

Parameter Genetik Jagung Populasi Bisma pada Pemupukan Berbeda. I. Ragam Aditif-Dominan Bobot Biji Jagung

Sutoro¹, Abdul Bari², Subandi³, dan Sudirman Yahya²

¹Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian, Jalan Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111

²Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Dramaga, Bogor

³Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan, Jalan Merdeka 147, Bogor

ABSTRACT

Genetic Parameters of Bisma Maize Population under Different Levels of Fertilizer Applications. I. Additive-dominant variance of grain yield. Sutoro, Abdul Bari, Subandi, and Sudirman Yahya. New maize varieties could be obtained through improvement of their plant populations. The method used in selection in the crop improvement was based on values of their genetic parameters. Bisma is one of the maize varieties that has a broad genetic background. New maize varieties could be obtained by improving their population through selection under different environmental conditions. Genetic parameter value were estimated by conducting an experiment under NCD II crossing at Bogor. Twenty seven sets, which were developed from three females and three males of S1 as parents of each set, were evaluated under three different fertilization schemes. Results of the experiment showed that the additive genetic variance was significantly different from zero, and so among the different levels of fertilizer applications. The dominant variances was not significant under the three different levels of fertilization applications. The additive genetic variance was lower under the low level of fertilizer application than that on the higher level of fertilization application. This might be due to the scale effect. To reduce effect of scale, the data were transformed by dividing the grand mean value. After the data transformation, the genetic variance under the low level of fertilizer application tended to be greater than that under the higher level of fertilizer application. There was a tendency that population improvement of Bisma variety could be achieved better under lower level of fertilizer applications than under the higher ones.

Key words: Additive dominant variance, maize improvent, Bisma.

PENDAHULUAN

Pemuliaan tanaman jagung pada umumnya dilakukan pada lahan yang dipupuk dengan taraf optimal, baik pada fase seleksi, uji daya hasil pendahuluan, maupun uji daya hasil lanjutan. Varietas jagung yang dihasilkan oleh pemulia tanaman sebelumnya, adalah varietas yang responsif terhadap pemupukan, sehingga apabila ditanam pada lahan yang kurang subur, sebagai akibat pemberian pupuk yang kurang optimal,

maka hasilnya rendah dan bahkan lebih rendah daripada varietas lokal. Oleh karena itu, perlu diperoleh varietas jagung yang toleran terhadap pemupukan dengan dosis yang lebih rendah daripada kondisi optimal. Varietas unggul dapat diperoleh melalui perbaikan populasi tanaman. Perbaikan populasi tanaman dapat diduga berdasarkan informasi parameter genetik dari populasi tanaman.

Lingkungan seleksi menentukan keberhasilan pemuliaan untuk mendapatkan varietas yang cocok dengan lingkungan yang menjadi target. Seleksi sering dilakukan pada kondisi tanpa cekaman atau dalam lingkungan yang optimum, karena banyak pendapat yang menyatakan pada kondisi optimum umumnya memiliki heritabilitas bobot biji yang lebih tinggi daripada heritabilitas di lingkungan tanpa cekaman (Ceccarelli 1994). Tampaknya seleksi pada lingkungan yang mirip dengan lingkungan target akan menghasilkan kemajuan seleksi yang lebih besar daripada seleksi tak langsung atau seleksi pada lingkungan yang sangat berbeda dengan lingkungan target (Banziger *et al.* 1997). Lebih lanjut Banziger *et al.* (1997) menyatakan masih terdapat perbedaan pendapat pada lingkungan mana sebaiknya seleksi itu dilakukan.

Telah banyak varietas jagung bersari bebas yang telah dilepas oleh pemulia tanaman. Varietas Bisma yang dilepas tahun 1995 telah populer karena keunggulannya dalam beberapa pengujian di lahan kering (Subandi *et al.* 1998). Jagung varietas Bisma memiliki latar belakang genetik yang luas sehingga masih mungkin mendapatkan varietas unggul dengan cara menyeleksi dari populasi varietas Bisma ini pada berbagai lingkungan. Informasi besaran parameter genetik tanaman jagung varietas Bisma perlu diketahui untuk menduga kemajuan genetik yang diperoleh akibat seleksi.

Komponen ragam genetik suatu populasi terdiri dari komponen ragam genetik aditif dan non-aditif (dominan dan epistasis), dapat digunakan untuk menduga kemajuan genetik dari metode seleksi yang akan digunakan. Suatu populasi yang memiliki ragam genetik aditif tinggi dapat diperbaiki melalui seleksi intra-

populasi, sedangkan bila ragam genetik dominan tinggi digunakan seleksi inter-populasi (Malvar *et al.* 1996). Besaran ragam genetik jagung berbeda antar lingkungan cekaman kekeringan (Hallauer dan Miranda 1985), hara N (Banziger *et al.* 1997) dan garam (Rao dan McNeilly 1999). Di samping itu, besaran parameter genetik juga berbeda antar populasi sehingga untuk memperbaiki suatu populasi jagung yang sesuai dengan lingkungan target perlu diketahui besaran parameter genetiknya. Penelitian ini bertujuan untuk menyediakan informasi besaran ragam genetik bobot biji dalam populasi jagung varietas Bisma pada taraf pemupukan yang berbeda, yang nantinya dapat digunakan untuk menduga kemajuan seleksi.

BAHAN DAN METODE

Untuk menduga parameter genetik varietas Bisma sebagai populasi dasar dilakukan 3 kegiatan, yaitu pembentukan galur S1, persilangan antar galur S1, dan evaluasi hasil persilangan.

Pembentukan galur S1 dilakukan dengan menanam jagung varietas Bisma pada bulan April 2001. Populasi varietas Bisma diperoleh dari Laboratorium Bank Gen, Balai Penelitian Bioteknologi dan Sumberdaya Genetika Pertanian, dan ditanam di Inlitbio Cikeumeuh, Bogor. Benih sebagai contoh acak dari populasi Bisma ditanam dengan jarak 75 cm x 20 cm, satu tanaman tiap lubang dan dipupuk 300 kg urea, 100 kg SP36, dan 50 kg KCl per hektar. Selanjutnya setiap tanaman dilakukan penyerbukan diri sendiri (*selfing*), yaitu menyerbuki bunga betina dengan polen pada tanaman yang sama untuk memperoleh galur S1 untuk mewakili S0 dari populasi varietas Bisma.

Persilangan antara galur S1 dilaksanakan pada bulan Mei 2002. Pertanaman dipupuk dengan 300 kg urea, 100 kg SP36, dan 50 kg KCl tiap hektar. Persilangan antar galur S1 dilakukan menurut rancangan persilangan NCD II. Galur S1 yang telah dibentuk dibagi menjadi 27 set, masing-masing set terdiri dari 6 galur S1 (3 galur sebagai tetua jantan dan 3 galur sebagai tetua betina). Semua kemungkinan pasangan tetua jantan dan betina dari setiap set disilangkan sehingga diperoleh 9 persilangan. Setiap galur S1 ditanam sebanyak 20 tanaman dan persilangan tetua jantan dan betina di antara galur S1 dilakukan untuk mendapatkan 5-10 persilangan (Hallauer dan Miranda 1985).

Biji hasil persilangan antar galur S1 yang telah dilakukan sebelumnya yang terdiri dari 27 set persilangan dievaluasi dan ditanam dalam rancangan acak kelompok tak lengkap (*incomplete randomized block design*) dengan 3 ulangan yang dilakukan pada 3 taraf

pemupukan, yaitu pemupukan rendah, sedang dan optimal. Pemupukan optimal diberikan dengan taraf yang biasa dilakukan oleh pemulia tanaman jagung. Ketiga taraf pemupukan tersebut adalah:

- Pupuk optimal: 300 kg urea + 100 kg SP36 + 50 kg KCl tiap hektar.
- Pupuk sedang: 150 kg urea + 50 kg SP36 tiap hektar.
- Pupuk rendah: 75 kg urea + 25 kg SP36 tiap hektar.

Percobaan dilaksanakan di Inlitbio Cikeumeuh, Bogor pada musim tanam 2002/2003. Hasil analisis 2 contoh tanah menunjukkan kandungan hara N, P, dan K tersedia tergolong rendah, dari lahan bekas pertanaman jagung sebelumnya adalah 0,127% N; 0,408 mg P/100 g; dan 0,432 me K/100 g dan bekas pertanaman kedelai sebelumnya adalah 0,178% N; 0,621 P mg/100 g; dan 0,379 me K/100 g.

Selanjutnya, dari masing-masing progeni diambil sejumlah biji yang sama dari tiap tongkol (*balance composite*) progeni yang diperoleh dari persilangan dan ditanam sebanyak 20 tanaman dalam satu baris/plot. Sepertiga dosis pupuk urea, seluruh dosis pupuk SP36 dan KCl diberikan pada saat tanam dan sisanya dua per tiga pupuk urea diberikan pada saat tanaman berumur 1 bulan. Perlindungan tanaman terhadap serangan hama, penyakit, dan kompetisi dengan gulma dilakukan secara optimum.

Ragam genetik dapat diduga melalui nilai kuadrat tengah dengan menggabungkan derajat bebas dan jumlah kuadrat yang berasal dari tetua jantan dan betina (Comstock dan Robinson 1952). Tabel analisis ragam yang akan digunakan untuk menduga besaran parameter genetik pada setiap taraf pemupukan disajikan pada Tabel 1 (Subandi 1972).

Dalam rancangan NCD II, tetua jantan dan betina yang digunakan merupakan individu dari F2 yang berasal dari persilangan 2 galur murni. Dalam penelitian ini tetua jantan dan betina yang digunakan adalah individu dari galur S1 yang mewakili S0 dari varietas Bisma. Oleh karena itu, untuk menduga ragam genetik diperlukan faktor koreksi. Penduga ragam aditif dan dominan dan simpangan bakunya dihitung mengikuti prosedur yang dilakukan Subandi dan Compton (1974), yang mempertimbangkan besaran koefisien *inbreeding*.

Pengujian kesamaan dua nilai ragam aditif dan dominan antar taraf pemupukan berdasarkan selang kepercayaan $(1-\alpha)100\%$, yaitu $(\sigma^2_A \pm z \alpha/2 SE (\sigma^2_A))$ bagi ragam aditif dan $(\sigma^2_D \pm z \alpha/2 SE (\sigma^2_D))$ bagi ragam

dominan, SE (σ^2_A) dan SE (σ^2_D) berturut-turut adalah akar kuadrat dari $V(\sigma^2_A)$ dan $V(\sigma^2_D)$.

Korelasi genetik antar dua karakter i dan j, yaitu

$$r_{A(ij)} = \frac{\text{Cov}_{z(ij)}}{(\sigma^2_{z(i)} \sigma^2_{z(j)})^{1/2}}$$

di mana:

$\text{Cov}_{z(ij)}$ = peragam antara karakter i dan j

$\sigma^2_{z(i)}$ = ragam karakter i

$\sigma^2_{z(j)}$ = ragam karakter j.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Ragam Genetik Bobot Biji Varietas Bisma

Untuk menentukan strategi pemuliaan yang paling sesuai diperlukan informasi besaran parameter genetik, yaitu ragam genetik (aditif dan dominan) dan heritabilitas. Hasil analisis keragaman bobot biji (Tabel 2) menunjukkan bahwa terdapat keragaman yang nyata di antara tetua betina dan tetua jantan, sedangkan interaksi kedua tetuanya tidak nyata, baik pada lingkungan seleksi pemupukan rendah, sedang maupun optimal. Ragam kedua tetua dapat digabungkan dengan menjumlahkan jumlah kuadrat dan derajat bebasnya sehingga pendugaan komponen ragam menja-

di lebih teliti karena memiliki derajat bebas yang lebih besar (Hallauer dan Miranda 1985).

Selanjutnya, dalam rancangan persilangan NCDII, penduga ragam gabungan tetua betina dan jantan sebagai penduga kovarian halvesib ($\sigma_z^2 = \text{Cov HS}$), sedangkan ragam interaksi betina x jantan $\sigma_{mf}^2 = \text{Cov FS-2 Cov HS}$. Dengan demikian, penduga besaran kovarian *halfsib* sama dengan penduga ragam HS. Kovarian *halfsib* berbanding langsung dengan ragam aditif, sehingga dapat diperkirakan ragam aditif nyata. Penduga ragam interaksi betina x jantan dan penduga ragam tetua betina dan jantan merupakan penduga kovarian *fullsib* menurut hubungan $\text{Cov FS} = \sigma_f^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{mf}^2$. Kovarian *fullsib* (Cov FS) terdiri dari komponen ragam aditif dan dominan, sehingga besaran penduga ragam dominan tergantung besaran ragam interaksi tetua betina x jantan.

Hasil analisis data bobot biji selanjutnya menunjukkan bahwa ragam aditif lebih besar daripada ragam dominan (Tabel 3). Total ragam genetik menurun dengan semakin rendahnya dosis pemupukan. Total ragam genetik pada lingkungan pemupukan rendah dan sedang masing-masing sebesar 28,8% dan 64,3% dari total ragam genetik pada lingkungan pemupukan optimal. Komponen ragam aditif bobot biji merupakan

Tabel 1. Analisis ragam bagi rancangan persilangan NCDII.

Sumber keragaman	Derajat bebas	Kuadrat tengah	Kuadrat tengah harapan
Set	s-1	M7	$\sigma^2 + r \sigma_{mf}^2 + r n \sigma_z^2 + m f \sigma_r^2 + r m f \sigma_s^2$
Ulangan/set	s(r-1)	M6	$\sigma^2 + m f \sigma_r^2$
Gabungan jantan + betina/set	s(m+f-2)	M5	$\sigma^2 + r \sigma_{mf}^2 + r n \sigma_z^2$
Jantan/set	s(m-1)	M4	$\sigma^2 + r \sigma_{fm}^2 + r f \sigma_m^2$
Betina/set	s(f-1)	M3	$\sigma^2 + r \sigma_{fm}^2 + r m \sigma_f^2$
Jantan x betina/set	s(m-1)(f-1)	M2	$\sigma^2 + r \sigma_{fm}^2$
Galat	s(r-1)(mf-1)	M1	σ^2
Total	s(rmf-1)		

s = jumlah set persilangan, r = jumlah ulangan, m = jumlah tetua jantan, f = jumlah tetua betina, w_i = jumlah tanaman contoh pada setiap plot, n = m = f.

Tabel 2. Nilai kuadrat tengah bobot biji (kg/plot) pada lingkungan seleksi pemupukan rendah, sedang dan optimal.

Sumber keragaman	Derajat bebas	Kuadrat tengah		
		Pupuk rendah	Pupuk sedang	Pupuk optimal
Set	26	0,571593	1,350315	5,473037
Ulangan/set	54	0,508578	1,054596	3,264733
Betina + jantan/set	108	0,162655*	0,308554*	0,685477*
Betina/set	54	0,156711*	0,332266*	0,710704*
Jantan/set	54	0,168598+	0,284842+	0,660250+
Betina x jantan/set	108	0,116962	0,220677	0,521626
Galat	432	0,110061	0,200281	0,499612

* = nyata taraf 5%, + = nyata taraf 10%.

Tabel 3. Nilai dugaan ragam genetik bobot biji (kg/plot) populasi varietas Bisma pada lingkungan pemupukan rendah, sedang, dan optimal.

Parameter genetik	Pupuk rendah		Pupuk sedang		Pupuk optimal	
	Ragam	Simpangan baku	Ragam	Simpangan baku	Ragam	Simpangan baku
Ragam aditif (σ^2_A)	0,019775+ (0,78)	0,011692	0,038032+ (0,67)	0,022138	0,070913* (0,81)	0,030269
Ragam dominan (σ^2_D)	0,005572 (0,22)	0,020969	0,018512 (0,33)	0,039359	0,017000 (0,19)	0,093265
Ragam genetik (σ^2_G)	0,025349 (1,00)	0,023758	0,056544 (1,00)	0,045158	0,087913 (1,00)	0,098054

* = nyata taraf 5%, + = nyata taraf 10%. Angka dalam tanda kurung merupakan porsi.

komponen ragam yang besar kontribusinya terhadap total ragam genetik. Besarnya komponen ragam aditif pada lingkungan pemupukan rendah, sedang, dan optimal berturut-turut 78, 67, dan 81% dari total ragam genetik. Hasil pengujian ragam menunjukkan bahwa ragam aditif bobot biji nyata, sedangkan ragam dominan tidak nyata pada semua taraf pemupukan. Ragam aditif pada pemupukan rendah cenderung lebih kecil daripada pemupukan yang lebih tinggi. Penduga ragam dominan yang diperoleh melalui rancangan persilangan NCDII menghasilkan simpangan baku ragam dominan yang lebih besar daripada simpangan baku ragam aditif. Simpangan baku ragam dominan besar karena penduga ragam dominan merupakan fungsi dari sejumlah nilai kuadrat tengah (Hallauer dan Miranda 1985).

Hasil pendugaan ragam genetik yang telah diperoleh tentu tidak terlepas dari bias, karena penelitian ini dilakukan hanya pada satu lingkungan (satu lokasi dan satu musim). Di samping itu, ulangan dalam percobaan tidak dapat dilaksanakan pada waktu yang bersamaan sehingga hasil percobaan mungkin masih dipengaruhi oleh waktu tanam. Dengan demikian, nilai dugaan ragam genetik masih tercampur dengan adanya komponen ragam interaksi genetik dan lingkungan. Nilai dugaan yang dihasilkan dalam penelitian ini cenderung lebih besar dari nilai yang sesungguhnya. Namun demikian, hasil pendugaan parameter genetik tersebut dapat memberikan indikasi perbedaan besaran parameter genetik antar lingkungan pemupukan.

Asumsi yang diperlukan dalam pendugaan komponen ragam genetik melalui rancangan NCDII (Comstock dan Robinson 1952) adalah pemilihan individu tetua secara acak untuk menghasilkan persilangan, distribusi secara acak dari genotipe pada lingkungan, tidak ada pengaruh maternal. Asumsi tersebut diperlukan untuk memenuhi validitas penurunan nilai harapan kuadrat tengah. Di samping itu, pendugaan ragam genetik diperlukan asumsi bersifat diploid selama meiosis, tidak ada alel ganda, tidak ada keterpautan di antara gen yang mempengaruhi karakter dan tidak ada epistasis.

Untuk memenuhi asumsi pemilihan tetua secara acak, maka dalam penelitian ini tanaman S0 telah dipilih secara acak untuk menghasilkan galur S1 dan selanjutnya dalam membuat persilangan setiap set, tetua jantan dan betina juga dipilih secara acak. Namun demikian, dalam pembuatan persilangan ini berlangsung sekitar 10 hari sehingga ada kecenderungan untuk mengawinkan individu yang berumur pendek (genjah) dengan pendek dan berumur panjang (dalam) dengan panjang. Untuk menghindari kecenderungan tersebut seharusnya dilakukan dengan menanam tanaman yang akan digunakan sebagai tetua betina lebih awal atau menanam dua kali.

Asumsi distribusi genotipe secara acak pada lingkungan tidak dapat dipenuhi karena percobaan ini dilaksanakan hanya pada satu lokasi dan satu musim. Dengan demikian, penduga parameter genetik masih tercampur dengan interaksi lokasi dan musim, sehingga nilai penduga parameter yang diperoleh lebih besar dari nilai yang sesungguhnya. Distribusi secara acak dari genotipe hanya dipenuhi dalam lingkungan mikro pada percobaan, karena penempatan genotipe dilakukan secara acak dalam satu percobaan.

Asumsi tidak ada pengaruh maternal, penurunan diploid dan tidak ada alel ganda dapat dipenuhi. Berdasarkan nisbah kuadrat tengah betina/jantan dari karakter tanaman yang diamati dalam percobaan ini menunjukkan tidak nyata, yang mengindikasikan tidak ada pengaruh maternal (Rao dan McNeily 1999) dan tanaman jagung memiliki penurunan yang bersifat diploid (Hallauer dan Miranda 1985), seandainya ada aberasi kromosom pada waktu meiosis, frekuensinya sangat kecil sehingga tidak nyata berpengaruh terhadap penduga ragam genetik (Subandi dan Compton 1974). Ada atau tidak ada alel ganda, penduga ragam aditif dan ragam dominan masih tetap konsisten (Robinson *et al.* 1955).

Keterpautan yang tidak seimbang (*linkage disequilibrium*) dapat menyebabkan bias terhadap penduga ragam genetik. Keterpautan yang tidak seimbang dalam populasi dapat dikurangi dengan melalui kawin acak selama 6 generasi (Subandi dan Compton

1974; Dudley 1994). Varietas Bisma yang digunakan dalam penelitian ini dihasilkan melalui seleksi massa selama 5 generasi dan selanjutnya telah mengalami kawin acak selama banyak generasi sehingga keterpautan yang seimbang dari gen diduga telah tercapai. Pengaruh epistasis dapat diabaikan, kalau ada umumnya kecil kontribusinya terhadap total keragaman genetik (Hallauer dan Miranda 1985).

Pendugaan ragam genetik yang digunakan dalam prosedur Subandi dan Compton (1974) memerlukan asumsi jumlah tanaman hasil persilangan yang diuji harus lebih banyak daripada jumlah tanaman S1 dan tanaman S1 hanya digunakan sekali dalam setiap set persilangan. Dalam penelitian ini, jumlah tanaman hasil persilangan yang diuji sebanyak 20 tanaman, sedangkan rata-rata jumlah tanaman setiap S1 sebanyak 5,7 tanaman. Tanaman S1 dalam persilangan antar galur S1 dalam penelitian ini digunakan hanya sekali untuk setiap persilangan. Oleh karena itu, sebagian besar asumsi-asumsi tersebut telah dapat dipenuhi dalam penelitian ini.

Hasil analisis bobot biji menunjukkan bahwa ragam aditif nyata, sedangkan ragam dominan tidak nyata. Dengan demikian, komponen ragam aditif bobot biji merupakan komponen yang besar kontribusinya terhadap total ragam genetik dalam populasi varietas Bisma. Oleh karena itu, perbaikan populasi Bisma dapat dilakukan melalui seleksi berulang. Hasil penelitian ini berbeda dengan Betran *et al.* (2003) yang mendapatkan komponen ragam dominan bobot biji lebih berperan pada kondisi pemupukan N rendah pada populasi jagung tropis berwarna putih. Perbedaan ini terjadi karena perbedaan populasi referensinya.

Hasil analisis juga menunjukkan bahwa ragam genetik pada lingkungan pemupukan yang lebih tinggi cenderung lebih besar daripada lingkungan pemupukan yang lebih rendah. Sebagai perbandingan besaran ragam genetik dengan percobaan lain yang dilakukan oleh Banziger *et al.* (1997) dari 14 percobaan dengan populasi jagung Amarillo Dentado, DTP1, Blanco Cristallino-3, Pool 16, dan Tuxpeno 1 dari CIMMYT terdapat kecenderungan yang sama, yaitu makin tinggi perbedaan tingkat cekaman pemupukan mengakibatkan ragam genetik bobot biji semakin kecil. Presterl *et al.* (2003) menyatakan perbedaan besaran ragam genetik bobot biji antara lingkungan dengan cekaman dan tanpa cekaman dapat disebabkan oleh pengaruh skala. Pada lingkungan tanpa cekaman memiliki rata-rata bobot biji yang lebih tinggi daripada lingkungan dengan cekaman sehingga mengakibatkan ragam genetik pada lingkungan tanpa cekaman lebih tinggi dari-

pada lingkungan dengan cekaman. Untuk menghilangkan pengaruh skala, data hasil pengamatan ditransformasi dengan membagi dengan nilai rata-rata umum. Mengikuti prosedur Presterl tersebut, dari data hasil penelitian ini diperoleh ragam aditif \pm simpangan bakunya pada lingkungan seleksi pemupukan rendah, sedang, dan optimal berturut-turut $0,0185 \pm 0,0109$; $0,0179 \pm 0,0104$; $0,0120 \pm 0,0085$ dan ragam dominan $0,0052 \pm 0,0196$; $0,0087 \pm 0,0185$; $0,0029 \pm 0,0158$. Setelah nilai pengamatan dibakukan, ragam genetik (aditif dan dominan) cenderung lebih kecil pada lingkungan seleksi pemupukan optimal dibandingkan dengan pemupukan yang lebih rendah. Hal yang sama diperoleh Presterl *et al.* (2003) yang menggunakan populasi hasil persilangan galur tipe *dent* dan *flint*. Ragam aditif merupakan komponen ragam yang penting pada jagung untuk keperluan yang berhubungan dengan seleksi berulang (Hallauer dan Miranda 1985). Makin besar ragam aditif maka diharapkan makin besar kemajuan seleksi yang akan diperoleh. Oleh karena itu, seleksi pada populasi Bisma pada lingkungan pemupukan rendah diharapkan memperoleh kemajuan yang lebih besar jika hasil seleksinya ditanam pada kondisi pemupukan rendah daripada pemupukan yang lebih tinggi.

Ragam Fenotipik Bobot Biji dan Heritabilitas Famili FS dan S1 (HS)

Dalam pendugaan kemajuan seleksi memerlukan informasi besaran ragam fenotipik, di samping ragam aditif dan ragam dominan. Untuk menduga ragam fenotipik FS dan S1 (HS) di antaranya diperlukan ragam bobot biji tanaman di dalam plot (σ_w^2) dan selanjutnya akan digunakan untuk menduga ragam lingkungan dalam plot (σ_{we}^2). Untuk menduga komponen ragam dalam plot diamati bobot biji tiap tanaman dari 5 contoh tanaman tiap plot yang berasal dari 135 plot contoh untuk setiap taraf pemupukan. Komponen galat percobaan (σ^2) terdiri dari ragam antar plot (σ_{pl}^2) dan ragam dalam plot (σ_w^2) menurut hubungan $\sigma^2 = \sigma_{pl}^2 + \sigma_w^2/w$, w = jumlah tanaman tiap plot, sedangkan ragam dalam plot terdiri dari ragam genetik (σ_{wg}^2) dan ragam lingkungan dalam plot (σ_{we}^2) (Subandi dan Compton 1974). Dalam rancangan NCDII ragam genetik dalam plot $\sigma_{wg}^2 = \sigma_G^2 - \text{Cov FS}$ (Hallauer dan Miranda 1985). Berdasarkan hubungan $\sigma_w^2 = \sigma_{wg}^2 + \sigma_{we}^2$, maka ragam lingkungan dalam plot $\sigma_{we}^2 = \sigma_w^2 - (\sigma_G^2 - \text{Cov FS})$. Nilai σ^2 , σ_G^2 dan Cov FS tiap tanaman dapat diperoleh dari hasil analisis data plot yang dibagi dengan jumlah tanaman tiap plot. Besaran nilai penduga komponen ragam dalam dan antar plot dari bobot biji disajikan pada Tabel 4. Dari data yang diperoleh menunjukkan

bahwa ragam antar tanaman dalam plot sebagian besar disebabkan oleh ragam lingkungan mikro pada ketiga taraf pemupukan, sedangkan ragam genetik antar tanaman dalam plot kecil. Ragam fenotipik bobot biji untuk FS diduga dengan $\sigma^2_p = \frac{1}{2} \sigma^2_A + \frac{1}{4} \sigma^2_D + [\sigma^2_{pl} + (\frac{1}{2} \sigma^2_A + \frac{3}{4} \sigma^2_D + \sigma^2_{we})/w] /r$, sedangkan ragam fenotipik famili HS dari S1, yaitu $\sigma^2_p = \frac{1}{4} \sigma^2_A + \frac{1}{4}f (\sigma^2_A + \sigma^2_D) + [\sigma^2_{pl} + \{ (\frac{3}{4}-\frac{1}{4}f) \sigma^2_A + (1-\frac{1}{4}f) \sigma^2_D + \sigma^2_{we}\}/w]/r$ (Subandi dan Compton 1974).

Nilai dugaan ragam fenotipik famili FS dan S1 (HS) menunjukkan semakin banyak pupuk yang diberikan cenderung semakin besar ragam fenotipiknya (Tabel 5). Ragam fenotipik merupakan komponen dalam perhitungan pendugaan kemajuan seleksi yang berbanding terbalik dengan kemajuan seleksi sehingga makin besar ragam fenotipik semakin kecil kemajuan seleksi yang akan diperoleh.

Heritabilitas (h^2) suatu karakter merupakan besaran yang menunjukkan karakter tersebut dapat diwariskan ke keturunannya, yang merupakan porsi dari total keragaman fenotipe yang disebabkan oleh faktor genetik. Oleh karena itu, keberhasilan seleksi dapat dicerminkan oleh besaran heritabilitas. Heritabilitas famili FS dan S1 (HS) merupakan rasio ragam aditif dengan ragam fenotipiknya ($\frac{1}{2}\sigma^2_A/\sigma^2_p$) dan hasil nilai dugaan dari penelitian ini disajikan pada Tabel 5. Herita-

bilitas pada pemupukan rendah dan sedang cenderung lebih tinggi daripada heritabilitas pada pemupukan optimal. Di samping itu, heritabilitas HS lebih tinggi daripada heritabilitas FS.

Korelasi Genetik Bobot Biji Antar Lingkungan Pemupukan

Dalam pendugaan kemajuan seleksi tak langsung memerlukan informasi besaran korelasi genetik. Besaran korelasi genetik bobot biji antar taraf pemupukan sebagai komponen pendugaan kemajuan seleksi tak langsung. Korelasi bobot biji antar lingkungan pemupukan disajikan pada Tabel 6. Korelasi bobot biji yang nyata diperoleh antar lingkungan pemupukan rendah-sedang dan sedang-optimal, sedangkan antara lingkungan pemupukan rendah-optimal tidak nyata. Korelasi genetik bobot biji antar dua kondisi pemupukan cenderung semakin rendah dengan semakin besarnya perbedaan taraf pemupukan.

Korelasi genetik bobot biji antara lingkungan seleksi pemupukan rendah-optimal diperoleh sangat kecil ($r_A = -0,0235$). Korelasi genetik antara lingkungan tanpa cekaman N dengan lingkungan cekaman N yang kecil juga diperoleh Banziger *et al.* (1997) sebesar $r_A = 0,00$ dari populasi jagung Blanco Cristallino-3 dan Presterl *et al.* (2003) sebesar $r_A = 0,04$. Selain itu, kore-

Tabel 4. Nilai dugaan ragam galat percobaan, ragam antar plot, ragam dalam plot, dan ragam lingkungan mikro dalam plot dari bobot biji pada 3 taraf pemupukan.

Pemupukan	Galat percobaan σ^2	Antar plot σ^2_{pl}	Dalam plot $\sigma^2_{w/w}$	Lingkungan mikro dalam plot $\sigma^2_{we/w}$
	g/tanaman			
Rendah	275,15	174,00	101,15	99,51
Sedang	500,70	377,09	123,61	119,74
Optimal	1249,09	1146,76	102,33	96,72

Tabel 5. Nilai dugaan ragam fenotipik dan heritabilitas famili fullsib dan halfsib bobot biji (kg/plot) populasi varietas Bisma pada lingkungan seleksi pemupukan rendah, sedang dan optimal.

Parameter genetik	Pupuk rendah	Pupuk sedang	Pupuk optimal
Ragam fenotipik FS (σ^2_{FS})	0,033303	0,063719	0,139639
Ragam fenotipik HS (σ^2_{HS})	0,029121	0,054390	0,125145
Heritabilitas FS (h^2_{FS})	0,296902	0,298438	0,253721
Heritabilitas HS (h^2_{HS})	0,339541	0,349624	0,283108

Tabel 6. Korelasi genetik bobot biji antar lingkungan seleksi pemupukan.

Antar lingkungan pemupukan	Korelasi (r_A)	Simpangan baku ($se-r_A$)
Rendah-Optimal	-0,0235	0,0393
Rendah-Sedang	0,4594*	0,1520
Sedang-Optimal	0,2595*	0,1369

* = nyata pada taraf uji 5%.

lasi genetik negatif dan kecil juga diperoleh antar bobot biji jagung pada lingkungan optimal dan lingkungan masam (Vargas *et al.* 1994). Korelasi genetik bobot biji antar lingkungan pemupukan diperoleh menurun dengan meningkatnya perbedaan taraf pemupukan. Kecenderungan ini juga diperoleh pada kondisi cekaman pemupukan N (Banziger *et al.* 1997 dan Presterl *et al.* 2003). Hal ini memberi petunjuk bahwa seleksi bobot biji pada lingkungan pemupukan optimal tidak cocok untuk lingkungan pemupukan rendah, dan sebaliknya seleksi pada lingkungan pemupukan rendah tidak sesuai untuk lingkungan pemupukan optimal.

Jika dalam suatu seleksi dapat menghasilkan suatu varietas yang cocok pada lingkungan kurang subur maupun subur maka akan sangat menguntungkan. Varietas atau hibrida yang demikian telah dapat diperoleh (CIMMYT 2001 dan O'Neill *et al.* 2004). Di Indonesia, varietas Wisanggeni memiliki penampilan yang baik pada lahan tegalan maupun lahan irigasi (Subandi *et al.* 1998). Untuk mendapatkan varietas yang cocok pada lingkungan subur dan tidak subur diperlukan populasi yang memiliki korelasi genetik dari dua lingkungan tersebut yang tinggi. Harrer dan Utz (1990) dalam Presterl *et al.* (2003) menyatakan bahwa perbaikan varietas yang cocok untuk kondisi kesuburan rendah dan tinggi sekaligus merupakan strategi yang paling efisien dan hal tersebut dapat dicapai apabila korelasi genetik $r_A > 0,65$, sedangkan untuk korelasi genetik $r_A < 0,65$ pemuliaan untuk kondisi kesuburan rendah dan tinggi dilakukan secara terpisah. Berdasarkan koefisien korelasi genetik yang diperoleh dalam penelitian ini menunjukkan bahwa seleksi untuk mendapatkan varietas toleran pupuk rendah pada jagung yang berasal dari populasi Bisma sebaiknya dilakukan pada kondisi pemupukan rendah.

KESIMPULAN DAN SARAN

Sebagian besar komponen ragam genetik untuk bobot biji varietas Bisma merupakan ragam genetik aditif, baik pada kondisi pemupukan rendah (78%), sedang (67%) maupun optimal (81%). Oleh karena itu, perbaikan populasi Bisma dapat dilakukan melalui seleksi berulang.

Total ragam genetik varietas Bisma menurun seiring dengan penurunan pemupukan, yaitu untuk lingkungan pemupukan rendah dan sedang berturut-turut 28,8% dan 64,3% dari total ragam genetik pada lingkungan pemupukan optimal. Namun demikian, setelah data ditransformasi untuk menghilangkan pengaruh skala, ragam genetik pada pemupukan rendah

cenderung lebih tinggi daripada pemupukan yang lebih banyak. Hal ini menunjukkan kemajuan seleksi akan diperoleh relatif lebih besar pada lingkungan pemupukan rendah dibandingkan pada pemupukan yang lebih tinggi.

DAFTAR PUSTAKA

- Banziger, M., F.J. Betran, and H.R. Lafitte. 1997.** Efficiency of high-nitrogen selection environments for improving maize for low nitrogen target environments. *Crop Sci.* 37:1103-1109.
- Betran, F.J., D. Beck, M. Banziger, and G.O. Edmeades. 2003.** Genetic analysis of inbred and hybrid grain yield under stress and nonstress environments in tropical maize. *Crop Sci.* 43:807-817.
- Ceccarelli, S. 1994.** Specific adaptation and breeding for marginal condition. *Euphytica* 77:205-219.
- CIMMYT. 2001.** Modern maize hybrid respond in through environment. CIMMYT in 2000-2001. Global Research for Local Livelihoods. CIMMYT. Mexico.
- Comstock, R.E. and H.F. Robinson. 1952.** Estimation of average dominance genes. Heterosis. Iowa State College Press, Ames, Iowa. p. 494-516.
- Dudley, J.W. 1994.** Linkage disequilibrium in crosses between Illinois maize strains divergently selected for protein percentage. *Theor. Appl. Genet.* 87:1016-1020.
- Hallauer, A.R. and J.B.F. Miranda. 1985.** Quantitative Genetic Maize Breeding. Iowa State Univ. Press. Ames.
- Malvar, R.A., A. Ordas, P. Revilla, and M.E. Carrea. 1996.** Estimates of genetic variances in two spanish population of maize. *Crop Sci.* 36(2):291-295.
- O'Neill, P.M., J.F. Shanahan, J.S. Schepers, and B. Caldwell. 2004.** Agronomic responses of corn hybrids from different eras to deficit and adequate levels of water and nitrogen. *Agron. J.* 96:1880-1887.
- Presterl, T., G. Seitz, M. Landbeck, E.M. Thiemt, Schmidt, and H.H. Geiger. 2003.** Improving nitrogen use efficiency in European maize: Estimation on quantitative genetic parameters. *Crop Sci.* 43:1259-1265.
- Rao, S.A. and T. McNeilly. 1999.** Genetic basis of variation for salt tolerance in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica* 108:145-150.
- Robinson, H.F., R.E. Comstock, and P.H. Harvey. 1955.** Genetic variance in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40:45-60.
- Subandi. 1972.** Estimate of genetic parameters in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under different plant population densities. Dissertation. Faculty of the Graduate College Univ. of Nebraska. Lincoln.
- Subandi and W.A. Compton. 1974.** Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under

two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theor. Appl. Genet.* 44:153-159.

Subandi, I.G. Ismail, dan Hermanto. 1998. Jagung. Teknologi Produksi dan Pascapanen. Pusat Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Bogor.

Vargas, D.J., S. Pandey, G. Granados, H. Ceballos, and E. Knapp. 1994. Inheritance of tolerance to soil acidity in tropical maize. *Crop Sci.* 34:50-54.
