan bahwa nilai koefisien keragaman (KK) yang besar dapat diasumsikan tingkat kesalahan penelitian besar atau kurang teliti. Sedangkan Gaspersz (2006) menyatakan bahwa walaupun tidak ada patokan nilai KK, tetapi percobaan yang handal sebaiknya nilai KK tidak melebihi 20%. Nilai KK pada karakter jumlah umbi sebesar 11,74%, sedangkan karakter bobot umbi 8,44%. Nilai KK yang beragam tergantung pada jenis percobaan, tanaman dan sifat yang diukur (Gomez dan Gomez 1995). Hasil penelitian Nurcahya *et al.* (2021) menunjukkan nilai KK 15,96% pada komponen hasil tebu, dan hasil penelitian Karuniawan dan Maulana (2020) menunjukkan nilai KK 45,63% terhadap hasil ubijalar. Penelitian Mustofa *et al.* (2017) menunjukkan nilai KK bervariasi antara 7,12 - 24,44% terhadap hasil dan malai padi sawah. Penelitian Wibawa *et al.* (2021) menunjukkan nilai KK berkisar antara 4,38 - 20,54% terhadap hasil dan komponen hasil sorghum. Sedangkan hasil penelitian Pratama dan Noor (2021) menunjukkan nilai KK berkisar antara 1,40% - 5,73% terhadap karakter vegetatif dan generatif calon varietas jagung ketan.

Analisis ragam gabunga untuk 12 genotipe lokal Papua yang dievaluasi di tiga lokasi menurut model AMMI menunjukkan perbedaan yang sangat signifikan ($p < 0,01$) dan signifikan ($P < 0,05$) (Tabel 2, 3). Faktor lokasi menunjukkan signifikan terhadap karakter jumlah umbi. Pengaruh efek genotipe dan interaksi genotipe dan lingkungan menunjukkan signifikan terhadap karakter jumlah dan bobot umbi. Hasil yang sama diamati oleh Haldavanekar *et al.* (2011); Kathabwalika *et al.* (2013); Kivuva *et al.* (2014); Afuape *et al.* (2015); Mustamu *et al.* (2018) yang menunjukkan bahwa komponen hasil dan hasil ubijalar dipengaruhi lingkungan, genotipe dan interaksi antara genotipe dan lingkungan.

Adanya interaksi menunjukkan bahwa genotipe stabil dan tidak stabil di seluruh lingkungan uji sebagai respons adanya perubahan lingkungan. Caliskan *et al.* (2007) menyatakan GEI yang signifikan menggambarkan bahwa bahan genetik harus dievaluasi untuk sifat yang diinginkan selama bertahun-tahun di lingkungan dimana bahan tersebut akan dirilis dan ini cukup sering menunda proses pemilihan varietas. Hal ini berarti bahwa hasil tertinggi suatu genotipe pada suatu lingkungan tertentu belum tentu memberikan hasil tertinggi pula pada lingkungan yang berbeda.

Tabel 2. Analisis Ragam karakter jumlah ubi ekonomi genotipe unggul lokal Papua

Sumber Keragaman	db	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F Value	Pr > F
Genotipe	11	5.05	0.46	15.17**	<.0001
Lokasi	2	0.24	0.12	4.01*	0.0228
Blok (lokasi)	6	0.09	0.02	0.50	0.8069
Genotipe*lokasi	22	9.27	0.42	13.94**	<.0001
Galat	66	2.00	0.03		
Total	107	16.65			

Keterangan : Koefisien Keragaman (KK) = 11,74%; F value = nilai F hitung; Pr > F = * nyata pada taraf 5%; ** nyata pada taraf 1%

Tabel 3. Analisis Ragam karakter bobot ubi ekonomi genotipe unggul lokal Papua

Sumber Keragaman	db	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F Value	Pr > F
Genotipe	11	0.31	0.03	4.24**	<.0001
Lokasi	2	0.03	0.01	1.91	0.1569
Blok (lokasi)	6	0.01	0.00	0.26	0.9540
Genotipe*lokasi	22	1.44	0.07	10.01**	<.0001
Galat	66	0.43	0.01		
Total	107	2.22			

Koefisien Keragaman (KK) = 8,44%; Keterangan : Koefisien Keragaman (KK) = 11,74%; F value = nilai F hitung; Pr > F = * nyata pada taraf 5%; ** nyata pada taraf 1%

Analisis Stabilitas dan Adaptabilitas Berdasarkan Metode AMMI

Pengetahuan tentang kinerja genotipe dan adaptasi di berbagai agroekologi sangat penting bagi pemulia tanaman untuk seleksi dan perbaikan genotipe uji. Hal ini dimaksudkan untuk memperoleh genotipe stabil dengan kinerja yang baik di semua kondisi lingkungan uji. Penentuan genotipe yang stabil maupun adaptif dapat berdasarkan nilai IPCA 1 dan IPCA 2. Menurut Yan (2001) nilai IPCA 1 adalah nilai untuk pengaruh utama dan IPCA 2 adalah nilai secara umum. Zerihun (2011) menyatakan bahwa genotipe yang stabil dan beradaptasi luas berada dekat titik nol atau nilai IPCA mendekati nol. Sedangkan Gauch and Zobel (1988) menyatakan bahwa genotipe dikatakan spesifik lokasi apabila berada jauh dari titik nol.

Hasil analisis AMMI (Tabel 4) menunjukkan bahwa karakter jumlah umbi di Kabupaten Manokwari dan Biak Numfor memiliki nilai IPCA1 yang lebih kecil dibanding dengan nilai IPCA2. Hal ini menunjukkan bahwa genotipe ubijalar yang di lokasi Manokwari dan Biak Numfor belum memperlihatkan potensi genetik yang sesungguhnya karena pengaruh lingkungan yang besar. Karakter jumlah umbi di Kabupaten Supiori memiliki nilai IPCA1 lebih besar dibanding nilai IPCA2. Skor IPCA1 yang tinggi menunjukkan lokasi berkontribusi terhadap interaksi genotipe dan lingkungan. Hal ini menunjukkan genotipe ubijalar yang ditanam di

Kabupaten Supiori memperlihatkan potensi genetik yang lebih besar dibanding pengaruh lingkungan.

Berdasarkan lokasi secara individu, Manokwari menghasilkan jumlah umbi di atas rata-rata untuk genotipe Oransbari, Kaimana2, Koya6 dan Koya7. Di Biak Numfor, jumlah umbi di atas rata-rata untuk genotipe Amban Pantai, Arfai, Oransbari, Koya3 dan Koya8. Sedangkan di Supiori menghasilkan jumlah umbi di atas rata-rata untuk genotipe Amban Pantai, Arfai, Oransbari, Abepura dan Koya3. Lokasi Biak Numfor dengan nilai rata-rata lingkungan 2,05 dan indeks lingkungan -1,75 mewujudkan potensi yang baik untuk jumlah umbi.

Berdasarkan skor IPCA1 tidak ada genotipe stabil, sedangkan berdasarkan IPCA2 terdapat dua genotipe stabil yaitu SP5 dan Koya3. Zerihun (2011) menyatakan bahwa genotipe stabil dan beradaptasi luas memiliki nilai IPCA berada dekat titik 0, sedangkan genotipe yang berada jauh dari titik 0 adalah genotipe spesifik lokasi. Genotipe Arfai merupakan genotipe terbaik dari semua genotipe yang diuji dengan rata-rata jumlah umbi 3,00. Hal ini menunjukkan variasi terdapat pada efek utama dan variasi pada interaksi antara varietas dan lingkungan.

Gambar 1 menunjukkan efek utama (Genotipe & Lokasi) IPCA1 menyumbang 81,6% dan IPCA2 menyumbang 18,4% sehingga AMMI bi-plot memberikan model yang sesuai dari 100%, yang memungkinkan untuk menafsirkan efek utama dan

Tabel 4. Nilai IPCA1 dan IPCA2 karakter jumlah ubi ekonomi pada 3 lokasi

Genotipe	Rata-rata	IPCA1	IPCA2
(1)Amban pantai	2.47	0.37	-0.14
(2)Arfai	3.00	0.89	0.31
(3)SP5	0.66	0.49	0.04
(4)Oransbari	2.63	-0.27	0.16
(5)Kaimana2	1.40	-0.81	-0.39
(6)Abe	2.22	0.17	-1.19
(7)Koya1	1.33	-0.25	0.12
(8)Koya3	1.66	1.06	-0.02
(9)Koya5	1.22	-0.13	0.11
(10)Koya6	1.66	-0.63	0.16
(11)Koya7	2.00	-1.01	0.21
(12)Koya8	1.97	0.13	0.60
Rata2	1.68		
Manokwari	2.05	-1.75	0.09
Biak Numfor	1.65	0.99	0.99
Supiori	1.85	0.75	-1.09

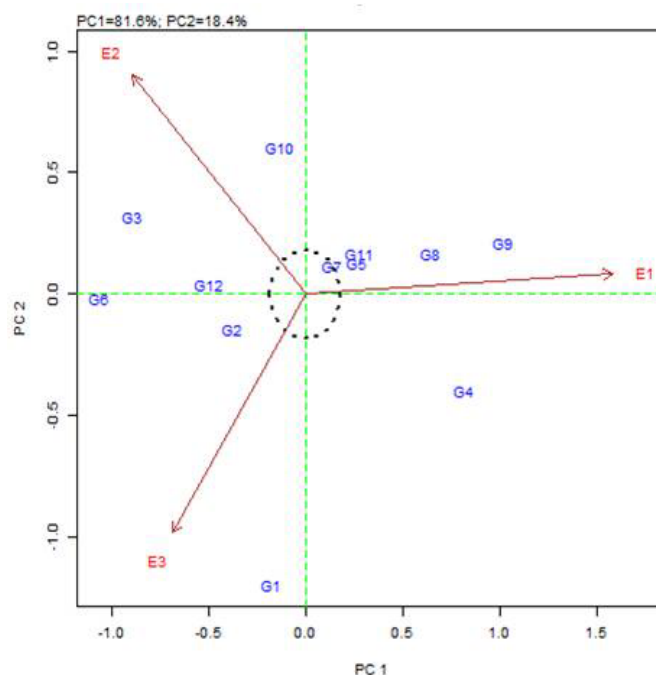
interaksi. Genotipe stabil akan menunjukkan penampilan yang sama di berbagai lingkungan. Genotipe stabil akan menunjukkan respons yang sama pada kondisi lingkungan yang berbeda sehingga mampu mempertahankan tampilannya di berbagai lingkungan.

Visualisasi biplot antara komponen 1 (AMMI1) dan komponen 2 (AMMI2) untuk jumlah ubi berdasarkan Gambar 2 menunjukkan genotipe Koya1 stabil pada tiga lingkungan karena memiliki

posisi titik sebaran yang dekat dengan sumbu X dan Y. Terdapat 4 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Manokwari yaitu Kaimana2, Koya3, Koya5 dan Koya7. Terdapat 3 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Biak Numfor yaitu SP5, Koya6 dan Koya8. Terdapat 3 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Supiori yaitu Amban Pantai, Arfai dan Abepura.

Gambar 1 juga menunjukkan bahwa lingkungan berada pada kuadran yang berbeda. Ini menandakan bahwa tiga lingkungan uji memiliki karakteristik yang membedakan terhadap penampilan genotipe uji. Hal ini berarti bahwa setiap genotipe uji mampu beradaptasi secara luas atau spesifik pada lingkungan uji.

Hasil analisis AMMI (Tabel 5) menunjukkan bahwa karakter bobot umbi di Kabupaten Supiori memiliki nilai IPCA1 lebih kecil dibanding dengan nilai IPCA2. Hal ini menunjukkan bahwa genotipe ubijalar yang memiliki bobot umbi di lokasi Supiori belum memperlihatkan potensi genetik yang sesungguhnya karena pengaruh lingkungan yang besar. Karakter bobot umbi di Kabupaten Manokwari dan Biak Numfor memiliki nilai IPCA1 lebih besar dibanding nilai IPCA2. Skor IPCA1 yang tinggi menunjukkan lokasi berkontribusi terhadap interaksi genotipe dan lingkungan. Hal ini menunjukkan genotipe ubijalar yang ditanam di Kabupaten Manokwari dan Biak Numfor memperlihatkan potensi genetik yang lebih besar dibanding pengaruh lingkungan.

**Gambar 1.** Biplot pengaruh interaksi model AMMI pada karakter jumlah ubi ekonomi 12 genotipe ubi jalar unggul lokal papua di 3 lokasi (kesesuaian model: 100%)

Tabel 5. Nilai IPCA1 dan IPCA2 karakter bobot ubi ekonomi pada 3 lokasi

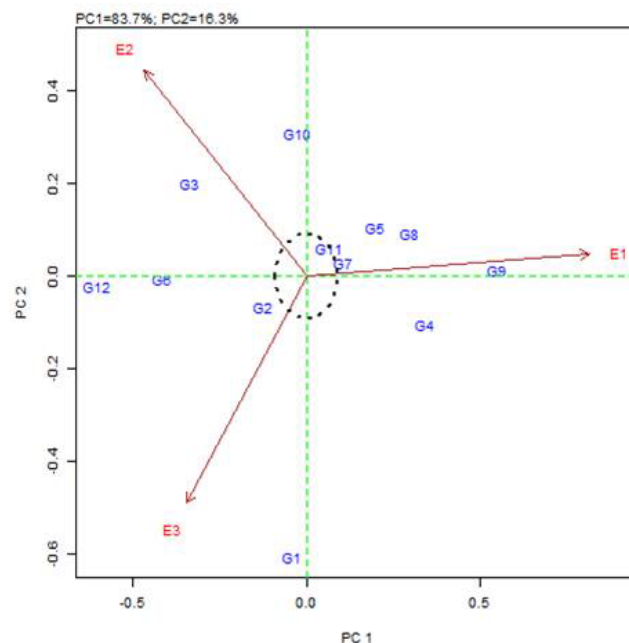
Genotipe	Rata-rata	IPCA1	PCA2
(1)Amban pantai	0.51	0.12	-0.06
(2)Arfai	0.53	0.33	0.20
(3)SP5	0.56	0.60	-0.02
(4)Oransbari	0.60	-0.06	0.06
(5)Kaimana2	0.24	-0.34	-0.10
(6)Abe	0.49	0.04	-0.60
(7)Koya1	0.28	-0.19	0.10
(8)Koya3	0.39	0.41	-0.01
(9)Koya5	0.34	-0.10	0.02
(10)Koya6	0.40	-0.29	0.09
(11)Koya7	0.47	-0.54	0.01
(12)Koya8	0.42	0.02	0.31
Rata2	0.38		
Manokwari	0.42	-0.90	0.05
Biak Numfor	0.42	0.52	0.49
Supiori	0.47	0.38	-0.54

Berdasarkan lokasi secara individu, Manokwari menghasilkan bobot umbi tertinggi di atas rata-rata untuk genotipe Oransbari, Kaimana2, Koya1, Koya, dan Koya7. Biak Numfor menghasilkan bobot ubi ekonomi di atas rata-rata untuk genotipe Amban Pantai, Arfai, SP5, Oransbari, Koya3, dan Koya8. Supiori menghasilkan bobot umbi di atas rata-rata untuk genotipe Amban Pantai, Arfai, SP5, Oransbari, Abepura dan Koya3. Lokasi Supiori dengan nilai rata-rata lingkungan 0,47 dan indeks lingkungan 0,38 mewujudkan potensi yang baik untuk bobot umbi.

Berdasarkan skor IPCA1 terdapat dua genotipe stabil yaitu Abepura dan Koya8, sedangkan berdasarkan IPCA2 terdapat empat genotipe stabil yaitu SP5, Koya3, Koya5 dan Koya7. Genotipe Oransbari merupakan genotipe terbaik dari semua genotipe uji dengan rata-rata bobot umbi 0,60. Hal ini menunjukkan variasi terdapat pada efek utama dan variasi pada interaksi antara genotipe dan lingkungan.

Gambar 2 dalam biplot menunjukkan efek utama (Genotipe & Lokasi) IPCA1 menyumbang 83,7% dan IPCA2 menyumbang 16,3% sehingga AMMI biplot memberikan model yang sesuai dari 100%, yang memungkinkan untuk menafsirkan efek utama dan interaksi. Genotipe stabil akan menunjukkan respons yang sama pada kondisi lingkungan yang berbeda sehingga mampu mempertahankan tampilannya di berbagai lingkungan.

Visualisasi biplot antara komponen 1 (AMMI1) dan komponen 2 (AMMI2) untuk bobot umbi berdasarkan Gambar 2 menunjukkan genotipe Koya1 dan Koya7 stabil pada tiga lingkungan karena posisi titik sebaran yang dekat dengan titik sumbu X dan Y. Terdapat 4 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Manokwari yaitu Oransbari, Kaimana2, Koya3 dan Koya5. Terdapat 2 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Biak Numfor yaitu SP5 dan Koya6. Terdapat 4 genotipe yang beradaptasi spesifik di lokasi Supiori yaitu Amban Pantai, Arfai, Abepura dan Koya8.

**Gambar 2.** Biplot pengaruh interaksi model AMMI pada karakter bobot ubi ekonomi 12 genotipe ubi jalar unggul lokal papua di 3 lokasi (kesesuaian model: 100%)

Gambar 2 juga menunjukkan bahwa lingkungan berada pada kuadran yang berbeda. Hal ini menandakan bahwa tiga lingkungan uji memiliki karakteristik yang membedakan terhadap penampilan genotipe uji. Hal ini berarti bahwa setiap genotipe uji mampu beradaptasi secara luas atau spesifik pada lingkungan uji.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian interaksi genotipe-lingkungan dan stabilitas untuk jumlah umbi dan bobot umbi dapat disimpulkan analisis ragam gabungan menunjukkan pengaruh yang nyata ($p < 0,01$) untuk genotipe, dan interaksi genotipe dan lingkungan. Genotipe yang stabil berdasarkan karakter jumlah umbi adalah SP5, Koya1 dan Koya3, sedangkan genotipe yang stabil berdasarkan karakter bobot umbi adalah SP5, Abepura, Koya1, Koya3, Koya5 dan Koya7.

DAFTAR PUSTAKA

- Adebola PO, Shegro, A., Laurie SM, Zulu LN, Pillay M. 2013. Genotype x environment interaction and yield stability estimate of some sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) breeding lines in South Africa. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 5(9): 182–186. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2013.0387>
- Afuape SO, Nwankwo IIM, Omodamiro RA, Njoku JC, Ogbonna CL, Uzuegbu DC. 2015. Targeted Breeding for Sweetpotato-Based Enterprises: Variability, Genotype-by-Environment Interaction, Heritability and Correlation Studies of Important Sweetpotato Root Processing Quality Traits. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 9(4): 206–217. <https://doi.org/10.3923/ijpbg.2015.206.217>
- Andrade M, Barker I, Cole D, Fuentes S, Grüneberg W, Kapinga R, Kroschel J, Labarta R, Lemaga B, Loechl C, Low J, Ortiz O, Oswald A, Thiele G. 2009. *Unleashing the potential of sweetpotato in Sub-Saharan Africa: Current challenges and way forward*. International Potato Center.
- Caliskan ME, Erturk E, Sogut T, Boydak E, Arioglu H. 2007. Genotype × environment interaction and stability analysis of sweetpotato (*Ipomoea batatas*) genotypes. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 35(1): 87–99. <https://doi.org/10.1080/01140670709510172>
- Daha L. 2011. Rancangan Percobaan untuk Bidang Biologi dan Pertanian. Teori dan Aplikasi. Masagena Press.
- Gaspersz V. 2006. Teknik Analisis dalam Penelitian Percobaan. Tarsito. Bandung
- Gomez KA, Gomez AA. 1995. Prosedur Statistik untuk Penelitian Pertanian. Edisi kedua. Sjamsuddin E, Baharsjah JS (penerjemah), Jakarta (ID): UI pr. Terjemahan dari: *Statistical Procedures for Agricultural Research*
- Haldavanekar PC, Bhavé SG, Kahandekar RG, Kadam SG, Sawant SS. 2011. Stability analysis in sweet potato (*Ipomoea batatas* L.). *Karnataka J. Agric. Sci*, 24(3): 358–361.
- Direktorat Jenderal Tanaman Pangan. 2013. *Laporan Tahunan Direktorat Jenderal Tanaman pangan*. pp. 1–229.
- Karuniawan A, Maulana H. 2020. Identifikasi stabilitas hasil genotipe ubijalar (*Ipomoea batatas* L. (Lam)) harapan baru di tiga lingkungan. *Jurnal Agronomi Indonesia*, 48(3): 235–248. <https://doi.org/10.24831/jai.v48i3.32830>
- Karuniawan A, Waluyo B, Chandria W, Maulana H. 2012. Pengelolaan dan pemanfaatan plasma nutfah ubijalar lokal Jawa Barat. *Seminar Bulanan Vivat Academia Unpad*, 1–13.
- Kathabwalika DM, Chilembwe EHC, Mwale VM, Kambewa D, Njoloma JP. 2013. Plant growth and yield stability of orange fleshed sweet potato (*Ipomoea batatas*) genotypes in three agro-ecological zones of Malawi. *International Research Journal of Agricultural Science and Soil Science*, 3(11): 383–392. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.14303/irjas.2013.120>
- Kivuva BM, Githiri SM, Githiri SM, Yencho GC, Yencho GC, Sibiya J, Sibiya J. 2014. Genotype X environment interaction for storage root yield in sweetpotato under managed drought stress conditions. *Journal of Agricultural Science*, 6(10): 41–56. <https://doi.org/10.5539/jas.v6n10p41>
- Maulana AA, Sumertajaya IM. 2006. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab* (1st ed.). IPB Press.
- Maulana H, Waluyo B, Karuniawan A. 2011. Status budidaya ubijalar varietas Neerkom dan Eno di sentra produksi ubijalar Cilembu Kabupaten Sumedang. *Makalah Disampaikan Pada Seminar Nasional Pemuliaan Berbasis Potensi Dan Kearifan Lokal Menghadapi Tantangan Globalisasi Yang Diselenggarakan Atas Kerjasama Peripi Komda Banyumasan Dan Lembaga Penelitian Dan Pengabdian Kepada Masyarakat Universitas Jenderal Soedirman*, July.
- Mustamu YA, Tjintokohadi K, Gruneberg WJ, Karuniawan A, Ruswandi D. (2018). Selection of Superior Genotype of sweet potato in Indonesia based on stability and adaptability. *Chilean journal of agricultural research* 78(4): 461–469. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392018000300318>
- Mustofa, Bayuardi W, Nindita A, Aswidinnoor H. 2017. Interaksi genotipe x lingkungan karakter hasil dan malai padi sawah di empat lingkungan. *Prosiding Seminar Nasional PERIPI*, 237–245.

- Nurchaya C, Widyasari WB, Yunisari NA. 2021. Stabilitas genetik hasil tebu pada beberapa varietas tebu unggul harapan. *Indonesian Sugar Research Journal*, 1(1): 46–58.
- Petersen, R. G. 1998. *Agricultural Field Experiment: Design and Analysis*. Crc Press. New York
- Prabawardani S, Soplanit A, Syahputra AT, Kossay L, Muid N, Ginting E, Lyons G. 2013. Yield trial and sensory evaluation of sweetpotato cultivars in Highland Papua and West Papua Indonesia. *Journal of Tropical Agriculture*, 51(1-2): 74–83.
- Pratama PA, Noor A. 2021. Interaksi genotip × lingkungan terhadap penampilan vegetatif dan generatif beberapa calon vrietas jagung ketan (*Zea mays* L . var . *ceratina* Kulesh) di Jawa Timur. *Jurnal Produksi Tanaman*, 1: 0–9. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.25723.54567>
- Rahayuningsih A. 2003. Profil varietas unggul ubijalar Sari/ : Beradaptasi luas dan rerumur genjah. *Buletin Palawija*, 67(5): 57–67.
- Setiawati T, Karuniawan A, Supriatun T, Karyono. 2016. Persilangan interspesifik *Ipomoea batatas* (L.) Lam. dengan *I. trifida* (H.B.K.) G. Don. berumbi Asal Citatah, Jawa Barat. *Buletin Kebun Raya* 19(1):11–20.
- Shafii B, Price WJ. 1998. Analysis of genotype-by-environment interaction using the additive main effects and multiplicative interaction model and stability estimates. *Journal of Agricultural, Biological, Adn Environmental Statistics*, 3(3): 335–345.
- Shaumi U, Candria W, Waluyo B, Karuniawan A. 2011. Diversitas genetik ubijalar unggulan hasil pemuliaan tanaman Unpad berdasarkan analisis kluster karakter morfologi. “*Pemanfaatan Sumber Daya Genetik (SDG) Lokal Mendukung Industri Perbenihan Nasional*” Dalam Rangka Purna Bakti Staf Pengajar Pemuliaan Tanaman UNPAD Dan Kongres Perhimpunan Ilmu Pemuliaan Indonesia (PERIPI) Komda Jabar 2011, 10 Desember 2011.
- Wibawa RFC, Trikoesoemaningtyas, Wirnas D. 2021. Interaksi genotipe x lingkungan pada karakter dan komponen hasil galur-galur Sorgum IPB. *Jurnal Agronomi Indonesia* 49(1): 37–44. <https://doi.org/10.24831/jai.v49i1.33668>
- Yan W. 2001. GGE-biplot—A Windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two way data. *Agronomy Journal*, 93(5); 1111–1118.
- Zerihun J. 2011. GGE-biplot Analysis of multi-environment yield trials of barley (*Hordeium vulgare* L.) genotypes in Southeastern Ethiopia Highlands. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5(1): 59–75.

Daya Hasil dan Respons Galur Kacang Tanah terhadap Penyakit Bercak Daun, Karat Daun dan Layu Bakteri *Ralstonia solanacearum*

Productivity and Respons of Groundnut Promising Lines to Leaf Spot, Rust and *Ralstonia solanacearum* Bacterial Wilt

Joko Purnomo¹, A.A. Rahmianna², Eriyanto Yusnawan¹

¹Pusat Riset Tanaman Pangan, Organisasi Riset Pertanian dan Pangan
Badan Riset dan Inovasi Nasional, Cibinong Science Center - Botanical Garden,
Jl. Raya Jakarta-Bogor KM. 46, Cibinong, Bogor, 16911

²Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi, Jalan Raya Kendalpayak Km 8, Malang 65162

*E-mail: ym130177@gmail.com

NASKAH DITERIMA 26 JANUARI 2021 ; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 31 OKTOBER 2022

ABSTRAK

Penyakit bercak daun, karat daun, dan layu bakteri *Ralstonia* merupakan kendala biotik utama pada upaya peningkatan produksi kacang tanah. Oleh karena itu perlu dirakit varietas tahan kendala biotik tersebut. Untuk itu dilakukan evaluasi daya hasil dan respons 18 galur harapan terhadap tiga penyakit utama tersebut. Uji lapang 18 galur harapan dan enam varietas pembanding berdasar rancangan acak kelompok, tiga ulangan dilakukan di Instalasi Penelitian dan Pengkajian Teknologi Pertanian Jember pada musim kemarau 2019. Setiap genotip ditanam pada petak 5 m × 2 m, satu biji/lubang. Pemeliharaan tanaman dilakukan dengan intensif. Pengamatan pertumbuhan vegetatif dan generatif tanaman dilakukan pada lima tanaman contoh pada saat panen. Dilakukan skoring bercak dan karat daun serta insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia*. Hasil uji menunjukkan daya hasil polong beragam antargalur. Daya hasil GH2 (LG5/BK1-B13-240-75) mencapai 4,7 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha; GH6 (BK1/LG5)-B13-29-6 mencapai 5,2 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,2 t/ha; GH10 (BK1/LG5-B13-37-64) mencapai 4,5 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha; dan GH11 (BK1/LG5)-39-65 mencapai 4,7 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha. Keempat galur tersebut juga memiliki skor penyakit bercak daun dan skor karat daun, serta insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* yang rendah atau berstatus tahan sehingga layak disiapkan sebagai calon varietas unggul yang baru.

Kata kunci: *Arachis hypogaea* L., bercak daun, daya hasil, karat daun, layu bakteri *Ralstonia*

ABSTRACT

Rust, leaf spot, and *Ralstonia* bacterial wilt are the main diseases in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). It is very crucial, therefore to create a new variety resistant to these diseases. The evaluation of 18 groundnut promising lines on yield productivity and their responses to the main groundnut diseases are urgently to be conducted. The 18 promising lines together with six checked varieties were arranged in a randomized block design with three replicates. The experiment was

conducted at Research Installation of Iletri located at Jambagede Village of Malang during dry season 2019. Each genotype was planted in a 5 m × 2 m plot size, one seed/hole. The crops were intensively maintained. Vegetative and generative growth parameters were observed at harvest. Scoring was also conducted on leaf spot, rust and disease incidence for *Ralstonia* bacterial wilt. The results revealed the presence of various productivities of the promising lines. GH2 (LG5/BK1-B13-240-75) obtained the highest productivity by 4.7 t/ha of dry pods with average yield of 4.1 t/ha; GH6 (BK1/LG5)-B13-29-6 obtained 5.2 t/ha of dry pods with average yield of 4.2 t/ha; and followed by GH10 (BK1/LG5-B13-37-64) with 4.5 t/ha dry pods with 4.1 t/ha of average yield; and GH11 (BK1/LG5)-39-65 had 4.7 t/ha of productivity with 4.1 t/ha in average. Instead of having high productivities, all these four promising lines had lower scores of leaf spot and rust diseases as well as low disease incidence of *Ralstonia* bacterial wilt. These four genotypes therefore are merit to be proposed as new varieties.

Keywords: *Arachis hypogaea* L., leaf spot, productivity, *Ralstonia* bacterial wilt, rust

PENDAHULUAN

Kemajuan teknologi industri olahan berbahan baku kacang tanah (*Arachis hypogaea* L.) di Indonesia telah meningkatkan kebutuhan kacang tanah melebihi yang dapat diproduksi di dalam negeri. Dalam periode tahun 2015-2019 produksi nasional kacang tanah rata-rata 510 ribu ton biji kering/tahun dengan produktivitas 1,303 t/ha biji kering (setara 2 t/ha polong kering) (data diolah dari BPS tahun 2015-2019). Sementara itu, konsumsi kacang tanah mencapai 658 ribu ton biji kering/tahun (Pusdatin 2016). Oleh karena itu, pemerintah harus mengimpor sekitar 266 ribu ton biji kering/tahun untuk keperluan konsumsi dan bahan baku industri (Pusdatin 2012-2020).

Rendahnya produksi kacang tanah di dalam negeri karena turunnya luas panen dan masih rendahnya produktivitas nasional. Dua hal ini perlu ditingkatkan untuk mengejar kenaikan produksi nasional. Penyebab rendahnya produktivitas kacang tanah antara lain masih digunakannya varietas berdaya hasil rendah, cara budidaya masih beragam antarpetani, penggunaan sarana produksi minimal, serta serangan hama dan infeksi penyakit. Oleh karena itu upaya meningkatkan produksi dengan implementasi teknik intensifikasi perlu dilakukan antara lain melalui penerapan teknik budidaya yang lebih sesuai agroekologi, perbaikan teknik pengendalian jasad pengganggu tanaman, perbaikan pemenuhan kebutuhan hara melalui pemupukan, dan perbaikan sistem perbenihan, serta pemanfaatan varietas unggul baru berdaya hasil tinggi, stabil di ragam lingkungan (Misra 2017, Vabi *et al.* 2019, Heba *et al.* 2021, Bekele *et al.* 2022).

Perubahan iklim akibat pemanasan global berdampak pada pola curah hujan menjadi sangat eratik, tidak merata dan menyebabkan terjadinya cekaman kekeringan. Oleh karena itu, ketersediaan varietas toleran kekeringan, berdaya hasil tinggi, resisten penyakit daun, dan kebernasan polong yang tinggi sangat diperlukan (Naeem-ud-Din *et al.* 2012, Singh *et al.* 2014, Pereira *et al.* 2015, Fahad *et al.* 2017, Gangurde *et al.* 2019). Peningkatan suhu berpeluang memicu perubahan ekobiologi hama atau penyakit tanaman termasuk penyakit bercak daun dan karat daun. Pada kondisi demikian, ketersediaan varietas unggul baru yang memiliki keunggulan ganda yaitu produktivitas tinggi sekaligus toleran terhadap kendala abiotik dan atau kendala biotik, dan berumur genjah, sangat diperlukan (Mohammed *et al.* 2014, Reddy *et al.* 2016).

Penyakit bercak daun akhir dan karat daun, masing-masing disebabkan oleh infeksi cendawan *Cercosporodinium personatum* dan *Puccinia arachidis* adalah kendala biotik utama tanaman kacang tanah di seluruh dunia. Kedua penyakit tersebut berpotensi menimbulkan kehilangan hasil 61-85% ketika infeksi terjadi secara bersamaan (Inayati dan Yusnawan 2016). Penyakit bercak daun dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga 70% pada tingkat infeksi yang parah (Kankam *et al.* 2022). Pengendalian penyakit bercak dan karat daun dilakukan melalui beragam teknik pengelolaan mulai dari teknik budidaya, aplikasi fungisida sistemik, pestisida nabati, dan agensia hayati (Nath *et al.* 2013). Namun aplikasi pupuk nitrogen yang berlebihan akan membuat tanaman lebih sukulen dan rentan terserang penyakit daun tersebut (Kutama *et al.* 2013). Dengan mempertimbangkan dampak penggunaan pestisida kimia pada tanaman

dan pencemaran bahkan kerusakan lingkungan akibat intensifnya pengendalian penyakit daun secara kimiawi, maka pengendalian yang ramah lingkungan menjadi alternatif cara pengendalian yang harus dilakukan. Bahwa pengelolaan penyakit daun melalui ketahanan tanaman inang terhadap infeksi cendawan penyebab penyakit sudah intensif diteliti baik dengan metode pemuliaan konvensional maupun molekuler (Kankam *et al.* 2022). Tersedianya varietas berdaya hasil tinggi, tahan penyakit daun, adaptif di sejumlah lingkungan, serta jaminan benih tersedia akan menjadi teknologi yang murah dan mudah diaplikasi oleh petani (Debele dan Ayalew 2015, Kankam *et al.* 2022).

Karakter penunjang lain yang diharapkan dapat melengkapi karakter varietas unggul baru (VUB) kacang tanah adalah ketahanan terhadap penyakit layu karena serangan bakteri *Ralstonia solanacearum*. Penyakit layu bakteri *Ralstonia* merupakan salah satu penyakit utama tanaman kacang tanah di Indonesia (Nugrahaeni dan Rahaju 2017). Tidak semua dari varietas-varietas unggul kacang tanah yang telah dilepas memiliki ketahanan yang baik terhadap penyakit bercak daun, karat daun, dan layu bakteri. Kacang tanah bertipe Spanish seperti varietas Kancil, Jerapah, Bison, Gajah, yang diminati banyak petani, rata-rata kurang tahan penyakit bercak atau karat daun dibanding yang bertipe Valencia seperti Singa, Turangga, dan Domba (Balitkabi 2016). Oleh karena itu tersedianya kacang tanah tipe Spanish yang memiliki produktivitas tinggi, tahan terhadap penyakit bercak dan atau karat daun dan tahan penyakit layu bakteri *Ralstonia* berpeluang selaras keinginan petani sebagai pengguna teknologi. Tujuan dari penelitian adalah mengevaluasi daya hasil serta respons sejumlah galur harapan berkadar protein/lemak tinggi terhadap kendala biotik yakni penyakit bercak daun, karat daun, dan penyakit layu bakteri *Ralstonia*. Data tersebut sangat bermanfaat untuk melengkapi deskripsi calon VUB.

BAHAN DAN METODE

Penelitian menggunakan 12 genotipe ubijalar lokal Papua koleksi Penelitian lapang dilaksanakan di Instalasi Penelitian dan Pengkajian Teknologi Pertanian (IP2TP) Jambegede di Kabupaten Malang, Jawa Timur pada musim kemarau mulai bulan Juni hingga September tahun 2019. Sebanyak 18 galur harapan kacang tanah dan enam varietas unggul sebagai pembandingan (Tabel 1) ditanam mengikuti Rancangan Acak Kelompok dengan tiga ulangan. Masing-masing genotip ditanam pada petak percobaan berukuran 2 m × 5 m, jarak tanam 40

cm × 10 cm, satu biji/lubang. Penambahan air melalui irigasi dilakukan dengan mempertimbangkan saat kebutuhan tanaman akan air sehingga tanaman tidak layu akibat deraan kekeringan. Pengendalian gulma dilakukan secara manual dengan penyiangan pada 15 dan 30 hari setelah tanam (HST), penyiangan gulma berikutnya dilakukan pada 50 HST. Pemupukan tanaman diberikan sesuai rekomendasi yakni 50 kg Urea + 100 kg SP36 + 50 kg/ha KCl. Pengamatan tinggi tanaman, jumlah polong isi per tanaman, bobot polong isi per tanaman, dan bobot 100 biji diamati pada lima tanaman contoh yang diambil pada saat panen. Hasil polong per hektar dihitung berdasar hasil polong dari petak 10 m².

Respons galur terhadap penyakit bercak daun, karat daun dan layu bakteri *Ralstonia* diketahui dengan membandingkan skor masing-masing penyakit di setiap galur terhadap varietas pembanding. Pada percobaan ini, tidak dilakukan inokulasi buatan karena diyakini penyakit bercak daun, karat daun dan layu bakteri *Ralstonia* merupakan penyakit utama kacang tanah di semua lahan permanen tanaman kacang tanah di Indonesia. Skor intensitas penyakit bercak daun dan karat daun diamati mengikuti Subrahmanyam *et al.* (1995) (Tabel 2) dan insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* diamati mengikuti Lieu *et al.* (1998).

Pengamatan insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* dilakukan sejak tanaman berumur 14 hari sampai umur 84 hari dengan interval waktu satu (1) minggu. Pengamatan penyakit ini didasarkan atas insiden penyakit (*disease incidence*) pada tanaman yang diekspresikan dengan daun menjadi layu. Terdapat lima nilai skor tingkat kelayuan daun sebagai berikut (Lieu *et al.* 1998):

- 1 = tanaman sehat
- 2 = satu tangkai (daun) layu

- 3 = layu pada 2-3 tangkai daun
- 4 = layu pada 4 atau lebih tangkai daun
- 5 = layu total atau tanaman mati

Insiden penyakit layu dihitung dengan rumus sebagai berikut:

$$IP = \frac{\sum(n_i x v_i)}{V \times N} \times 100\%$$

Keterangan:

IP = insiden penyakit (%)

n_i = jumlah tangkai layu pada setiap nilai skor

v_i = nilai skor

V = nilai skor tertinggi

N = jumlah total tangkai yang diamati

Kategori ketahanan tanaman dibedakan menjadi enam (6) kelompok mengikuti Lieu *et al.* (1998) yaitu Sangat Tahan (ST): IP = 0 – 10%; Tahan (T): IP = 10 – 20%; Agak Tahan (AT): IP = 20 – 30%; Agak Rentan (AR): IP = 30 – 40%; Rentan (R): IP = 40 – 50%; dan Sangat Rentan (SR): IP = 50 – 100%.

Data yang diperoleh dianalisis ragam menggunakan Program MStatC versi 1.4 yang dikembangkan oleh Crop and Soil Sciences Department, Michigan State University. Apabila data berbeda nyata antargenotipe pada suatu parameter pengamatan maka dilanjutkan dengan uji jarak Duncan pada taraf uji 5%.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil analisis ragam dengan taraf uji 5% menunjukkan bahwa galur berpengaruh nyata hingga sangat nyata pada parameter pertumbuhan seperti tinggi tanaman, umur masak, juga pada

Tabel 1. Daftar galur yang digunakan untuk uji respons terhadap penyakit bercak daun, karat daun, dan layu bakteri *Ralstonia*

Kode galur	Nama Galur	Tipe Tumbuh	Kode galur	Nama Galur	Tipe Tumbuh
GH1	BK10/LG5-295-50	Spanish	GH13	LG5/BK1-182-71	Spanish
GH2	LG5/BK1-B13-240-75	Spanish	GH14	BK10/LG5-130-57	Spanish
GH3	LG5/BK1-192-72	Spanish	GH15	LG5/BK1-175-87	Spanish
GH4	LG5/BK1-77-20	Spanish	GH16	BK1/LG5-32-14	Spanish
GH5	LG5/BK10-89-68	Spanish	GH17	BK1/LG5- B13-32-7	Spanish
GH6	BK1/LG5- B13-29-6	Spanish	GH18	LG5/BK1-171-69	Spanish
GH7	BK1/LG5- B13-12-2	Spanish	GH19	Katana 1 (Cek 1)	Spanish
GH8	BK10/LG5-141-60	Spanish	GH20	Hypoma 1 (Cek 2)	Spanish
GH9	BK1/LG5-B13-6-1	Spanish	GH21	Katana 2 (Cek 3)	Valencia
GH10	BK1/LG5-B13-37-64	Spanish	GH22	Litbang G5 (Cek 4)	Spanish
GH11	BK1/LG5-39-65	Spanish	GH23	Bima (Cek 5)	Valencia
GH12	BK1/LG5-34-63	Spanish	GH24	Turangga (Cek 6)	Valencia

Tabel 2. Kriteria ketahanan tanaman terhadap karat dan bercak daun menurut Subrahmanyam *et al.* (1995)

Penyakit Karat	Skor	Penyakit bercak	Tingkat kerusakan (%)
Tidak ada serangan	1 (Sangat Tahan)	Tidak ada serangan	0
Pustul kecil, jarang, pada daun bagian bawah	2 (Sangat Tahan)	Bercak sebagian besar di daun bagian bawah, daun belum luruh	1 - 5
Pustul jarang, pada daun bagian bawah, mulai terjadi nekrosis, sedikit pustul pada daun di bagian tengah	3 (Tahan)	Bercak banyak terjadi di daun bagian bawah, sedikit di bagian tengah, daun tertua mulai luruh	6 - 10
Sejumlah pustul besar dan kecil di daun bagian bawah dan tengah, terjadi nekrosis di daun bagian bawah	4 (Tahan)	Bercak terjadi di daun bagian bawah dan tengah tetapi kerusakan lebih banyak di bagian bawah, beberapa daun di bagian bawah luruh	11 - 20
Nekrosis berat di daun bagian bawah dan tengah, pustul mulai mencapai daun pucuk tingkat ringan	5 (Agak Tahan)	Bercak terjadi di daun bagian bawah dan tengah, 50% atau lebih daun bagian bawah luruh	21 - 30
Kerusakan berat di daun bagian bawah, nekrosis di daun bagian tengah dengan pustul yang rapat, pustul mencapai daun pucuk	6 (Agak Rentan)	Bercak berat di daun bagian bawah dan tengah, bercak ringan mulai di daun pucuk. Daun bagian bawah luruh berat, luruh tengah luruh ringan	31 - 40
Kerusakan berat di daun bagian bawah dan tengah, pustul rapat terjadi di daun pucuk	7 Rentan	Bercak terjadi pada seluruh daun tetapi agak ringan di daun pucuk. Seluruh daun bagian bawah luruh dan beberapa daun luruh di bagian tengah	41 - 60
100% daun bagian bawah dan tengah rusak, pustul dan nekrosis mencapai daun pucuk	8 Rentan	seluruh daun bagian bawah dan tengah luruh, bercak berat di bagian pucuk, dan sebagian daun pucuk luruh	61 - 80
Seluruh daun rusak dan mengering	9 Sangat Rentan	Hampir seluruh daun luruh tinggal batang, beberapa daun pucuk masih melekat di batang tetapi pada tingkat kerusakan berat.	81 - 100

parameter hasil seperti bobot polong kering, bobot 100 biji, dan jumlah polong per tanaman (Tabel 3). Faktor galur menunjukkan respons beragam terhadap penyakit bercak daun dan penyakit karat daun pada 60 dan 90 HST, serta terhadap insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia*. Keragaman parameter pertumbuhan, parameter hasil, dan tanggap terhadap kendala biotik tersebut mengindikasikan adanya keragaman yang tinggi antargalur materi uji (Thakur *et al.* 2013). Hal tersebut merupakan peluang yang baik bagi pemulia untuk mengidentifikasi macam karakter galur ke arah tujuan pemuliaan tanaman, yang kemudian diintegrasikan dengan produktivitas galur serta respons galur terhadap ketiga penyakit utama yakni bercak daun, karat daun dan layu bakteri *Ralstonia*.

Daya Hasil Galur

Hasil polong kering tertinggi (>5 t/ha) dan sekaligus lebih tinggi dari hasil polong kering semua varietas cek dicapai oleh GH5, GH6, dan GH9. Sedangkan hasil tertinggi dari galur-galur yang lain

masih setara dengan varietas cek Katana 1, Hypoma 1, Katana 2, Bima, dan Turangga. Tidak satupun galur memberikan hasil polong lebih rendah dari Var. Litbang Garuda 5 (Tabel 4).

Rata-rata hasil polong kering tertinggi adalah 4,5 t/ha dan terendah adalah 3,0 t/ha, masing-masing dicapai varietas pembandingan Katana 1 dan Litbang Garuda 5 (Tabel 4). Sebanyak empat galur (GH2, GH6, GH10, GH11) dan dua varietas (Hypoma 1 dan Turangga) menunjukkan produktivitas antara 4,0 – 4,2 t/ha polong kering setara dengan yang dihasilkan Var. Katana 1. Galur-galur uji yang lain menghasilkan rata-rata polong kering nyata lebih rendah dari Var. Katana 1, namun setara dengan hasil polong kering lima varietas pembandingan yang lain (Tabel 4). Dari uji ini GH2, GH6, GH10 dan GH11 diunggulkan berdasar produktivitas rata-rata yang tinggi yaitu berkisar antara 4,0 – 4,2 t/ha.

Tabel 3. Nilai kuadrat tengah sidik ragam untuk parameter pertumbuhan dan hasil galur

Parameter	Nilai kuadrat tengah		
	Ulangan	Galur	KK (%)
Bobot polong kering (t/ha)	0,38*	2,36**	13,5
Bobot 100 biji (g)	2778,0**	242,8*	7,93
Umur masak (hari)	48,1tn	56,6*	5,9
Tinggi tanaman (cm)	118tn	62,8**	8,4
Jumlah polong isi per tanaman	53,4**	186,7**	16,1
Skor penyakit bercak daun 60 HST	33,3**	0,45**	8,12
Skor penyakit karat daun 60 HST	37,9**	0,63**	21,3
Skor penyakit bercak daun 90 HST	4,8	2,4*	24,3
Skor penyakit karat daun 90 HST	9,1	2,1*	31,5

*, **, tn: nyata, sangat nyata, tidak nyata pada uji F 0,05, KK: koefisien keragaman

Tabel 4. Keragaan hasil polong kering 18 galur dan 6 varietas cek. IP2TP Jambegede, MT Juni-September 2019.

Kode	Nama Galur	Kisaran hasil polong kering (t/ha)	Rata-rata hasil polong kering (t/ha)
GH1	BK10/LG5-295-50	3,2 - 4,6	3,9 bcd
GH2	LG5/BK1-B13-240-75	2,8 - 4,7	4,1 abcd
GH3	LG5/BK1-192-72	3,1 - 4,5	3,8 bcd
GH4	LG5/BK1-77-20	3,4 - 4,7	3,9 bcd
GH5	LG5/BK10-89-68	2,9 - 5,1	3,8 bcd
GH6	BK1/LG5- B13-29-6	3,0 - 5,2	4,2 ab
GH7	BK1/LG5- B13-12-2	3,1 - 4,5	3,7 bcd
GH8	BK10/LG5-141-60	2,9 - 4,5	3,6 cd
GH9	BK1/LG5-B13-6-1	2,7 - 5,2	3,9 bcd
GH10	BK1/LG5-B13-37-64	3,7 - 4,5	4,1 abcd
GH11	BK1/LG5-39-65	3,5 - 4,7	4,1 abcd
GH12	BK1/LG5-34-63	2,8 - 4,6	3,8 bcd
GH13	LG5/BK1-182-71	2,8 - 4,4	3,6 bcd
GH14	BK10/LG5-130-57	3,3 - 4,4	3,7 bcd
GH15	LG5/BK1-175-87	2,6 - 4,5	3,7 bcd
GH16	BK1/LG5-32-14	3,3 - 4,3	3,8 bcd
GH17	BK1/LG5- B13-32-7	3,3 - 4,3	3,9 bcd
GH18	LG5/BK1-171-69	3,9 - 4,7	3,6 cd
GH19	Katana 1 (Cek 1)	2,9 - 4,6	4,5 a
GH20	Hypoma 1 (Cek 2)	2,9 - 4,9	4,1 abc
GH21	Katana 2 (Cek 3)	3,1 - 4,5	3,9 bcd
GH22	Litbang Garuda 5 (Cek 4)	3,0 - 3,9	3,0 d
GH23	Bima (Cek 5)	2,7 - 3,9	3,5 cd
GH24	Turangga (Cek 6)	2,9 - 4,4	4,0 ab

Keterangan: Angka satu kolom yang bermotasi huruf sama tidak berbeda nyata pada uji Duncan 5%

Respons Galur terhadap Penyakit Bercak Daun, Karat Daun dan Layu Bakteri *Ralstonia*

Penyakit bercak daun dan karat daun telah menjadi penyakit penting kacang tanah karena hampir selalu ada pada setiap pertanaman kacang tanah di seluruh dunia. Hasil skoring penyakit bercak daun dan karat daun pada 60 dan 90 HST menunjukkan bahwa skor kedua penyakit meningkat untuk semua genotip yang diuji (Tabel 5). Skor penyakit bercak daun meningkat dari 1,6 – 2,2 pada

60 HST menjadi 3,1 – 4,4 pada 90 HST. Hal yang sama juga terjadi pada skor penyakit karat daun, dari 1,6 – 2,3 menjadi 2,7 – 5,7 pada pengamatan 60 dan 90 HST. Pada 90 HST, 18 galur uji mempunyai skor 3 – 4 yang berarti berstatus tahan penyakit bercak daun, kecuali Var. Litbang Garuda 5 dan Bima dengan status agak tahan. Demikian pula, skor penyakit karat daun 18 galur uji juga berstatus tahan kecuali Var. Katana 1 dengan status agak tahan, dan Litbang Garuda 5 dan Bima berstatus agak rentan (Tabel 5).

Galur-galur GH2, GH6, GH10 dan GH11 yang mempunyai daya hasil tinggi dan setara dengan varietas cek Katana 1, Hypoma 1 dan Turangga mempunyai skor penyakit bercak daun dan karat daun cukup rendah, masing-masing antara 3,3 – 3,4, dan 3,1 – 3,7 sehingga keempat galur tersebut mempunyai status tahan terhadap kedua penyakit daun (Subrahmanyam *et al.* 1995). Di sisi lain Varietas cek Hypoma 1 dan Katana 1 berstatus agak tahan terhadap penyakit karat daun dengan skor masing-masing 4,6 dan 4,7 saat pengamatan pada 90 HST. Bahkan Var. Litbang Garuda 5 dan Bima mempunyai skor masing-masing 5,7 mempunyai status agak rentan terhadap penyakit karat daun. Infeksi cendawan *Cercospora* pada Varietas Litbang Garuda 5 dan Bima menyebabkan skor penyakit bercak daun 4,2 – 4,4 sehingga kedua varietas cek mempunyai status agak tahan (Subrahmanyam *et al.* 1995). Dengan skor kedua penyakit daun yang lebih rendah, maka galur berproduktivitas tinggi GH2, GH6, GH10 dan GH11 mempunyai respons lebih tahan dibanding varietas cek. Varietas Turangga adalah kacang tanah dengan tipe Valencia mem-

punyai skor paling rendah untuk kedua penyakit daun (Tabel 5). Hal ini sejalan dengan Rahmianna dan Yusnawan (2016) yang melaporkan bahwa kacang tanah bertipe Valencia lebih tahan infeksi cendawan *Cercospora* dan *Puccinia* karena mempunyai daun yang lebih tebal dibanding kacang tanah bertipe Spanish.

Penelitian yang dilaksanakan pada musim kemarau ini menunjukkan skor penyakit bercak daun pada 18 galur dan 6 varietas yang diuji umumnya lebih rendah dibanding skor penyakit karat (Tabel 5). Hal ini didukung oleh hasil penelitian Uge *et al.* (2020). Sebaliknya, pada pertanaman kacang tanah di musim hujan, penyakit bercak daun lebih dominan daripada penyakit karat daun (Rahmianna dan Yusnawan 2016). Kanade *et al.* (2015) melaporkan bahwa penyakit bercak daun berkorelasi positif dengan jumlah hari dan curah hujan, sedangkan penyakit karat daun berkorelasi positif dengan lama penyinaran matahari, dimana masing-masing berhubungan dengan musim hujan dan kemarau. Gaikpa *et al.* (2015) melaporkan bahwa pada lahan dengan intensitas penyakit bercak

Tabel 5. Skor penyakit bercak daun dan skor penyakit karat daun pada 60 dan 90 hari setelah tanam (HST). IP2TP Jampegede, MT Juni-September 2019

Kode	Genotip	Bercak daun*)			Karat daun*)		
		60 HST	90 HST	Status	60 HST	90 HST	Status
GH1	BK10/LG5-295-50	1,7 d	4,0 a	T	1,7 d	3,8 b	T
GH2	LG5/BK1-B13-240-75	1,7 d	3,4 abc	T	1,8 bcd	3,6 b	T
GH3	LG5/BK1-192-72	1,7 d	3,2 bc	T	1,9 bcd	3,2 b	T
GH4	LG5/BK1-77-20	1,6 d	3,4 abc	T	1,9 bcd	3,6 b	T
GH5	LG5/BK10-89-68	1,6 d	3,2 bc	T	1,6 d	3,2 b	T
GH6	BK1/LG5- B13-29-6	1,6 d	3,3 bc	T	1,7 cd	3,1 b	T
GH7	BK1/LG5- B13-12-2	1,8 bcd	3,4 abc	T	1,7 cd	3,1 b	T
GH8	BK10/LG5-141-60	1,7 d	3,2 bc	T	1,9 bcd	3,2 b	T
GH9	BK1/LG5-B13-6-1	2,1 abc	3,3 abc	T	1,9 bcd	3,1 b	T
GH10	BK1/LG5-B13-37-64	1,7 d	3,4 abc	T	1,9 bcd	3,7 b	T
GH11	BK1/LG5-39-65	1,7 d	3,3 bc	T	1,8 bcd	3,1 b	T
GH12	BK1/LG5-34-63	1,7 d	3,4 abc	T	1,9 bcd	3,3 b	T
GH13	LG5/BK1-182-71	1,7 d	3,6 abc	T	2,1 abc	3,4 b	T
GH14	BK10/LG5-130-57	1,7 d	3,3 bc	T	1,7 d	3,3 b	T
GH15	LG5/BK1-175-87	1,7 d	3,3 abc	T	1,8 bcd	3,5 b	T
GH16	BK1/LG5-32-14	1,8 cd	3,1 c	T	1,6 d	2,9 b	T
GH17	BK1/LG5- B13-32-7	1,8 cd	3,7 abc	T	1,9 bcd	3,7 b	T
GH18	LG5/BK1-171-69	1,8 cd	3,6 abc	T	1,7 cd	3,7 b	T
GH19	Katana 1 (Cek 1)	2,1 ab	3,8 ab	T	2,2 ab	4,6 a	AT
GH20	Hypoma 1 (Cek 2)	2,2 a	3,8 ab	T	2,3 a	4,7 a	AT
GH21	Katana 2 (Cek 3)	2,0 ab	3,7 ab	T	1,9 bcd	3,6 b	T
GH22	Litbang G5 (Cek 4)	2,3 ab	4,4 a	AT	2,2 abc	5,7 a	AR
GH23	Bima (Cek 5)	2,3 ab	4,2 a	AT	2,2 abc	5,7 a	AR
GH24	Turangga (Cek 6)	1,6 d	2,8 d	T	1,8 cd	3,4 b	T

Keterangan: Angka satu kolom yang bernotasi huruf sama tidak berbeda nyata pada uji Duncan 5%. *) skor 1-2: sangat tahan (ST); skor 3-4: Tahan (T); skor 5: Agak tahan (AT); skor 6: agak rentan (AR); skor 7-8: Rentan (R); skor 9: sangat rentan (SR) (Subrahmanyam *et al.* 1995).

daun yang tinggi, maka hasil polong tinggi diperoleh oleh varietas-varietas dengan status agak tahan terhadap penyakit bercak daun. Chaudari *et al.* (2019) melaporkan bahwa genotip tahan bercak (skor 2,3 – 3,0) dan karat daun (skor 2,0 – 3,0) mampu meningkatkan hasil polong 77 sampai 120% dari genotip rentan bercak dan karat daun dengan skor masing-masing 7,0 dan 6,7 pada pengamatan 90 HST. Lebih lanjut disampaikan oleh Chu *et al.* (2019) adanya alel resisten pada dua lokus yang mampu melindungi tanaman dari kehilangan hasil akibat infeksi cendawan *Cercospora*. Sedangkan Varshney *et al.* (2014) melaporkan terjadinya peningkatan hasil antara 56 – 96% pada genotip tahan dibanding salah satu tetua yang peka penyakit karat daun.

Insiden penyakit (IP) layu bakteri *Ralstonia* 18 galur di lokasi pengujian IP2TP Jambegede pada 56, 70 dan 84 HST di bawah 10% kecuali pada GH5, GH14 dan GH16 dengan IP > 10% (Tabel 6). Insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* pada varietas cek Litbang Garuda 5, Bima, dan Turangga ternyata lebih tinggi dari 18 galur yang diuji. Kecuali GH5, GH14 dan GH16 yang mempunyai IP > 10%

dan mempunyai status tahan, pada kondisi pengujian lapang tersebut 15 galur uji yang lain mempunyai status sangat tahan terhadap infeksi bakteri layu *Ralstonia* dengan IP < 10%. Varietas-varietas cek yaitu Katana 1, Hypoma 1, dan Katana 2 mempunyai status sangat tahan dengan IP antara 0 – 8%, Var. Turangga mempunyai status tahan dengan IP 12%, Litbang Garuda 5 pada status agak rentan (IP 39%), dan Bima dengan IP 44% mempunyai status rentan menurut Lieu *et al.* (1998) (Tabel 6). Galur unggulan produktivitas tinggi, yaitu GH2, GH6, GH10 dan GH11 mempunyai insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* < 10% pada tiga saat pengamatan, sehingga mempunyai kriteria sangat tahan (Tabel 6). Pada pengujian di lahan kering tadah hujan di Kab. Banjarnegara, Var. Turangga mempunyai kriteria agak rentan terhadap insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* (Rahmianna dan Yusnawan 2016). Pada penelitian tersebut, insiden penyakit dihitung menggunakan kriteria persen jumlah tanaman mati karena infeksi bakteri *Ralstonia solanacearum* terhadap jumlah tanaman total mengikuti Machmud dan Rais (1994).

Tabel 6. Insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* dan kriteria galur-galur kacang tanah pada 56, 70, dan 84 hari setelah tanam (HST). IP2TP Jambegede, MT 2019

Kode	Galur	56 HST		70 HST		84 HST	
		IP(%)	Kriteria	IP(%)	Kriteria	IP(%)	Kriteria
GH1	BK10/LG5-295-50	5	ST	5	ST	5	ST
GH2	LG5/BK1-B13-240-75	4	ST	8	ST	8	ST
GH3	LG5/BK1-192-72	4	ST	4	ST	4	ST
GH4	LG5/BK1-77-20	4	ST	4	ST	4	ST
GH5	LG5/BK10-89-68	13	T	13	T	13	T
GH6	BK1/LG5- B13-29-6	6	ST	6	ST	6	ST
GH7	BK1/LG5- B13-12-2	5	ST	5	ST	5	ST
GH8	BK10/LG5-141-60	8	ST	8	ST	8	ST
GH9	BK1/LG5-B13-6-1	8	ST	8	ST	8	ST
GH10	BK1/LG5-B13-37-64	5	ST	5	ST	5	ST
GH11	BK1/LG5-39-65	1	ST	1	ST	1	ST
GH12	BK1/LG5-34-63	4	ST	4	ST	4	ST
GH13	LG5/BK1-182-71	8	ST	8	ST	8	ST
GH14	BK10/LG5-130-57	17	T	17	T	17	T
GH15	LG5/BK1-175-87	5	ST	5	ST	5	ST
GH16	BK1/LG5-32-14	17	T	17	T	17	T
GH17	BK1/LG5- B13-32-7	9	ST	9	ST	9	ST
GH18	LG5/BK1-171-69	8	ST	8	ST	8	ST
GH19	Katana 1 (Cek 1)	0	ST	0	ST	0	ST
GH20	Hypoma1 (Cek 2)	8	ST	8	ST	8	ST
GH21	Katana 2 (Cek 3)	8	ST	8	ST	8	ST
GH22	Litbang G5 (Cek 4)	0	ST	11	T	39	AR
GH23	Bima (Cek 5)	8	ST	44	R	44	R
GH24	Turangga (Cek 6)	0	ST	12	T	12	T

Keterangan: IP: Insiden penyakit. 0 – 10%: Sangat Tahan (ST); 10 – 20%: Tahan (T); 20 – 30%: Agak Tahan (AT); 30 – 40%: Agak Rentan (AR); 40 – 50%: Rentan (R); 50 – 100%: Sangat Rentan (SR) (Lieu *et al.* 1998)

Tabel 7. Tinggi tanaman, jumlah polong per tanaman, umur masak, dan bobot 100 biji. IP2TP Jambegede, MT 2019.

Kode	Galur	Tinggi tanaman (cm)	Jumlah polong isi/tanaman	Umur masak (HST)	Bobot 100 biji(g)
GH1	BK10/LG5-295-50	56,8 ab	37,6 a	95,5 ab	55,1 bcde
GH2	LG5/BK1-B13-240-75	53,6 abc	31,0 bc	95,5 ab	64,4 a
GH3	LG5/BK1-192-72	52,2 c	31,4 bc	101,9 a	57,1 bcd
GH4	LG5/BK1-77-20	55,1 abc	33,3 abc	98,3 ab	52,6 def
GH5	LG5/BK10-89-68	54,9 abc	35,9 ab	98,2 ab	49,1 f
GH6	BK1/LG5- B13-29-6	57,6 ab	31,9 bc	98,7 ab	51,5 ef
GH7	BK1/LG5- B13-12-2	55,9 abc	34,1 abc	95,6 ab	55,7 bcde
GH8	BK10/LG5-141-60	55,2 abc	34,9 abc	97,7 ab	53,1 cdef
GH9	BK1/LG5-B13-6-1	56,2 abc	35,2 abc	98,9 ab	63,7 a
GH10	BK1/LG5-B13-37-64	55,2 abc	33,9 abc	99,3 ab	56,2 bcde
GH11	BK1/LG5-39-65	55,3 abc	31,2 bc	98,2 ab	53,5 cdef
GH12	BK1/LG5-34-63	56,1 abc	33,1 abc	102,1 a	55,4 bcde
GH13	LG5/BK1-182-71	56,2 abc	35,1 abc	97,8 ab	55,2 bcde
GH14	BK10/LG5-130-57	54,3 abc	33,9 abc	98,1 ab	55,6 bcde
GH15	LG5/BK1-175-87	53,0 bc	34,2 abc	97,7 ab	54,7 bcde
GH16	BK1/LG5-32-14	56,9 ab	30,7 bc	97,1 ab	52,9 cdef
GH17	BK1/LG5- B13-32-7	57,0 ab	29,6 c	98,9 ab	54,2 bcde
GH18	LG5/BK1-171-69	53,6 abc	32,5 abc	93,1 b	57,3 bc
GH19	Katana 1 (Cek 1)	53,8 abc	36,3 ab	96,6 ab	52,3 ef
GH20	Hypoma 1 (Cek 2)	53,4 abc	30,2 c	92,3 bc	45,1 f
GH21	Katana 2 (Cek 3)	52,0 c	34,7 abc	95,3 ab	49,2 ef
GH22	Litbang G5 (Cek 4)	50,3 d	30,2 bc	94,5 b	50,7 ef
GH23	Bima (Cek 5)	55,7 abc	29,8 bc	90,6 c	47,5 ef
GH24	Turangga (Cek 6)	58,2 a	28,3 d	103,6 a	50,7 ef

Keterangan : Angka satu kolom yang bemosasikan huruf sama tidak berbeda nyata pada uji Duncan 5%

Galur GH2, GH6, GH10, dan GH11 mempunyai produktivitas rata-rata yang tinggi (Tabel 4). Hal ini kemungkinan didukung oleh unggulnya satu atau beberapa komponen pertumbuhan vegetatif dan generatif seperti tinggi tanaman, jumlah polong isi/tanaman, umur masak, dan bobot 100 biji (Tabel 7). Tinggi tanaman keempat galur tersebut setara dengan tinggi varietas cek kecuali Var. Litbang Garuda 5 yang tumbuh paling pendek. Jumlah polong isi per tanaman keempat galur juga sama dengan jumlah polong varietas cek kecuali dengan Var. Turangga yang mempunyai jumlah polong paling sedikit. Umur masak keempat galur antara 95 – 102 HST dan sama dengan umur masak varietas cek, kecuali dengan Var. Bima yang mempunyai umur lebih genjah. Dalam hal ukuran biji yang dinyatakan dalam bobot 100 biji, dua galur (GH2, dan GH10) mempunyai bobot 100 biji lebih tinggi dari semua varietas pembanding, sedangkan GH6 dan GH11 mempunyai ukuran biji sama dengan semua varietas cek. Bobot 100 biji GH2, dan GH10 masing-masing 64,4 g dan 56,2 g (Tabel 7) sehingga dikategorikan mempunyai biji berukuran besar karena bobot 100 biji >55 g (TPPV 2013).

Keunggulan karakter agronomi tersebut sangat mungkin karena keempat galur unggulan GH2, GH6, GH10, dan GH11 mempunyai status tahan terhadap infeksi *C. personatum* dan *P. arachidis*, penyebab penyakit bercak daun dan karat daun (Tabel 5), dan sangat tahan terhadap insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* (Tabel 6). Dikemukakan oleh inayati dan Yusnawan (2016) bahwa genotip tahan menghasilkan senyawa penghambat fenolik maupun flavonoid yang berperan dalam mekanisme pertahanan tanaman terhadap serangan pathogen. Gaikpa *et al.* (2015) menerangkan bahwa rendahnya hasil polong pada kacang tanah dengan intensitas penyakit bercak daun yang tinggi karena pathogen *Cercospora* mampu menghasilkan senyawa cercosporin yang menyebabkan terjadinya peroksidasi lemak dan merusak pigmen fotosintesis pada jaringan tanaman, serta cendawan merusak stomata daun.

KESIMPULAN

Hasil uji lapang menunjukkan sejumlah galur mampu berproduktivitas atau mempunyai daya hasil setara dengan produktivitas varietas pembanding.

Daya hasil galur GH2 (LG5/BK1-B13-240-75) mencapai 4,7 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha; galur GH6 (BK1/LG5)-13-29-6) mencapai hasil 5,2 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,2 t/ha, galur GH10 (BK1/LG5-B13-37-64) mencapai hasil 4,5 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha, dan galur GH11 (BK1/LG5)-39-65) mencapai hasil 4,7 t/ha polong kering dengan rata-rata 4,1 t/ha. Disamping produktivitas tinggi, keempat galur tersebut memiliki skor penyakit bercak daun dan skor karat daun, serta insiden penyakit layu bakteri *Ralstonia* yang rendah atau berstatus tahan sehingga layak disiapkan sebagai calon varietas unggul yang baru.

DAFTAR PUSTAKA

- Balitkabi [Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi]. 2016. Deskripsi Varietas Unggul Aneka Kacang dan Umbi. Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi. Malang. 218 p.
- Bekele G, Dechassa N, Tana T. 2022. Effect of inorganic and organic fertilizers on productivity of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) varieties in East Hararghe, Eastern Ethiopia. *Oil Crop Science* 7: 112-121.
- BPS [Badan Pusat Statistik] 2015-2019. Produksi, Luas Panen, dan Produktivitas Kacang Tanah di Indonesia. Jakarta: Badan Pusat Statistik Indonesia.
- Chaudari S, Khare D, Patil SC, Sundravardana S, Variath MT, Sudini HK, Manohar SS, Bhat RS, Pasupuleti J. 2019. Genotype $\times$ environment studies on resistance to late leaf spot and rust in genomic selection training population of peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Frontiers in Plant Science* 10:1338. Doi:10.3389/fpls.2019.01338.
- Chu Y, Chee P, Culbreath A, Isleib TG, Holbrook CC, Ozias-Akins P. 2019. Major QTLs for resistance to early and late leaf spot diseases are indentified on chromosomes 3 and 5 in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Frontiers in Plant Science* 10:883. Doi: 10.3389/fpls.2019.00883.
- Debele S, Ayalew A. 2015. Integrated management of *Cercospora* leaf spots of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) through host resistance and fungicides in eastern Ethiopia. *African Journal of Plant Science* 9(2): 82-89.
- Fahad S, Bajwa AA, Nazir U, Anjum SA, Farooq A, Zohaib A, Sadia S, Nasim W, Adkins S, Saud S, Ihsan MZ, Alharby H, Wu C, Wang D and Huang J. 2017. Crop production under drought and heat stress: plant responses and management options. *Front. Plant Sci.* 8:1147. doi: 10.3389/fpls.2017.01147
- Gaikpa DS, Akromah R, Asibuo JY, Kubi ZA, Nyadanu D. 2015. Evaluation of yield and yield components of groundnut genotypes under *cercospora* leaf spots disease pressure. *International Journal of Agronomy and Agricultural Research* 7 (3): 66-75.
- Gangurde SS, Kumar R, Pandey AK, Burow M, Laza HE, Nayak SN, Guo B, Liao B, Bhat RS, Madhuri N, Hemalatha S, Sudini H, Janila P, Latha P, Khan H, Motagi BN, Radhakrishnan T, Puppala N, Varshney RK, Pandey MK. 2019. Climate-smart groundnuts for achieving high productivity and improved quality: current status, challenges, and opportunities. p. 133-172 In: *Genomic Designing of Climate-Smart Oilseed Crops*. Springer International Publishing.
- Heba MN, Rana DS, Choudhary AK, Dass A, Rajanna GA, Pande P. 2021. Improving productivity, quality and biofortification in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) through sulfur and zinc nutrition in alluvial soils of the semi-arid region of India. *Journal of Plant Nutrition* 44(8): 1151-1174.
- Inayati A, Yusnawan E. 2016. Tanggap genotip kacang tanah terhadap penyakit bercak daun *Cercospora* dan karat daun *Puccinia*. *Jurnal Fitopatologi Indonesia* 12(1): 9-18.
- Kanade SG, Shaikh AA, Jaghav JD, Chavan CD. 2015. Influence of weather parameters of tikka (*Cercospora* spp.) and rust (*Puccinia arachidis*) of groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Asian Journal of Environmental Science* 10(1): 39-49.
- Kankam F, Akpatsu IB, Tengey TK. 2022. Leaf spot disease of groundnut: A review of existing research on management strategies. *Cogent Food & Agriculture* 8: 2118650. 7 p.
- Kutama AS., Binta UB, Umar S, Umar ML. 2013. Effects of different levels of nitrogen and phosphorus fertilizers on the growth and disease incidence of groundnut leaf spot caused by *Cercospora arachidicola*. *International Journal of Applied Research and Technology* 2(8): 94 – 100.
- Lieu NV, Long TD, Hong NX. 1998. Germplasm evaluation and breeding for groundnut bacterial wilt in Asia. P. 82-87. In: Pande, Boshou L, Hong NX, Johansen C, Gowda CLL (Eds.). *Proceedings of the fourth working group meeting*. ICRISAT.
- Machmud M, Rais SA. 1994. Status of groundnut bacterial wilt research in Indonesia. In: Mehan VK, McDonald D (eds.). *Groundnut Bacterial Wilt in Asia Proceedings of the Third Working Groups Meeting*. Oil Crop research Insititute. Wuhan, 4-5 July 1994.
- Misra CM. 2017. Trends in area production and productivity of groundnut in India: issues & challenges. *Journal of Research in Agriculture and Animal Science* 4(7): 01-06.
- Mohammed H, Kutama A, Auyo SMI, Umar S, Umar ML. 2014. Screening of some varieties of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) against rosette disease in

- Nigerian Sudan savanna. plant 2014; 2(2): 14-19
Published online March 20, 2014. <http://www.sciencepublishinggroup.com/j/plant> doi: 10.11648/j.plant.20140202.11.
- Naeem-ud-Din, Tariq M, Naeem MK, Hassan MF, Rabbani G, Mahmood A, Iqbal MS. 2012. Development of BARI-2011: A High yielding, drought tolerant variety of groundnut (*Arachis hypogaea* L.) with 3-4 seeded pods. The Journal of Animal & Plant Sciences 22 (1): 120-125.
- Nath BC, Singh JP, Srivastata S, Singh RB. 2013. Management of late leaf spot of groundnut by different fungicides and their impact on yield. Plant Pathology Journal 12(2): 85-91.
- Nugrahaeni N, Rahayu M. 2017. Peanut introduced germplasm response against *Ralstonia* bacterial wilt disease. Nusantara Bioscience 9(2): 138-140. Short communication.
- Pereira JWL, da Silva ECA, da Luz LN, Nogueira RJMC, Filho PAM, de Lima LM, dos Santos RC. 2015. Cluster analysis to select peanut drought tolerance lines. Australian Journal of Crops Sciences 9(11):1095-1105.
- Pusdatin [Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian]. 2012-2020. Ekspor dan Impor Komoditas Kacang Tanah. Jakarta: Kementerian Pertanian.
- Pusdatin [Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian]. 2016. Outlook Komoditas Pertanian Sub Sektor Tanaman Pangan. Kacang Tanah. Jakarta: Kementerian Pertanian.
- Rahmianna AA, Yusnawan E. 2016. Vegetative and generative growth of groundnut genotypes under biotic environmental stress. Biodiversitas 17(2): 503-509.
- Reddy T, Srinivas A, Rajesh P, Umamaheshwari P. 2016. Genotype x environment interaction studies in rainfed groundnut (*Arachis hypogaea* L.). Journal of Plant Breeding 7(4): 953-959.
- Singh P, Nedumaran S, Ntare BR, Boote KJ, Singh N, Srinivas K, Bantilan MCS. 2014. Potential benefits of drought and heat tolerance in groundnut for adaptation to climate change in India and West Africa. Mitig Adapt Strateg Glob Change 19:509-529.
- Subrahmanyam P, McDonald D, Waliyar F, Reddy LJ, Nigam SN, Gibbons RW, Ramanatha Rao V, Singh AK, Pande S, Reddy PM, Subba Rao PV. 1995. Screening Methods and Sources of Resistance to Rust and Late Leaf Spot of Groundnut. ICRISAT, India. 20 p.
- Thakur SB, Ghimire SK, Chaudary NK, Shrestha SM, Mishra B. 2013. Variability in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) to cercospora leaf spot disease tolerance. International Journal of Life Science, Biotechnology, and Pharmacy Research 2(-): 254-262.
- TPPV [Tim Penilai dan Pelepas Varietas]. 2013. Petunjuk Teknis Penyusunan Deskripsi Varietas Tanaman Pangan. Badan Benih Nasional. Kementerian Pertanian.
- Uge E, Purnomo J, Yusnawan E. 2020. Ketahanan beberapa genotipe kacang tanah terhadap penyakit karat (*Puccinia arachidis*) dan bercak daun (*Cercosporidium personatum*). Buletin Palawija 18(2): 74-82.
- Vabi BM, Mohammed SG, Echekwu CA, Mukhtar AA, Ahmed B, Ajeigbe HA, Eche CO. 2019. Best Choices for Enhancing Groundnut Productivity in Nigeria. ICRISAT, Patancheru. 29 pp. ISBN 978-93-86527-02-8
- Varshney RK, Pandey MK, Pesupuleti J, Nigam SN, Sudini H, Gowda MVC, Sriswathi M, Radhakrishnan T, Manohar SS, Nagesh P. 2014. Marker-assisted introgression of a QTL region to improve rust resistance in three elite and popular varieties of peanut (*Arachis hypogaea* L.). Theor. Appl. Genet. 127(-): 1771-1781.

Buletin Palawija Volume 20 Nomor 2 Tahun 2022, hlm 59-1__

Daftar Isi

Eksplorasi dan Identifikasi Morfologi Cendawan
Entomopatogen Isolat Lokal Sulawesi Selatan sebagai
Calon Biopestisida Potensial

Elisurya Ibrahim, Firmansyah, Mansur,
Yusmani Prayogo 59-70

Chemical and Physical Characteristics of Twenty One
Sweet Potato Genotypes Collected from Malaysia

Joko Susilo Utomo, Erliana Ginting 71-83

Performance of Agronomic Characters of Soybean Lines
Derived from Different Crossing

Purwantoro, Sutrisno, Heru Kuswantoro 84-94

Deteksi dan Distribusi Virus pada Kacang Tanah
(*Arachis hypogaea* L.) di Sulawesi Selatan

Niken Nur Kasim, Tri Asmira Damayanti, Sri
Hendrastuti Hidayat, Sugeng Santoso 95-102

Interaksi Genotipe dan Lingkungan terhadap Ukuran
Karakter Ubijalar Lokal Papua Berdasarkan Analisis
AMMI

Yohanis Amos Mustamu, Saraswati
Prabawardani, Otties Kurni 103-110

Daya Hasil dan Respon Galur Kacang Tanah terhadap
Penyakit Bercak Daun, Karat Daun dan Layu Bakteri
Ralstonia solanacearum

Joko Purnomo, Agustina Asri Rahmianna,
Eriyanto Yusnawan 111- 120

Indeks Buletin Palawija Volume 20 Nomor 2
Tahun 2022 121

Sri Hendrastuti Hidayat 95
Sugeng Santoso 95
Sutrisno 84
Yohanis Amos Mustamu 103
Yusmani Prayogo 59

Indeks Subjek

Bercak daun 111
Biopestisida 59
Cendawan entomopatogen 59
Daya hasil 111
Eksplorasi 59
Isolat 59
Kacang tanah 95, 111
Karat daun 111
Kedelai 84
Kimia 71
Klorosis 95
Korelasi 71
Korelasi fenotipik 84
Korelasi genotipik 84
Layu bakteri *ralstonia* 111
Morfologi 59
Mosaik 95
Pengelompokan 84
Persilangan 84
Polerovirus 95
Sulawesi Selatan 95
Tekstur 71
Ubijalar 71

Indeks Penulis

Agustina Asri Rahmianna 111
Elisurya Ibrahim 59
Eriyanto Yusnawan 111
Erliana Ginting 71
Firmansyah 59
Heru Kuswantoro 117
Joko Purnomo 111
Joko Susilo Utomo 71
Mansur 59
Niken Nur Kasim 95
Otties Kurni 103
Purwantoro 84
Saraswati Prabawardani 103