

# ANALISIS KERAGAMAN GENETIK KELAPA SAWIT LIAR DARI KAMERUN MENGGUNAKAN SIMPLE SEQUENCE REPEAT

## GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF CAMEROON WILD OIL PALM BY USING SIMPLE SEQUENCE REPEAT

Sri Wening, Diah Atika Ningrum<sup>1</sup>, Yurna Yenni, dan A. Razak Purba

**Abstrak** Keragaman genetik plasma nutfah kelapa sawit yang luas merupakan modal dasar untuk tercapainya tujuan-tujuan pemuliaan. Sejarah introduksi kelapa sawit dan proses seleksi yang telah dilakukan mengakibatkan sempitnya keragaman genetik kelapa sawit di Indonesia. Untuk memperlebar dasar genetik plasma nutfah kelapa sawit PPKS (Pusat Penelitian Kelapa Sawit), dilakukan introduksi material baru dari luar Indonesia. Pada penelitian ini, dilakukan analisis SSR (*Simple Sequence Repeat*) untuk mengkaji karakter genetik material kelapa sawit tipe liar yang diintroduksi dari Kamerun dan untuk mengetahui manfaat material tersebut bagi pengembangan program pemuliaan di PPKS. Hasil menunjukkan adanya variabilitas genetik dalam dan antar populasi kelapa sawit liar Kamerun dan perbandingannya dengan material elit hasil seleksi di PPKS. Diketahui juga individu kelapa sawit liar yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat atau jauh dengan material elit hasil seleksi di PPKS. Hasil kajian ini berguna sebagai acuan dalam pengembangan program pemuliaan kelapa sawit di PPKS.

**Kata kunci :** SSR, plasma nutfah, keragaman genetik, hubungan kekerabatan

Penulis yang tidak disertai dengan catatan kaki instansi adalah peneliti pada Pusat Penelitian Kelapa Sawit

Sri Wening (✉)  
Pusat Penelitian Kelapa Sawit  
Jl. Brigjen Katamso No. 51 Medan, Indonesia  
Email: s.wening@iopri.org

<sup>1</sup> Program Pasca Sarjana, Fakultas MIPA, Universitas Sumatera Utara, Jl. Bioteknologi No.1 Kampus USU, Medan.

**Abstract** A high genetic diversity of oil palm germplasm collection is a foundation for achievement of breeding's goals. The history of oil palm introduction to Indonesia and selection process have made narrower the genetic diversity of oil palm in Indonesia. To make broader the genetic base of oil palm germplasm of IOPRI (Indonesian Oil Palm Research Institute), new materials from outside of Indonesia have been introduced. In this research, an SSR (*Simple Sequence Repeat*) analysis was done to characterize the genetic of the Cameroon wild oil palm and to study the importance of the material for the development of oil palm breeding in IOPRI. Results showed that there were genetic variabilities within and among the populations of the wild oil palm from Cameroon, and the comparison with advanced material resulted from selection in IOPRI. It has also been understood the wild oil palms from Cameroon which have close or distant genetic relationship with advanced material resulted from selection in IOPRI. The results were very important as a guidance in the development of IOPRI's oil palm breeding programme.

**Keywords :** SSR, germplasm, genetic diversity, genetic relationship

### PENDAHULUAN

Sejarah kelapa sawit di Indonesia dimulai dengan introduksi empat kelapa sawit dari Afrika ke Bogor pada 1848. Empat individu kelapa sawit tersebut merupakan tetua kelapa sawit populasi dura yang merupakan induk populasi kelapa sawit yang dibudidayakan secara

komersial di Indonesia (Corley dan Tinker, 2003). Hal tersebut, ditambah dengan proses silang dalam dan seleksi yang dilakukan pada pemuliaan kelapa sawit, menyebabkan sempitnya dasar genetik kelapa sawit populasi dura Deli di Indonesia. Salah satu solusi permasalahan ini adalah introgressi sumber genetik baru ke dalam populasi yang digunakan pada program pemuliaan sehingga menghasilkan koleksi plasma nutfah kelapa sawit dengan keragaman genetik yang tinggi. Pusat Penelitian Kelapa Sawit (PPKS) melakukan introduksi kelapa sawit dari luar wilayah Indonesia untuk menambah koleksi plasma nutfah PPKS yang diharapkan akan menjadi sumber pengkayaan genetik populasi yang digunakan dalam program kelapa sawit. Salah satu material yang diintroduksi tersebut adalah material kelapa sawit liar dari Kamerun, yang diintroduksi pada tahun 2008 melalui konsorsium plasma nutfah Indonesia. Benih yang berasal dari satu tandan dari tiap tanaman yang terpilih dari berbagai wilayah di Kamerun didatangkan ke Indonesia, kemudian dikecambahkan dan dibagi ke setiap perusahaan peserta konsorsium (termasuk PPKS), sebagai koleksi baru plasma nutfah.

Manajemen plasma nutfah menghadapi dilema antara usaha pemeliharaan koleksi yang sebanyak-banyaknya untuk menjamin tersedianya material yang dibutuhkan bagi program pemuliaan, dengan keterbatasan sumber daya yang ada (ketersediaan lahan, sumber daya manusia dan dana) untuk melaksanakan pemeliharaan tersebut. Manajemen plasma nutfah yang efisien dan berkesinambungan, yang merupakan kompromi antara jumlah koleksi yang dapat dipelihara dengan sumber daya yang dimiliki, merupakan kunci bagi optimalisasi plasma nutfah bagi program pemuliaan (Hou *et al.*, 2012; Thormann *et al.*, 2013). Analisis keragaman genetik koleksi plasma nutfah akan memberikan informasi yang diperlukan untuk memberikan panduan dalam manajemen koleksi plasma nutfah yang ada pada saat ini dan panduan untuk menentukan strategi pemuliaan dan peluang perbaikan di masa yang akan datang (Acosta-Quezada *et al.*, 2012; Krishnan *et al.*, 2013). Analisis keragaman genetik dapat menggunakan data morfologi atau data DNA. Kedua jenis data tersebut masing-masing memiliki kelebihan dan kekurangan, walaupun data DNA akan menyediakan informasi yang tidak dapat disediakan oleh data morfologi (Tümbilen *et al.*, 2011). Data DNA tidak terpengaruh oleh faktor lingkungan dan jaringan tanaman, seperti

halnya data morfologi (Duminil dan Di Michele, 2009). Sidik jari DNA untuk keperluan manajemen plasma nutfah menggunakan marka DNA pernah dilaporkan pada tanaman lain seperti pada buncis (Blair *et al.*, 2013), kakao (Ji *et al.*, 2013), kedelai (Nimnuual *et al.*, 2014), kurma (Soumaya *et al.*, 2011) dan padi (Garris *et al.*, 2005).

Dengan latar belakang permasalahan yang telah diuraikan di atas, pada penelitian ini, dilakukan kajian sidik jari DNA untuk mengetahui karakter genetik material kelapa sawit tipe liar yang diintroduksi dari Kamerun dan untuk mengetahui manfaat material tersebut bagi pengembangan program pemuliaan di PPKS. Kajian dilakukan menggunakan SSR-PCR (*Simple Sequence Repeat-Polymerase Chain Reaction*), karena beberapa kelebihannya dibandingkan marka DNA yang lain, yaitu efisien, mudah diaplikasikan, menghasilkan data kodominan, memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi, *reliable*, (Teulat *et al.*, 2000; Aranzana *et al.*, 2003; Rakoczy-Trojanowska dan Bolibok, 2004; Mayer dan Kerth, 2005; Ottewell *et al.*, 2005; Koelling *et al.*, 2012) serta sistemnya telah dibangun di laboratorium milik PPKS (Wening dan Yenni, 2013). SSR telah digunakan secara luas untuk analisis sidik jari DNA plasma nutfah, seperti pada kajian perubahan keragaman genetik plasma nutfah kacang ercis setelah periode waktu tertentu (Cieslarová *et al.*, 2011), kajian identitas koleksi plasma nutfah kakao (Motilal *et al.*, 2011) dan identitas koleksi plasma nutfah zaitun di Spanyol (Trujillo *et al.*, 2014). Sedangkan pada kelapa sawit, SSR telah digunakan untuk analisis sidik jari DNA plasma nutfah oleh Abdullah *et al.* (2011), Ajambang *et al.* (2012) dan Wening *et al.* (2012).

## BAHAN DAN METODE

### Bahan

Sebanyak 93 tanaman kelapa sawit digunakan sebagai sampel dalam analisis dengan rincian 70 diantaranya adalah kelapa sawit liar yang berasal dari 7 daerah di Kamerun, 9 adalah material elit populasi A program *Reciprocal Recurrent Selection* (RRS) dan 13 adalah material elit populasi B program RRS di PPKS (Tabel 1). DNA diekstraksi dari 50 mg jaringan daun muda dan sehat dari tanaman yang dianalisis, dengan menggunakan DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen).



Tabel 1. Daftar tanaman yang digunakan dalam analisis.

Table 1. List of plant materials used in the analysis.

Kode individu	Populasi	Jumlah individu	Keterangan
CMR027.1 hingga CMR027.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR027	5	Daerah Centre
CMR029.1 hingga CMR029.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR029	5	Daerah Centre
CMR002.1 hingga CMR002.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR002	5	Daerah East
CMR008.1 hingga CMR008.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR008	5	Daerah East
CMR086.1 hingga CMR086.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR086	5	Daerah Littoral
CMR087.1 hingga CMR087.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR087	5	Daerah Littoral
CMR011.1 hingga CMR011.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR011	5	Daerah North West
CMR048.1 hingga CMR048.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR048	5	Daerah North West
CMR078.1 hingga CMR078.10	Kamerun tipe liar aksesi CMR078	10	Daerah South
CMR033.1 hingga CMR033.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR033	5	Daerah West
CMR035.1 hingga CMR035.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR035	5	Daerah West
CMR084.1 hingga CMR084.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR084	5	Daerah South West
CMR085.1 hingga CMR085.5	Kamerun tipe liar aksesi CMR085	5	Daerah South West
Populasi A.1 hingga Populasi A.9	Material hasil seleksi populasi A RRS	9	-
Populasi B.1 hingga Populasi B13	Material hasil seleksi populasi B RRS	13	-

## Metode

DNA tiap sampel dengan konsentrasi sekitar 10 ng/ $\mu$ L digunakan dalam SSR-PCR menggunakan 16 primer SSR (dengan motif (GA)<sub>13</sub> hingga (GA)<sub>20</sub>), yang merupakan perwakilan tiap kromosom kelapa sawit (Tabel 2) (Billotte *et al.*, 2005). Proses amplifikasi SSR mengacu pada protokol yang telah diuraikan oleh Wening dan Yenni (2013). Dilakukan penggabungan hasil amplifikasi beberapa primer menjadi satu sampel analisis fragmen, jika primer-primer tersebut dilabel dengan jenis label fluoresen yang berbeda (FAM, HEX atau NED). Fragmen DNA hasil amplifikasi dianalisis menggunakan capillary sequencer, menggunakan jasa komersial yang disediakan oleh 1st BASE (Malaysia). Alel-alel SSR dibaca menggunakan bantuan Software GeneMarker® version 2.4.0 (SoftGenetics LLC®).

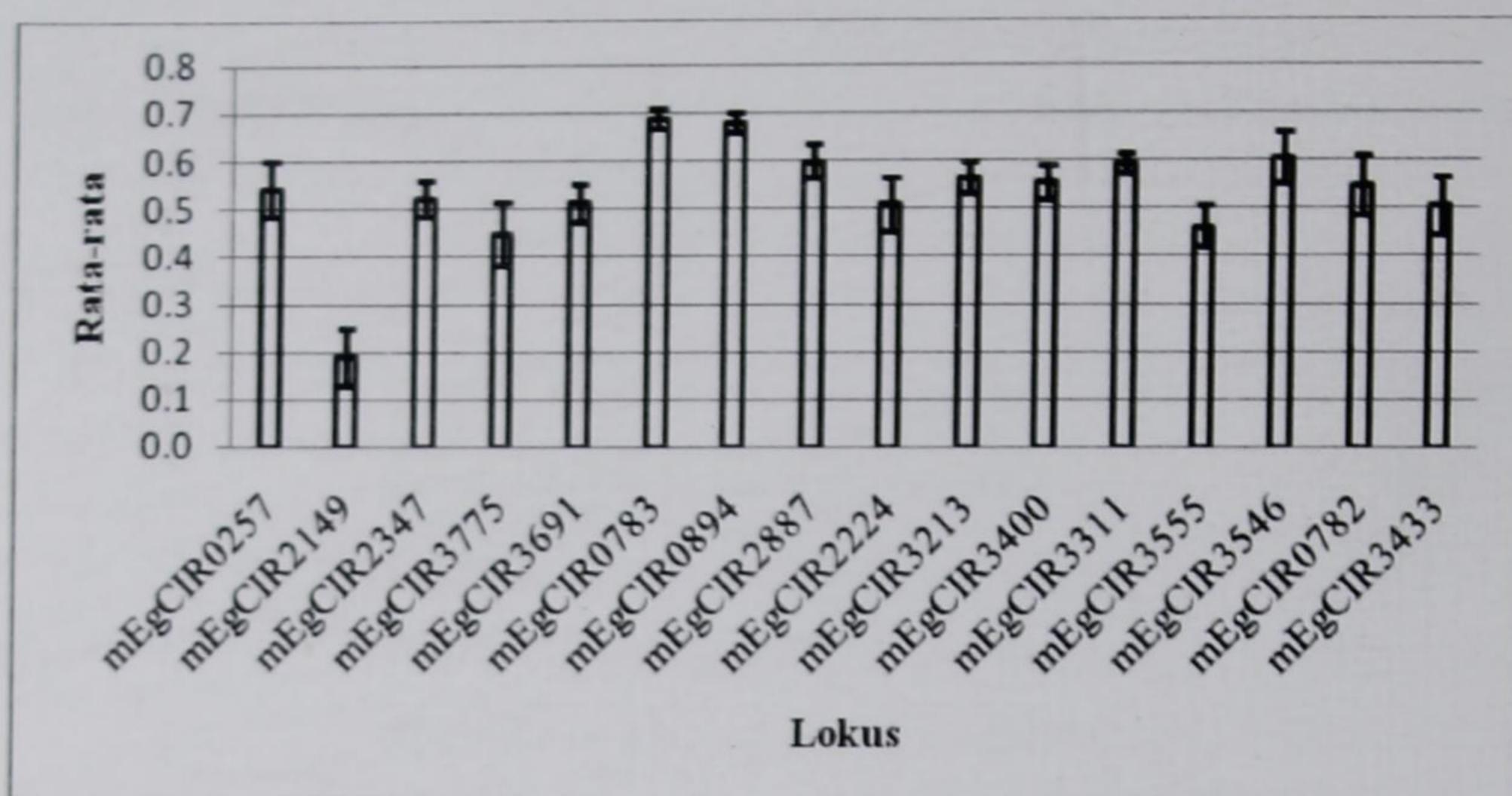
## Analisis Data

Parameter keragaman genetik diperoleh dari hasil analisis profil SSR: *Polymorphic Information Content* (PIC) (Anderson *et al.*, 1993), jumlah alel, jumlah alel

dengan frekuensi  $\geq 5\%$ , jumlah alel khusus per lokus dan parameter heterozigositas (*expected heterozygosity* dan *unbiased expected heterozygosity*) (Nei, 1978). Analisis dilakukan dengan bantuan software GenAIEx version 6.4 (Peakall dan Smouse, 2006). Software yang sama digunakan untuk menghitung jarak genetik *codominant genotypic* dengan algoritma yang diuraikan dalam Orloci (1978), menggunakan matriks jarak dengan standardisasi. Pohon genetik dikonstruksi dengan metode *Neighbor-joining tree*, dengan bantuan MEGA version 6 (Tamura *et al.*, 2013).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Enam belas marka SSR menghasilkan data polimorfik yang cukup untuk digunakan dalam analisis sidik jari DNA sampel, ditinjau dari nilai *Polymorphic Information Content* (PIC)-nya (Gambar 1), yaitu rata-rata sebesar  $0,53 \pm 0,01$  (Botstein *et al.*, 1980). Nilai PIC terbesar terdapat pada lokus *mEgCIR0783* yaitu sebesar  $0,69 \pm 0,02$  dan nilai PIC terkecil terdapat pada

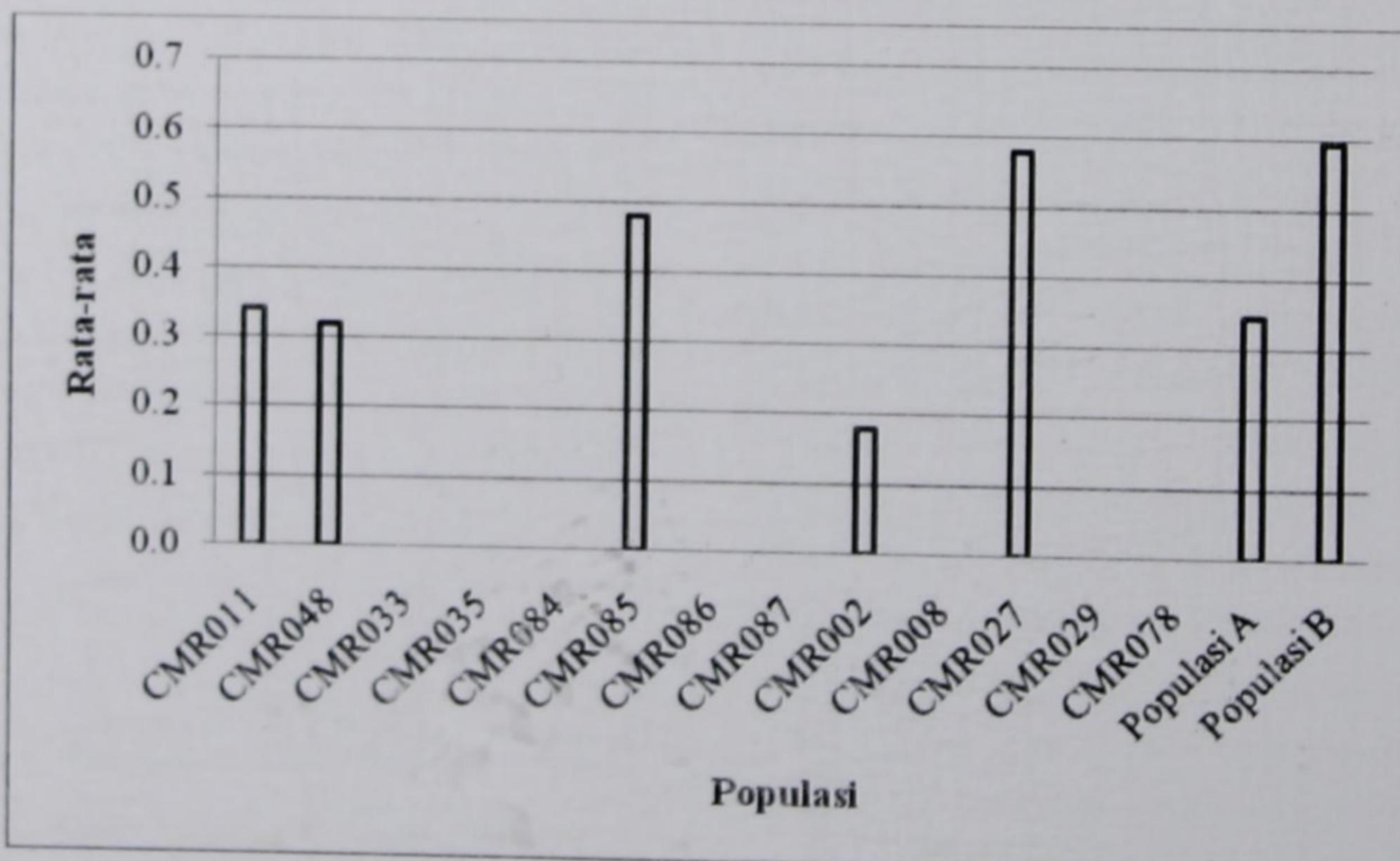


Gambar 1. Nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) yang dihasilkan pada tiap lokus SSR yang dianalisis. Standard error ditunjukkan oleh garis pada tiap histogram.

Figure 1. The value of *Polymorphic Information Content* (PIC) resulted from each SSR locus analyzed. Standard error was shown by a bar in each histogram.

lokus *mEgCIR2149* yaitu sebesar  $0,19 \pm 0,06$ . Nilai PIC menunjukkan kemampuan tiap marka yang digunakan untuk menghasilkan data polimorfik, yang diperlukan untuk menunjukkan variabilitas genetik sampel yang dianalisis. Nilai PIC yang diperoleh pada penelitian ini lebih rendah daripada yang pernah dilaporkan oleh Wening *et al.* (2013) yaitu  $0,616 \pm 0,02$ . Hal ini dapat terjadi karena pada penelitian tersebut digunakan sampel plasma nutfah kelapa sawit dengan kisaran

orijin yang lebih luas daripada sampel yang digunakan pada penelitian ini. Walaupun demikian, pada penelitian ini, dari 16 marka SSR yang digunakan, terdapat 13 marka yang menghasilkan rata-rata PIC lebih dari 0,5 dan hanya 3 marka yang menghasilkan rata-rata PIC yang kurang dari 0,5 dimana hasil yang sama dijumpai pada penelitian yang dilakukan oleh Wening *et al.* (2013). Kesamaan lainnya adalah, dari ketiga marka yang memiliki nilai rata-rata PIC kurang



Gambar 2. Nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) yang dihasilkan pada lokus *mEgCIR2149* pada tiap populasi yang dianalisis.

Figure 2. The value of *Polymorphic Information Content* (PIC) resulted by locus *mEgCIR2149* in each population analyzed.



dari 0,5 tersebut, dua diantaranya terdapat pada lokus yang sama yaitu lokus *mEgCIR2149* dan *mEgCIR3555*, dimana lokus *mEgCIR2149* memiliki rata-rata nilai PIC terendah yang berbeda secara nyata dengan lokus-lokus lainnya.

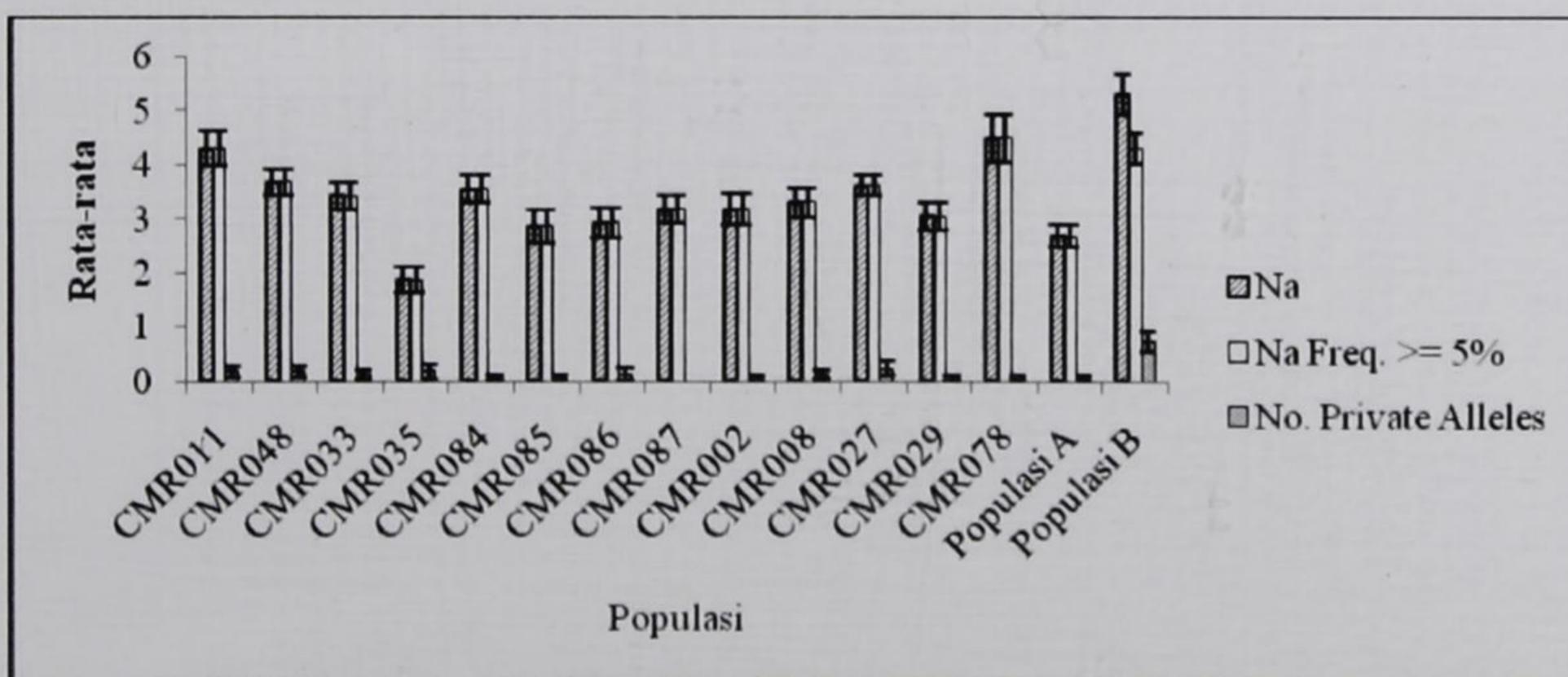
Walaupun demikian, jika meninjau nilai PIC lokus *mEgCIR2149*, terdapat variabilitas yang tinggi pada tiap populasi yang dianalisis, seperti ditunjukkan pada Gambar 2. Rata-rata nilai PIC pada lokus tersebut nol pada beberapa populasi yang dianalisis, tapi mencapai lebih dari 0,5 pada populasi CMR027 dan Populasi B program RRS. Hal tersebut menunjukkan bahwa sebenarnya marka *mEgCIR2149*, masih bernilai untuk digunakan dalam analisis sidik jari DNA, karena mampu menunjukkan variabilitas antar populasi dan variabilitas antar sampel dalam populasi tertentu.

Keragaman pola alel SSR (Gambar 3) menunjukkan keragaman genetik yang terdapat pada sampel yang dianalisis. Parameter jumlah alel dan jumlah alel dengan frekuensi lebih dari 5% berbeda secara nyata pada tiap populasi yang dianalisis, kecuali pada populasi B program RRS (jumlah alel lebih besar secara nyata jika dibandingkan dengan jumlah alel dengan frekuensi lebih dari 5%) (Gambar 3). Hal tersebut menunjukkan bahwa data pada parameter jumlah alel tidak bias, tidak terpengaruh oleh banyaknya sampel yang dianalisis, kecuali pada populasi B program RRS. Hasil menunjukkan bahwa jumlah alel tertinggi terdapat pada populasi CMR011, CMR078 dan populasi B program RRS. Jumlah alel

terendah terdapat pada populasi CMR035. Hal tersebut menunjukkan bahwa terdapat variabilitas yang tinggi pada populasi kelapa sawit liar dari Kamerun ditinjau dari variasi jumlah alel per lokus. Terdapat populasi kelapa sawit liar dari Kamerun yang memiliki rata-rata jumlah alel yang setara atau lebih tinggi, atau yang lebih rendah daripada material elit pada populasi A dan B program RRS.

Gambar 3 juga menunjukkan bahwa jika ditinjau dari jumlah alel khusus, populasi B program RRS memiliki jumlah tertinggi di antara populasi yang ada. Pada kelapa sawit liar dari Kamerun, terdapat populasi yang memiliki jumlah alel khusus yang lebih tinggi atau lebih rendah daripada populasi A program RRS. Alel khusus merupakan alel yang terdapat pada suatu populasi yang tidak dijumpai pada populasi lainnya. Parameter ini berguna untuk mengidentifikasi populasi kelapa sawit liar dari Kamerun yang dapat memberikan kontribusi pengayaan keragaman baru ke dalam material elit pada populasi A dan populasi B program RRS.

Gambar 4 menunjukkan keragaman genetik sampel yang dianalisis berdasarkan parameter tingkat heterozigositas. Hasil menunjukkan adanya perbedaan secara nyata antara nilai *expected heterozygosity* (*He*) dengan *unbiased expected heterozygosity* (*UHe*) pada dua populasi (CMR011 dan CMR048), sehingga pada analisis ini akan digunakan nilai *UHe* untuk perbandingan keragaman genetik antar populasi yang dianalisis. Kelapa sawit liar dari Kamerun memiliki rata-rata nilai *UHe* lebih



Gambar 3. Jumlah alel (Na), jumlah alel dengan frekuensi lebih dari 5% (Na Freq.  $\geq 5\%$ ) dan jumlah alel khusus (No. Private Alleles) pada populasi yang dianalisis. Standard error ditunjukkan oleh garis pada tiap histogram.

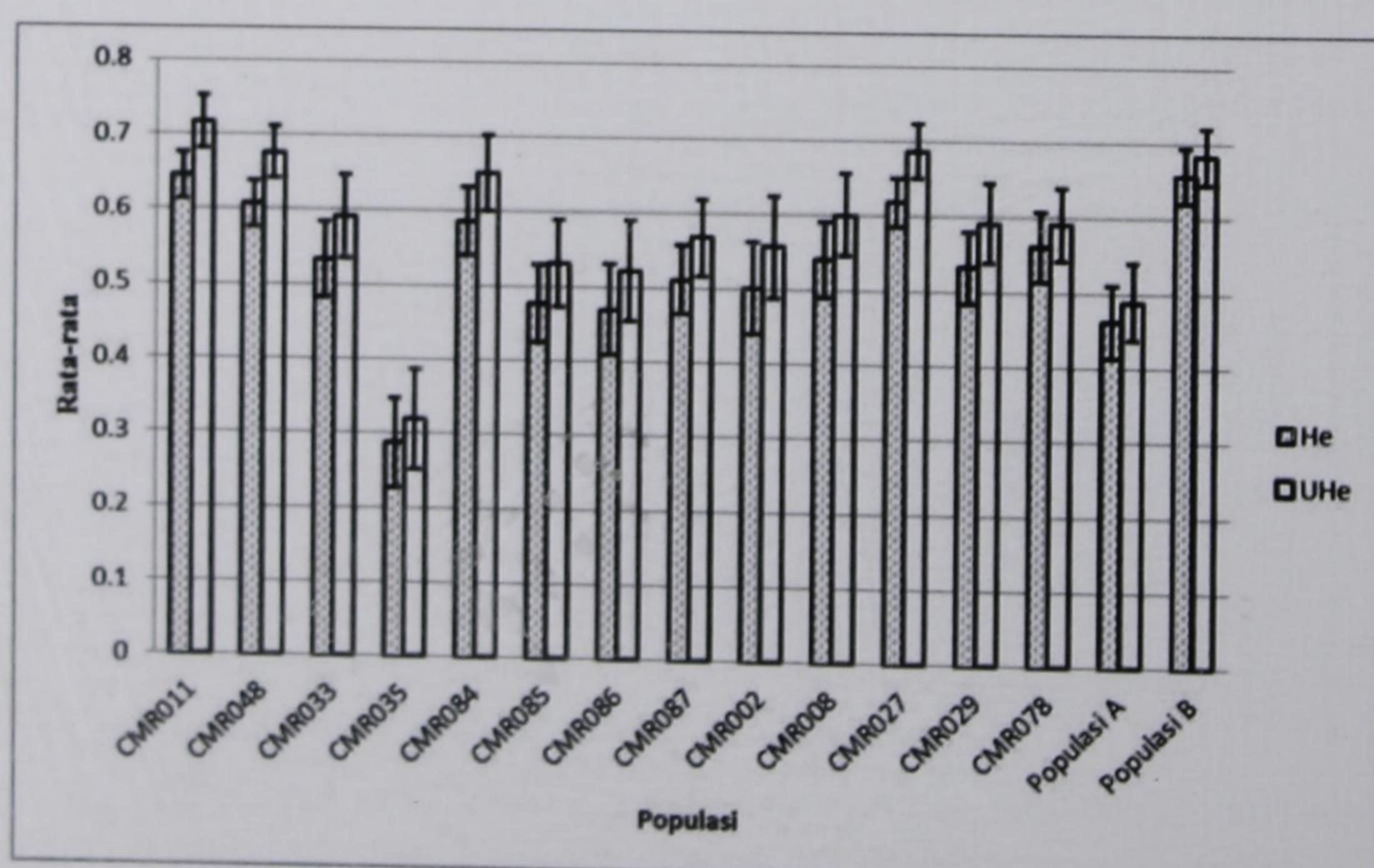
Figure 3. Number of alleles (Na), number of alleles with frequency more than 5% (Na Freq.  $\geq 5\%$ ) and number of private alleles (No. Private Alleles) in populations analyzed. Standard error was shown by a bar in each histogram.

dari 0,5 atau lebih tinggi daripada UHe yang dimiliki oleh populasi A program RRS, kecuali pada populasi CMR035, yang merupakan populasi kelapa sawit liar dari Kamerun yang memiliki nilai UHe terendah di antara populasi tersebut dan nilai tersebut juga lebih rendah daripada nilai rata-rata UHe pada populasi A program RRS. Hal tersebut menunjukkan bahwa tidak semua populasi kelapa sawit liar dari Kamerun memiliki tingkat keragaman genetik lebih tinggi daripada populasi material elit pada program RRS. CMR035 dapat dipertimbangkan untuk dipilih jika dilakukan pemilihan populasi kelapa sawit liar yang tidak harus ditanam di koleksi plasma nutfah PPKS, karena parameter jumlah alel dan tingkat heterozigositas yang paling rendah (Gambar 3 dan 4), walaupun beberapa individu dalam populasi tersebut bisa dipertahankan, karena terdapat alel khusus pada beberapa individu tersebut (Gambar 3).

Analisis kekerabatan genetik (Gambar 5) menunjukkan bahwa secara garis besar, terdapat 5 kelompok kelapa sawit liar Kamerun. Terdapat individu-individu yang mengelompok berdasarkan aksesinya (misalnya aksesi 008, 086 dan 033). Hal tersebut dapat dimaklumi karena secara genetik, tiap aksesi kelapa sawit liar memiliki hubungan yang lebih dekat. Walaupun dihasilkan dari *open pollination* (tetua bapak tidak diketahui), tetapi tiap aksesi berasal dari

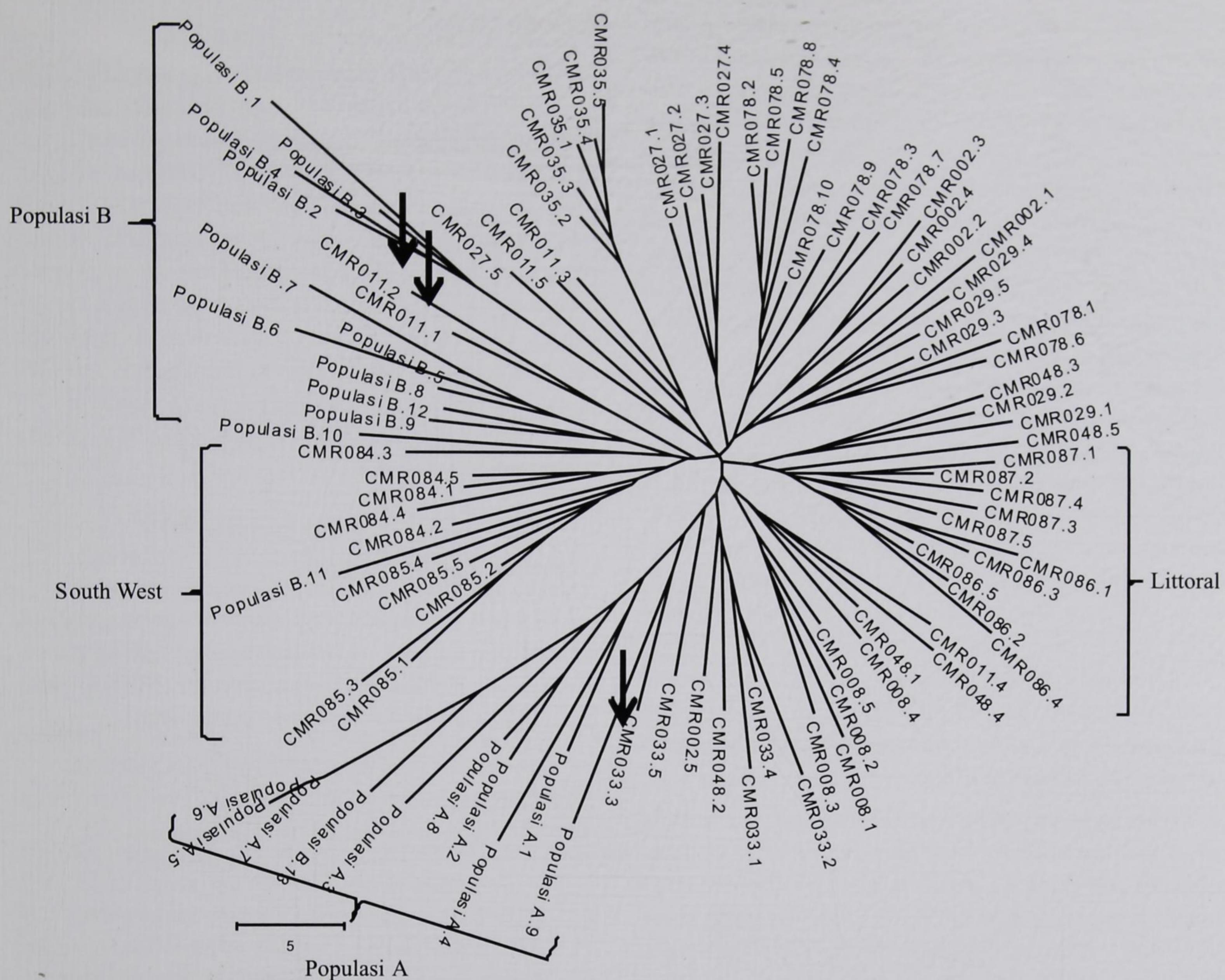
induk yang sama. Terdapat juga individu-individu yang mengelompok tidak berdasarkan aksesinya (misalnya individu aksesi 027, 029 dan 002), yang kemungkinan terjadi karena tingginya variabilitas genetik pohon induk dan beragamnya pollen yang membuahi selama proses polinasi. Aksesi-aksesi kelapa sawit liar tidak mengelompok berdasarkan penggolongan daerah, kecuali pada daerah South West dan Littoral. Hal ini dapat dipahami karena adanya variasi lingkungan yang sangat besar pada tiap daerah (data tidak ditunjukkan), yang menyebabkan adanya variasi seleksi alami pada tiap aksesi di daerah yang sama. Kondisi lingkungan yang sangat beragam juga dapat menjadi *barrier* bagi persilangan antar pohon dalam daerah yang sama.

Hasil analisis kekerabatan genetik (Gambar 5) menunjukkan bahwa populasi A program RRS dan populasi B program RRS secara garis besar mengelompok pada kelompoknya masing-masing, dan secara genetik kedua populasi tersebut terpisah. Hal ini sesuai dengan hasil penelitian yang dilakukan sebelumnya oleh Abdullah *et al.* (2011) dan Wening *et al.* (2013). Hal tersebut disebabkan oleh perbedaan orijin kedua populasi dan sejarah introduksi populasi dura Deli di Indonesia. Seleksi intensif yang dilakukan pada kedua populasi juga menyebabkan semakin tajamnya perbedaan di antara populasi tersebut.



Gambar 4. Nilai *expected heterozygosity* (He) dan *unbiased heterozygosity* (UHe) pada populasi yang dianalisis.

Figure 4. The value of *expected heterozygosity* (He) and *unbiased heterozygosity* (UHe) in the populations analyzed.



Gambar 5. Kekerabatan genetik populasi kelapa sawit liar dari Kamerun, populasi A program RRS dan populasi B program RRS. Tanda panah menunjukkan individu kelapa sawit liar dari Kamerun yang memiliki jarak genetik yang dekat dengan populasi A atau B pada program RRS.

*Figure 5. Genetic relationship of wild oil palm from Cameroon, population A of RRS programme and population B of RRS programme. Arrows show Cameroon wild oil palm individuals which have low genetic distance with population A or B of RRS programme.*

Gambar 5 (tanda panah) menunjukkan beberapa individu kelapa sawit liar yang memiliki jarak genetik yang dekat dengan populasi A program RRS (CMR033.3) atau dengan populasi B program RRS (CMR011.1 dan CMR011.2). Individu-individu tersebut menjadi prioritas jika harus memilih individu kelapa sawit liar yang tidak ditanam di koleksi plasma nutfah PPKS, karena memiliki tingkat kesamaan genetik yang tinggi dengan material elit populasi program RRS. Hasil

analisis pengelompokan tersebut juga bermanfaat untuk mengidentifikasi duplikasi di antara individu kelapa sawit liar yang lain. Pemilihan individu untuk berbagai keperluan (penanaman sebagai koleksi plasma nutfah atau introgressi ke dalam populasi pemuliaan PPKS) dapat menggunakan hasil analisis pengelompokan. Individu tersebut dapat dipilih di antara tiap kelompok yang ada, karena tiap kelompok memiliki tingkat kesamaan genetik yang tinggi.

Analisis keragaman genetik populasi kelapa sawit liar dari Kamerun yang diintroduksi ke Indonesia pada 2008 juga telah dilaporkan oleh Ajambang *et al.* (2012) dan Fillianti *et al.* (2014). Tetapi kedua penelitian tersebut masing-masing memiliki perbedaan pada metode analisis dan hasil yang diperoleh, jika dibandingkan dengan hasil penelitian ini. Ajambang *et al.* (2012) menggunakan SSR dengan jumlah yang sama dengan penelitian ini, tetapi tidak mewakili tiap kromosom kelapa sawit. Metode skor alel SSR yang digunakan adalah metode biner, berbeda dengan metode skor alel kodominan yang digunakan pada penelitian ini. Hasil analisis menggunakan metode biner dan kodominan dapat menghasilkan hasil analisis yang berbeda (Siregar dan Wening, 2014). Fillianti *et al.* (2014) menggunakan jumlah marka SSR yang lebih banyak dan sudah mewakili tiap kromosom kelapa sawit, serta menggunakan metode skor kodominan. Tetapi pada penelitian tersebut, analisis jarak genetik menggunakan data rerata tiap aksesi. Jika variasi yang terdapat pada tiap aksesi sangat besar, maka terdapat variasi yang besar juga pada nilai jarak genetik antar aksesi yang diperoleh.

Hasil analisis keragaman genetik populasi kelapa sawit liar dari Kamerun dan perbandingannya dengan material elit pada populasi A dan B program RRS menunjukkan manfaat introduksi material kelapa sawit liar dari Kamerun untuk menunjang program pemuliaan PPKS. Hal ini disebabkan oleh tingginya variabilitas dalam dan antar aksesi populasi kelapa sawit liar dari Kamerun dan adanya alel khusus yang dapat menambah keragaman alel yang ada pada material elit populasi A dan B program RRS. Strategi introgressi material genetik dari plasma nutfah liar ke dalam populasi pemuliaan pernah dilakukan juga pada kapas (Zeng dan Wu, 2012). Informasi yang dihasilkan oleh analisis kekerabatan genetik sangat berguna untuk manajemen plasma nutfah dan program pemuliaan.

Beragamnya kondisi lingkungan pada daerah asal material yang diintroduksi di Kamerun, dihubungkan dengan data morfologi dan alel khusus yang terdapat pada populasi tersebut membuka peluang teridentifikasinya marka SSR yang terpaut dengan sifat khusus. Penelitian mengenai hal tersebut akan dilakukan lebih lanjut.

## KESIMPULAN

Terdapat variabilitas genetik yang tinggi di antara populasi kelapa sawit liar dari Kamerun dan jika dibandingkan dengan material elit pada populasi A dan populasi B program RRS di PPKS. Terdapat individu-individu kelapa sawit liar dari Kamerun yang mengelompok atau tidak mengelompok sesuai aksesinya. Aksesi yang mengelompok sesuai dengan daerahnya hanya terdapat pada sampel aksesi daerah South West dan Littoral. Teridentifikasi beberapa individu kelapa sawit liar dari Kamerun yang memiliki jarak genetik yang dekat dengan populasi A (CMR033.3) atau B (CMR011.1 dan CMR011.2) pada program RRS di PPKS.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kelompok Peneliti Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman PPKS dan manajemen PPKS atas dukungannya selama penelitian berlangsung.

## DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, N., Yusop, M.R., Ithnin, M., Saleh, G. and Latif, M.A. 2011. Genetic variability of oil palm parental genotypes and performance of its'progenies as revealed by molecular markers and quantitative traits. *Comptes Rendus Biologies* 334:290-299.
- Acosta-Quezada, P.G., Vilanova, S., Martínez-Laborde, J.B. and Prohens, J. 2012. Genetic diversity and relationships in accessions from different cultivar groups and origins in the tree tomato (*Solanum betaceum* Cav.). *Euphytica* 187:87-97.
- Ajambang, W., Sudarsono, Asmono, D. and Toruan, N. 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. *African Journal of Biotechnology* 11:13244-13249.
- Anderson, J.A., Churchill, G.A., Autrique, S.D., Tanksley, S.D. dan Sorrells, M.E. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome* 36:181-186.



- Aranzana, M.J., Carbó, J. dan Arús, P. 2003. Microsatellite variability in peach [ *Prunus persica* (L.) Batsch]: cultivar identification, marker mutation, pedigree inferences and population structure. *Theoretical and Applied Genetics* 106:1341-1352.
- Billotte, N., Marseillac, N., Risterucci, A.M., Adon, B., Brottier, P., Baurens, F.C., Singh, R., Herrán, A., Asmady, H., Billot, C., Amblard, P., Durrand-Gasselin, T., Courtois, B., Asmono, D., Cheah, S.C., Rohde, W., Ritter, E. dan Charrier, A. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theoretical and Applied Genetics* 110:754-765.
- Blair, M.W., Cortés, A.J., Penmetsa, R.V., Farmer, A., Carrasquilla-Garcia, N. dan Cook, D.R. 2013. A high-throughput SNP marker system for parental polymorphism screening, and diversity analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 126:535-548.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. dan Davis, R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 32:314-331.
- Cieslarová, J., Smýkal, P., Dockalová, Z., Hanácek, P., Procházka, S., Hýbl, M. dan Griga, M. (2011) Molecular evidence of genetic diversity changes in pea (*Pisum sativum* L.) germplasm after long-term maintenance. *Genetic Resources and Crop Evolution* 58:439-451.
- Corley, R.H.V. dan Tinker, P.B. 2003. The oil palm. 4<sup>th</sup> edition ed. Blackwell Science Ltd, Oxford.
- Duminil, J. dan Di Michele, M. 2009. Plant species delimitation: A comparison of morphological and molecular markers. *Plant Biosystems* 1–15 iFirst Article.
- Fillianti, H., Djuhjana, J., Subagio, A. dan Kusnadi, T. 2014. Genetic diversity of Cameroon wild oil palm accessions at Bah Lias Research Station. 2014 International Oil Palm Conference, Bali. Indonesian Oil Palm Research Institute
- Garris, A.J., Tai, T.H., Coburn, J., Kresovich, S. dan McCouch, S. 2005. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169:1631-1638.
- Hou, B., Tian, M., Luo, J., Ji, Y., Xue, Q. dan Ding, X. 2012 Genetic diversity assessment and ex situ conservation strategy of the endangered *Dendrobium officinale* (Orchidaceae) using new trinucleotide microsatellite markers. *Plant Systematics and Evolution* 298:1483–1491.
- Ji, K., Zhang, D., Motilal, L.A., Boccaro, M., Lachenaud, P. dan Meinhardt, L.W. 2013. Genetic diversity and parentage in farmer varieties of cacao (*Theobroma cacao* L.) from Honduras and Nicaragua as revealed by single nucleotide polymorphism (SNP) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60:441-453.
- Koelling, J., Coles, M.C., Matthews, P.D. dan Schwerkendiek, A. 2012. Development of new microsatellite markers (SSRs) for *Humulus lupulus*. *Molecular Breeding* 30:479–484.
- Krishnan, S., Ranker, T.A., Davis, A.P. dan Rakotomalala, J.J. 2013. An assessment of the genetic integrity of ex situ germplasm collections of three endangered species of *Coffea* from Madagascar: implications for the management of field germplasm collections. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60:1021-1036.
- Mayer, F. dan Kerth, G. 2005. Microsatellite evolution in the mitochondrial genome of Bechstein's bat (*Myotis bechsteinii*). *Journal Molecular Evolution* 61:408-416.
- Motilal, L.A., Zhang, D., Umaharan, P., Mischke, S., Pinney, S. dan Meinhardt, L.W. 2011. Microsatellite fingerprinting in the International Cocoa Genebank, Trinidad: accession and plot homogeneity information for germplasm management. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 1–9.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583-590.
- Nimnuan, A., Romkaew, J., Chukeatirote, E. dan S., N. 2014 Evaluation of genetic relationship among

- some important Japanese and Thai soybean varieties using AFLP analysis. Australian Journal of Crop Science 8: 481-485.
- Orloci, L. (1978) Multivariate analysis in vegetation research. 2<sup>nd</sup> edition ed. The Hague: Dr W. Junk B.V.
- Ottewell, K.M., Donnellan, S.C., Moran, G.F. dan Paton, D.C. 2005. Multiplexed microsatellite markers for the genetic analysis of *Eucalyptus leucoxylon* (Myrtaceae) and their utility for ecological and breeding studies in other *Eucalyptus* species. Journal of Heredity 96:445-451.
- Peakall, R. dan Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes:288-295.
- Rakoczy-Trojanowska, M. dan Bolibok, H. 2004. Characteristics and a comparison of three classes of microsatellite-based markers and their application in plants. Cellular & Molecular Biology Letters 9:221-238.
- Siregar, H.A. dan Wening, S. 2014. Genetic relationship analysis by different allele scoring methods. 2014 International Oil Palm Conference, Bali. Indonesian Oil Palm Research Institute
- Soumaya, R.C., Ghada, B., Sonia, D.D., Salwa, Z.A. dan Mokhtar, T. 2011. Molecular research on the genetic diversity of Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera* L.) using the random amplified microsatellite polymorphism (RAMPO) and amplified fragment length polymorphism (AFLP) methods. African Journal of Biotechnology 10:10352-10356.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. dan Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Molecular Biology and Evolution 30:2725-2729.
- Teulat, B., Aldam, C., Trehin, R., Lebrun, P., Barker, J.H.A., Arnold, G.M., Karp, A., Baudouin, L. dan Rognon, F. 2000. An analysis of genetic diversity in coconut (*Cocos nucifera*) populations from across the geographic range using sequence-tagged microsatellites (SSRs) and AFLPs. Theoretical and Applied Genetics 100:764-771.
- Thormann, I., Yang, Q., Allender, C., Bas, N., Campbell, G., Dullo, M.E., Ebert, A.W., Lohwasser, U., Pandey, C., Robertson, L.D. dan Spellman, O. 2013. Development of best practices for ex situ conservation of radish germplasm in the context of the crop genebank knowledge base. Genetic Resources and Crop Evolution 60:1251-1262.
- Trujillo, I., Ojeda, M.A., Urdiroz, N.M., Potter, D., Barranco, D., Rallo, L. dan Diez, C.M. 2014. Identification of the Worldwide Olive Germplasm Bank of Córdoba (Spain) using SSR and morphological markers. Tree Genetics and Genomes February:141-155.
- Tümbilen, Y., Frary, A., Mutlu, S. dan Doganlar, S. 2011. Genetic diversity in Turkish eggplant (*Solanum melongena*) varieties as determined by morphological and molecular analyses. International Research Journal of Biotechnology 2:016-025.
- Wening, S., Croxford, A.E., Ford, C.S., Thomas, W.T.B., Forster, B.P., Okyere-Boateng, G., Nelson, S.P.C., Caligari, P.D.S. dan Wilkinson, M.J. 2012. Ranking the value of germplasm: new oil palm (*Elaeis guineensis*) breeding stocks as a case study. Annals of Applied Biology 160:145–156.
- Wening, S., Faizah, R., Rahmadi, H.Y., Yenni, Y. dan Purba, A.R. 2013. Sidik jari DNA plasma nutfaf kelapa sawit koleksi Pusat Penelitian Kelapa Sawit. Jurnal Penelitian Kelapa Sawit 21:1-9.
- Wening, S. dan Yenni, Y. 2013. Optimasi Analisa Sidik Jari DNA Kelapa Sawit. Pertemuan Teknis Kelapa Sawit 2013, Jakarta. Pusat Penelitian Kelapa Sawit
- Zeng, L. dan Wu, J. 2012. Germplasm for genetic improvement of lint yield in Upland cotton: genetic analysis of lint yield with yield components. Euphytica 187:247-261.