

PROSIDING

Seminar Nasional

Bioteknologi & Pemuliaan Tanaman 2006

Auditorium Thoyib Hadiwijaya, Faperta
Institut Pertanian Bogor, 1-2 Agustus 2006



Departemen Agronomi dan Hortikultura

Fakultas Pertanian IPB

Jl. Meranti Kampus IPB Darmaga 16680

telp/fax. +62 251 629353

“Sinergi Bioteknologi dan Pemuliaan Dalam Perbaikan Tanaman”

dalam rangka purnabakti

Prof. Dr. G.A. Wattimena
dan

Prof. Dr. Sarsidi Sastrosumarjo

Departemen Agronomi dan Hortikultura
Fakultas Pertanian
Institut Pertanian Bogor
2006

HUBUNGAN KEKERABATAN BEBERAPA GENOTIPE SEMANGKA (*Citrullus lanatus* (Thunberg.) Matsum & Nakai)

Muhamad Syukur¹⁾, Memen Surahman¹⁾ dan Fifi Nashiroten Nisya²⁾

¹⁾ Staf Pengajar Departemen Agronomi dan Hortikultura, Faperta IPB

²⁾ Alumni Departemen Agronomi dan Hortikultura, Faperta IPB

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari keragaman dan hubungan kekerabatan 20 genotipe semangka lokal dan introduksi. Penelitian dilaksanakan pada bulan Juli 2005 sampai November 2005 di kebun petani desa Cihideung Ilir, Ciampea Bogor dengan ketinggian ± 250 m dpl. Percobaan disusun menggunakan Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLK) faktor tunggal dengan 3 ulangan. Bahan yang digunakan adalah 20 genotipe semangka lokal dan introduksi. Pengamatan dilakukan pada 24 karakter meliputi karakter kuantitatif maupun kualitatif. Seluruh karakter semangka yang diamati diekstraksi menggunakan Analisis Komponen Utama (Principle Component Analysis atau PCA) dan dihasilkan tiga komponen utama (KUP) yang menghasilkan proporsi kumulatif keragaman sebesar 57,15% dari keragaman karakter total. Koefisien persamaan dan perbedaan antar genotipe digunakan untuk membentuk dendrogram menggunakan analisis gerombol untuk mengetahui hubungan kekerabatan. Berdasarkan analisis tersebut dihasilkan lima gerombol. Gerombol I beranggotakan 6 genotipe, yaitu Sea Dragon, Select Dragon 117-S, Diana Bangkok Dragon, Super New Dragon, Super King, Dragon Giant 145. Gerombol II beranggotakan 10 genotipe yang terdiri dari Long Dragon AG-13, New Champion CC-702, Round Dragon (311), Sugar Baby-1, Lokal Kupang, Kaisar, Lokal Bone, Kiara 362, TM-Dragon, TM-Lion. Gerombol III terdiri dari genotipe Hokky Star 288 dan genotipe Lokal Jombang. Genotipe Banyuwangi membentuk kelompok sendiri yaitu gerombol IV begitu juga genotipe Uranus TC 01-2002 membentuk kelompok sendiri, yaitu gerombol V. Ciri setiap gerombol dianalisis menggunakan analisis biplot. Berdasarkan analisis biplot, gerombol 1, 3 dan 4 memiliki ciri yang jelas pada bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 1 dan 2 lebih spesifik dicirikan oleh jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 3 dicirikan oleh bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 5 hanya dicirikan oleh bobot buah.

Kata kunci : semangka, Principle Component Analysis, analisis gerombol

PENDAHULUAN

Pemuliaan tanaman semangka sangat diperlukan guna melakukan perbaikan varietas lokal yang ada sekarang. Pemuliaan tanaman semangka bertujuan untuk meningkatkan hasil dan kualitas buah. Kualitas buah yang dimaksud adalah ukuran buah yang tergantung dari selera konsumen yang lebih menyukai ukuran buah yang kecil karena lebih praktis bila disimpan dalam kulkas dan memudahkan para distributor dalam pengepakan, bentuk buah (bulat, oval dan lonjong), ketebalan kulit buah yang biasanya menginginkan kulit yang tipis tetapi kuat, kandungan gula yang tinggi, tekstur daging buah yang renyah dan ketahanan terhadap penyakit (Mohr, 1986).

Wehner (1999) menyatakan bahwa sasaran pemuliaan tanaman semangka ditekankan pada perakitan varietas semangka yang mempunyai ketahanan terhadap penyakit layu fusarium. Selain itu juga perbaikan-perbaikan sifat dilakukan terhadap umur panen yang lebih cepat, hasil panen yang tinggi, daya tahan terhadap penyimpanan, peningkatan nilai nutrisi (vitamin dan *lycopene*), kadar gula tinggi, rasio kadar gula dan asam yang tepat, rasa yang enak, tekstur buah kuat dan tidak berserat, keseragaman warna daging buah dengan warna merah tua, kuning atau orange. Tetapi warna daging buah merah tua lebih disukai oleh konsumen dari tipe diploid atau triploid (semangka tanpa biji).

Masalah utama yang sering berkembang adalah pembentukan populasi dasar sebagai sumber keragaman dan seleksi untuk memilih tanaman dengan sifat yang diinginkan (Puspodarsono, 1988). Makmur (1992) menyatakan bahwa mengoleksi plasma nutfah baik dari dalam maupun luar negeri merupakan salah satu langkah awal dalam program pemuliaan tanaman.

Genotipe-genotipe yang dikoleksi dilakukan karakterisasi untuk mempelajari keunggulan masing-masing, sehingga diperoleh genotipe yang potensial untuk dikembangkan lebih lanjut. Selain itu dilakukan studi keragaman dan evaluasi hubungan kekerabatan antar genotipe lokal dan introduksi untuk mempermudah melakukan persilangan antar genotipe. Dalam rangka perluasan keragaman genetik, persilangan antar genotipe yang berkerabat jauh (dalam satu spesies) akan menghasilkan keragaman yang lebih tinggi dibandingkan dengan genotipe-genotipe berkerabat dekat (Mangoendjojo, 2003).

Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari hubungan kekerabatan beberapa genotipe semangka lokal dan introduksi.

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Juli 2005 sampai dengan November 2005 di Cihideung Ilir, Ciampea, Bogor. Bahan yang digunakan adalah 20 genotipe semangka yaitu: Long Dragon AG-13, New Champion CC-702, Sea Dragon, Round Dragon (311), Super New Dragon, Super King, Dragon Giant 145, Uranus TC 01-2002, Banyuwangi, Hokky Star 288, Diana Bangkok Dragon, Select Dragon 117-S, Sugar Baby-1, Kiara 362, Kaisar, TM-Dragon, TM-Lion, Lokal Bone, Lokal Kupang, Lokal Jombang.

Penelitian dilaksanakan menggunakan Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLT) satu faktor, yaitu genotipe semangka dengan tiga ulangan. Masing-masing ulangan terdiri dari 20 tanaman, yang akan diambil 10 tanaman sebagai tanaman contoh.

Pengamatan dilakukan pada karakter : X1 = umur panen (HST), X2 = bobot buah (gram), X3 = panjang buah (cm), X4 = diameter buah (cm), X5 = jumlah lurik buah, X6 = tebal kulit buah (cm), X7 = tebal daging buah (cm), X8 = padatan total terlarut ($^{\circ}$ Brix), X9 = Jumlah biji per buah, X10 = jarak buah pertama (cm), X11 = jarak buah yang dipanen (cm), X12 = panjang batang tanaman saat panen (cm), X13 = jumlah ruas, X15 = jumlah cabang, dihitung dari batang utama, X16 = panjang ruas (cm), X17 = jumlah daun, X18 = jumlah lekukan daun, X19 = bentuk pinggiran daun dengan sistem skor, X20 = ukuran daun dengan sistem skor, yaitu: 1=lebar dan 2=runcing, X21 = warna kulit buah, X22 = warna corak (lurik), X23 = warna daging buah, X24 = bentuk buah dengan sistem skor, yaitu: 1=bulat; 2=oval dan 3=lonjong. Data dianalisis menggunakan software SPSS versi 11.5 dan software SAS versi 6.12.

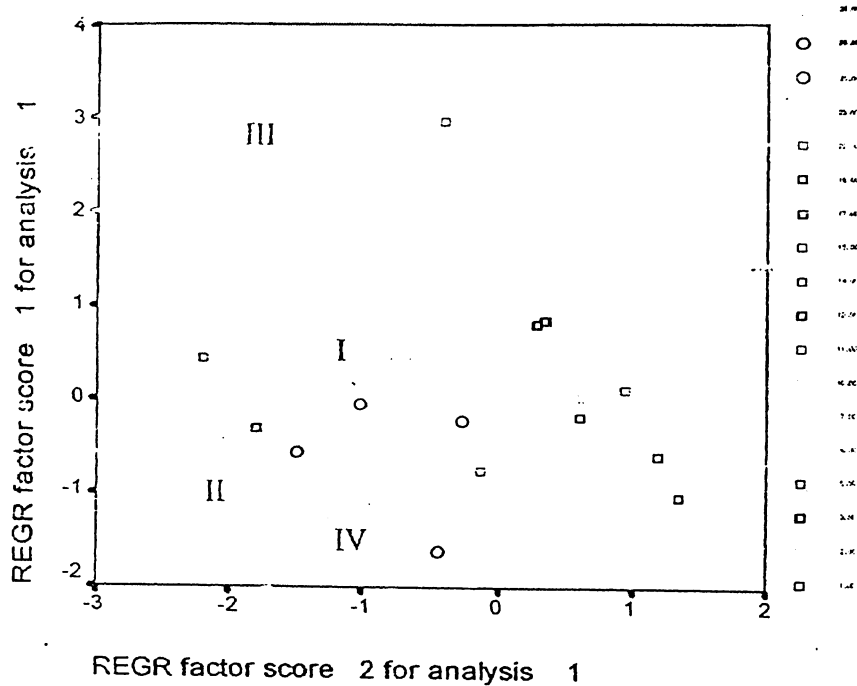
HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Komponen Utama (PCA)

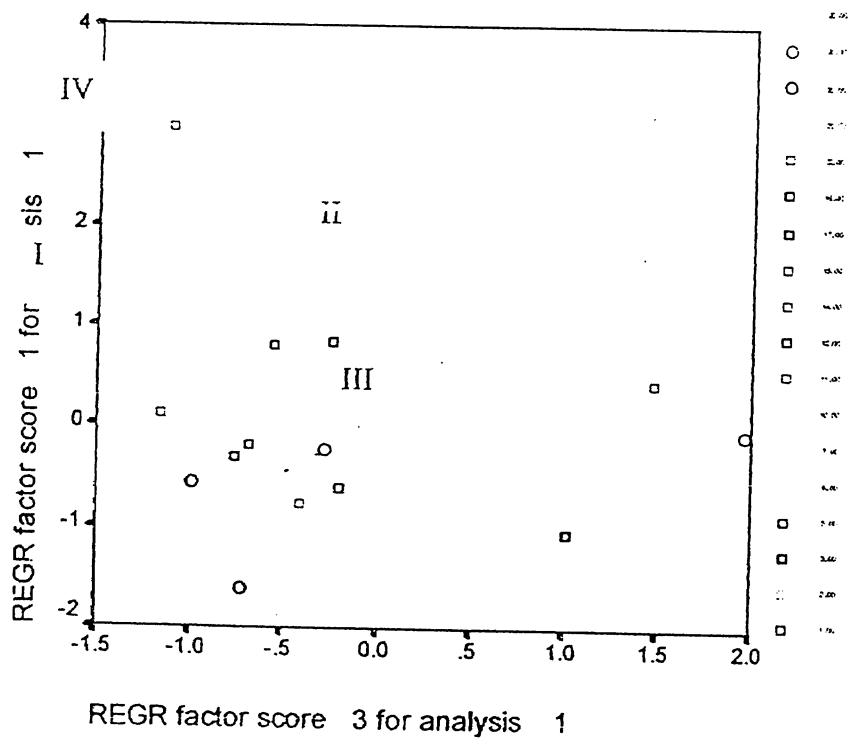
Berdasarkan analisis komponen utama yang mereduksi data 24 variabel, terbentuk 7 faktor yang mampu menerangkan keragaman sebesar 85.54 %. Ketujuh faktor terdapat ciri (*eigenvalues*) masih di atas 1. Menurut Santoso (2004), nilai akar ciri menunjukkan relatif masing-masing faktor dalam menghitung keragaman seluruh variabel yang dianalisis. Nilai akar ciri di bawah 1 tidak digunakan dalam menghitung jumlah faktor yang terbentuk. Untuk mengetahui hubungan kekerabatan 20 genotipe semangka tersebut digunakan tiga komponen utama saja, karena total ketiga komponen yang terbentuk dapat menjelaskan 57.15 % dari variabilitas 24 peubah asli tersebut.

Komponen utama I terdiri dari 11 peubah, yaitu bobot buah, diameter buah, tebal daging, padatan total terlarut (PTT), jumlah biji, jarak buah pertama, jarak buah panen, panjang batang, jumlah ruas batang, jumlah buku dan warna daging buah. Komponen utama II terdiri dari lima peubah, yaitu bentuk buah, warna kulit buah, jumlah lurik, tebal kulit buah dan umur tanaman. KU III terdiri dari panjang buah, jumlah percabangan dan warna lurik. Ketiga peubah tersebut memiliki nilai koefisien yang positif terhadap KU III, sehingga peubah tersebut berkorelasi positif terhadap KU III.

Berdasarkan KU I dan KU II dengan proporsi keragaman total sebesar 46.78 %, terbentuk 4 kelompok. Kelompok I terdiri dari 14 genotipe. Kelompok II terdiri dari 4 genotipe, yaitu genotipe lokal Kupang, Jombang, Sugar Baby-1 dan Hokky Star 288. Kelompok III dan IV hanya terdiri dari 1 genotipe, yaitu masing-masing genotipe Uranus TC 01-2002 dan TM-Dragon (Gambar 1).

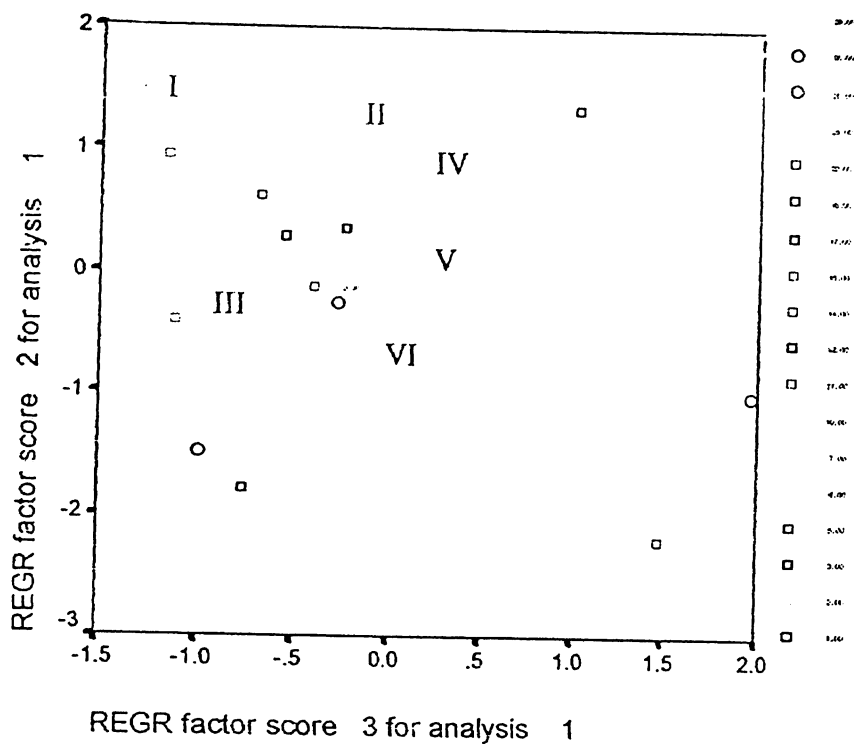


Gambar 1. Analisis Komponen Utama 20 Genotipe Berdasarkan KU I dan KU II



Gambar 2. Analisis Komponen Utama 20 Genotipe Berdasarkan KU I dan KU III

Berdasarkan KU I dan KU III dengan proporsi keragaman total sebesar 42.12 %, terbentuk 4 kelompok. kelompok I terdiri dari 14 genotipe. Kelompok II terdiri dari 4 genotipe, yaitu genotipe lokal Jombang, Hokky Star 288, Super New Dragon dan Super King. Kelompok III dan IV hanya terdiri dari 1 genotipe, yaitu masing-masing genotipe lokal Banyuwangi dan Uranus TC 01-2002 (Gambar 2).



Gambar 3. Analisis Komponen Utama 20 Genotipe Berdasarkan KU II dan KU III

Berdasarkan KU II dan KU III dengan proporsi keragaman total sebesar 25.41 %, terbentuk 6 kelompok. kelompok I terdiri dari 13 genotipe. Kelompok II terdiri dari 2 genotipe, yaitu genotipe lokal Banyuwangi dan Super King. Kelompok III terdiri dari genotipe lokal Kupang dan Sugar Baby-1. kelompok IV, V, dan VI hanya terdiri dari 1 genotipe, yaitu masing-masing genotipe Super New Dragon, lokal Jombang dan Super New Dragon (Gambar 3).

Dalam pengujian hubungan kekerabatan antar genotipe semangka berdasarkan dendrogram terbentuk lima gerombol pada tingkat kemiripan 90 %. Dari dendrogram terlihat gerombol I beranggotakan 6 genotipe, yaitu Sea Dragon, Select Dragon 117-S, Diana Bangkok Dragon, Super New Dragon, Super King, Dragon Giant 145. Gerombol II beranggotakan 10 genotipe yang terdiri dari Long Dragon AG-13, New Champion CC-702, Round Dragon (311), Sugar Baby-1, Lokal Kupang, Kaisar, Lokal Bone, Kiara 362, TM-Dragon, TM-Lion. Gerombol III terdiri dari genotipe Hokky Star 288 dan genotipe Lokal Jombang. Genotipe Uranus TC 01-2002 membentuk kelompok sendiri yaitu gerombol IV begitu juga genotipe Banyuwangi membentuk kelompok sendiri, yaitu gerombol V (Gambar 4).

Analisis Biplot

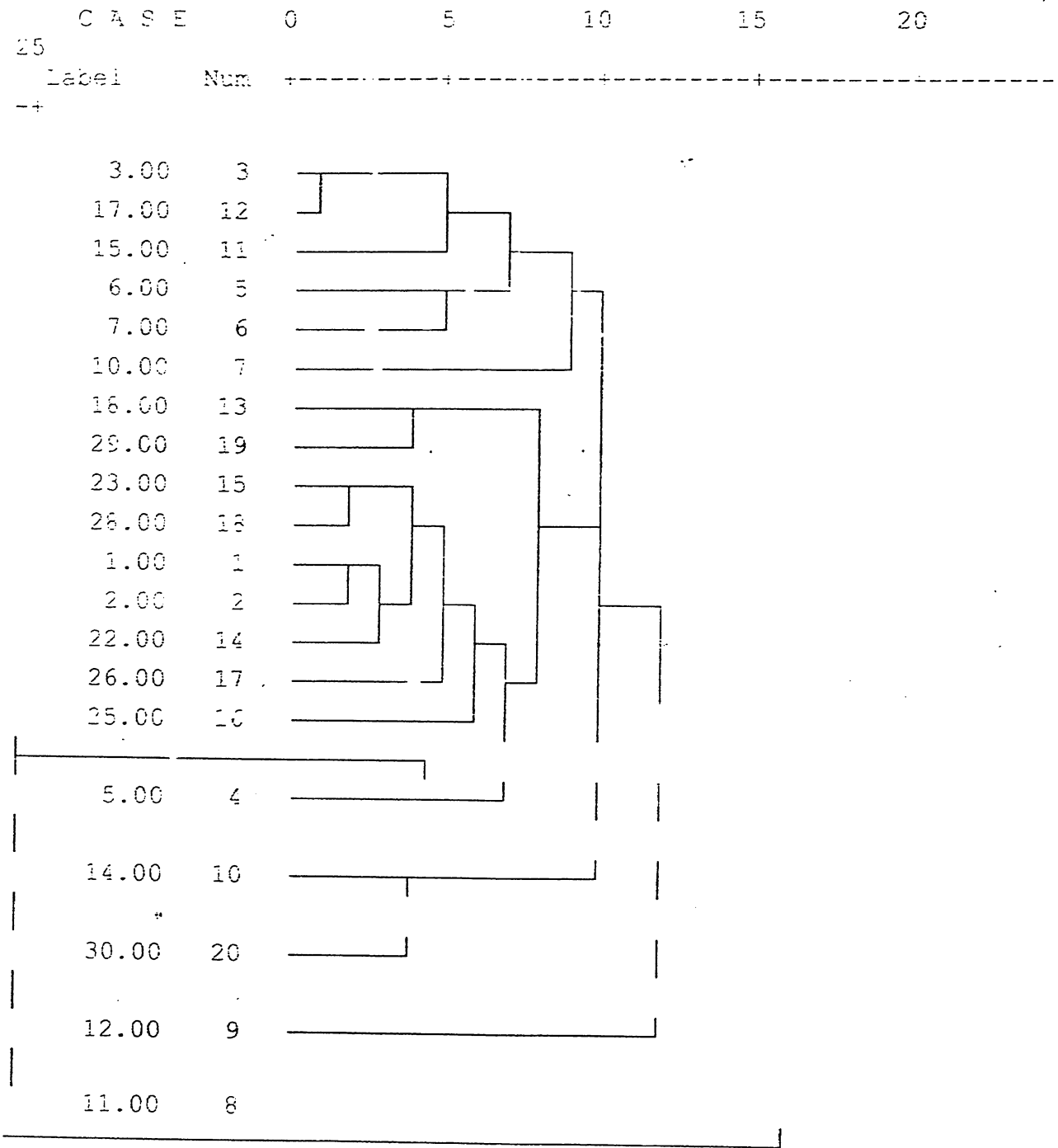
Kelompok-kelompok yang telah terbentuk dari analisis gerombol sebelumnya dapat diketahui posisinya dalam dua dimensi menggunakan analisis biplot. Analisis biplot berdasarkan hasil analisis gerombol memberikan informasi proporsi keragaman sebesar 99.0 % (Gambar 1).

Berdasarkan analisis biplot terlihat bahwa rata-rata peubah yang diamati adalah seragam, terlihat peubah-peubah tersebut menggerombol pada daerah dekat dengan 0. Hanya peubah bobot buah, jumlah biji dan panjang batang yang menunjukkan keragaman yang besar.

Peubah panjang batang memiliki korelasi positif yang sangat besar terhadap jarak buah pertama. Sedangkan bobot buah memiliki korelasi yang sangat rendah terhadap jumlah biji. Gerombol 2 dan 5 memiliki posisi yang berdekatan menunjukkan kedua gerombol tersebut memiliki sifat yang hampir mirip satu sama lain dari pada gerombol lain kecuali panjang buah dan bentuk buah (Gambar 5).

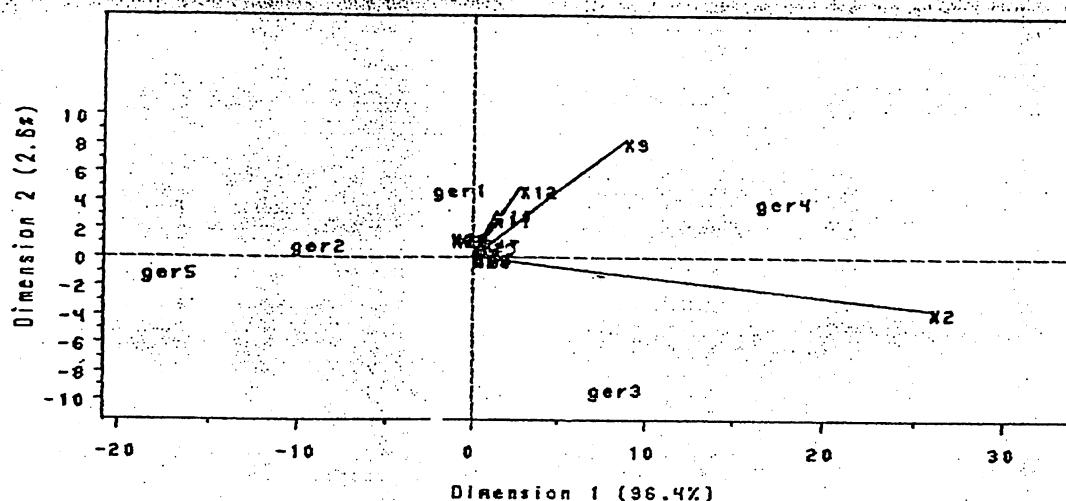
Analisis Gerombol

Rescaled Distance Cluster Combine



Gambar 4. Dendrogram Hasil Analisis Gerombol 20 Genotipe Semangka

Gerombol 1, 3 dan 4 memiliki ciri yang jelas pada bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 1 lebih spesifik dicirikan oleh jumlah biji panjang batang dan jarak buah pertama. Sedangkan gerombol 3 dicirikan oleh bobot buah. Gerombol 4 dicirikan oleh bobot buah dan jumlah biji. Gerombol 2 dan 5 cenderung memiliki nilai pengamatan seluruh karakteristik yang kecil yang terlihat dari jarak kedua gerombol yang jauh dari seluruh peubah terainati (Gambar 5).



Gambar 5. Hasil Analisis Biplot Masing-masing Gerombol

KESIMPULAN

Tiga Komponen Utama yang digunakan untuk menjelaskan keragaman dari seluruh peubah yang diamati menghasilkan proporsi kumulatif keragaman sebesar 57.15% dari keragaman total. Berdasarkan KU I dan KU II terbentuk 4 kelompok dengan proporsi keragaman total sebesar 46.78 %, berdasarkan KU I dan KU III terbentuk 4 kelompok dengan proporsi keragaman total sebesar 42.12 %. Sedangkan antara KU II dan KU III hanya menghasilkan proporsi keragaman 25.41 %.

Penggerombolan 20 genotipe semangka berdasarkan pemotongan dendrogram pada tingkat kemiripan 90% menghasilkan 5 gerombol. Gerombol I beranggotakan 6 genotipe, yaitu Sea Dragon, Select Dragon 117-S, Diana Bangkok Dragon, Super New Dragon, Super King, Dragon Giant 145. Gerombol II beranggotakan 10 genotipe yang terdiri dari Long Dragon AG-13, New Champion CC-702, Round Dragon (311), Sugar Baby-1, Lokal Kupang, Kaisar, Lokal Bone, Kiara 362, TM-Dragon, TM-Lion. Gerombol III terdiri dari genotipe Hokky Star 288 dan genotipe Lokal Jombang. Genotipe Banyuwangi membentuk kelompok sendiri yaitu gerombol IV begitu juga genotipe Uranus TC 01-2002 membentuk kelompok sendiri, yaitu gerombol V.

Berdasarkan analisis biplot, gerombol 1, 3 dan 4 memiliki ciri yang jelas pada bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 1 dan 2 lebih spesifik dicirikan oleh jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 3 dicirikan oleh bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 4 dicirikan oleh bobot buah, jumlah biji, panjang batang dan jarak buah pertama. Gerombol 5 hanya dicirikan oleh bobot buah.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh DIKTI melalui Proyek Hibah Bersaing tahun 2005 dengan nomor kontrak 026/SPPP/PP-PM/DP3M/IV/2005 a.n. M.S.

DAFTAR PUSTAKA

- Makmur, A. 1992. Pengantar Pemuliaan Tanaman. Cetakan 3. Rineka Cipta, Jakarta. 79 hal.
- Mangoendidjojo, W. 2003. Dasar-Dasar Pemuliaan Tanaman. Kanisius, Yogyakarta. 182 hal.
- Mohr, H. C. 1986. Watermelon breeding, p. 37-64. In: Mark J. Bassett (ed.). Breeding Vegetable Crops. The Avi Publishing Company, Westport, Connecticut
- Poespodarsono, S. 1988. Dasar-dasar Ilmu Pemuliaan Tanaman. Pusat Antar Universitas, Institut Pertanian Bogor, Bogor. 168 hal.
- Santoso, S. 2004. SPSS Statistik Multivariat. Elex Media Computindo. Jakarta. 343 hal.
- Wehner, T. C. 1999. Vegetable cultivar description for North America. Hort Science. 34:957-1012. In <http://cuke.hort.ncsu.edu/cucurbit/wmelon> [17 Februari 2005]

Tabel Lampiran 1. Nilai Rata-rata Peubah untuk Setiap Gerombol

Peubah	Gerombol 1	Gerombol 2	Gerombol 3	Gerombol 4	Gerombol 5	Rata-rata
X1 (HST)	87.06	85.73	82.34	88.67	85.67	85.89
X2 (gram)	1245.67	1047.9	1534.72	1735.6	845.83	1281.94
X3 (cm)	14.1	12.98	14.06	14.35	15.17	14.13
X4 (cm)	13.03	12.67	14.43	15.24	11.35	13.34
X5	15.34	16.13	17	17	13	15.69
X6 (cm)	0.88	0.87	0.79	0.8	0.82	0.83
X7 (cm)	12.14	11.8	13.75	14.44	11.37	12.70
X8 (°Brix)	8.41	9.35	8.64	7.78	11.07	9.05
X9	447.78	350.87	403.83	572	213.67	397.63
X10	114.33	85.68	88.83	155.93	103.23	109.60
X11 (cm)	116.37	91.14	94.68	155.93	107.07	113.04
X12 (cm)	237.38	200.5	208.75	325.42	212.68	236.95
X13	46.84	41	39	54.33	39.67	44.17
X14	46.84	42.4	39	54.33	39.67	44.45
X15	3.5	3.2	3.67	2.67	3.33	3.27
X16 (cm)	5.03	4.58	5.54	6.01	5.52	5.34
X17	195.61	148.07	167.5	167.67	152.33	166.24
X18	5	4.8	4	5	5	4.76
X19	Bulat bergerigi	Bulat	Bulat bergerigi	Bulat	Bulat	Bulat
X20	Sempit	Sempit	Lebar	Lebar	Sempit	Sempit
X21	Hijau muda-hijau agak tua	Hijau muda-hijau agak tua	Hijau muda-hijau tua	Hijau muda-hijau agak tua	Hijau muda-hijau agak tua	Hijau muda-hijau agak tua
X22	Hijau muda-hijau tua	Hijau muda-hijau tua	Hijau muda-hijau tua sekali	Hijau muda-hijau tua	Hijau muda-hijau tua sekali	Hijau muda-hijau tua sekali
X23	Merah	Merah	merah	Kuning	Merah	Merah
X24	Oval	Bulat	Bulat	Bulat	Lonjong	Bulat Oval