

Keragaman Genetik Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) Asal Angola Menggunakan Marka SSR

*Genetic Diversity of the Angola-originated Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) Using SSR Markers*

Urip Sayekti^{1,2*}, Utut Widyastuti^{1,3}, dan Nurita Toruan-Mathius²

¹Program Studi Bioteknologi, Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor

²Plant Production and Biotechnology Division, PT SMART Tbk. Sinarmas Land Plaza, 2nd Tower, 10th Floor
Jl. M.H. Thamrin No. 51, Menteng, Jakarta Pusat 10350, Indonesia

³Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor
(Bogor Agricultural University), Jl. Agathis, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680, Indonesia

Diterima 7 Juli 2014/Disetujui 24 Maret 2015

ABSTRACT

Effort to increase productivity and other elite characters in Indonesia oil palm breeding program is facing a problem because of the narrow genetic diversity. To broaden the genetic diversity, germplasm exploration has been done in Angola, Central Africa. The objective of this research was to assess the genetic diversity and population structure of Angola originated oil palm germplasm based on 20 SSR markers. The plant materials used were 27 accessions consisted of 136 palms planted in Riau, Sumatera. The DNA was isolated and amplified using PCR. Phylogeny analysis was constructed using Unrooted Neighbor-Joining by DARwin software 6.0.8. The result showed that polymorphic information content (PIC) value is 0.55 (0.17 to 0.75 for each locus) with 102 total number of alleles. Genetic diversity between individuals was higher compared to the genetic diversity within accessions or regions and between accessions or regions. Phylogenetic analysis of 27 accessions showed that accessions were divided into three main groups. Every group containing individuals originated from 5 spatial distribution regions. Principal coordinates analysis (PCoA) showed that accessions were distributed in one structure. Using more primers and samples to get more representative data is recommended for the following research.

Keywords: allele, locus, germplasm, molecular marker, polymorphic

ABSTRAK

Upaya untuk meningkatkan produktivitas dan karakter unggul lainnya dalam program pemuliaan kelapa sawit Indonesia mengalami kendala disebabkan keragaman genetik yang rendah. Upaya meningkatkan keragaman genetik telah dilakukan melalui eksplorasi plasma nutfah di Angola, Afrika Tengah. Tujuan penelitian ini adalah untuk menetapkan keragaman genetik dan struktur populasi berdasarkan marka SSR aksesori-aksesori kelapa sawit asal Angola. Bahan tanam yang digunakan sebanyak 27 aksesori atau 136 individu palma asal Angola yang ditanam di kebun Palapa, Riau, Sumatera. DNA diisolasi menggunakan protokol isolasi DNA kemudian diamplifikasi dengan PCR menggunakan 20 marka SSR. Analisis kekerabatan dikonstruksi menggunakan Unrooted Neighbor-Joining melalui perangkat lunak DARwin versi 6.0.8. Hasil penelitian menunjukkan nilai polymorphic information content (PIC) 0.55 (0.17 sampai 0.75) dengan 102 alel terdeteksi. Keragaman genetik antar individu lebih besar dibandingkan dengan keragaman genetik antar individu dalam aksesori atau daerah dan keragaman genetik antar aksesori atau daerah. Analisis filogenetik 27 aksesori menunjukkan aksesori Angola terbagi menjadi 3 kelompok utama dimana masing-masing kelompok terdiri atas percampuran kelima daerah distribusi spasial. Analisis koordinat utama menunjukkan bahwa aksesori tidak mengelompok berdasarkan daerah tetapi membentuk satu struktur. Penggunaan lebih banyak sampel dan primer untuk mendapatkan data yang lebih representatif disarankan untuk penelitian lebih lanjut.

Kata kunci: alel, lokus, penanda molekuler, plasma nutfah, polimorfis

PENDAHULUAN

Indonesia merupakan produsen kelapa sawit terbesar di dunia dengan total produksi 24 juta ton minyak sawit mentah pada tahun 2011 yang setara dengan 52% dari

total produksi dunia. Total area untuk pertanaman kelapa sawit di Indonesia mencapai 9.1 juta hektar dengan nilai ekspor sebesar 19.6 juta ton minyak mentah (*Indonesian Sustainable Palm Oil Commission*, 2012) atau setara USD 16.1 juta. Minyak kelapa sawit terutama digunakan untuk minyak sayur pada industri pangan yang diantaranya sebagai minyak goreng, margarin, mentega, dan sebagian kecil untuk industri non pangan (Pande *et al.*, 2012).

* Penulis untuk korespondensi. e-mail: ursayhrt39@yahoo.com

Usaha perbaikan karakter penting tanaman kelapa sawit terus dilakukan salah satunya melalui program pemuliaan dengan metode *Reciprocal Recurrent Selection* (RRS) (Bakoume *et al.*, 2010) atau program seleksi berulang. Akan tetapi pada kenyataannya program seleksi setiap generasi ini mengakibatkan penurunan dasar genetik pada populasi kelapa sawit sehingga menyisakan sumber gen yang memiliki kekerabatan yang semakin dekat.

Konsorsium perusahaan kelapa sawit nasional telah melakukan eksplorasi kelapa sawit ke negara Kamerun dan Angola, Afrika. Hal ini disebabkan adanya keperluan mendesak untuk memperluas dasar genetik kelapa sawit untuk mendapatkan karakter-karakter penting seperti kemampuan adaptasi pada lingkungan khusus, pertumbuhan vegetatif yang lambat, tangkai buah yang panjang, beta-karoten tinggi, nilai iodine dan ketahanan terhadap penyakit seperti Ganoderma (Tasma *et al.*, 2013; Ajambang *et al.*, 2012). Angola adalah salah satu negara asal kelapa sawit di Afrika diantara beberapa negara di sepanjang Laut Atlantik Selatan (Corley dan Tinker, 2003). Oleh karena itu, Angola digunakan sebagai salah satu tujuan eksplorasi.

Keberlanjutan produksi dan suplai produk kelapa sawit dunia perlu dipertahankan dengan pemuliaan yang lebih intensif melalui studi keragaman genetik untuk menjamin bahwa bahan tanam dengan produktivitas tinggi tersedia untuk dibudidayakan. Pemahaman mengenai keragaman genetik dan hubungan dengan materi plasma nutfah kelapa sawit sangat penting dalam menyeleksi materi bahan tanam unggul. Plasma nutfah merupakan sumber gen baru yang harus dialokasikan sebagai materi pemuliaan yang sangat menjanjikan. Ketersediaan keragaman genetik dalam plasma nutfah sangat membantu meningkatkan efisiensi kegiatan pemuliaan yang mampu menghasilkan capaian seleksi yang diharapkan.

Keragaman genetik berbasis informasi agromorfologis untuk mengevaluasi keragaman genotipik, saat ini dirasakan sudah tidak memadai lagi. Oleh sebab itu aplikasi marka molekuler sudah menjadi satu keharusan untuk meningkatkan efisiensi dalam menganalisis kekerabatan, pemetaan gen, dan *marker-assisted selection* (MAS) pada tanaman-tanaman pangan seperti padi (Susanto *et al.*, 2008), jagung (Vigouroux *et al.*, 2005), tanaman perkebunan seperti kelapa sawit (Billotte *et al.*, 2005; Billotte *et al.*, 2010; Marhalil *et al.*, 2013;), serta tanaman kehutanan dan hortikultura (Benor *et al.*, 2008; Fofana *et al.*, 2009).

Simple Sequence Repeat (SSR) populer digunakan sebagai marka molekuler karena bersifat kodominan. Locus mikrosatelit juga bersifat spesifik (satu lokus setiap pasangan primer) dengan kandungan informasi polimorfik yang cukup tinggi (Li *et al.*, 2002). Analisis keragaman genetik pada aksesori plasma nutfah kelapa sawit telah dilakukan menggunakan marka SSR (Singh *et al.*, 2008; Zaki *et al.*, 2010; Zaki *et al.*, 2012; Arias *et al.*, 2012; Tasma dan Arumsari, 2013). Tujuan penelitian ini adalah untuk menetapkan keragaman genetik dan struktur populasi 27 aksesori kelapa sawit asal Angola.

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium *Genomic and Transcriptomic, Plant Production and Biotechnology Division*, PT SMART Tbk, Bogor pada bulan Mei 2013 sampai dengan dengan Februari 2014. Sampel daun diambil dari kebun percobaan kelapa sawit di Siak, Riau.

Bahan tanaman yang digunakan adalah daun muda kelapa sawit asal Angola yang telah ditanam di kebun percobaan di Riau, Sumatera yang terdiri dari 136 tanaman atau individu palma dengan total 27 aksesori (Tabel 1). Isolasi DNA genom dilakukan menggunakan kit *Nucleospin Plant II™* sesuai instruksi kerja. Tingkat kemurnian DNA divisualisasi menggunakan elektroforesis horisontal pada gel agarosa. Kuantifikasi DNA hasil isolasi dilakukan dengan spektrofotometer Nanodrop 2000C (*Thermo Scientific*). Pengenceran DNA menggunakan bufer TE 1X untuk mendapatkan konsentrasi standar 20 ng μL^{-1} sebagai larutan DNA kerja.

Lokus-lokus mikrosatelit di amplifikasi di dalam 100 sumur *Veriti Thermal Cycler* (Applied Biosystem) menggunakan 20 pasang primer spesifik mikrosatelit yang diseleksi dari daftar primer yang telah dipublikasikan oleh Billotte *et al.* (2005). Volume total reaksi PCR sebanyak 15 μL . Seluruh primer dioptimasi pada aksesori-aksesori asal Angola untuk mendapatkan suhu *annealing* terbaik. Elektroforesis menggunakan sistem QIAxcel dan skoring pita-pita SSR dilakukan pada matriks *excel*.

Pita-pita SSR yang teramplifikasi diskor sebagai data biner, genotipik dan kodominan berdasarkan besar kecilnya ukuran pita dari seluruh alel yang ditemukan setiap lokus. Polimorfisme genetik untuk individu-individu di dalam populasi dihitung dengan melihat parameter keragaman genetik diantaranya rata-rata jumlah alel (Na), jumlah alel

Tabel 1. Jumlah aksesori dan total jumlah tanaman yang digunakan dalam penelitian

Asal Provinsi	Distribusi spasial	Jumlah aksesori	Total jumlah individu
Cabinda	Barat Laut	2	10
Bengo	Barat	3	15
Uige	Utara	6	30
Kwanza Norte dan Kwanza Sul	Tengah	12	61
Benguela	Selatan	4	20

Keterangan: aksesori = nomor koleksi yang menunjukkan nomor pohon induk tetua betina individu-individu kelapa sawit koleksi hasil eksplorasi

dengan frekuensi $\geq 5\%$ ($Na\ freq. \geq 5\%$), jumlah alel khusus ($Na\ freq. < 5\%$ alleles), heterozigositas harapan (He), heterozigositas pengamatan (Ho), heterozigositas tidak bias (uHe) (Nei, 1978). Analisis dilakukan menggunakan perangkat lunak GenAEx versi 6.5 (Peakall dan Smouse, 2006). Analisis polimorfisme dilakukan dengan menghitung nilai *polymorphic information content* (PIC) menggunakan perangkat lunak Power Marker V3.15 (Liu dan Muse, 2005).

PCoA dilakukan menggunakan perangkat lunak GenAEx versi 6.5 (Peakall dan Smouse, 2006). PCoA dianalisis dengan menghitung nilai akar ciri kemudian mengelompokkan individu-individu pada dua koordinat utama. *Analysis of Molecular Variance* (AMOVA) mampu merepresentasikan perbandingan antara keragaman genetik antar individu di dalam daerah distribusi spasial, antar individu dalam daerah distribusi spasial terhadap total populasi dan keragaman antar daerah distribusi spasial yang diuji. AMOVA dilakukan menggunakan perangkat lunak GenAEx versi 6.5 (Peakall dan Smouse, 2006). Pengelompokan aksesori berdasarkan 5 daerah distribusi spasial asal Angola dianalisis menggunakan perangkat lunak DARwin 6.08 dengan metode *Unrooted Neighbour-Joining* (Perrier dan Jacquemoud-Colled, 2010) pada bootsrap 1000.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Parameter Keragaman Alelik berdasarkan 20 Lokus Mikrosatelit

Keseluruhan primer mikrosatelit yang diuji menghasilkan pita polimorfik dengan total jumlah alel sebanyak 102. Rata-rata jumlah alel tiap lokus sebanyak 5.1 alel. Jumlah alel $\geq 5\%$ sebanyak 72 alel (71%) dengan rata-rata jumlah alel per lokus sebanyak 3.6. Alel spesifik pada populasi yang diuji sebanyak 30%, rata-rata jumlah alel efektif sebesar 2.86, rata-rata nilai heterozigositas harapan sebesar 0.6 dan rata-rata nilai *polymorphic information content* (PIC) sebesar 0.55 (Tabel 2).

Penelitian tentang keragaman genetik aksesori plasma nutfah asal Afrika diantaranya Arias *et al.* (2012) pada aksesori

Tabel 2. Total dan rata-rata parameter keragaman alelik berdasarkan 20 lokus mikrosatelit

Parameter keragaman	Total	Rata-rata
Na	102	5.10
Na Freq. $\geq 5\%$	72 (71%)	3.60
Na Freq. $< 5\%$	30 (29%)	1.50
Ne		2.86
He		0.60
PIC		0.55

Keterangan: Na: jumlah alel, Na Freq. $\geq 5\%$: jumlah alel dengan frekuensi $\geq 5\%$, Na Freq. $< 5\%$: jumlah alel khusus, Ne: jumlah alel efektif, He: heterozigositas harapan, PIC: *polymorphic information content*

asal Kamerun menghasilkan rata-rata jumlah alel 7.5 dan Wening *et al.* (2012) pada aksesori asal Ghana menghasilkan rata-rata jumlah alel sebanyak 9.9 alel. Kedua penelitian tersebut menghasilkan jumlah alel yang lebih banyak dibandingkan dengan jumlah alel pada penelitian ini.

Jumlah alel pada populasi kelapa sawit asal Angola lebih rendah dibandingkan dengan jumlah alel pada beberapa negara pusat penyebaran lainnya seperti Kamerun dan Ghana. Hal ini dapat disebabkan oleh lokasi Angola yang berada di paling Selatan daerah pusat penyebaran kelapa sawit sehingga pertukaran alel lebih sedikit terjadi. Pola penyebaran alel pada negara-negara asal kelapa sawit berdasarkan penelitian Zulkifli *et al.* (2012) menunjukkan bahwa kemungkinan pusat penyebaran kelapa sawit terletak di daerah sekitar Nigeria. Di negara tersebut jumlah alel paling banyak dimiliki dibandingkan dengan jumlah alel negara asal lainnya.

Nilai PIC menggambarkan tingkat informatif lokus-lokus yang digunakan untuk menganalisis tingkat keragaman alel-alelnya. Nilai PIC diklasifikasikan menjadi tiga kelas, yaitu $PIC > 0.5$ sebagai sangat informatif, $0.25 < PIC < 0.5$ sebagai moderat informatif dan $PIC < 0.25$ sebagai kurang informatif (Botstein, 1980). Rata-rata nilai PIC 0.55 menunjukkan bahwa sebagian besar lokus yang digunakan sangat mampu menerangkan keragaman genetik pada populasi kelapa sawit asal Angola. Nilai PIC 0.55 pada analisis ini lebih rendah dibandingkan dengan Ajambang *et al.* (2012) sebesar 0.60 yang menganalisis plasma nutfah asal Kamerun.

Parameter Keragaman Genetik Masing-masing Lokus Mikrosatelit

Hasil analisis menunjukkan bahwa jumlah alel setiap lokus berkisar antara 2-11 alel. Lokus mEgCIR2144 menghasilkan jumlah alel paling sedikit (2 alel) sedangkan lokus mEgCIR2569 menghasilkan jumlah alel paling banyak, yaitu 11 alel. Jumlah alel efektif berada pada kisaran 1.24 sampai 4.25, nilai heterozigositas teramati antara 0.13 sampai 0.85, heterozigositas harapan berkisar antara 0.20 sampai 0.76, heterozigositas tidak bias berada pada kisaran nilai 0.20 sampai 0.76 dan nilai polimorfisme tiap lokus berada diantara 0.18 sampai 0.72 dari nilai paling tinggi 1.0 (Tabel 3). Nilai polimorfisme antar lokus ini secara umum lebih rendah dibandingkan dengan Arias *et al.* (2012) yang berkisar antara 0.16 sampai 0.87 pada plasma nutfah asal Kamerun.

Keragaman Genetik berdasarkan Lima Daerah Distribusi Spasial

Berdasarkan lima daerah distribusi spasial, rata-rata jumlah alel terbanyak pada Angola bagian Tengah sebesar 4.75 dan paling sedikit terdapat pada Angola bagian Barat Laut yaitu 3.35 alel. Demikian juga untuk nilai PIC dan He. PIC pada Angola bagian Tengah sebesar 0.55 dan 0.45 untuk Angola bagian Barat Laut. Nilai heterozigositas harapan pada Angola bagian Tengah sebesar 0.60 sedangkan di Angola bagian Barat Laut 0.53. Angola bagian Tengah merupakan

Tabel 3. Nilai beberapa parameter keragaman pada 20 lokus mikrosatelit

Lokus	Na	Ne	Ho	He	uHe	PIC
mEgCIR3574	6	4.01	0.63	0.75	0.75	0.71
mEgCIR0059	4	2.97	0.51	0.66	0.67	0.61
mEgCIR3869	5	3.99	0.66	0.75	0.75	0.71
mEgCIR2387	3	2.98	0.48	0.66	0.67	0.59
mEgCIR3639	4	2.71	0.26	0.63	0.63	0.57
mEgCIR2518	5	3.82	0.62	0.74	0.74	0.70
mEgCIR3519	5	2.67	0.54	0.63	0.63	0.56
mEgCIR0878	4	2.73	0.85	0.63	0.64	0.56
mEgCIR3808	4	1.79	0.26	0.44	0.44	0.41
mEgCIR0521	6	4.25	0.67	0.76	0.77	0.73
mEgCIR2893	4	2.69	0.33	0.63	0.63	0.55
mEgCIR3886	8	4.10	0.46	0.76	0.76	0.72
mEgCIR2427	4	2.90	0.68	0.66	0.66	0.60
mEgCIR2569	11	3.16	0.45	0.68	0.69	0.64
mEgCIR3683	7	3.08	0.32	0.68	0.68	0.62
mEgCIR3428	5	1.68	0.40	0.40	0.41	0.38
mEgCIR3300	6	1.80	0.22	0.44	0.45	0.42
mEgCIR2144	2	1.24	0.13	0.20	0.20	0.18
mEgCIR3399	4	1.25	0.16	0.20	0.20	0.19
mEgCIR3569	5	3.34	0.50	0.70	0.70	0.65

Keterangan: Na: jumlah alel, Ne: jumlah alel efektif, Ho: heterozigositas pengamatan, He: heterozigositas harapan, uHe: heterozigositas tidak bias, PIC: *polymorphic information content*

daerah yang memiliki seluruh parameter keragaman tertinggi dan sebaliknya Angola bagian Barat Laut memiliki seluruh parameter keragaman dengan proporsi paling rendah. Hal ini dapat disebabkan oleh banyaknya jumlah individu yang dianalisis pada Angola bagian Tengah dan terlalu sedikitnya jumlah individu yang dianalisis pada Angola bagian Barat Laut.

Nilai rata-rata heterozigositas harapan Angola sebesar 0.6. Nilai ini lebih rendah dibandingkan dengan rata-rata heterozigositas harapan (He) populasi plasma nutfah kelapa sawit asal Kamerun (0.65) (Ajambang *et al.*, 2012; Arias, *et al.*, 2012). Akan tetapi He populasi asal Angola lebih tinggi jika dibandingkan dengan populasi plasma nutfah kelapa sawit asal Ghana dengan He sekitar 0.47 (Wening *et al.*, 2011) dari selang nilai heterozigositas antara 0 sampai 1. Hasil Uji F statistik AMOVA menunjukkan sangat signifikan. Persentase variasi antar individu menunjukkan nilai yang tinggi sebesar 75%, persentase variasi antar individu di dalam daerah distribusi spasial terhadap seluruh populasi sebesar 21% dan persentase variasi antar daerah distribusi spasial sebesar 4%. Demikian juga Uji F statistik melalui AMOVA antar aksesori juga menunjukkan nilai yang sangat signifikan. Nilai variasi molekuler antar aksesori (12% atau $F_{st} = 0.12$) juga menunjukkan nilai yang lebih rendah dibandingkan dengan persentase variasi molekuler antar individu di dalam aksesinya (13%, nilai $F_{is} = 0.143$)

dan juga variasi molekuler seluruh individu dalam populasi (75%, nilai $F_{it} = 0.245$).

GenAlEx versi 6.5 memungkinkan untuk menganalisis perbedaan genetik antar daerah distribusi spasial berdasarkan Nei (1978). Nilai koefisien perbedaan genetik (G_{st}) antar lima daerah distribusi spasial cukup rendah yang menunjukkan tingginya nilai koefisien persamaan genetik antar individu di dalam masing-masing daerah. Nilai koefisien perbedaan genetik antar daerah distribusi spasial berkisar antara 0.01 sampai 0.10 dari nilai paling tinggi 1.0 (Tabel 4).

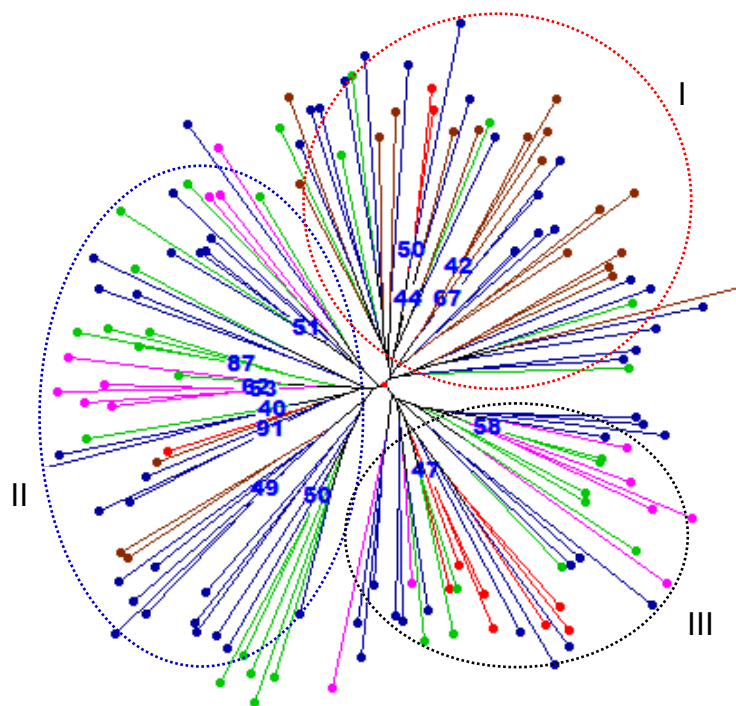
Pengelompokan individu berdasarkan daerah distribusi spasial menggunakan metode *Unrooted Neighbor-Joining* menunjukkan bahwa individu tidak mengelompok berdasarkan daerah. Terdapat tiga kelompok berisi percampuran dari 5 daerah distribusi spasial (Gambar 1).

PCoA memetakan individu-individu berdasarkan dua koordinat utama pada kuadran I, II, III, dan IV. Analisis ini menunjukkan bahwa sebagian besar individu yang berasal dari Angola bagian Selatan mengelompok pada kuadran I dan IV (sumbu X positif). Namun demikian beberapa individu yang berasal dari Angola bagian Selatan terpecah pada kuadran yang lain. Sebagian besar individu yang berasal dari Angola bagian Barat cenderung mengelompok pada kuadran III dan IV (Gambar 2).

Individu yang berasal dari Angola bagian Barat Laut, Utara dan Tengah tidak mengelompok pada PCoA

Tabel 4. Matriks koefisien perbedaan genetik (*Gst*) (bawah diagonal) dan jarak geografis (km) (atas diagonal) antar lima daerah berdasarkan distribusi spasial di Angola

Distribusi spasial	Barat Laut	Barat	Utara	Tengah	Selatan
Barat Laut	-	1258	476-518	1177-1416	1760
Barat	0.09	-	326-354	116-321	578
Utara	0.07	0.03	-	281-476	737-800
Tengah	0.05	0.03	0.01	-	460-641
Selatan	0.10	0.09	0.06	0.05	-



Nomor aksesori berdasarkan 5 daerah distribusi spasial kelapa sawit asal Angola:

Merah (Barat Laut) : A001, A003

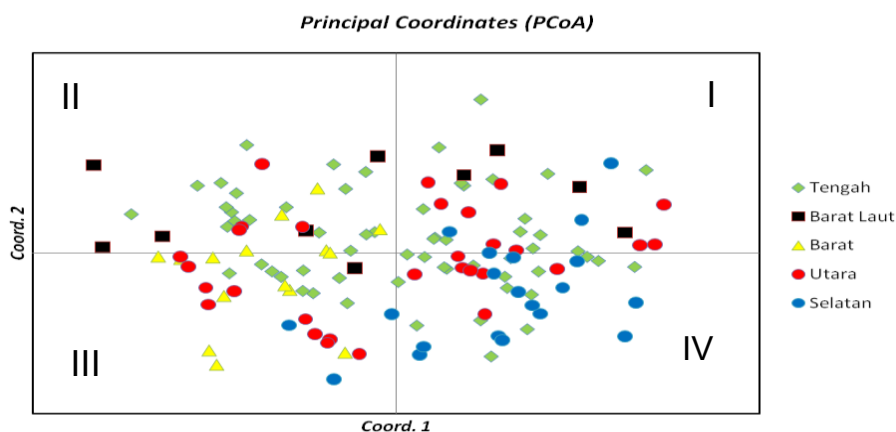
Pink (Barat) : A021, A023, A028

Hijau (Utara) : A034, A035, A037, A038, A040, A043

Biru (Tengah) : A047, A049, A054, A058, A074, A077, A089, A092, A103, A106, A118, A121

Coklat (Selatan) : A109, A110, A114, A117

Gambar 1. Pohon filogenetik *Unrooted Neighbor-Joining* berasal dari *dissimilarity matrix* plasma nutfah kelapa sawit asal Angola berdasarkan 20 marka mikrosatelit menggunakan software DARwin 6.0.8. Individu diidentifikasi sebagai garis dan daerah distribusi spasial diwakili oleh warna garis tersebut



Gambar 2. Posisi relatif 136 individu kelapa sawit plasma nutfah asal Angola yang dipetakan pada kedua sumbu koordinat utama

dan cenderung menyebar pada keempat sumbu koordinat. Kondisi lingkungan yang heterogen pada masing-masing daerah, dimana tiap daerah memiliki kisaran ketinggian tempat, suhu dan kondisi geografis yang heterogen mengakibatkan individu tidak mengelompok berdasarkan distribusi spasial. Hasil ini sesuai dengan Ajambang *et al.* (2012) dan Arias *et al.* (2012) pada analisis keragaman genetik aksesori plasma nutfah asal Kamerun.

Analisis pengelompokan baik berdasarkan *Neighbor-Joining* maupun PCoA tidak menunjukkan pengelompokan individu berdasarkan daerah distribusi spasial dari aksesori-aksesori yang dikoleksi. Hal ini mengindikasikan tingginya pertukaran genetik terutama disebabkan oleh penyebaran biji.

KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil mengidentifikasi tingginya tingkat keragaman genetik individu-individu plasma nutfah kelapa sawit asal Angola. Persentase lokus polimorfik sebesar 100% dan nilai PIC sebesar 0.55 pada 136 individu plasma nutfah kelapa sawit asal Angola. Keragaman genetik berdasarkan lokus yang dianalisis menunjukkan individu cenderung tersebar pada analisis kluster. Pengelompokan individu tidak berdasarkan pada daerah distribusi spasial. Penyebaran individu tersebut menunjukkan terdapatnya satu struktur populasi yang tidak dibatasi oleh daerah dimana aksesori dikoleksi dan mengindikasikan tingginya pertukaran genetik antar individu pada saat persilangan dan juga dapat didukung oleh migrasi materi genetik melalui persebaran biji.

DAFTAR PUSTAKA

- Ajambang, W., Sudarsono, D. Asmono, N. Toruan. 2012. Microsatellite markers reveal Cameroon's wild oil palm population as a possible solution to broaden the genetic base in the Indonesia-Malaysia oil palm breeding programs. *Afr. J. Biotechnol.* 11:13244-13249.
- Arias, D., C. Montoya, H. Romero. 2012. Molecular characterization of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) materials from Cameroon. *Plant. Genet. Res.* 11:1-9.
- Bakoume, C., M. Galdima, F.F. Tengoua. 2010. Experimental modification of reciprocal recurrent selection in oil palm breeding in Cameroon. *Euphytica* 171:235-240.
- Benor, S., M. Zhang, Z. Wang, H. Zhang. 2008. Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) inbred lines using SSR molecular markers. *J. Genet. Genomics* 35:373-379.
- Billotte, N., M.F. Jourjon, N. Marseillac, A. Berger, A. Flori, H. Asmady, B. Adon, R. Singh, B. Nouy, F. Potier, S.C. Cheah, W. Rohde, E. Ritter, B. Courtois, A. Charrier, B. Mangin. 2010. QTL detection by multi-parent linkage mapping in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor. Appl. Genet.* 120:1673-1687.
- Billotte, N., N. Marseillac, A.M. Risterucci, B. Adon, P. Brottier, F.C. Baurens, R. Singh, A. Herran, H. Asmady, C. Billot, P. Amblard, T. Durand-Gasselin, B. Courtois, D. Asmono, S.C. Cheah, W. Rohde, A. Charrier. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor. Appl. Genet.* 110:754-765.
- Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick, R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Corley, R.H.V., P.B. Tinker. 2003. *The Oil Palm 4th Edition*. Blackwell Science Ltd. Garsington Road, Oxford, UK.
- Fofana, I.J., D. Ofori, M. Poitel, D. Verhaegen. 2009. Diversity and genetic structure of teak (*Tectona grandis* L.f) in its natural range using DNA microsatellite markers. *New Forests* 37:175-195.
- Indonesian Sustainable Palm Oil Commission. 2012. Indonesian Palm Oil Statistics 2012. Ministry of Agriculture, Jakarta Selatan, Indonesia.
- Li, Y.C., A.B. Korol, T. Fahima, A. Beiles, E. Nevo. 2002. Microsatellite: genomic distribution, putative and mutational mechanisms: a review. *Mol. Ecol.* 11:2453-2465.
- Liu, K.S.V., S.V. Muse. 2005. Power Marker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21:2128-2137.
- Marhalil, M., M.Y. Raffi, M.M.A. Afizi, I.W. Arolu, A. Noh, A.M. Din, A. Kushairi, A. Norziha, N. Rajanaidu, M.A. Latif, M.A. Malek. 2013. Genetic variability in yield and vegetative traits in elite germplasm of MPOB-Nigerian *dura* x AVROS *pisifera* progenies. *JFAE.* 11:515-519.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583-590.
- Pande, G., C.C. Akoh, O. Lai. 2012. Food uses of palm oil and its component. p. 561-586. *In* O. Lai, C. Tan, C.C. Akoh (Eds.) *Palm Oil Production, Processing, Characterization, and Uses*. AOCS Press, Urbana, USA.
- Peakall, R., P.E. Smouse. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes* 6:288-295.

- Perrier, X., J.P. Jacquemoud-Colled. 2010. DARwin dissimilarity analysis and representation for Windows Version 6. CIRAD-BIOS Department, Montpellier, France.
- Singh, R., N.M. Zaki, N.C. Ting, R. Rosli, S.G. Tan, E.T.L. Low, M. Ithnin, S.C. Cheah. 2008. Exploiting an oil palm EST the development of gene-derived and their exploitation for assessment of genetic diversity. *Biologia* 63:227-235.
- Susanto, U., H. Aswidinnoor, J. Koswara, A. Setiawan, V. Lopena, L. Torizo, V.S. Parminder. 2008. QTL mapping of yield, yield components, and morphological traits in rice (*Oryza sativa* L.) using SSR marker. *Bul. Agron.* 36:188-195.
- Tasma, I.M., A. Warsun, D. Satyawan, Syafaruddin, B. Martono. 2013. Analisis kekerabatan 50 aksesi kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) asal Kamerun berdasarkan marka mikrosatelit. *J. AgroBiogen* 9:19-27.
- Tasma, I.M., S. Arumsari. 2013. Analisis diversitas genetik aksesi kelapa sawit Kamerun berdasarkan marka SSR. *J. Littri* 19:194-202.
- Vigouroux, Y., S. Mitchell, Y. Matsuoka, M. Hamblin, S. Kresovich, J.S.C. Smith, J. Jaqueth, O.S. Smith, J. Doebley. 2005. An analysis of genetic diversity across the maize genome using microsatellites. *Genetics* 169:1617-1630.
- Wening, S., A.E. Croxford, C.S. Ford, W.T.B. Thomas, B.P. Forster, G. Okyere-Boateng, S.P.C. Nelson, P.D.S. Caligari, M.J. Wilkinson. 2012. Ranking the value of germplasm: new oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) breeding stocks as a case study. *Ann. Appl. Biol.* 160:145-156.
- Zaki, N.M., R. Singh, R. Rosli, I. Ismail. 2012. *Elaeis oleifera* genomic-SSR markers: exploitation in oil palm germplasm diversity and cross-amplification in Areaceae. *Int. J. Mol. Sci.* 13:4069-4088.
- Zaki, N.M., I. Ismail, R. Rosli, T.N. Chin, R. Singh. 2010. Development and characterization of *Elaeis oleifera* microsatellite markers. *Sains Malays.* 39:909-912.
- Zulkifli, Y., M. Ithnin, R. Singh. 2012. Evaluation of MPOB oil palm (*Elaeis guineensis*) germplasm populations using EST-SSR. *J. Oil Palm Res.* 24:1368-1377.