

Intisari

Keragaman genetik merupakan dasar penting dalam pemuliaan tanaman untuk menghasilkan varietas unggul. Pada tanaman menyerbuk sendiri seperti kacang panjang yang cenderung homozigot diperlukan perluasan keragaman melalui persilangan. Informasi genetik suatu populasi sangat penting diketahui dalam proses seleksi, akan tetapi kajian mengenai parameter tersebut masih terbatas dan perlu diteliti lebih lanjut. Penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi pola pewarisan sifat karakter kualitatif dan kuantitatif, serta pendugaan heritabilitas dan kemajuan seleksi pada populasi F2 hasil persilangan kacang panjang dan kacang tunggak. Penelitian ini dilaksanakan pada Bulan November 2024 hingga Januari 2025 di lahan terbuka PT. BISI International Tbk., Karang Ploso, Malang, Jawa Timur. Rancangan penelitian ini menggunakan rancangan *single plant*. Data yang dikumpulkan terdiri dari karakter kualitatif dan karakter kuantitatif. Analisis data meliputi pola pewarisan sifat menggunakan uji *chi-square*, uji normalitas menggunakan metode Kolmogorov-Smirnov, pendugaan heritabilitas arti luas (H) menggunakan metode Mahmud-Kramer serta estimasi kemajuan seleksi dengan intensitas seleksi sebesar 10%. Semua karakter kualitatif yang diamati dikendalikan oleh gen tunggal (monogenik) kecuali warna daun, warna polong muda, dan tekstur permukaan polong. Karakter kuantitatif yang dikendalikan oleh banyak gen (poligenik) meliputi tinggi tanaman, panjang daun, panjang tangkai daun, bobot polong per tanaman, jumlah polong per tanaman, dan bobot 100 benih. Nilai heritabilitas arti luas tinggi pada keseluruhan karakter kuantitatif. Karakter jumlah polong per tanaman potensial untuk dijadikan kriteria seleksi. Seleksi berbasis fenotipe pada generasi awal dapat dilakukan pada beberapa karakter meliputi puntiran polong, warna utama biji merah, warna sekunder biji putih, umur berbunga genjah, serta panjang polong sedang.

Kata kunci: Kacang panjang, kacang tunggak, pola pewarisan sifat, heritabilitas, kemajuan seleksi

Abstract

Genetic diversity is an important basis in plant breeding to produce superior varieties. Long beans are self-pollinating plants that tend to be homozygous, so it is necessary to expand diversity through crossbreeding. Genetic information of a population is very important to know in the selection process, however, studies on these parameters are still limited and need further research. This study aims to estimate the inheritance pattern, the estimation of heritability and genetic advance in the F2 population resulting from crossing long beans and cowpeas. This study was conducted November 2024 to January 2025 in the open land of PT. BISI International Tbk. This study design used a single plant design. Data analysis includes inheritance patterns using the chi-square test, normality tests using the Kolmogorov-Smirnov method, estimation of broad-sense heritability (H) (Mahmud-Kramer method) and estimation of genetic advance with a selection intensity of 10%. All qualitative characters observed were controlled by a single gene except leaf color, young pod color, and pod surface texture. Quantitative characters controlled by polygenic include plant height, leaf length, leaf stalk length, pod weight per plant, number of pods per plant, and 100 seed weight. Broad sense heritability values were high for all quantitative characters. The number of pods per plant character has the potential to be used as a selection criterion. Phenotype-based selection in the early generation can be carried out on several characters including pod twisting, primary red seed color, secondary white seed color, early flowering age, and medium pod length.

Key words: Long beans, cowpeas, inheritance patterns, heritability, genetic gain