

KERAGAMAN GENETIK POPULASI *E. oleifera* DAN POPULASI *E. guineensis* x *E. oleifera* PADA KOLEKSI PLASMA NUTFAH PPKS

GENETIC VARIATION OF *E. oleifera* AND *E. guineensis* x *E. oleifera* POPULATION OF IOPRI'S OIL PALM GERMPLOASM

Rokhana Faizah, Sri Wening, Hernawan Y. Rahmadi, dan A. Razak Purba

Abstrak Kelapa sawit spesies *Elaeis oleifera* memiliki beberapa karakter unggul yang tidak dimiliki oleh spesies *E. guineensis*. Persilangan antara *E. oleifera* x *E. guineensis* (*E. o* x *E. g.*) dilakukan untuk memasukkan karakter unggul *E. oleifera* ke spesies *E. guineensis* dan mendapatkan individu yang memiliki perpaduan karakter unggul dari kedua spesies tersebut. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik di dalam dan antar populasi *E. oleifera*, serta hubungan kekerabatan antar *E. oleifera*, *E. guineensis* dan hibrida interspesifiknya. Sebanyak 8 populasi plasma nutfah yang digunakan adalah *E. oleifera* yang berasal dari Suriname dan Brazil, *E. guineensis* populasi Dura Deli dan SP540T, dan persilangan interspesifik berupa hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia, hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia, serta hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil. Sebanyak enam belas marka Simple Sequence Repeat (SSR) digunakan untuk menganalisis 92 individu dari 8 populasi. Hasil PCoA menunjukkan bahwa 8 populasi *Elaeis* mengelompok pada masing-masing kelompoknya. Populasi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia memiliki hubungan kekerabatan sangat dekat dengan hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia dan mengelompok pada kuadran yang sama. Hal ini memberikan dugaan bahwa hibrida tersebut memang hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia. Populasi *E. oleifera* dari Suriname menunjukkan keragaman genetik terendah, dengan jumlah alel

berbeda, alel spesifik, nilai heterozigositas, dan persentase lokus polimorfik secara berurutan adalah 1.37, 0.18, 0.09, dan 37.50%. Sedangkan populasi hasil persilangan interspesifik *Backcross* dari spesies *E. oleifera*-nya menunjukkan keragaman genetik yang tertinggi dengan nilai 3.81, 0.43, 0.62 dan 100%.

Kata kunci: kekerabatan genetik, keragaman genetik, *Elaeis*, persilangan interspesifik, SSR.

Abstract Compared to *Elaeis guineensis* species, *Elaeis oleifera* is better in several superior characters. Crossing between species of *E. oleifera* and *E. guineensis* was conducted to introgress the superior characters of *E. oleifera* to *E. guineensis* or to obtain progenies which have good combination of both different species parents. This research was conducted to analyze genetic relationship between and within population of *E. oleifera*, and the genetic variation of *E. oleifera*, *E. guineensis*, and their interspecific hybrids. The eight populations of IOPRI's germplasm used in this research were *E. oleifera* from Suriname and Brazil, Dura Deli and SP 540 T *E. guineensis* populations, and interspecific hybrids such as hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* from Colombia, hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* suspected from Colombia, and hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* from Brazil. Sixteen markers of Simple Sequence Repeat (SSR) were used to analyze 92 individual of samples of the eight populations. A PCoA graph showed that the eight *Elaeis* populations were clustered into their respective population. It was identified that both hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* suspected from Colombia and hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* Colombia showed close genetic relationship. It has indicated that hybrid of *E. guineensis* x *E. oleifera* suspected from Colombia was really hybrid of *E. guineensis* x *E.*

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

Rokhana Faizah (✉)
Pusat Penelitian Kelapa Sawit
Jl. Brigjen Katamsno No. 51 Medan, Indonesia
Email: nana_rfz@yahoo.com

oleifera from Colombia. Population of *E.oleifera* from Suriname demonstrated lowest genetic diversity, with each allele, specific allele, heterozygosity, and polymorphic loci are 1.37, 0.18, 0.09, and 37.50% respectively. At the same time interspecific population of Backcross figured highest genetic diversity with 3.81, 0.43, 0.62 and 100% respectively.

Keywords: genetic relationship, genetic variation, *Elaeis*, interspecific hybrid, SSR.

PENDAHULUAN

Kelapa sawit termasuk ke dalam genus *Elaeis* dimana terdapat 2 spesies, yaitu spesies budidaya *E. guineensis* yang berasal dari Afrika (*African oil palm*) dan spesies liar *E. oleifera* yang berasal dari Amerika Tengah dan Selatan (*American oil palm*) (Ngando-Ebongue *et al.*, 2011). Spesies *E. guineensis* memiliki keunggulan genetik dengan produktivitas yang tinggi dan beradaptasi luas di Asia. Sementara itu, *E. oleifera* memiliki beberapa karakter yang tidak dimiliki oleh spesies budidaya *E. guineensis*, antara lain pertumbuhan meninggi yang lambat, kualitas minyak yang baik (Moretzsohn *et al.*, 2002) dan kandungan karotenoid yang dapat mencapai 4592 ppm (Zeb dan Mehmood, 2004). Informasi keragaman genetik yang luas pada kedua spesies tersebut memudahkan pemulia untuk mendapatkan variasi karakter unggul dan konservasi sumber genetik. Salah satu program pemuliaan untuk memasukkan karakter unggul dari spesies liar ke spesies budidaya adalah dengan melakukan hibridisasi interspesifik. Persilangan ini bertujuan untuk mendapatkan spesies budidaya yang memiliki karakter unggul dari spesies liar atau individu yang memiliki perpaduan karakter unggul pada masing-masing spesies tersebut. Hibridisasi interspesifik juga dapat dimanfaatkan untuk ketahanan terhadap *Ganoderma* (Cochard *et al.*, 2005).

Pusat Penelitian Kelapa Sawit (PPKS) memiliki beberapa koleksi plasma nutfah kelapa sawit dalam mendukung penyediaan bahan tanaman unggul kelapa sawit. Spesies *E. oleifera* yang dimiliki PPKS antara lain adalah populasi *E. oleifera* yang berasal dari Suriname yang ditanam pada 1952 dan *E. oleifera* dari Brazil yang ditanam pada 1941. Populasi *E. guineensis* terdiri dari Dura Deli dari berbagai lini. Populasi pisifera berasal dari beberapa tempat di

Afrika, salah satunya adalah turunan SP540T yang telah berkembang pada beberapa generasi. PPKS juga mengembangkan populasi persilangan interspesifik, yaitu hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia (1975), hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga berasal dari Kolombia, dan backcross. Eksploitasi koleksi plasma nutfah *E. oleifera*, *E. guineensis*, dan hibrida interspesifiknya hingga saat ini terus dilakukan untuk mendapatkan informasi karakter fenologi (Hormaza *et al.*, 2012), vegetatif dan komponen produksi (Amiruddin *et al.*, 2015), dan kualitas minyak asam lemak (Montoya *et al.*, 2014). Selain karakter tersebut, informasi keragaman genetik antar spesies perlu dilengkapi guna mendukung program pemuliaan dalam merakit bahan tanaman unggul.

Untuk mengetahui karakter genetik kelapa sawit, salah satu hal yang dapat dilakukan adalah melakukan analisis kekerabatan dan keragaman genetik dengan pendekatan *Principle Coordinate Analysis* (PCoA). Keragaman genetik dengan pendekatan PCoA telah dilaporkan pada tanaman kurma (Elmeer dan Mattat, 2012), dan kelapa sawit (Solin *et al.*, 2014; Cochard *et al.*, 2009). Analisis ini dapat digunakan untuk membedakan populasi berdasarkan ciri atau karakter tertentu (Suketi *et al.*, 2010).

Melalui pendekatan molekuler, karakteristik antar spesies dapat diketahui berdasarkan pada karakter genotipe yang tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. *Simple Sequence Repeat* (SSR) merupakan salah satu marka molekuler yang bersifat kodominan, tingkat polimorfisme yang tinggi, dan efektif diaplikasikan untuk jarak genetik antar populasi. Teknik SSR ini telah diterapkan untuk mengetahui keragaman genetik pada populasi kelapa sawit (Norziha *et al.*, 2009; Teh *et al.*, 2009; Wening *et al.*, 2013a) dan mendapatkan informasi tingkat homozigositas pada populasi program pemuliaan (Wening *et al.*, 2013b). Penanda molekuler SSR juga telah digunakan untuk estimasi keragaman genetik dan akselerasi metode *backcross* pada kedelai (Lee *et al.*, 2007). Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi keragaman genetik dalam dan antar populasi *E. oleifera*, dan hubungan kekerabatan antar populasi *E. oleifera*, *E. guineensis* dan hasil persilangan interspesifiknya, dengan menggunakan SSR.

Tabel 1. Daftar 8 populasi yang digunakan pada analisis

Table 1. List of eight populations used in the analysis

No.	Populasi	Jumlah sampel (pohon)
1	<i>Elaeis oleifera</i> dari Suriname	11
2	<i>Elaeis oleifera</i> dari Brazil	7
3	Hibrida <i>E. guineensis</i> x <i>E. oleifera</i> dari Kolombia	1
4	Hibrida <i>E. guineensis</i> x <i>E. oleifera</i> yang diduga dari Kolombia	14
5	Hibrida <i>E. guineensis</i> x <i>E. oleifera</i> dari Brazil	7
6	<i>Backcross E. oleifera</i> dari Suriname	8
7	Populasi SP540T	21
8	Populasi Dura Deli	23
Total		92

BAHAN DAN METODE

Bahan

Sebanyak 92 individu dari 8 populasi plasma nutfah PPKS digunakan dalam penelitian ini (Tabel 1). Populasi *E. oleifera* berasal dari Suriname dan Brazil, *E. guineensis* dengan populasi Dura Deli dan SP540T, dan hibrida interspesifik berupa hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia, *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia, hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil, serta *backcross*. Tetua *E. oleifera* pada populasi *Backcross* dan hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil diikuti dalam analisis.

Metode

Sampel daun diambil dari kebun koleksi plasma nutfah PPKS di Aek Pancur, Marihat, Bah Jambi, dan Dolok Sinumbah. Total DNA genomik berasal dari 50 mg jaringan daun segar, yang diperoleh melalui prosedur ekstraksi DNA menggunakan *DNeasy Plant Mini Kit* (Qiagen katalog nomor 69104). Proses PCR-SSR (*Polymerase Chain Reaction*) menggunakan protokol yang diuraikan oleh Wening dan Yenni (2013). PCR-SSR dilakukan dengan mengikutsertakan sekuen primer universal M13 dengan 3 pewarna fluoresen 6-FAM (biru), HEX (hijau), dan NED (kuning) (Hayden *et al.*, 2008). Sebanyak 16 marka SSR yang merupakan perwakilan dari masing-masing kromosom kelapa sawit (Billotte *et al.*, 2005) digunakan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik. Hasil amplifikasi marka SSR dengan ukuran alel yang telah diketahui sebaran populasi koleksi

plasma nutfah PPKS (Wening *et al.*, 2013a) dan pewarna fluoresen yang berbeda, dapat digabung menjadi 2 *bulking* dengan masing-masing 9 dan 7 marka per *bulking*. Selanjutnya, fragmen DNA hasil amplifikasi PCR-SSR tersebut dipisahkan dengan *capillary sequencer*, menggunakan jasa komersial yang disediakan *1st Base Malaysia*. Hasil pemisahan ampikon berupa data fragmen DNA divisualisasikan dengan bantuan program *Gene Marker@Software* versi 2.4.0 (*Soft Genetics LLC*).

Analisis data

Data kuantitatif genotipe selanjutnya dianalisis keragaman genetiknya dengan pendekatan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) berdasarkan jarak genetik, frekuensi alel dan heterozigositas menggunakan bantuan program *GenAlEx 6.5* (Peakall dan Smouse, 2012).

HASIL DAN PEMBAHASAN

MARKA SSR

Sebanyak 16 marka SSR yang digunakan pada penelitian ini mampu mengamplifikasi DNA 8 populasi *E. guineensis*, *E. oleifera*, dan hibrida interspesifiknya. Pemilihan marka didasarkan pada perwakilan dari masing-masing kromosom kelapa sawit (Wening *et al.*, 2010). Marka SSR tersebut mengamplifikasi 114 alel yang polimorfik, berkisar antara 4 (mEgCIR3691) hingga 12 alel (mEgCIR0894) dengan rerata 7,13 alel per lokus (Tabel 2). Dua dari

Tabel 2. Kisaran dan jumlah alel per lokus pada 8 populasi *Elaeis*

Table 2. Range and number of alleles per locus in eight *Elaeis* populations

No.	Nama primer	Lokasi linkage group (LGs)	Motif berulang	Kisaran alel (base pair)	Macam ukuran alel (base pair)	Jumlah alel per lokus
1	mEgCIR0894	7	(GA) ₁₈	185-221	185, 199, 203, 205, 207, 209, 211, 213, 215, 217, 219, 221	12
2	mEgCIR2887	8	(GA) ₁₆	105-117	105, 107, 109, 113, 117	5
3	mEgCIR2224	9	(GA) ₁₇	105-124	105, 109, 115, 119, 121, 124	6
4	mEgCIR3400	11	(GA) ₁₆	154-174	154, 160, 162, 168, 170, 172, 174	7
5	mEgCIR3311	12	(GA) ₁₅	184-212	184, 188, 190, 192, 198, 200, 204, 206, 209, 210, 212	11
6	mEgCIR0257	1	(GA) ₁₇	287-313	287, 289, 291, 293, 295, 297, 307, 309, 311, 313	10
7	mEgCIR2149	2	(GA) ₂₀	113-139	113, 123, 133, 135, 139	5
8	mEgCIR2347	3	(GA) ₁₅	162-172	162, 164, 166, 170, 172	5
9	mEgCIR3775	4	(GA) ₁₈	187-223	187, 197, 198, 203, 206, 209, 211, 223	8
10	mEgCIR3691	5	(GA) ₁₄	196-202	196, 198, 200, 202	4
11	mEgCIR3555	13	(GA) ₁₈	129-188	129, 131, 135, 137, 149, 155, 157, 188	8
12	mEgCIR3546	14	(GA) ₁₅	289-310	289, 292, 296, 302, 304, 307, 309	7
13	mEgCIR3433	15	(GA) ₁₇	248-264	248, 250, 252, 254, 260, 262, 264	7
14	mEgCIR0782	16	(GA) ₂₀	173-205	173, 177, 181, 188, 205	5
15	mEgCIR0783	6	(GA) ₁₅	303-334	303, 314, 316, 318, 322, 324, 328, 332, 334	9
16	mEgCIR3213	10	(GA) ₁₃	96-119	96, 108, 113, 117, 119	5
Total						114
Rerata						7,13

16 marka yang digunakan pada penelitian ini pernah dilaporkan untuk mengetahui keragaman genetik kelapa sawit, yaitu mEgCIR3691 dan mEgCIR3546 dengan kisaran alel masing-masing 160-260 bp dan 286-336 bp (Teh *et al.*, 2009). Pada populasi yang diuji, kedua marka mengamplifikasi alel pada kisaran 196-202 bp dan 289-310 bp. Berdasarkan Billotte *et al.* (2005), kedua primer tersebut dikonstruksi dari persilangan antara tetua dari populasi La Mé (LM2T) dan Dura Deli (DA10D), yang dapat mengamplifikasi pada 181 bp dan 286 bp. Dari hasil penelitian ini menunjukkan bahwa marka SSR yang dikonstruksi dari *E. guineensis* mampu mengamplifikasi *E. oleifera* dan hibrida interspesifiknya. Sebaliknya, kemampuan marka dari *E. oleifera* juga dapat mengamplifikasi *E. guineensis* dan spesies lain di famili *Aracaceae* yang pernah dilaporkan Zaki *et al.* (2012).

Ukuran alel yang teramplifikasi pada setiap lokus tidak sama dengan ukuran alel pada lokus lainnya (Tabel 2). Perbedaan ukuran alel bermanfaat untuk

mengetahui kisaran alel secara keseluruhan pada populasi yang diuji di setiap *plate* PCR. Kisaran alel digunakan untuk kegiatan teknis penggabungan (*bulking*) beberapa primer SSR dan analisis fragmen yang efektif dan efisien, dimana beberapa primer SSR dengan kisaran alel tertentu dapat menggunakan satu macam label fluorosen. Dengan diketahui kisaran alel, 3 macam label fluorosen 6-FAM, HEX, dan NED pada 16 primer SSR dapat dikelompokkan menjadi 2 *bulking*, yang diuraikan pada Tabel 3. Prinsip *bulking* ini telah diterapkan di PPKS dan dijadikan sebagai standar pada analisis PCR-SSR (Wening, 2014).

Principal Coordinate Analysis (PCoA)

Keragaan dua dimensi pada *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menunjukkan bahwa 8 populasi menyebar pada 4 kuadran (Gambar 1). Spesies *E. oleifera* asal Suriname dan Brazil berada di kuadran II. Diketahui, spesies ini berasal dari Amerika Selatan dengan kondisi lingkungan dan geografis cenderung

Tabel 3. Penggabungan (*bulking*) 16 primer SSR menggunakan 3 label fluorosen

Table 3. *Bulking of 16 SSR primers using 3 fluorocense labels*

No.	Primer SSR	Label fluorosen	<i>Bulking</i>	No.	Primer SSR	Label fluorosen	<i>Bulking</i>
1.	mEgCIR2224	FAM	1	9.	mEgCIR0783	NED	1
2.	mEgCIR2347	FAM	1	10.	mEgCIR3400	FAM	2
3.	mEgCIR3691	FAM	1	11.	mEgCIR3775	FAM	2
4.	mEgCIR3213	HEX	1	12.	mEgCIR3546	FAM	2
5.	mEgCIR3311	HEX	1	13.	mEgCIR3555	HEX	2
6.	mEgCIR0257	HEX	1	14.	mEgCIR0782	HEX	2
7.	mEgCIR2887	NED	1	15.	mEgCIR2149	NED	2
8.	mEgCIR3433	NED	1	16.	mEgCIR0894	NED	2

homogen. Populasi yang berada pada kuadran yang sama menunjukkan bahwa spesies tersebut memiliki kesamaan ciri khusus. Menurut Cochard *et al.* (2009), pengelompokan populasi pada kuadran yang sama dipengaruhi oleh faktor geografis dari asal spesies tersebut. Zaki *et al.* (2012) juga menyebutkan bahwa pengelompokan spesies *Elaeis* memiliki ciri pembeda berdasarkan faktor geografis dan asal tanaman tersebut (*origin*).

Spesies *E. guineensis* SP540T berada di kuadran I dan Dura Deli di kuadran IV. Walaupun mengelompok pada kuadran yang berbeda, kedua populasi tersebut berasal dari Afrika. Jika ditelusuri asal-usul populasinya, Dura Deli berasal dari hasil introduksi 2 bibit asal Bourbon atau Mauritius pada 1848 dan dua lainnya dari Amsterdam pada tahun yang sama, keempatnya berasal dari Afrika (Pamin 1998). Sedangkan populasi SP540T berasal dari kebun raya Djongo d'Eala Kongo. Populasi SP540T digunakan sebagai tetua AVROS dan hingga kini masih menjadi tetua terpilih pada program pemuliaan. Hasil penelitian ini sepadan dengan yang dilaporkan Mayes *et al.* (2000) bahwa populasi Dura Deli mengelompok pada kelompok yang berbeda dengan populasi SP540T maupun projeni Dura Deli x AVROS. Selain karena asal-usul yang berbeda, seleksi yang terus-menerus juga menurunkan keragaman genetik dan merubah keseimbangan frekuensi alel dalam populasi. Hingga saat ini, populasi Dura Deli di PPKS telah mengalami seleksi pada beberapa generasi. Populasi Dura mengelompok pada grup tersendiri, sama seperti yang

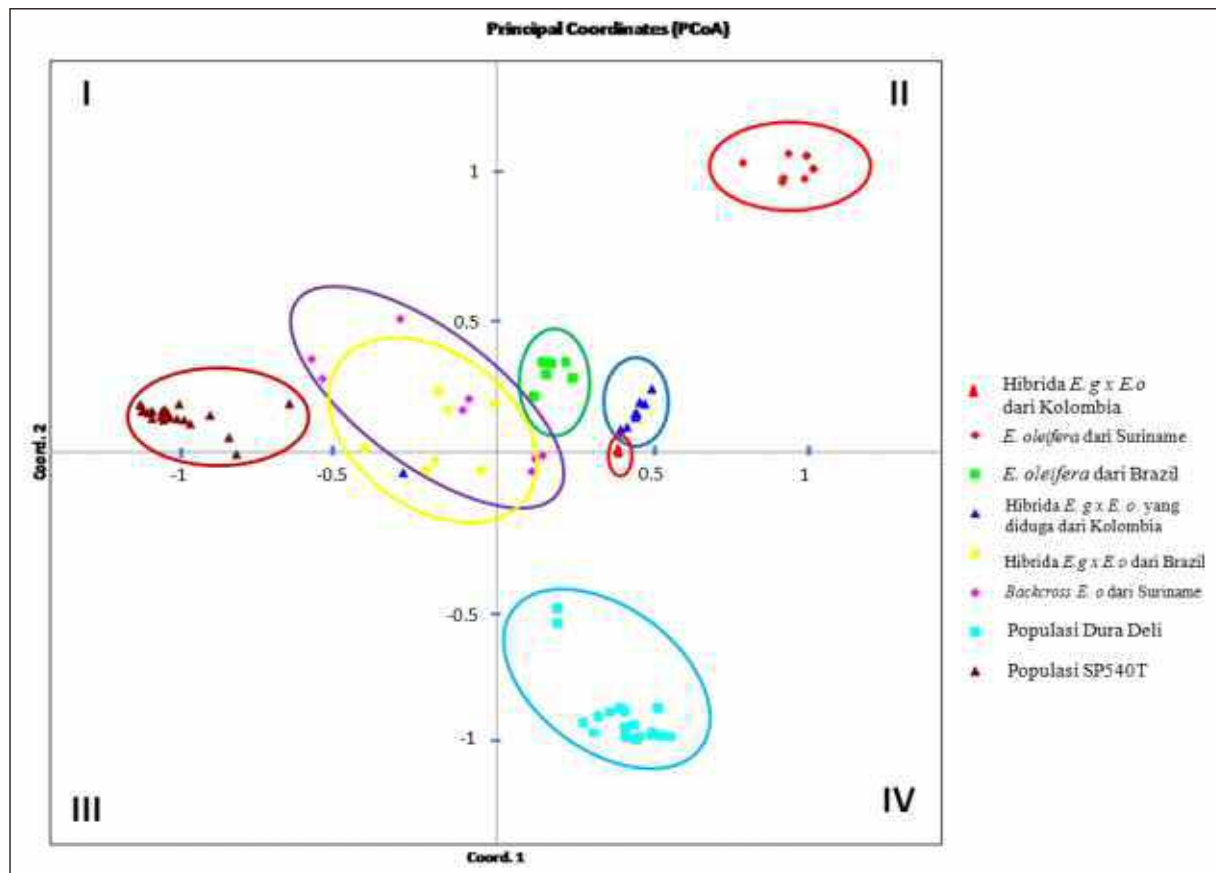
dilaporkan Cochard *et al.* (2009), dimana grup Dura mengelompok pada kuadran yang sama dengan populasi dari Nigeria-Kamerun-Kongo-Angola.

Hal yang menarik dari penelitian ini adalah dapat menjawab populasi koleksi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia, yang di tanam di kebun Aek Pancur. Populasi ini memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dengan hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia. Saat ini, koleksi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia hanya satu pohon yang masih hidup. Walaupun sulit ditelusur tetua dan identitas populasi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia, namun informasi ini dapat digunakan untuk menguatkan dugaan identitas koleksi plasma nutfah tersebut. Keragaan dua dimensi kekerabatan genetik antar populasi spesies *Elaeis* dan hibrida interspesifiknya memvisualisasikan bahwa plasma nutfah yang dimiliki PPKS memiliki kekerabatan yang jauh, namun di dalam populasi memiliki keragaman yang sempit.

Frekuensi Alel dan Heterozigositas

Jumlah alel berbeda dan alel khusus pada populasi

Tujuh populasi yang dianalisis (tanpa populasi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Kolombia karena hanya 1 pohon) menunjukkan jumlah alel berbeda dengan rerata 2.59 alel per populasi, dimana nilai terendah 1.37 pada *E. oleifera* Suriname dan tertinggi 3.81 di populasi *Backcross*-nya (Gambar 2). Jumlah alel *E. oleifera* dari Brazil juga menunjukkan nilai yang

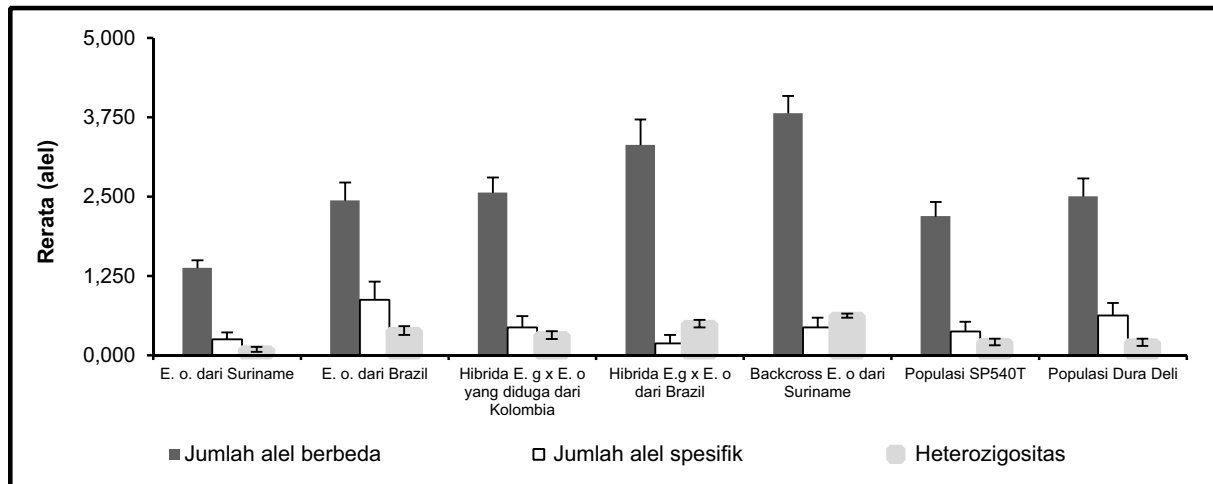


Gambar 1. Keragaman dua dimensi *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) berdasarkan jarak genetik pada 8 populasi *E. oleifera*, *E. guineensis*, dan hibrida interspesifiknya.

Picture 1. Performance of 2D *Principal Coordinates Analysis* (PCoA) based on genetic distance in the eight population of *E. oleifera*, *E. guineensis*, and interspecific hybrids.

lebih rendah 2.4 alel dibandingkan dengan hibridanya yang mencapai 3.31 alel. Populasi SP540T dan Dura Deli juga menunjukkan nilai yang lebih rendah (2.1 dan 2.5 alel) dibandingkan dengan hibrida maupun *backcross*nya. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa hibridisasi interspesifik dapat meningkatkan jumlah alel pada populasi hibrida maupun *backcross*. Berdasarkan jumlah alel yang berbeda menunjukkan terdapat keragaman genetik yang sempit dalam 7 populasi *Elaeis*, artinya masing-masing populasi memiliki alel yang berbeda dalam jumlah yang sedikit (<4 alel per populasi).

Jumlah alel spesifik adalah sejumlah ukuran alel tertentu yang hanya dimiliki oleh suatu populasi. Populasi *E. oleifera* dari Brazil memiliki jumlah alel spesifik tertinggi (0.87) dan hibridanya justru menunjukkan jumlah alel spesifik yang terendah (0.18). Sebaliknya, *backcross E. oleifera* dari Suriname memiliki jumlah alel spesifik yang lebih tinggi 0.43 dibandingkan populasi spesies *E. oleifera* dari Suriname sebesar 0.25 alel. Alel spesifik pada populasi hibrida *E. guineensis x E. oleifera* yang diduga dari Kolombia menunjukkan nilai yang hampir sama dengan populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname. Jumlah alel spesifik pada populasi interspesifik lebih



Gambar 2. Keragaman genetik berdasarkan jumlah alel yang berbeda, alel spesifik pada tiap populasi, dan heterozigositas pada tujuh populasi *E. oleifera*, *E. guineensis*, dan hibrida interspesifiknya.

Picture 2. Genetic relationship based on number of different allele, number of private alleles, and heterozygosity in the seven populations of *E. oleifera*, *E. guineensis*, and interspecific hybrids.

tinggi dibandingkan dengan populasi *Elaeis* yang lain, namun jumlah alel spesifik menunjukkan nilai yang lebih rendah dibandingkan dengan jumlah alel berbeda pada tiap populasi. Fenomena jumlah alel spesifik pada populasi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil yang rendah dari spesiesnya diduga bahwa tiap individu telah mendapatkan alel-alel khusus *E. oleifera* dari Brazil walaupun masing-masing individu memiliki proporsi alel yang relatif rendah.

Heterozigositas

Populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname menunjukkan nilai heterozigositas tertinggi (0.6), namun populasi spesies *E. oleifera* dari Suriname menunjukkan heterozigositas yang terendah (0.09) (Gambar 2). Hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil juga menunjukkan heterozigositas yang lebih tinggi 0.49 dibandingkan spesies *E. oleifera*-nya yang menunjukkan nilai 0.39. Nilai heterozigositas yang tinggi pada *backcross* dan hibridanya sepadan dengan hasil penelitian yang diungkapkan Corley dan Tinker (2003) bahwa populasi *backcross* menunjukkan heterozigositas yang tinggi.

Populasi *E. oleifera* dari Suriname menunjukkan heterozigositas yang rendah. Hal ini diduga bahwa

individu dalam populasi tersebut merupakan hasil persilangan *selfing* atau berasal dari tandan yang sama. Menurut Nouy (2014, komunikasi internal) bahwa populasi *E. oleifera* dari Suriname yang ditanam di Marihat Ulu berasal dari suatu wilayah yang homogenitasnya tinggi dan relatif seragam. Menurut Araya *et al.* (2009) yang menyebutkan populasi *E. oleifera* dari Suriname menunjukkan keragaman genetik terendah dengan nilai heterozigositas 0.15 dari 23 populasi *E. oleifera* dan hibrida interspesifiknya. Nilai ini lebih tinggi dari populasi *E. oleifera* dari Suriname yang ditanam PPKS, namun lebih rendah dari populasi *E. oleifera* asal Brazil.

Persentase lokus polimorfik

Lokus yang polimorfik pada *E. oleifera* dari Suriname memiliki persentase terendah 37.50% dan populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname memiliki persentase tertinggi 100%, dengan rerata pada 7 populasi sebesar 76.79% (Tabel 4). Persilangan interspesifik juga menunjukkan nilai yang tinggi 81.25 dan 87.50% pada populasi hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* yang diduga dari Kolombia dan hibrida *E. guineensis* x *E. oleifera* dari Brazil. Populasi *E. guineensis* SP540T dan Dura Deli menunjukkan lokus yang polimorfik sebanyak 75 dan 81.79%.

Tabel 4. Persentase lokus polimorfik pada 7 populasi *Elaeis*

Table 4. Polymorphic locus percentages in seven *Elaeis* populations

No.	Populasi	Lokus polimorfik (%)
1	<i>E. oleifera</i> dari Suriname	37,50
2	<i>E. oleifera</i> dari Brazil	75,00
3	Hibrida <i>E. oleifera</i> yang diduga dari Kolombia	81,25
4	Hibrida <i>E. guineensis</i> x <i>E. oleifera</i> dari Brazil	87,50
5	Backcross <i>E. oleifera</i> dari Suriname	100,00
6	Populasi Dura Deli	75,00
7	Populasi SP540T	81,25
	Rerata	76,79

Berdasarkan persentase lokus polimorfik ini menunjukkan bahwa populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname memiliki keragaman genetik yang tertinggi, sedangkan *E. oleifera* dari Suriname memiliki keragaman genetik yang rendah.

Berdasarkan jumlah alel dan alel spesifik, nilai heterozigositas, dan lokus yang polimorfik pada 7 populasi menunjukkan bahwa keragaman genetik pada populasi hibrida interspesifik dan *backcross* lebih tinggi dibandingkan dengan populasi spesies *Elaeis*. Heterozigositas berbanding lurus dengan jumlah alel dan persentase lokus yang polimorfik, dimana semakin tinggi heterozigositas maka semakin tinggi jumlah/macam alel yang teramplifikasi. Namun demikian, jumlah alel spesifik tidak berkorelasi dengan heterozigositas. Persentase lokus yang polimorfik dan nilai heterozigositas yang rendah menunjukkan bahwa keragaman genetik dalam populasi *E. oleifera* Suriname sangat sempit, seperti yang diungkapkan Zaki *et al.* (2012). Sedangkan pada populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname menunjukkan keragaman genetik yang tertinggi antar individu dalam populasi tersebut.

Eksplotasi karakter secara individu dapat dilakukan pada semua populasi kecuali *E. oleifera* dari Suriname. Eksplotasi ini didasarkan pada jumlah alel yang berbeda, nilai heterozigositas, dan persentase lokus yang polimorfik. Sedangkan eksploitasi pada

populasi *E. oleifera* dari Suriname dapat dilakukan pada semua pohon sebagai material tetua hibridisasi interspesifik. Salah satu manfaat populasi hibridisasi interspesifik *E. oleifera* x *E. guineensis* yang pernah dilaporkan adalah eksploitasi karakter ketahanan terhadap penyakit *Phytophthora palmivora* (Navia *et al.*, 2014) dan relatif tahan terhadap *Ganoderma* atau *Fusarium* (Cochard *et al.*, 2005). Dengan demikian, hibridisasi interspesifik dapat meningkatkan keragaman genetik dengan adanya individu yang memiliki perpaduan alel dan karakter dari kedua tetuanya.

KESIMPULAN

Individu di dalam populasi *E. oleifera* memiliki keragaman genetik yang rendah sedangkan antar populasi memiliki hubungan kekerabatan genetik yang tinggi. Populasi *E. oleifera* dari Suriname menunjukkan keragaman yang paling sempit, namun sebaliknya hibrida interspesifik menunjukkan keragaman genetik yang tinggi dan adanya perpaduan alel-alel spesies *E. oleifera* dan *E. guineensis*. Berdasarkan PCoA, frekuensi alel dan heterozigositas, populasi *backcross E. oleifera* dari Suriname memiliki keragaman genetik tertinggi pada populasi yang diuji dan berpotensi untuk dieksplorasi pada program pemuliaan kelapa sawit, yang ditunjukkan dengan alel berbeda 3.81, alel spesifik 0.43, heterozigositas 0.62, dan lokus polimorfik sebesar 100%.

DAFTAR PUSTAKA

- Araya, E., A. Alvarado, and R. Escobar. 2009. Use of DNA markers for fingerprinting compact clones and determining the genetic relationship between *Elaeis oleifera* germplasm origins. ISOPB Seminar, 4-5 November 2009. Kuala Lumpur City Center. The International Society for Oil Palm Breeders (ISOPB).
- Billotte, N., Marseillac, N. A.-M. Risterucci, B. Adon, P. Brottier, F.-C. Baurens, R. Singh, A. Herrán, H. Asmady, C. Billot, P. Amblard, T. Durrand-Gasselín, B. Courtois, D. Asmono, S.C. Cheah, W. Rohde, E. Ritter, and A. Charrier. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor Appl Genet.* 110: 754-765.
- Cochard, B., Adon, B., Rekima, S., Billotte, N., de Chenon, R.D., Koutou, A., Nouy, B., Omoré, A., Purba, A.R., Glazsmann, J.-C., and Noyer, J.-L. 2009. Geographic and genetic structure of African oil palm diversity suggests new approaches to breeding. *Tree Genetics & Genomes.* 5: 493-504.
- Cochard, B., B. Amblard, and T. Durrand-Gasselín. 2005. Oil palm genetic improvement and sustainable development. *OCL.* 12 (2): 141-147.
- Corley, R.H.V. and P.B. Tinker. 2003. *Oil palm 4th*. USA: Blackwell Science.
- Elmeer, K. and Mattat, I. 2012. Marker-assisted sex differentiation in date palm using simple sequence repeats. *Biotech.* 2 (3) 241-247.
- Hayden, M.J., T.M. Nguyen, A. Waterman, and K.J. Chalmers. 2008. Multiplex-Ready PCR: A new method for multiplexed SSR and SNP genotyping. *BMC Genomics.* 9 (80).doi:10.1186/1471-2164-9-80.
- Hormaza, P., E.M. Fuquen, and H.M. Romero. 2012. Phenology of the oil palm interspecific hybrid *Elaeis oleifera* x *Elaeis guineensis*. *Scientia Agricola.* 69 (4): 275-280.
- Lee Geung-Joo, Wu, X., and Shannon, J.G. in Kole Chittaranjan (Ed.). 2007. Genome mapping and molecular breeding in plants, Volume 2 Oil Seeds.
- Mayes, S., P.L. Jack, and R.H.V. Corley. 2000. The use of molecular markers to investigate the genetic structure of oil palm breeding programme. *Heredity.* 85 (3): 288-293.
- Montoya, C., B. Cochard, A. Flori, D. Cros, R. Lopes, T. Cuellar, S. Espeout, I. Syaputra, P. Vileneuve, M. Pina, E. Ritter, T. Leroy, and N. Billotte. 2014. Genetic architecture of oil fatty acid composition in cultivated oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) compared to its wild relative *Elaeis oleifera* (H.B.K) Cortés. *PLoS One.* 9 (5): e95412.
- Moretzsohn, M.C., M.A. Ferreira, Z.P.S. Amaral, P.J.A. Coelho, D. Grattapaglia, and M.E. Ferreira. 2002. Genetic diversity of Brazilian oil palm (*Elaeis oleifera* H.B.K.) germplasm collected in the Amazon forest. *Euphytica.* 124: 35-45.
- Navia, E.A., R.A. Ávila, E.E. Daza, E.F. Restrepo, and H.M. Romero. 2014. Assessment of tolerance to bud rot in oil palm under field conditions. *European Journal of Plant Pathology.* 140: 711-720.
- Ngando-Ebongue, G.F., W.N. Ajambang, P. Koon, B.L. Firman, and V. Arondel. 2011. *Oil Palm: Technological innovations in major world oil crops volume 1.* Pp: 165-200. Springer.
- Norziha, A., M.Y. Rafii, I. Maizura, and A. Mohd Din. 2009. Genetic diversity among oil palm parental genotypes revealed by microsatellite polymorphism and its relationship to progeny performance. Kuala Lumpur: The International Society for Oil Palm Breeders (ISOPB).
- Nouy, B. 2014. Komunikasi internal: kunjungan delegasi PalmElit Perancis di Pusat Penelitian Kelapa Sawit pada 8-13 November 2014.
- Pamin, K. 1998. A hundred and fifty years of oil palm development in Indonesia: from the Bogor Botanical Garden to the industry. Bali. International Oil Palm Conference.
- Peakall, R. and P.E. Smouse. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics.* Doi: 10.1093/bioinformatics/bts460.



- Solin, N.W.N.M., Sobir, N. and 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.
- Suketi, K., R. Poerwanto, S. Sujiprihati, Sobir, dan W.D. Widodo. 2010. Analisis kedekatan hubungan antar genotipe papaya berdasarkan karakter morfologi dan buah. *Jurnal Agronomi Indonesia*. 38 (2): 130-137.
- The, C.K., I. Maizura, C. Bakoume, and R. Wickneswari. 2009. Allelic diversity and relatedness of wild *Elaeis oleifera* populations using microsatellite markers. ISOPB Seminar, 4-5 November 2009, Kuala Lumpur City Center. The International Society for Oil Palm Breeders (ISOPB).
- Wening S., R. Faizah, H.Y. Rahmadi, Y. Yenni, dan A.R. Purba. 2013a. Sidik jari DNA plasma nutfah kelapa sawit koleksi Pusat Penelitian Kelapa Sawit. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*. 21 (1): 1-9.
- Wening, S. 2014. Pemilihan marka SSR: strategi dalam analisis sidik jari DNA di PPKS. *Warta*. 19 (2): 56-63.
- Wening, S. dan Y. Yenni. 2013. Optimasi analisis sidik jari DNA kelapa sawit. *Pertemuan Teknis Kelapa Sawit*. Jakarta, 6-8 April 2013. Pusat Penelitian Kelapa Sawit.
- Wening, S., R. Faizah, H.Y. Rahmadi, Y. Yenni, dan A.R. Purba. 2013b. Identifikasi kandidat individu kelapa sawit dengan tingkat homozigositas tinggi melalui analisis sidik jari DNA. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*. 21 (2): 56-63.
- Wening, S., W.U. Ananda, A.E. Croxford, C.S. Ford, W.T.B. Thomas, B.P. Forster, G. Okyere-Boateng, S.P.C. Nelson, M.J. Wilkinson, and P.D.S. Caligari. 2010. Graphical genotyping of oil palm genetic diversity. *Yogyakarta: International Oil Palm Conference*.
- Zaki, N.M., R. Singh, R. Rosli, and I. Ismail. 2012. *Elaeis oleifer* genomic-SSR markers: exploitation in oil palm germplasm diversity and cross-amplification in Aracaceae. *Int. J. Mol. Sci*. 13: 4069-4088.
- Zeb, A. and S. Mehmood. 2004. Carotenoids contents from various sources and their potential health applications. *Pakistan Journal of Nutrition*. 3 (3): 199-204.