

## ANALISIS GENETIK DAN SEGREGASI TRANSGRESIF SIFAT BERGANDA PADA GENERASI F<sub>2</sub> PERSILANGAN KACANG HIJAU *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*

*Genetic and Transgressive Segregation Analysis of Multiple Traits in Generations F<sub>2</sub> of Mungbean Varieties Mamasa Lere Butnem × Lasafu Lere Butsiw Cross*

**Edizon Jambormias<sup>\*)</sup>, Jacob R. Patty, Jane K. J. Laisina, Alex Tutupary, Elia L. Madubun, Rhonny E. Ririhena**

Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Pattimura  
Jln. Ir. M. Putuhena, Kampus Poka, Ambon 97233.  
<sup>\*)</sup> email: edy\_jambormias@yahoo.com

---

### ABSTRACT

Jambormias, E., J.R. Patty, J.K. Laisina, A. Tutupary, E L. Madubun & R.E. Ririhena. 2014. Genetic and Transgressive Segregation Analysis of Miltiple Traits in Generations F<sub>2</sub> of Mungbean Varieties *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw* Cross. Jurnal Budidaya Pertanian 10: 52-58.

Genetic improvement of the multiple traits can provide meaningful advances for more than one quantitative traits simultaneously. Genetic and transgressive segregation analysis was used to evaluate multiple traits of F<sub>2</sub> generation in mungbean varieties of the cross *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*. Statistical test *t* and *F*, and biplot, were used in data analysis. The results showed that the performance of the F<sub>2</sub> generation as well as the variance and heritability were high. Displaying of biplot graph produced aggregative sectors of branches number, simultaneous harvest index and grain yield components including multiple confidence interval sectors. Number of branches sector tends to correlate with grain yield components. Both sectors and multiple confidence interval sectors showed best multiple performances of grain yield with best genotypes as putative transgressive segregant. The genotypes with best multiple performance most of which showed high grain yield, tended to simultaneous harvest, early-maturing, had big seed and tended to dwarf. These results indicated that selection will be successful in the next generation and there was possibility of transgressive segregated fixation in early generations.

**Keywords:** genotype-by-traits biplot, quadrant of biplot, vertex hull, aggregative sector of similarity characteristic, complex traits

---

### PENDAHULUAN

Kacang hijau (*Vigna radiata* L. Wilczek) merupakan salah satu tanaman pangan sumber protein yang penting bagi manusia. Rata-rata produksi tanaman ini di Indonesia dalam lima tahun terakhir berkisar antara 1,07 – 1,16 ton/ha (BPS, 2014), sedangkan rata-rata produksi varietas unggul yang dianjurkan sebagian besar berkisar antara 1,4-1,7 ton/ha (Suhartina, 2005). Produktivitas ini masih jauh berbeda dengan potensi hasil kacang hijau yang bisa dicapai tanaman. Dalam lingkungan yang sesuai, hasil kacang hijau pada plot percobaan dapat mencapai 2,5-2,8 ton/ha, dan pada demonstrasi lapang di tingkat petani mencapai 1,5-2 ton/ha (Singh, 1988). Oleh sebab itu program perbaikan kacang hijau antara lain diarahkan untuk meningkatkan daya hasil melampaui 2 ton/ha dan panen serempak pada kisaran umur panen 55-65 hari, dengan ukuran biji 5-6 g per 100 biji (Chadha, 2010; Fernandez & Shanmugasundaram, 1988).

Kaitannya dengan upaya untuk perbaikan daya hasil tanaman kacang hijau yang memiliki karakteristik

sifat hasil biji tinggi, cenderung panen serempak dan berumur genjah, telah dilaksanakan persilangan dialel yang melibatkan dua varietas unggul nasional (Gelatik dan No. 129) dan empat galur lokal asal Pulau Jamdena Kabupaten Maluku Tenggara Barat (*Lasafu Lere Butsiw*, *Lasafu Lere Butsiw Fer Namamas*, *Mamasa Lere Butnem* dan *Lasafu Lere Butnem*), yang memperlihatkan varietas lokal *Lasafu Lere Butsiw* dan Gelatik memiliki daya gabung umum (dgu) tinggi untuk sifat hasil biji, dan varietas *Mamasa Lere Butnem* dan *Lasafu Lere Butnem* dengan dgu tinggi untuk sifat umur genjah dan indeks panen serempak (Jambormias *et al.*, 2013). Zuriat persilangan *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*, masing-masing dengan daya gabung umum tinggi untuk ketiga sifat, dievaluasi selanjutnya untuk digunakan dalam program pemuliaan tanaman.

Evaluasi lebih dari satu sifat kuantitatif atau sifat tunggal secara serempak dikenal sebagai evaluasi varietas berbasis sifat berganda (*multiple traits*) (Yan & Rajcan, 2002) atau sifat kompleks (*complex traits*) (Saxton, 2004) dan perbaikannya menggunakan pendekatan seleksi yang dikenal sebagai seleksi sifat

berganda (Yan & Fregeau-Reid, 2008). Seleksi sifat berganda seperti ini penting dalam pembentukan varietas baru sesuai konsep “bentuk tanaman ideal” (Sumarno & Zuraida, 2006), dan lebih efisien bila dibandingkan dengan seleksi berdasarkan sifat tunggal (Moeljopawiro, 2002; Soh *et al.*, 1994). Seleksi sifat berganda diharapkan dapat memfiksasi segregasi transgresif masing-masing sifat tunggal yang merupakan unsur-unsur sifat berganda.

Segregasi transgresif dapat diprediksi pada generasi  $F_1$ , yaitu genotipe terbaik dari dua varietas dengan daya gabung umum tinggi, dan dapat diamati pada generasi awal persilangan, yaitu pada generasi  $F_2$ ,  $F_3$ , dan  $F_4$ , dengan akurasi terbaik pada generasi  $F_3$  (Chahota *et al.*, 2007; Kuczyńska *et al.*, 2007; Yadav *et al.*, 1998). Zuriat pada generasi awal dengan keragaan fenotipe, yaitu rata-rata penampilan fenotipik yang tinggi, di luar sebaran fenotipik galur(-galur) murni merupakan segregasi transgresif (Jambormias & Riry, 2009; Yadav *et al.*, 1998), khususnya untuk sifat-sifat dengan heritabilitas yang tinggi. Tingginya keragaman genetik dan heritabilitas mengindikasikan kontribusi genetik yang besar dalam pewarisan suatu sifat.

Tiga metode seleksi sifat berganda dilaporkan pertama kali dilakukan pada pemuliaan ternak di awal tahun 1940, yaitu seleksi tandem (*tandem selection*), taraf penyisihan bebas (*independent culling level*), dan indeks seleksi (*selection index*) (Acquaah, 2007). Namun ketiga metode ini tidak seefektif pendekatan *genotype-by-traits biplot* (GT Biplot) dalam mengeksplorasi data sifat berganda (Yan & Fregeau-Reid, 2008; Yan & Rajcan, 2002).

Interpretasi grafis biplot bergantung pada kedekatan antar vektor objek dan peubah, panjang vektor dan sudut antar vektor (Jambormias & Riry, 2008). Semakin berdekatan obyek-obyek dan peubah-peubah, menempatkan obyek-obyek dan peubah-peubah itu pada posisi relatif yang sama. Panjang vektor merupakan ukuran keragaman obyek dan peubah. Semakin panjang letak vektor dari titik asal, semakin beragam obyek atau peubah itu. Sudut antar vektor mendeskripsikan hubungan antar obyek-obyek dan peubah-peubah. Sudut lancip antar vektor mendeskripsikan hubungan positif antar kedua vektor, sebaliknya sudut tumpul mendeskripsikan hubungan negatif, sedangkan sudut siku-siku mendeskripsikan ketiadaan hubungan. Semakin kecil sudut, keeratan hubungan semakin tinggi (Jambormias & Riry, 2008; Yan & Hunt, 2002).

Pendekatan GT biplot menempatkan genotipe (G) sebagai obyek dan sifat berganda (T) sebagai peubah. Berbagai bentuk peragaan biplot dapat dihasilkan, yang bertalian dengan posisi relatif genotipe-genotipe dan sifat berganda, sehingga dapat mengidentifikasi genotipe yang terbaik untuk sifat(-sifat) kuantitatif tertentu (Yan & Fregeau-Reid, 2008; Yan & Kang, 2003; Yan & Rajcan, 2002). Salah satu peragaan penting adalah biplot dibagi atas beberapa kuadran (Yan & Kang, 2003) untuk membentuk sektor agregatif obyek dan peubah, yang dalam analisis GT biplot ini merupakan sektor-sektor agregatif genotipe dan sifat berganda. Penyusunan sektor

agregatif ini secara geometris dilakukan dengan menghubungkan genotipe-genotipe yang terletak jauh dari titik asal biplot oleh suatu garis lurus penghubung membentuk suatu *polygon* atau kulit terluar (*vertex hull*), dan genotipe-genotipe ini merupakan genotipe terbaik (*vertex genotype*). Suatu garis tegak lurus terhadap garis koneksi kulit terluar yang digambarkan mulai dari titik asal biplot untuk setiap kulit terluar, membagi biplot ke dalam sektor-sektor atau kuadran-kuadran, dimana setiap kuadran merupakan genotipe dengan keragaan sifat berganda terbaik untuk sifat-sifat kuantitatif yang berada dalam kuadran itu (Yan & Fregeau-Reid, 2008; Yan & Kang, 2003; Yan & Rajcan, 2002). Dengan pendekatan ini, GT biplot dapat digunakan dengan sangat baik untuk mengeksplorasi sifat berganda, yaitu eksplorasi banyak sifat secara serempak.

Penelitian ini bertujuan untuk: 1) mengevaluasi keragaan, keragaman genetik dan heritabilitas sifat-sifat kuantitatif kacang hijau zuriat persilangan dua galur lokal Jamdena, yaitu *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*; 2) melakukan analisis segregasi transgresif berbasis keragaan dan heritabilitas sifat-sifat kuantitatif serta grafik GT Biplot, khususnya berbasis eksplorasi kemiripan genotipe-genotipe, hubungan antar sifat-sifat kuantitatif dan posisi relatif genotipe-genotipe dan sifat berganda dalam suatu sektor karakteristik agregatif; dan 3) mendeskripsi genotipe-genotipe berkeragaan ganda terbaik, yaitu berkeragaan ganda untuk banyak sifat, pada Generasi  $F_2$  zuriat persilangan galur *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*.

## BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan bulan September-November 2010 di Desa Poka, Kecamatan Teluk Ambon Baguala, Kota Ambon. Bahan genetik yang digunakan dalam penelitian ini adalah benih-benih zuriat  $F_2$  hasil persilangan kacang hijau varietas *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw* (selanjutnya disingkat MS) berukuran 263 individu, dan varietas unggul Gelatik sebagai genotipe pembanding (*check genotype*).

Sifat-sifat kuantitatif yang merupakan peubah amatan dalam penelitian ini adalah umur berbunga (hari), tinggi tanaman (cm), jumlah cabang, lama pengisian biji (hari), umur panen pertama (hari), jumlah polong, jumlah polong bernas, jumlah biji, jumlah biji bernas, jumlah biji per polong, bobot biji (gram), bobot 100 biji, dan indeks panen serempak (IPS). IPS merupakan suatu ukuran relatif keserempakan panen yang dihitung menurut persamaan:

$$IPS_i = \sum_{j=1}^k \left( y_{ij} / \left[ |Q_i - UP_{ij}| + 1 \right] \right) / \sum_{j=1}^k y_{ij}$$

untuk  $i = 1, 2, \dots, n$ ,  $j = 1, 2, \dots, k$ ;

dimana  $n$  = banyaknya individu,  $k$  = banyaknya kali panen,  $y_{ij}$  = bobot biji individu ke- $i$  untuk panen ke- $j$ ,  $Q_i$  = umur panen yang memberi hasil bobot biji tertinggi pada individu ke- $i$ , dan  $UP_{ij}$  = umur panen individu ke- $i$  untuk panen ke- $j$ .

Analisis genetik meliputi: 1) perbandingan nilai tengah antara populasi zuriat  $F_2$  dengan genotipe pembandingan menggunakan statistik uji  $t$  dengan asumsi ragam kedua populasi tidak sama; 2) perbandingan ragam populasi zuriat  $F_2$  terhadap genotipe pembandingan yang menyebar  $F$  dengan derajat bebas  $n_{F_2} - 1$  dan  $n_{\text{Pembandingan}} - 1$ ; dan 3) pendugaan nilai heritabilitas menurut persamaan:

$$H = \sigma_G^2 / \sigma_P^2$$

dimana: ragam populasi  $F_2$  merupakan ragam fenotipe ( $\sigma_P^2$ ), dan ragam populasi  $F_2$  dikurangi ragam pembandingan merupakan ragam genotipe ( $\sigma_G^2$ ).

Pengujian nilai tengah dan ragam menggunakan  $\alpha = 0,05$ , sedangkan inferensia heritabilitas menurut kriteria Stanfield (1991).

Analisis GT biplot diawali dengan membuat matriks  $Y$  berpangkat  $r$  dan berdimensi  $(n \times p)$  yang terkoreksi terhadap nilai tengah dan terbakukan,  $n$  adalah dimensi genotipe dan  $p$  adalah dimensi sifat berganda. Selanjutnya dilakukan 'penguraian nilai singular' (*singular value decomposition*) untuk memperoleh skor Komponen Utama Pertama (KU1) dan Komponen Utama Kedua (KU2) dengan menggunakan macro biplot Program SAS (Friendly, 2008) dan pembuatan grafik dengan program Minitab. Interpretasi grafik dilakukan dengan memperhatikan kedekatan antar genotipe-genotipe, hubungan antar sifat kuantitatif dan posisi relatif genotipe terhadap sifat berganda (Yan & Kang, 2003) dan Yan & Fregeau-Reid, 2008). Selain itu, GT biplot juga dibagi atas sektor-sektor yang terdiri dari beberapa kuadran. Batas antar kuadran merupakan suatu garis tegak lurus dari titik asal terhadap suatu garis konektor yang menghubungkan genotipe-genotipe terluar dalam grafik, dan membentuk sektor-sektor agregatif kesamaan karakteristik. Sektor-sektor terbentuk yang mengandung secara serempak genotipe-genotipe dan sifat berganda merupakan sektor bermakna, dan yang tidak mengandung sifat berganda bukan merupakan sektor bermakna. Karakteristik genotipe-genotipe dalam sektor bermakna sesuai dengan sifat-sifat berganda yang terkandung dalam sektor itu, sedangkan yang tidak mengandung sifat berganda merupakan genotipe-genotipe yang buruk, khususnya vektor genotipe yang beragam. Genotipe-genotipe terbaik dideteksi pada masing-masing sektor kesamaan karakteristik. Genotipe yang berada pada posisi terluar dari suatu sektor, merupakan genotipe terbaik untuk sifat berganda yang berada dalam sektor itu.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Keragaan, Keragaman Genetik dan Heritabilitas Sifat-sifat Kuantitatif

Hasil penelitian memperlihatkan perbedaan keragaan dan keragaman yang tidak nyata, nyata sampai sangat nyata antara generasi  $F_2$  dengan varietas pembandingan Gelatik untuk beberapa sifat kuantitatif

(Tabel 1). Periode pengisian biji generasi  $F_2$  lebih pendek dari varietas pembandingan Gelatik, dengan jumlah cabang, jumlah daun, jumlah polong, jumlah polong bernas, jumlah biji bernas, bobot biji, dan bobot 100 biji yang lebih baik dari varietas pembandingan, tetapi dengan indeks panen serempak yang lebih buruk. Beberapa dari sifat-sifat ini masih lebih beragam dari varietas pembandingan dengan heritabilitas yang tinggi. Sifat-sifat tersebut adalah jumlah cabang, jumlah polong, jumlah biji, jumlah biji bernas, bobot biji dan indeks panen serempak (Tabel 1 dan Tabel 2).

Keragaan generasi  $F_2$  yang lebih baik dari varietas pembandingan serta keragaman dan heritabilitas yang tinggi memperlihatkan keunggulan komponen hasil dan hasil biji generasi  $F_2$  terhadap varietas pembandingan Gelatik, yang mengindikasikan daya hasil yang tinggi pada generasi  $F_2$ . Keragaman yang nyata dan heritabilitas yang tinggi juga mengindikasikan keterwarisan sifat-sifat kuantitatif ini pada generasi berikut dan masih adanya peluang untuk meningkatkan hasil biji dalam program seleksi. Walaupun demikian, komponen hasil varietas Gelatik yang cenderung rendah mengindikasikan adanya pengaruh keterbauran yang menghambat pertumbuhan dan hasil tanaman. Situasi ini menunjukkan bahwa selain menggunakan varietas unggul sebagai genotipe pembandingan dalam barisan tanaman, juga diperlukan penggunaan plot pembandingan (*check plot*) pada percobaan berikutnya untuk mengevaluasi adatidaknya keterbauran dan keoptimalan pertumbuhan dan hasil tanaman.

### Perolehan Segregan Transgresif Putatif Sifat Berganda Berbasis GT Biplot

Peragaan GT Biplot memperlihatkan bahwa jumlah biji, jumlah biji bernas, bobot biji dan jumlah polong cenderung mengelompok secara bersama. Gugus sifat berganda ini cenderung berkorelasi positif karena memiliki sudut lancip antar vektor, berkorelasi positif rendah dengan jumlah cabang karena memiliki sudut lancip yang cukup luas, dan berkorelasi negatif dengan indeks panen serempak karena membentuk sudut tumpul (Gambar 1).

Pembagian GT biplot atas kuadran-kuadran menghasilkan 8 sektor, dengan 3 sektor bermakna yang mengandung hampir 90% agregasi genotipe dan sifat berganda dan 5 sektor sisanya tak bermakna. Sektor bermakna merupakan sektor yang mengandung genotipe-genotipe dengan karakteristik sesuai sifat berganda yang dikandungnya. Sebaliknya sektor tak bermakna mengandung genotipe-genotipe tak berguna karena tidak memiliki keunggulan sedikitnya salah satu sifat kuantitatif. Sektor I, Sektor V dan Sektor VIII merupakan sektor bermakna pada generasi  $F_2$  persilangan *Mamasa Lere Butnem*  $\times$  *Lasafu Lere Butsiw*.

Sektor 1 merupakan sektor bermakna yang bertalian dengan keunggulan jumlah cabang. Sektor ini tidak mengandung genotipe terbaik, namun menyebar di luar sebaran genotipe pembandingan dan selang kepercayaan ganda 95%, sehingga cenderung memiliki

jumlah cabang lebih banyak bila dibandingkan dengan genotipe pembanding. Genotipe-genotipe dengan peningkatan jumlah cabang cenderung tidak efisien apabila tidak produktif. Oleh sebab itu, nomor genotipe yang dipilih juga memiliki hasil biji tinggi. Peragaan biplot memperlihatkan semua nomor genotipe dalam sektor ini dapat dipilih dalam program seleksi, karena posisi relatif masing-masing genotipe terproyeksi pada bidang positif dari vektor hasil biji, yang artinya juga memiliki hasil biji tinggi. Genotipe segregan transgresif putatif jumlah cabang dengan hasil biji tinggi menyebar di dalam sektor ini. Genotipe-genotipe yang menghasilkan famili-famili seragam ganda, yaitu tidak lagi bersegregasi pada generasi berikutnya di dalam sektor ini, dan tetap mempertahankan rata-rata jumlah cabang dengan hasil biji yang tinggi merupakan segregan transgresif. Beberapa genotipe yang menonjol hasil bijinya dalam sektor ini adalah MS186 dan 196.

Sektor 5 merupakan sektor bermakna yang bertalian dengan keunggulan cenderung panen serempak. Pada sektor ini, tampak genotipe MS57 merupakan genotipe terbaik, diikuti MS160 dan 54. Sebagian kecil varietas Gelatik berada di sektor ini, dan sebagian besar pada sektor 6 yang merupakan sektor tidak bermakna. Genotipe-genotipe dengan keragaan dalam sektor ini yang lebih besar dari pembanding Gelatik, dan dengan posisi relatif lebih baik dari pembanding Gelatik pada sektor 6, merupakan segregan transgresif putatif. Genotipe-genotipe ini, bila seragam ganda, yaitu bila tidak bersegregasi lagi dan tetap mempertahankan keragaan panen serempak pada generasi berikutnya, merupakan segregan transgresif sifat panen serempak. Namun dengan sebaran yang sempit, peluang memperoleh segregan transgresif panen serempak relatif kecil.

Tabel 1. Keragaan dan Keragaman Sifat-sifat Kuantitatif Generasi F<sub>2</sub> Persilangan Varietas *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*

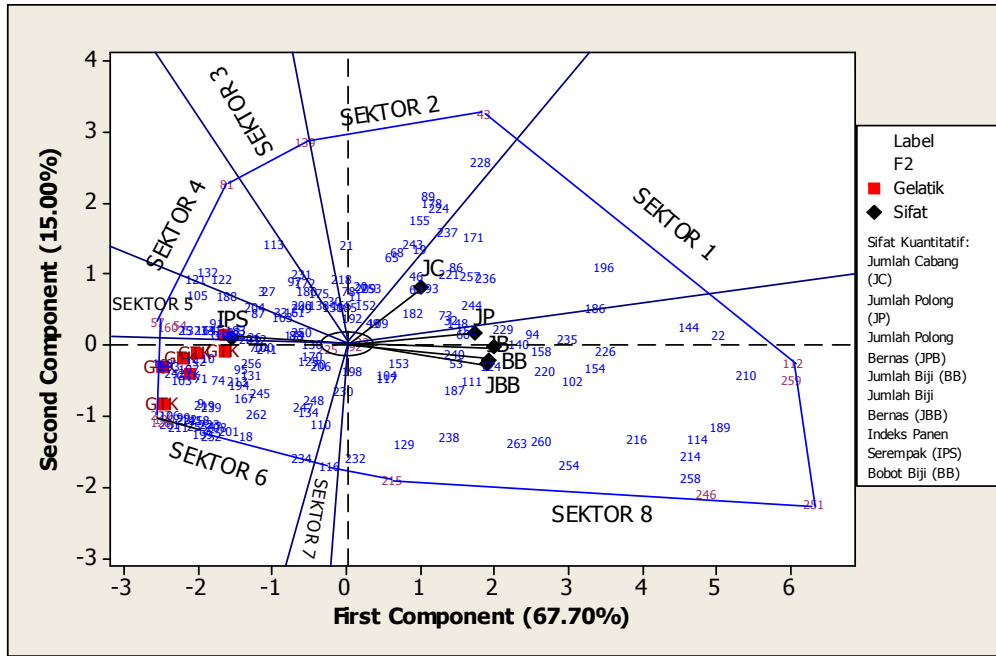
Sifat-sifat Kuantitatif	Nilai Tengah				Ragam			
	Gelatik	F <sub>2</sub>	T	Nilai P	Gelatik	F <sub>2</sub>	F	Nilai P
Umur Berbunga (hari)	39,71	41,41	1,01	0,317	18,57	26,10	1,45	0,341
Periode Pengisian Biji	29,71	25,53	-2,62	0,013	16,90	25,86	1,53	0,313
Tinggi Tanaman (cm)	82,86	85,76	0,49	0,627	234,81	282,22	1,20	0,453
Jumlah Cabang	1,00	2,21	4,97	0,000	0,33	2,03	6,09	0,014
Jumlah Daun	9,86	13,51	2,75	0,009	11,14	32,31	2,90	0,088
Jumlah Polong	17,71	31,39	3,74	0,001	80,24	351,12	4,38	0,033
Jumlah Polong Bernas	15,57	27,90	3,45	0,001	79,29	255,41	3,22	0,069
Umur Panen Pertama	69,43	66,94	-0,77	0,444	69,95	63,75	0,91	0,634
Jumlah Biji	77,71	211,82	10,73	0,000	250,91	21656,27	86,31	0,000
Jumlah Biji Bernas	35,29	132,06	7,88	0,000	566,91	12595,39	22,22	0,000
Jumlah Biji per Polong	5,93	6,88	1,13	0,266	5,00	5,53	1,18	0,466
Bobot Biji (gram)	2,03	10,06	9,29	0,000	2,69	65,41	24,33	0,000
Bobot 100 Biji (gram)	5,78	7,93	2,69	0,011	4,34	3,36	0,77	0,738
Indeks panen serempak	1,00	0,72	-13,49	0,000	0,0001	0,08	945,09	0,000

Ket.: (Nilai P) > (α = 0,05) = statistik uji tidak nyata; (α = 0,05) ≥ (Nilai P) > (α = 0,01) = statistik uji berpengaruh nyata; (α = 0,05) > (Nilai P) ≤ (α = 0,01) = statistik uji berpengaruh sangat nyata

Tabel 2. Keragaman Genetik dan Heritabilitas Sifat-sifat Kuantitatif Generasi F<sub>2</sub> Persilangan Varietas *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*

Genotipe	Ragam			Heritabilitas <sup>*)</sup>
	Lingkungan	Genotipe	Fenotipe	
Umur Berbunga	18,57	8,40	26,97	0,31
Pengisian Biji	16,90	8,95	25,86	0,35
Tinggi Tanaman	234,81	47,41	282,22	0,17
Jumlah Cabang	0,33	1,70	2,03	0,84
Jumlah Daun	11,14	21,16	32,31	0,66
Jumlah Polong	80,24	270,88	351,12	0,77
Jumlah Polong Bernas	79,29	176,12	255,41	0,69
Umur Panen Pertama	69,95	0,00	63,74	0,00
Jumlah Biji	250,91	21405,37	21656,27	0,99
Jumlah Biji Bernas	566,91	12028,49	12595,39	0,95
Jumlah Biji per Polong	4,70	0,84	5,53	0,15
Bobot Biji	2,69	62,73	65,41	0,96
Bobot 100 Biji	4,34	0,00	3,36	0,00
Indeks Panen Serempak	0,0001	0,08	0,08	0,99

<sup>\*)</sup> Tinggi: > 0,5, sedang: 0,2-0,5; rendah: < 0,2



Gambar 1. GT biplot untuk evaluasi Generasi F<sub>2</sub> Persilangan Varietas *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw* dengan pembagian kuadran-kuadran untuk pengelompokan agregatif genotipe dan sifat berganda

Sektor bermakna terakhir, yaitu sektor 8, merupakan sektor komponen hasil dengan sebaran terluas. Genotipe-genotipe yang berada dalam sektor ini memiliki keunggulan jumlah biji dan jumlah polong yang banyak serta hasil tinggi. Semua nomor genotipe dalam sektor ini merupakan genotipe-genotipe dengan hasil biji tinggi, sehingga dapat dipilih dalam program seleksi. Genotipe terbaik dalam sektor ini adalah genotipe MS251, 112, 259 dan 215. Selain itu, genotipe MS144, 22, 210, 189, 114, 214 dan 258 merupakan genotipe-genotipe yang berdekatan dengan genotipe terbaik, sehingga bersama-sama dengan genotipe terbaik merupakan genotipe dengan keragaan hasil biji terbaik. Sama seperti genotipe-genotipe pada sektor 1, genotipe-genotipe segregan transgresif sifat ganda putatif komponen hasil biji berada dalam sektor ini, karena memperlihatkan keragaan ganda lebih baik dari pembanding Gelatik dan di luar selang kepercayaan ganda 95%. Genotipe-genotipe yang memperlihatkan keseragaman ganda dengan keragaan ganda terbaik dalam sektor ini pada generasi berikutnya merupakan segregan transgresif sifat berganda komponen hasil biji.

Selang kepercayaan ganda 95% biplot, yaitu sektor dalam biplot dengan karakteristik keragaan rata-rata sifat berganda, merupakan sektor yang mengandung famili-famili dengan keunggulan untuk semua sifat kuantitatif. Genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ini adalah MS225, 92 dan 23. Genotipe-genotipe ini juga berada di luar kulit terluar genotipe pembanding Gelatik, sehingga bila berpenampilan seragam pada generasi berikut, maka genotipe-genotipe ini juga merupakan segregan transgresif sifat berganda. Walaupun demikian, dengan sebaran yang sempit, kemungkinan memperoleh segregan transgresif sifat berganda relatif kecil.

### Deskripsi Genotipe-genotipe Berkeragaan Ganda Terbaik

Genotipe-genotipe berkeragaan ganda terbaik dari masing-masing sektor pada Generasi F<sub>2</sub> persilangan galur *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw* memperlihatkan peningkatan hasil biji yang cukup tinggi bila dibandingkan dengan Generasi F<sub>2</sub>, kecuali genotipe-genotipe dari sektor indeks panen serempak dan satu genotipe dari sektor komponen hasil (Tabel 3). Genotipe-genotipe kacang hijau dengan hasil biji tinggi, umur genjah, kerdil, dan cenderung panen serempak adalah genotipe-genotipe berkeragaan terbaik. Terdapat 15 genotipe dengan hasil biji lebih tinggi dari Generasi F<sub>2</sub> sehingga merupakan kandidat genotipe berkeragaan terbaik. Dari 15 genotipe ini, 6 genotipe cenderung panen serempak masing-masing MS144, 189, 23, 251, 259 dan 92; 11 genotipe berumur genjah masing-masing MS114, 186, 196, 210, 214, 215, 22, 225, 23, 258, dan 259; semua genotipe berbiji besar (> 5 gram/100 biji) dimana 7 genotipe berbiji lebih besar dari Generasi F<sub>2</sub>, masing-masing MS214, 215, 22, 225, 23, 258, 259 dan 92; dan 6 genotipe cukup kerdil masing-masing MS210, 214, 215, 225 dan 258. Hasil ini mengindikasikan bahwa terdapat kemungkinan untuk memperbaiki populasi persilangan ini pada generasi berikutnya untuk membentuk famili-famili berdaya hasil tinggi, cenderung panen serempak, berumur genjah dan berbiji besar. Selain itu, adanya segregasi transgresif putatif memungkinkan seleksi famili-famili segregan transgresif pada generasi awal yang memungkinkan perolehan galur-galur harapan baru melalui seleksi generasi awal kacang hijau.

Tabel 3. Deskripsi genotipe-genotipe berkeragaan ganda terbaik masing-masing sektor pada Generasi F<sub>2</sub> persilangan galur *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw*

Genotipe	Sektor GT Biplot	Tinggi Tanaman (cm)	Umur Berbunga (hari)	Umur Panen (hari)	Jumlah Biji Bernas	Bobot 100 Biji (g)	Bobot Biji (g)	Indeks Panen Serempak
F2	-	86	41	67	132	7,93	10,06	0,72
Gelatik	IPS	83	40	69	35	5,78	2,03	1,00
MS112	KH	91	44	70	155	6,19	9,60	0,73*
MS114	KH	102	36	59*	263	6,96	18,30*	0,29
MS144	KH	102	44	70	235	6,38	15,00*	1,00*
MS160	IPS	79	42	70	28	7,14	2,00	1,00*
MS186	JC	111	36	59*	221	6,97	15,40*	0,44
MS189	KH	109	45	70	210	6,71	14,10*	1,00*
MS196	JC	110	38	65*	182	6,81	12,40*	0,47
MS210	KH	76	36	59*	422	6,94	29,30*	0,59
MS214	KH	76	36	64*	387	8,79	34,00*	0,59
MS215	KH	73	35	56*	188	8,94	16,80*	0,54
MS22	KH	109	36	59*	402	6,42	25,80*	0,50
MS225	SK	76	36	59*	116	9,05	10,50*	0,59
MS23	SK	100	39	63*	130	8,46	11,00*	0,82*
MS251	KH	105	45	70	682	5,19	35,40*	0,97*
MS258	KH	76	36	59*	416	8,61	35,80*	0,59
MS259	KH	102	39	59*	399	8,77	35,00*	0,93*
MS54	IPS	80	44	70	36	5,28	1,90	1,00*
MS57	IPS	66	44	70	14	8,57	1,20	1,00*
MS92	SK	95	40	70	127	8,03	10,20*	1,00*

Ket.: IPS = Sektor IPS = sektor panen serempak, JC = jumlah cabang, KH = komponen hasil, dan SK = selang kepercayaan ganda 95%.

\* Lebih Baik dari Generasi F<sub>2</sub>

### KESIMPULAN

Kesimpulan dari hasil penelitian ini adalah:

1. Generasi F<sub>2</sub> persilangan kacang hijau varietas *Mamasa Lere Butnem* × *Lasafu Lere Butsiw* memiliki keragaan komponen hasil biji yang tinggi dan berumur genjah bila dibandingkan varietas pembanding Gelatik, dengan keragaman genetik yang besar dan heritabilitas yang sedang hingga tinggi untuk hampir semua sifat kuantitatif.
2. Peragaan GT biplot sifat-sifat kuantitatif dengan keragaan dan heritabilitas tinggi menghasilkan sektor agregatif jumlah cabang, indeks panen serempak dan komponen hasil biji serta sektor selang kepercayaan ganda, dimana sektor jumlah cabang cenderung berkorelasi dengan komponen hasil biji. Keragaan ganda hasil biji terbaik terlihat pada sektor jumlah cabang, komponen hasil biji dan sektor selang kepercayaan ganda, dengan genotipe-genotipe terbaik sebagai segregan transgresif putatif.
3. Genotipe-genotipe berkeragaan ganda terbaik sebagian besar memperlihatkan hasil biji yang tinggi, cenderung panen serempak, berumur genjah, berukuran biji besar dan agak kerdil, yang mengindikasikan keberhasilan pelaksanaan seleksi pada generasi berikutnya dan kemungkinan fiksasi segregan transgresif pada generasi awal.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh Hibah Bersaing DP2M-DIKTI Tahun 2010 sesuai surat pelaksanaan Nomor: 018/SP2H/PP/DP2M/III/2010, tanggal 01 Maret 2010 a.n. Edizon Jambormias, dengan judul: “Deteksi Segregan transgresif Untuk Seleksi Daya Hasil Kacang Hijau (*Vigna radiata* L. Wilczek) Pada Generasi Seleksi F<sub>2</sub> dan F<sub>3</sub> Zuriat Persilangan Dialel”.

### DAFTAR PUSTAKA

- Acquaah, G. 2007. Principles of Plant Genetics and Breeding. 1<sup>st</sup> pub. Blackwell Publishing, Malden, USA. p134.
- Badan Pusat Statistik. 2014. Tanaman Pangan. [http://www.bps.go.id/tmn\\_pgn.php](http://www.bps.go.id/tmn_pgn.php) [2 Mei 2014].
- Chadha, M.L. 2010. Short Duration Mungbean: A New Success in South Asia. Asia-Pacific Association of Agricultural Research Institutions, FAO Regional Office for Asia and the Pacific. Bangkok: APAARI. p1.
- Chahota, R.K., N. Kishore, K.C. Dhiman, T.R. Sharma & S.K. Sharma. 2007. Predicting transgressive segregants in early generation using single seed descent method-derived *micro-macrosperma* gene pool of lentil (*Lens culinaris* Medikus). *Euphytica* 156: 305-310.

- Fernandez, G.C.J. & S. Shanmugasundaram. 1988. The AVRDC mungbean improvement program: the past, present and future. *Dalam* Mungbean. Proceedings of the Second International Symposium. Asian Vegetable Research and Development Center, Taipei. p58-70.
- Friendly, M. 2008. Generalized biplot of observations and variables Uses IML. <http://www.datavis.ca/sas/vcd/macros/biplot.sas> [2 Mei 2014].
- Kuczyńska, A., M. Surma & T. Adamski. 2007. Methods to predict transgressive segregation in barley. *J. Appl. Genet.* 48: 321-328.
- Jambormias, E. & J. Riry. 2008. Aplikasi GGE Biplot untuk evaluasi stabilitas dan adaptasi genotip-genotip dengan data percobaan lingkungan ganda. *Jurnal Budidaya Pertanian* 4: 84-93.
- Jambormias, E. & J. Riry. 2009. Penyesuaian data dan penggunaan informasi kekerabatan untuk mendeteksi segregasi transgresif sifat kuantitatif pada tanaman menyerbuk sendiri (suatu pendekatan dalam seleksi). *Jurnal Budidaya Pertanian* 5: 11-18.
- Jambormias, E., J.M. Tutupary & J.R. Patty. 2013. Analisis dialel sifat berganda pada kacang hijau (*Vigna radiata* L. Wilczek). *Agrinimal* 3: 23-29.
- Moeljopawiro, S. 2002. Optimizing selection for yield using selection index. *Zuriat* 13: 35-42.
- Saxton, A.M. 2004. Genetic Selection. *In* Genetic Analysis of Complex Traits Using SAS. SAS Institute Inc., SAS Campus Drive, Cary, North Carolina.
- Singh, R.B. 1988. Trends and prospects for mungbean production in South and Southeast Asia. *In* Mungbean. Proceedings of the Second International Symposium. Asian Vegetable Research and Development Center. Tropical Vegetable Information Service.
- Soh, A.C., C.S. Chow, S. Iyama & Y. Yamada. 1994. Candidate traits for index selection in choice of oil palm ortets for clonal propagation. *Euphytica* 79: 23-32.
- Stanfield, W.D. 1991. *Genetika*. Ed 2. Erlangga, Jakarta. p248.
- Suhartina. 2005. Deskripsi Varietas Unggul Kacang-kacangan dan Umbi-umbian. Balai Penelitian Tanaman Kacang-kacangan dan Umbi-umbian, Malang. p96-114.
- Sumarno, & N. Zuraida. 2006. Hubungan korelatif dan kausatif antara komponen hasil dengan hasil kedelai. *J. Penel. Pert. Tan. Pangan* 25: 38-44.
- Yadav, B., C.S. Tyagi & D. Singh, 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. *Ann. appl. Biol.* 133: 227-235.
- Yan, W. & I. Rajcan. 2002. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11-20.
- Yan, W. & J. Fregeau-Reid. 2008. Breeding line selection based on multiple traits. *Crop Sci.* 48: 417-423.
- Yan, W. & L.A. Hunt. 2002. Biplot analysis of multi-environment trial data. *In*: Kang MS. (eds). Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding. Cab Publishing, Walingford, Oxon, United Kingdom.
- Yan, W. & M.S. Kang. 2003. GGE Biplot Analysis. A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press, Boca Raton.