

INTISARI

Tomat (*Solanum lycopersicum* L.) merupakan salah satu komoditas Indonesia yang penting untuk menunjang pasar dalam negeri. Tomat liar telah digunakan selama puluhan tahun dalam kegiatan pemuliaan tanaman untuk meningkatkan kualitas tanaman tomat budidaya. Keragaman genetik pada suatu tanaman merupakan syarat mutlak dalam keberhasilan kegiatan pemuliaan tanaman. Dengan menggunakan informasi dari penanda molekuler, diharapkan kegiatan pemuliaan tanaman dapat dilakukan dengan lebih mudah. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi kemiripan dan mendapatkan pengelompokkan sampel tanaman tomat menggunakan penanda SSR (*Simple Sequence Repeats*) serta mengkaji keterkaitan penanda EST-SSR (*Expressed Sequence Tag-Simple Sequence Repeats*) HML52 dengan sifat warna dan sifat bentuk buah tomat. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret hingga Juli 2019 di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Tanaman, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini adalah Tomat Mawar sebagai tetua 1, Tomat Ungu sebagai tetua 2, tomat generasi F1, tomat generasi F2, silang balik 1 (F1 x P1), dan silang balik 2 (F1 x P2). Penanda SSR digunakan untuk menganalisis keragaman genetik pada 67 sampel tanaman tomat melalui analisis dendrogram dan *Principle Coordinate Analysis* (PCoA). Analisis independensi *chi-square* digunakan untuk mengkaji keterkaitan penanda EST-SSR HML52 dengan gen pengatur sifat warna dan bentuk pada buah tomat. Hasil dari analisis menunjukkan sebagian besar sampel memiliki tingkat kemiripan yang lebih tinggi terhadap tetua 1 dan keragaman genetik yang paling besar terdapat pada sampel tomat silang balik 2. Penanda EST-SSR HML52 dapat untuk menduga gen pengatur sifat warna buah tomat dan tidak pada sifat bentuk buah tomat.

Kata kunci: tomat, keragaman genetik, penanda SSR, penanda EST-SSR

ABSTRACT

Tomato (Solanum lycopersicum L.) is one of the important commodities to support the domestic market in Indonesia. The wild-type tomato has been developed for tomato breeding program over decades, in order to improve the quality and performance of tomato traits. Genetic variation is one of the methods that help the breeders generating information to improve quality of plants. By using the information from molecular markers, the plant breeding program can be easier performed. This study aimed to obtain the information on the similarities and to obtain the clustering of tomato samples using the SSR (Simple Sequence Repeats) markers as well as to assess the linkage between the EST-SSR (Expressed Sequence Tag-Simple Sequence Repeats) HML52 marker and the color trait as well as the shape trait in tomato fruits. This research had been conducted from March to July 2019 at the Genetic and Plant Breeding Laboratory, Faculty of Agriculture, Universitas Gadjah Mada. 'Mawar' tomato as Parental 1, Purple Tomato as Parental 2, F1 generation tomato, F2 generation tomatoes, Back Cross 1 tomatoes (F1 x P1), and Back Cross 2 tomatoes (F1 x P2) were used in this research for genetic variation analysis. SSR marker was used to analyze the genetic variation of 67 tomato samples by dendrogram analysis and Principal Coordinate Analysis (PCoA). Chi-square independence analysis is used to assess if EST-SSR HML52 marker could predict the regulator gene of color trait and shape trait in tomato fruits. The results denote that are most of the samples have a higher similarity level to Parental 1 and the largest genetic variation is on Back Cross 2 tomatoes. The result indicated that the EST-SSR HML52 marker can be used to predict the regulator gene of color trait and can not predict the regulator gene of shape trait in tomato fruits.

Key words: tomato, genetic variation, SSR marker, EST-SSR marker