

Parameter Genetik, Analisis Lintas Komponen Agronomi Dan Hasil untuk Seleksi Dini Gandum Tropis

Yuniel Melvanolo Zendrato^{1*}, Theresa Dwi Kurnia¹, Grafen Febrich Panarai¹

¹Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian dan Bisnis, Universitas Kristen Satya Wacana, Salatiga, Jawa Tengah, Indonesia.

*Email : yuniel.zendrato@uksw.edu

Submit : 16-04-2026

Revisi : 08-05-2026

Diterima : 21-06-2026

ABSTRACT

Domestic wheat development in tropical environments is crucial to reduce import dependency and strengthen national food security. Precision in early selection is a vital stage in identifying potential candidates based on their genetic diversity and agronomic performance. This study aims to analyze genetic parameters, causal relationships, and direct effects between traits, as well as to perform early selection of wheat genotypes in tropical conditions. A total of 30 wheat genotypes, consisting of 25 M2 mutant lines induced by gamma radiation and 5 check varieties, were evaluated using an augmented randomized complete block design (RCBD), with checks replicated in three blocks. The results showed broad genetic variability in agronomic, yield, and yield component traits, with very high broad-sense heritability observed for the 100-seed weight trait (99.10%). Path analysis confirmed that main panicle seed weight was the primary determinant of yield, exhibiting the most dominant positive direct effect (0.85) on the 100-seed weight component. Based on the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) multivariate selection, eight superior genotypes were selected: G08, G21, G04, G16, G10, G02, G07, and G20, which possessed strength profiles closest to the theoretical ideotype. These elite genotypes represent a highly potential genetic basis for future sustainable wheat breeding programs to develop adaptive and high-yielding varieties in Indonesia.

Keywords: Genetic diversity, Heritability, MGIDI, Path analysis, Tropical wheat

ABSTRAK

Pengembangan gandum secara domestik di lingkungan tropis sangat krusial untuk mengurangi ketergantungan impor dan memperkuat ketahanan pangan nasional. Seleksi dini yang presisi merupakan tahapan vital dalam mengidentifikasi kandidat potensial berdasarkan keragaman genetik dan performa agronominya. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis parameter genetik, hubungan kausalitas, dan pengaruh langsung antarkarakter, serta melakukan seleksi dini genotipe gandum di daerah tropis. Sebanyak 30 genotipe gandum, terdiri dari 25 galur mutan M2 hasil induksi sinar gamma dan 5 varietas pembanding, diuji menggunakan *augmented* rancangan kelompok lengkap teracak (RKLT), dengan pembanding diulang dalam tiga kelompok. Hasil penelitian menunjukkan adanya variabilitas genetik yang luas pada karakter agronomi, hasil, dan komponen hasil, dengan nilai heritabilitas arti luas yang sangat tinggi pada karakter bobot 100 biji (99,10%). Analisis lintas mengonfirmasi bahwa berat biji malai utama merupakan determinan utama hasil dengan pengaruh langsung positif paling dominan (0,85) terhadap komponen bobot 100 biji. Berdasarkan seleksi multivariat *multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI), terpilih delapan genotipe terbaik, yaitu G08, G21, G04, G16, G10, G02, G07, dan G20, yang memiliki profil kekuatan paling mendekati ideotipe teoretis. Genotipe-genotipe unggul ini merupakan basis genetik yang sangat potensial untuk digunakan dalam keberlanjutan program pemuliaan gandum di masa depan guna menghasilkan varietas yang adaptif dan berdaya hasil tinggi di Indonesia.

Kata kunci: Analisis lintas, Gandum tropis, Heritabilitas, Keragaman genetik, MGIDI

1 Pendahuluan

Gandum (*Triticum aestivum* L.) merupakan salah satu tanaman sereal penting di dunia yang berfungsi sebagai makanan pokok bagi sebagian besar populasi global. Komoditas ini memberikan kontribusi nyata terhadap asupan energi dan protein manusia, serta berperan penting dalam sistem pangan global dan ekonomi pertanian di berbagai wilayah, termasuk Indonesia (Grote et al., 2021; Bayisa et al., 2025; Yamini et al., 2025). Produktivitas gandum dipengaruhi faktor genetik, kondisi lingkungan dan iklim, serta praktik manajemen tanaman (Khedwal et al., 2023). Ketersediaan varietas yang mampu beradaptasi secara luas terhadap kondisi agroekosistem pertanian di Indonesia masih terbatas. Wilayah tropis memiliki suhu dan variabilitas lingkungan tinggi yang secara signifikan membatasi pertumbuhan tanaman, pengisian biji, dan potensi hasil gandum (Altuhaish & Yahya, 2014; Fadli et al., 2021; Firmansah et al., 2024).

Pengembangan gandum yang adaptif di lingkungan tropis memerlukan genotipe dengan potensi hasil tinggi dan stabilitas agronomi dan dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Gazhy et al., 2025). Peningkatan produktivitas gandum di wilayah tropis memerlukan pemahaman komprehensif mengenai parameter genetik serta hubungan antara karakter agronomi dan komponen hasil. Parameter genetik (ragam genotipik, fenotipik, dan heritabilitas) digunakan untuk memprediksi respons seleksi dan menentukan efektivitas program pemuliaan. Heritabilitas yang tinggi menunjukkan bahwa ragam fenotipik sebagian besar dikendalikan oleh faktor genetik, sehingga memungkinkan seleksi yang efektif, terutama pada tahap awal pemuliaan (Priyanto et al., 2023; Riyanto et al., 2024; Kuru et al., 2025).

Pada tahap pemuliaan generasi awal merupakan fase kritis dalam populasi karena adanya segregasi fenotipik yang terlihat paling nyata (Öztürk et al., 2020). Seleksi tahap awal memungkinkan pemulia untuk mengeliminasi genotipe yang inferior dan memfokuskan sumber daya pada galur dengan potensi genetik tertinggi (Castro-Urrea et al., 2023). Karakter fenotipik yang diamati untuk memprediksi performa generasi berikutnya secara akurat. Genotipe yang terpilih memiliki perbaikan agronomi yang stabil dan dapat diwariskan (Tareque et al., 2025).

Karakter genotipe gandum merupakan karakter multifaktor yang dihasilkan dari interaksi sinergis berbagai komponen. Seleksi menggunakan karakter tunggal saja sering kali menyebabkan perubahan yang tidak diinginkan pada karakter berkorelasi lainnya. Analisis sidik lintas mengatasi keterbatasan ini dengan memperjelas jalur kausalitas tersembunyi yang tidak dapat diungkap oleh korelasi sederhana. Analisis sidik lintas mengidentifikasi pengaruh suatu karakter terhadap hasil yang bersifat langsung atau dimediasi melalui komponen lain (Abdurezake et al., 2024). Penggunaan indeks multivariat

menjadi sangat diperlukan untuk mengintegrasikan hubungan timbal balik yang kompleks ke dalam keputusan seleksi praktis (Ali et al., 2020; Vieira et al., 2025).

Metode *multi-trait genotype-ideotype distance* (MGIDI) menyediakan seleksi genotipe yang mutakhir dengan menyusun peringkat genotipe berdasarkan kedekatan multikarakturnya terhadap ideotipe yang telah ditentukan (Olivoto & Nardino, 2021; Silva et al., 2023; Supriadi et al., 2026). Pendekatan ini sangat relevan untuk pemuliaan gandum tropis, yang bertujuan untuk menyeimbangkan karakter agronomi dan hasil. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi parameter genetik, membedah keterkaitan antarkarakter melalui analisis lintas, dan mengidentifikasi genotipe unggul guna membangun landasan genetik yang kuat dalam pengembangan varietas gandum di Indonesia.

2 Metode Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan di *screen house* Kebun Percobaan Salaran, Fakultas Pertanian dan Bisnis, Universitas Kristen Satya Wacana, pada ketinggian 1050 mdpl, mulai bulan Juni hingga Oktober 2025. Materi tanaman yang digunakan adalah 30 galur gandum, yang terdiri dari 25 galur gandum M2 hasil induksi radiasi gamma, yaitu GR1-1-1 (G01), GR1-2-1 (G02), GR1-4-1 (G03), GR2-01-1 (G04), GR2-1-1 (G05), GR2-2-1 (G06), GR2-3-1 (G07), GR4-01-1 (G08), GR4-1-1 (G09), GR4-2-1 (G10), GR4-3-1 (G11), GR6-1-2 (G12), GR6-2-1 (G13), GR7-1-2 (G14), GR7-2-2 (G15), GR7-3-1 (G16), GR7-4-1 (G17), GR8-1-2 (G18), GR8-2-2 (G19), N1-1-1 (G20), N1-2-2 (G21), N1-3-3 (G22), SL1-1-1 (G23), SL1-3-1 (G24), SL1-4-2 (G25), serta lima varietas gandum tropis sebagai pembanding, yaitu Guri 1 (G26), Guri 6 (G27), Guri 7 (G28), Guri 8 (G29), dan Nias (G30).

Setiap genotipe ditanam dalam 12 polibag (40 cm x 40 cm) dan disusun berdasarkan rancangan percobaan *augmented* Rancangan Kelompok Lengkap Teracak (RKLT) dengan tiga kelompok, di mana varietas gandum tropis (G26 – G30) diulang pada setiap kelompok. Setiap polibag ditanami tiga benih. Pemupukan pertama dilakukan pada 10 hari setelah tanam (HST) menggunakan $1.065 \text{ g polibag}^{-1}$ urea, $1.42 \text{ g polibag}^{-1}$ SP-36, dan $0.71 \text{ g polibag}^{-1}$ KCl. Pemupukan kedua dilakukan pada 30 HST hanya dengan menggunakan $1.065 \text{ g polibag}^{-1}$ urea. Pemeliharaan tanaman meliputi penyiangan, pengendalian hama dan penyakit, serta penyiraman. Kebutuhan air dijaga pada level 75-80% selama fase pertumbuhan hingga masak susu, dan 55-79% selama fase masak susu hingga panen. Gandum siap dipanen ketika 80% dari rumpun telah memiliki malai sempurna dengan batang dan daun yang telah menguning, serta biji telah mengeras.

Karakter agronomi dan komponen hasil yang diamati adalah sebagai berikut: 1) umur berbunga (UB), saat 50% dari setiap genotipe telah berbunga; 2) umur panen (UP), dihitung saat tanaman telah menguning dan biji telah mengeras; 3) tinggi tanaman (TT), diukur dari permukaan tanah hingga pangkal malai tertinggi (cm); 4) jumlah anakan (JA); 5)

jumlah anakan produktif (JAP), yaitu jumlah anakan yang menghasilkan malai; 6) jumlah floret pada malai utama (JFMU); 7) jumlah spikelet pada malai utama (JSMU); 8) panjang malai (PM), diukur dari pangkal malai hingga ujung tanpa menyertakan bulu (cm); 9) bobot malai utama (BMU, g); 10) berat biji malai utama (BBMU, g); 11) jumlah biji per malai utama (JBMU; 12) bobot 100 biji (B100, g).

Analisis deskriptif digunakan untuk seluruh karakter yang diamati. Analisis parameter genetik meliputi varians genotipik dan fenotipik, koefisien keragaman genotipik dan fenotipik (KKG dan KKF), heritabilitas arti luas (h^2), *genetic advance* (GA), dan *genetic advance per mean* (GAM). Korelasi Pearson digunakan untuk menentukan hubungan antar karakter dan karakter seleksi. Analisis lintas digunakan untuk menentukan pengaruh langsung dan tidak langsung dari karakter seleksi yang memengaruhi bobot 100 biji saja. Analisis lintas dilakukan dengan menggunakan rumus di bawah ini:

$$\begin{matrix} \begin{bmatrix} r_{11} & r_{21} & \cdots & r_{p1} \\ r_{12} & r_{22} & \cdots & r_{p2} \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ r_{1p} & r_{2p} & \cdots & r_{pp} \end{bmatrix} & \begin{bmatrix} C_1 \\ C_2 \\ \cdots \\ C_p \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} r_{1y} \\ r_{2y} \\ \cdots \\ r_{py} \end{bmatrix} \\ R_x & C_i & & R_y \end{matrix}$$

C_i (efek langsung) dikalkulasikan dengan rumus: $C_i = R_x^{-1} \times R_y$. Efek sisa adalah model yang tidak dapat dijelaskan secara pasti, dihitung dari $C_s = \sqrt{C_s^2}$; $C_s^2 = C_i' R_x$, dimana:

R_x = matriks korelasi variabel dependen,

R_x^{-1} = matriks invers dari R_x ,

C_i = vektor koefisien lintas yang menunjukkan pengaruh langsung dari setiap variabel independen terhadap variabel dependen,

R_y = vektor koefisien korelasi antara variabel independen x_i ($i = 1, 2, 3, \dots, p$) an variabel dependen Y,

C_s = = efek residu atau galat,

C_i' = matriks transpose dari C_i

Seleksi dini gandum tropis menggunakan metode seleksi simultan berdasarkan *multi-trait genotype-ideotype distance index* (MGIDI) (Olivoto dan Nardino, 2021). Karakter bobot 100 biji diberi bobot dua, sedangkan karakter lainnya (JA, JAP, PM, BBMU, JBMU) diberi bobot satu. Seleksi simultan dihitung dari rumus sebagai berikut:

$$MGIDI_i = \left[\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - Y_j)^2 \right]^{0.5}$$

dimana:

$MGIDI_i$ = the *multi-trait genotype-ideotype distance index* untuk genotipe ke- i ,

Y_{ij} = skor genotipe ke- i untuk faktor ke- j ($i = 1, 2, \dots, g; j = 1, 2, \dots, f$),

Y_j = skor ideotipe.

Kekuatan dan kelemahan (ω_{ij}) dari setiap genotipe dinilai berdasarkan proporsi nilai MGIDI genotipe ke- i yang dijelaskan oleh faktor ke- j , yang dihitung dengan rumus berikut:

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}}$$

dengan D_{ij} adalah jarak antara genotipe ke- i dan ideotipe untuk faktor ke- j . Kontribusi terkecil terhadap suatu faktor menunjukkan bahwa karakter terkait memiliki nilai yang dekat dengan ideotipe.

Gandum diseleksi dengan intensitas seleksi sekitar 25%, dan diferensial seleksi dalam rata-rata populasi ($\Delta S\%$) untuk setiap karakter dihitung menggunakan rumus berikut:

$$\Delta S\% = \frac{(X_s - X_0)}{X_0} \times 100$$

dengan X_s adalah rata-rata nilai dari performa genotipe terpilih dan X_0 adalah rata-rata nilai dari populasi genotipe yang digunakan.

Seluruh analisis di atas dilakukan menggunakan bantuan perangkat lunak Ms. Excel 2019 dan RStudio (R versi 4.5.1) dengan *package* “metan” (Olivoto dan Lúcio, 2020).

3 Hasil dan Pembahasan

Performa dan parameter genetik karakter gandum

Performa karakter agronomi dan komponen hasil gandum disajikan pada Tabel 1, yang menunjukkan rata-rata umur berbunga dan umur panen masing-masing adalah 71.93 hari dan 105.27 hari. Rata-rata tinggi tanaman adalah 52.54 cm, yang mengindikasikan tipe tanaman *semi-dwarf* (setengah kerdil) yang secara agronomis menguntungkan karena memiliki ketahanan yang lebih tinggi terhadap kerebahan. Performa anakan tergolong moderat, dengan nilai rata-rata 6.16 anakan dan 4.99 anakan produktif per tanaman, yang menunjukkan kelangsungan hidup anakan yang efisien serta kontribusinya terhadap pembentukan hasil (Firmansah et al., 2024). Jumlah anakan total dan anakan produktif merupakan komponen hasil utama, yang sering kali berkontribusi positif terhadap hasil ketika genotipe mampu mempertahankan kelangsungan hidup anakan yang efektif. Nilai rata-rata yang moderat pada anakan total (6.16) dan anakan produktif (4.99) mengindikasikan kelangsungan hidup anakan yang efektif, yang menyiratkan rendahnya laju aborsi anakan. Pola performa ini mencerminkan keseimbangan *source* dan *sink* yang efisien, serta menunjukkan bahwa genotipe-genotipe tersebut mampu mempertahankan

anakan produktif di bawah kondisi lingkungan tropis yang berpotensi membatasi pertumbuhan (Sattar et al., 2023; Mmbando, 2025).

Produktivitas gandum merupakan hasil dari performa terintegrasi beberapa komponen hasil, terutama jumlah anakan produktif, karakter malai (*spike*), fertilitas malai, jumlah biji, dan bobot biji. Dalam penelitian ini, panjang malai (4.24–10.87 cm) dan jumlah floret (14.80–42.42) menunjukkan variabilitas morfologi yang luas, mencerminkan perbedaan potensi reproduksi antar genotipe. Nilai yang bervariasi pada jumlah biji per malai utama (7.45–28.94) mengindikasikan adanya perbedaan efisiensi fertilisasi dan kelangsungan hidup floret. Selain itu, bobot malai (0.73–1.83 g) dan berat biji malai utama (0.36–1.38 g) mencerminkan variabilitas akumulasi asimilat. Menariknya, bobot 100 biji memiliki rentang sempit (rata-rata 4.33 g), yang menunjukkan bahwa variasi hasil antargenotipe lebih ditentukan oleh kapasitas sink (jumlah anakan dan jumlah biji) daripada ukuran biji individu. Performa komponen ini menjadi parameter krusial dalam seleksi gandum di lingkungan tropis dan kondisi cekaman abiotik (Al-Ashkar et al., 2023; Mutanda et al., 2024).

Tabel 1. Statistik deskriptif seluruh karakter menggunakan rata-rata tersesuaian

Karakter	Minimum	Maksimum	SE	Rataan	KK (%)
Umur berbunga	61.33	80.93	4.51	71.93	5.05
Umur panen	94.67	111.27	3.84	105.27	3.28
Tinggi tanaman	45.29	68.08	5.83	52.54	9.43
Jumlah anakan	4.68	9.64	1.01	6.16	15.08
Jumlah anakan produktif	3.80	7.49	0.80	4.99	16.54
Panjang malai	4.24	10.87	1.34	7.88	23.39
Jumlah floret malai utama	14.80	42.42	7.28	30.93	7.025
Jumlah <i>spikelet</i> malai utama	3.43	13.66	2.31	7.93	28.4
Bobot malai utama	0.73	1.83	0.37	1.22	9.62
Berat biji malai utama	7.45	28.94	5.26	15.91	28.458
Jumlah biji malai utama	0.36	1.38	0.23	0.74	30.27
Bobot 100 biji	3.86	5.11	0.34	4.33	0.70

SE, standar error; KK, koefisien keragaman

Estimasi parameter genetik menunjukkan perbedaan nyata antar karakter dalam hal besarnya variabilitas genetik, heritabilitas, dan kemajuan genetik harapan (Tabel 2). Nilai koefisien keragaman fenotipik (KKF) lebih tinggi daripada koefisien keragaman genotipik (KKG) pada seluruh karakter, dengan nilai perbedaan yang sangat kecil antara KKF dan KKG, kecuali pada karakter tinggi tanaman, karakter anakan (JA dan JAP), jumlah spikelet dan jumlah biji pada malai utama (JSMU dan JSMU), serta berat biji malai utama (BBMU). Perbedaan yang tinggi antara KKF dan KKG mengindikasikan bahwa karakter-karakter tersebut sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Regmi et al., 2021). Parameter genetik untuk karakter fenologi (umur berbunga dan umur panen), tinggi tanaman, dan karakter anakan dicirikan oleh koefisien variasi genotipik yang rendah ($KKG < 10\%$), heritabilitas arti luas rendah-moderat, serta *genetic advance per mean* (GAM) yang rendah. Sebaliknya, karakter komponen hasil yang berkaitan dengan arsitektur malai, seperti jumlah floret pada

malai utama, jumlah biji per malai utama, dan bobot malai utama, menunjukkan nilai KKG yang tinggi (20.58–27.09%), heritabilitas moderat hingga sangat tinggi (33.50–90.83%), dan kemajuan genetik yang tinggi (24.58–52.54%). Pola ini menunjukkan adanya variasi genetik yang substansial dengan proporsi pengaruh gen aditif yang besar. Meskipun bobot 100 biji menunjukkan heritabilitas yang sangat tinggi (99.10%), nilai KKG-nya yang rendah mengindikasikan variabilitas fenotipik yang terbatas; hal ini menunjukkan bahwa karakter tersebut stabil secara genetik namun kurang berkontribusi terhadap perbedaan performa hasil antar genotipe.

Tabel 2. Parameter genetik pada karakter yang diamati

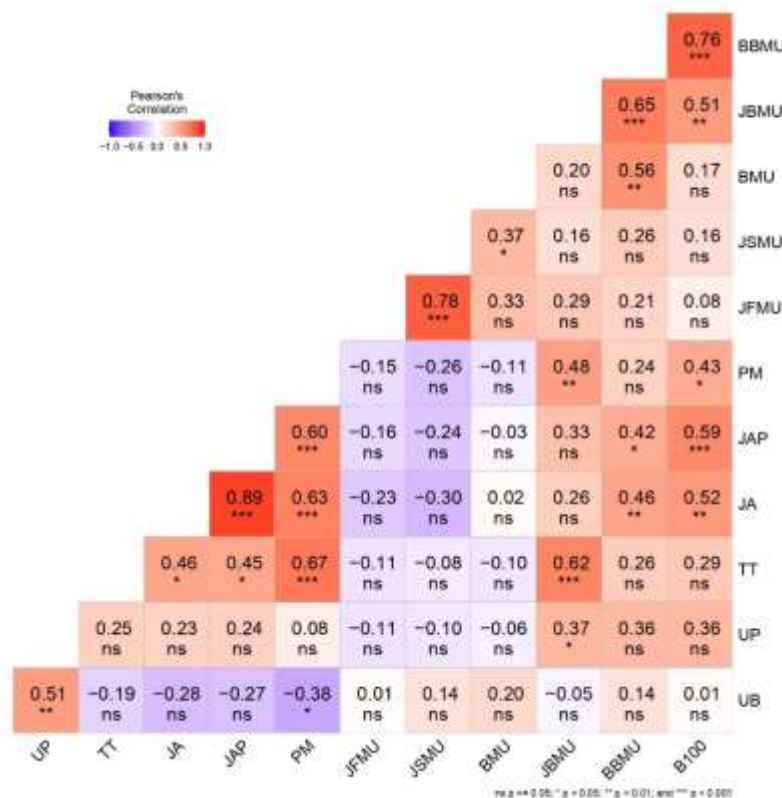
Parameter Genetik	UB	UP	TT	JA	JAP	PM
Keragaman fenotipik	20.54	15.03	35.35	1.16	0.72	4.25
Keragaman genotipi	7.41	3.06	10.35	0.31	0.04	0.80
KKG	3.78	1.66	6.12	9.06	3.98	11.36
Kategori KKG	Low	Low	Low	Low	Low	Medium
KKF	6.30	3.68	11.32	17.47	17.06	26.15
Kategori KKF	Low	Low	Medium	Medium	Medium	High
h^2_{bs}	36.07	20.36	29.27	26.88	5.44	18.87
Kategori hBs	Medium	Low	Low	Low	Low	Low
Genetic Advance	3.37	1.63	3.59	0.60	0.10	0.80
GAM	4.69	1.55	6.83	9.69	1.91	10.18
Kategori GAM	Low	Low	Low	Low	Low	Medium
Parameter Genetik	JFMU	JSMU	BMU	JBMU	BBMU	B100
Keragaman fenotipik	48.13	6.08	0.12	32.03	0.06	0.10
Keragaman genotipi	43.72	1.13	0.11	10.73	0.01	0.10
KKG	21.38	13.40	27.09	20.58	14.91	7.40
Kategori KKG	High	Medium	High	High	Medium	Low
KKF	22.43	31.11	28.81	35.56	33.60	7.43
Kategori KKF	High	High	High	High	High	Low
h^2_{bs}	90.83	18.54	88.40	33.50	19.68	99.10
Kategori hBs	High	Low	High	Medium	Low	High
Genetic Advance	13.00	0.94	0.64	3.91	0.10	0.66
GAM	42.03	11.90	52.54	24.58	13.64	15.19
Kategori GAM	High	Medium	High	High	Medium	Medium

Keterangan: UB: umur berbunga; UP: umur panen; TT: tinggi tanaman (cm); JA: jumlah anakan; JAP: jumlah anakan produktif; PM: panjang malai (cm); JFMU: jumlah floret pada malai utama; JSMU: jumlah spikelet pada malai utama; BMU: bobot malai utama (g); BBMU: berat biji malai utama (g); JBMU: jumlah biji per malai utama; B100: bobot 100 biji (g); KKG: koefisien keragaman genotipik; KKF: koefisien keragaman fenotipik; ; h^2_{bs} , heritabilitas arti luas; GAM: *genetic advance per mean*/kemajuan genetik harapan dalam persen dari rata-rata.

Korelasi dan analisis sidik lintas karakter seleksi

Analisis korelasi Pearson gambaran mengenai struktur hubungan antar karakter yang menentukan bobot biji pada gandum tropis (Gambar 1). Berdasarkan hasil korelasi, berat biji malai utama (BBMU) memiliki hubungan positif yang sangat kuat dan nyata ($r = 0.76^{**}$) dengan bobot 100 biji (B100). Hubungan ini mengindikasikan adanya sinergi antara kapasitas pengisian biji di malai utama dengan ukuran biji secara keseluruhan. Selain itu, jumlah anakan produktif (JAP juga menunjukkan korelasi positif yang signifikan ($r = 0.59^{**}$), yang menegaskan bahwa kemampuan tanaman dalam mempertahankan anakan hingga fase generatif merupakan kunci produktivitas di dataran tinggi tropis. Selain itu, korelasi positif yang nyata juga ditemukan pada karakter panjang malai (PM) dan jumlah biji per

malai utama (JBMU) terhadap bobot 100 biji. Hal ini menunjukkan bahwa struktur morfologi malai yang lebih panjang menyediakan ruang (*rachis*) yang lebih luas untuk perkembangan floret sehingga meningkatkan kapasitas tampung (*sink capacity*) tanaman. Karakter pengamatan lain memiliki nilai korelasi positif terhadap karakter utama bobot 100 biji, namun hanya karakter berat biji malai utama, jumlah biji malai utama, jumlah anakan, jumlah anakan produktif, serta panjang malai yang memiliki nilai signifikansi.



Gambar 1. Korelasi Pearson antar karakter pengamatan

Keterangan: UB: umur berbunga; UP: umur panen; TT: tinggi tanaman (cm); JA: jumlah anakan; JAP: jumlah anakan produktif; PM: panjang malai (cm); JFMU: jumlah floret pada malai utama; JSMU: jumlah spikelet pada malai utama; BMU: bobot malai utama (g); BBMU: berat biji malai utama (g); JBMU: jumlah biji per malai utama; B100: bobot 100 biji (g)

Analisis lintas memberikan pemahaman mendalam terhadap pengaruh langsung dan tidak langsung dari karakter yang berkorelasi signifikan terhadap karakter utama (Tabel 3). BBMU memberikan pengaruh langsung positif tertinggi (0.85) terhadap bobot 100 biji, yang mengonfirmasi bahwa karakter ini adalah determinan utama dalam seleksi. Hal ini diduga karena distribusi translokasi asimilat pada saat pengisian biji lebih diprioritaskan ke malai utama dibandingkan ke malai anakan akibat dominasi apikal yang kuat sehingga menjadi faktor pendorong utama dalam peningkatan kualitas biji (Göçmen et al., 2024). Karakter lain seperti jumlah anakan produktif (JAP) dan panjang malai (PM) juga berpengaruh langsung terhadap performa dari bobot 100 biji, masing-masing 0.63 dan 0.34,

sehingga dapat dijadikan karakter seleksi secara langsung dalam memperoleh genotipe gandum dengan bobot biji terbaik.

Tabel 3. Pengaruh langsung dan pengaruh tidak langsung karakter seleksi untuk bobot 100 biji

Karakter	Pengaruh Langsung	Pengaruh Tidak Langsung					r
		JA	JAP	PM	JBMU	BBMU	
JA	-0.57		0.56	0.21	-0.07	0.39	0.52**
JAP	0.63	-0.51		0.20	-0.09	0.36	0.59**
PM	0.34	-0.36	0.38		-0.13	0.20	0.43*
JBMU	-0.26	-0.15	0.21	0.16		0.55	0.51**
BBMU	0.85	-0.26	0.26	0.08	-0.17		0.76**
Sisa				0.27			

Keterangan: JA: jumlah anakan; JAP: jumlah anakan produktif; PM: panjang malai (cm); BBMU: berat biji malai utama (g); JBMU: jumlah biji per malai utama, r: nilai korelasi.

Hasil lain dari karakter jumlah anakan, yang meskipun berkorelasi positif, memiliki pengaruh langsung negatif yang substansial (-0.57) terhadap karakter utama. Kalaitzidis et al. (2025) menyatakan bahwa terdapat kompetisi intraspesifik dalam memperebutkan fotoasimilat dan nutrisi pada fase vegetatif pada tanaman sereal yang mempunyai anakan, di mana proliferasi anakan yang berlebihan dapat bertindak sebagai *metabolic drain* dan mendepresiasi kualitas biji. Hal yang sama juga terjadi pada karakter jumlah biji pada malai utama. Walaupun demikian, pengaruh tidak langsung yang positif melalui karakter-karakter lain seperti JAP, PM, dan BBMU dapat mendorong efek negatif dari pengaruh langsung karakter JA dan JBMU. Hal ini mengimplikasikan bahwa seleksi berbasis jumlah anakan dan biji hanya akan efektif apabila disertai dengan efisiensi konversi anakan menjadi unit reproduktif yang produktif. Keandalan model analisis lintas dalam penelitian ini divalidasi oleh nilai residu yang rendah (0.27), yang mengindikasikan bahwa 73% total variansi bobot 100 biji berhasil dijelaskan secara akurat oleh karakter-karakter dalam model tersebut. Oleh karena itu, pemilihan genotipe gandum terbaik dengan menggunakan karakter-karakter ini memerlukan strategi dalam mengombinasikan karakter-karakter yang ideal.

Seleksi dini gandum tropis menggunakan multi-karakter

Seleksi dini merupakan tahapan fundamental dalam program pemuliaan tanaman untuk mengidentifikasi dan menetapkan genotipe-genotipe superior pada populasi awal. Meskipun demikian, proses seleksi sering kali menghadapi kompleksitas tinggi akibat adanya keterbatasan dalam mendefinisikan kriteria genotipe yang benar-benar ideal secara komprehensif. Penggunaan kriteria seleksi yang hanya bertumpu pada satu karakter tunggal sering kali tidak memberikan hasil yang optimal, karena metode tersebut mengabaikan performa serta kontribusi karakter agronomi lainnya yang saling berinteraksi. Oleh karena itu, penerapan kriteria seleksi berbasis banyak karakter (*multiple traits*)

menjadi strategi yang lebih efektif untuk memilih potensi genetik tanaman secara keseluruhan (Meier et al., 2021; Vieira et al., 2025).

Indeks MGIDI (*multi-trait genotype-ideotype distance index*) merupakan salah satu metode yang ideal untuk memetakan pemilihan genotipe secara presisi. Keunggulan MGIDI terletak pada kemampuannya mengintegrasikan analisis faktor secara simultan untuk mengevaluasi kekuatan dan kelemahan genotipe terpilih berdasarkan karakter seleksi yang diuji (Al-Ashkar et al., 2023; Silva et al., 2023). Berdasarkan analisis studi ini, G08, G21 dan G04 adalah genotipe yang teridentifikasi sebagai kandidat terbaik berdasarkan ideotipe dengan skor MGIDI masing-masing sebesar 1.83, 2.05, dan 2.08 (Tabel 4). Terdapat 8 genotipe gandum terpilih berdasarkan ranking MGIDI (Gambar 2a) dengan intensitas seleksi 25%, yaitu G08, G21, G04, G16, G10, G02, G07, dan G20. Genotipe-genotipe ini dapat dijadikan sebagai genotipe potensial untuk pengembangan pemuliaan gandum tahap awal.

Tabel 4. Nilai indeks MGIDI setiap genotipe gandum dari karakter seleksi

Geno	MGIDI	Geno	MGIDI	Geno	MGIDI
G1	4.48	G11	3.93	G21	3.17
G2	3.72	G12	4.15	G22	4.72
G3	5.59	G13	4.85	G23	5.23
G4	3.57	G14	5.59	G24	5.77
G5	5.25	G15	6.28	G25	4.55
G6	4.55	G16	3.58	G26	4.67
G7	3.84	G17	4.34	G27	4.82
G8	1.83	G18	4.73	G28	5.08
G9	4.15	G19	5.70	G29	5.87
G10	3.71	G20	3.92	G30	5.27

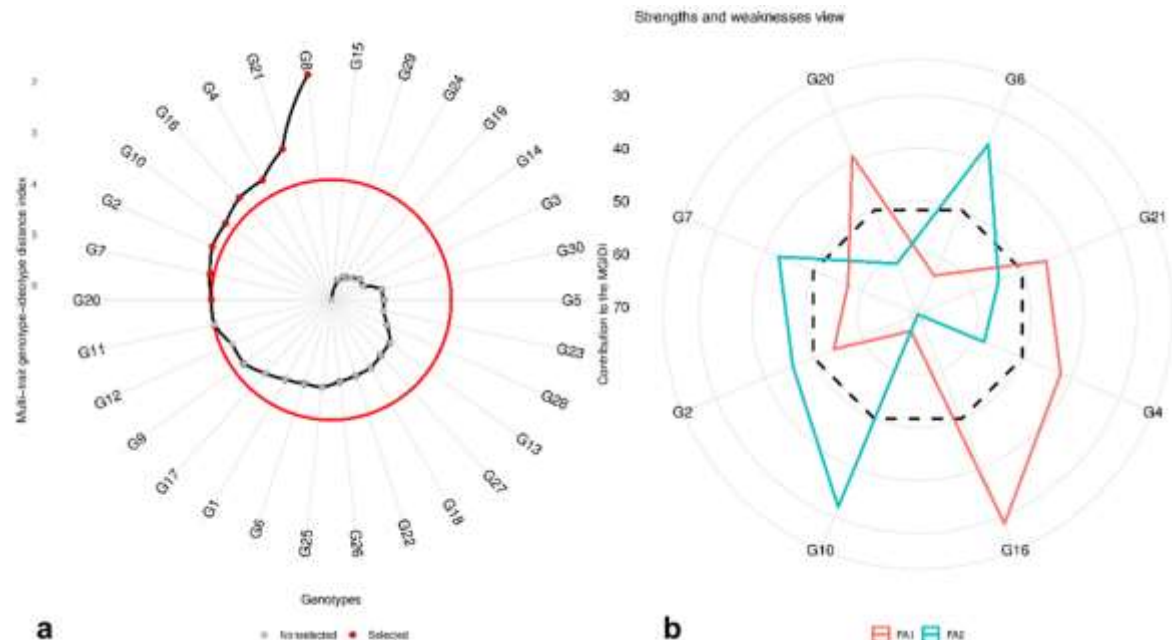
Table 5. Seleksi diferensial dari karakter seleksi

Karakter	Goal	Arah Seleksi	Faktor	Rataan		Seleksi Diferensial	
				X _o	X _s	SD	SD (%)
JA	Ya	+	FA1	6.16	6.81	0.65	10.51
JAP	Ya	+	FA1	4.99	5.50	0.51	10.17
PM	Ya	+	FA1	7.88	8.72	0.83	10.58
BBMU	Ya	+	FA2	15.91	20.12	4.21	26.43
JBMU	Ya	+	FA2	0.73	0.98	0.24	32.69
B100	Ya	+	FA2	4.33	4.75	0.42	9.65

Note: JA: jumlah anakan; JAP: jumlah anakan produktif; PM: panjang malai (cm); BBMU: berat biji malai utama (g); JBMU: jumlah biji per malai utama, B100, bobot 100 biji.

MGIDI memungkinkan pemetaan kemajuan seleksi yang akurat melalui perhitungan diferensial seleksi (SD). Hasil analisis pada Tabel 5 menunjukkan nilai SD positif pada seluruh karakter seleksi, terutama pada berat biji malai utama (BBMU) sebesar 32.69% dan jumlah biji per malai utama (JBMU) sebesar 26.43%. Indeks ini memiliki kemampuan dalam memberikan seleksi yang proporsional terhadap keseluruhan karakter seleksi dan

memberikan validitas MGIDI sebagai instrumen seleksi multivariat yang presisi. Olivoto dan Nardino (2021) yang menyatakan bahwa seleksi berbasis jarak ideotipe mampu meminimalkan bias dalam pemilihan genotipe sekaligus meningkatkan efisiensi seleksi pada karakter yang kompleks secara genetik.



Gambar 2. a) Peringkat genotipe gandum tropical berdasarkan nilai indeks MGIDI; b) *The strength and weaknesses* genotipe terpilih berdasarkan faktor analisis

Visualisasi kekuatan dan kelemahan genotipe (*strengths and weaknesses view*) pada Gambar 2b memberikan wawasan mendalam terhadap karakter agronomi genotipe yang terpilih melalui prosedur MGIDI. Genotipe G02, G07, G08 dan G10 menunjukkan profil kekuatan yang dominan pada *factor analysis* (FA) 1 yang berkaitan dengan karakter jumlah anakan (JA dan JAP) dan panjang malai. Sementara itu, genotipe lain (G04, G16, G20 dan G21) menunjukkan kekuatan terhadap FA2 yang beraosisasi dengan komponen hasil, yakni jumlah benih malai utama (JBMU) bobot benih malai utama (BBMU) dan bobot 100 biji (B100), yang mengindikasikan bahwa keunggulan genotipe-genotipe tersebut bertumpu pada kapasitas sink yang tinggi, yang merupakan determinan utama hasil di lingkungan tropis. Identifikasi kekuatan dan kelemahan spesifik ini memberikan informasi strategis bagi pemulia tanaman untuk melakukan perbaikan terfokus pada generasi berikutnya. Secara keseluruhan, identifikasi genotipe terpilih sebagai kandidat unggul memberikan basis genetik yang kuat untuk keberlanjutan program pemuliaan gandum di masa depan. Genotipe-genotipe ini memiliki potensi besar untuk dikembangkan lebih lanjut guna mempercepat ketersediaan varietas gandum yang adaptif dan berdaya hasil tinggi di lingkungan tropis.

4 Kesimpulan

Penelitian ini menunjukkan adanya variabilitas genetik yang luas pada seluruh karakter agronomi gandum yang diuji, dengan nilai heritabilitas tinggi pada komponen malai. Analisis lintas menetapkan berat biji malai utama sebagai determinan utama hasil karena memiliki pengaruh langsung positif terbesar terhadap bobot biji. Melalui indeks MGIDI, terpilih delapan genotipe unggul, yaitu G08, G21, G04, G16, G10, G02, G07, dan G20, yang memiliki keseimbangan karakter terbaik. Genotipe-genotipe tersebut sangat potensial untuk digunakan sebagai basis genetik dalam program pemuliaan gandum ke depan guna menghasilkan varietas yang adaptif di lahan tropis.

Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Direktorat Riset dan Pengabdian Masyarakat (DRPM), Universitas Kristen Satya Wacana atas pendanaan kegiatan penelitian ini melalui hibah internal Penelitian Pemula tahun 2025 dengan nomor kontrak 123/RIK-RPM/08/2025, dan kepada teknisi, Bapak Sudar, atas bantuannya dalam melakukan eksperimen.

Daftar Pustaka

- Abdurezake, M., Bekeko, Z., & Mohammed, A. (2024). Genetic variability and path coefficient analysis among bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for yield and yield-related traits in bale highlands, southeastern Ethiopia. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 7(1), e20515. <https://doi.org/10.1002/agg2.20515>
- Al-Ashkar, I., Sallam, M., Almutairi, K. F., Shady, M., Ibrahim, A., & Alghamdi, S. S. (2023). Detection of high-performance wheat genotypes and genetic stability to determine complex interplay between genotypes and environments. *Agronomy*, 13(2), 585. <https://doi.org/10.3390/agronomy13020585>
- Ali, N., Hussain, I., Ali, S., Khan, N. U., & Hussain, I. (2021). Multivariate analysis for various quantitative traits in wheat advanced lines. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(1), 347–352. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.10.011>
- Altuhaish, A. A. K., & Yahya, S. (2014). Field adaptation of some introduced wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes in two altitudes of tropical agro-ecosystem environment of Indonesia. *HAYATI Journal of Biosciences*, 21(1), 31-38. <https://doi.org/10.4308/hjb.21.1.31>
- Bayisa, M., Debeli, G., & Kasahun, C. (2025). *Bread wheat consumption and its contribution to nutrition: A review of patterns, nutritional value, and policy implications* [Preprint]. <https://doi.org/10.20944/preprints202507.1135.v1>
- Beral, A., Rincet, R., Le Gouis, J., Girousse, C., & Allard, V. (2020). Wheat individual grain-size variance originates from crop development and from specific genetic determinism. *PLoS ONE*, 15(3), e0230689. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230689>
- Castro-Urrea, F. A., Urricariet, M. P., Stefanova, K. T., Li, L., Moss, W. M., Guzzomi, A. L., Sass, O., Siddique, K. H. M., & Cowling, W. A. (2023). Accuracy of selection in early

- generations of field pea breeding increases by exploiting the information contained in correlated traits. *Plants*, 12(5), 1141. <https://doi.org/10.3390/plants12051141>
- Fadli, M., Farid, M., Yassi, A., Nasaruddin, Anshori, M. F., Nur, A., & Suratman. (2021). Evaluation of the advanced yield trial on tropical wheat (*Triticum aestivum*) mutant lines using selection index and multivariate analysis. *Biodiversitas*, 23(1), 540-547. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d230158>
- Firmansah, H., Wahyu, Y., & Nur, A. (2024). Performance of convergent breeding wheat (*Triticum aestivum* L.) lines in the lowlands. *Journal of Tropical Crop Science*, 11(1), 9–18. <https://doi.org/10.29244/jtcs.11.01.9-18>
- Ghazy, A., Romdhane, W. B., Alotaibi, M., Al-Doss, A., Dahrog, O., Al-Suhaibani, N., Al-Qurainy, F., & Al-Ashkar, I. (2025). Selection of suitable wheat genotypes under thermal stress and complex genotype-environment interaction using stability analyses and selection indices. *PeerJ*, 13, e20061. <https://doi.org/10.7717/peerj.20061>
- Göçmen, D. B., Balkan, A., Bilgin, O., & Başer, İ. (2024). Changes for grain yield and spike characters in early segregating generations of bread wheat crosses. *Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics*, 10(2), 77-84.
- Grote, U., Fasse, A., Nguyen, T. T., & Erenstein, O. (2021). Food security and the dynamics of wheat and maize value chains in Africa and Asia. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 4, 617009. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2020.617009>
- Kalaitzidis, A., Kadoglidou, K., Mylonas, I., Ghoghoberidze, S., Ninou, E., & Katsantonis, D. (2025). Investigating the impact of tillering on yield and yield-related traits in European rice cultivars. *Agriculture*, 15(6), 616. <https://doi.org/10.3390/agriculture15060616>
- Khedwal, R. S., Chaudhary, A., Sindhu, V. K., Yadav, D. B., Kumar, N., Chhokar, R. S., Sharma, R. K., & Sharma, I. (2023). Challenges and technological interventions in rice-wheat system for resilient food-water-energy-environment nexus in north-western indo-Gangetic Plains: A review. *Cereal Research Communications*, 51, 1–23. <https://doi.org/10.1007/s42976-023-00355-9>
- Kuru, B., Menzir, A., & Kassa, M. (2025). Genetic parameters, association of traits and selection of durum wheat genotypes (*Triticum turgidum* L. Var. Durum) advanced lines at Injibara, Northwestern Ethiopia. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 8(2), e70143. <https://doi.org/10.1002/agg2.70143>
- Meier, C., Marchioro, V. S., Meira, D., Olivoto, T., & Klein, L. A. (2021). Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 51, e67996. <https://doi.org/10.1590/1983-40632021v5167996>
- Mezzomo, H. C., Casagrande, C. R., Azevedo, C. F., Bore, A., Barros, W. S., & Nardino, M. (2023). Genetic parameters and selection gain in tropical wheat population via Bayesian inference. *Ciência Rural*, 53(7), e20220043. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20220043>
- Mmbando, G. S. (2025). Tiller number: An essential criterion for developing high-yield and stress-resilient cereal crops. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 71(1), 1–21. <https://doi.org/10.1080/03650340.2025.2464662>
- Mutanda, M., Figlan, S., Chaplot, V., Madala, N., & Shimelis, H. (2024). Selection of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes using yield components, water use efficiency and major metabolites under drought stress. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 210(4), e12766. <https://doi.org/10.1111/jac.12766>
- Olivoto, T., & Lúcio, A. D. (2020). Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 783–789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

- Olivoto, T., & Nardino, M. (2021). MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, 37(10), 1383–1389. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>
- Öztürk, İ., Şen, A., Kılıç, T. H., & Şili, Ş. (2020). Selection of advanced mutant wheat (*Triticum aestivum* L.) lines based on yield and quality parameters. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 7(1), 87-95. <https://doi.org/10.30910/turkjans.680019>
- Pradhan, S., Babar, M. A., Robbins, K., Bai, G., Mason, R. E., Khan, J., Archibald, E. R., & Murphy, J. P. (2019). Understanding the genetic basis of spike fertility to improve grain number, harvest index, and grain yield in wheat under high temperature stress environments. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1481. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01481>
- Priyanto, S. B., Efendi, R., & Zainuddin, B. (2023). Genetic variability, heritability and path analysis for agronomic characters in hybrid maize. *Jurnal Kultivasi*, 22(1), 26-35. <http://dx.doi.org/10.24198/kultivasi.v22i1.38807>
- Regmi, S., Poudel, B., Ojha, B. R., Kharel, R., Joshi, P., Khanal, S., & Kandel, B. P. (2021). Estimation of genetic parameters of different wheat genotype traits in Chitwan, Nepal. *International Journal of Agronomy*, 2021, 6651325. <https://doi.org/10.1155/2021/6651325>
- Riyanto, A., Oktaviani, E., Wulansari, N. K., & Haryanto, T. A. D. (2024). Genetic parameters of yield component and yield in M1 rice (*Oryza sativa* L.) generation irradiated with gamma-ray. *Jurnal Kultivasi*, 23(2), 154-161. <https://doi.org/10.24198/kultivasi.v23i2.55129>
- Sattar, A., Nanda, G., Singh, G., Jha, R. K., & Bal, S. K. (2023). Responses of phenology, yield attributes, and yield of wheat varieties under different sowing times in Indo-Gangetic Plains. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1224334. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1224334>
- Silva, C. M. E., Mezzomo, H. C., Ribeiro, J. P. O., Freitas, D. S. D., & Nardino, M. (2023). Multi-trait selection of wheat lines under drought-stress conditions. *Bragantia*, 82, e20220254. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20220254>
- Supriadi, D., Bimantara, Y. M., Zandrato, Y. M., Widaryanto, E., Kuswanto, & Waluyo, B. (2026). Associations and multi-traits selection for identifying superior and stable maize hybrids (*Zea mays* L.) under tropical regions. *Caraka Tani: Journal of Sustainable Agriculture*, 41(1), 17-31. <https://doi.org/10.20961/carakatani.v41i1.107896>
- Tareque, A. M. M. U., Hassan, L., Habib, M. A., Nayak, S., & Robin, A. H. K. (2025). Estimation of genetic parameters in hybrid and F2 generations of aromatic fine rice for breeding improvement. *BMC Plant Biology*, 25(1), 1080. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07155-9>
- Vieira, R. A., Nogueira, A. P. O., & Fritsche-Neto, R. (2025). Optimizing the selection of quantitative traits in plant breeding using simulation. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1495662. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1495662>
- Yamini, V., Singh, K., Antar, M., & El Sabagh, A. (2025). Sustainable cereal production through integrated crop management: A global review of current practices and future prospects. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 9, 1428687. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2025.1428687>