

RINGKASAN

Perakitan varietas kedelai dapat dimulai dengan mengidentifikasi karakter yang diharapkan. Peran marka molekuler dalam perakitan varietas juga sangat penting dalam meningkatkan efisiensi seleksi melalui analisis pola segregasi untuk populasi selanjutnya. Berdasarkan hal tersebut, analisis pola segregasi dan keragaman fenotip tanaman kedelai generasi F2 ini perlu dilakukan sebagai dasar seleksi dan penetapan metode pemuliaan. Penelitian ini bertujuan untuk 1) menganalisis pola segregasi populasi F2 kedelai menggunakan marka *Simple Sequence Repeats* (SSR) dan 2) menganalisis keragaman fenotipe populasi F2 kedelai.

Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan Cikeumeuh dan Laboratorium Biologi Molekuler Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian (BB Biogen), Bogor pada bulan September 2019 hingga Februari 2020. Rancangan penelitian yang digunakan adalah rancangan tanpa ulangan atau *Augmented Design*. Semua tanaman yang ditanam adalah sampel. Setiap sampel diamati secara molekuler dan morfologi. Analisis yang digunakan adalah uji *Chi Square* dan uji Lilliefors. Variabel yang diamati pada analisis segregasi populasi F2 menggunakan marka SSR adalah heterozigositas pita DNA marka SSR polimorfik dengan hipotesis marka bersegregasi 1:2:1 (alel SSR berasal dari tetua 1: alel SSR berasal dari kedua tetua: alel SSR berasal dari tetua 2), sedangkan variabel yang diamati pada keragaman fenotipe adalah tinggi tanaman, umur berbunga, warna bunga, jumlah cabang per tanaman, jumlah polong per tanaman, jumlah buku subur per tanaman, umur masak, warna bulu polong, hasil biji per tanaman, dan bobot 100 biji.

Berdasarkan hasil penelitian, marka SSR menunjukkan pola segregasi yang sesuai dengan Hukum Mendel berupa perbandingan genotip 1:2:1 pada populasi F2 Grobogan × Introduksi 10, F2 Grobogan × Introduksi 13 dan F2 Biosoy 1 × Introduksi 10 sedangkan pada populasi F2 Grobogan × Introduksi 12 marka tidak menunjukkan pola segregasi 1:2:1, namun cenderung ke arah alel yang berasal dari tetua 1. Sebaran data yang dihasilkan pada populasi F2 kedelai berdistribusi normal pada beberapa karakter dan pada populasi tertentu, yaitu a) jumlah polong per tanaman, bobot biji per tanaman, dan bobot 100 biji per tanaman pada F2 Grobogan × Introduksi 10, b) tinggi tanaman, jumlah polong per tanaman, bobot biji per tanaman dan bobot 100 biji per tanaman pada F2 Grobogan × Introduksi 12 dan F2 Biosoy 1 × Introduksi 10, serta c), tinggi tanaman, jumlah polong per tanaman, dan bobot 100 biji per tanaman pada F2 Grobogan × Introduksi 13.

SUMMARY

Developing a new soybean variety can be started by identifying the character of interest to be incorporated into the new variety. The role of molecular markers in variety development is very important in increasing selection efficiency through analysis of segregation patterns for subsequent populations. Based on these, analysis of segregation patterns and phenotype diversity of F₂ soybean populations needs to be done as a basis for selection and determination of breeding methods. This study was aimed to 1) analyze pattern of soybean F₂ population segregation using Simple Sequence Repeats (SSR) markers and 2) analyze phenotype of soybean F₂ populations.

The research was carried out at the Cikeumeuh Experimental Garden and Molecular Biology Laboratory of the Indonesian Center for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development (ICABIOGRAD), Bogor from September 2019 to February 2020. The experimental design was Augmented Design with no replication. All planted plants are used as samples. Each genotype was evaluated molecularly and morphologically. The SSR marker segregation ratio was analyzed using the Chi Square test and the normality of phenotypic data was done using Liliefors test. The variables observed in the F₂ population segregation analysis using SSR markers were heterozygosity of the DNA bands of polymorphic SSR markers so that a 1:2:1 segregation pattern would be formed. The observed phenotypes included plant height, branch number per plant, reproductive node per plant, flowering time, flower color, pod number per plant, maturity time, pubescent color, seed yield per plant, and 100-seed weight.

Based on the result, SSR markers showed segregation pattern that is in accordance with that of Mendel's Law with a ratio of 1:2:1 (SSR alleles originated from parent 1: SSR alleles originated from both parents: SSR alleles originated from parent 2) in F₂ population Grobogan × Plant Introduction (PI) 10, F₂ Grobogan × PI 13 and F₂ Biosoy 1 × PI 10, while in F₂ population Grobogan × PI 12 the SSR markers tested do not demonstrate a 1:2:1 segregation ratio but skewed toward alleles from parent 1. Most of phenotypic data distribution observed in the F₂ populations showed normal distribution on several characters and in certain populations, namely a) pod number per plant, seed weight per plant, and 100-seed weight on F₂ Grobogan × PI 10, b) plant height, pod number per plant, seed weight per plant and 100-seed weight on F₂ Grobogan × PI 12, and F₂ Biosoy 1 × PI 10, and c) plant height, pod number per plant, and 100-seed weight on F₂ Grobogan × PI 13.