

© Muhammad Azrai  
Makalah Individu  
Semester Ganjil 2004  
Pengantar Falsafah Sains (PPS702)  
Program S3  
Desemberr 2004

Posted 19 December 2004

**Dosen :**

Prof. Dr. Ir. Rudy C. Tarumingkeng (Penanggung Jawab)  
Prof. Dr. Zahrial Coto  
Dr. Ir. Hardjanto, MS

## **ANALISIS VARISANS DAN HERITABILITAS KETAHANAN GALUR-GALUR JAGUNG REKOMBINAN TERHADAP PENYAKIT BULAI**

*(Variance Analysis and Heritability Of The Recombinant Inbred lines in Maize Toward  
The Downy Mildew Disease)*

Disusun Oleh

**Muhammad Azrai** / AG61040121

Program Studi Agronomi  
Minat Pemuliaan Tanaman

**ABSTRACT.** The Downy mildew (DM) in maize, caused by *Peronosclerospora maydis*, is the most destructive disease of maize in Indonesia. This fungus has been reported to cause an economic loss of 100 % in susceptible varieties. The success to realize a new superior maize variety with a downy mildew resistance is definitely by a genetic an phenotypic variability, the variability which is estimated from the genotype test. The genotype material used in the An experiment were 134 recombinant inbred lines (RILs) CML 139 x Ki 3 progenies. The experiments were carried out to determine genetic and phenotypic variance, genetic and environment interaction variance, and heritability estimates. The semi artificial inoculation activities was conducted in Maros and Bogor from May to July 2004. The entries were arranged in an alpha-lattice design with two replications. The results of the data analysis showed that the RIL's population and its interaction with environment are significant. The genetic variance, phenotypic variance, genetic and environment interaction variance for DM resistance were broad. The Heritability estimates were considered as moderate based on combined two location analysis ( $20 \% \leq H \leq 50 \%$ ).

*Key word:* Variance, heritability, downy mildew resistance, RIL's maize

**ABSTRAK.** Penyakit bulai pada jagung yang disebabkan oleh jamur jenis *Peronosclerospora maydis* sangat merusak pertanaman jagung di Indonesia. Penyakit ini dilaporkan dapat menyebabkan penurunan hasil hingga 100 % pada varietas yang peka. Keberhasilan perakitan kultivar unggul baru yang tahan penyakit bulai sangat ditentukan oleh variabilitas genetik dan fenotipik serta nilai duga heritabilitas dari genotip uji. Genotip yang digunakan dalam penelitian ini adalah 134 galur

rekombinan jagung progeny CML 139 x Ki 3. Tujuan penelitian adalah untuk mengetahui nilai variabilitas genetik, variabilitas fenotipik, dan varians interaksi genetik dengan lingkungan, serta nilai heritabilitasnya. Penelitian dilaksanakan di Maros dan Bogor pada bulan Mei sampai bulan Juli 2004 dengan menggunakan rancangan acak kelompok. Hasil analisis data menunjukkan bahwa populasi genotip uji dan interaksinya dengan lingkungan berbeda sangat nyata. Selain itu, varians genetik dan fenotipik serta varians interaksi genetik dengan lingkungan luas, sedangkan nilai duga heritabilitas genotip uji termasuk sedang ( $20\% \leq H \leq 50\%$ ).

*Kata kunci: varians, heritabilitas, ketahanan, bulai, jagung RIL*

## **PENDAHULUAN**

### **Latar Belakang**

Jagung merupakan salah satu bahan pangan utama setelah padi. Kebutuhan penduduk akan jagung semakin meningkat seiring dengan meningkatnya pertumbuhan penduduk dan perkembangan industri pakan dan pangan. Rochim (1998) melaporkan bahwa sampai pada tahun 2010 volume ekspor jagung Indonesia diproyeksikan dalam jumlah cukup besar, yaitu sekitar 2 512 000 ton.

Produktivitas pertanaman jagung di tingkat petani masih tergolong rendah dibandingkan dengan potensi jagung unggul nasional yang mencapai  $4 \text{ t.ha}^{-1}$  –  $5 \text{ t.ha}^{-1}$  untuk jagung kultivar bersari bebas dan  $8 \text{ t.ha}^{-1}$  –  $9 \text{ t.ha}^{-1}$  untuk kultivar hibrida (Dahlan dan Sugiatni, 1991). Rendahnya produktivitas tersebut disebabkan karena berbagai faktor di antaranya adalah penggunaan benih unggul di kalangan petani masih rendah, teknik budidaya yang tidak sesuai dengan anjuran dan gangguan karena serangan hama dan penyakit. Strain penyakit yang paling banyak menimbulkan kerusakan pada tanaman jagung adalah penyakit bulai yang disebabkan oleh jamur strain *Peronosclerospora maydis* (Sudjono dan Sopandi, 1988). Patogen tersebut cukup berbahaya karena dapat menyebabkan kehilangan hasil hingga 100 persen atau puso seperti yang pernah terjadi di Lampung pada tahun 1996 (Subandi *et al.*, 1996).

Oleh karena itu, pemerintah telah menetapkan karakter ketahanan terhadap penyakit bulai sebagai salah satu syarat pelepasan varietas jagung unggul baru. Namun demikian, dari serangkaian hasil penelitian yang telah dilakukan oleh Wakman dan Kontong (2000) di Sulawesi Selatan, menunjukkan bahwa tingkat ketahanan dari beberapa kultivar jagung unggul nasional terhadap penyakit bulai

masih bervariasi dan masih banyak di antaranya yang terinfeksi atau peka penyakit bulai.

Perakitan kultivar yang tahan penyakit bulai melalui suatu seri persilangan merupakan cara yang lebih aman dan efektif dalam mengatasi penularan penyakit tersebut, dibandingkan dengan penggunaan fungisida seperti fungisida berbahan aktif *metalaksil*. Hal ini disebabkan karena residunya dapat mencemari lingkungan dan merupakan salah satu penyebab mahalnya harga benih jika diaplikasikan pada benih jagung komersial sebelum dipasarkan, terutama benih hibrida di tingkat petani.

Syarat utama yang diperlukan merakit kultivar jagung unggul baru yang tahan terhadap penyakit bulai adalah tersedianya genotipe-genotipe yang memiliki variabilitas genetik yang luas. Dengan demikian, akan memudahkan melakukan seleksi untuk mendapatkan galur-galur tahan bulai untuk diintrograsikan dengan galur-galur atau genotipe komersial. Studi variabilitas genetik, interaksi genetik dengan lingkungan dan heritabilitas sangat diperlukan untuk memudahkan pelaksanaan seleksi.

### **Identifikasi Masalah**

Dari uraian sebelumnya, dapat diidentifikasi masalah sebagai berikut :

0. Variabilitas genetik dan interaksi genetik dengan lingkungan sangat menentukan ekspresi fenotipik suatu karakter, dan sampai saat ini belum terungkap variabilitas fenotipik, genotipik dan adanya interaksi genetik dengan lingkungan dari materi pengujian untuk karakter ketahanan terhadap *P. maydis*.
0. Nilai heritabilitas menentukan besarnya peran gen-gen aditif yang mengendalikan karakter tersebut, dan sampai saat ini belum terungkap nilai heritabilitas dari materi pengujian untuk karakter ketahanan terhadap *P. maydis*.

### **Tujuan dan Kegunaan Penelitian**

Penelitian bertujuan untuk mengetahui nilai variabilitas genetik, fenotip, dan interaksi genetik dengan lingkungan, serta nilai heritabilitas berdasarkan hasil *screening* di lapangan. Informasi nilai variabilitas dan heritabilitas tersebut sangat

berguna dalam penerapan seleksi untuk merakit kultivar jagung unggul baru yang berdaya hasil tinggi dan tahan penyakit bulai.

### **Kerangka Pemikiran**

Penyakit bulai pada jagung yang disebabkan oleh jamur strain *P. maydis* dapat menghambat pembentukan tepung sari dan tongkol sehingga biji yang dihasilkan sangat sedikit atau tidak menghasilkan biji sama sekali (De-Leon, 1984). Hal ini disebabkan karena tanaman yang terserang penyakit tersebut mengalami hambatan dalam berfotosintesis sehingga pembentukan dan pertumbuhan organ-organ vegetatif dan reproduktif terhambat.

Tingkat penularan patogen penyebab penyakit bulai terhadap genotipe tanaman cukup beragam, tergantung dari tingkat variabilitas genetik, variabilitas fenotipik dan interaksi antara genetik dengan lingkungan dari genotipe yang diuji. Pengetahuan mengenai keragaman tersebut sangat penting terutama dalam penerapan program seleksi yang akan digunakan untuk karakter yang diinginkan. Interaksi antara genetik dengan lingkungan untuk suatu karakter semakin besar apabila karakter tersebut dikendalikan oleh gen-gen minor atau poligenik (Brown, 1980; Prasanna, 2002).

Hakim dan Dahlan (1972) telah melakukan suatu seri persilangan dari sepuluh kultivar yang resisten dan tiga kultivar yang peka terhadap penyakit bulai. Dari tiga puluh seri persilangan yang telah dilakukan, disimpulkan bahwa karakter ketahanan genotipe jagung terhadap patogen penyebab penyakit bulai pada tanaman jagung di Jawa dikendalikan secara poligenik. Dengan demikian, nilai heritabilitas karakter tersebut rendah.

Populasi genotipe uji yang digunakan untuk pengujian lapangan merupakan generasi S<sub>7</sub> progeni CML 139 X Ki 3. Kedua, Ki 3 merupakan galur yang dibentuk oleh CIMMYT-Asia di Thailand yang dikembangkan dari Suwan-1. Suwan-1 berasal dari Thai Composite #1 yang merupakan hasil rekombinasi dari 36 genotipe jagung dengan berbagai karakter, termasuk diantaranya ketahanan terhadap penyakit bulai (Sriwatanapongse *et al.*, 1993). Dalam proses pembentukan inbrida Ki 3, dilakukan "screening" untuk karakter ketahanan penyakit bulai pada setiap generasi "selfing". CML139 merupakan salah satu inbrida elit yang dimiliki oleh CIMMYT-Mexico. Inbrida tersebut memiliki beberapa keunggulan diantaranya potensi daya hasil tinggi dan

tahan terhadap *Diatraea* spp, namun sangat peka terhadap penyakit bulai (CIMMYT, 1991).

Persilangan antara kedua tetua tersebut yang mempunyai latar belakang genetik yang luas, akan tercipta progeni yang beragam secara genetik untuk karakter ketahanan penyakit bulai. Seberapa besar keragaman tersebut setelah dilakukan silang diri selama tujuh generasi, maka studi variabilitas genetik, fenotipik dan interaksi genetik dan lingkungan serta heritabilitas sangat diperlukan. Dengan informasi variabilitas genetik, semakin besar peluang keberhasilan untuk merakit kultivar tanaman jagung yang resisten terhadap penyakit bulai. Perakitan kultivar yang tahan penyakit bulai melalui suatu seri persilangan merupakan cara yang paling aman dan efektif dalam mengatasi penularan penyakit tersebut. Karakter ketahanan penyakit bulai yang terdapat pada populasi genotipe uji tersebut dapat diwariskan dan digabungkan dengan karakter lain pada keturunannya.

### **Hipotesis**

Dari uraian sebelumnya, maka dapat ditarik hipotesis sebagai berikut :

0. Tingkat ketahanan genotipe-genotipe populasi uji terhadap *P. maydis* memiliki variabilitas genetik dan fenotipik yang luas, serta terdapat interaksi antara genetik dan lingkungan terhadap karakter ketahanan tersebut.
0. Karakter ketahanan genotipe populasi uji terhadap *P. maydis* adalah poligenik sehingga nilai duga heritabilitasnya rendah.

### **BAHAN DAN METODE PENELITIAN**

Penelitian dilaksanakan di dua lokasi, yaitu di Kebun Percobaan Balai Penelitian Tanaman Serealia, Maros (Sulawesi Selatan) dan di Kebun Percobaan Balai Penelitian Bioteknologi Tanaman Pangan dan Sumber Daya Genetik, Bogor (Jawa Barat) pada bulan Mei hingga Juli 2004. Kedua lokasi penelitian tersebut memiliki agroekosistem yang berbeda dan merupakan daerah endemik penyakit bulai pada tanaman jagung. Lokasi penelitian di Maros terletak pada ketinggian 5 m dari atas permukaan laut, jenis tanah entisol dengan tipe curah hujan A (menurut Smith Ferguson, 1951). Lokasi penelitian di Bogor terletak pada ketinggian 240 m dari atas permukaan laut, jenis tanah inceptisol dengan tipe curah hujan D (menurut Smith

Ferguson, 1951). Tanaman sebelumnya pada kedua lokasi pengujian lapangan adalah Jagung yang mengalami penularan patogen penyakit bulai.

Peralatan yang digunakan untuk pengujian di lapangan adalah ajir, patok, label, ember, sprayer dan buku catatan, sedangkan bahan yang digunakan yaitu benih jagung dari 134 galur rekombinan (genotipe populasi RIL's) generasi S<sub>7</sub> asal CIMMYT dan kedua tetuanya masing-masing empat genotipe populasi CML 139 dan tujuh genotipe populasi Ki 3, benih jagung kultivar Antasena untuk tanaman baris penyebar dan cek lokal, tanaman sumber inokulan dari tanaman jagung yang terinfeksi bulai di sekitar lahan penelitian, dan pupuk berupa Urea (46 % N), SP36 (36 % P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>), dan KCl (50 % K<sub>2</sub>O).

Kegiatan penelitian diawali dengan penanaman tanaman baris penyebar inokulum (Kultivar Antasena) sebanyak tiga baris yang dilakukan tiga minggu sebelum penanaman genotip uji dengan jarak tanam 50 x 20 cm. Bersamaan dengan penanaman genotip uji, dilakukan pemupukan dasar dengan dosis 100 kg urea/ha, 200 kg SP 36/ha, 100 kg KCl/ha atau masing-masing 1.5 g urea, 3.0 g SP 36, 1.5 g KCl per lubang. Pada saat itu, juga dilakukan pemindahan tanaman terinfeksi ke beberapa titik di antara tanaman baris penyebar. Tanaman baris penyebar disemprot dengan larutan konidia bulai secara merata setelah berumur sepuluh hari setelah tanam. Waktu inokulasi dilakukan sekitar pukul 03.00 – 04.00 dini hari. Inokulasi tanaman penyebar tersebut diulangi setelah berumur dua puluh hari dan inokulasi ketiga dilakukan bersamaan dengan inokulasi genotip uji. Pada saat tanaman penyebar sudah terinfeksi berat dan merata oleh konidia bulai dengan persentase penularan sekitar 75 % (umur tiga minggu setelah tanam), genotipe-genotipe yang akan diuji berupa populasi RILs dan kedua tetuanya ditanam dalam satu barisan sepanjang 2.5 m dengan jarak tanam 60 cm x 25 cm. Inokulasi genotip populasi uji dilakukan saat tanaman genotip uji berumur tujuh hari setelah tanam atau tanaman telah muncul dipermukaan tanah, dengan cara yang sama dengan inokulasi tanaman baris penyebar sebelumnya.

Pengamatan dilakukan terhadap jumlah tanaman yang tumbuh dan terinfeksi konidia bulai pada tiap genotip yang diuji. Waktu pengamatan yaitu saat tanaman berumur 12, 21 dan 35 hari setelah kemunculan (saat kemunculan sekitar lima hari setelah tanam). Data yang diperoleh merupakan data kumulatif dari pengamatan

pertama, ke dua dan ke tiga, dikonversi ke dalam persentase penularan (PS) penyakit bulai dengan menggunakan rumus :

$$PS = \frac{\sum T_s}{\sum T} \times 100 \%$$

dimana : PS = Persentase penularan patogen bulai per plot.  
 $\sum T_s$  = Jumlah tanaman terserang bulai per plot  
 $\sum T$  = Jumlah tanaman per plot

Data persentase penularan dari tiap lokasi pengujian ditransformasi ke dalam bentuk arc.sin., kemudian dianalisis gabungan berdasarkan model persamaan linear rancangan acak kelompok menurut Liu (1998) sebagai berikut :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + (GE)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dimana :

$Y_{ijk}$  = nilai karakter untuk genotipe ke-i dalam ulangan ke-k dan lingkungan ke-j.  
 $\mu$  = nilai tengah populasi  
 $G_i$  = pengaruh genetik untuk genotipe ke-i  
 $E_j$  = pengaruh lingkungan ke-j  
 $(GE)_{ij}$  = interaksi genetic untuk genotipe ke-i dengan lingkungan ke-j  
 $\varepsilon_{ijk}$  = pengaruh galat percobaan dari genotipe ke-i pada ulangan ke-k dan lingkungan ke -j

Berdasarkan model linear tersebut, dapat disusun analisis varians gabungan untuk 2 lokasi seperti pada Tabel 1 menurut Villena (1990).

Tabel 1. Analisis Varians Gabungan di Dua Lokasi Pengujian Menggunakan Model Random

Sumber Variasi	Derajat Bebas (DB)	Varians MS	Nilai Harapan Kuadrat Tengah	F.Hitung
Lokasi	$l - 1$	$M_5$	$\sigma_e^2 + g\sigma^2 r / l + gr\sigma^2 l$	$M_5/M_4$
Ulangan / Lokasi	$l(r - 1)$	$M_4$	$\sigma_e^2 + g\sigma^2 r / l$	
Genotipe	$g - 1$	$M_3$	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 gl + rl\sigma^2 g$	$M_3/M_2$
Genotipe x Lokasi.	$(g - 1)(l - 1)$	$M_2$	$\sigma_e^2 + r\sigma^2 gl$	$M_2/M_1$
Galat	$l(g - 1)(r - 1)$	$M_1$	$\sigma_e^2$	

Total	$lg r - 1$
-------	------------

Keterangan:  $r =$  replikasi;  $g =$  genotipe;  $l =$  lingkungan.

Untuk mengetahui bahwa lokasi, genotipe dan interaksi genotipe dan lingkungan berbeda nyata, maka dapat dilihat nilai F. hitungnya. Jika nilai F hitung  $>$  nilai F Tabel pada taraf  $\alpha_{0,01}$  maka perlakuan tersebut dinyatakan berbeda sangat nyata. Estimasi varians genetik, fenotiping dan interaksi varians genetik dengan lingkungan berdasarkan Tabel 1. menurut Baihaki (2000) adalah sebagai berikut :

$$\text{Varians error } (\sigma_e^2) = M_1$$

$$\text{Varians genetik } (\sigma_g^2) = \frac{M_3 - M_2}{rl}$$

$$\text{Interaksi varians genetik dan lingkungan } (\sigma_{gl}^2) = \frac{M_2 - M_1}{r}$$

$$\text{Varians fenotip } (\sigma_f^2) = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gl}^2}{l} + \frac{\sigma_e^2}{rl}$$

Luas sempitnya nilai variabilitas genetik suatu karakter ditentukan berdasarkan varians genetik ( $\sigma_g^2$ ) dan standar deviasi varians genetik ( $\sigma_{\sigma_g^2}$ ) menurut Anderson dan Brancoff (1952), dikutip Wahdah (1996) sebagai berikut :

$$\sigma_g^2 > 2 \sigma_{\sigma_g^2} : \text{variabilitas genetiknya luas}$$

$$\sigma_g^2 \leq 2 \sigma_{\sigma_g^2} : \text{variabilitas genetiknya sempit.}$$

$$\sigma_{gxl}^2 > 2 \sigma_{\sigma_{gxl}^2} : \text{variabilitas interaksi genetik x lingkungan luas}$$

$$\sigma_{gxl}^2 \leq 2 \sigma_{\sigma_{gxl}^2} : \text{variabilitas interaksi genetik x lingkungan sempit}$$

$$\sigma_f^2 > 2 \sigma_{\sigma_f^2} : \text{variabilitas fenotipik luas}$$

$$\sigma_f^2 \leq 2 \sigma_{\sigma_f^2} : \text{variabilitas fenotipiknya sempit.}$$

Nilai heritabilitas dalam arti luas (H) didefinisikan sebagai perbandingan antara varians genetik dan varians fenotip yang diestimasi dengan menggunakan formula sebagai berikut (Liu, 1998) :

$$H = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$



## HASIL DAN PEMBAHASAN

Untuk mengetahui respon galur-galur rekominana pada generasi  $S_7$  terhadap infeksi patogen *P. maydis*, maka dilakukan pengamatan terhadap persentase penularan *P. maydis* di lapangan. Pengamatan dilakukan pada saat tanaman berumur 35 hari setelah kemunculan. Hasil analisis varians menunjukkan bahwa tingkat ketahanan dari genotip-genotip yang diuji berbeda sangat nyata baik dalam lokasi maupun antar lokasi, serta terdapat interaksi antara ketahanan genotip dengan lingkungan terhadap penyakit bulai (Tabel 2).

Serangkaian penelitian tentang varians interaksi genotip jagung dan lingkungan terhadap penyakit bulai di beberapa lokasi di Indonesia telah dilakukan sejak tahun 1974 sampai 1980 oleh Subandi *et al.* (1982). Hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa dari enam set varietas jagung yang digunakan, semua varietas dalam setiap set memperlihatkan reaksi yang sangat nyata, sedangkan interaksi antara varietas dan lingkungan memperlihatkan reaksi yang sangat nyata pada dua set dan satu set memperlihatkan reaksi nyata.

Tabel 2. Analisis Varians Gabungan Genotip Uji berdasarkan Data Pengujian di lokasi Maros dan Bogor.

Sumber Keragaman	derajat bebas	Jumlah kuadrat	Kuadrat tengah	F. Hitung	F.Tabel	
					0.05	0.01
Lokasi	1	987334.029	987334.029	358.07**	3.84	6.63
Replikasi/Lokasi	2	5514.775	2757.387			
Genotip	133	89085.570	669.816	4.24**	1.00	1.00
Genotip X Lok.	133	20992.890	157.841	1.33**	1.00	1.00
Galat	266	31636.890	118.936			
Total	525	1134563.795				
C.V.		13.95%				

Keterangan : \*\* = Berbeda sangat nyata pada taraf uji  $\alpha_{0.01}$

Pengujian karakter ketahanan tanaman jagung terhadap penyakit bulai pada lokasi yang berbeda sangat diperlukan guna mendapatkan dugaan yang sesuai tentang taraf interaksi rata-rata untuk genotip secara individu pada kondisi lingkungan endemik yang berbeda. Hal ini disebabkan karena dari hasil penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Hakim dan Dahlan (1972) diperoleh suatu kesimpulan bahwa karakter ketahanan genotip jagung terhadap patogen penyebab penyakit bulai pada tanaman jagung di Jawa dikendalikan secara poligenik. Kendali gen secara poligenik sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Selain itu, penggunaan varietas jagung yang resisten secara meluas memungkinkan munculnya ras patogen baru atau penyakit yang mungkin telah berubah virulensinya, yang mungkin disebabkan oleh perubahan interaksi genotip dan lingkungan.

Rata-rata persentase penularan genotip populasi uji, tetua dan kultivar Antasena yang digunakan sebagai cek di kedua lokasi pertanaman disajikan pada Tabel 3. Kedua tetua yang diikutsertakan dalam pengujian ini memperlihatkan reaksi ketahanan yang sangat berbeda. Populasi Ki 3 sebagai tetua donor ketahanan, tergolong cukup tahan, sementara tetua CML 139 sangat peka terhadap patogen *P. maydis*. Perbedaan karakter ketahanan penyakit bulai yang ekstrim antara kedua tetua diperlukan untuk melihat sebaran karakter kuantitatif ketahanan genotip terhadap patogen penyakit bulai yang tergambar pada progeninya. (Hoisington dan Coe, 1990).

Tabel 3. Rata-rata persentase penularan penyakit bulai terhadap tetua tahan (Ki 3), tetua peka (CML 139), dan kultivar Antasena serta rata-rata dan interval persentase penularan genotip uji pada umur 35 hari setelah kemunculan.

Lokasi	Rata-rata persentase penularan <i>P. maydis</i>				
	Ki 3	CML 139	134 genotipe populasi RIL	IP 134 genotipe pop RIL	Rata-rata Antasena
	% ± SD	% ± SD	% ± SD	(%)	(%)
Maros	23.92 ± 12.67	93.93 ± 11.48	90.37 ± 12.06	21.97 - 100.00	99.83
Bogor	16.14 ± 7.54	100.00 ± 0.00	89.63 ± 9.61	14.70 - 100.00	97.92
Gabung	20.03 ± 8.42	85.59 ± 5.84	90 ± 7.71	18.35 - 100.00	98.88

Keterangan : IP = Interval penularan

Berdasarkan kriteria yang dikemukakan oleh Kent (1953) yang dikutip oleh Aday (1974), populasi Ki 3 di kedua lokasi pengujian tergolong tahan dengan tingkat penularan 23.92 % di Maros dan 16.14 % di Bogor. Namun demikian, tingkat ketahanan tersebut bukan tergolong ketahanan penuh. Populasi CML 139 memperlihatkan reaksi sangat peka dengan persentase penularan 100 % di Bogor dan 83.72 % di Maros.

Estimasi nilai varians dan standar deviasi varians disajikan pada Tabel 4.. Pendugaan nilai varians genetik dilakukan dengan asumsi bahwa populasi dalam keseimbangan linkage, mengalami meiosis normal dan karena bahan yang digunakan adalah inbrida rekombinan generasi  $S_7$ , maka komponen varians genetik dominan dan epistasis dianggap sangat kecil. Dengan demikian, komponen varians yang diestimasi diasumsikan sebagai komponen varians genetik aditif.

Nilai varians pada Tabel 4 menunjukkan bahwa variabilitas genetik, fenotip dan interaksi genetik dan lingkungan tergolong luas menurut kriteria Anderson dan Brancoff (1952). Variabilitas genetik yang luas tersebut menunjukkan adanya pengaruh genetik yang dominan sehingga sangat menunjang dalam melakukan seleksi terhadap karakter yang diinginkan dari genotip populasi yang diuji (Allard, 1960).

Tabel 4. Komponen varians, standar deviasi varians, dan nilai heritabilitas genotipe populasi RIL's terhadap persentase penularan *P. maydis* umur 35 hari setelah kemunculan berdasarkan analisis gabungan di Maros dan Bogor

Komponen varians	Nilai estimasi		Kriteria
	varians	2 x standar deviasi varians	
Genotipik ( $\sigma_g^2$ )	127.99	83.76	luas
Genotipik x lokasi ( $\sigma_{gxl}^2$ )	38.91	21.79	luas
Fenotipik ( $\sigma_f^2$ )	285.84	81.53	luas
Heritabilitas	0.45		

Variasi persentase penularan genotip-genotip uji dalam lokasi menunjukkan bahwa tingkat ketahanan genetik dari tiap genotip terhadap *P.maydis* bervariasi. Perbedaan tingkat ketahanan di beberapa lokasi baik pada tetua maupun progeninya menunjukkan adanya gen ketahanan yang spesifik untuk masing-masing lingkungan, atau munculnya strain baru yang berbeda di masing-masing lokasi yang perlu diteliti dan dikaji lebih lanjut. Penelitian dan pengkajian menggunakan teknik molekuler diperlukan untuk membuktikan adanya perbedaan strain patogen di masing-masing lokasi. Keberhasilan mengidentifikasi patogen akan memudahkan aplikasi 'gen development' dalam mengatasi masalah penyakit bulai di Indonesia.

Nilai heritabilitas yang disajikan pada Tabel 4. yaitu 0.45. Berdasarkan kriteria yang dikemukakan oleh Stanfield (1983), tergolong sedang ( $20 \% \leq H \leq 50 \%$ ). Nilai heritabilitas tersebut merupakan nilai heritabilitas dalam arti luas dari hasil analisis gabungan di kedua lokasi pengujian. Nilai heritabilitas dalam arti luas sangat bermakna jika varians genotipik didominasi oleh varians aditif (Falconer dan Mackay 1996). Hal ini disebabkan karena hanya varians aditif yang diturunkan ke generasi yang lebih lanjut. Nilai heritabilitas memberikan gambaran besarnya kontribusi genetik suatu karakter yang ditunjukkan oleh ekspresi fenotip di lapangan. Besaran dari nilai heritabilitas dijadikan sebagai suatu ukuran mudahnya suatu karakter dapat diwariskan.

Heritabilitas yang sedang tersebut tidak sesuai dengan yang umum terjadi pada karakter kuantitatif dengan nilai heritabilitas rendah. Hal ini dapat terjadi karena nilai heritabilitas bukanlah suatu konstanta sehingga untuk karakter yang sama, nilainya dapat berbeda. Karena itu, walaupun metode pendugaannya serupa, tapi heritabilitas suatu karakter tidak selalu persis sama. Di pihak lain, walaupun metode pendugaan berbeda, mungkin saja diperoleh heritabilitas yang sama untuk karakter tertentu (Namkoong, 1979).

Nilai heritabilitas untuk karakter ketahanan genotip uji terhadap *P. maydis* yang sedang juga disebabkan karena variabilitas genetik dan fenotipiknya luas. Dengan menggunakan teknik pendugaan heritabilitas arti luas melalui pendekatan sidik ragam, maka nilai duga heritabilitas yang diperoleh tidak mungkin rendah atau tinggi. Nilai duga heritabilitas tinggi dapat diperoleh jika pengaruh lingkungan kecil atau variabilitas genetik luas dan variabilitas fenotipiknya sempit. Sebaliknya, jika

variabilitas genetiknya sempit dan variabilitas fenotipiknya luas, maka nilai duga heritabilitas yang diperoleh rendah. Dengan demikian, dapat dikatakan bahwa berdasarkan hasil analisis varians, maka karakter ketahanan penyakit bulai pada populasi genotip uji bersifat kuantitatif.

Variabilitas fenotipik dan genotipik yang luas sangat menguntungkan dalam program seleksi, terutama dalam melakukan seleksi terhadap suatu karakter yang diinginkan, seperti halnya dengan ketahanan terhadap penyakit bulai. Oleh karena karakter ketahanan terhadap penyakit bulai bersifat poligenik, maka diperlukan metode dan strategi yang efisien dan efektif dalam seleksi, seperti skrening disetiap generasi persilangan atau memanfaatkan marka sebagai alat bantu seleksi. Dengan demikian, kultivar baru yang tahan bulai dan berdaya hasil tinggi dapat diperoleh dalam waktu yang tidak terlalu lama.

### **SIMPULAN**

Variabilitas genetik, fenotip dan interaksi antara genotip dengan lingkungan karakter ketahanan genotip uji terhadap *P. maydis* adalah luas. Nilai heritabilitas karakter ketahanan genotip uji terhadap *P. maydis* berdasarkan hasil analisis gabungan yang tergolong sedang (0.45) menunjukkan bahwa pengaruh faktor lingkungan masih besar terhadap genotip-genotip uji. Oleh karena genotip yang digunakan merupakan galur rekombinan, maka varians genotip didominasi oleh varians aditif sehingga penurunan varians karakter ketahanan terhadap *P. maydis* dapat dipindahkan pada populasi tanaman generasi berikutnya. Nilai keragaman genetik dan heritabilitas karakter ketahanan genotip uji terhadap *P. maydis* dapat digunakan sebagai kriteria seleksi dan petunjuk untuk menetapkan metode seleksi yang tepat dalam rangka perakitan varietas jagung unggul yang tahan bulai.

### **SARAN**

Untuk mendukung data yang mengindikasikan adanya perbedaan strain patogen penyebab penyakit bulai di Bogor dan Maros, diperlukan suatu penelitian dan pengkajian lebih lanjut di tingkat molekuler yang dapat menelusuri strain-strain patogen penyebab penyakit bulai di Indonesia. Selain itu, untuk menyaring galur-galur tahan penyakit bulai pada jagung yang dapat dijadikan sebagai kandidat tetua,

maka diperlukan pengujian lanjutan pada beberapa lokasi dan musim untuk memisahkan pengaruh lingkungan. Dengan demikian, ketahanan yang diperoleh dari kegiatan penyaringan benar-benar merupakan ketahanan genetik yang dapat diwariskan pada progeninya.

### UCAPAN TERIMKA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Daniel Jeffers, Ph.D., atas kesediaannya memberikan dan mengirimkan galur jagung dari CIMMYT-Mexico kepada penulis untuk penelitian ini.

### DAFTAR PUSTAKA

- Aday, B.A., 1974. The Philippine in breeding for resistance to downy mildew of maize. *Tropical Agriculture research* 8:217-219.
- Allard, R.W. 1960. *Principles of Plant Breeding*. John Wiley and Sons. New York.
- Baihaki A. 2000. *Tekhnik Rancangan dan Analisis Penelitian Pemuliaan*. Diklat Kuliah Program Pengembangan Kemampuan Peneliti Tingkat S<sub>1</sub> Non-Pemuliaan. Fakultas Pertanian Universitas Padjadjaran.
- CIMMYT Maize Program. 1991. *Announcement of CIMMYT inbred lines CML 1 to CML 139*. CIMMYT, Mexico, D.F., Mexico.
- De-Leon C. G. 1984. *Maize Disease. A guide for field identification*. Centro International de Mejoramiento de Maiz Y. Trigo. 3<sup>rd</sup> Edition. CIMMYT, Mexico.
- Falconer, D.S., and T.F.C. MacKay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4<sup>nd</sup> ed. Longman, London.
- Hakim, R., and M. Dahlan. 1972. *Segregating behavior of *Sclerespora maydis* resistance on corn*. Bogor. *Contr. Cent. Res. Int. Agric.* No.9. 7 p.
- Hoisington, D.A., and E. H. Coe, J.r. 1990. *Mapping in maize using RFLPs. Gene manipulation in plant improvement II*. Edt. J. P. Gustafson. Plenum Press. New York. p:331-352.
- Liu, B.H. 1998. *Statistical Genomics: Linkage Mapping, and QTL Analysis*. CRC Press LLC. Boca Raton London, Newyork, and Washington D.C.
- Namkoong, G. 1979. *Introduction to quantitative genetics in forestry*. Tech. Bull. No. 1588, Forest Service USDA.
- Prasanna, B.M. 2002. *QTL Mapping in crop plants: Principle and methodology*. Part of Manual ICAR Short-Term Training Course: Molecular Marker Application in

- Plant Breeding, September 26 – October 5, 2002. Division of Genetics Indian Agricultural Research Institute, New Delhi.
- Sriwatanapongse S., S. Jindahon, and S.K. Vasal. 1993. Suawan –1 Maize from Thailand to the world. CIMMYT, Mexico, D.F., Mexico.
- Stanfield, W.D. 1983. Theory and Problems of Genetic 2<sup>nd</sup>. Sachaum's. Outline Series. Mc.Graw Hill Book Co.
- Subandi, A. Sudjana, A. Rifin, and M.M. Dahlan. 1982. Variety x environment interaction variances for downy mildew infection in corn. Penelitian Pertanian. Vol. 2. No. 1: 27-30.
- Sudjono, M.S., dan Y. Sopandi. 1988. Pendugaan penurunan hasil jagung oleh penyakit bulai (*P. maydis* Rac. Shaw.). Seminar Balittan Bogor tahun 1986.
- Villena, W.D. 1990. Analisis of data across environments and yield stability analysis. Maize Breeding at CIMMYT. 31p.
- Wahdah, R., A. Baihaki, R. Setiamihardja dan G. Suryatmana. 1996. Variabilitas dan heritabilitas laju akumulasi berat kering pada biji kedelai. Jurnal Pemuliaan Indonesia. Zuriat. Vol. 7. No. 2.
- Wakman, dan M.S. Konton. 2000. Pengendalian penyakit bulai pada tanaman jagung dengan varietas tahan dan aplikasi fungisida *metalaksil*. Penelitian pertanian Tanman Pangan. 19(2):38-42.