



INTISARI

Cabai merah (*Capsicum annuum* L.) merupakan komoditas hortikultura penting secara ekonomi di Indonesia, namun produksinya sering terkendala oleh infeksi Tomato Yellow Leaf Curl Kanchanaburi virus (TYLCKaV), salah satu Begomovirus yang ditularkan oleh Bemisia tabaci. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis pola pewarisan ketahanan terhadap TYLCKaV pada tanaman cabai menggunakan populasi segregasi (F_2 dan backcross) hasil persilangan antara tetua tahan (P1) dan rentan (P2). Sebanyak 820 tanaman yang terdiri atas populasi P1, P2, F_1 , F_1 resiprok, F_2 , BC_1P_1 , dan BC_1P_2 dievaluasi terhadap insidensi dan keparahan penyakit melalui inokulasi terkendali. Ketahanan tanaman dinilai menggunakan sistem skoring keparahan penyakit skala lima. Hasil penelitian menunjukkan bahwa P1 dan BC_1P_1 tergolong sangat tahan (0% keparahan penyakit), sedangkan P2 dan BC_1P_2 tergolong rentan hingga agak rentan. Populasi F_1 dan F_1 resiprok menunjukkan dominansi parsial dengan tingkat ketahanan sedang. Analisis segregasi pada F_2 (3:1) dan populasi backcross (BC_1P_1 : 1:0; BC_1P_2 : 1:1) menunjukkan pola pewarisan Mendel yang dikendalikan oleh gen dominan. Analisis komponen ragam menunjukkan pengaruh genetik aditif yang tinggi, dengan heritabilitas arti luas ($H^2 = 0,83$) dan heritabilitas arti sempit ($h^2 = 0,52$), yang mengindikasikan bahwa seleksi pada generasi awal dapat dilakukan secara efektif. Pendugaan jumlah gen menggunakan metode Castle–Wright menunjukkan adanya sekitar 1,3 gen utama yang mengendalikan sifat ketahanan. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa ketahanan terhadap TYLCKaV pada cabai bersifat monogenik dan dikendalikan oleh gen dominan, sehingga tetua tahan, khususnya P1, berpotensi dimanfaatkan dalam program pemuliaan untuk menghasilkan varietas cabai tahan TYLCKaV guna mendukung produksi berkelanjutan di daerah endemik virus.

Kata kunci: efek aditif, populasi backcross, ketahanan penyakit, heritabilitas, sifat monogenik



ABSTRACT

Chili pepper (*Capsicum annum* L.) is an economically important horticultural crop in Indonesia, often constrained by the Tomato Yellow Leaf Curl Kanchanaburi virus (TYLCKaV), a Begomovirus transmitted by a whitefly (*Bemisia tabaci*). This study aimed to analyse the inheritance of resistance to TYLCKaV in chili using segregating populations (F_2 and backcross) derived from crosses between resistant (P1) and susceptible (P2) lines. A total of 820 plants from P1, P2, F_1 , reciprocal F_1 , F_2 , BC_1P_1 , and BC_1P_2 populations were evaluated for disease incidence and severity under controlled inoculation. Resistance was assessed using a five-scale severity scoring system. Results showed that P1 and BC_1P_1 were highly resistant (0% disease severity), whereas P2 and BC_1P_2 were susceptible to moderate. F_1 and reciprocal F_1 populations exhibited partial dominance, with moderate susceptibility. Segregation analysis in F_2 (3:1) and backcross populations (BC_1P_1 : 1:0). BC Variance component analysis revealed high additive genetic effects, broad-sense heritability ($H^2 = 0.83$) and narrow-sense heritability ($h^2 = 0.52$), suggesting effective early-generation selection. Castle-Wright estimation predicted 1.3 major genes contributing to resistance. This study demonstrates that TYLCKaV resistance in chili is predominantly monogenic and controlled by dominant genes, providing valuable parental material for breeding programs. Resistant genotypes, particularly P1, can be utilized to develop TYLCKaV-resistant chili cultivars, supporting sustainable production in virus-prone regions.

Keywords: additive effect, backcross population, disease resistance, heritability, monogenic trait