

ANALISIS DIVERSITAS GENETIK AKSESI KELAPA SAWIT KAMERUN BERDASARKAN MARKA SSR

Genetic Diversity Analysis of The Cameroon-Originated Oil Palm Accessions Assessed With SSR Markers

I MADE TASMA¹⁾ dan SEKAR ARUMSARI²⁾

¹⁾Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian
Jalan Tentara Pelajar 3A Bogor 16111

²⁾Mahasiswa Departemen Biokimia, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Dramaga Gedung Fapet Lantai 5,
Jalan Agatis Bogor 16680

e-mail: tasma12@yahoo.com

(Diterima Tgl. 16-9-2013 - Disetujui Tgl. 28-10-2013)

ABSTRAK

Diversitas genetik aksesi kelapa sawit Indonesia saat ini sangat rendah. Dalam usaha meningkatkan keragaman genetik telah dilakukan eksplorasi plasma nutfah di pusat keragaman genetik kelapa sawit di Kamerun. Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui diversitas genetik dan tingkat polimorfisme berdasarkan marka SSR aksesi-aksesi kelapa sawit Kamerun. Bahan tanaman yang digunakan 49 aksesi kelapa sawit Kamerun, Afrika yang ditanam di Kebun Sumber Daya Genetik (SDG) Sawit Sijunjung, Sumatera Barat. DNA genomik diisolasi dari tiap individu aksesi menggunakan protokol isolasi DNA untuk tanaman bergetah. DNA dianalisis menggunakan 20 marka SSR. Dendrogram kekerabatan dikonstruksi menggunakan metode *Unweighted Pair Group Method Arithmetic* (UPGMA) melalui *software* NTSYS-pc (*Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*) versi 2.1-pc. Hasil penelitian menunjukkan nilai *polimorfisme information content* (PIC) marka SSR tinggi sebesar 0,80 (berkisar 0,63-0,91). Jumlah alel yang terdeteksi per marka SSR berkisar antara 4-15 alel per lokus SSR (rata-rata 8,75). Analisis filogenetik 49 aksesi menghasilkan diversitas genetik 12,5-54,72% (kemiripan genetik 55,28-87,50%). Pada diversitas genetik 54,72%, aksesi Kamerun terbagi menjadi tujuh kelompok masing-masing terdiri dari 9, 28, 4, 2, 1, 2, dan 3 aksesi. Aksesi dengan diversitas genetik tinggi dan berada pada klaster berbeda, potensial digunakan sebagai calon tetua dalam program pemuliaan kelapa sawit.

Kata kunci: *Elaeis guineensis* Jacq., diversitas genetik, plasma nutfah, marka SSR

ABSTRACT

Genetic diversity of the Indonesian oil palm collection is very low. To improve their genetic variability, exploration from the oil palm center of origins has been done in Kamerun. The objectives of this study were to determine genetic and polymorphism level of the SSR markers Cameroon-originated oil palm accessions. Genetic materials used were 49 Cameroon-originated oil palm accessions collected at Sijunjung Oil Palm Germplasm Collection Station, West Sumatera. Genomic DNA was isolated using a protocol for isolating DNA from leaves rich with latex. DNA was analyzed using 20 SSR markers. A dendrogram was constructed using the Unweighted Pair Group Method Arithmetic (UPGMA) method through the Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System software (NTSYS-pc) version 2.1-pc. Results showed that the polymorfisme information content (PIC) values of the SSR markers used was high, 0.80 (range from 0.63-0.91). The average number of the SSR alleles detected was also high, 8.75 alleles (range from 4-15 alleles per SSR locus). Phylogenetic analysis of the 49 oil palm accessions resulted genetic

diversity of 12.5-54.72% (genetic similarity of 55.28-87.50%). At genetic diversity 54.72%, the 49 accessions were divided into seven clusters, each consisted of 9, 28, 4, 2, 1, 2, and 3 accessions, respectively. Accessions with high genetic diversity and located at different clusters may be useful as parent candidates in the future oil palm breeding programs.

Key words: *Elaeis guineensis* Jacq., genetic diversity, germplasm, SSR markers

PENDAHULUAN

Kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) merupakan salah satu komoditas unggulan nasional karena kontribusinya yang besar terhadap perekonomian Indonesia. Saat ini, Indonesia merupakan negara penghasil minyak sawit terbesar di dunia. Produksi minyak sawit Indonesia meningkat dari 13,9 juta ton pada tahun 2009 menjadi 14,3 juta ton pada tahun 2011 (BPS, 2012).

Kelapa sawit berasal dari daerah yang terletak di antara Guinea dan Angola di Afrika Barat (RIVAL *et al.*, 1998). Tanaman kelapa sawit diintroduksi di Indonesia pada tahun 1848. Sebanyak empat bibit kelapa sawit ditanam di Kebun Raya Bogor. Dari keempat bibit tersebut, dua bibit ditanam oleh Bourbon atau Mauritius pada Februari 1848 dan dua bibit yang lain diperoleh dari Amsterdam pada Maret 1848 (PAMIN, 1998). Saat ini, kelapa sawit sudah berkembang pesat, khususnya di Indonesia dan Malaysia. Secara bersamaan, saat ini Indonesia dan Malaysia menguasai lebih dari 95% produksi kelapa sawit di dunia (BAKAR, 2003).

Tanaman kelapa sawit termasuk dalam famili Arecaceae, subfamili Coccoideae, tribe Coccoineae, dan genus *Elaeis*. Genus *Elaeis* terdiri dari dua spesies yaitu *E. guineensis* Jacq. yang dikenal sebagai kelapa sawit dari Afrika dan *E. oleifera* Cortez yang dikenal juga dengan kelapa sawit asal Amerika Latin (HARTLEY, 1988; RIVAL *et al.*, 1998; PAMIN, 1998; ZAKI *et al.*, 2012). Kelapa sawit merupakan tanaman monokotil menyerbuk silang dengan

genom diploid mempunyai 16 pasang kromosom ($2n = 2x = 32$). Ukuran genom sawit yang diestimasi berdasarkan teknik *flow cytometry* adalah sebesar 3,79 pico gram/2C setara dengan sekitar $1,8 \times 10^9$ pasang basa (RIVAL *et al.*, 1997).

Di alam, tanaman kelapa sawit diklasifikasikan menjadi tiga tipe varietas (Dura, Pisifera, dan Tenera) berdasarkan ketebalan cangkang pada buahnya (TORUAN-MATHIUS *et al.*, 1997; ZAKI *et al.*, 2012). Karakter ketebalan cangkang pada buah kelapa sawit dikendalikan oleh gen tunggal yang dikenal dengan gen *Sh* (*shell*). Kelapa sawit tipe Dura memiliki genotipe homosisot dominan $Sh+/Sh+$ dan buahnya bercangkang tebal (2-8 mm). Kelapa sawit tipe Pisifera memiliki genotipe homosisot resesif ($Sh-/Sh-$) dan tidak memiliki cangkang pada buahnya. Sementara itu, kelapa sawit tipe Tenera memiliki genotipe heterosisot ($Sh+/Sh-$) dengan ketebalan cangkang buah medium (HARTLEY, 1988; BILLOTE *et al.*, 2001).

Tipe Tenera adalah jenis hibrida hasil persilangan dari tipe Dura (buah dengan cangkang tebal) dan tipe Pisifera (buah tanpa cangkang). Kelapa sawit tipe Pisifera memiliki kelamin betina steril sehingga di dalam program pemuliaan kelapa sawit tipe Pisifera ini umumnya hanya digunakan sebagai sumber bunga jantan untuk membuat varietas hibrida (D x P) (TORUAN-MATHIUS *et al.*, 1997).

Plasma nutfah sawit di Indonesia umumnya terdiri dari Dura dan Pisifera. Sebagian besar benih kelapa sawit yang beredar di Indonesia berasal dari plasma nutfah Dura, dengan introduksi terbatas populasi Dura dari Afrika. Plasma nutfah kelapa sawit umumnya berada dalam bentuk persilangan grup dura (D x D) maupun grup Tenera/Pisifera (T x T/P). Materi genetik ini oleh pemulia kelapa sawit dijadikan sebagai populasi dasar dalam proses seleksi untuk menghasilkan hibrida D x P. *E. oleifera*, kerabat liar dari kelapa sawit komersial *E. guineensis*, juga termasuk ke dalam kelompok plasma nutfah kelapa sawit (HARTLEY, 1988; PAMIN, 1998; ZAKI *et al.*, 2012).

Pada tahun 2009, konsorsium perusahaan kelapa sawit nasional, yang terdiri dari 13 perusahaan, melakukan eksplorasi kelapa sawit ke negara Kamerun, Afrika. Delegasi eksplorasi terdiri dari para pemulia anggota konsorsium. Dari hasil eksplorasi diperoleh 103 aksesori yang terdiri dari 90 aksesori Dura dan 13 aksesori Tenera (TASMA *et al.*, 2010; RAZAK PURBA, komunikasi pribadi).

Pada proses pemuliaan maupun studi genetik tanaman, marka molekuler sangat efisien untuk menganalisis kekerabatan, pemetaan gen, dan *marker-assisted selection* (MAS) (FENG *et al.*, 2009; TASMA *et al.*, 2010). Marka *Simple Sequence Repeats* (SSR) saat ini masih merupakan marka yang paling populer digunakan dalam studi genetik dan pemuliaan karena berbagai keunggulannya, di antaranya lokasinya yang menyebar di seluruh genom

tanaman, multi alelik, dan mudah diamplifikasi dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) (POWEL *et al.*, 1996; TASMA *et al.*, 2001; TASMA *et al.*, 2011). Untuk kelapa sawit, saat ini marka SSR merupakan marka yang paling prospektif untuk menganalisis populasi dan mengetahui struktur genetik populasi kelapa sawit (SINGH *et al.*, 2007; SINGH *et al.*, 2008; ZULHERMANA, 2009). Peta genetik kelapa sawit berdasar marka SSR juga telah dikonstruksi (BILLOTTE *et al.*, 2005; BILLOTTE *et al.*, 2010). Marka SSR ini juga telah digunakan secara luas untuk mengkarakterisasi koleksi plasma nutfah kelapa sawit (ZULHERMANA, 2009; TEH *et al.*, 2010; ZAKI *et al.*, 2012).

Informasi hubungan genetik antara individu di dalam dan antar spesies kelapa sawit mempunyai kegunaan penting bagi perbaikan tanaman yang memungkinkan untuk memperoleh sifat-sifat yang menguntungkan (SINGH *et al.*, 2007; HAIRINSYAH, 2010; ZAKI *et al.*, 2012).

Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui diversitas genetik 49 aksesori kelapa sawit Kamerun yang dianalisis menggunakan 20 marka SSR dan, tingkat polimorfisme marka SSR yang diuji pada aksesori-aksesori sawit Kamerun.

BAHAN DAN METODE

Bahan tanaman

Bahan tanaman yang digunakan pada penelitian ini terdiri dari 49 aksesori kelapa sawit asal Kamerun, Afrika. Daftar aksesori yang digunakan pada penelitian ini disajikan pada Tabel 1. Bahan tanaman yang digunakan terdiri dari dua tipe (Dura dan Tenera). Jumlah individu tanaman dari setiap aksesori bervariasi antara 5–81 (Tabel 1). Setiap aksesori diwakili oleh satu individu tanaman anggota aksesori yang dipilih secara acak. Sampel daun muda diambil dari setiap aksesori dan digunakan untuk isolasi DNA genomik.

Isolasi DNA

DNA diisolasi dari tepung daun muda setiap aksesori sawit menggunakan buffer CTAB dengan mengikuti metode MICHIELS *et al.* (2003) yang dimodifikasi. Protokol ini didesain khusus untuk mengisolasi DNA untuk tanaman bergetah. Urutan kerja lengkap dari isolasi DNA genomik ini telah dilaporkan sebelumnya oleh SATYAWAN dan TASMA (2011). DNA hasil isolasi dilarutkan dalam 50 μ L bufer TE (10 mM Tris pH 8 dan 1 mM EDTA pH 7,5). Konsentrasi DNA diukur dengan spektrofotometer nanodrop (THERMO SCIENTIFIC, USA). Pita DNA genomik yang dihasilkan di elektroforesis menggunakan 0,8% gel agarose (SAMBROOK *et al.*, 1989).

Tabel 1. Aksesori kelapa sawit asal Kamerun di Kebun SDG Kelapa Sawit Sijunjung, Sumatera Barat
 Table 1. *The Cameroon-originated oil palm accessions planted at the Sijunjung Oil Palm Germplasm Collection Station, West Sumatera*

Aksesori ^a <i>Accessions</i>	Jumlah tanaman/aksesori <i>Plant number/accession</i>	Jenis koleksi <i>Collection type</i>
C14	42	Dura
C15	22	Dura
C16	16	Tenera
C17	44	Dura
C57	28	Dura
C58	30	Dura
C59	39	Dura
C60	13	Dura
C62	28	Dura
C63	14	Dura
C64	3	Dura
C65	12	Dura
C66	19	Dura
C67	28	Dura
C68	25	Dura
C70	33	Dura
C71	32	Dura
C72	30	Dura
C73	24	Tenera
C74	27	Tenera
C75	18	Tenera
C76	23	Dura
C77	25	Dura
C78	35	Dura
C79	30	Dura
C80	23	Dura
C81	26	Dura
C82	16	Tenera
C83	17	Dura
C84	35	Dura
C85	36	Dura
C86	62	Dura
C87	32	Dura
C88	32	Dura
C89	36	Dura
C90	46	Dura
C91	43	Dura
C92	13	Dura
C93	26	Dura
C94	24	Dura
C95	31	Dura
C96	64	Dura
C97	63	Dura
C98	53	Dura
C99	111	Dura
C100	46	Dura
C101	6	Dura
C102	57	Tenera
C103	64	Tenera

Keterangan: ^aEmpat bibit aksesori C38, C40, C61, dan C69 tidak dikoleksi di Kebun SDG Kelapa Sawit Sijunjung, Sumatera Barat
 Note : ^aFour accessions seedlings (C38, C40, C61, and C69) are not available at the Sijunjung Oil Palm Collection Station, West Sumatera.

PCR, Elektroforesis, dan Penyekoran Pita DNA

Amplifikasi PCR sampel DNA 49 aksesori sawit dilakukan menggunakan taq polymerase RBC (RBC INC., Canada). Marka SSR yang digunakan adalah marka SSR yang dihasilkan dari skrining marka SSR pada penelitian sebelumnya dan telah teruji untuk uji kekerabatan kelapa sawit (BILLOTTE *et al.*, 2010). Marka SSR yang digunakan pada penelitian ini belum ada yang berasosiasi secara langsung dengan karakter penting kelapa sawit.

Karakteristik dan sekuen primer SSR yang digunakan pada penelitian ini seperti terlihat pada Tabel 2. Karena temperatur penempelan primer (*annealing temperature*) dari 20 pasangan primer SSR berbeda, maka dalam penelitian ini menggunakan dua program PCR yaitu program *touchdown* (TD) 60-50 dan 55-45°C. Tahapan amplifikasi dan program PCR yang digunakan telah dilaporkan sebelumnya (ARUMSARI, 2012).

Tabel 2. Nama primer, lokasinya pada kromosom, temperature penempelan (Tm), dan sekuen dari primer SSR yang digunakan untuk amplifikasi DNA 49 aksesori kelapa sawit

Table 2. *Primer name, their location in oil palm genome, melting temperature (Tm) of the SSR marker primers used to amplify DNA of the 49 oil palm accessions*

No. Number	Nama Primer Primer name	Kromosom Chromosome	Tm (°C) Melting temperature	Sekuen (5'→3') Sequence (5'→3')
1.	LG 1 3782	1	50	F: 5'-TTTTACAACAACCCAGAGA-3' R: 5'-GTTACCTGAGCTTGTTTATC-3'
2.	LG 2 0800	2	54	F: 5'-GTGGACAATTGAAAGGGAAGT-3' R: 5'-CCAGCTGCCAAATGTTGTAG-3'
3.	LG 3 0882	3	49	F: 5'-TTGATCTTAGACATAAATACTGTA-3' R: 5'-AAAGCGCGTAATCTCATAGT-3'
4.	LG 3 2347	3	49	F: 5'-ATTTTGCATGTGTTGAGAGC-3' R: 5'-CAACCAATTGCACCCTAAAG-3'
5.	LG 4 0059	4	48	F: 5'-TGCAGGGGATGCTTTTATT-3' R: 5'-CCCTTAATTCCTGCCTTATT-3'
6.	LG 5 2813	5	48	F: 5'-CCCACCACCCTAGCTTCTC-3' R: 5'-ACCCCGGTCCAAATAAAAATC-3'
7.	LG 6 0195	6	57	F: 5'-CCCACCACCCTAGCTTCTC-3' R: 5'-ACCCCGGTCCAAATAAAAATC-3'
8.	LG 7 3287	7	53	F: 5'-TTGGTGAGCCATTTGCTACA-3' R: 5'-CCTCCTTCCATTTTCTACT-3'
9.	LG 8 0555	8	48	F: 5'-TACCATCACTGACCAATAAC-3' R: 5'-GTCTTTCTTGCTAACTACAC-3'
10.	LG 9 2188	9	47	F: 5'-CGAAGTTGTTGGACATG-3' R: 5'-TTCCATCACAGGAGATATAG-3'
11.	LG 10 0445	10	55	F: 5'-CCTTATATCGCACGGGTTCC-3' R: 5'-TTCTTGGGGTCTCGCTACGG-3'
12.	LG 11 3755	11	50	F: 5'-GCTCACAAAAAGTGTTAAGTC-3' R: 5'-AGTTTCAACGGCAGGTATAT-3'
13.	LG 11 0878	11	49	F: 5'-CAAAGCAACAAGCTAGCTAGTA-3' R: 5'-CAAGCAACCTCCATTTAGAT-3'
14.	LG 12 3672	12	47	F: 5'-AAAGCCATTCCAGACTAC-3' R: 5'-CTCATAGCCTTTGTTGTGT-3'
15.	LG 13 2569	13	58	F: 5'-TAGCCGCACTCCACGAAGC-3' R: 5'-CCAGAATCATCAGACTCGGACAG-3'
16.	LG 14 2427	14	48	F: 5'-GAAGGGGCATTGGATTT-3' R: 5'-TACCTATTACAGCGAGAGTG-3'
17.	LG 15 3534	15	49	F: 5'-TGAGAAGGAGATGTGAGAT-3' R: 5'-TCTCCTCAAAACCAAGATAC-3'
18.	LG 15 3402	15	49	F: 5'-GGGCTTTCATTTCCACTAT-3' R: 5'-GCTCAACCTCATCCACAC-3'
19.	LG 16 3298	16	50	F: 5'-GACTACCGTATTGCGTTCAG-3' R: 5'-GGTTTTGGTTCGTGGAG-3'
20.	LG 16 0782	16	60	F: 5'-CGTTCATCCCACCACCTTTC-3' R: 5'-GCTGCGAGGCCACTGATAC-3'

DNA hasil amplifikasi kemudian dipisahkan menggunakan 5% *polyacrylamide gel electrophoresis* (PAGE) pada 0,5 x bufer TBE menggunakan Vertical Sesqui Gen GT 38 x 30 dari Bio Rad (BIO RAD, Hercules, California, AS) dan gel kemudian diwarnai menggunakan metode *silver staining* mengikuti protokol standar (SAMBROOK *et al.*, 1989). DNA yang telah dipisahkan diambil gambarnya menggunakan *scanner*. Pita DNA kemudian diskor ada tidaknya pita dan profil DNA diterjemahkan ke dalam data biner.

Analisis Data

Setiap pita SSR dalam gel yang merepresentasikan fragmen DNA dari setiap genotipe tanaman diberi nilai satu ketika pita muncul dan diberi nilai nol ketika pita tidak muncul. Kemiripan genetik antar genotipe dihitung menggunakan metode ROHLF (2000), nilai PIC (*polymorphism information content*) ditentukan menggunakan metode SMITH *et al.* (1997), dan analisis pengelompokan (*cluster analysis*) dilakukan menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Arithmetic*) dari program NTSYS 2.1-pc (ROHLF, 2000).

Tabel 3. Jumlah dan ukuran alel, serta nilai PIC 20 marka SSR pada studi diversitas genetik 49 aksesi kelapa sawit asal Kamerun, Afrika

Table 3. Number and size of allele, and polymorphism information content (PIC) values of the 20 SSR markers on 49 oil palm accessions originated from Cameroon, Afrika

No. <i>Number</i>	Marka SSR <i>SSR marker</i>	Kromosom <i>Chromosome</i>	Jumlah Alel <i>Allele number</i>	Ukuran alel <i>Allele size (bp)</i>	Nilai PIC ^a <i>PIC value</i>
1.	LG 1 3782	1	7	250-290	0,70
2.	LG 2 0800	2	6	220-265	0,63
3.	LG 3 0882	3	6	150-175	0,78
4.	LG 3 2347	3	10	153-177	0,83
5.	LG 4 0059	4	7	150-170	0,83
6.	LG 5 2813	5	6	200-220	0,65
7.	LG 6 0195	6	7	235-300	0,80
8.	LG 7 3287	7	7	275-321	0,81
9.	LG 8 0555	8	8	200-255	0,83
10.	LG 9 2188	9	10	140-175	0,84
11.	LG 10 0445	10	4	230-275	0,65
12.	LG 11 3755	11	10	244-295	0,75
13.	LG 11 0878	11	10	170-200	0,88
14.	LG 12 3672	12	8	169-194	0,84
15.	LG 13 2569	13	7	250-290	0,79
16.	LG 14 2427	14	10	112-152	0,86
17.	LG 15 3534	15	11	200-250	0,91
18.	LG 15 3402	15	14	197-285	0,87
19.	LG 16 3298	16	15	119-162	0,90
20.	LG 16 0782	16	12	158-200	0,84
Rata-rata (kisaran) <i>Average (range)</i>		-	8,75 (4-15)	112-321	0,80 (0,63-0,91)

HASIL DAN PEMBAHASAN

Profil 20 Marka SSR pada 49 Aksesi Kelapa Sawit

Analisis PCR 20 marka SSR menggunakan 49 aksesi kelapa sawit menunjukkan pola pita dengan polimorfisme beragam. Profil marka SSR yang polimorfik hasil amplifikasi pada 49 aksesi kelapa sawit disajikan pada Tabel 3. Marka SSR yang diuji menunjukkan polimorfisme yang tinggi dengan rata-rata nilai *polymorphism information content* (PIC value) 0,80. Rataan jumlah alel yang terdeteksi dari setiap marka SSR hasil amplifikasi pada 49 aksesi sawit sebanyak 8,75 alel per marka SSR. Nilai PIC ini sejalan dengan penelitian sebelumnya dengan nilai PIC di atas 60% dan jumlah alel per locus lebih dari 5 alel per locus SSR (BILLOTE *et al.*, 2001; SINGH *et al.*, 2007). Persentase polimorfisme pada penelitian ini lebih tinggi jika dibandingkan hasil penelitian ZULHERMANA (2009) pada keragaman genetik kelapa sawit Pisifera asal Nigeria, yaitu sebesar 0,68. Nilai PIC ini juga sejalan dengan penelitian sebelumnya pada salah satu tanaman menyerbuk sendiri, yaitu kedelai, dimana marka SSR menunjukkan tingkat polimorfisme di atas 50% (TASMA *et al.*, 2001; TASMA *et al.*, 2011). Nilai PIC dan jumlah alel per locus sangat bergantung dari keragaman aksesi plasma nutfah yang diuji dan karakteristik marka SSR yang digunakan.

Diversitas Genetik 49 Aksesori Kelapa Sawit menggunakan 20 Marka SSR

Uji filogenetik 49 aksesori kelapa sawit dianalisis menggunakan 20 marka SSR menunjukkan tingkat diversitas genetik rendah sampai sedang (Gambar 1). Dibandingkan dengan beberapa penelitian serupa, terdapat perbedaan nilai koefisien kemiripan genetik. Penelitian BANGUN (2002 dalam ZULHERMANA (2009), menunjukkan nilai koefisien kesamaan genetik tanaman kelapa sawit sebesar 62-96%. SETIYO *et al.* (2001) melaporkan koefisien kemiripan genetik aksesori kelapa sawit Sungai Pancur sebesar 36-96%. Koefisien kesamaan genetik pada penelitian ini tidak jauh berbeda dengan hasil penelitian tersebut, yakni berkisar antara 52,28-87,50%.

Dengan tingkat keragaman genetik 44,72% (kemiripan genetik 55,28%) membagi 49 aksesori menjadi tujuh kelompok (Gambar 1 dan Tabel 4). Kelompok I terdiri dari 9 aksesori, kelompok II terdiri dari 28 aksesori, kelompok III terdiri dari 4 aksesori, kelompok IV terdiri dari 2 aksesori, kelompok V terdiri dari 1 aksesori, kelompok VI terdiri dari 2 aksesori, dan kelompok VII terdiri dari 3 aksesori.

Kelompok I pada koefisien kesamaan genetik sebesar 70,8% terdiri dari 9 aksesori. Kelompok I terbagi menjadi dua sub kelompok. Sub kelompok pertama terdiri dari dua aksesori, yaitu C-14 dan C-92. Sub kelompok kedua terdiri dari tujuh aksesori, yaitu C-74, C-78, C-79, C-98, C-100, C-99, dan C-102.

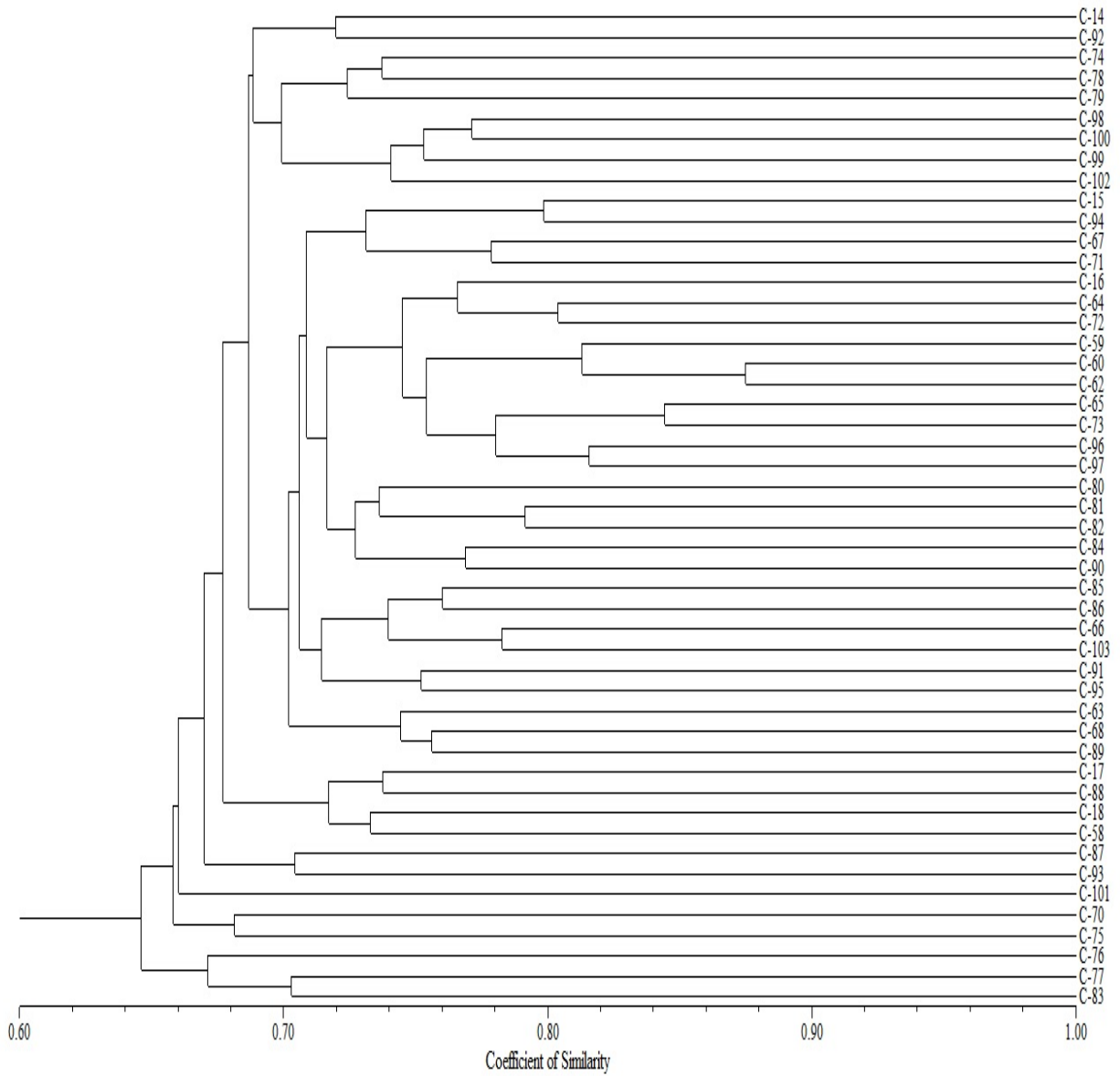
Kelompok II yang terdiri dari 28 aksesori terbagi lagi menjadi dua sub kelompok, yaitu 25 aksesori dan 3 aksesori dengan koefisien kemiripan 68,6%. Sub kelompok pertama yang terdiri dari 25 aksesori dapat dibagi lagi menjadi dua

kelompok, masing-masing terdiri dari 14 dan 9 aksesori, sedangkan sub kelompok kedua terdiri dari tiga aksesori, yaitu C-63, C-68, dan C-89.

Sementara itu, kelompok III terdiri dari empat aksesori yang terbagi menjadi dua sub kelompok dengan koefisien kesamaan genetik sebesar 72,4%. Sub kelompok pertama merupakan aksesori dari C-17 dan C-88. Sub kelompok kedua terdiri dari C-57 dan C-58.

Kelompok IV dan VI masing-masing terdiri dari dua aksesori dengan koefisien kesamaan genetik sebesar 70,4% dan 68,1%. Kelompok IV terdiri dari C-87 dan C-93, sedangkan kelompok VI terdiri dari C-70 dan C-75. Kelompok VII terdiri dari C-76, C-77, dan C-83, memiliki koefisien kesamaan genetik sebesar 67,3%.

Aksesori tunggal pada kelompok V (C-101) dengan koefisien kesamaan genetik 66% pada dendrogram tidak memiliki kemiripan aksesori dengan yang lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa individu tersebut mungkin merupakan individu yang istimewa yang mungkin potensial untuk digunakan sebagai calon tetua dalam program pemuliaan kelapa sawit. Karena dalam uji kluster aksesori ini berdiri sendiri, individu aksesori tersebut keberadaannya harus dipertahankan dalam koleksi plasma nutfah. Selain itu, ada kemiripan genetik nomor aksesori yang jauh, seperti pada C-17 dengan C-88 di kelompok IV dan C-14 dengan C-92 di kelompok I. Hal tersebut yang mungkin disebabkan oleh aksesori-aksesori tersebut memang dekat secara genetik, walaupun lokasinya berbeda secara geografis sehingga terkoleksi pada saat dilakukan eksplorasi.



Gambar 1. Dendrogram kekerabatan 49 aksesi kelapa sawit asal Kamerun, Afrika hasil analisis menggunakan 20 marka SSR
Figure 1. The phylogenetic tree of the 49 oil palm accessions originated from Cameroon (Africa) resulted from analysis using 20 SSR markers

Tabel 4. Pengelompokan 49 aksesi kelapa sawit pada koefisien kemiripan genetik sebesar 55,28% (diversitas genetik 54,72%)

Table 4. Clustering of the 49 Cameroon's originated oil palm accessions at the genetic diversity coefficient of 55.28% (genetic diversity coefficient of 54.72%)

Kelompok <i>Group</i>	Jumlah aksesi <i>Number of accessions</i>	Nomor aksesi <i>Accession number</i>
I	9 aksesi	C-14, C-92, C-74, C-78, C79, C-98, C-100, C-99, C-102
II	28 aksesi	C-15, C-94, C-67, C-71, C-16, C-64, C-72, C-59, C-60, C-62, C-65, C-73, C-96, C-97, C-80, C-81, C-82, C-84, C-90, C-85, C-86, C-66, C-103, C-91, C-95, C-63, C-68, C-89
III	4 aksesi	C-17, C-88, C-18, C-58
IV	2 aksesi	C-87, C-93
V	1 aksesi	C-101
VI	2 aksesi	C-70, C-75
VII	3 aksesi	C-76, C-77, C-83

KESIMPULAN

Dua puluh marka yang diuji pada 49 aksesi sawit Kamerun menghasilkan alel total sebanyak 175 dengan rata-rata jumlah alel per lokus 8,75 berkisar antara 4-15 alel per lokus SSR. Tingkat polimorfisme marka SSR yang diuji tergolong tinggi dengan rata-rata nilai PIC 0,80 berkisar antara 0,63-0,91. Diversitas genetik dari 49 aksesi kelapa sawit dianalisis dengan 20 marka SSR berkisar antara 12,5-57,72% (kesamaan genetik 52,28-87, 50%). Uji filogenetik pada koefisien kemiripan genetik 52,28% membagi aksesi menjadi tujuh kelompok masing-masing terdiri dari 9, 28, 4, 2, 1, 2, dan 3 aksesi. Aksesi dengan diversitas genetik tinggi dan berada pada kluster berbeda potensial digunakan sebagai calon tetua dalam program pemuliaan kelapa sawit. Penelitian ini diharapkan dapat memberi landasan dalam perencanaan koleksi plasma nutfah kelapa sawit yang efektif dan berdaya guna untuk tujuan pemuliaan kelapa sawit ke depan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Ditjenbun, Disbun Sumatera Barat, dan Kabupaten Sijunjung atas ijin yang diberikan untuk menggunakan materi genetik plasma nutfah kelapa sawit asal Kamerun yang ada di Koleksi Nasional Sumberdaya Genetik (KN-SDG) Kelapa Sawit Sijunjung. Terima kasih juga disampaikan kepada Saudara Ahmad Warsun, Fajar Suryawan, dan Ahmad Dadang atas bantuan dan sarannya selama pelaksanaan penelitian.

DAFTAR PUSTKA

ARUMSARI, S. 2012. Studi Kekerabatan Aksesi Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq) Menggunakan Marka *Simple Sequence Repeat*. Departemen Biokimia, FMIPA, IPB. 33 hlm.

- BPS. 2012. Produksi Tanaman Perkebunan 1995-2010. Jakarta: Badan Pusat Statistik. Jakarta (<http://www.bps.go.id/>).
- BAKAR, E.S. 2003. Kayu sawit sebagai substitusi kayu dari hutan alam. Forum Komunikasi Teknologi dan Industri Kayu Volume 2. Bogor: Fakultas Kehutanan IPB. 78 hlm.
- BILLOTTE, N., A.M. RISTERUCCI, E. BARCELOS, J.L. NOYER, P. AMBLARD, and F.C. BAURENS. 2001. Development, characterization, and across taxa utility of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) microsatellite markers. *Genome*. 44: 413-425.
- BILLOTTE, N., N. MARSEILLAC, A.M. RISTERUCCI, B. ADON, P. BROTEIR, F.C. BAURENS, R. SINGH, A. HERRAN, H. ASMADY, and C. BILLOT. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor. Appl. Genet.* 110: 754-765.
- BILLOTTE, N., M.F. JOURJON, N. MARSEILLAC, A. BERGER, A. FLORI, H. ASMADY, B. ADON, R. SINGH, B. NOUY, F. POTIER. 2010. QTL detection by multi-parent linkage mapping in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor. Appl. Genet.* 120: 1673-1687.
- FENG, S.P., W.G. LI, H.S. HUANG, J.Y. WANG, and Y.T. WU. 2009. Development, characterization, and cross-species/genera transferability of EST-SSR markers for rubber tree (*Hevea brasiliensis*). *Molecular Breeding*. 28: 85-97.
- HAIRINSYAH. 2010. Pendugaan Parameter Genetik dan Analisa Keragaman Genetik Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq) dengan Marka Simple Sequence Repeat (SSR). (Tesis). Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor. 45 hlm.
- HARTLEY, C.W.S. 1988. The Oil Palm. 2nd Edition, London: Longman. 545p.
- MICHIELS, A.N., E.W. VAN DEN, M. TUCKER, R. LIESBET, and L. VAN ANDRE. 2003. Extraction of high quality genomic DNA from latex containing plants. *Analytical Biochemistry*. 315: 85-89.

- PAMIN, K. 1998. A hundred and fifty years of oil palm development in Indonesia: from the Bogor Botanical Garden to the industry. International Proceeding Oil Palm Conference. IOPRI. Bali. p. 3-23.
- POWELL, W., M. MORGANTE, C. ANDRE, M. HANAFEY, J. VOGEL, S. TINGEY, and A. RAFALSKI. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP, and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*. 2: 225–238.
- RIVAL, A., T. BEULE, P. BARRE, S. HAMON, Y. DUVAL, and M. NOIROT. 1997. Comparative flowcytometric estimation of nuclear DNA content in oil palm (*Elaeis guineensis*) tissue culture and seedling derived plants. *Plant Cell Rep.* 16: 884–887.
- RIVAL, A., L. BERTRAND, T. BEULE, M.C. COMBES, P. TROUSLOT, and P. LASHERMES. 1998. Suitability of RAPD analysis for the detection of somaclonal variants in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Plant Breeding*. 117: 73-76.
- ROHLF, F.J. 2000. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.1. Applied Biostatistics Inc. 83 p.
- SAMBROOK, J., E.F. FRITCH, and T. MANIATIS. 1989. *Molecular Cloning: A laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 934 p.
- SATYAWAN, D. and I.M. TASMA. 2011. DNA markers applicable for genetic mapping of *Jathropa curcas* genome. *Buletin Riset Tanaman Rempah dan Aneka Tanaman Industri*. 2 (3): 411-419.
- SETIYO, I.E., SUDARSONO, dan D. ASMONO. 2001. Pemetaan dan Keragaman Genetik RAPD pada Kelapa Sawit Sungai Pancur (Rispa). (Tesis). Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor. 47 hlm.
- SINGH, R., J. NAGAPPAN, S.G. TAN, J.M. PANANDAM, and S.C. CHEAH. 2007. Development of simple sequence repeat (SSR) markers for oil palm and their application in genetic mapping and finger printing of tissue culture clones. *Asia Pacific Journal of Molecular Biology and Biotechnology*. 15(3): 121-131.
- SINGH, R., M.Z. NOORHARIZA, N.C. TING, R. ROZANA, S.G. TAN, L.E.T. LOW, M. ITHNIN, and S.C. CHEAH. 2008. Exploiting an oil palm EST the development of gene-derived and their exploitation for assessment of genetic diversity. *Biologia*. 63: 1–9.
- SMITH J.S.C., E.C.L. CHIN, H. SHU, O.S. SMITH, S.J. WALL, M.L. SENIOR, S.E. MITCHELL, S. KRESOVICH, and J. ZIEGLER. 1997. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.) comparison with data from RFLPs and pedigree. *Theoretical Applied Genetics*. 95: 163-173.
- TASMA, I.M., L.L. LORENZEN, D.E. GREEN, and R.C. SHOEMAKER. 2001. Mapping genetic loci for flowering time, maturity, and photoperiod insensitivity in soybean. *Molecular Breeding*. 8: 25-35.
- TASMA, I.M., I. MARISKA, SYAFARUDDIN, A. WARSUN, D. SATYAWAN, E.G. LESTARI, R. PURNAMANINGSIH, R. YUNITA, B. MARTONO, R. PURBA, D. ASMONO, P. LESTARI, I. ROOSTIKA, N. NOVA, S. DAMANIK, A. RISLIAWATI, S. PURWIYANTI, S. DIANTINA, dan T.Z.P. HARIYADI. 2010. Penelitian peningkatan produktivitas kelapa sawit (>15%) dan kadar minyak (>10%) dengan abnormalitas <2% melalui molecular breeding. Laporan Akhir Penelitian APBN 2010 Pusat Penelitian dan Pengembangan Perkebunan. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. 61 hlm. (Tidak dipublikasikan).
- TASMA, I.M., D. SATYAWAN, A. WARSUN, M. YUNUS, and B. SANTOSA. 2011. Phylogenetic and maturity analysis of sixty soybean genotypes used for DNA marker development of early maturity quantitative trait loci in soybean. *J. Agro Biogen*. 7(1): 37-46.
- TEH, C.K. 2010. Genetic Diversity of Central and South American Wild Oil Palm (*Elaeis oleifera*) Populations Using Microsatellite Markers (Thesis). Universiti Kebangsaan Malaysia, Kuala Lumpur, Malaysia. 57 hlm.
- TORUAN-MATHIUS, N., T. HUTABARAT, U. DJULAICHA, A.R. PURBA, and T. HUTOMO. 1997. Identification of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) Dura, Pisifera, and Tenera by RAPD markers. *Proc. IBC*. 97: 237 – 248.
- ZAKI, N.M., R. SINGH, R. ROSLI, and I. ISMAIL. 2012. *Elaeis oleifera* genomic-SSR markers: exploitation in oil palm germplasm diversity and cross-amplification in Arecaceae. *Int. J. Mol. Sci*. 13: 4069-4088.
- ZULHERMANA. 2009. Keragaman Genetik Intra dan Interpopulasi Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) Pisifera Asal Nigeria Berdasarkan Analisis Marka Simple Sequence Repeat (SSR). (Tesis). Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor. 45 hlm.