

PEMILIHAN MARKA SSR: STRATEGI DALAM ANALISIS SIDIK JARI DNA DI PPKS

Sri Wening

ABSTRAK

Analisis sidik jari DNA merupakan salah satu teknik yang dapat membantu mengatasi kendala-kendala yang dialami oleh program pemuliaan kelapa sawit yang dilakukan secara konvensional. Analisis sidik jari DNA di PPKS menggunakan sistem marka molekuler Simple Sequence Repeat (SSR) yang telah digunakan secara luas pada tanaman, yang memiliki beberapa kelebihan jika dibandingkan dengan sistem marka DNA yang lain. Tulisan ini mengulas marka SSR yang digunakan dalam standar analisis sidik jari DNA PPKS pada saat ini. Pemilihan marka SSR yang digunakan, dengan mempertimbangkan aspek posisi marka dalam genom kelapa sawit, karakteristik (motif dan jumlah ulangan) serta jumlah marka yang digunakan dalam analisis.

Kata kunci: *pemuliaan, kelapa sawit, sidik jari DNA, Simple Sequence Repeat*

PENDAHULUAN

Perbaikan genetik kelapa sawit dalam program pemuliaan secara konvensional mengalami beberapa kendala yaitu: diperlukannya lahan yang luas, lamanya siklus hidup atau siklus seleksi, keterbatasan pengetahuan mengenai keragaman genetik populasi pemuliaan, interaksi antara genotipe dan fenotipe serta kesulitan dalam penentuan keabsahan silsilah individu atau progeni (Grattapaglia and Sederoff, 1994; Grattapaglia *et al.*, 1996; Nelson, 2000; Rival *et al.*, 2001). Teknologi DNA berupa analisis sidik jari DNA menghasilkan data genetik yang dapat menghasilkan terobosan guna membantu mengatasi kendala-kendala dalam program pemuliaan kelapa sawit.

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

Analisis sidik jari DNA merupakan analisis profil DNA yang dihasilkan oleh teknik marka DNA tertentu, yang akan memberikan informasi genotipe pada sampel yang dianalisis, untuk tujuan tertentu. Analisis ini telah digunakan pada tanaman untuk mengetahui variabilitas genetik pada suatu populasi (Bassil *et al.*, 2012; Garris *et al.*, 2005; Hamwieh *et al.*, 2009), identifikasi kultivar (Kenis *et al.*, 2001; Moisan-Thiery *et al.*, 2005) dan keabsahan silsilah (Kenis *et al.*, 2001; Mayes *et al.*, 2000). Dalam aplikasinya, diperlukan suatu strategi sehingga sistem analisis sidik jari DNA dapat digunakan secara efisien untuk mencapai tujuan. Tulisan ini mengulas pemilihan marka SSR yang digunakan untuk standar analisis sidik jari DNA di laboratorium PPKS, ditinjau dari jenis motif dan jumlahnya, yang digunakan pada karakterisasi genetik koleksi plasma nutfah kelapa sawit PPKS.

SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR)

Marka *Simple Sequence Repeat* (SSR) telah digunakan untuk analisis sidik jari DNA pada beberapa spesies tanaman (Ensslin *et al.*, 2011; Negri and Tiranti, 2010; Wende *et al.*, 2012; Zaccardelli *et al.*, 2012) termasuk kelapa sawit (Billotte *et al.*, 2001; Wening *et al.*, 2012). Marka DNA ini merupakan teknik dalam analisis sidik jari DNA yang berbasis *Polymerase Chain Reaction* (PCR), teknik yang mudah, murah dan cepat sehingga sesuai diaplikasikan untuk kepentingan analisis sidik jari DNA (Vignal *et al.*, 2002). SSR-PCR memiliki kelebihan dibandingkan marka DNA berbasis PCR yang lain, yaitu mudah digunakan, *reliable*, bersifat kodominan dan sangat polimorfik (Aranzana *et al.*, 2003; Mayer and Kerth, 2005; Ottewell *et al.*, 2005; Rakoczy-Trojanowska and Bolibok, 2004; Teulat *et al.*, 2000). Lebih lanjut, Tabel 1 menguraikan karakteristik beberapa teknik marka DNA.

Tabel 1. Teknik dan karakteristik beberapa marka DNA (diadopsi dari Vignal *et al.* (2002) dan Parker *et al.* (1998), dengan beberapa modifikasi)

Marka	Protokol yang digunakan			Karakteristik				
	Enzim restriksi	PCR	Primer spesifik	Usaha dalam pembentukan	Usaha dalam <i>genotyping</i>	Reproduksi	Akurasi	Tipe Data
RFLP	+	-	+/+	Tinggi	Tinggi	Tinggi	Sangat tinggi	Kodominan
RAPD	-	+	-	Sangat rendah	Sangat rendah	Rendah	Sangat rendah	Dominan
AFLP	+	+	-	Rendah	Sangat rendah	Tinggi	Medium	Dominan, kadang kodominan
SSR	-	+	+	Tinggi	Rendah	Tinggi	Tinggi	Kodominan
SNP	-	+	+	Tinggi	Bervariasi	Tinggi	Sangat tinggi	Kodominan

Beberapa hal yang perlu diperhatikan saat menggunakan marka SSR dalam analisis sidik jari DNA:

1. Penggunaan marka SSR yang telah dipetakan dalam peta genetik atau belum dipetakan

Analisis sidik jari DNA dapat menggunakan marka SSR yang telah dipetakan maupun yang belum dipetakan. Penggunaan marka SSR yang telah dipetakan pada analisis keragaman genetik akan menghasilkan informasi variasi genetik pada daerah genom yang berbeda, sehingga hasil analisis dapat dipercaya kesahihannya, karena memberikan data dari perwakilan daerah di seluruh genom, hal yang tidak dapat dijamin untuk diperoleh jika digunakan marka yang belum dipetakan (Brantestam *et al.*, 2004; Karp *et al.*, 1996). Kelemahan lain dalam penggunaan marka SSR yang belum dipetakan adalah inefisiensi, karena adanya kemungkinan penggunaan beberapa marka yang sebenarnya saling berdekatan secara fisik pada genom. Locus-lokus yang berdekatan akan memiliki frekuensi rekombinasi yang kecil sehingga kemungkinan besar memiliki variabilitas yang serupa.

2. Pemilihan karakteristik marka SSR

Untuk tujuan analisis keragaman genetik setiap locus pada populasi yang dianalisis, variabilitas SSR tiap locus menjadi hal yang sangat penting dalam

pemilihan marka SSR. Variabilitas SSR dipengaruhi oleh struktur dan panjang sekuen berulang dan mutasi poin sepanjang daerah genom pengapit SSR (Cho *et al.*, 2000; Di Gaspero *et al.*, 2000). Penggunaan marka SSR untuk kajian variabilitas genetik memerlukan marka SSR yang memiliki motif dan panjang yang serupa, untuk memastikan bahwa variabilitas data merupakan variabilitas antar lokus atau populasi yang diamati (Wening *et al.*, 2010). Semakin panjang motif sekuen berulang pada SSR, semakin polimorfik sifat marka SSR tersebut. Hal tersebut telah dilaporkan oleh Yu *et al.* (2002) dimana pada bunga matahari, marka SSR bermotif tetranukleotida biasanya lebih polimorfik daripada motif dinukleotida dan trinukleotida.

3. Jumlah marka SSR dalam suatu analisis

Jumlah marka atau locus pada genom yang dianalisis mempengaruhi hasil yang diperoleh dalam suatu kajian. Secara garis besar, semakin banyak jumlah marka atau locus yang dianalisis, akan semakin banyak jumlah data yang diperoleh, sehingga akurasi hasil akan semakin lebih baik. Tetapi, selain dipengaruhi oleh jumlah locus, hasil analisis juga dipengaruhi oleh posisi locus dalam genom. Pada suatu analisis, walaupun jumlah locus yang digunakan banyak, tetapi jika locus yang digunakan tersebut memiliki jarak fisik yang dekat pada genom, belum

cukup mewakili keragaman genom di berbagai daerah yang berbeda. Jumlah lokus yang dibutuhkan dalam suatu analisis juga tergantung pada tujuan analisis dan kemampuan tiap lokus yang digunakan untuk menghasilkan data yang polimorfik. Banyaknya lokus yang dianalisis akan dibatasi oleh ketersediaan sumber daya yang dimiliki untuk melakukan analisis sidik jari DNA. Penentuan jumlah lokus yang cukup dan dapat terpenuhi oleh sumber daya yang ada merupakan suatu hal yang penting untuk dipertimbangkan.

ENAM BELAS MARKA SSR YANG DIGUNAKAN SEBAGAI STANDAR DALAM ANALISIS SIDIK JARI DNA DI PPKS

Saat ini, PPKS menggunakan 16 marka SSR sebagai standar dalam analisis sidik jari DNA (Tabel 2). Keenam belas marka tersebut diadopsi dari Billotte *et al.* (2005), dimana protokol ekstraksi DNA dan amplifikasi SSR yang digunakan mengacu pada Wening dan Yenni (2013). Pemilihan 16 marka SSR tersebut berdasarkan pada pertimbangan bahwa:

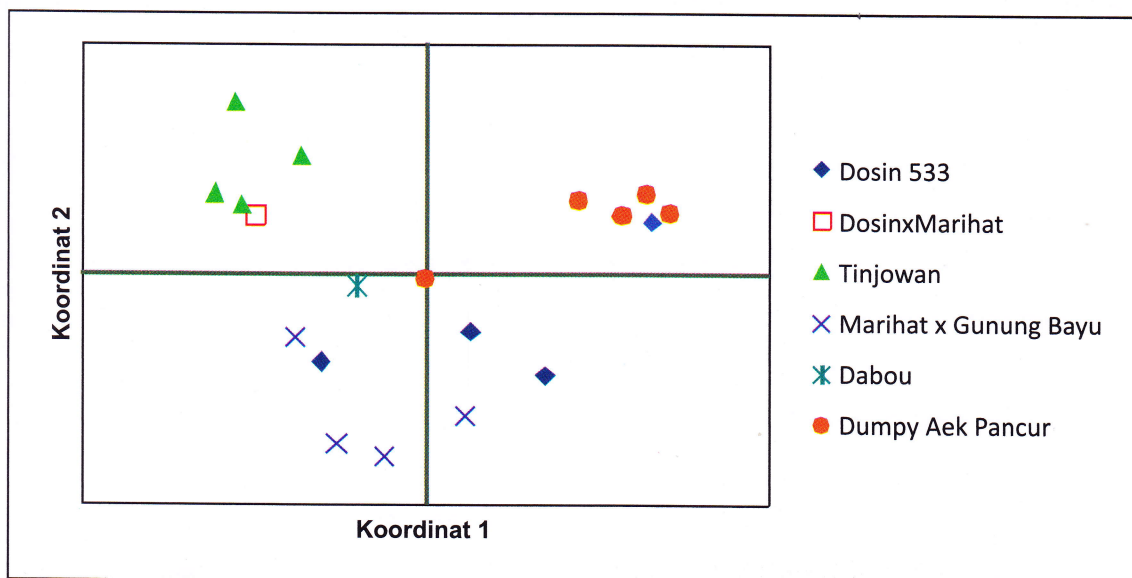
1. Kelapa sawit memiliki konstituen kromosom somatik sejumlah $2n=2x=32$ (Rival and Parveez, 2005). Tiap marka yang digunakan pada analisis mewakili satu kromosom kelapa sawit, sehingga secara teori, jarak antar lokus yang digunakan cukup besar ($>50\text{cM}$). Hal ini untuk menghindari terjadinya penggunaan lokus-lokus yang memiliki frekuensi rekombinasi yang rendah. Untukantisipasi penambahan jumlah lokus dalam analisis standar, maka keenam belas marka yang dipilih berada di bagian atas tiap *linkage group*, dengan harapan, jika lokus yang digunakan akan bertambah di waktu yang akan datang, akan tetap ada jarak yang cukup besar antar lokus yang digunakan pada tiap kromosom.
2. Marka SSR yang digunakan memiliki motif yang sama (GA) dengan jumlah ulangan yang berkisaran sempit (13 hingga 20), yang dimaksudkan agar informasi keragaman genetik yang diperoleh antar lokus yang berbeda adalah karena perbedaan evolusi antar individu atau populasi yang dianalisis, dan bukan karena perbedaan tingkat mutasi marka SSR yang disebabkan oleh perbedaan motif dan ulangnya (Pardi *et al.*, 2005).
3. Jumlah lokus yang dianalisis adalah 16, dimana jumlah tersebut relatif lebih banyak daripada yang digunakan pada beberapa penelitian-penelitian sidik jari DNA lainnya. Moisan-Thiery *et al.* (2005) menggunakan 4 hingga 5 lokus SSR, yang telah dapat membedakan 286 kultivar kentang. Abdullah *et al.* (2008) menggunakan 9 lokus SSR yang dapat mendeteksi terpisahnya populasi tetua dura dan pisifera secara genetik. Sementara itu, Cochard *et al.* (2009) menggunakan 14 lokus SSR untuk analisis keragaman genetik kelapa sawit. Jumlah lokus yang digunakan tersebut masih lebih sedikit jika dibandingkan pada penelitian yang dilakukan oleh Otoo *et al.* (2009) yang menggunakan 21 marka SSR untuk analisis variabilitas tingkat molekuler dan kekerabatan genetik salah satu grup yam, dan pada penelitian yang dilakukan oleh Kane dan Rieseberg (2007) yang menggunakan 128 lokus SSR untuk mengidentifikasi suatu daerah genom yang memiliki variabilitas yang secara signifikan lebih kecil dimiliki oleh suatu populasi dibandingkan pada populasi yang lain. Ajambang *et al.* (2012) menggunakan 16 lokus SSR untuk menganalisis keragaman genetik kelapa sawit liar dari Kamerun, tetapi tiap lokus yang digunakan tidak mewakili tiap kromosom kelapa sawit.

Tabel 2. Enam belas marka SSR (Billotte et al., 2005) yang digunakan dalam standar analisis sidik jari DNA di PPKS, motif, lokasi dan kisaran produknya pada sampel koleksi plasma nutfah PPKS (Wening et al., 2013b)

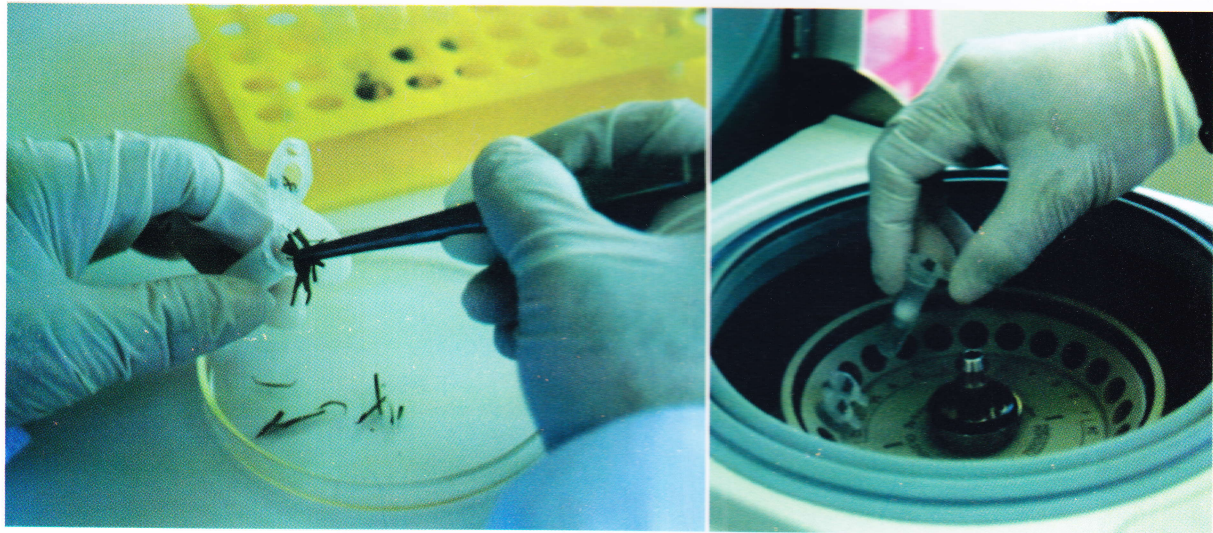
No.	Lokus SSR	(Motif) _{Jumlah ulangan}	Lokasi <i>Linkage group</i>	Kisaran produk/alel(bp)
1.	mEgCIR0257	(GA) ₁₇	1	288-321
2.	mEgCIR2149	(GA) ₂₀	2	113-137
3.	mEgCIR2347	(GA) ₁₅	3	163-175
4.	mEgCIR3775	(GA) ₁₈	4	187-211
5.	mEgCIR3691	(GA) ₁₄	5	193-210
6.	mEgCIR0783	(GA) ₁₅	6	311-334
7.	mEgCIR0894	(GA) ₁₈	7	163-220
8.	mEgCIR2887	(GA) ₁₆	8	94-178
9.	mEgCIR2224	(GA) ₁₇	9	106-131
10.	mEgCIR3213	(GA) ₁₃	10	108-116
11.	mEgCIR3400	(GA) ₁₆	11	154-172
12.	mEgCIR3311	(GA) ₁₅	12	188-211

Keenam belas lokus SSR tersebut telah diaplikasikan dalam analisis sidik jari DNA di Laboratorium Biologi Molekuler PPKS, untuk tujuan analisis keragaman genetik koleksi plasma nutfah PPKS (contoh pada Gambar 1) dan uji legitimasi projeni kelapa sawit (Faizah et al., 2013; Wening et al., 2013a; Wening et al., 2013c). Proses pengerjaan analisis tersebut meliputi ekstraksi DNA dan *Polymerase Chain*

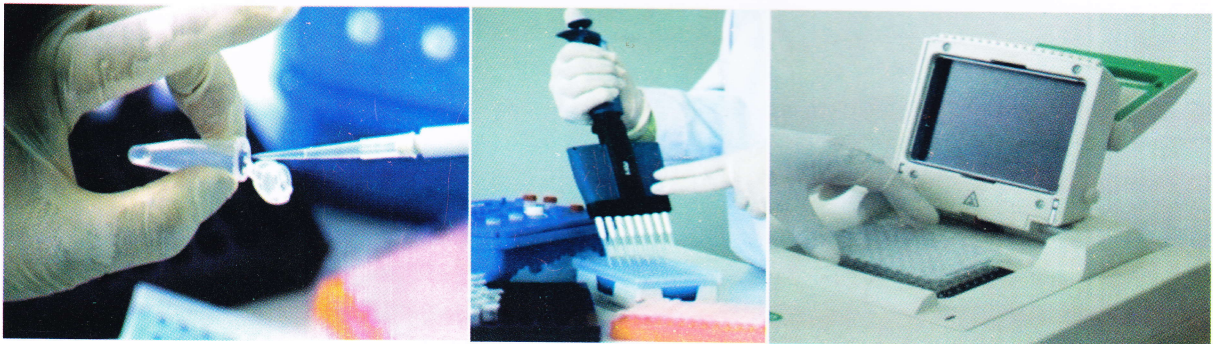
Reaction atau PCR (diilustrasikan pada Gambar 2 dan 3). Jumlah tersebut dianggap telah mencukupi untuk analisis keragaman genetik plasma nutfah dan uji legitimasi projeni kelapa sawit, walaupun, peninjauan jumlah lokus diperlukan jika akan digunakan untuk tujuan analisis yang lain, misalnya untuk identifikasi *selective sweep* dan identifikasi *doubled haploid* (Casa et al., 2005; Dunwell et al., 2010).



Gambar 1. Hasil analisis kekerabatan genetik 6 populasi pemuliaan kelapa sawit yang digunakan sebagai populasi A pada program RRS di PPKS, menggunakan 16 marka SSR (Billotte et al., 2005). Gambar merupakan hasil adaptasi dari dua dimensi PCO hasil dari Genalex version 6.4 (Peakall and Smouse, 2006), yang dikutip dari Wening et al. (2013a).



Gambar 2. Proses ekstraksi DNA di Laboratorium Biologi Molekuler PPKS (Foto: FAL)



Gambar 3. Proses pengerjaan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) di Laboratorium Biologi Molekuler PPKS (Foto: FAL dan DAN)

Pengembangan dan perbaikan sistem standar analisis sidik jari DNA masih terus dilakukan untuk memperoleh sistem yang lebih baik dan optimal. Selain aspek jumlah lokus yang diperlukan dalam analisis, masih terdapat beberapa aspek lain yang masih bisa dikembangkan. Misalnya: penggunaan sistem marka DNA lain yang lebih sesuai dengan tujuan analisis dan sumber daya yang dimiliki untuk pelaksanaan analisis, optimasi protokol, sistem database data koleksi DNA dan hasil *genotyping*, serta analisis data.

KESIMPULAN

Sistem standar analisis sidik jari DNA di PPKS menggunakan enam belas marka SSR yang ditentukan dengan pertimbangan bahwa marka SSR

tersebut telah dipetakan dalam kromosom kelapa sawit dan tidak dalam posisi terpaut antara satu dengan yang lainnya, memiliki motif dan jumlah ulangan yang tertentu serta jumlah tersebut telah mencukupi untuk sebagian besar analisis sidik jari DNA kelapa sawit. Pengembangan dan perbaikan sistem standar analisis sidik jari DNA masih terus dilakukan untuk memperoleh sistem yang lebih baik dan optimal.

UCAPAN TERIMA KASIH

Tim Kelompok Peneliti Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman PPKS atas bantuannya selama pengerjaan tulisan ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah N., Yusop M.R., Ithnin M., Saleh G. (2008) Genetic variation among oil palm parent genotypes and their progenies based on microsatellite markers. *Journal of Oil Palm Research* 20:533-541.
- Ajambang W., Sudarsono, Asmono D., 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.
- Aranzana M.J., Carbó J., 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.
- Bassil N., Boccacci P., Botta R., Postman J., Mehlenbacher S. (2012) Nuclear and chloroplast microsatellite markers to assess genetic diversity and evolution in hazelnut species, hybrids and cultivars. *Genetic Resource and Crop Evolution* Published online 19 July 2012.
- Billotte N., Risterucci A.M., Barcelos E., Noyer J.L., Amblard P., Baurens F.C. (2001) Development, characterization, and across-taxa utility of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) microsatellite markers. *Genome* 44:1-14.
- Billotte N., Marseillac N., Risterucci A.M., Adon B., Brottier P., Baurens F.C., Singh R., Herrán A., Asmady H., Billot C., Amblard P., Durand-Gasselin T., Courtois B., Asmono D., Cheah S.C., Rohde W., Ritter E., Charrier A. (2005) Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theoretical and Applied Genetics* 110:754-765.
- Brantestam A.K., Von Bothmer R., Dayteg C., Rashal I., Tuveesson S., Weibull J. (2004) Inter Simple Sequence Repeat analysis of genetic diversity and relationships in cultivated barley of Nordic and Baltic origin. *Hereditas* 141:186-192.
- Casa A.M., Mitchell S.E., Hamblin M.T., Sun H., Bowers J.E., Paterson A.H., Aquadro C.F., Kresovich S. (2005) Diversity and selection in sorghum: simultaneous analyses using simple sequence repeats. *Theoretical and Applied Genetics* 111:23-30.
- Cho Y.G., Ishii T., Temnykh S., Chen X., Lipovich L., McCouch S.R., Park W.D., Ayres N., Cartinhour S. (2000) Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 100:713-722.
- Cochard B., Adon B., Rekima S., Billotte N., de Chenon R.D., Koutou A., Nouy B., Omoré A., Purba A.R., Glazsmann J.-C., Noyer J.-L. (2009) Geographic and genetic structure of African oil palm diversity suggests new approaches to breeding *Tree Genetics & Genomes* 5:493-504.
- Di Gaspero G., Peterlunger E., Testolin R., Edwards K.J., Cipriani G. (2000) Conservation of microsatellite loci within the genus *Vitis*. *Theoretical and Applied Genetics* 101:301-308.
- Dunwell J.M., Wilkinson M.J., Nelson S., Wening S., Sitorus A.C., Mienanti D., Alfiko Y., Croxford A.E., Ford C.S., Forster B.P., Caligari P.D.S. (2010) Production of haploids and doubled haploids in oil palm. *BMC Plant Biology* 10:218.
- Ensslin A., Sandner T.M., Matthies D. (2011) Consequences of ex situ cultivation of plants: Genetic diversity, fitness and adaptation of the monocarpic *Cynoglossum officinale* L. in botanic gardens. *Biological Conservation* 144:272-278.
- Faizah R., Wening S., Rahmadi H.Y., Yenni Y., Purba A.R. (2013) Analisa legitimasi projeni kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR), Konferensi Pengembangan Industri Hilir Kelapa Sawit (POIDeC 2013), Jakarta.
- Garris A.J., Tai T.H., Coburn J., Kresovich S., McCouch S. (2005) Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169:1631-1638.

- Grattapaglia D., Sederoff R. (1994) Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: Mapping strategy and RAPD markers. *Genetics* 137:1121-1137.
- Grattapaglia D., Bertolucci F.L.G., Penchel R., Sederoff R.R. (1996) Genetic mapping of quantitative trait loci controlling growth and wood quality traits in *Eucalyptus grandis* using a maternal half-sib family and RAPD markers. *Genetics* 144:1205-1214.
- Hamwih A., Udupa S.M., Sarker A., Jung C., Baum M. (2009) Development of new microsatellite markers and their application in the analysis of genetic diversity in lentils. *Breeding Science* 59:77-86.
- Kane N.C., Rieseberg L.H. (2007) Selective sweeps reveal candidate genes for adaptation to drought and salt tolerance in common sunflower, *Helianthus annuus*. *Genetics* 175:1823-1834.
- Karp A., Seberg O., Buiatti M. (1996) Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. *Annals of Botany* 78:143-149.
- Kenis K., Pauwels E., Van Houtvinck N., Keulemans J. (2001) The use of microsatellites to establish unique fingerprints for apple cultivars and some of their descendants, in: C. Doré, et al. (Eds.), *International Symposium on Molecular Markers for Characterizing Genotypes and Identifying Cultivars in Horticulture*, ISHS Acta Horticulturae 546, Montpellier.
- Mayer F., Kerth G. (2005) Microsatellite evolution in the mitochondrial genome of Bechstein's bat (*Myotis bechsteinii*). *Journal Molecular Evolution* 61:408-416.
- Mayes S., Jack P.L., Corley R.H.V. (2000) The use of molecular markers to investigate the genetic structure of an oil palm breeding programme. *Heredity* 85:288-293.
- Moisan-Thiery M., Marhadour S., Kerlan M.C., Dessenne N., Perramant M., Gokelaere T., Le Hingrat Y. (2005) Potato cultivar identification using Simple Sequence Repeats markers (SSR). *Potato Research* 48:191-200.
- Negri V., Tiranti B. (2010) Effectiveness of in situ and ex situ conservation of crop diversity. What a *Phaseolus vulgaris* L. landrace case study can tell us. *Genetica* 138:985-998.
- Nelson S.P.C. (2000) *The investigation into aspects of oil palm breeding*, The University of Reading, Reading. pp. 232.
- Otoo E., Akromah R., Kolesnikova-Allen M., Asiedu R. (2009) Delineation of pona complex of yam in Ghana using SSR markers *International Journal of Genetics and Molecular Biology* 1:006-016.
- Ottewell K.M., Donnellan S.C., Moran G.F., 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.
- Pardi F., Sibly R.M., Wilkinson M.J., Whittaker J.C. (2005) On the structural differences between markers and genomic AC microsatellites. *Journal of molecular evolution* 60:688-693.
- Parker P.G., Snow A.A., Schug M.D., Booton G.C., Fuerst P.A. (1998) What molecules can tell us about populations: Choosing and using a molecular marker. *Ecology* 79:361-382.
- Peakall R., 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., 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.
- Rival A., Parveez G.K.A. (2005) *Elaeis guineensis* oil palm, in: R. E. Litz (Ed.), *Biotechnology of fruit and nut crops*. pp. 113-143.
- Rival A., Tregear J., Jaligot E., Morcillo F., Aberlenc F., Billotte N., Richaud F., Beule T., Borgel A., Duval Y. (2001) Oil palm biotechnology: progress and prospects. *Oléagineux, Corps Gras, Lipides* 8:295-306.
- Teulat B., Aldam C., Trehin R., Lebrun P., Barker J.H.A., Arnold G.M., Karp A., Baudouin L., 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.
- Vignal A., Denis M., Sancristobal M., Eggen A. (2002) A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution* 34:275-305.
- Wende A., Shimelis H., Derera J., Mosisa W., Danson J., Laing M.D. (2012) Genetic interrelationships among medium to late maturing tropical maize inbred lines using selected SSR markers. *Euphytica* November.
- Wening S., Yenni Y. (2013) Optimasi Analisa Sidik Jari DNA Kelapa Sawit, Pertemuan Teknis Kelapa Sawit 2013, Pusat Penelitian Kelapa Sawit, Jakarta.
- Wening S., Faizah R., Yenni Y., Purba A.R. (2013a) Aplikasi sidik jari DNA dalam manajemen plasma nutfah kelapa sawit, Pertemuan Teknis Kelapa Sawit, Pusat Penelitian Kelapa Sawit, Jakarta.
- Wening S., Faizah R., Rahmadi H.Y., Yenni Y., Purba A.R. (2013b) Identifikasi kandidat individu kelapa sawit dengan tingkat homozigositas tinggi melalui analisis sidik jari DNA. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit* 21:56-63.
- Wening S., Faizah R., Rahmadi H.Y., Yenni Y., Purba A.R. (2013c) Sidik jari DNA plasma nutfah kelapa sawit koleksi Pusat Penelitian Kelapa Sawit. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit* 21:1-9.
- 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., 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., Ananda W.U., Croxford A.E., Ford C.S., Thomas W.T.B., Forster B.P., Okyere-Boateng G., Nelson S.P.C., Wilkinson M.J., Caligari P.D.S. (2010) Graphical genotyping of oil palm genetic diversity, International Oil Palm Conference, IOPRI, Yogyakarta.
- Yu J.-K., Mangor J., Thompson L., Edwards K.J., Slabaugh M.B., Knapp S.J. (2002) Allelic diversity of simple sequence repeats among elite inbred lines of cultivated sunflower. *Genome* 45:652-660.
- Zaccardelli M., Sonnante G., Lupo F., Piergiovanni A.R., Laghetti G., Sparvoli F., Lioi L. (2012) Characterization of Italian chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm by multidisciplinary approach. *Genetic Resource and Crop Evolution* 60:865-877.