

KERAGAMAN GENETIK 11 GENOTIP TERUNG (*Solanum melongena* L.) LOKAL

GENETIC VARIABILITY OF ELEVEN EGGPLANT (*Solanum melongena* L.) GENOTYPES LANDRACE

Intikhanna Dyanuar Winismasari^{*)}, Budi Waluyo dan Kuswanto

Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Brawijaya University
Jl. Veteran, Malang 65145 Jawa Timur, Indonesia

^{*)}Email: annadyan@gmail.com

ABSTRAK

Terung (*Solanum melongena* L.) adalah tanaman hortikultura dari famili Solanaceae yang banyak dibudidayakan di Indonesia. Saat ini, budidaya terung lebih banyak menggunakan varietas hibrida daripada varietas lokal. Penggunaan varietas hibrida lebih menguntungkan, tetapi dapat menurunkan keragaman genetik dan hilangnya varietas lokal. Keragaman genetik memiliki arti penting dalam program pemuliaan tanaman karena mempengaruhi keberhasilan dalam program pemuliaan tanaman yang dilakukan. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mempelajari keragaman genetik pada 11 genotip terung lokal. Penelitian dilakukan selama lima bulan, yakni pada bulan Januari-Mei 2016 di Desa Jatisari, Kecamatan Ngajum, Malang. Rancangan yang digunakan berupa Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan 11 perlakuan dan 3 ulangan. Karakter kuantitatif menunjukkan hasil berbeda sangat nyata dalam semua karakter yang diamati. Nilai ragam genotip lebih rendah daripada ragam fenotip dalam semua karakter yang diamati. Keragaman genetik luas dijumpai pada semua karakter. Nilai heritabilitas dalam arti luas pada seluruh karakter yang diamati tergolong dalam kategori tinggi. Nilai kemajuan genetik dalam seluruh karakter menunjukkan nilai yang tinggi, kecuali umur masak fisiologis menunjukkan nilai sedang.

Kata Kunci: Terung Lokal, *Solanum melongena* L., Keragaman Genetik, Heritabilitas

ABSTRACT

Eggplant (*Solanum melongena* L.) is a vegetable from Solanaceae family widely cultivated in Indonesia. Recent, hybrid variety mostly used within cultivation. Using of hybrid variety giving many advantage for farmer, but decrease genetic variability and cause lack of landrace. Genetic variability have important value for plant breeding program. The objective of this research is to studying genetic variability of eleven eggplant genotypes landrace. This research was conducted on January-May 2016 in Jatisari, Ngajum, Malang. Randomized Block Design (RBD) is used as research design in this research, with eleven treatments and three replication. All quantitative data shown high significance different. Genotype variance lower than phenotype variance on all quantitative character. High genetic variability found in all quantitative character. Broad-sense heritability in all quantitative character are high. Genetic advance in all quantitative character are high, except on physiological ripeness harvest time is moderate.

Keywords: Eggplant, *Solanum melongena* L., Genetic Variability, Heritability

PENDAHULUAN

Terung (*Solanum melongena* L.) ialah tanaman hortikultura dari famili

Solanaceae yang banyak dibudidayakan di Indonesia. Berdasarkan data dari BPS tahun 2015, data produksi terung di Indonesia pada tahun 2010-2014 cenderung mengalami peningkatan, yakni dari 482.305 ton pada 2010 menjadi 577.040 ton pada 2014 (Promosiana dan Atmojo, 2015). Saat ini, budidaya terung lebih banyak menggunakan varietas hibrida daripada varietas lokal. Varietas terung hibrida memiliki hasil produksi yang tinggi, umur panen lebih cepat, dan tahan terhadap penyakit. Namun, penggunaan varietas hibrida dalam jangka waktu lama dapat menyebabkan hilangnya varietas terung lokal. Dalam kegiatan pemuliaan tanaman, tanaman lokal merupakan salah satu sumber keragaman genetik yang penting. Keragaman genetik adalah keragaman yang terjadi akibat adanya perbedaan dalam susunan gen antar makhluk hidup (Lopes *et al.*, 2015). Keragaman genetik memiliki arti penting dalam pemuliaan tanaman. Semakin besar keragaman genetik dalam suatu populasi tanaman, maka pemilihan karakter yang digunakan untuk program pemuliaan tanaman semakin mudah, sehingga tingkat keberhasilan dalam program pemuliaan tanaman tersebut semakin besar. Oleh karena itu, diperlukan suatu upaya untuk Dengan diketahuinya keragaman genetik pada tanaman lokal diharapkan dapat digunakan untuk pengembangan potensi dan konservasi terung lokal.

BAHAN DAN METODE PENELITIAN

Penelitian ini dilakukan selama lima bulan, yakni pada bulan Januari-Mei 2016. Lokasi penelitian berada di Desa Jatisari, Ngajum, Malang. Alat digunakan dalam penelitian ini ialah cangkul, gembor, meteran, alat tulis, jangka sorong, ajir, kamera, papan penanda, timbangan, panduan Descriptor for Eggplant dari IBPGR (1990) dan RHS Colour Chart. Bahan yang digunakan dalam penelitian ini

berupa benih 11 terung terung, tanah, pupuk kandang, pupuk NPK majemuk, pestisida dan air. Benih terung lokal yang digunakan terdiri dari varietas Hijau Kuat F1, 4 genotip koleksi BPTP, dan 6 genotip dari koleksi petani.

Penelitian ini menggunakan Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan 11 perlakuan dan 3 ulangan. Untuk pengamatan, masing-masing petak perlakuan diambil 10 tanaman sampel. Karakter yang diamati berupa: umur berkecambah (hss), tinggi tanaman (cm), jumlah cabang utama, diameter batang (mm), panjang helai daun (cm), lebar helai daun (cm), panjang tangkai daun (mm), panjang buah (cm), diameter buah (cm), umur masak konsumsi (hst), umur panen fisiologis (hst), persentase luasan kelopak buah (%), jumlah buah per tanaman, bobot buah per tanaman (g), jumlah biji per buah, warna biji, ukuran biji (mm), berat 100 biji (g).

Data hasil pengamatan dianalisis dengan menggunakan analisa ragam uji F (Tabel 1). Apabila nilai F hitung lebih besar daripada F-tabel 5%, dilanjutkan dengan penghitungan estimasi ragam genotip, ragam fenotip, heritabilitas, dan kemajuan genetik. Estimasi ragam genotip, ragam lingkungan dan heritabilitas dihitung dengan menggunakan rumus yang disebutkan oleh Singh, Ceccarelli dan Hamblin (1993)

$$\sigma_g^2 = \frac{KTg - KTe}{r}$$

$$\sigma_e^2 = KTe$$

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

$$H = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100\%$$

Keterangan:

σ_g^2 : ragam genetik

σ_e^2 : ragam lingkungan

σ_f^2 : ragam fenotip

H : heritabilitas

KTg : kuadrat tengah genotip

Kte : kuadrat tengah galat

Tabel 1 Analisa Ragam Uji F untuk Rancangan Acak Kelompok (RAK)

SK	Db	JK	KT	F hitung
Ulangan	r-1	JKr	KTr	KTr/Kte
Genotip	g-1	JKg	KTg	KTg/Kte
Galat	(r-1)(g-1)	Jke	KTe	
Total	(rg-1)	JKt		

Keterangan: SK: sumber keragaman; db: derajat bebas; r: jumlah ulangan; g: jumlah genotip, JK: jumlah kuadrat; JKr: jumlah kuadrat ulangan, JKg: jumlah kuadrat genotip; Jke: jumlah kuadrat galat; JKt: jumlah kuadrat total; KT: kuadrat tengah; KTr: kuadrat tengah ulangan; KTg: kuadrat tengah genotip; KTe: kuadrat tengah galat.

Pengelompokan keragaman genetik, menurut Anderson dan Bancroft (1952), yakni keragaman genetik tergolong luas apabila $\sigma_g^2 > 2$ kali SE (σ_g^2) dan keragaman genetiknya sempit apabila $\sigma_g^2 < 2$ kali SE (σ_g^2). SE (σ_g^2) dihitung menggunakan rumus:

$$SE(\sigma_g^2) = \sqrt{\frac{2}{c^2} \left[\sum \frac{\sigma_i^2}{f_i + 2} \right]}$$

Keterangan:

SE (σ_g^2): simpangan baku ragam genetik
 σ_i^2 : KT yang terlibat pada pemisalan nilai komponen ragam
 f_i : db pada KT yang terlibat pada pemisalan nilai komponen ragam
 c : nilai koefisien ragam yang diduga

Setelah disesuaikan dengan analisis ragam yang digunakan, rumus tersebut menjadi:

$$SE(\sigma_g^2) = \sqrt{\frac{2}{(3)^2} \left[\frac{(KTe)^2}{20+2} + \frac{(KTg)^2}{10+2} \right]}$$

Keterangan:

SE (σ_g^2): simpangan baku ragam genetik
 KTe : kuadrat tengah galat
 KTg : kuadrat tengah genotip

Pengelompokan nilai heritabilitas berdasarkan kategori menurut Bailey (2014), yakni heritabilitas rendah apabila nilai heritabilitas kurang dari 20%, sedang apabila nilai heritabilitas antara 20%-40% dan heritabilitas tinggi apabila nilai heritabilitas lebih dari 40%.

Estimasi kemajuan genetik dihitung dengan menggunakan rumus dari Sahu (2013):

$$KG = K.H.\sigma_f$$

$$KG(\%) = \frac{KG}{\bar{x}} \times 100\%$$

Keterangan:

KG : kemajuan genetik
 K : intensitas seleksi 5%: 2,06
 H : heritabilitas dalam arti luas
 σ_f : standar deviasi fenotip
 \bar{x} : rata-rata seluruh sampel

Kemajuan genetik selanjutnya dikategorikan menurut Lestari dan Nugraha (2007), yakni rendah apabila nilai kemajuan genetik kurang dari 7%, sedang apabila nilai kemajuan genetik antara 7-14% dan tinggi apabila lebih dari 14%.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil analisis ragam dalam semua karakter kuantitatif yang diamati (Tabel 2) menunjukkan bahwa nilai F hitung lebih besar daripada nilai F-tabel 1%, yang berarti bahwa terdapat beda sangat nyata antar genotip yang digunakan. Berdasarkan menurut Anderson dan Bancroft (1952), keragaman genetik dalam seluruh variabel (Tabel 3) tergolong dalam keragaman genetik yang luas. Maryenti, Bermwai dan Prasetyo (2016) menyatakan keragaman genetik yang luas mempermudah dilakukannya seleksi, terutama pada karakter dengan tingkat pewarisan yang tinggi. Lebih lanjut, Reddy *et al.* (2013) menyatakan bahwa keragaman genetik dapat digunakan dalam seleksi apabila ditunjang oleh heritabilitas yang tinggi dan kemajuan genetik yang tinggi.

Tabel 2. Analisis Ragam pada Karakter Kuantitatif pada 11 Genotip Terung Lokal

Sumber Keragaman	db	Umur berkecambah (hss)	Tinggi tanaman(cm)	Jumlah cabang utama (cabang)	Diameter batang utama (mm)	Panjang helai daun(cm)	Lebar helai daun (cm)
Kelompok	2	0.093	1.596	0.016	0.425	2.299	1.196
Genotip	10	60.873**	6315.213**	27.169**	91.280**	352.716**	284.333**
Galat	20	1.754	96.114	1.355	13.209	50.064	17.435
Total	32	62.720	6412.922	28.540	104.913	405.079	302.964

Sumber Keragaman	db	Panjang tangkai (mm)	Waktu berbunga (hst)	Panjang buah (cm)	Diameter buah (cm)	Umur masak konsumsi (hst)	Umur masak fisiologis (hst)
Kelompok	2	144.476	57.815	0.029	0.227	30.786	28.986
Genotip	10	9696.454**	564.640**	1674.033**	86.512**	2200.100**	970.736**
Galat	20	2018.776	91.489	7.016	1.455	109.207	56.127
Total	32	11859.706	713.945	1681.078	88.194	2340.093	1055.850

Sumber Keragaman	db	Persentase bobot kelopak (%)	Jumlah buah per tanaman (buah)	Bobot buah per tanaman (g)	Jumlah biji per buah (biji)	Ukuran biji (mm)	Bobot biji (gram)
Kelompok	2	0.042	0.015	4627.696	21855.939	0.000	0.004
Genotip	10	51.856**	612.177**	377767.662**	3659992.070**	1.919**	0.089**
Galat	20	3.471	1.607	30925.182	301778.841	0.087	0.018
Total	32	55.369	613.799	413320.539	3983626.850	2.005	0.111

Keterangan:** berbeda sangat nyata pada taraf 1%.

Nilai heritabilitas dalam arti luas pada seluruh variabel yang diamati (Tabel 4) tergolong dalam kategori tinggi. Nilai tersebut menunjukkan bahwa proporsi ragam genetik lebih tinggi dalam semua variabel, sehingga karakter tersebut lebih banyak dipengaruhi oleh genetik dan memiliki peluang tinggi untuk diwariskan pada keturunannya. Hasil tersebut sejalan dengan penelitian yang telah dilakukan Ambade *et al.* (2013), Madhavi *et al.* (2015), dan Vidhya dan Kumar (2015).

Shekar, Ashok, dan Sasikala (2012), menyatakan bahwa nilai heritabilitas dalam arti luas dari suatu karakter menunjukkan bahwa pengaruh lingkungan sedikit terhadap karakter tersebut. Namun, seleksi dengan menggunakan karakter tersebut kurang sesuai. Hal tersebut dikarenakan heritabilitas dalam arti luas berdasarkan ragam genetik yang didalamnya mengandung ragam aditif dan non-aditif.

Tabel 3 Estimasi Ragam Genetik dan Pengelompokannya

Variabel	σ^2 genetik	2 x SE (σ_g^2)	Kategori
Umur berkecambah (hss)	2.088	1.657	Luas
Tinggi tanaman (cm)	208.905	171.881	Luas
Jumlah cabang utama (cabang)	0.883	0.740	Luas
Diameter batang utama (mm)	2.823	2.488	Luas
Panjang helai daun (cm)	10.923	9.613	Luas
Lebar helai daun (cm)	9.187	7.741	Luas
Panjang tangkai daun (mm)	289.569	264.683	Luas
Waktu berbunga (hst)	17.297	15.395	Luas
Panjang buah (cm)	55.684	45.561	Luas
Diameter buah (cm)	2.859	2.355	Luas
Umur masak konsumsi (hst)	71.517	59.889	Luas
Umur masak fisiologis (hst)	31.422	26.426	Luas
Persentase bobot kelopak (%)	1.671	1.412	Luas
Jumlah buah per tanaman (buah)	20.379	16.661	Luas
Bobot buah per tanaman (g)	12076.836	10286.230	Luas
Jumlah biji per buah (biji)	116970.088	99658.531	Luas
Ukuran biji (mm)	0.063	0.052	Luas
Bobot 100 biji (g)	0.003	0.002	Luas

Keterangan: Keragaman genetik luas: $\sigma_g^2 > 2$ kali SE (σ_g^2), keragaman genetik sempit $\sigma_g^2 < 2$ kali SE (σ_g^2) (berdasarkan kriteria menurut Anderson dan Bancroft (1952)).

Tabel 4 Estimasi Nilai Heritabilitas, Kemajuan Genetik Harapan dan Pengelompokannya

Variabel	Heritabilitas (%)	Kategori	Kemajuan Genetik (%)	Kategori
Umur berkecambah (hss)	95.799	Tinggi	49.882	Tinggi
Tinggi tanaman (cm)	97.751	Tinggi	36.633	Tinggi
Jumlah cabang utama (cabang)	92.877	Tinggi	38.074	Tinggi
Diameter batang utama (mm)	81.038	Tinggi	25.775	Tinggi
Panjang helai daun (cm)	81.356	Tinggi	26.667	Tinggi
Lebar helai daun (cm)	91.334	Tinggi	32.533	Tinggi
Panjang tangkai daun (mm)	74.152	Tinggi	30.245	Tinggi
Waktu berbunga (hst)	79.084	Tinggi	17.745	Tinggi
Panjang buah (cm)	99.374	Tinggi	87.865	Tinggi
Diameter buah (cm)	97.519	Tinggi	65.303	Tinggi
Umur masak konsumsi (hst)	92.906	Tinggi	27.367	Tinggi
Umur masak fisiologis (hst)	91.801	Tinggi	13.542	Sedang
Persentase bobot kelopak (%)	88.774	Tinggi	47.145	Tinggi
Jumlah buah per tanaman (buah)	99.607	Tinggi	135.732	Tinggi
Bobot buah per tanaman (g)	88.650	Tinggi	39.318	Tinggi
Jumlah biji per buah (biji)	88.574	Tinggi	62.518	Tinggi
Ukuran biji (mm)	93.518	Tinggi	14.533	Tinggi
Bobot 100 biji (g)	74.252	Tinggi	23.911	Tinggi

Keterangan: heritabilitas rendah: $H < 20\%$, heritabilitas sedang: $20 \geq H \geq 50\%$, heritabilitas tinggi: $H > 50\%$ (Bailey, 2014); kemajuan genetik rendah: 0-7%, kemajuan genetik sedang: 7-14%, kemajuan genetik tinggi: $> 14\%$ (Lestari dan Nugraha, 2007).

Nilai kemajuan genetik dalam seluruh variabel menunjukkan nilai yang tinggi, kecuali pada variabel umur masak fisiologis yang menunjukkan nilai sedang. Shekar *et al.* (2012) menyatakan bahwa nilai kemajuan genetik yang tinggi menunjukkan bahwa karakter tersebut

dipengaruhi oleh gen aditif, sehingga seleksi dengan menggunakan karakter tersebut sebagai variabelnya lebih efektif untuk dilakukan. Nilai kemajuan genetik sedang menunjukkan bahwa karakter tersebut dipengaruhi oleh gen non-aditif. Nilai kemajuan genetik yang rendah

menunjukkan bahwa karakter tersebut dipengaruhi oleh gen aditif dan non-aditif secara bersamaan.

Nilai kemajuan genetik sedang dan tinggi dapat dijadikan sebagai indikator bahwa perbaikan sifat melalui seleksi pada karakter tersebut dapat dilakukan dengan cepat.

Nilai heritabilitas dan nilai kemajuan genetik memiliki kaitan yang erat. Nilai kemajuan genetik dipengaruhi oleh nilai heritabilitas. Berdasarkan hasil perhitungan, nilai heritabilitas yang tinggi juga diikuti dengan nilai kemajuan genetik yang tinggi dalam seluruh variabel, kecuali pada karakter umur masak fisiologis. Pada karakter umur masak fisiologis, nilai heritabilitas yang tinggi diikuti oleh nilai kemajuan genetik tinggi. Karakter dengan nilai heritabilitas tinggi yang diikuti dengan nilai kemajuan genetik tinggi dan sedang dipengaruhi oleh gen aditif dan seleksi berdasarkan kenampakan fenotip pada karakter tersebut efektif dilakukan (Shekar *et al.* (2012), Lokesh *et al.* (2013) dan Kumar *et al.* (2013). Disamping itu, untuk mengoptimalkan seleksi, preferensi konsumen juga perlu dijadikan pertimbangan dalam pemilihan variabel yang digunakan

KESIMPULAN

Terdapat keragaman pada karakter kualitatif dan kuantitatif dari 11 genotip terung lokal yang digunakan. Adanya keragaman genetik pada karakter kuantitatif dapat dilihat pada nilai ragam genotip, ragam fenotip, heritabilitas dan kemajuan genetik.

DAFTAR PUSTAKA

- Ambade, R.L., M. Sahu, K.K Sahu and N Mehta. 2013.** Heritability and genetic advance of yield and its components in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Asian Journal Biological Science.*, 8(2) : 234-236.
- Anderson, R.L and T.A Bancroft. 1952.** Statistical Theory in Research. McGraw-Hill Book Company. New York.
- Bailey, E. 2014.** Heritability and the equine clinician. *Equine Veterinary Journal* 46(1): 12–14.
- IBPGR. 1990.** Descriptor for Eggplant. International Board for Plant Resources. Rome.
- Kumar, S.R, T. Arumugam, C.R. Anandakumar and V. Premalakshmi. 2013.** Genetic variability for quantitative and qualitative characters in brinjal (*Solanum melongena* L.) *African Journal of Agricultural Research* 8(39): 4956-4959.
- Lestari, A.P dan Y. Nugraha. 2007.** Keragaman genetik hasil dan komponen hasil galur-galur padi hasil kultur anter. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 26(1): 8-13.
- Lokesh, B, P. S. Reddy, R.V.S. K. Reddy and N.Sivaraj. 2013.** Variability, heritability and genetic advance studies in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding* 4(1): 1097-1100.
- Lopes, M.S, I. El-Basyoni, P.S. Baenziger, S. Singh, C. Royo, K. Ozbek, H. Aktas, E. Ozer, F. Ozdemir, A. Manickavelu, T. Ban and P. Vikram. 2015.** Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change. *Journal of Experimental Botany* 66(12): 3477-3486.
- Madhavi, N, A.C. Mishra, J.O. Prasad and N. Bahuguna. 2015.** Studies on variability, heritability and genetic advance in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Plant Archives* 15(1): 277-281.
- Maryenti, T, M. Bermwai dan J. Prasetyo. 2016.** Heritabilitas dan kemajuan genetik karakter ketahanan kedelai generasi F2 persilangan tanggamus x b3570 terhadap soybean mosaic virus. *Jurnal Kelitbangan* 2(2): 137-153.
- Promosiana, A dan H.D Atmojo (Ed). 2015.** Statistik Produksi Hortikultura Tahun 2014. Direktorat Jenderal Hortikultura Kementerian Pertanian. Jakarta.

- Reddy, M.P, B.N Reddy, B.T. Arsul and J.J. Maheshwari. 2013.** Genetic variability, heritability and genetic advance of growth and yield components of linseed (*Linum usitatissimum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2(9): 231-237.
- Sahu, P.K. 2013.** Research Methodology: A Guide for Researchers in Agricultural Science, Sosial Science, and Other Related Fields. Springer Science and Business Media. NewYork.
- Shekar, K.C, P. Ashok, and K. Sasikala. 2012.** Studies on heritability and multivariate analyses in brinjal (*Solanum melongena* L.). *Vegetable Crops Research Bulletin*. 76(2012): 79-88.
- Singh, M, S. Ceccarelli, and J. Hamblin. 1993.** Estimation of heritability from varietal trials data. *Theory Applied Genetic* 86(4):437-441.
- Vidhya, C. and N. Kumar. 2015.** Genetic variability studies in brinjal (*Solanum melongena*) for fruit yield and quality. *Electronic Journal of Plant Breeding* 6(3): 668-671.