

Identifikasi Penanda SSR yang Berasosiasi dengan Bobot Tandan Buah Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.)

*Identification of SSR Markers Associated with Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) Bunch Weight*

Dwi Yono^{1,3}, Yudiwanti Wahyu^{2*}, Sobir², dan Nurita Toruan-Mathius³

¹Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman, Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor

²Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor (Bogor Agricultural University), Jl. Meranti, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680, Indonesia

³Divisi Plant Production and Biotechnology, PT SMART Tbk., Sinarmas Land Plaza, Menara II, lantai 10 Jl. M.H. Thamrin No. 51, Menteng, Jakarta Pusat 10350, Indonesia

Diterima 14 Desember 2015/Disetujui 19 Mei 2016

ABSTRACT

Oil palm is a perennial oil crop that is the most important source of vegetable oil in the world. Oil palm breeding cycle takes a long period of time, therefore molecular marker-assisted selection (MAS) is required to shorten the selection time. This MAS requires the associated marker to desired trait, particularly for yield and yield components as a complex trait and depend on genetic background. The aim of this study was to obtain SSR marker associated with average of bunch weight (ABW). Planting material used in this study was Tenera population derived from Deli Dura x AVROS Pisifera. Seven SSR markers associated to ABW trait from public database were studied. Molecular data were analyzed for SSR markers profile which consisted of allelic diversity, heterozygosity level, and polymorphism information content (PIC). Association between SSR markers to ABW traits was performed with single marker analysis using one way analysis of variance. The results showed that SSR markers were able to amplify DNA with two to three alleles with the average of 2.3 alleles per locus. ABW trait for this population was significantly associated with mEgCIR3428 marker. This marker may be used in the selection of Deli Dura and AVROS Pisifera palm on the further MAS cycle.

Keywords: Average of bunch weight, AVROS Pisifera, Deli Dura, single marker analysis

ABSTRAK

Kelapa sawit tergolong ke dalam tanaman tahunan yang berperan penting sebagai sumber minyak nabati dunia. Siklus pemuliaan tanaman kelapa sawit membutuhkan periode waktu yang cukup lama, karena itu penanda molekuler sangat diperlukan untuk mempersingkat waktu seleksi. Seleksi dengan bantuan penanda molekuler memerlukan penanda yang berasosiasi dengan karakter yang diinginkan, terutama daya hasil dan komponennya yang merupakan karakter kompleks dan tergantung pada latar belakang genetik. Penelitian ini bertujuan mendapatkan penanda SSR yang berasosiasi dengan karakter bobot tandan rata-rata (BTR). Bahan tanam yang digunakan adalah populasi Tenera (Dura Deli x Pisifera AVROS). Populasi yang digunakan tersebut memiliki keragaman BTR yang signifikan berbeda. Sebanyak tujuh penanda SSR yang berasosiasi dengan karakter BTR dari basis data publik digunakan dalam penelitian ini. Data molekuler dianalisis untuk mengetahui profil penanda SSR yang terdiri dari keragaman alelik, tingkat heterozigositas dan informasi polimorfisme. Asosiasi antara penanda SSR dengan karakter BTR menggunakan analisis satu penanda dengan pembuatan sidik ragam satu faktor. Hasil penelitian menunjukkan bahwa penanda SSR mampu mengamplifikasi DNA dengan jumlah alel dua hingga tiga dan rata-rata sebesar 2.3 alel per lokus. BTR pada populasi Tenera (DxP) berasosiasi secara signifikan dengan penanda mEgCIR3428. Penanda mEgCIR3428 dapat menjadi satu kandidat penanda untuk kegiatan seleksi tetua kelapa sawit Dura Deli dan Pisifera AVROS pada siklus seleksi selanjutnya.

Kata kunci: Analisis satu penanda, bobot tandan rata-rata, Dura Deli, Pisifera AVROS

* Penulis untuk korespondensi. e-mail: yudiwanti@apps.ipb.ac.id

PENDAHULUAN

Seleksi pada pemuliaan tanaman kelapa sawit secara konvensional dilakukan berdasarkan karakter fenotipik, yang terdiri dari karakter vegetatif dan generatif. Karakter tersebut dapat berupa karakter morfologi ataupun biokimia. Satu siklus pemuliaan tanaman kelapa sawit dengan metode *Reciprocal Recurrent Selection* (RRS) memerlukan waktu sekitar 19-20 tahun (Wong dan Bernardo, 2008; Cros *et al.*, 2015).

Jumlah kromosom pada kelapa sawit adalah $2n=2x=32$. Seleksi tanaman menggunakan penanda molekuler telah dikembangkan, baik dalam jumlah penanda yang banyak dan menyebar pada seluruh kromosom (*genomewide selection*) ataupun hanya menggunakan penanda yang berasosiasi terhadap karakter fenotipik tertentu (*marker-assisted selection*). Penggunaan penanda molekuler dalam pemuliaan tanaman kelapa sawit dapat menyingkat waktu pemuliaan hingga 68% (Wong dan Bernardo, 2008) bahkan 70% (Cros *et al.*, 2015) dibandingkan dengan seleksi berdasarkan karakter fenotipik yaitu dari sekitar 19-20 tahun menjadi sekitar 6 tahun.

Analisis asosiasi penanda molekuler terhadap beberapa karakter fenotipik penting pada tanaman kelapa sawit telah dilakukan. Singh *et al.* (2009) memperoleh lokus yang berasosiasi dengan karakter komposisi asam lemak. Ukoskit *et al.* (2014) menemukan lokus yang berasosiasi dengan rasio seks. Lee *et al.* (2015) mendapatkan penanda molekuler yang berasosiasi dengan karakter tinggi tanaman.

Walaupun peta *quantitative trait loci* (QTL) pada kelapa sawit telah ditemukan, namun peta tersebut hanya berlaku pada populasi yang diuji dan memerlukan pengujian jika akan digunakan pada populasi dengan latar belakang genetik yang berbeda. Xie *et al.* (2008) menyatakan bahwa QTL dipengaruhi oleh latar belakang genetik, namun terdapat penanda yang stabil pada beberapa latar belakang genetik dan dapat digunakan dalam seleksi. Wang *et al.* (2014) menyatakan bahwa ekspresi QTL untuk hasil dan komponen hasil sangat dipengaruhi oleh latar belakang genetik dari populasi yang diuji. Penanda genetik yang dapat membedakan suatu karakter pada berbagai populasi dengan latar belakang genetik yang berbeda dapat dikatakan sebagai penanda genetik yang handal.

Penelitian ini merupakan asosiasi penanda mikrosatelit atau *simple sequence repeat* (SSR) dengan karakter bobot tandan rata-rata (BTR) pada populasi kelapa sawit *Tenera* (*DxP*). Penanda SSR yang digunakan berdasarkan peta QTL yang telah dibuat oleh Billotte *et al.* (2010) yang menggunakan persilangan antara *Dura* Deli x *Tenera* La Mé dan *Dura* Deli x *Tenera* Yangambi. Karakter BTR digunakan dalam penelitian ini karena dari seluruh karakter vegetatif dan komponen hasil yang diamati, karakter ini memiliki efek atau korelasi yang nyata dan relatif lebih kuat terhadap hasil tandan buah segar dan minyak sawit yang diperoleh. Selain itu, karakter BTR memiliki nilai heritabilitas arti luas yang cukup tinggi, sebesar 66-88.6% (Noh *et al.*, 2014; Okoye *et al.*, 2009). Penelitian ini bertujuan mendapatkan penanda SSR yang berasosiasi dengan karakter BTR pada populasi *Tenera* (*DxP*).

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan dari bulan Februari sampai dengan Oktober 2015. Kegiatan laboratorium dilaksanakan di Divisi Plant Production and Biotechnology, PT SMART Tbk, Sentul, Jawa Barat. Kegiatan dalam penelitian ini terdiri dari analisis profil BTR, profil penanda SSR, dan asosiasi penanda SSR dengan BTR.

Pemilihan Bahan Tanam dan Penanda SSR

Bahan tanaman yang digunakan adalah populasi *Tenera* (*Dura* Deli x *Pisifera* AVROS) yang ditanam tahun 2004 di Kebun Percobaan (uji progeni) Sumatera Utara. Populasi uji progeni tersebut berjumlah 5,426 tanaman *Tenera* yang terkelompok dalam 145 progeni. Tetua persilangan dalam membentuk populasi ini berjumlah 25 famili *Dura* dan 22 *Pisifera* yang disilangkan menggunakan rancangan kelompok tidak lengkap. Data BTR merupakan data rata-rata selama enam tahun dari tahun 2007 hingga 2012. Analisis molekuler menggunakan populasi tanaman terpilih. Pemilihan tanaman *Tenera* untuk analisis molekuler yaitu dengan memilih dua tanaman dengan BTR tertinggi dan dua tanaman dengan BTR terendah dari tiap famili *Dura*. Sepuluh dari 100 tanaman terpilih tidak dapat dianalisis karena telah mati, sehingga analisis hanya menggunakan 90 tanaman.

Penanda SSR yang digunakan merupakan penanda yang diduga berasosiasi dengan karakter BTR pada populasi lain (Billotte *et al.*, 2010). Berdasarkan peta QTL pada populasi tersebut terdapat sedikitnya tujuh penanda yang berdekatan dengan lokus karakter BTR (Tabel 1).

Karakterisasi Molekuler

Sumber *deoxyribonucleic acid* (DNA) yang digunakan adalah daun muda dari pelepah ketiga. DNA diisolasi menggunakan kit *Nucleospin Plant II*TM (Macherey-Nagel, 2014). Kualitas dan kuantitas DNA diuji menggunakan elektroforesis dengan gel agarosa 1% dan alat NanoDropTM 2000 *Spectrophotometers*. Tahap isolasi DNA perlu diulang jika hasil elektroforesis kotor atau lebih dari satu pita dan konsentrasi di bawah 25 ng μL^{-1} . DNA tiap sampel diencerkan hingga konsentrasi 25 ng μL^{-1} .

Optimasi suhu *annealing* dari tiap penanda SSR dilakukan menggunakan alat Veriti 96-Well Thermal Cycler model 9902. Penanda SSR dari tiap DNA sampel diamplifikasi menggunakan alat Veriti 96-Well Thermal Cycler model 9902. Kualitas hasil PCR diuji menggunakan elektroforesis dengan gel agarosa 1%. Jika pita hasil elektroforesis kurang jelas maka perlu dilakukan amplifikasi ulang. DNA hasil PCR diseparasi menggunakan alat QIAxcel System. Hasil separasi diskoring berdasarkan ukuran pasang basa (pb) DNA menjadi dua jenis data, yaitu data kodominan dan data genotipik. Data kodominan berupa angka dengan skor 1 merupakan alel terpendek dari suatu lokus, skor 2 merupakan alel yang lebih panjang dari skor 1, dan seterusnya. Data genotipik serupa dengan data

Tabel 1. Tujuh penanda SSR yang berasosiasi dengan BTR berdasarkan peta QTL dari Billotte *et al.* (2010)

Lokus	Kelompok keterpautan	Sekuen primer (5'-3')	Motif	Panjang (pb)
mEgCIR0408	2	F: TTGCGGCCCATCGTAATC R: TTTCTCCCTGTGACGTCCT	(CCG)5	574
mEgCIR3428	1	F: GACAGCTCGTGATGTAGA R: GTTCTTGCCGCTATAT	(GA)15	290
mEgCIR0195	6	F: CCCACCACCCCTAGCTTCTC R: ACCCCGGTCCAAATAAAATC	(GA)21	272
mEgCIR2595	4	F: TCAAAGAGCCGCACAACAAG R: ACTTTGCTGCTTGGTGACTTA	(GA)16	439
mEgCIR0804	6	F: GGAGTTAGTAAGTTAGTGAGAGAGA R: GCGTTGTTTGGATGATG	(GA)16	579
mEgCIR2387	7	F: TTGGTGAGCCATTTGCTACA R: CCTCCTTCCACCCCTCTACT	(GA)11	611
mEgCIR3672	12	F: AAAGCCATTCCAGACTAC R: CTCATAGCCTTTGTTGTGT	(GA)17	365

kodominan, hanya saja skor angka diubah menjadi skor huruf a, b, dan seterusnya dengan skor a adalah skor 1 pada data kodominan.

Analisis data menggunakan tiga perangkat lunak yaitu PowerMarker v3.15 (Liu dan Muse, 2005), GenAIEx v6.5 (Peakall dan Smouse, 2012), dan SPSS 20. PowerMarker v3.15 menggunakan data skoring berupa data genotipik sebagai bahan analisis keragaman alelik dan polimorfisme. GenAIEx v6.5 menggunakan data kodominan sebagai bahan analisis heterozigositas dan variasi molekuler. Dalam analisis variasi molekuler, sumber keragaman dikelompokkan menjadi tiga, yaitu Fst, Fis, dan Fit. Faktor Fst mencerminkan pengaruh dari 25 famili Dura, Fis mencerminkan pengaruh ragam individu tanaman dalam tiap famili Dura, Fit mencerminkan pengaruh interaksi antara famili dura dan individu tanaman dalam tiap famili Dura terhadap keragaman data molekuler populasi tanaman terpilih. SPSS 20 menggunakan data genotipik sebagai bahan analisis asosiasi.

Profil BTR Populasi Uji Progeni dan Populasi Tanaman Terpilih

Analisis deskriptif dan inferensia dilakukan terhadap BTR pada populasi uji progeni (5,426 tanaman) dan populasi tanaman terpilih (90 tanaman). Analisis statistik deskriptif dan sidik ragam dilakukan pada sebaran dan keragaman data BTR dari populasi uji progeni. Analisis deskriptif dan uji t dilakukan pada dua kelompok *Tenera* yang terbentuk pada populasi tanaman terpilih berdasarkan besarnya nilai BTR. Analisis dilakukan menggunakan perangkat lunak SPSS 20.

Profil Penanda SSR Populasi Tanaman Terpilih

Populasi tanaman terpilih yang digunakan terdiri dari 90 tanaman *Tenera*. Analisis data molekuler meliputi profil hasil karakterisasi penanda SSR, analisis tingkat heterozigositas, analisis polimorfisme, dan analisis variasi molekuler. Keragaman alelik merupakan keragaman yang diukur dari jumlah alel yang terdeteksi, salah satu profil yang dihitung adalah jumlah alel per lokus. Analisis tingkat heterozigositas dapat menunjukkan proporsi genotipe heterozigot yang terdeteksi dari karakterisasi genotipik, dibandingkan dengan genotipe total.

Analisis polimorfisme dapat menunjukkan beragamnya alel yang diperoleh, semakin banyak yang berbeda maka akan semakin tinggi polimorfismenya, yang ditunjukkan dengan nilai *polymorphic information content* (PIC). Analisis variasi molekuler mampu merepresentasikan perbandingan antara keragaman genotipik antar tanaman maupun berdasarkan famili *Dura*.

Penanda SSR yang Berasosiasi dengan Karakter BTR

Data genotipik digabungkan dengan data BTR, selanjutnya data dianalisis menggunakan perangkat lunak SPSS 20. Analisis asosiasi tujuh penanda SSR dengan BTR dilakukan menggunakan metode *single marker analysis* (Champoux *et al.*, 1995).

Metode ini dilakukan menggunakan sidik ragam, genotipe tanaman dari hasil skoring sebagai peubah bebas (X) dan BTR sebagai peubah tidak bebas (Y). Sidik ragam dilakukan terhadap masing-masing penanda SSR. Model linear dari tiap sidik ragam adalah $Y_{ij} = \mu + X_i + \epsilon_{ij}$ dengan Y_{ij} = peubah BTR pada genotipe ke-i dan tanaman ke-j,

Tabel 2. Sidik ragam BTR populasi pengujian progeni berdasarkan famili *Dura*

Sumber keragaman	db	Jumlah kuadrat	Kuadrat tengah	F hitung	Prob>F
Famili <i>Dura</i>	24	620	25.8	8.4	0.000
Galat	5,401	16,592.1	3.1		
Total terkoreksi	5,425	17,212.1			

Keterangan: Prob = probabilitas; db = derajat bebas

μ = rata-rata umum, X_i = pengaruh genotipe ke-i, dan ϵ_{ij} = pengaruh lingkungan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Profil BTR Populasi Uji Progeni dan Populasi Tanaman Terpilih

Data BTR pada populasi uji progeni merupakan data rata-rata dari umur tanaman tiga hingga delapan tahun. Data terdistribusi dari 1 kg hingga 20 kg per tandan dengan rata-rata sebesar 9.7 ± 1.8 kg per tandan. Kisaran data yang cukup luas tersebut menunjukkan bahwa BTR populasi ini cukup beragam.

Famili *Dura* sebagai faktor pengelompok dalam pemilihan *Tenera* memiliki pengaruh yang sangat nyata terhadap keragaman data BTR (Tabel 2). Besarnya BTR antara *Tenera* dan *Dura* tidak begitu berbeda, sedangkan *Pisifera* memiliki BTR yang jauh lebih rendah (Mandal dan Mathur, 2015). Hal ini cukup mendukung metode pemilihan tanaman *Tenera* yang diterapkan berdasarkan famili *Dura*.

Dua kelompok *Tenera* yang terbentuk dari hasil pemilihan memiliki nilai BTR yang signifikan berbeda (Gambar 1). Secara keseluruhan populasi tanaman terpilih terdistribusi dari 5.7 kg hingga 15.2 kg per tandan dengan rata-rata lebih tinggi dari populasi uji progeni sebesar 10.6 ± 2.8 kg per tandan. Kelompok tanaman dengan BTR rendah memiliki rata-rata sebesar 7.6 ± 0.9 kg per tandan, sedangkan kelompok tanaman dengan BTR tinggi memiliki rata-rata sebesar 12.8 ± 1.3 kg per tandan.

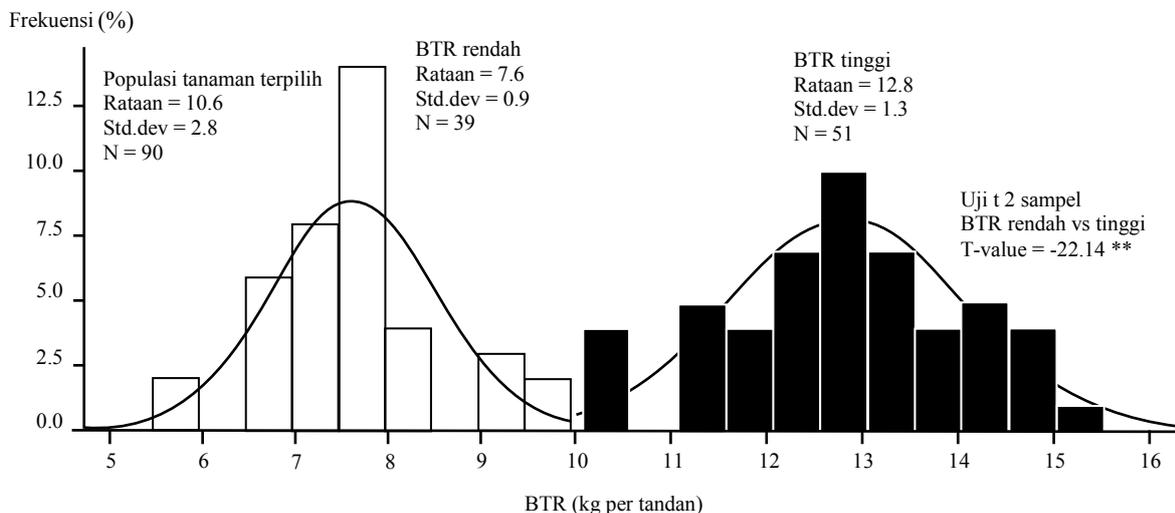
Profil Penanda SSR Populasi Tanaman Terpilih

Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa jumlah alel yang diperoleh relatif sedikit dari tiap penanda SSR (Tabel 3). Jumlah alel terbanyak yang diperoleh yaitu tiga alel dari penanda mEgCIR3428 dan mEgCIR0195. Apabila dibandingkan dengan populasi liar, keragaman alelik populasi persilangan relatif lebih kecil. Sayekti *et al.* (2015) melaporkan bahwa rata-rata jumlah alel yang muncul dari populasi liar asal Angola adalah sebesar 5.1 alel per lokus. Thongthawee *et al.* (2010) juga melaporkan bahwa rata-rata jumlah alel dari kumpulan beberapa plasma nutfah liar kelapa sawit sebesar 8 alel per lokus.

Keragaman alelik pada populasi hasil persilangan cenderung kecil. Hairinsyah (2010) melaporkan bahwa rata-rata jumlah alel pada populasi *DxT* adalah sebesar 2.6 alel per lokus. Solin *et al.* (2014) melaporkan bahwa rata-rata jumlah alel tertinggi pada populasi *DxP* adalah sebesar 2.9 alel per lokus.

Populasi yang digunakan merupakan populasi yang sudah lama terfiksasi melalui kegiatan seleksi yang intensif dari masa ke masa. Kegiatan pemuliaan *Pisifera* AVROS dilakukan di Aek Pancur Sumatera Utara sejak tahun 1921. Kegiatan pemuliaan *Dura* Deli dilakukan di Deli Serdang Sumatera Utara sejak tahun 1922 (Corley dan Tinker, 2003). Hal ini dapat menyebabkan hilangnya alel tertentu pada suatu lokus dari proses penyeleksian tanaman generasi ke generasi.

Frekuensi alel seluruh penanda SSR berkisar dari 3% hingga 89%. Jumlah varian alel yang diperoleh dari tujuh



Gambar 1. Sebaran BTR pada 90 *Tenera* terpilih untuk karakterisasi molekuler; ** = nyata pada α 1%

Tabel 3. Frekuensi alel, heterozigositas, dan PIC tiap lokus

Lokus	Alel*	Jumlah alel**	Frekuensi alel (%)	Kisaran ukuran (pb)	Ho	He	PIC
mEgCIR0408	a	103	75	197-452	0.39	0.51	0.31
	b	35	25				
mEgCIR3428	a	58	34	163-196	0.72	0.75	0.40
	b	106	62				
	c	6	4				
mEgCIR0195	a	5	3	252-305	0.22	0.23	0.19
	b	156	89				
	c	15	9				
mEgCIR2595	a	106	60	173-204	0.79	0.80	0.36
	b	70	40				
mEgCIR0804	a	144	83	191-286	0.34	0.34	0.24
	b	30	17				
mEgCIR2387	a	129	75	250-275	0.48	0.50	0.30
	b	43	25				
mEgCIR3672	a	129	86	160-175	0.17	0.20	0.21
	b	21	14				
Total	16 varian alel						

Keterangan: * = alel tiap lokus merupakan varian alel berdasarkan ukuran pasang basanya dengan jumlah varian yang tidak tentu dan tidak berhubungan dengan jumlah ploidi, ** = jumlah alel maksimal tiap lokus adalah 180 (jumlah tanaman 90 dan kelapa sawit adalah diploid), lokus dengan jumlah alel kurang dari 180 terjadi akibat ada beberapa tanaman yang tidak teramplifikasi pada lokus tersebut, Ho = Heterozigositas teramati, He = Heterozigositas dugaan, PIC = *Polymorphic Information Content*

penanda SSR sebanyak 16 alel. Lokus mEgCIR3428 dan mEgCIR0195 memiliki alel dengan frekuensi sangat rendah. Lokus mEgCIR3428 memiliki alel dengan ukuran sekuen sekitar 196 pb (alel terpanjang) dan frekuensi sebesar 4%. Lokus mEgCIR0195 memiliki alel dengan ukuran sekuen sekitar 252 pb (alel terpendek) dan frekuensi sebesar 3% (Tabel 3).

Tingkat heterozigositas teramati (Ho) seluruh penanda SSR berkisar dari 17% hingga 79%. Tingkat heterozigositas dugaan (He) berkisar dari 20% hingga 80%. Nilai PIC berkisar dari 0.19 hingga 0.4 (Tabel 3). Nilai PIC terkait dengan frekuensi alel dalam lokus (Spooner *et al.*, 2007). Nilai PIC dikelompokkan menjadi tiga, yaitu kelompok yang tidak informatif dengan nilai PIC <0.3, cukup informatif dengan nilai 0.3-0.59, dan sangat informatif dengan nilai >0.6 (Mateescu *et al.*, 2005).

Berdasarkan klasifikasi tersebut, empat dari tujuh penanda SSR yang digunakan tergolong penanda yang cukup informatif dalam menggambarkan keragaman alel, sedangkan yang lainnya tergolong penanda yang tidak informatif. Penanda yang memiliki nilai PIC tertinggi adalah mEgCIR3428 (Tabel 3). Penanda mEgCIR3428 memiliki nilai PIC tertinggi karena memiliki jumlah alel terbanyak dengan frekuensi yang relatif seimbang antar alelnya dibandingkan dengan penanda yang lain.

Hasil analisis variasi molekuler terhadap penanda SSR menunjukkan bahwa keragaman genotipik dari tujuh penanda SSR tidak berasal dari famili *Dura*, ditunjukkan dengan nilai *Fst* seluruh penanda yang tidak signifikan. Keragaman genotipik penanda mEgCIR0408 dan mEgCIR3672 dapat secara signifikan dijelaskan oleh individu *Tenera* yang ada pada tiap famili *Dura* (Tabel 4). Hal ini menunjukkan bahwa

Tabel 4. Analisis variasi molekuler terhadap tujuh penanda SSR

	Lokus mEgCIR						
	0408	3428	0195	2595	0804	2387	3672
<i>Fst</i>	-0.04tn	-0.02tn	0.02tn	0.02tn	-0.02tn	-0.06tn	0.05tn
<i>Fis</i>	0.36**	-0.28tn	0.07tn	-0.58tn	0.01tn	-0.05tn	0.61**
<i>Fit</i>	0.33**	-0.30tn	0.08tn	-0.55tn	0.00tn	-0.12tn	0.63**

Keterangan: tn = tidak nyata, ** = nyata pada α 1%, *Fst* = ragam antar famili *Dura* / ragam total, *Fis* = ragam individu dalam famili *Dura* / (ragam individu dalam famili *Dura* + ragam antar individu), *Fit* = (ragam antar famili *Dura* + ragam individu dalam famili *Dura*) / ragam total

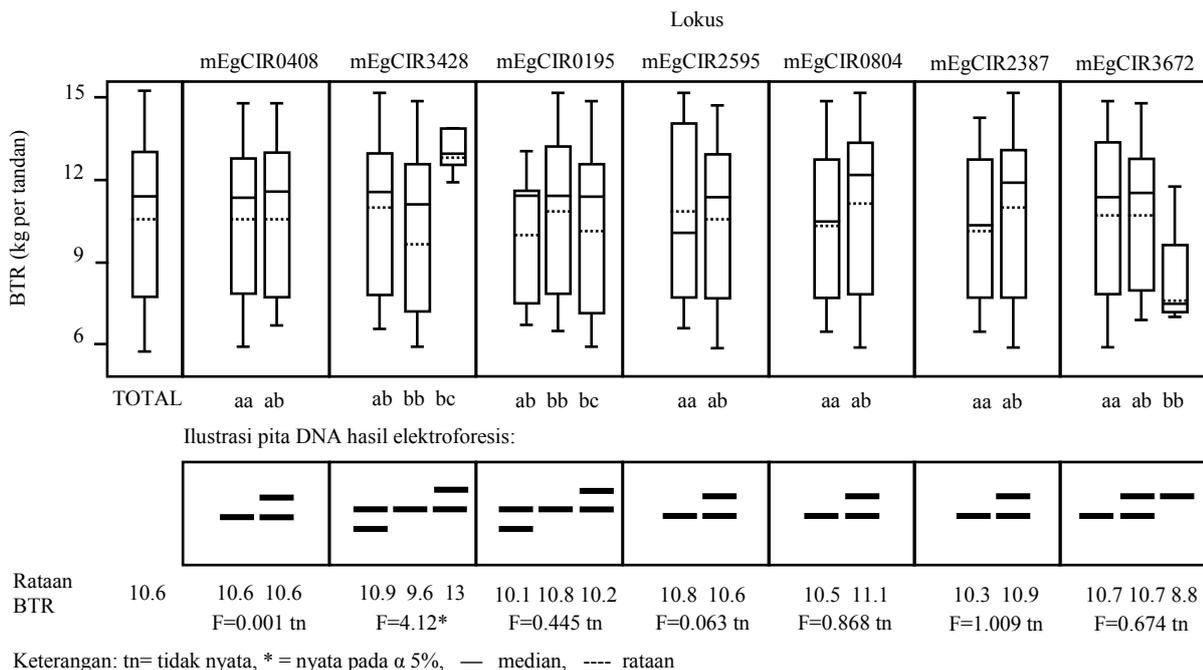
antar famili *Dura* memiliki keragaman alelik yang sama karena berasal dari satu sumber, yaitu *Dura* Deli. Terdapat kemungkinan beragamnya alel antara individu tanaman dalam satu famili karena tanaman kelapa sawit merupakan tanaman heterozigot yang menyebabkan terjadi segregasi alel antara individu dalam satu famili.

Penanda SSR yang Berasosiasi dengan Karakter BTR

Analisis asosiasi tujuh penanda SSR terhadap keragaman data BTR populasi *Tenera* yang diuji menunjukkan hanya satu penanda yang memiliki asosiasi,

yaitu mEgCIR3428 (Gambar 2). Kombinasi alel dari lokus tersebut terdiri dari tiga kombinasi, masing-masing kombinasi memiliki rata-rata BTR yang berbeda.

Genotipe bb memiliki rataaan BTR terendah, yaitu sebesar 9.6 kg per tandan. Genotipe ab memiliki rataaan BTR menengah, yaitu sebesar 10.9 kg per tandan. Genotipe bc memiliki rataaan BTR tertinggi, yaitu sebesar 13 kg per tandan. Namun, Hairinsyah (2010) melaporkan bahwa penanda ini tidak memiliki asosiasi terhadap BTR pada populasi F1 (*DxT*). Hal ini kemungkinan karena adanya perbedaan latar belakang genetik yang berasal dari tetua jantan populasi F1 tersebut.



Gambar 2. Analisis penanda SSR yang berasosiasi dengan karakter BTR

KESIMPULAN

Tujuh penanda SSR berhasil mengamplifikasi DNA dengan jumlah alel dua hingga tiga dan rataaan sebesar 2.3 alel per lokus. Terdapat dua penanda yang memiliki tingkat heterozigositas dan polimorfisme yang relatif tinggi, yaitu mEgCIR3428 dan mEgCIR2595. Karakter bobot tandan rataaan pada populasi *Tenera* (*Dura* Deli x *Pisifera* AVROS) berasosiasi secara signifikan dengan penanda mEgCIR3428.

DAFTAR PUSTAKA

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.

Champoux, M.C., G. Wang, S. Sarkarung, D.J. Mackill, J.C. O’Toole, N. Huang, S.R. McCouch. 1995. Locating genes associated with root morphology and drought avoidance in rice via linkage to molecular markers. *Theor. Appl. Genet.* 90:969-981

Corley, R.H.V., P.B. Tinker. 2003. *The Oil Palm*. 4th Edition. Blackwell Science Ltd., Oxford, UK.

Cros, D., M. Denis, L. Sánchez, B. Cochard, A. Flori, T. Durand-Gasselin, B. Nouy, A. Omere, V. Pomies, V. Riou, E. Suryana, J.M. Bouvet. 2015. Genomic selection prediction accuracy in a perennial crop: case study of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor. Appl. Genet.* 128:397-410.

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. Bogor.

- Lee, M., J.H. Xia, Z. Zou, J. Ye, Rahmadsyah, Y. Alfiko, J. Jin, J.V. Lieando, M.I. Purnamasari, C.H. Lim, A. Suwanto, L. Wong, N.H. Chua, G.H. Yue. 2015. A consensus linkage map of oil palm and a major QTL for stem height. *Sci. Rep.* 5:8232.
- Liu, K., S.V. Muse. 2005. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21:2128-2137.
- Macherey-Nagel. 2014. Genomic DNA from Plant User Manual Rev.09 Nucleospin Plant II protocols, Standard protocol for genomic DNA from plant. <http://www.mn-net.com> [28 Februari 2015].
- Mandal, G., R.K. Mathur. 2015. Performance of segregating Tenera x Tenera population in oil palm. *Int. J. Biores. Env. Agric. Sci.* 1:108-113.
- Mateescu, R.G., Z. Zhang, K. Tsai, J. Phavaphutanon, N.I. Burton-Wurster, G. Lust, R. Quaas, K. Murphy, G.M. Acland, R.J. Todhunter. 2005. Analysis of allele fidelity, polymorphic information content, and density of microsatellites in a genome-wide screening for hip dysplasia in a crossbreed pedigree. *J. Hered.* 96:847-853.
- Noh, A., M.Y. Rafii, A.M. Din, A. Kushairi, A. Norziha, N. Rajanaidu, M.A. Latif, M.A. Malek. 2014. Variability and performance evaluation of introgressed Nigerian *dura* x Deli *dura* oil palm progenies. *Genet. Mol. Res.* 13:2426-2437.
- Okoye, M.N., C.O. Okwuagwu, M.I. Uguru. 2009. Population improvement for fresh fruit bunch yield and yield components in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Am-Euras. J. Sci. Res.* 4:59-63.
- Okwuagwu, C.O., M.N. Okoye, E.C. Okolo, C.D. Ataga, M.I. Uguru. 2008. Genetic variability of fresh fruit bunch yield in Deli/*dura* x *tenera* breeding populations of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) in Nigeria. *J. Trop. Agric.* 46:52-57.
- Peakall, R., P.E. Smouse. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28:2537-2539.
- Sayekti, U., U. Widyastuti, N. Toruan-Mathius. 2015. Keragaman genetik kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) asal angola menggunakan marka SSR. *J. Agron. Indonesia* 43:140-146.
- Singh, R., S.G. Tan, J.M. Panandam, R.A. Rahman, L.C. Ooi, E.T.L. Low, M. Sharma, J. Jansen, S.C. Cheah. 2009. Mapping quantitative trait loci (QTLs) for fatty acid composition in an interspecific cross of oil palm. *BMC Plant Biol.* 9:114.
- Solin, N.W.N.M., Sobir, N. Toruan-Mathius. 2014. Genetic diversity of DxP population yield component in oil palm's paternal half-sib family based on microsatellite markers. *Energy Procedia* 47:196-203.
- Spooner, D.M., J. Núñez, G. Trujillo, M. del Rosario Herrera, F. Guzmán, M. Ghislain. 2007. Extensive simple sequence repeat genotyping of potato landraces supports a major reevaluation of their gene pool structure and classification. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104:19398-19403.
- Thongthawee, S., P. Tittinuchanon, H. Volkaert. 2010. Microsatellites for parentage analysis in an oil palm breeding population. *Thai. J. Genet.* 3:172-181.
- Ukoskit, K., V. Chanroj, G. Bhusudsawang, K. Pipatchartlearnwong, S. Tangphatsornruang, S. Tragoonrung. 2014. Oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) linkage map, and quantitative trait locus analysis for sex ratio and related traits. *Mol. Breeding* 33:415-424.
- Wang, X., Y. Pang, J. Zhang, Q. Zhang, Y. Tao, B. Feng, T. Zheng, J. Xu, Z. Li. 2014. Genetic background effects on QTL and QTL × environment interaction for yield and its component traits as revealed by reciprocal introgression lines in rice. *Crop J.* 2:345-357.
- Wong, C.K., R. Bernardo. 2008. Genomewide selection in oil palm: increasing selection gain per unit time and cost with small populations. *Theor. Appl. Genet.* 116:815-824.
- Xie, X.W., M.R. Xu, J.P. Zang, Y. Sun, L.H. Zhu, J.L. Xu, Y.L. Zhou, Z.K. Li. 2008. Genetic background and environmental effects on QTLs for sheath blight resistance revealed by reciprocal introgression lines in rice. *Acta Agron. Sinica* 34:1885-1893.