

Pemetaan QTL untuk sifat ketahanan terhadap penyakit antraknose pada *Capsicum* spp.

Mapping QTL for anthracnose resistance in Capsicum spp.

Lia Sanjaya¹, G.A. Wattimena², E. Guharja², M. Yusuf², H. Aswidinnoor², dan Piet Stam³

¹Balai Penelitian Tanaman Hias, Jalan Raya Ciherang, Segunung-Pacet, Kotak Pos 8 Sdl, Cianjur 43253, Indonesia

²Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680, Indonesia

³Laboratory of Plant Breeding, Wageningen University, The Netherlands, PO Box 386, 6700 AJ, Wageningen, NL

ABSTRACT

Quantitative trait loci (QTL) analysis of anthracnose resistance character was performed in an F₂ population derived from an interspecific cross between *Capsicum annum* cv. Jatilaba and *C. chinense*. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) and microsatellites (a total 238 markers) were used to construct a pepper genetic map with 982 cM total length. A total five QTLs for *Colletotrichum gloeosporioides* resistance were identified by JoinMap3.0/MapQTL 4.0 software using LOD score ≥ 3.0 and $q \leq 30$ cM as the threshold for QTL detection. Both QTLs (one for lesion diameter and one for disease incidence) were tightly linked with same marker in linked group N, and three QTLs associated with disease severity in linked group G, K, and L, respectively. Based on lesion diameter, QTL for *C. capsici* resistance was same as for *C. gloeosporioides* resistance.

[Keywords: *Capsicum* spp., *Colletotrichum capsici*, *C. gloeosporioides*, AFLP, microsatellites]

ABSTRAK

Karakter ketahanan cabai terhadap penyakit antraknose telah dianalisis pada populasi F₂ hasil persilangan interspesifik antara Jatilaba (*C. annum*) dan PI 315023 (*C. chinense*). Analisis menghasilkan peta keterpautan genetik yang terdiri atas 238 markah molekuler amplified fragment length polymorphism (AFLP) dan mikrosatelit yang tersebar ke dalam 23 kelompok pautan dengan panjang total 982 cM. Dengan menggunakan piranti lunak JoinMap3.0/MapQTL 4.0 pada ambang batas LOD $\geq 3,0$ dan $q \leq 30$ cM, teridentifikasi lima QTL untuk sifat ketahanan terhadap *Colletotrichum gloeosporioides*. Dua QTL, yaitu QTL rata-rata diameter lesio dan QTL kejadian penyakit, terpaut erat pada markah yang sama yang terletak pada kelompok pautan N, sementara tiga QTL berasosiasi dengan keparahan penyakit yang masing-masing terletak pada kelompok pautan G, K, dan L. QTL yang teridentifikasi untuk sifat ketahanan terhadap *C. capsici* sama dengan QTL untuk *C. gloeosporioides* berdasarkan rata-rata diameter lesio.

[Kata kunci: *Capsicum* spp., *Colletotrichum capsici*, *C. gloeosporioides*, AFLP, mikrosatelit]

PENDAHULUAN

Cabai (*Capsicum annuum*) merupakan tanaman sayuran penting di Indonesia dari segi luas areal maupun produksi (Direktorat Jenderal Bina Produksi Hortikultura, 2001). Umumnya cabai yang dibudidayakan rentan terhadap penyakit antraknose (Hadden dan Black, 1989). Sementara itu, sifat ketahanan terhadap antraknose tersedia pada spesies lain pada genus *Capsicum*. Introduksi gen tahan antraknose dari cabai liar ke cabai yang dibudidayakan berhasil dilakukan (Pickersgill, 1989; Zijlstra *et al.*, 1991), kecuali persilangan antara *C. annuum* dan *C. baccatum* yang hanya berhasil dengan menerapkan penyelamatan embrio (Pickersgill, 1991). Program pemuliaan ketahanan cabai terhadap antraknose telah dilakukan sejak puluhan tahun yang lalu, namun ketersediaan varietas unggul yang tahan terhadap antraknose masih relatif terbatas.

Sifat ketahanan terhadap antraknose merupakan karakter metrik yang menampilkan pola variasi yang kontinu (kuantitatif). Variasi tersebut disebabkan oleh segregasi simultan dari beberapa gen yang mempengaruhi suatu karakter dan oleh faktor bukan genetik. Gen-gen pengendali ketahanan terhadap antraknose dapat bersifat aditif, dominan, atau epistatis (Rawal *et al.*, 1983; Cheema *et al.*, 1984; Park *et al.*, 1990). Selain itu, gen pengendali sifat ketahanan terhadap antraknose memiliki nilai heritabilitas yang rendah (Sanjaya *et al.*, 2001) dan ekspresinya selalu berubah tergantung keadaan lingkungan. Fenomena ini mengakibatkan seleksi secara konvensional sulit dilakukan.

Sebelum peta genetik tanaman tersedia, sifat kuantitatif dianalisis menggunakan model-model biometrika. Pendekatan biometrik, walaupun penurunannya secara deskriptif, ternyata tidak menerangkan pengaruh lokus sifat kuantitatif. Pengembangan peta genetik berkerapatan tinggi,



