



Mudji Susanto, Mashudi. (2017). Tren Genetik Pertumbuhan Antarpopulasi *Hibiscus macrophyllus* Roxb. Ex Hornem di Jawa (*Growth Trend of Hibiscus macrophyllus* Roxb. Ex Hornem between Provenances in Java). Vol. 4 (1) Pp. 20-28. Doi: <https://doi.org/10.23917/bioeksperimen.v4i1.3971>

Tren Genetik Pertumbuhan antar Populasi *Hibiscus macrophyllus* Roxb. Ex Hornem di Jawa

Mudji Susanto*, Mashudi

Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan

Alamat: Jl. Palagan Tentara Pelajar KM 15, Purwobinangun, Sleman, Yogyakarta

*Email: mudjisusanto@yahoo.com

Abstract

The research is to obtain trend of genetic growth of *Hibiscus macrophyllus* for some populations in Java Island in seedling level. The research use genetic material from 7 populations in Java Island. Design of the research was Randomized Complete Block Design to test 112 open pollinated families representing 7 provenances (populations) from Java Island (Cipatujah, Tasikmalaya; Ciguha-Pagerageng, Tasikmalaya; and Pamarican, Banjar Patroman, Ciamis; Samigaluh, Kulon Progo, Yogyakarta; Banyuasin, Purworejo, Jawa Tengah; Sumberwigin, Bondowoso, Jawa Timur; and Senduro, Lumajang, Jawa Timur). Results of investigation showed that the growth trend of seedling of 7 populations were similar on 0,5 month old to 2,5 months old. Individual heritability for growth or growth genetic variation were unstable (fluctuation) on 0,5 month old to 2,5 months old. The estimate of individual heritabilities of *H. macrophyllus* for growth (height) was high ($h^2_i=0.53$) on 2,5 months old in nursery. The genetic variation of growth were significant different between population and between families within population on 2,5 month old.

Keywords: trend, genetic, variation, growth, population

Abstrak

Penelitian ditujukan untuk memperoleh tren genetik pertumbuhan *Hibiscus macrophyllus* dari beberapa populasi pada tingkat semai. Penelitian menggunakan materi genetik dari 7 populasi atau provenans di Pulau Jawa. Rancangan penelitian menggunakan Rancangan Acak Komplet Blok dengan menguji 112 famili perkawinan terbuka dari 7 provenans dari Pulau Jawa (Cipatujah, Tasikmalaya; Ciguha-Pagerageng, Tasikmalaya; and Pamarican, Banjar Patroman, Ciamis; Samigaluh, Kulon Progo, Yogyakarta; Banyuasin, Purworejo, Jawa Tengah; Sumberwigin, Bondowoso, Jawa Timur; and Senduro, Lumajang, Jawa Timur). Hasil penelitian menunjukkan bahwa semua populasi yang diteliti memperlihatkan tren pertumbuhan yang hampir sama. Hertabilitas individu pertumbuhan sangat berflutuasi mulai umur 0,5 bulan sampai dengan umur 2,5 bulan. Estimasi heritabilitas individu untuk tinggi semai tergolong tinggi ($h^2_i=0.53$) pada umur 2,5 bulan di persemaian. Keragaman genetik pertumbuhan antar populasi maupun antar famili di dalam populasi sangat signifikan.

Kata Kunci: tren, genetik, keragaman, pertumbuhan, populasi

Pendahuluan

Tisuk (*Hibiscus macrophyllus* Roxb. Ex Hornem.) merupakan salah satu jenis kayu pertukangan cepat tumbuh. Sebaran alamnya meliputi Indonesia, Indochina, Malaysia, Filipina, dan India. Di Pulau Jawa tumbuh secara alami di hutan-hutan rakyat dari ketinggian 10 m sampai dengan 700 m dari permukaan laut (dpl). Pada umur 9 tahun diameter pohonnya antara 25-30 cm dan tinggi pohon hingga 28 m. Kayunya digunakan untuk bahan bangunan, kayu lapis, perabot rumah

tangga, sumpit, tusuk gigi, batang koreka api, peti, perahu, dan bahan baku pulp (Wardani, 2007; Sudomo, 2013).

Permintaan kebutuhan kayu pertukangan yang terus naik pada tingkat nasional, maka jenis tersebut perlu dikembangkan. Secara nasional kebutuhan kayu pertukangan sebesar 46,3 juta m³/tahun yaitu dari hutan alam, hutan tanaman dan hutan rakyat. Target hutan tanaman sebesar 32 juta m³/tahun dan hutan rakyat sebesar 20 juta m³/tahun. Untuk itu, upaya peningkatan produktivitas hutan yang tinggi sangat diperlukan.

Untuk meningkatkan produktivitas tidak terlepas dari tiga aspek yaitu pemuliaan tanaman, manipulasi lingkungan dan perlindungan tegakan. Salah satu jenis kegiatan manipulasi lingkungan adalah melalui pengaturan jarak tanam. Sudomo (2013) menyarankan jarak tanam terbaik untuk *H. macrophyllus* adalah 3 x 3 m. Suhaendah dan Winara (2015) telah melakukan penelitian terhadap pengendalian hama pada jenis *H. macrophyllus* dengan insektisida. Pemuliaan jenis *H. macrophyllus* sebagai kayu pertukangan merupakan upaya untuk meningkatkan produktivitas hutan dalam rangka mencukupi kebutuhan kayu pertukangan.

Pemuliaan jenis *H. macrophyllus* berbasis genetik sedang dilakukan dengan beberapa kegiatan antara lain: koleksi materi genetik dari sebaran alam dari beberapa populasi hutan rakyat di Jawa, produksi bibit, pembangunan uji genetik, seleksi pohon dengan pertumbuhan terbaik dan pengembangan hasil pemuliaan.

Pemuliaan jenis *H. macrophyllus* akan berhasil jika *H. macrophyllus* mempunyai keragaman genetik yang luas, sehingga dapat diperoleh peningkatan

genetik pada uji keturunan yang dibangun melalui seleksi pohon. Salah satu sifat yang akan dimuliakan dalam rangka meningkatkan riap volume adalah sifat pertumbuhan (tinggi pohon dan diameter), sehingga keragaman pertumbuhan sebagai dasar keberhasilan pemuliaan. Tujuan penelitian ini adalah mengevaluasi tingkat pertumbuhan antar populasi atau provenans di Jawa pada tingkat semai.

Metodologi

1. Lokasi Penelitian

Benih *H. macrophyllus* yang digunakan dalam penelitian berupa hasil koleksi materi genetik dari 7 populasi atau provenans di P. Jawa yang ditanam di persemaian Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan-Yogyakarta. Koleksi materi genetik tersebut meliputi beberapa wilayah yaitu Propinsi Jawa Barat; Propinsi Jawa Tengah; Propinsi D.I. Yogyakarta; dan Propinsi Jawa Timur Informasi lengkap mengenai asal benih yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel (Table) 1. Informasi materi genetik *H. macrophyllus* (Information of genetic material information of *H. macrophyllus*)

No	Populasi/Population	Garis Lintang/ Latititue	Garis Bujur/ Longitude	Ketinggian tempat/ Altitude (m dpl)	Jumlah Famili/ Number of family
1	Cipatujah-Sodong Hilir, Tasikmalaya, Jawa Barat	7°30,446' S sd 7°43,450' S	108°03,893' E sd 107°59,455' E	10 sd 518	11
2.	Ciguha-Pagerageng, Tasikmalaya, Jawa Barat	7°05,471' S	108°11,847' E	766	15
3	Pamarican, Banjar Patroman, Ciamis, Jawa Barat	7°24,985' S	108°2,947'E	55	21
4	Banyuasin, Purworejo, Jawa Tengah	7°39,403 S	110°05,381'E	259	26
5	Senduro, Lumajang, Jawa Timur	8°02,729'S	113°03,447'E	912	9
6	Sumberwringin, Bondowoso, Jawa Timur	7°59,422'S	113°59,5996'E	789	6
7	Samigaluh, Kulonprogo, Yogyakarta	7°40,505'S	110°07,954'E	530	24
Jumlah					112

1. Metode

a. Prosedur kerja

Benih disemaikan menggunakan media campuran tanah dan pupuk kandang. Benih tersebut disemaikan dengan rancangan *Randomized Complete Block Design* (RCBD) dengan menguji sebanyak 112 famili dari 7 populasi; jumlah ulangan sebanyak 5 ulangan dan 5 bibit setiap famili di dalam ulangan.

b. Pengukuran dan analisa data

Pengukuran pertumbuhan tinggi bibit dilaksanakan sampai umur bibit siap ditanam di lapangan yaitu pada umur 0,5 bulan; 1 bulan; 1,5 bulan; 2 bulan dan 2,5 bulan. Pengukuran dilakukan pada semua individu bibit yang diuji dengan rancangan yang telah dibuat. Data hasil pengukuran selanjutnya di analisa pertumbuhan; heritabilitas individu; dan keragaman genetik berdasarkan umur dan data umur 2,5 bulan di analisa varian (ANOVA) dengan model linear sebagai berikut :

$$Y_{ijk} = \mu + B_i + P_j + F_{k(j)} + e_{ijkl}$$

Y_{ijklm} : pengukuran tanaman ke k , populasi ke i , famili ke j dalam populasi ke i

μ : rerata umum

B_i : pengaruh ulangan ke i

P_j : pengaruh populasi atau provenans ke j

$F_{k(j)}$: pengaruh famili ke k dalam populasi ke j

e_{ijkl} : sisa (*error*)

Perhitungan heritabilitas individu diperlukan komponen varians famili dan komponen varian lingkungan. Komponen varian diperoleh melalui analisis model

campuran. Populasi diperlakukan sebagai efek tetap, sedangkan famili diperlakukan sebagai efek acak atau *random* (Williams *et.al.*, 2002). Komponen-komponen varians tersebut digunakan untuk menghitung heritabilitas individu (h^2_i). Heritabilitas individu (h^2_i) *half-sib* dihitung sebagai berikut:

$$h^2_i = (\sigma^2_A) / \sigma^2_p$$

$$\sigma^2_A = 2.5 f$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_e + \sigma^2_f$$

Keterangan:

σ^2_A = komponen varians aditif

σ^2_f = komponen varians famili

σ^2_p = komponen varians fenotipik

σ^2_e = komponen varians sisa (*error*)

Keragaan genetik dianalisa menggunakan Koefisien Keragaman Genotip (KKG) pertumbuhan dihitung dengan rumus:

$$KKG = \frac{\sqrt{\sigma^2_g}}{\bar{x}} \times 100\%$$

Keterangan :

σ^2_g = komponen varian genotip = σ^2_A

σ^2_A = komponen varian aditif

σ^2_p = komponen varian fenotipe

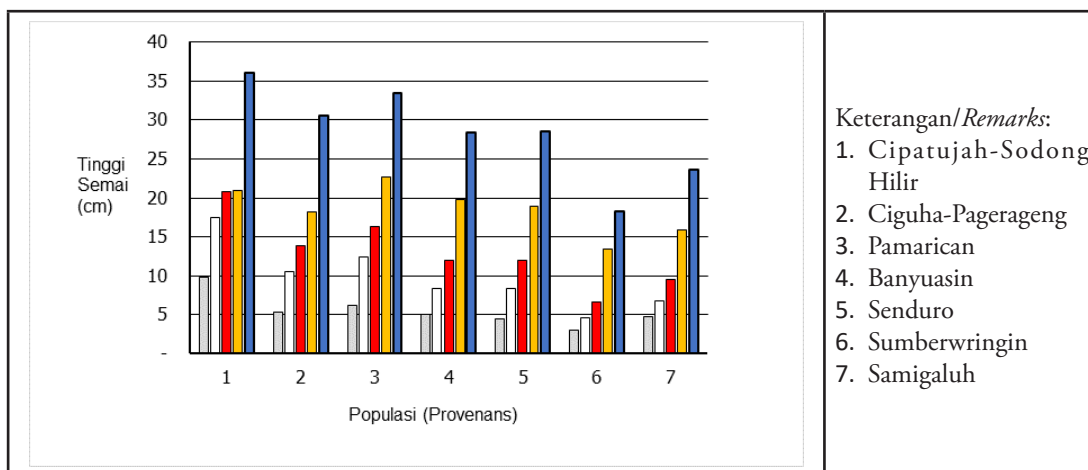
\bar{x} = rerata tinggi seluruh populasi.

Kriteria nilai KKF dan KKG adalah rendah ($0\% \leq 25\%$), agak rendah ($25\% \leq 50\%$), cukup tinggi ($50\% \leq 75\%$), dan tinggi ($75\% \leq 100\%$).

Hasil dan Pembahasan

1. Hasil Penelitian

Hasil analisis tren pertumbuhan bibit *H. macrophyllus* antar populasi di persemaian mulai umur 0,5 bulan sampai umur 2,5 bulan disajikan pada Gambar 1.



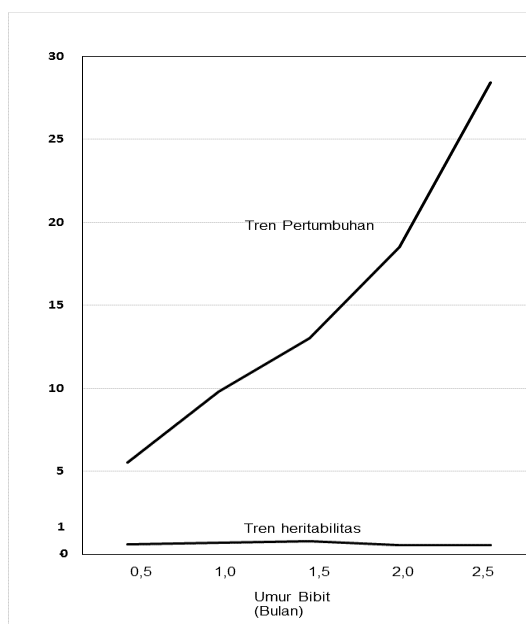
Keterangan/Remarks:
 1. Cipatujah-Sodong Hilir
 2. Ciguha-Pagerageng
 3. Pamarican
 4. Banyuasin
 5. Senduro
 6. Sumberwringin
 7. Samigaluh

Gambar 1. Perbedaan pertumbuhan antar populasi atau provenans *H. macrophyllus* (Variation growth between populations or provenances)

Gambar 1 menunjukkan bahwa ke 7 populasi *H. macrophyllus* mempunyai tren pertumbuhan yang hampir sama mulai umur 0,5 bulan sampai dengan 2,5 bulan. Penambahan rerata tinggi dari umur 1,5 bulan ke umur 2,0 bulan, populasi dari Cipatujah-Sodong Hilir Kabupaten Tasikmalaya, Jawa Barat tidak terlihat signifikan, sedangkan ke 6 populasi lainnya terlihat signifikan penambahan rerata tinggi bibitnya. Populasi Cipatujah-Sodong hilir mempunyai rerata tinggi pohon paling besar untuk umur 0,5 bulan; 1,0 bulan; 1,5 bulan dan 2,5 bulan, namun pada umur 2,0 bulan lebih rendah dari pada rerata tinggi populasi Pamarican-Banjar. Populasi atau provenans Cipatujah-Sodong

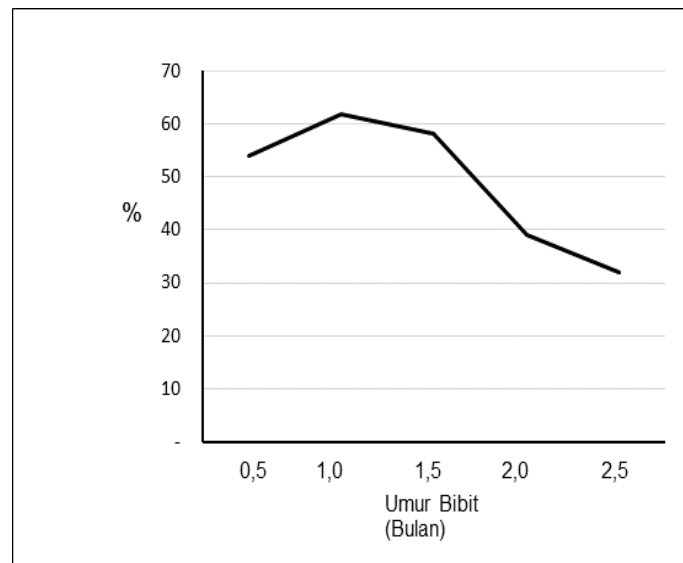
Hilir yang paling baik pertumbuhannya dalam uji tersebut.

Hasil analisis tren pertumbuhan dari semua populasi dan tren heritabilitas individu disajikan pada (Gambar 2). Tinggi bibit *H. macrophyllus* dari semua populasi yang diuji mempunyai tren yang meningkat yang cepat, sejalan dengan pertumbuhan tinggi pohon setiap umur pengamatan akan diikuti perubahan heritabilitas tinggi bibit. Heritabilitas tinggi bibit pada umur 0,5 bulan sebesar 0,60 ; pada umur 1,0 bulan sebesar 0,71; pada umur 1,5 bulan sebesar 0,78; pada umur 2,0 bulan sebesar 0,54; dan pada umur 2,5 bulan sebesar 0,53.



Gambar 2. Tren pertumbuhan dan heritabilitas individu pertumbuhan bibit dari semua populasi *H. macrophyllus* yang diuji (Growth trend and individual heritability for growth in the trial)

Hasil analisis tren keragaman genetik tinggi pada Gambar 3 dan hasil analisis varian (ANOVA) bibit *H. macrophyllus* dari 7 populasi disajikan disajikan pada Tabel 2.



Gambar 3. Tren keragaman genetik pertumbuhan bibit *H. macrophyllus* dalam uji (Trend of growth genetic variation of seedling in trial)

Tabel 2. Analisis varian pertumbuhan semai *H. macrophyllus* umur 2,5 bulan (ANOVA for growth of seedling *H. macrophyllus* on 2.5 month old)

Sumber Keragaman (Source of Variation)	d.b (d.f)	Rerata Kuadrat (Mean of Squares)
Ulangan	4	32,88
Provenans	6	10880,91**
Famili (Provenans)	105	615,50**
Ulangan*Famili(Provenans)	444	116,58**
Error	2.230	98,29

Keterangan : (** = signifikan pada level 0,01)

Tabel 2 menunjukkan bahwa pemilihan provenans/populasi maupun pemilihan famili untuk yang mempunyai pertumbuhan paling baik sangat penting dilakukan untuk mendapatkan benih unggul yang mempunyai pertumbuhan atau riap volume yang tinggi. Hal tersebut disebabkan oleh karena provenans atau famili di dalam provenans mempunyai pengaruh terhadap pertumbuhan tinggi *H. macrophyllus*.

2. Pembahasan

Asal benih menyebabkan terjadinya perbedaan rerata tinggi antar populasi atau antar provenans pada bibit *H. macrophyllus* untuk setiap umur. Terjadinya perbedaan tersebut karena perbedaan lingkungan tanaman *H. macrophyllus* di populasi

asal. Perbedaan lingkungan tersebut antara lain: suhu udara, curah hujan, ketinggian tempat, biodiversitas jenis, maupun kesuburan tanah. Selain perbedaan lingkungan di 7 populasi asal tersebut, maka perbedaan genotipe juga menyebabkan terjadinya perbedaan rerata populasi dari 7 populasi yang diuji. Populasi atau provenans Cipatujah-Sodong Hilir yang paling baik pertumbuhannya dalam uji tersebut menunjukkan bahwa asal benih dari populasi tersebut mempunyai kualitas pertumbuhan yang terbaik. Analisis kualitas provenans juga telah diteliti oleh Cheah and Plale (2012) sehubungan dengan berbagai aplikasi penggunaan populasi atau provenans yang terbaik.

Heritabilitas yang dihasilkan tergolong tinggi, hal tersebut menunjukkan bahwa faktor genetik

sangat mempengaruhi pada keragaman tinggi bibit jenis *H. macrophyllus* (Gambar 2). Heritabilitas yang tinggi juga ditemukan pada penelitian jenis lainnya. Prasetyo dan Susanto (2015) telah memperoleh heritabilitas tinggi pohon yang tergolong tinggi yaitu 0,37 di uji keturunan ulin umur 5,5 tahun. Mashudi dan Baskorowati (2015) telah menemukan nilai heritabilitas individu yang tinggi pada *Alstonia scholaris* untuk diameter sebesar 0,44 dan tinggi pohon sebesar 0,53. Mashudi dan Susanto (2016) menemukan heritabilitas tinggi pohon sebesar 0,32 pada uji keturunan pulai umur 3 tahun.

Tren heritabilitas individu yang naik turun sesuai umur, mengindikasikan bahwa pengaruh genetik terhadap tinggi bibit berubah-ubah besarnya sesuai umur pengamatan. Hal tersebut mengindikasikan bahwa faktor genetik pertumbuhan kinerjanya tidak tetap dari waktu ke waktu. Perubahan heritabilitas yang disebabkan oleh umur tanaman dapat dijelaskan adanya pengaruh alel epistasis dan interaksi gen dengan lingkungan yang secara kompleks menyebabkan terjadinya perubahan heritabilitas bahkan heritabilitas yang hilang. Hal tersebut telah diteliti oleh Marian (2012) mengenai heritabilitas yang hilang. Perubahan heritabilitas juga ditemukan pada uji keturunan *Falcataria moluccana* di Cikampek pada umur 2 tahun dan 4 tahun oleh Susanto *d.k.k.* (2014).

Keragaman genetik bibit *H. macrophyllus* mengalami perubahan sesuai umur bibit *H. macrophyllus*. Pada awalnya keragaman genetik tinggi *H. macrophyllus* mengalami kenaikan, namun setelah umur 1,0 bulan keragaman genetik tinggi bibit mengalami penurunan (Gambar 3). Adanya penurunan keragaman genetik pertumbuhan di persemaian disebabkan oleh faktor lingkungan yang sangat berperan sebagai sumber keragaman. Hal serupa juga ditemukan oleh Baliuckas *et al.* (1999) pada penelitian di 6 populasi *Prunus* ditingkat persemaian yang menunjukkan adanya penurunan keragaman genetik pertumbuhan tinggi. Umur 1,5 bulan bibit *H. macrophyllus* mulai mengalami adanya interaksi antara genetik dan lingkungan (famili dengan ulangan), sehingga pada umur 1,5 bulan sampai dengan 2,5 bulan terjadi penurunan keragaman famili (genetik).

Keragaman tinggi pohon antar populasi maupun antar famili dalam populasi ditemukan pada bibit *H. macrophyllus* umur 2,5 bulan secara signifikan. Selain itu keragaman tinggi pohon bibit *H. macrophyllus* juga disebabkan oleh adanya interaksi antara ulangan dengan famili di dalam populasi (genetik dan lingkungan). Keragaman tinggi pohon *H. macrophyllus* di antara populasi maupun famili di dalam populasi secara signifikan juga ditemukan oleh Susanto (2016) pada umur-umur sebelumnya. Adanya interaksi genetik dan lingkungan juga ditemukan oleh Setyaji (2013) pada penelitian uji keturunan *Acacia mangium* generasi ke dua di Sumatera dan Kalimantan

Berdasarkan nilai heritabilitas individu tinggi bibit yang tergolong tinggi maka jenis *H. macrophyllus* sangat penting untuk dimuliakan untuk meningkatkan riap volume. Riap volume mempunyai hubungan yang jelas dengan pertumbuhan tinggi pohon (diameter batang dan tinggi pohon). Program pemuliaan *H. macrophyllus* dapat dilaksanakan ke depan karena adanya keragaman genetik pohon *H. macrophyllus* yang cukup luas. Tahapan kegiatan pemuliaan *H. macrophyllus* antara lain dengan melakukan uji keturunan terhadap famili-famili yang telah diuji pada persemaian. Uji keturunan yang telah cukup umur, maka akan dilakukan evaluasi dengan mengukur pertumbuhan maupun riap volume. Hasil pengukuran selanjutnya dianalisis parameter genetik untuk melakukan seleksi pohon. Pemuliaan tanaman sangat tergantung dari seleksi fenotipik, sehingga dikembangkan konsep baru dengan melakukan seleksi genom, namun hal tersebut sulit diterapkan (Jonas and De Koning, 2013). Beberapa peneliti yang melakukan penelitian tentang seleksi genom antara lain : Iwata, Minamikawa, Kajiyama-Kanegae, Ishimori, & Hayashi (2016) such as genome-wide association studies (GWAS; Bassi, Bentley, Charmet, Ortiz, & Crossa (2015); dan Grattapaglia (2014).

Seleksi pohon yang mudah diterapkan adalah dengan menghitung nilai pemuliaan (*Breeding Value*). Seleksi pohon berdasarkan nilai pemuliaan riap volume, maka hutan tanaman *H. macrophyllus* yang berasal dari kebun benih uji tersebut dapat diprediksi produktifitasnya pada tahap panen.

Penggunaan nilai pemuliaan banyak dilakukan di penelitian-penelitian pertanian. Varshney et al. (2014) mengatakan bahwa teknologi NGS (Next Generation Sequencing) yang dikombinasikan dengan metode phenotip yang tepat maka dapat memprediksi nilai pemuliaan dalam pertanian.

Hasil analisis keragaman genetik dipersemaian yang mengalami perubahan akibat adanya interaksi antara famili di dalam provenans dengan ulangan, maka hal tersebut sangat penting diperhatikan dalam melakukan pembangunan uji keturunan. Hal yang perlu diperhatikan adalah rancangan uji keturunan yang akan dibangun, karena faktor genetika telah berinteraksi dengan lingkungan. Rancangan yang telah memperhatikan adanya interaksi genetik dan lingkungan, maka benih unggul yang akan dihasilkan dapat mencerminkan kinerja genetik dan lingkungan. Kinerja interaksi genetik dan lingkungan banyak dipelajari oleh peneliti-peneliti, antara lain: Malosetti et al. (2013) telah menyampaikan serangkaian model untuk menggambarkan, menjelajahi, memahami, dan memprediksi interaksi genetik dan lingkungan. Feil and Fraga (2012) telah menyampaikan telaah mengenai faktor lingkungan memodulasi pembentukan dan modifikasi epigenetik yang dapat mempengaruhi ekspresi gen dan fenotip. Gagneur et al. (2013) causal intermediates between genotype and phenotype constitute valuable candidates for molecular intervention points that can be therapeutically targeted. Mapping genetic determinants of gene expression levels (also known as expression quantitative trait loci or eQTL studies) menyampaikan bahwa keragaman genetik berdasarkan lingkungan sehingga efek phenotipik tergantung lingkungan. Burgueño et al. (2007) telah meneliti efek genotipe terhadap aditif dan aditif ke aditif dan interaksi aditif dengan lingkungan untuk mengidentifikasi efek aditif untuk digunakan dalam program perkawinan silang (*crossing*).

Kesimpulan dan Saran

1. Simpulan

Bahwa populasi *H. macrophyllus* yang diuji mempunyai tren pertumbuhan tinggi yang hampir sama untuk 7 populasi yang diuji. Jenis *H. macrophyllus* pada tingkat semai mempunyai keragaman pertumbuhan diantara populasi maupun antar famili di dalam populasi secara signifikan. Nilai estimasi heritabilitas tinggi bibit *H. macrophyllus* berubah-ubah sesuai waktu pengamatan. Keragaman genetik pertumbuhan bibit *H. macrophyllus* mulai umur 1,0 bulan mengalami penurunan sampai pengamatan terakhir (umur 2,5 bulan).

2. Saran

Penelitian dilanjutkan sampai pada tingkat uji keturunan yang akan dibangun di lapangan untuk diteliti dan ditambah parameter genetiknya sampai umur akhir daur jenis *H. macrophyllus*. Pada level umur pertumbuhan pada level uji keturunan di lapangan agar ditambah sifat-sifat yang diteliti antara lain: sifat kayu, diameter batang, kelurusan batang agar dapat menghasilkan benih unggul yang mempunyai riap volume yang tinggi dan kualitas kayu yang baik.

Ucapan Terimakasih

Terimakasih kami ucapkan kepada seluruh teman-teman tim kayu pertukangan (Dr. Liliana Baskorowati; Hamdan Atma A, MSc; Dedi Setiadi, MSc; Sugeng Pudjiono, MP) di Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan-Yogyakarta yang membantu penelitian jenis *H. macrophyllus*. Kepada Bp Maman Sulaeman S.Hut, Bp Widodo, dan Ignatius Wenda yang membantu pekerjaan persemaian *H. macrophyllus* beserta pengamatan mulai dari awal sampai akhir.

Daftar Pustaka

- Baliuckas, V., Ekberg, I., Eriksson, G. and Norell, L. (1999) 'Genetic variation among and within populations of four Swedish hardwood species assessed in a nursery trial', *Silvae Genetica*, 48(1):17–25.
- Bassi, F. M., Bentley, A. R., Charmet, G., Ortiz, R., & Crossa, J. (2015). Breeding schemes for the

- implementation of genomic selection in wheat (*Triticum* spp.). *Plant Science*, 242, 23–36. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2015.08.021>
- Burgueño, J., Crossa, J., Cornelius, P. L., Trethowan, R., McLaren, G., & Krishnamachari, A. (2007). Modeling additive ?? environment and additive ?? additive ?? environment using genetic covariances of relatives of wheat genotypes. *Crop Science*, 47(1), 311–320. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.09.0564>
- Cheah, Y. W., & Plale, B. (2012). Provenance analysis: Towards quality provenance. In 2012 IEEE 8th International Conference on E-Science, e-Science 2012. <https://doi.org/10.1109/eScience.2012.6404480>
- Feil, R., & Fraga, M. F. (2012). Epigenetics and the environment: emerging patterns and implications. *Nature Reviews Genetics*, 13(2), 97–109. <https://doi.org/10.1038/nrg3142>
- Gagneur, J., Stegle, O., Zhu, C., Jakob, P., Tekkedil, M. M., Aiyar, R. S., ... Steinmetz, L. M. (2013). Genotype-Environment Interactions Reveal Causal Pathways That Mediate Genetic Effects on Phenotype. *PLoS Genetics*, 9(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003803>
- Grattapaglia, D. (2014). *Breeding Forest Trees by Genomic Selection : Current Progress and the Way Forward*. *Genomics of Plant Genetic Resources*. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-7572-5>
- Iwata, H., Minamikawa, M. F., Kajiya-Kanegae, H., Ishimori, M., & Hayashi, T. (2016). Genomics-assisted breeding in fruit trees. *Breeding Science*, 66(1), 100–15. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.66.100>
- Jonas, E., & De Koning, D. J. (2013). Does genomic selection have a future in plant breeding? *Trends in Biotechnology*. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2013.06.003>
- Malosetti, M., Ribaut, J. M., & van Eeuwijk, F. A. (2013). The statistical analysis of multi-environment data: Modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, 4 MAR. <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>
- Marian, A. J. (2012). Elements of “missing heritability.” *Current Opinions Cardiology*, 27(3), 197–201. <https://doi.org/10.1097/HCO.0b013e328352707d>
- Mashudi dan Baskorowati, L. (2015). Estimasi Parameter Genetik pada Uji Keturunan *Alstonia scholaris* umur Dua Tahun di Gunungkidul, Yogyakarta. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* 9(1):1-11.
- Mashudi dan Susanto, M. (2016). Evaluasi Uji Keturunan Pulau Darat (*Alstonia angustiloba* Miq.) Umur Tiga Tahun Di Wonogiri, Jawa Tengah. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* 10(2):83-94.
- Prasetyono dan Susanto, M. (2015). Variasi Sifat Pertumbuhan Ulin (*Eusideroxylon zwageri* T. et B.) Pada Uji Keturunan Di Bondowoso. *Jurnal Wasian* 2(2):79-86
- Setyaji, T. (2013). Interaksi Famili Lokasi pada Uji Keturunan Generasi Kedua *Acacia mangium* di Sumatera dan Kalimantan. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 7(1):41-52.
- Suhaendah, E. dan Winara, A. (2015). Efektivitas Insektisida Hayati Terhadap Hama Tisuk (*Hibiscus macrophyllus*) Jenis *Podagrica javana* Secara In Vitro. Prosiding Seminar Nasional Agroforestry: 459-464.
- Susanto, M. (2016). Genetic Variation of Warugunung (*Hibiscus Macrophyllus*) In Biodiversity Of Privately Owned Forest. *Proceeding Seminar nasional biodiversitas VI Surabaya, 3 September 2016 “Biodiversitas untuk Pembangunan Berkelanjutan : Keanekaragaman hayati Indonesia Dan perannya dalam menunjang Kemandirian bangsa”* Departemen Biologi Fakultas Sains Dan Teknologi Universitas Airlangga. p:403-411.



- Susanto, M., Baskorowati, L. Dan Setiadi, D. (2014). Estimasi Peningkatan Genetik *Falcataria moluccana* Di Cikampek Jawa Barat. *Jurnal Penelitian Hutan Tanaman*. 11(2):65-76.
- Varshney, R. K., Terauchi, R., & McCouch, S. R. (2014). Harvesting the Promising Fruits of Genomics: Applying Genome Sequencing Technologies to Crop Breeding. *PLoS Biology*, 12(6), 1–8. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001883>
- Wardani, M. (2007). Waru Gunung (*Hibiscus macrophyllus* Roxb ex Hornem) dan Pemanfaatannya di Kabupaten Ciamis, Jawa Barat. *Info Hutan* Vol. 4(4):391-397.