

Perbandingan Kemajuan Genetis Seleksi Massa dan Tongkol-ke-Baris pada Populasi Generasi Ketiga Persarian Bebas Jagung Hibrida (*Zea mays* L.)

Comparison of Mass and Ear-to-Row Selection Based on the Response Selection in the Third Generation of Random Mating Population from Hybrid Maize (*Zea mays* L.)

Rizqi Fadillah Romadhona¹, Panjisakti Basunanda², Rudi Hari Murti²

ABSTRACT

In developing countries, maize inbred lines are often made through the extraction of populations derived from hybrid cultivars, with intra-population improvement in the population. In third generation of random mating population from hybrid maize, response selection through mass selection or ear-to-row selection needs to be compared to determine the appropriate method of selection in this population. In this population, within family variance and between family variance have not been balanced. The objective of this work is to compare response selection of the mass and ear-to-row in commercial traits of maize and getting lines to improve the performance of hybrid segregating population. 24 number of ears from cross pollination between second random mating population are planted with ear-to-row model in two blocks as replication. This population was evaluated for six traits: plant height, ear height, ear length, ear diameter, kernels weight per plant, and number of kernels per plant. The observation data was analyzed using analysis of variance to estimate the heritability by separating the expected mean of squares. The heritability is used to predict the response selection (R) in every method with selection pressure (proportion) of 5%. Mass selection by considering the block effect gave the highest R value for plant height. Mass selection without block effect gave the highest R value for ear height and ear diameter. Ear-to-row selection based on plot mean gave the highest R value for ear length and the family mean based of ear-to-row for kernels weight per plant and number of kernels per plant.

Keywords : *maize, response selection, mass selection, ear-to-row selection*

INTISARI

Di negara berkembang, galur inbred jagung sering kali dibuat melalui ekstraksi populasi turunan kultivar hibrida yang telah dilepas di pasaran, dengan disertai perbaikan dalam populasi. Pada populasi generasi ketiga hasil persarian bebas jagung hibrida, kemajuan genetik melalui seleksi massa ataupun seleksi tongkol-ke-baris (famili saudara tiri) perlu dibandingkan untuk mengetahui metode seleksi yang sesuai. Hal ini dilakukan karena populasi generasi ketiga persarian bebas, varians dalam dan varians antar famili belum seimbang. Penelitian ini bertujuan untuk membandingkan nilai kemajuan genetik harapan seleksi massa dengan seleksi tongkol-ke-baris pada sifat-sifat ekonomis jagung, dan mendapatkan galur-galur untuk memperbaiki penampilan populasi segregasi hasil persarian bebas keturunan kultivar hibrida. Penelitian dilakukan menggunakan benih jagung dari 24 nomor (tongkol) hasil persarian bebas jagung hibrida generasi kedua dengan pola tanam satu tongkol satu baris dan diulang dua kali dengan ulangan berupa blok. Pengamatan meliputi tinggi tanaman, tinggi tongkol, panjang tongkol, diameter tongkol, bobot biji per tanaman dan

¹Alumni Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

²Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

banyak biji per tanaman. Data yang diperoleh dianalisis dengan analisis varians untuk menduga keterwarisan (*heritability*) melalui pemilahan nilai harapan rerata kuadrat (*expected mean squares*). Keterwarisan ini digunakan untuk menghitung nilai kemajuan genetic harapan (*R*) dari masing-masing metode seleksi dengan tekanan seleksi (proporsi) 5%. Seleksi massa dengan memperhatikan pengaruh blok (SM-B) memberikan nilai *R* tertinggi untuk tinggi tanaman. Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B) memberikan nilai *R* tertinggi untuk kedudukan tongkol dan diameter tongkol. Seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot (SF+FB) memberikan nilai *R* tertinggi untuk panjang tongkol sedangkan yang berbasis rerata famili (SF+B) untuk bobot biji per tanaman dan banyak biji per tanaman.

Kata Kunci: jagung, kemajuan genetik, seleksi massa, seleksi tongkol-ke-baris

PENDAHULUAN

Jagung merupakan salah satu tanaman tertua yang dibudidayakan manusia dan berasal dari Amerika (Poehlman & Sleeper, 1995). Pemulia jagung umumnya memulai perakitan jagung hibrida melalui persilangan galur atau plasma nutfah dengan memanfaatkan gejala genetik heterosis. Faktor terpenting dalam pembentukan jagung hibrida adalah pemilihan plasma nutfah untuk membentuk lungkang gen (*gene pool*) sebagai dasar ekstraksi menghasilkan galur-galur inbred (Paliwal, 2000).

Di banyak negara berkembang, galur-galur inbred sering kali dibuat dengan melakukan seleksi dan penyerbukan sendiri berulang-ulang terhadap jagung hibrida elit yang telah dilepas di pasaran (Guo *et al.*, 2012). Galur inbred pada pembentukan hibrida di Indonesia umumnya merupakan introduksi dari berbagai negara yang kebanyakan dibawa dan dikembangkan oleh perusahaan benih multinasional (Aqil *et al.*, 2012). Pembentukan hibrida melibatkan dua atau lebih galur yang biasanya diambil dari populasi yang berbeda asal-usulnya, misalnya galur B73 diekstrak dari populasi Iowa Stiff Stalk Synthetic dan galur Mo17 diekstrak dari populasi Lancaster Sure Crop. Persilangan B73 dengan Mo17 menghasilkan kultivar hibrida yang berdaya hasil tinggi (Lee 1996). Dapat dikatakan, galur-galur tetua kultivar hibrida membawa keunggulan sifat-sifat yang dimiliki oleh populasi asalnya.

Jurusan Budidaya Pertanian memulai penanaman salah satu jagung hibrida F1 (B11 × MR14) yang mempunyai potensi daya hasil tinggi. Hibrida F1 ini kemudian diserbuki sendiri. Tanaman F2 dibiarkan bersari bebas sampai tiga generasi. Populasi generasi ketiga dianggap telah cukup memberikan keragaman yang luas, baik antarindividu maupun antarfamili saudara-tiri (*half-*

sib). Populasi generasi ketiga merupakan populasi “antara”, dalam arti varians dalam dan varians antar familinya belum seimbang (Carena & Hallauer, 2009). Secara umum, untuk populasi yang telah mendekati kesetimbangan genetik, seperti populasi generasi lanjut, seleksi individu (massa) akan lebih memberikan keuntungan karena varians dalam famili serta antarfamili tidak berbeda (Walsh, 2009). Sebaliknya, populasi generasi segregasi awal (misalnya F2) varians antarfamilinya masih tinggi sehingga keragaman antarfamili cenderung lebih dominan daripada keragaman dalam famili (Carena & Hallauer, 2009; Hallauer *et al.*, 2010). Dalam situasi ini, seleksi tongkol-ke-baris memberikan keuntungan genetik lebih tinggi. Percobaan dilakukan menggunakan satu lingkungan sehingga dimungkinkan terjadinya pendugaan berlebih terhadap nilai varians famili dan varians aditifnya (Hallauer *et al.*, 2010). Hal ini berakibat nilai duga keterwarisan berbasis rerata famili dan plot menjadi tidak lazim ($h^2 > 1$) sehingga dilakukan modifikasi formula pendugaan nilai keterwarisan agar hasilnya lebih konservatif. Untuk melihat situasi secara obyektif pada generasi transisi, percobaan empirik perlu dilakukan. Penelitian ini dimaksudkan untuk memberikan informasi empirik, bagaimana seharusnya seleksi pada generasi ketiga persarian bebas, khususnya dari persilangan antara dua galur murni tetua, dilakukan.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan bulan Agustus 2013 - November 2013, di Kebun Percobaan Tridarma Fakultas Pertanian UGM, Banguntapan, Bantul, D.I. Yogyakarta. Penelitian ini menggunakan pola tanam satu tongkol satu baris yaitu benih yang berasal dari tongkol yang sama ditanam pada satu baris yang sama. Benih yang digunakan merupakan biji jagung generasi ketiga persarian bebas jagung hibrida dengan 24 tongkol (nomor) yang terpilih berdasarkan bentuk dan ukuran tongkol. Tiap baris tanaman mewakili keturunan seibu dan diulang dua kali untuk tiap barisnya dengan ulangan berupa blok. Jarak tanam yang digunakan adalah 70 cm jarak antarbaris dan 25 cm jarak dalam baris.

Evaluasi untuk seleksi massa dilakukan terhadap fenotipe seluruh individu (tanaman) baik mengabaikan blok (seleksi massa mengabaikan blok/SM+B) maupun memperhatikan blok (seleksi massa memperhatikan pengaruh blok/SM-B) sedangkan seleksi tongkol-ke-baris dilakukan berdasarkan

rerata fenotipe untuk masing-masing famili (seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili/SF) ataupun plot (seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot/SF+FB). Variabel yang diamati pada seluruh tanaman adalah Tinggi Tanaman (cm), Tinggi Kedudukan Tongkol (cm), Panjang Tongkol (cm), Diameter Tongkol (cm), Bobot Biji Per Tanaman, dan Banyak Biji Per Tanaman. Pengamatan banyak biji per tanaman (bpt) dilakukan dengan menggunakan pendekatan melalui analisis regresi banyak biji per tanaman hasil pengamatan dengan perangkat lunak "Image J" ke bobot biji per tongkol hasil pengamatan sebelumnya.

Perbandingan dua metode seleksi dilakukan melalui pendugaan nilai kemajuan genetik harapan (R). Terlebih dahulu, keterwarisan (*heritability*) diduga melalui pemilahan nilai harapan rerata kuadrat (*Expected Mean of Squares*) yang diperoleh dari analisis varians menggunakan PROC GLM dan PROC VARCOMP dari perangkat lunak SAS (*Statistical Analysis System*) dengan metode pendugaan varians REML. Model untuk analisis menurut Hallauer *et al.* (2010):

$$Y_{ijk} = m + f_i + b_j + e_{ij} + s_{ijk} \quad (1)$$

dengan m = rerata, f_i = famili ($i = 1, 2, \dots, f$), b_j = ulangan/blok ($j = 1, 2, \dots, r$), e_{ij} = sesatan percobaan antara i famili pada j ulangan/blok, dan s_{ijk} = sesatan individu dalam tiap baris atau plot.

Varians antar famili adalah varians antartongkol sumber, atau varians antar saudara tiri, dan sesuai dengan teori adalah seperempat varians genetik aditif plus varians efek non-nukleus dan efek ibu. Mengabaikan dua efek terakhir, varians genetik aditif dapat diduga dan selanjutnya keterwarisan dapat diduga. Nilai duga keterwarisan yang dihasilkan tidak lazim sehingga dilakukan modifikasi formula pendugaan nilai keterwarisan. Dalam seleksi massa, keterwarisan berbasis individu (h^2_i) diduga melalui

$$h^2_i = 4 \times \sigma^2_f / (\sigma^2_f + \sigma^2_e + \sigma^2_s), \quad (2)$$

yang setara dengan $h^2_i = \sigma^2_A / (1/4 \sigma^2_A + \sigma^2_{Ea} + 3/4 \sigma^2_A + \sigma^2_{Ew})$ karena $\sigma^2_f = 1/4 \sigma^2_A$, lalu $\sigma^2_e = \sigma^2_{Ea}$, $\sigma^2_s = 3/4 \sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_{Ew}$, dan $\sigma^2_E = \sigma^2_{Ea} + \sigma^2_{Ew}$. σ^2_{Ea} adalah varians karena perbedaan lingkungan antar plot, σ^2_{Ew} adalah varians karena lingkungan dalam plot, dan σ^2_E adalah varians lingkungan total. Dalam seleksi tongkol-ke-baris, keterwarisan berbasis rerata famili diduga melalui

$$h^2_f = 4 \times \sigma^2_f / (4\sigma^2_f + \sigma^2_{EE} / r + (\sigma^2_{SE} - 3\sigma^2_f) / rs) \quad (3)$$

yang setara dengan $h^2_f = \sigma^2_A / (\sigma^2_A + \sigma^2_{Ea} / r + \sigma^2_{Ew} / rs)$.

Keterwarisan berbasis rerata plot diduga melalui

$$h_p^2 = 4 \times \sigma_f^2 / (4\sigma_f^2 + \sigma_{EE}^2 + (\sigma_{SE}^2 - 3\sigma_f^2) / s) \quad (4)$$

yang setara dengan $h_p^2 = \sigma_A^2 / (\sigma_A^2 + \sigma_{Ea}^2 + \sigma_{Ew}^2 / s)$.

Nilai s dan rs akan berubah dan menyesuaikan apabila banyaknya individu per plot tidak sama untuk masing-masing famili dalam ulangan. Dalam penghitungan ini, diasumsikan bahwa sumber keragaman genetik non-aditif diabaikan. Kemajuan genetik harapan berdasarkan nilai individu (seleksi massa) diukur menurut Falconer & Mackay (1998)

$$R = 0,5 \times h_i^2 \times D, \quad (5)$$

berdasarkan nilai rerata plot diukur melalui

$$R = 0,5 \times h_p^2 \times D, \quad (6)$$

dan berdasarkan rerata famili diukur melalui

$$R = 0,5 \times h_f^2 \times D, \quad (7)$$

dengan D adalah diferensial seleksi (selisih rerata individu-individu terseleksi dari rerata populasi). Tekanan seleksi yang digunakan adalah 5% dan koefisien seleksi sebesar 0,5 diberikan untuk mengoreksi bahwa seleksi dilakukan setelah jagung berbunga atau terhadap salah satu tetua.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Nilai duga keterwarisan yang dihasilkan pada penelitian ini berkisar antara 0,18 untuk panjang tongkol berdasar individu hingga 0,91 untuk diameter tongkol yang dihitung berdasar rerata famili (Tabel 1). Nilai duga keterwarisan berbasis rerata famili umumnya lebih besar daripada keterwarisan berbasis individu. Hasil ini sesuai dengan penelitian oleh Smalley et al. (2004) yang menghasilkan keterwarisan berbasis famili secara konsisten lebih besar dari keterwarisan berbasis individu. Nilai duga keterwarisan terbesar dihasilkan dari keterwarisan berbasis rerata famili diikuti keterwarisan berbasis rerata plot dan terakhir

keterwarisan berbasis individu untuk tiap sifat yang diamati (Tabel 1). Perbedaan nilai keterwarisan dari berbasis individu dan famili terjadi cukup besar yaitu lebih dari tiga kali lipat untuk panjang tongkol, bobot biji per tanaman, dan banyak biji per tanaman menandakan bahwa keragaman sifat tersebut lebih tepat dikaitkan dengan keragaman genotipe secara famili (Tabel 1).

Tabel 1. Nilai duga keterwarisan (*heritability*) untuk enam sifat teramati berdasarkan seleksi berbasis individu (h^2_i), rerata famili (h^2_f), rerata plot (h^2_p).

Sifat	Keterwarisan		
	h^2_i	h^2_f	h^2_p
Tinggi tanaman (cm)	0,44	0,81	0,69
Tinggi kedudukan tongkol (cm)	0,33	0,63	0,46
Panjang tongkol (cm)	0,18	0,74	0,59
Diameter tongkol (cm)	0,67	0,91	0,84
Bobot biji per tanaman (g)	0,24	0,79	0,65

Perbandingan kemajuan genetis metode seleksi massa (seleksi berbasis individu) dan seleksi tongkol-ke-baris (seleksi berbasis famili dan plot) dilakukan untuk mengetahui efektivitas masing-masing metode seleksi. Pengamatan tinggi tanaman dilakukan pada saat jagung telah masak fisiologis, yaitu pada saat jagung berumur 105 hari setelah tanam (hst). Tinggi tanaman percobaan mempunyai kisaran yang cukup besar dengan tanaman tertinggi 205 cm dan tanaman terendah 47 cm, dengan rerata 120 cm dan simpangan baku 19,06 cm. Dari data tersebut dapat dikatakan bahwa sifat heterosis telah menurun terlihat dari menurunnya keragaan tanaman dibanding hibrida yang rata-rata tingginya di atas 150 cm.

Tabel 2. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (*D*), dan kemajuan genetik harapan (*R*) untuk tinggi tanaman (cm).

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	120,87	120,90	119,41	119,41
Rerata terpilih	153,20	154,20	132,46	137,88
D	32,33	33,30	13,05	18,47
R	7,14	7,35	5,31	6,33

Hasil perhitungan nilai *R* ternyata menunjukkan bahwa seleksi massa memberikan keuntungan yang lebih baik daripada seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili maupun plot (Tabel 2). Nilai duga keterwarisan pada tinggi tanaman umumnya menghasilkan nilai duga yang besar sehingga seleksi berdasar fenotipe individu akan lebih mudah dilakukan (Smalley et al., 2004; Hallauer et. al., 2010). Keterwarisan berbasis famili yang nilainya mendekati dua

kali lipat dibanding yang berbasis individu tetap menghasilkan nilai R yang lebih rendah. Hal ini disebabkan karena rendahnya diferensial seleksi berdasarkan seleksi tongkol-ke-baris. Selanjutnya seleksi massa memperhatikan pengaruh blok ternyata memberikan keuntungan tertinggi dengan nilai R sebesar 7,35 cm diikuti oleh seleksi massa mengabaikan pengaruh blok, seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot, dan seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili dengan masing-masing metode seleksi menghasilkan nilai R sebesar 7,14 cm; 6,33 cm; dan 5,31 cm (Tabel 2). Sebagai konsekuensinya, dalam melakukan pemilihan individu seleksi visual perlu lebih teliti dilakukan dengan memperhatikan keragaman antar blok percobaan.

Tabel 3. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (D), dan kemajuan genetik harapan (R) untuk tinggi kedudukan tongkol (cm).

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	55,55	55,60	54,37	54,37
Rerata terpilih	27,70	29,59	43,76	38,53
D	-27,85	-26,02	-10,61	-15,83
R	-4,56	-4,26	-3,33	-3,63

Rata-rata tinggi kedudukan tongkol tanaman percobaan adalah 55 cm dengan simpangan baku sebesar 13,25 cm. Seleksi massa memberikan keuntungan lebih baik daripada seleksi tongkol-ke-baris (Tabel 3). Hal ini tidak mengherankan, mengingat keterwarisan berbasis famili hanya member keuntungan dua kali lipat daripada berbasis individu, sehingga tidak dapat mengompensasi rendahnya diferensial seleksi. Lebih jauh, seleksi massa dengan mengabaikan pengaruh blok memberikan keuntungan tertinggi dengan nilai R sebesar -4,56 cm. Seleksi visual mudah dilakukan dan memberi keuntungan tersendiri untuk sifat ini. Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok, seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili, dan seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot masing-masing menghasilkan nilai R sebesar -4,26 cm; -3,33 cm; dan 3,63 cm (Tabel 3).

Tinggi kedudukan tongkol secara umum mempunyai kemiripan sifat dengan tinggi tanaman, tanaman dengan jagung yang tinggi dengan kedudukan

tongkol ditengah-tengah batang lebih berpeluang terhadap terjadinya kerobohan (Ullah et al., 2013). Tinggi kedudukan tongkol memiliki nilai keterwarisan yang cukup tinggi. Penelitian-penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa tinggi kedudukan tongkol diwariskan oleh gen yang bersifat aditif (Robinson *et al.*, 1949, Giesbrecht, 1961 and Harville *et al.*, 1978, cit. Bedada & Jifar 2010). Seleksi berbasis individu akan lebih menguntungkan untuk sifat ini. Hasil penelitian ini sejalan dengan penelitian Smalley *et al.* (2004) yang merekomendasikan seleksi berbasis individu untuk tinggi kedudukan tongkol terhadap populasi jagung BS10 C0 dan BS11 C0.

Tabel 4. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (D), dan kemajuan genetik harapan (R) untuk panjang tongkol (cm).

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	13,12	13,13	13,02	13,02
Rerata terpilih	17,12	17,23	14,62	15,40
D	3,99	4,10	1,60	2,38
R	0,37	0,38	0,59	0,70

Keterwarisan yang diperoleh dari metode seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili dan rerata plot meningkat secara nyata dibanding keterwarisan berdasar seleksi massa yaitu empat kali lipat dan tiga kali lipat (Tabel 1). Secara matematis keterwarisan yang besar ini akan mampu mengompensasi rendahnya diferensial seleksi pada metode seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili maupun plot. Kemajuan genetik harapan menggunakan seleksi tongkol-ke-baris mendasarkan pada rerata famili maupun rerata plot nilainya lebih baik daripada menggunakan seleksi massa (Tabel 4). Nilai R tertinggi dihasilkan melalui seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot yaitu sebesar 0,70 cm sedangkan seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili, seleksi massa mengabaikan pengaruh blok dan memperhatikan pengaruh blok masing-masing menghasilkan nilai R sebesar 0,59 cm; 0,37 cm; dan 0,38 cm (Tabel 4).

Pada diameter tongkol, keempat metode seleksi yang digunakan tidak memberikan perbedaan yang nyata dalam menduga nilai kemajuan seleksi

harapan (Tabel 5). Hal ini dapat dilihat dari pendugaan nilai R pada masing-masing metode. Nilai R tertinggi yang dihasilkan oleh seleksi massa dengan mengabaikan pengaruh blok hanya selisih 0,01 dari seleksi massa dengan memperhatikan pengaruh blok maupun seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot yang nilai R nya sama yaitu 0,30 (Tabel 5). Seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili menghasilkan nilai R sebesar 0,27 (Tabel 5). Hasil ini mengindikasikan bahwa pada populasi generasi ketiga varians antarfamili dan dalam famili gen pengendali diameter tongkol sudah mulai mencapai fase keseimbangan.

Tabel 5. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (D), dan kemajuan genetik harapan (R) untuk diameter tongkol (cm).

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	3,65	3,65	3,66	3,66
Rerata terpilih	4,57	4,56	4,25	4,37
D	0,92	0,91	0,59	0,72
R	0,31	0,30	0,27	0,30

Nilai duga keterwarisan bobot jagung pada populasi ini rendah (Tabel 1). Hal ini menandakan bahwa seleksi tongkol-ke-baris akan dapat memberikan tingkat efektivitas yang lebih baik daripada seleksi massa. Penelitian terdahulu seperti oleh Ayala Osuna & Churata (1995) dalam Asghar dan Mehdi (2010) juga menghasilkan nilai keterwarisan yang rendah untuk bobot biji. Smalley *et al.* (2004) juga mendapatkan hasil nilai keterwarisan rendah untuk bobot biji yaitu 7 hingga 8 kali lebih rendah daripada keterwarisan untuk tinggi tanaman dan tinggi kedudukan tongkol.

Nilai diferensial seleksi melalui metode seleksi individu terbilang cukup tinggi yaitu tiga kali lipat dari seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili maupun plot (Tabel 6). Namun demikian, seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili menghasilkan kemajuan seleksi harapan tertinggi, bahkan melebihi seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot (yang dilakukan untuk mengantisipasi keragaman antar plot) yaitu sebesar 8,52 g (Tabel 6). Selanjutnya, nilai R terbesar hingga terkecil berturut-turut adalah melalui seleksi tongkol-ke-baris

berbasis rerata plot (8,35 g), seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (8,00 g), dan seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (7,69 g) (Tabel 6). Dengan demikian, perbaikan sifat ini disarankan menggunakan dua famili terbaik untuk program penanaman selanjutnya. Hasil ini sesuai dengan penelitian Smalley *et al.* (2004) yang menyarankan seleksi tongkol-ke-baris berbasis famili untuk bobot biji jagung pada populasi jagung BS10 C0 dan BS11 C0.

Tabel 6. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (D), dan kemajuan genetik harapan (R) untuk bobot biji (g) per tanaman.

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	67,30	67,42	66,13	66,13
Rerata terpilih	135,20	132,72	87,68	91,68
D	67,90	65,30	21,55	25,55
R	8,00	7,69	8,52	8,35

Pada seleksi massa, populasi terpilih (*W*) adalah unit seleksi (*X*) itu sendiri sehingga dalam satu siklus seleksi massa dibutuhkan dua kali masa tanam. Pada seleksi tongkol-ke-baris, perlu dilakukan rekombinasi terlebih dahulu pada populasi awal terseleksi untuk membentuk populasi terpilih. Hal ini mengakibatkan pada seleksi tongkol-ke-baris dibutuhkan tiga kali masa tanam untuk satu siklus seleksi. Meskipun seleksi tongkol-ke-baris memberikan nilai *R* yang lebih tinggi dibanding seleksi massa, seleksi massa memberikan efektivitas yang lebih baik dari sisi waktu dan ekonomi untuk banyak biji per tanaman. Seleksi massa dapat menghasilkan kemajuan seleksi yang setara dengan seleksi tongkol-ke-baris hanya dalam dua kali masa tanam (lebih cepat 1 kali masa tanam).

Pengamatan banyak biji per tanaman (bpt) dilakukan dengan menggunakan pendekatan melalui analisis regresi banyak biji per tanaman hasil pengamatan dengan perangkat lunak "Image J" ke bobot biji per tongkol hasil pengamatan sebelumnya. Dari analisis regresi dengan perangkat lunak "R" diperoleh persamaan $Y = 3,633X$ untuk menduga banyak biji per tanaman dengan *Y* adalah banyak biji per tanaman dan *X* adalah bobot biji per tanaman (Tabel 7). Intersep pada hasil analisis regresi bernilai cukup besar yaitu 28,406.

Namun demikian, pada uji α (alfa) intersep dianggap tidak nyata karena peluang t hitungnya lebih dari 0,05 (Tabel 7). Dari persamaan tersebut diperoleh data banyak biji per tanaman percobaan untuk dilakukan perbandingan seleksi.

Tabel 7. Analisis regresi banyak biji per tanaman ke bobot biji per tanaman.

Koefisien	Nilai duga	Simpangan baku	t hitung	Pr ($> t $)
Intersep	28,4062	16,6823	1,7030	0,0922
Bobot	3,6330	0,2055	17,6760	$<2e-16$

Tabel 8. Rerata populasi seleksi, rerata individu atau famili terpilih, diferensial seleksi (D), dan kemajuan genetik harapan (R) untuk banyak biji (g) per tanaman.

	Metode			
	Seleksi massa mengabaikan pengaruh blok (SM+B)	Seleksi massa memperhatikan pengaruh blok (SM-B)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili (SF)	Seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata plot (SF+FB)
Rerata populasi	272,91	273,36	268,65	268,65
Rerata terpilih	519,60	510,58	346,96	361,54
D	246,69	237,22	78,31	92,89
R	29,04	27,93	30,96	30,36

Seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili memberikan efektivitas terbesar ditinjau dari nilai kemajuan genetik harapannya yaitu sebesar 30,96 bpt diikuti oleh seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot, seleksi massa mengabaikan pengaruh blok, dan seleksi massa memperhatikan pengaruh blok yang masing-masing sebesar 30,36 bpt; 29,04 bpt; dan 27,93 bpt (Tabel 8). Dari seleksi tongkol-ke-baris berdasar rerata famili, disajikan lima famili terbaik yang juga serupa dengan bobot biji per tanaman (Tabel 8).

Pada banyak biji per tanaman, nilai kemajuan seleksi harapan R yang diperoleh pada masing-masing metode seleksi tidak terlalu besar dalam arti tidak ada yang nilainya dua kali lipat dari yang dihasilkan oleh salah satu metode (Tabel 8). Dengan demikian pemilihan seleksi massa baik yang mengabaikan atau memperhatikan pengaruh blok akan lebih efektif dalam hal waktu dan biaya untuk dilakukan dibanding seleksi tongkol-ke-baris karena untuk satu siklus seleksi, seleksi massa dapat menghasilkan nilai kemajuan seleksi harapan yang hampir setara dengan seleksi tongkol-ke-baris.

Penggunaan "Image J" ataupun perangkat lunak lain untuk analisis tanaman berbasis gambar dalam dunia pertanian di Indonesia masih sangat

jarang. Sebagian besar pengamatan tanaman masih dilakukan dengan cara manual. Dalam pengamatan sifat ini ingin ditunjukkan bahwa analisis berbasis gambar dapat digunakan untuk menghitung banyaknya biji tanpa menghitung manual. Kedepannya perlu dikembangkan teknologi serupa untuk mendukung efisiennya pengamatan tanaman terutama dalam bidang pemuliaan, karena umumnya para pemulia bekerja dengan ribuan galur atau genotipe sehingga menghabiskan banyak tenaga dan waktu apabila harus mengamati secara manual.

KESIMPULAN

1. Seleksi massa dengan memperhatikan pengaruh blok memberikan kemajuan genetik harapan tertinggi untuk tinggi tanaman.
2. Seleksi massa langsung (mengabaikan pengaruh blok) memberikan kemajuan genetik harapan tertinggi untuk tinggi kedudukan tongkol dan diameter tongkol.
3. Seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata plot memberikan kemajuan genetik harapan tertinggi untuk panjang tongkol.
4. Seleksi tongkol-ke-baris berbasis rerata famili memberikan kemajuan genetik harapan tertinggi untuk bobot biji per tanaman dan banyak biji per tanaman.

UCAPAN TERIMA KASIH

1. Dr. Panjisakti Basunanda, S.P., M.P. dan Dr. Rudi Hari Murti, S.P., M.P. sebagai dosen pembimbing skripsi serta Dr. Ir. Taryono, M.Sc. selaku dosen penguji,
2. Kedua orangtua atas doa dan dukungan moril serta materil sehingga penelitian dapat berjalan lancar, dan
3. Semua pihak yang telah ikut serta membantu dalam penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Aqil M, Rapar C, dan Zubachtirodin. 2012. Deskripsi Varietas Jagung Unggul. Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan. Badan Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pertanian Kementerian Pertanian Republik Indonesia. Maros.
- Asghar MJ & Mehdi SS. 2010. Selection indices for yield and quality traits in sweet corn. *Pak. J. Bot.* 2:775-789.
- Bedada LT & Jifar H. 2010. Maize (*Zea mays* L.) genetic advances through s1 recurrent selection in Ethiopia. *Journal of Enviromental Issues and Agriculture in Developing Countries.* 2:154-169.

- Carena MJ & Hallauer AR. 2009. *Cereals, Hand Book of Plant Breeding*. Springer International. New York
- Falconer DF, Mackay TF. 1998. *Introduction to Quantitative Genetics*. McGraw-Hill. London.
- Guo T, Li H, Yan J, Tang J, Li J, Zhang Z, Zhang L, & Wang J. 2012. Performance prediction of F1 hybrids between recombinant inbred lines derived from two elite maize inbred lines. *Theor. Appl. Genet.* 126:189-201.
- Hallauer AR, Carena MJ, & Miranda Fo. JB. 2010. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer International. New York.
- Lee J. 1996. Precision Breeding Makes Better Corn-Faster. *Agricultural Research Magazine* 44:4-6.
<<http://www.ars.usda.gov/is/AR/archive/aug96/corn.pdf>>.
- Paliwal, RL. 2000. *Hybrid maize breeding*. Dalam: *Tropical maize: Improvement and Production*. FAO. Roma. Poehlman JM, & Sleeper DA. 1995. *Breeding Field Crops*. Iowa State University. Ames.
- Smalley MD, Daub JL, & Hallauer AR. 2004. Estimation of heritability in maize by parent-offspring regression. *Maydica*. 49:221-229
- Ullah K, Rahman H, Noor M, Rehman M, Iqbal M & Sanallah. 2013. Heritability estimates and yield performance of half sib families derived from maize variety sarhad white. *Sarhad J. Agric.* 29:29-32.
- Walsh B. 2009. *Evolution and Selection of Quantitative Traits*:I. Foundations. University of Arizona. Tucson <<http://nitro.biosci.arizona.edu/>>.