

INTISARI

Populasi *Chromosome Segment Substitution Lines* (CSSLs) dibentuk dari persilangan balik antara tetua penerima 'Ciherang' dan tetua donor padi tipe baru B11143D. Populasi CSSL dapat digunakan sebagai populasi pemetaan QTL untuk karakter-karakter agronomi terkait komponen hasil. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan nomor-nomor galur yang membawa segmen introgresi dari tetua donor pada kromosom target 1 sampai 4 dengan latar belakang genetik 'Ciherang'; mendeteksi perubahan pada karakter agronomi terkait potensi hasil pada generasi BC₃F₃ terhadap 'Ciherang'; dan menentukan daerah QTL yang bertanggung jawab terhadap karakter agronomi terkait potensi hasil padi. Seleksi latar depan dilakukan untuk memperoleh nomor-nomor tanaman yang membawa segmen kromosom tetua donor pada masing-masing daerah target, kemudian dilanjutkan dengan seleksi latar belakang untuk mengetahui kemiripan latar belakang genetik nomor terpilih dengan tetua 'Ciherang'. Seleksi dilakukan dengan menggunakan marka SSR yang tersebar merata di keseluruhan kromosom. Dari hasil kedua seleksi tersebut, terpilih 15 nomor tanaman untuk target introgresi di kromosom 1, 12 nomor tanaman untuk target introgresi di kromosom 2, 11 nomor tanaman untuk target introgresi di kromosom 3, dan 15 nomor tanaman untuk target introgresi di kromosom 4. Dari nomor-nomor tersebut, terlihat adanya perubahan karakter agronomi terhadap tetua 'Ciherang'. Pemetaan QTL dilakukan dengan analisis pemetaan selang sederhana dengan batas LOD 3. Dari hasil analisis tersebut, dapat teridentifikasi daerah-daerah QTL di kromosom 1 sampai 4 yang bertanggung jawab terhadap berbagai karakter agronomi terkait potensi hasil padi. Beberapa daerah interval marka ditemukan bertanggung jawab terhadap beberapa karakter agronomi sekaligus.

Kata kunci: analisis QTL, CSSL, seleksi berbantuan marka molekuler, SSR.

ABSTRACT

Chromosome segment substitution line (CSSL) population was developed from a cross between B11143D as donor parent and the elite cultivar 'Ciherang' as recurrent parent. CSSL population can be used to study and map yield potential-related QTLs in rice. This research was aimed to obtain lines carrying chromosome segments from B11143D donor parent on chromosome 1 to 4 in a genetic background of 'Ciherang'; to detect agronomic changes in BC₃F₃ generation compared to its recurrent parent 'Ciherang'; and to determine QTL positions on chromosome 1 to 4 related to yield potential in rice. Foreground selection was done to acquire individuals carrying chromosome segments from donor parent at specific target locations on chromosome 1 to 4, then continued by background selection on selected individuals to assess their genetic background similarities to 'Ciherang'. Both selections were done using SSR molecular marker, which spreaded evenly on rice whole genome. From those selections, we selected 15 individuals carrying donor segment on target chromosome 1, 12 individuals on chromosome 2, 11 individuals on chromosome 3, and 15 individuals on chromosome 4. From observed individuals, we found phenotypic alterations compared to recurrent parent 'Ciherang'. QTL mapping was done using simple interval mapping with LOD (threshold 3). From SIM analysis, we identified yield potential-related QTL positions between two markers on chromosome 1 to 4. We also detected pleiotropy on several interval markers for agronomic traits observed.

Keywords: QTL analysis, CSSL, marker-assisted selection, SSR.