

IDENTIFIKASI JAGUNG MANIS PEMBAWA GEN $wxwx$ DAN PREDIKSI TETUA HIBRIDA JAGUNG PULUT MANIS BERDASARKAN JARAK GENETIK

SRI INDRAYANI



**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Identifikasi Jagung Manis Pembawa Gen wxwx dan Prediksi Tetua Hibrida Jagung Pulut Manis Berdasarkan Jarak Genetik” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, September 2026

Sri Indrayani
A2503232051



RINGKASAN

SRI INDRAYANI. Identifikasi Jagung Manis Pembawa Gen *wxwx* dan Prediksi Tetua Hibrida Jagung Pulut Manis Berdasarkan Jarak Genetik. Dibimbing oleh ARYA WIDURA RITONGA dan WAHYUNI

Jagung pulut dan jagung manis merupakan produk pertanian yang memiliki nilai konsumsi dan ekonomi tinggi. Jagung pulut disukai karena teksturnya pulen, sedangkan jagung manis diminati karena rasa manis dan tekstur lembut. Penggabungan kedua karakter tersebut diperlukan untuk menghasilkan hibrida jagung pulut-manis yang memiliki daya hasil tinggi dan kualitas konsumsi baik. Penelitian ini bertujuan: (1) memperoleh informasi galur jagung manis yang membawa gen *wxwx*, (2) memperoleh informasi jarak genetik tetua jagung pulut-manis berdasarkan morfologi kernel, biokimia, marka molekuler, dan (3) mengevaluasi hibrida jagung pulut-manis antara jarak genetik jauh (antar klaster) dengan jarak genetik dekat (dalam klaster).

Penelitian ini terdiri atas tiga percobaan. Percobaan pertama adalah identifikasi jagung manis pembawa gen *wxwx* dengan analisis keragaman dan analisis persilangan. Percobaan kedua adalah prediksi hibrida jagung pulut-manis berdasarkan karakter morfologi kernel, biokimia dan marka molekuler. Percobaan ketiga adalah verifikasi hibrida jagung pulut manis.

Percobaan pertama menunjukkan bahwa hasil analisis klaster berdasarkan karakter kualitatif dan kuantitatif tidak dapat digunakan sebagai dasar untuk mendeteksi keberadaan gen *wxwx*. Berdasarkan hasil ini, genotipe pembawa gen tersebut tetap terkelompok bersama jagung manis yang tidak membawa gen *waxy*. Hasil persilangan antara jagung pulut (P1 – P3) dan jagung manis (P4 – P17) menunjukkan dua ekspresi fenotipe berbeda, yaitu pulut dan pipil. Persilangan antara jagung pulut dengan jagung manis P4 dan P5 menghasilkan fenotipe biji pulut sedangkan persilangan antara jagung pulut dengan jagung manis (P6 – P17) menghasilkan fenotipe biji pipil. Metode persilangan yang memanfaatkan metaxenia dapat digunakan sebagai metode seleksi fenotipik untuk mengidentifikasi galur jagung manis pembawa gen *wxwx*.

Percobaan kedua menunjukkan bahwa analisis klaster terhadap tujuh galur jagung pulut dan jagung manis menggunakan data gabungan yang mencakup karakter morfologi kernel, biokimia, dan marka molekuler RAPD menghasilkan dua kelompok utama. Pengelompokan ini menunjukkan adanya perbedaan genetik antar galur yang terlihat dari jarak genetiknya.

Percobaan ketiga menunjukkan bahwa hibrida yang berasal dari persilangan antar klaster menunjukkan potensi hasil yang lebih tinggi dibandingkan dengan hibrida yang berasal dari dalam klaster yang sama. Hibrida JPM 1.2P3 × JPS 13.6.1K.1 menunjukkan performa lebih baik pada beberapa karakter hasil dan berpotensi dikembangkan sebagai kandidat hibrida jagung pulut-manis.

Kata kunci: analisis klaster, gen *wxwx*, jagung pulut-manis, keragaman genetik, performa hibrida



SUMMARY

SRI INDRAYANI. Identification of Sweet Corn Carrying the wxwx Gene and Prediction of Sweet Waxy Corn Hybrid Parental Lines Based on Genetic Distance. Supervised by ARYA WIDURA RITONGA and WAHYUNI

Waxy corn and sweet corn are specialty maize types with high economic and consumption value. Waxy corn is preferred for its glutinous texture, whereas sweet corn is favored for its sweet taste and tender texture. Combining these desirable characteristics is essential for developing waxy-sweet corn hybrids with high yield potential and good eating quality. This study aimed to identify sweet corn inbred lines carrying the wxwx gene, determine the genetic distance among waxy-sweet corn parental lines based on kernel morphology, biochemical traits, and molecular markers, and evaluate waxy-sweet corn hybrids derived from crosses between genetically distant parents (between clusters) and genetically related parents (within clusters).

The study consisted of three experiments. The first experiment aimed to identify sweet corn inbred lines carrying the wxwx gene through diversity analysis and crossing analysis. The second experiment was to predict waxy-sweet corn hybrids based on kernel morphological, biochemical, and molecular markers. The third experiment was conducted to verify the performance of waxy-sweet corn hybrids.

The first experiment showed that cluster analysis based on qualitative and quantitative characteristics could not be used as a basis for detecting the presence of the wxwx gene, as genotypes carrying the gene remained clustered together with sweet corn genotypes lacking the gene. Crosses between waxy corn (P1 - P3) and sweet corn (P4 - P17) produced two distinct kernel phenotypes, namely waxy and dent. Crosses between waxy corn and sweet corn lines P4 and P5 produced waxy kernels, whereas crosses between waxy corn and sweet corn lines P6 - P17 produced dent kernels. The crossing method utilizing metaxenia can be used as a phenotypic selection method to identify sweet corn lines carrying the wxwx gene.

The second experiment showed that cluster analysis of seven waxy and sweet corn inbred lines using combined kernel morphological, biochemical, and RAPD molecular markers data grouped the lines into two major clusters. This grouping indicated genetic variation among the inbred lines, as reflected by their genetic distances.

The third experiment demonstrated that hybrids derived from crosses between different clusters exhibited higher yield potential than hybrids derived from crosses within the same cluster. The hybrid JPM 1.2P3 × JPS 13.6.1K.1 showed superior performance for several yield-related traits and has the potential to be developed as a promising waxy-sweet corn hybrid candidate.

Keywords: cluster analysis, genetic diversity, hybrid performance, waxy-sweet corn, wxwx gene



© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026¹
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.



- 

IDENTIFIKASI JAGUNG MANIS PEMBAWA GEN $wxwx$ DAN PREDIKSI TETUA HIBRIDA JAGUNG PULUT MANIS BERDASARKAN JARAK GENETIK

SRI INDRAYANI

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister pada
Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman

**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Tim Penguji pada Ujian Tesis:

1. Prof. Dr. Ir. Sobir, M.Si
2. Dr. Sintho Wahyuning Ardie, S.P., M.Si

Judul Tesis : Identifikasi Jagung Manis Pembawa Gen *wxwx* dan
Prediksi Tetua Hibrida Jagung Pulut Manis Berdasarkan
Jarak Genetik
Nama : Sri Indrayani
NIM : A2503232051

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Dr. Arya Widura Ritonga, S.P., M.Si.



Pembimbing 2:
Dr. Wahyuni, S.Si., M.Biomed.



Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Desta Wurnas, S.P., M.Si.
NIP. 197012282000032001

Dekan Fakultas Pertanian:
Prof. Dr. Ir. Suryo Wiyono, M.Sc., Agr.
NIP. 196902121992031003




Tanggal Ujian: 15 September 2026

Tanggal Lulus: 01 OCT 2026



- 

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya, sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan November 2024 sampai Oktober 2025 ini ialah dengan judul “Identifikasi Jagung Manis Pembawa Gen wxwx serta Prediksi Tetua Hibrida Jagung Pulut Manis Berdasarkan Jarak Genetik”. Penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. Dr. Arya Widura Ritonga, S.P., M.Si dan Dr. Wahyuni, S.Si., M.Biomed selaku komisi pembimbing tesis telah memberikan arahan, bimbingan, motivasi, waktu, dan pemikiran selama proses perkuliahan. Komisi pembimbing juga mendampingi penyusunan proposal, pelaksanaan penelitian, dan penulisan karya ilmiah sampai tesis ini selesai.
2. Prof. Dr. Ir. Sobir, M.Si dan Dr. Sintho Wahyuning Ardie, S.P., M.Si selaku tim penguji atas masukan dan arahan perbaikan tesis.
3. Seluruh dosen Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman telah membagikan ilmu dan memberikan bimbingan selama penulis menempuh pendidikan magister.
4. Pusat Riset Botani Terapan-BRIN yang telah memberikan fasilitas laboratorium untuk mendukung pelaksanaan pengujian dalam penelitian ini.
5. Direktorat Jendral Riset dan Pengembangan, Kementerian Pendidikan Tinggi, Sains, dan Teknologi atas pendanaan penelitian berdasarkan kontrak Pelaksanaan Program Penelitian Tahun Anggaran 2025.
6. Pengelola Kebun Percobaan Pasir Kuda yang telah memfasilitasi serta memberikan izin kepada penulis untuk melaksanakan penelitian.
7. Kedua orang tua penulis, Bapak Sukardi (Alm.) dan Ibu Endah Farida (Almh.), serta suami Sofian Suhendar dan putri tercinta Zahira Zalfa Suhendar dan Alisha Safiya Suhendar, yang selalu mendukung, mendorong, dan mendoakan penulis.
8. Teman-teman seperjuangan dari Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman S2 angkatan 2023 atas kolaborasi, dukungan, dan dorongan yang mereka berikan selama pendidikan.
9. Rekan-rekan dari Pusat Botani Terapan dan Pusat Rekayasa Genetika yang telah memberikan bantuan, dukungan, serta berbagai masukan selama pelaksanaan penelitian.

Semoga hasil penelitian ini bermanfaat bagi mereka yang membutuhkannya dan untuk kemajuan penelitian.

Bogor, September 2026

Sri Indrayani



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Tujuan	2
1.3 Manfaat	2
1.4 Ruang Lingkup	2
1.5 Hipotesis	4
II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Botani dan Morfologi Tanaman Jagung	5
2.2 Jagung Manis dan Jagung Pulut	6
2.3 Pemuliaan Jagung Pulut dan Manis	7
2.4 Jagung Pulut-Manis	8
2.5 Marka Molekuler	8
2.6 Marka Biokimia	9
III IDENTIFIKASI JAGUNG MANIS PEMBAWA GEN $wxwx$ Dengan ANALISIS KERAGAMAN DAN ANALISIS PERSILANGAN	11
3.1 Abstrak	11
3.2 Latar Belakang	12
3.3 Metode Penelitian	13
3.4 Hasil dan Pembahasan	17
3.5 Simpulan	27
IV PREDIKSI HIBRIDA JAGUNG PULUT MANIS BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI KERNEL, BIOKIMIA, DAN MARKA MOLEKULER	29
4.1 Abstrak	29
4.2 Latar Belakang	30
4.3 Metode Penelitian	31
4.4 Hasil dan Pembahasan	35
4.5 Simpulan	42
V VERIFIKASI HIBRIDA JAGUNG PULUT MANIS	44
5.1 Abstrak	44
5.2 Latar Belakang	44
5.3 Metode Penelitian	45
5.4 Hasil dan Pembahasan	46
5.5 Simpulan	47
VI PEMBAHASAN UMUM	48
VII SIMPULAN DAN SARAN	50
7.1 Simpulan	50
7.2 Saran	50
DAFTAR PUSTAKA	51
RIWAYAT HIDUP	56

DAFTAR TABEL

1.	Materi genetik 17 galur jagung pulut dan jagung manis	13
2.	Deskripsi karakter kualitatif berbagai jagung pulut dan jagung manis	18
3.	Rekapitulasi sidik ragam beberapa karakter kuantitatif jagung pulut dan jagung manis	19
4.	Rata-rata karakter agronomis berbagai galur jagung pulut dan jagung manis	20
5.	Rata-rata karakter komponen hasil berbagai galur jagung pulut dan jagung manis	21
6.	Rata-rata panjang kernel, lebar kernel, tebal kernel, padatan terlarut total, fruktosa, dan glukosa berbagai tetua jagung pulut dan jagung manis	22
7.	Parameter genetik berbagai karakter tetua jagung pulut dan jagung manis	23
8.	Persilangan jagung manis dan jagung pulut	26
9.	Materi genetik galur kandidat tetua jagung pulut dan jagung manis	31
10.	Primer RAPD yang digunakan dalam proses PCR	33
11.	Deskripsi karakter kualitatif tujuh galur jagung pulut dan jagung manis	36
12.	Rekapitulasi kuadrat tengah galur, galat, dan koefisien keragaman karakter berbagai tetua jagung pulut dan jagung manis	36
13.	Rata-rata panjang kernel, Lebar kernel, tebal kernel, padatan total terlarut, fruktosa, dan glukosa berbagai tetua jagung pulut dan jagung manis	37
14.	Parameter genetik berbagai karakter tetua jagung pulut dan jagung manis	38
15.	Konsentrasi DNA genom 7 galur jagung menggunakan spektrofotometri	39
16.	Nama primer yang digunakan untuk PCR-RAPD, jumlah pita, dan informasi polimorfisme	40
17.	Materi genetik genotipe hibrida hasil persilangan	45
18.	Rata-rata bobot tongkol berkelobot, bobot tongkol tanpa kelobot, panjang tongkol, diameter tongkol, padatan terlarut total, dan amilopektin dua hibrida jagung pulut manis	47

DAFTAR GAMBAR

1.	Diagram alur penelitian	3
2.	<i>Hierarchical cluster</i> berbagai galur jagung pulut dan jagung manis berdasarkan karakter kualitatif dan kuantitatif menggunakan <i>Gower dissimilarity</i> dan <i>Complete linkage clustering</i> PBStat-CI	25
3.	Fenotipe biji hasil persilangan jagung pulut dan jagung manis	27
4.	Morfologi tujuh galur kernel jagung pulut dan jagung manis	36
5.	Hasil elektroforesis <i>gel</i> agarosa 1% pada DNA genom	39
6.	Profil pita RAPD pada tujuh galur jagung pulut dan jagung manis	41
7.	<i>Hierarchical cluster</i> jagung menggunakan <i>Gower dissimilarity</i> dan <i>Complete linkage clustering</i> PBStat-CI gabungan morfologi kernel, biokimia, dan marka molekul RAPD dengan uji bootstrap 500 ulangan	42

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.