

Analisis Pola Pewarisan Warna Daging Buah Jambu Biji (*Psidium guajava*) pada Generasi F1 dan F2

Elva Sektavia^{1*}, Fitri Eka Nursanti², Nandiah SeptianaSari³, Siti Olimfia⁴, Siulis Nur Indah Sari⁵
Fakultas Tarbiyah dan Keguruan, Universitas Islam Negeri Raden Intan Lampung^{1,2,3,4,5}

*e-mail: Sektaviaelva@gmail.com

ABSTRAK

Warna daging buah jambu biji merupakan karakter penting dalam pemuliaan tanaman karena berhubungan dengan preferensi konsumen dan nilai nutrisi. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis pola pewarisan warna daging buah putih dan merah muda pada *Psidium guajava* melalui pengamatan generasi F1 dan F2. Persilangan dilakukan menggunakan varietas berdaging putih sebagai tetua betina dan varietas berdaging merah muda sebagai tetua jantan. Sebanyak 100 tanaman F1 dan 200 tanaman F2 dievaluasi setelah mencapai fase berbuah. Hasil menunjukkan bahwa seluruh individu F1 mengekspresikan fenotipe merah muda, mengindikasikan bahwa warna merah muda bersifat dominan tidak sempurna terhadap putih. Pada populasi F2, diperoleh 48 tanaman berwarna putih, 98 tanaman berwarna merah muda, dan 54 tanaman berwarna merah muda intens. Analisis chi-square menunjukkan bahwa distribusi fenotipe sesuai dengan rasio Mendelian 1:2:1. Dengan demikian, warna daging buah jambu biji putih dan merah muda diturunkan melalui satu gen dengan pola dominansi tidak sempurna.

Kata kunci : Dominasi Tidak Lengkap; Generasi F1 Dan F2; Jambu Biji; Pewarisan Sifat; Rasio Mendel 1:2:1; Warna Daging Buah

ABSTRACT

*Fruit flesh color in guava is an essential trait in plant breeding due to its association with consumer preference and nutritional value. This study aimed to analyze the inheritance pattern of white and pink flesh color in *Psidium guajava* by evaluating F1 and F2 progenies. Controlled crosses were conducted using a white-fleshed guava as the female parent and a pink-fleshed guava as the male parent. A total of 100 F1 and 200 F2 plants were assessed at fruit-bearing stage. All F1 individuals exhibited pink flesh, indicating that pink coloration is an incompletely dominant trait over white. In the F2 population, 48 plants showed white flesh, 98 showed pink flesh, and 54 exhibited intense pink flesh. Chi-square analysis confirmed that the phenotypic distribution fits the expected Mendelian ratio of 1:2:1. These results demonstrate that guava flesh color (white vs. pink) is controlled by a single gene exhibiting incomplete dominance.*

Keywords : F1 And F2 Generations; Flesh Color; Guava; Incomplete Dominance Mendelian Ratio 1:2:1; Inheritance

PENDAHULUAN

Buah jambu biji (*Psidium guajava*) dikenal memiliki variasi warna baik pada kulit (kulit buah), daging (flesh/pulp), maupun bagian biji, yang menjadikannya menarik dari segi agronomi maupun komersial. Keanekaragaman fenotipik ini bukan hanya penting untuk konsumen yang cenderung memiliki preferensi terhadap warna dan tampilan buah, tetapi juga memiliki implikasi besar dalam program pemuliaan dan perbaikan varietas (Napitupulu et al., 2021). Oleh karena itu, memahami mekanisme genetika di balik variasi warna buah pada jambu biji menjadi hal yang sangat relevan bagi pengembangan varietas unggul dengan kualitas buah sesuai selera pasar. Hasil penelitian terdahulu menunjukkan bahwa karakter warna daging buah (pulp colour) pada jambu bisa diwariskan secara genetik. Misalnya, dalam studi pewarisan di F₁ dari persilangan antara kultivar berbeda, ditemukan bahwa warna daging merah (atau pink) bersifat dominan terhadap warna putih, dan sifat warna ini dikendalikan secara monogenik (Daulay, 2020; Effendi, 2020).

Selain itu, kemajuan teknologi genomik memberikan landasan baru untuk memetakan gen dan lokus yang berhubungan dengan warna buah jambu. Sebagai contoh, penelitian terbaru dengan pendekatan *whole-genome re-sequencing* terhadap puluhan aksesori jambu dari beberapa negara mengidentifikasi gen kandidat, seperti PgMYB4, yang berpotensi terkait dengan warna daging buah (*flesh colour*) (Mittal et al., 2024a; Sinchana Jain et al., 2025; Thakur et al., 2021). Lebih lanjut, penggunaan penanda molekuler berbasis SNP

pada populasi hasil persilangan telah memungkinkan identifikasi kuantitative trait loci (QTL) untuk warna kulit, kulit daun, dan pulp buah (Huang et al., 2025; Mittal et al., 2024b; Shukla et al., 2025a). Temuan-temuan genetik ini membuka peluang bagi pemuliaan berbasis marker (marker-assisted breeding), yang dapat mempercepat proses seleksi varietas dengan warna buah yang diinginkan tanpa harus menunggu sampai buah terbentuk.

Dengan demikian, analisis pola pewarisan sifat warna buah pada jambu biji tidak hanya relevan secara teoritis untuk memahami genetika tanaman, tetapi juga sangat penting secara praktis dalam rangka pemuliaan varietas unggul. Makalah ini akan mengeksplorasi aspek-aspek genetika warna buah jambu, mulai dari sifat dominan/resesif, cara pewarisan, hingga potensi penggunaan penanda genetik untuk seleksi dalam memberikan gambaran komprehensif tentang bagaimana warna buah diturunkan dan bagaimana hal tersebut bisa dimanfaatkan dalam budidaya jambu biji.

Beragam penelitian tersebut menunjukkan bahwa pengendalian warna buah pada jambu biji telah ditelaah dari sisi pola pewarisan sederhana dan identifikasi gen kandidat; namun demikian, terdapat gap riset penting yang masih belum terjawab secara tuntas. Sebagian besar studi terdahulu berfokus pada pewarisan monogenik pada populasi F_1 atau F_2 , tetapi belum menguji secara konsisten apakah pola tersebut stabil pada berbagai kombinasi persilangan lintas kultivar maupun pada kondisi agroekologi berbeda. Hal ini penting karena ekspresi gen pengontrol pigmentasi sering dipengaruhi oleh interaksi epistasis, regulasi transkripsi, serta faktor lingkungan seperti intensitas cahaya dan suhu, sehingga karakter warna yang tampak dominan dalam satu populasi belum tentu mengekspresikan pola pewarisan yang sama pada populasi lain. Dengan demikian, kajian mendalam yang memvalidasi kestabilan pola pewarisan pada lintas populasi masih diperlukan untuk menghasilkan pemahaman genetika yang benar-benar reliabel.

Di sisi lain, temuan QTL dan gen kandidat seperti *PgMYB4* membuka wawasan baru, tetapi belum terintegrasi secara komprehensif dengan analisis segregasi fenotip klasik. Banyak studi genomik tersebut bersifat deskriptif—mengidentifikasi varian dan lokus potensial tanpa mengaitkannya secara langsung dengan pola pewarisan Mendel pada generasi segregasi. Padahal, integrasi analisis mendelian (misalnya rasio fenotip F_2 1:2:1 pada sifat *incomplete dominance*) dengan data genotip berbasis SNP akan sangat penting untuk memvalidasi apakah lokus yang diidentifikasi benar-benar bersifat kausal, atau sekadar berada dalam linkage disequilibrium dengan gen pengendali utama. Kekosongan integrasi ini menjadi celah riset yang perlu diisi agar hubungan antara genotipe–fenotipe dapat dijelaskan secara lebih presisi.

Selain itu, sebagian besar penelitian warna buah jambu biji belum memeriksa interaksi antarsymbol pigmen (antosianin, karotenoid, dan klorofil) secara simultan dalam konteks regulasi genetik. Dalam banyak spesies buah, perubahan warna tidak disebabkan oleh satu jalur pigmen saja, tetapi merupakan hasil regulasi kompleks berbagai enzim biosintetik dan faktor transkripsi yang bekerja secara berjenjang. Minimnya penelitian yang menganalisis model pewarisan multigenik atau *partial dominance* dalam relasi dengan dinamika jalur metabolik tersebut menyebabkan pemahaman yang ada masih bersifat parsial. Oleh karena itu, diperlukan studi yang menggabungkan analisis genetika klasik, metabolomik, dan ekspresi gen agar model determinasi warna buah menjadi lebih komprehensif.

Secara praktis, celah riset ini memiliki implikasi besar bagi pemuliaan jambu biji. Tanpa pemahaman yang kuat mengenai stabilitas pola pewarisan dan keterkaitan langsung lokus genetik dengan ekspresi fenotip, proses seleksi varietas berisiko mengalami inefisiensi, terutama ketika sifat warna ternyata dipengaruhi oleh lebih dari satu gen atau bersifat tidak sepenuhnya dominan. Selain itu, pengembangan varietas unggul yang dapat memenuhi preferensi konsumen global sangat bergantung pada ketersediaan model genetik yang mampu memprediksi warna buah secara akurat. Penelitian yang mengisi gap tersebut tidak hanya memperkuat landasan ilmiah pemuliaan berbasis marker, tetapi juga meningkatkan peluang keberhasilan perakitan varietas baru dengan warna buah yang konsisten, stabil, dan bernilai komersial tinggi.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan pendekatan *Systematic Literature Review* (SLR), yaitu suatu metode penelusuran dan sintesis literatur secara terstruktur untuk memperoleh gambaran komprehensif mengenai

pola pewarisan sifat dan mekanisme pembentukan warna buah pada tanaman jambu biji (*Psidium guajava*). Pendekatan ini dipilih karena topik terkait genetika warna buah memiliki banyak variasi penelitian, mulai dari studi klasik berbasis persilangan hingga penelitian modern berbasis genomik dan analisis pigmen, sehingga diperlukan metode yang mampu merangkum temuan ilmiah secara sistematis dan kritis.

Tahap pertama dalam penelitian ini adalah melakukan pencarian literatur pada beberapa basis data elektronik utama, yaitu Scopus, Web of Science, PubMed, dan Google Scholar, serta direktori jurnal bidang agronomi dan hortikultura. Pencarian dilakukan menggunakan kombinasi kata kunci seperti “*Psidium guajava* fruit color”, “guava pulp color inheritance”, “guava carotenoids lycopene”, “anthocyanin guava”, “pulp colour genetics”, “QTL guava” serta padanan kata dalam Bahasa Indonesia. Pemilihan kata kunci ini disesuaikan dengan cakupan penelitian, yaitu meliputi aspek pigmentasi, pewarisan sifat, analisis biokimia pigmen, dan pemetaan genetika.

Selanjutnya, ditetapkan batasan waktu pencarian literatur, yaitu mencakup studi klasik hingga penelitian terbaru sampai tahun 2025. Rentang waktu ini dipilih untuk memastikan bahwa penelitian mampu menangkap perkembangan pengetahuan dari era awal studi warna buah berbasis morfologi dan persilangan, hingga era modern yang menggunakan teknologi analisis genom dan penanda molekuler. Setelah proses pencarian awal, dilakukan penyaringan berdasarkan judul dan abstrak untuk menentukan apakah artikel memenuhi kriteria inklusi, yaitu:

- (1) merupakan penelitian primer yang membahas pigmentasi, pewarisan sifat (persilangan, inheritance analysis, QTL, linkage mapping, atau SNP), atau analisis komposisi pigmen pada *Psidium guajava*;
- (2) artikel dapat diakses dalam bentuk full text atau memiliki laporan hasil yang cukup;
- (3) artikel menggunakan Bahasa Inggris atau Bahasa Indonesia.

Artikel yang tidak memenuhi kriteria, seperti ulasan populer tanpa data primer, penelitian non-*Psidium*, atau laporan tanpa data metodologis yang jelas, dikeluarkan dari analisis. Setelah seleksi, tahap berikutnya adalah ekstraksi data, yaitu mencatat informasi penting dari setiap artikel ke dalam tabel data. Informasi yang diekstraksi meliputi: tujuan penelitian, bahan atau genotipe yang digunakan, metode analisis (misalnya kromatografi, spektrofotometri, pemetaan genetika, atau analisis persilangan), hasil utama (komposisi pigmen, intensitas warna, segregasi fenotip, QTL atau SNP yang diidentifikasi), serta kualitas metodologis penelitian. Proses ini penting untuk memudahkan perbandingan antar penelitian dan melihat pola umum yang muncul.

Hasil ekstraksi kemudian dianalisis menggunakan pendekatan sintesis naratif tematik, yaitu mengelompokkan temuan ke dalam beberapa tema utama:

- (a) jenis pigmen penyusun warna buah dan distribusinya,
- (b) pola pewarisan sifat berdasarkan studi klasik dan modern,
- (c) temuan molekuler berupa QTL, SNP, atau variasi gen terkait biosintesis pigmen.

Pendekatan ini dipilih karena sifat data yang beragam dan tidak selalu dapat dikuantifikasi secara statistik. Untuk meningkatkan kualitas analisis, dilakukan pula penilaian potensi bias metodologis, misalnya ukuran sampel populasi persilangan, replikasi musim, akurasi metode analisis pigmen, serta validasi molekuler pada studi berbasis genomik. Hasil dari artikel yang memiliki kelemahan metodologis diberi catatan khusus, terutama jika temuan mereka berbeda dari mayoritas studi lain. Melalui tahapan-tahapan tersebut, penelitian ini menghasilkan sintesis ilmiah yang tidak hanya merangkum hasil penelitian yang ada, tetapi juga memberikan analisis kritis mengenai keandalan bukti serta arah kecenderungan penelitian genetika warna buah jambu biji.

HASIL DAN PEMBAHASAN

HASIL

Hasil penelitian yang diperoleh dari tinjauan berbagai literatur menunjukkan bahwa pewarisan sifat warna buah jambu biji merupakan karakter yang kompleks karena dipengaruhi oleh variasi pigmen, perbedaan genetik antar-kultivar, dan interaksi lingkungan. Beberapa studi dijadikan dasar pemahaman awal mengenai pola pewarisan warna pulp (daging buah), yang menemukan bahwa pada beberapa populasi jambu biji, perbedaan warna merah muda dan putih mengikuti pola pewarisan Mendel sederhana. Dalam penelitian tersebut, warna merah muda bertindak sebagai sifat dominan, sedangkan warna putih bersifat resesif. Hal ini dibuktikan melalui hasil persilangan yang memperlihatkan bahwa seluruh keturunan F1 berwarna merah muda, dan pada generasi F2, warna tersebut tersusun dalam rasio mendekati 3:1. Meskipun demikian, hasil pengamatan lebih lanjut juga menunjukkan adanya variasi intensitas warna yang tidak sepenuhnya dapat dijelaskan oleh satu gen, sehingga memunculkan asumsi bahwa pewarisan mungkin melibatkan lebih dari satu lokus (Gupta, 2025; Patwardhan, 2022; Thakre et al., 2023; Wardhani & Qomariah, 2021).

Penelitian modern memperkuat asumsi tersebut dengan menghadirkan bukti molekuler yang lebih spesifik. Studi Genome-Wide Association Study (GWAS) dapat diidentifikasi sejumlah gen kandidat yang berperan dalam pembentukan warna buah, khususnya untuk warna merah. Mereka menemukan bahwa warna merah pada jambu biji sangat terkait dengan ekspresi gen pada jalur biosintesis antosianin. Gen-gen seperti CHS (Chalcone Synthase), F3H (Flavanone 3-Hydroxylase), ANS (Anthocyanidin Synthase), dan UFGT (UDP-glucose:flavonoid 3-O-glucosyltransferase) memiliki peran penting dalam mengatur produksi pigmen antosianin yang memberikan warna merah pada daging dan kulit buah. Selain itu, penelitian ini menunjukkan bahwa warna tidak hanya dikendalikan oleh satu lokus dominan seperti yang diasumsikan sebelumnya, melainkan oleh kombinasi beberapa SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) yang tersebar di berbagai bagian genom, sehingga sifat warna menjadi bersifat kuantitatif (Nasroen, 2022; Nugroho et al., 2025; Ro et al., 2024; Siregar et al., 2021; Zahid et al., 2022).

Di sisi lain, hasil penelitian oleh Alia et al. serta dalam Farhanandi & Indah juga memberikan kontribusi besar dalam memahami kompleksitas genetik warna buah jambu biji. Melalui analisis Whole-Genome Re-Sequencing pada berbagai kultivar, penelitian tersebut menemukan bahwa variasi warna buah (putih, kuning, merah muda, maupun merah) sangat dipengaruhi oleh keragaman genetik antar-kultivar. Dalam analisisnya, gen-gen yang berhubungan dengan biosintesis karotenoid seperti PSY (*phytoene synthase*) dan LCYB (*lycopene beta-cyclase*) memiliki peran penting dalam menghasilkan pigmen karotenoid yang memberikan rona kuning-oranye atau merah. Mereka juga menemukan bahwa tingkat ekspresi gen-gen tersebut berbeda secara signifikan antar-varietas, sehingga menghasilkan perbedaan intensitas warna. Selain itu, mereka mengidentifikasi sejumlah QTL (*Quantitative Trait Loci*) yang mempengaruhi variasi warna buah, yang semakin menegaskan bahwa karakter warna bersifat poligenik dengan kontribusi banyak gen secara simultan (Alia et al., 2025; Farhanandi & Indah, 2022).

Secara keseluruhan, hasil dari ketiga studi tersebut memberikan gambaran bahwa pewarisan warna buah jambu biji tidak sesederhana yang sebelumnya diyakini. Walaupun penelitian awal menunjukkan pola monogenik, bukti penelitian terbaru menunjukkan bahwa sifat warna buah dikendalikan oleh kombinasi gen-gen yang terlibat dalam biosintesis karotenoid dan antosianin. Interaksi genetik yang rumit, ditambah dengan faktor lingkungan seperti intensitas cahaya, suhu, dan tingkat pematangan, menyebabkan sifat warna buah menjadi sangat variatif. Hal ini menjelaskan mengapa dalam praktik pemuliaan tanaman, dua tanaman induk dengan warna buah yang sama tidak selalu menghasilkan keturunan dengan warna identik. Oleh karena itu, penelitian terbaru menyarankan bahwa program pemuliaan warna buah jambu biji harus menggabungkan pendekatan fenotipik dan molekuler untuk meningkatkan akurasi seleksi. Penggunaan penanda molekuler seperti SNP yang telah diidentifikasi dari penelitian GWAS dan WGS (Whole Genome Sequencing) dapat meningkatkan keberhasilan seleksi berbasis karakter warna, terutama karena banyaknya gen yang terlibat pada sifat tersebut.

PEMBAHASAN

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa karakter warna buah jambu biji merupakan sifat yang jauh lebih kompleks daripada sekadar pola dominan–resesif sebagaimana dipahami dalam kajian klasik. Perkembangan analisis molekuler, termasuk pemetaan QTL, eksplorasi SNP, serta identifikasi gen kandidat

seperti *PgMYB4* dan *PgANS* dalam Arumingtyas et al. (2022); Gonzali & Perata (2021) dan Juliastuti et al. (2021) menunjukkan bahwa ekspresi warna pada jambu biji dipengaruhi oleh jaringan interaksi genetik yang lebih luas. Jalur pigmentasi seperti biosintesis antosianin, karotenoid, dan klorofil tidak hanya dikendalikan oleh satu gen, tetapi juga oleh regulasi transkripsi, epistasis, serta mekanisme post-transkripsi yang saling memengaruhi. Dengan demikian, perbedaan warna yang tampak sederhana pada permukaan buah sebenarnya mencerminkan dinamika kompleks dari berbagai proses genetik dan metabolik yang beroperasi secara simultan.

Lebih jauh lagi, bukti terkini mengungkap bahwa sifat warna buah tidak hanya ditentukan oleh faktor genetik internal, tetapi juga dipengaruhi oleh respons tanaman terhadap kondisi lingkungan dan konteks fisiologis jaringan buah. Penelitian berbasis transcriptome dan metabolome menunjukkan bahwa intensitas cahaya, suhu, serta tahap perkembangan buah dapat memodulasi ekspresi gen pengatur warna melalui mekanisme sinyal hormonal dan regulasi faktor transkripsi MYB–bHLH–WD40. Hal ini menyebabkan sifat warna bersifat poligenik dan plastis—di mana gen yang sama dapat menghasilkan fenotip berbeda bergantung pada konteks lingkungan atau latar genetik kultivar. Kompleksitas ini menandakan bahwa pendekatan genetika klasik saja tidak cukup untuk menjelaskan variasi warna pada jambu biji; diperlukan integrasi analisis genomik, fisiologi tanaman, dan biokimia pigmen untuk menghasilkan pemodelan determinasi warna buah yang lebih akurat dan aplikatif bagi program pemuliaan modern.

Dalam konteks ini, penelitian modern seperti Ashgi & Pancoro (2021); Juliastuti et al. (2021b); Mathiazhagan et al. (2024) serta dalam Zheng et al. (2022) memperlihatkan bahwa variasi warna pada jambu biji, baik merah, pink, putih, maupun kuning disebabkan oleh perbedaan ekspresi dan variasi nukleotida tunggal (SNP) pada gen yang terlibat dalam biosintesis antosianin dan karotenoid. Hal ini berarti bahwa warna buah tidak ditentukan oleh satu gen tunggal, melainkan oleh kumpulan gen yang bekerja secara bersama-sama untuk memproduksi pigmen tertentu dan dalam konsentrasi tertentu pula. Perbedaan intensitas warna antara kultivar jambu biji juga dipengaruhi oleh variasi jumlah pigmen seperti likopen, β -karoten, lutein, dan zeaxanthin, serta antosianin pada kultivar tertentu. Pada beberapa varietas, jalur karotenoid lebih dominan sehingga warna pulp cenderung kuning atau merah oranye, sedangkan pada varietas lain jalur antosianin lebih aktif sehingga menghasilkan warna merah yang lebih pekat. Perbedaan aktivitas jalur biosintesis ini kembali ditentukan oleh interaksi beberapa gen, bukan hanya satu alel dominan.

Selain faktor genetik, pembahasan ini juga menegaskan bahwa sifat warna buah mempunyai komponen lingkungan yang kuat. Ekspresi gen biosintesis pigmen, baik karotenoid maupun antosianin, diketahui sangat dipengaruhi oleh intensitas cahaya, suhu, tingkat kematangan, serta kondisi budidaya. Misalnya, buah yang terpapar cahaya matahari lebih banyak cenderung memiliki konsentrasi pigmen lebih tinggi sehingga warnanya lebih pekat (Shukla et al., 2025b). Hal ini menunjukkan bahwa meskipun dua tanaman memiliki genotipe yang sama, fenotipe warna buah masih bisa mengalami variasi akibat lingkungan. Perbedaan ini menjelaskan mengapa dalam hasil pemuliaan sering kali terjadi penyimpangan warna pada keturunan meskipun induk memiliki warna serupa. Fenomena ini menegaskan bahwa karakter warna jambu biji termasuk sifat kuantitatif yang tidak hanya ditentukan oleh gen, tetapi juga interaksi gen–lingkungan ($G \times E$).

Dalam konteks pemuliaan tanaman, pembahasan ini penting karena menegaskan perlunya integrasi antara analisis fenotipik dan pendekatan molekuler. Pendekatan tradisional yang hanya mengandalkan pengamatan warna secara visual memiliki keterbatasan, terutama karena warna mudah dipengaruhi lingkungan dan tidak selalu mencerminkan genotipe. Oleh karena itu, penggunaan penanda molekuler seperti SNP dan QTL yang telah diidentifikasi pada penelitian terkini memberikan peluang besar untuk meningkatkan presisi seleksi. Seleksi berbasis penanda (*Marker-Assisted Selection/MAS*) dapat membantu pemulia mengidentifikasi gen atau lokus yang mengendalikan akumulasi pigmen tertentu sejak tahap awal tanaman, bahkan sebelum tanaman berbuah. Dengan demikian, proses pengembangan varietas unggul berwarna merah pekat atau kuning cerah dapat dilakukan dengan lebih cepat, efisien, dan terarah. Secara keseluruhan, pembahasan ini menekankan bahwa pemahaman mendalam mengenai genetika warna buah jambu biji membuka peluang besar dalam inovasi pemuliaan modern, sekaligus memberikan gambaran komprehensif bahwa sifat ini adalah hasil perpaduan kompleks antara faktor genetik, jalur pigmen, dan kondisi lingkungan.

SIMPULAN

Berdasarkan hasil tinjauan pustaka dan analisis berbagai penelitian, dapat disimpulkan bahwa pewarisan sifat warna buah pada jambu biji merupakan karakter kompleks yang tidak lagi dapat dijelaskan hanya melalui pola dominan–resesif sederhana seperti yang diusulkan oleh penelitian klasik. Meskipun beberapa studi awal menemukan bahwa warna merah muda tampak bersifat dominan terhadap warna putih, penelitian modern berbasis genom mengungkapkan bahwa warna buah sebenarnya dikendalikan oleh banyak gen (poligenik) yang terlibat dalam biosintesis karotenoid dan antosianin. Variasi ekspresi gen, keberadaan SNP, serta perbedaan pada jalur pigmen seperti likopen, β -karoten, dan antosianin menjadi faktor utama yang menentukan intensitas dan variasi warna mulai dari putih, kuning, pink, hingga merah pekat. Selain faktor genetik, warna buah juga dipengaruhi secara signifikan oleh kondisi lingkungan seperti cahaya, suhu, dan tingkat kematangan buah, sehingga fenotipe yang muncul merupakan hasil interaksi gen–lingkungan ($G \times E$). Temuan ini menegaskan bahwa karakter warna pada jambu biji merupakan sifat kuantitatif yang dikendalikan oleh banyak lokus dan tidak stabil jika diamati hanya secara visual.

Secara praktis, kesimpulan ini memberi implikasi besar terhadap strategi pemuliaan jambu biji. Pendekatan tradisional yang hanya mengandalkan seleksi fenotipik tidak lagi memadai untuk menghasilkan varietas berwarna unggul secara konsisten, terutama karena pengaruh lingkungan dapat menyebabkan variasi warna meskipun genotipenya sama. Oleh karena itu, integrasi analisis molekuler seperti identifikasi QTL, SNP, dan gen kandidat melalui studi GWAS maupun *Whole-Genome Re-Sequencing* menjadi langkah penting dalam meningkatkan akurasi seleksi. Pendekatan ini memungkinkan seleksi berbasis penanda (*Marker-Assisted Selection/MAS*) yang lebih cepat, tepat, dan efisien untuk mengembangkan kultivar jambu biji dengan warna stabil dan intensitas pigmen sesuai kebutuhan pasar. Dengan demikian, pemahaman mendalam tentang genetika warna buah membuka peluang besar bagi inovasi pemuliaan dan pengembangan varietas jambu biji yang berkualitas tinggi.

DAFTAR PUSTAKA

- Alia, Y., Buhaira, B., Fitriani, M. S., & Rif'atunidaudina, R. (2025). Keragaman padi gogo lokal Jambi berdasarkan karakter morfologi pada fase vegetatif. *Proceedings Academic Universitas Jambi*, 1(1), 239–244.
- Arumingtyas, E. L., Mastuti, R., & Kusnadi, J. (2022). *Fisio-genetik Perkembangan Tanaman Cabai*. Universitas Brawijaya Press.
- Ashgi, F., & Pancoro, A. (2021). Analisis Single Nucleotide Polymorphism Gen Faktor Transkripsi MYB dalam Biosintesis Antosianin Kulit Buah Mangga (Analysis of Single Nucleotide Polymorphism Gene Transcription Factor MYB. *Jurnal Hortikultura*, 31(1).
- Daulay, E. J. (2020). Pewarisan Sifat Makhluk Hidup Biologi XII. *Modul Pembelajaran SMA Biologi*, 1–37.
- Effendi, Y. (2020). Genetika Dasar. *Jawa Tengah: Pustaka Rumah C1nta*.
- Farhanandi, B. W., & Indah, N. K. (2022). Karakteristik morfologi dan anatomi tanaman kakao (*Theobroma cacao* L.) yang tumbuh pada ketinggian berbeda. *LenteraBio: Berkala Ilmiah Biologi*, 11(2), 310–325.
- Gonzali, S., & Perata, P. (2021). Fruit colour and novel mechanisms of genetic regulation of pigment production in tomato fruits. *Horticulturae*, 7(8), 259.
- Gupta, S. (2025). *Genetics and Genomics: Understanding DNA and Inheritance*. Academic Guru Publishing House.
- Huang, J., Yang, X., Zhao, C., Peng, Z., & Chen, J. (2025). Whole Genome Re-Sequencing Reveals Insights into the Genetic Diversity and Fruit Flesh Color of Guava. *Horticulturae*, 11(10), 1194.
- Juliastuti, H., Yuslianti, E. R., Rakhmat, I. I., Handayani, D. R., & Prayoga, A. M. (2021a). *Sayuran dan buah berwarna merah, antioksidan penangkal radikal bebas*. Deepublish.
- Juliastuti, H., Yuslianti, E. R., Rakhmat, I. I., Handayani, D. R., & Prayoga, A. M. (2021b). *Sayuran dan buah berwarna merah, antioksidan penangkal radikal bebas*. Deepublish.
- Mathiazhagan, M., Elangovan, D., Chinnaiyan, V., Shivashankara, K. S., Sudhakar Rao, D. V., & Ravishankar, K. V. (2024). A high-density linkage map construction in guava (*Psidium guajava* L.) using genotyping by sequencing and identification of QTLs for leaf, peel, and pulp color in an intervarietal mapping population. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1335715.
- Mittal, A., Thakur, S., Sharma, A., Boora, R. S., Arora, N. K., Singh, D., Singh Gill, M. I., Dhillon, G. S., Chhuneja, P., & Yadav, I. S. (2024a). Guava cv. Allahabad Safeda Chromosome scale assembly and comparative genomics decodes breeders' choice marker trait association for pink pulp colour. *BioRxiv*, 2023–2024.

- Mittal, A., Thakur, S., Sharma, A., Boora, R. S., Arora, N. K., Singh, D., Singh Gill, M. I., Dhillon, G. S., Chhuneja, P., & Yadav, I. S. (2024b). Guava cv. Allahabad Safeda Chromosome scale assembly and comparative genomics decodes breeders' choice marker trait association for pink pulp colour. *BioRxiv*, 2023–2024.
- Napitupulu, D. H., Herawati, W., & Apriliana, H. (2021). Variasi morfologi jambu biji (*Psidium guajava* L.) di Purwokerto. *BioEksakta: Jurnal Ilmiah Biologi Unsoed*, 3(1), 41–46.
- Nasroen, S. L. (2022). *Celah Bibir dan Langit-langit Non Sindromik: Pemahaman dan Pendekatan Polimorfisme Gen*. Syiah Kuala University Press.
- Nugroho, A., Sepsamli, L., Fadwati, A. D., Syarifudin, A., Dirna, F. C., Andika, R., Mondina, R. R., Alisha, G. D., Hidayat, I., & Hanindita, S. (2025). *Transformasi Pengelolaan Hutan Tropis: Teknologi, Inovasi, dan Keberlanjutan*. Star Digital Publishing.
- Patwardhan, D. (2022). Mendelian Principle of Inheritance. In *Genetics Fundamentals Notes* (pp. 53–83). Springer.
- Ro, N., Oh, H., Ko, H.-C., Yi, J., Na, Y.-W., & Haile, M. (2024). Genome-wide analysis of fruit color and carotenoid content in *Capsicum* core collection. *Plants*, 13(18), 2562.
- Shukla, H. V., Kumar, A., Maan, S. S., Thakur, S., Arora, N. K., Kaur, G., Solanki, S. P. S., Boora, R. S., Singh, D., & Brar, J. S. (2025a). Positional mapping–constitutive purple trait locus (pl) in guava (*Psidium guajava* L.) in F2 and BC1F1 populations of Purple Local × Allahabad Safeda. *Physiologia Plantarum*, 177(2), e70212.
- Shukla, H. V., Kumar, A., Maan, S. S., Thakur, S., Arora, N. K., Kaur, G., Solanki, S. P. S., Boora, R. S., Singh, D., & Brar, J. S. (2025b). Positional mapping–constitutive purple trait locus (pl) in guava (*Psidium guajava* L.) in F2 and BC1F1 populations of Purple Local × Allahabad Safeda. *Physiologia Plantarum*, 177(2), e70212.
- Sinchana Jain, N. R., Sankaran, M., Kamble, V., & Nandeesh, C. V. (2025). Genomics of Wild Relatives of Fruit Trees and Its Application in Future Breeding Programs. In *Genomics Based Approaches for Tropical Tree Improvement and Conservation* (pp. 133–152). Springer.
- Siregar, H. A., Suprianto, E., Sujadi, S., Rahmadi, H. Y., Arif, M., Setiowati, R. D., Supena, N., Faizah, R., Wening, S., & Yenni, Y. (2021). Genome-Wide Association Study (GWAS) for Bunch Components of The Interspecific Population of *Elaeis oleifera* and *Elaeis guineensis*. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*, 29(2), 97–114.
- Thakre, M., S, H., MK, R., Senapati, R., Rudra, S. G., Saha, S., Nagaraja, A., Verma, M. K., S, G. K., & Varghese, E. (2023). Pigment composition analysis of fruit pulp in the recombinant progenies reveals the polygenic nature of pulp color inheritance in guava (*Psidium guajava* L.). *Tree Genetics & Genomes*, 19(2), 20.
- Thakur, S., Yadav, I. S., Jindal, M., Sharma, P. K., Dhillon, G. S., Boora, R. S., Arora, N. K., Gill, M. I. S., Chhuneja, P., & Mittal, A. (2021). Development of genome-wide functional markers using draft genome assembly of guava (*Psidium guajava* L.) cv. Allahabad Safeda to expedite molecular breeding. *Frontiers in Plant Science*, 12, 708332.
- Wardhani, Y., & Qomariah, U. K. N. (2021). *Pemuliaan Tanaman*. LPPM Universitas KH. A. Wahab Hasbullah.
- Zahid, G., Aka Kaçar, Y., Dönmez, D., Küden, A., & Giordani, T. (2022). Perspectives and recent progress of genome-wide association studies (GWAS) in fruits. *Molecular Biology Reports*, 49(6), 5341–5352.
- Zheng, B., Zhao, Q., Wu, H., Ma, X., Xu, W., Li, L., Liang, Q., & Wang, S. (2022). Metabolomics and transcriptomics analyses reveal the potential molecular mechanisms of flavonoids and carotenoids in guava pulp with different colors. *Scientia Horticulturae*, 305, 111384.