

**KERAGAAN FENOTIPIK DAN PENDUGAAN PARAMETER GENETIK  
BEBERAPA GALUR JAGUNG MANIS (*Zea mays saccharata* Sturt)**

**GENERASI S<sub>2</sub>**

**Oleh Dian Asriyanti**

**Dibimbing Oleh : Ir. Lagiman, M.Si dan Dr. Bambang Supriyanta SP, MP.**

**ABSTRAK**

Keragaan dilakukan untuk mengetahui karakter fenotipe tanaman, sehingga dapat dijadikan identitas tanaman. Penelitian bertujuan untuk mengetahui keragaan fenotipik beberapa galur jagung manis generasi S<sub>2</sub>, mengetahui pendugaan parameter genetik beberapa galur jagung manis generasi S<sub>2</sub>, dan mengetahui galur yang diharapkan sebagai bahan penelitian selanjutnya. Penelitian menggunakan Rancangan Acak Kelompok Lengkap (RAKL) dengan 3 ulangan. Perlakuan terdiri dari 8 galur jagung manis SBTM-1-33, SBTL-1-34, TLSB-3-25, TLSB-2-55, TLTM-1-2, SBTL-1-2, TLSB-63, TLSB-1-61. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan analisis ragam (ANOVA), apabila ada perbedaan pengaruh yang nyata, selanjutnya dapat dilakukan dengan uji Scott Knott, sedangkan parameter genetik dengan analisis koefisien keragaman (KK), KKG, variabilitas genetik, dan nilai heritabilitas. Keragaan karakter dilihat dari parameter vegetatif, parameter generatif yang berbeda nyata, sedangkan parameter hasil (tongkol) berbeda nyata, kecuali tinggi letak tongkol. Nilai variabilitas yang luas dan nilai heritabilitas yang tinggi terdapat pada parameter tinggi tanaman, jumlah daun, panjang daun, lebar daun, diameter batang, dan tinggi letak tongkol. Nilai KKG pada penelitian memiliki nilai sedang dan rendah, parameter yang memiliki nilai sedang pada parameter tinggi tanaman dan tinggi letak tongkol, sedangkan parameter lain memiliki nilai KKG rendah. Galur SBTL-1-34 direkomendasikan sebagai galur yang memiliki hasil lebih baik, dilihat dari parameter tinggi tanaman, tinggi letak tongkol, dan bobot tongkol tanpa kelobot yang memiliki nilai tinggi pada galur tersebut. Galur TLSB-63 dan TLSB-3-25 memiliki kemunculan bunga jantan dan bunga betina lebih cepat.

**Kata kunci : Jagung manis, keragaan, nilai variabilitas genetik, heritabilitas**

**PHENOTYPIC PERFORMANCE AND ESTIMATION OF GENETIC  
PARAMETERS LINES OF SWEET CORN (*Zea mays saccharata* Sturt)**

**GENERATION S2**

**By Dian Asriyanti**

**Supervised by : Ir. Lagiman, M.Si dan Dr. Bambang Supriyanta SP, MP.**

**ABSTRACT**

The demonstration was carried out to determine the phenotypic character of the plant, so that it could be used as a plant identity. This study aims to determine the phenotype performance of several S2 generation sweet corn lines, to determine the estimation of genetic parameters of several S2 generation sweet corn lines, and to determine the expected strains as material for further research.. The study used a Completely Randomized Block Design (RAKL) with 3 replications. The treatments consisted of 8 sweet corn strains SBTM-1-33, SBTL-1-34, TLSB-3-25, TLSB-2-55, TLTM-1-2, SBTL-1-2, TLSB-63, TLSB-1-61. The data obtained were analyzed using analysis of variance (ANOVA), if there is a significant difference in effect, then it can be done using the Scott Knott test, while the genetic parameters analyzed the coefficient of diversity (KK), KKG, genetic variability and heritability values. The character performance seen from vegetative parameters, generative parameters were significantly different, while yield parameters (cobs) were significantly different, except for the height and location of the cobs. The wide variability values and high heritability values were found in the parameters of plant height, number of leaves, leaf length, leaf width, stem diameter, and ear height. KKG values in this study had medium and low values, parameters that had medium values were plant height and cob height, while other parameters had low KKG values. The SBTL-1-34 line was recommended as a line that had better yields, judging from the parameters of plant height, cob height, and cob weight without cob which had high values in that line. The TLSB-63 and TLSB-3-25 lines had faster male and female flower appearance.

**Keyword: Sweet corn, performance, genetic variability value, heritability**