



## KEMURNIAN KETURUNAN MENGGUNAKAN MARKA SSR SEBAGAI SISTEM KONTROL DAN SELEKSI DINI KELAPA SAWIT (*Elaeis guineensis* JACQ.)

### LEGITIMACY OF PROGENIES USING SSR MARKERS AS CONTROLLING SYSTEM AND EARLIER SELECTION IN THE OIL PALM NURSERY (*Elaeis guineensis* JACQ.)

Rokhana Faizah, Sri Wening, dan Abdul Razak Purba

**ABSTRAK** Analisis kemurnian keturunan hasil persilangan pada program pemuliaan kelapa sawit sangat diperlukan untuk menjamin benih yang dihasilkan bermutu dan terkontrol. Persilangan yang benar dan murni akan menghasilkan keturunan yang memiliki perpaduan alel dari kedua tetuanya. Informasi kemurnian keturunan hasil persilangan dapat diperoleh dari analisis sidik jari DNA. Salah satu metode analisis DNA yang digunakan adalah *Simple Sequence Repeats* (SSR) yang diketahui memiliki keunggulan untuk mendapatkan informasi alel per individu dalam satu populasi dan efisien untuk membedakan alel keturunan dan tetuanya. Tujuan penelitian adalah untuk menganalisis kemurnian keturunan 12 nomor penyerbukan di tahap pembibitan kelapa sawit. Sebanyak 13 marka SSR yang telah dieksplorasi pada genom kelapa sawit digunakan dalam penelitian ini. Data genotipe berupa alel-alel SSR dibaca dan dikuantitatifkan menggunakan perangkat *Gene Marker®* versi 2.4.0 *Soft Genetics® LLC* dan dianalisis berdasarkan Hukum Segregasi Mendel. Berdasarkan pola pewarisan alel keturunan dengan tetuanya, nomor penyerbukan H dapat dinyatakan sesuai dengan Hukum Mendel, sedangkan nomor penyerbukan A dan G terindikasi tidak sesuai

dengan Hukum Mendel. Nilai probabilitas kemurnian keturunan pada 9 nomor penyerbukan yang lainnya adalah 0,031 dan 0,5. Analisis kemurnian keturunan menggunakan marka SSR dapat dilakukan untuk sistem kontrol kualitas hasil persilangan dan seleksi dini di pembibitan kelapa sawit.

**Kata kunci:** kemurnian keturunan, SSR, sistem kontrol, seleksi dini, bibit, *Elaeis guineensis*.

**ABSTRACT** Information of legitimacy of oil palm progenies is important to guaranty the quality and to control commercial seeds procedures. A true and legitimate cross will produce progeny which has a combination of their parent's allele. The information could be obtained early in the nursery stage through DNA fingerprinting analysis. Simple Sequence Repeats (SSR) is one of DNA markers used for DNA fingerprinting, since the marker system has advantages to acquire information of allele per individual in population and efficiency diverse allele of progeny and their parents. The aim of the research is to obtain legitimacy of 12 progenies analyzing in the oil palm nursery stage. Thirteen SSR markers were used to analyze 12 crossings number of oil palm. The genotypes data by alleles of SSR inferred and quantified using *Gene Marker® Software* version 2.4.0 *Soft Genetics® LLC* and analyzed based on Mendel's Law of Segregation. The result showed based on heredity pattern of progeny and their parent's allele that progenies H were indicated genetically derived from their known parents while progenies from A and G

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

Rokhana Faizah (✉)  
Pusat Penelitian Kelapa Sawit  
Jl. Brigjen Katamso No. 51 Medan, Indonesia  
Email: nana\_rfz@yahoo.com

*indicated as illegitimate crossing. Probability value for legitimacy of progenies of 9 other crosses has 0.031 and 0.5. Legitimacy analysis of progeny using SSR markers could be used to control the quality of crossing material and earlier selection in the oil palm nursery.*

**Keywords:** *legitimacy of progeny, SSR, control system, earlier selection, seedling, Elaeis guineensis.*

## PENDAHULUAN

Hasil persilangan pada program pemuliaan memerlukan uji validitas kemurnian keturunan sekaligus sebagai salah satu cara pengontrolan kualitas persilangan yang dihasilkan. Informasi validitas kemurnian genetik penting untuk menghindari tingkat ketidakmurnian yang banyak dijumpai sebelumnya pada benih-benih komersial (Soh *et al.*, 2009) maupun benih-benih pengujian pada kelapa sawit. Selain itu juga, dapat dilakukan untuk mengurangi potensi yang menyebabkan keturunan terindikasi bukan berasal dari tetuanya, misal penggunaan polen yang tidak sesuai, terjadi kontaminasi polen lain dan penyerbukan sendiri yang tidak terkontrol selama proses penyerbukan, kesalahan dalam pelabelan di produksi benih atau pembibitan, dan penanaman di lapangan (Corley, 2005; Thongthawee *et al.*, 2010; Durrand-Gasselin *et al.*, 2009). Sistem kontrol dan seleksi dini untuk analisis kemurnian keturunan hasil persilangan dapat dilakukan sejak di pembibitan. Kegiatan tersebut akan mempercepat program pemuliaan, yang biasanya seleksi hasil persilangan berdasarkan segregasi ketebalan cangkang dilakukan 3 tahun setelah tanam (tst) di lapangan. Selain itu juga, sistem kontrol sejak di pembibitan dapat menambah penggunaan luasan lahan yang tersedia dan mempercepat proses seleksi pohon program pemuliaan.

Pendekatan molekuler yang dapat dilakukan untuk menguji kemurnian keturunan kelapa sawit adalah analisis sidik jari DNA untuk mendukung program pemuliaan tanaman (Corley, 2005; Thongthawee *et al.*, 2010; Durrand-Gasselin *et al.*, 2009). *Simple Sequence Repeat* (SSR) merupakan salah satu teknik molekuler berbasis sidik jari DNA yang dapat dimanfaatkan untuk mengidentifikasi kemurnian keturunan terhadap informasi kedua tetuanya (Corley dan Tinker, 2016; Bakoumé *et al.*, 2011). Penerapan teknik molekuler SSR pada analisis sidik jari DNA

banyak digunakan pada tanaman jagung (Enoki *et al.*, 2002) dan kelapa sawit (Billote *et al.*, 2005; Wening *et al.*, 2013; Abdullah *et al.*, 2011). Keunggulan marka SSR antara lain memiliki polimorfisme yang tinggi, kodominan, dan efektif untuk membedakan populasi yang tidak dipengaruhi interaksi genotipe dengan lingkungan (Bilska dan Szczecińska, 2016). Keunggulan tersebut sangat mendukung analisis kemurnian keturunan di mana diperlukan marka yang mampu membedakan pola dan ukuran alel tetua dengan keturunannya. Untuk itu, penelitian ini diharapkan dapat menganalisis kemurnian keturunan 12 nomor penyerbukan yang berasal dari lokasi pembibitan Marihat dan Aek Pancur pada Pusat Penelitian Kelapa Sawit (PPKS).

## BAHAN DAN METODE

### Bahan

Penelitian dilaksanakan di Laboratorium Biologi Molekuler Pusat Penelitian Kelapa Sawit (PPKS). Bahan tanaman diperoleh dari hasil persilangan program pemuliaan yang ditanam di kebun pembibitan Marihat dan Aek Pancur PPKS. Sebanyak 123 bibit contoh dari 12 nomor penyerbukan persilangan digunakan pada penelitian ini (Tabel 1). Dalam amplifikasi sekuen DNA, digunakan sebanyak 13 marka SSR yang merupakan perwakilan dari 13 kromosom kelapa sawit (Billote *et al.*, 2005).

### Metode

Analisis kemurnian keturunan kelapa sawit pada tahap pembibitan dengan pendekatan marka molekuler SSR membutuhkan beberapa informasi penting. Tetua persilangan pada keturunan yang diuji harus tersedia, karena informasi alel tetua yang menjadi acuan dasar penentuan kemurnian keturunan. Apabila tetua tidak dapat dianalisis karena pohon telah mati, dapat dilakukan dengan polen tetua. Kedua, bibit yang akan dijadikan contoh telah cukup diambil daunnya tanpa mengganggu pertumbuhan bibit. Ketiga, setiap bibit yang diambil diberi tanda untuk keperluan verifikasi di lapangan.

Analisis kemurnian keturunan kelapa sawit dilakukan dengan mengamati alel-alel genotipe tetua dan keturunannya berdasarkan hukum Segregasi Mendel. Bahan contoh atau sampel diambil dari daun

yang sehat atau polen murni jika pohon tetua yang diuji telah mati. Daun bibit contoh diperoleh pada fase *main nursery* (MN) di pembibitan. Besaran contoh yang digunakan adalah 50 mg daun atau 25 mg polen. Stok DNA yang telah dihasilkan pada tahap ekstraksi DNA genom digunakan untuk amplifikasi PCR-SSR. Protokol dan proses amplifikasi PCR-SSR untuk analisis kemurnian keturunan kelapa sawit mengacu pada uraian Wening dan Yenni (2013) serta Faizah dan Wening (2015).

### Analisis Data

Data genotipe berupa alel-alel SSR dibaca dan dikuantitatifkan menggunakan Gene Marker® versi 2.4.0 Soft Genetics® LLC. Analisis kemurnian keturunan dilakukan dengan mengamati pola segregasi keturunan berdasarkan informasi alel tetuanya dengan mengikuti Hukum Segregasi Mendel. Terdapat 3 kemungkinan hasil analisis kemurnian keturunan, yaitu pola pewarisan alel keturunan dengan tetuanya yang sesuai dengan informasi kedua tetuanya, segregasi alel keturunan yang tidak sesuai dengan alel tetuanya (Mendel *et al.*, 1993), dan nilai probabilitas ketidakmurnian keturunan kelapa sawit (Durrand-Gasselin *et al.*, 2009).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Amplifikasi PCR-SSR menggunakan metode *bulking* dan efisiensi biayanya

Produk amplifikasi PCR-SSR yang mengikutkan primer universal M13 menunjukkan pola dan ukuran alel yang mudah dibedakan antar individu, serta penghematan biaya sekitar 33% karena memungkinkan terjadinya penggabungan beberapa jenis marka yang memiliki ukuran berbeda tanpa menyebabkan gangguan pada amplifikasi alel. Schuelke (2000) memaparkan bahwa protokol PCR-SSR yang mengikutkan primer universal M13 pada 6 marka dapat menghemat \$ 540-720 per lokus.

Penggabungan lebih dari satu marka dalam tulisan ini disebut dengan istilah *bulking*. Hal yang perlu diperhatikan dalam *bulking* adalah ukuran alel pada setiap lokus untuk menghindari *overlapping* hasil fragmen analisis. Pada penelitian ini, *bulking* dapat dilakukan hingga 7 dan 9 marka per analisis fragmen. Selain itu juga, hal lain adalah kisaran alel pada tiap

primer dan sekuen primer universal M13 yang digunakan pada analisis PCR-SSR (Faizah dan Wening, 2015). Sejalan dengan pendapat Ai *et al.* (2012) yang menyebutkan bahwa penggabungan antara beberapa label fluorosen pada marka yang berbeda dapat mengamplifikasi alel dan ukuran alel yang dapat dibedakan antar individu. Disamping itu, keunggulan lain pada teknik ini adalah tingkat keakuratan data genotipe dan kecepatan teknik aplikasi (Culley *et al.*, 2013), amplifikasi fragmen yang luas (Ai *et al.*, 2012), serta efisien pada biaya dan waktu analisis (Corley, 2005; Schuelke, 2000).

### Kuantifikasi Data Genotipe SSR

Fragmen DNA dalam bentuk profil elektroferogram Gene Marker® versi 2.4.0 Soft Genetics® LLC divisualisasikan pada Gambar 1 dan 2. Berdasarkan profil elektroferogram produk PCR-SSR, kuantifikasi data genotipe SSR dapat dilakukan dengan menganalisis pola dan ukuran alel pada tetua dan keturunannya, serta pola segregasi keturunan apakah sesuai dengan informasi alel kedua tetuanya. Untuk memudahkan membaca pola pewarisan alel, secara teknis kedua tetua ditempatkan pada bagian atas dan keturunan di urutan berikutnya. Adanya alel lain yang berbeda atau segregasi alel keturunan yang tidak sesuai dengan informasi kedua tetuanya, menunjukkan bahwa keturunan tersebut tidak mengikuti hukum Mendel (Gambar 1). Pada tetua G1 menunjukkan alel homozigot dengan ukuran 203 bp dan tetua kedua G2 heterozigot dengan ukuran alel 203 dan 220 bp. Namun, alel pada keturunannya terdapat alel 207 bp yang bukan berasal dari alel tetuanya. Demikian juga keturunan pada nomor penyerbukan D yang menunjukkan adanya ukuran alel 125 bp pada individu keturunannya. Sebaliknya, Gambar 2 menyebutkan bahwa individu keturunan pada nomor penyerbukan L memiliki alel-alel 304 dan 322 bp yang sesuai dengan kedua tetuanya. Pola segregasi keturunan yang sesuai dengan informasi alel kedua tetuanya menunjukkan bahwa keturunan tersebut sesuai dengan Hukum Mendel (Gambar 2).

### Pemilihan Marka SSR untuk Kemurnian Keturunan Kelapa Sawit

Kombinasi 13 marka SSR menunjukkan 68 alel dengan rata-rata 5,23 per lokus. Jumlah alel terendah adalah 3 alel pada mEgCIR3213 dan tertinggi 9 alel

Tabel 1. Nomor penyerbukan yang digunakan untuk analisis kemurnian keturunan.

Table 1. Crossing number is used to analyze legitimacy progenies.

No.	No. Serbuk	Jumlah Contoh Pohon	No.	No. Serbuk	Jumlah Contoh Pohon
1	A	10	7	G	12
2	B	10	8	H	11
3	C	10	9	I	9
4	D	10	10	J	9
5	E	10	11	K	11
6	F	10	12	L	11
Total				123	

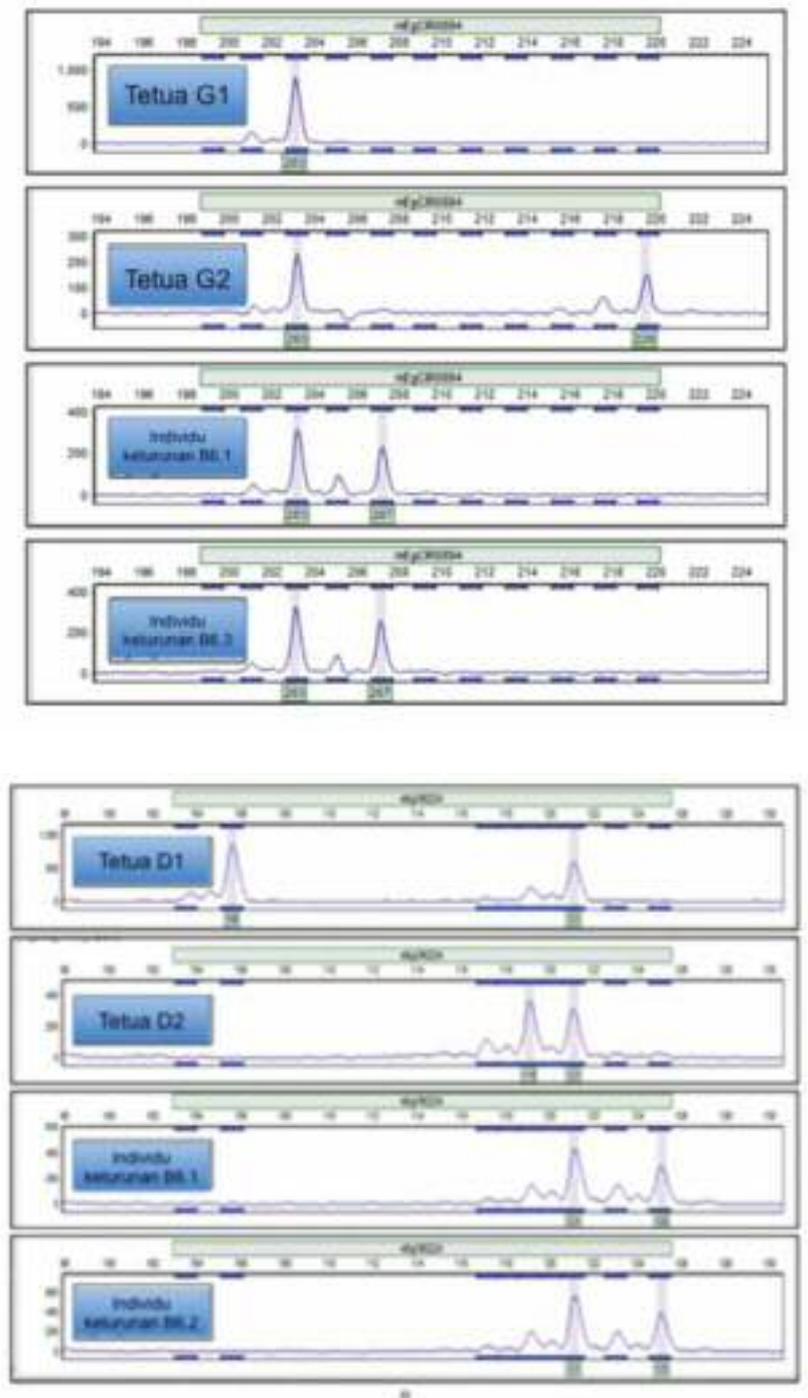
pada mEgCIR0257. Ukuran dan jumlah alel per lokus menunjukkan keunikan pada setiap lokus di 12 nomor penyerbukan yang diuji. Riberio *et al.* (2010) yang menyebutkan nilai yang kebetulan sama dengan hasil penelitian ini, yaitu total alel menggunakan 13 marka SSR adalah 68 alel dengan rerata 5,23 per lokus pada 10 populasi kelapa, sedangkan Perera *et al.* (2001) menyebutkan total alel pada 8 marka SSR adalah 56 alel dengan rerata 7 alel per lokus. Kombinasi beberapa marka SSR menghasilkan total alel dan reratanya, tergantung dari marka tersebut mengamplifikasi DNA contoh. Tidak ada ketentuan khusus berapa jumlah marka dan individu keturunan yang diuji, namun semakin banyak marka dan individu keturunan yang diuji pada identifikasi kemurnian keturunan, maka semakin tinggi tingkat kepercayaan terhadap hasil yang diperoleh. Menurut Corley (2005), Thongthawee *et al.* (2010), dan Durrand-Gasselini *et al.* (2009) menyarankan 5 hingga 12 marka untuk mengetahui tingkat kemurnian keturunan kelapa sawit. Hal terpenting pada pemilihan jumlah marka yang digunakan adalah satu set kombinasi marka tersebut mampu membedakan alel pada masing-masing individu (Durrand-Gasselini *et al.* 2009).

Dua dari 13 marka yang digunakan dapat menunjukkan kemurnian keturunan pada 12 nomor penyerbukan. Marka tersebut adalah mEgCIR3400 dan mEgCIR3555 dengan jumlah 4 alel per lokus atau marka (Tabel 2). Marka mEgCIR0257, mEgCIR3775,

mEgCIR0782, dan mEgCIR3213 menunjukkan alel keturunan yang bukan berasal dari tetua secara berurutan berjumlah 11, 3, 2, dan 2 macam nomor penyerbukan dengan jumlah alel 9, 4, 8, dan 3 alel per marka. Jumlah alel pada tiap lokus tidak berhubungan dengan kemurnian keturunan.

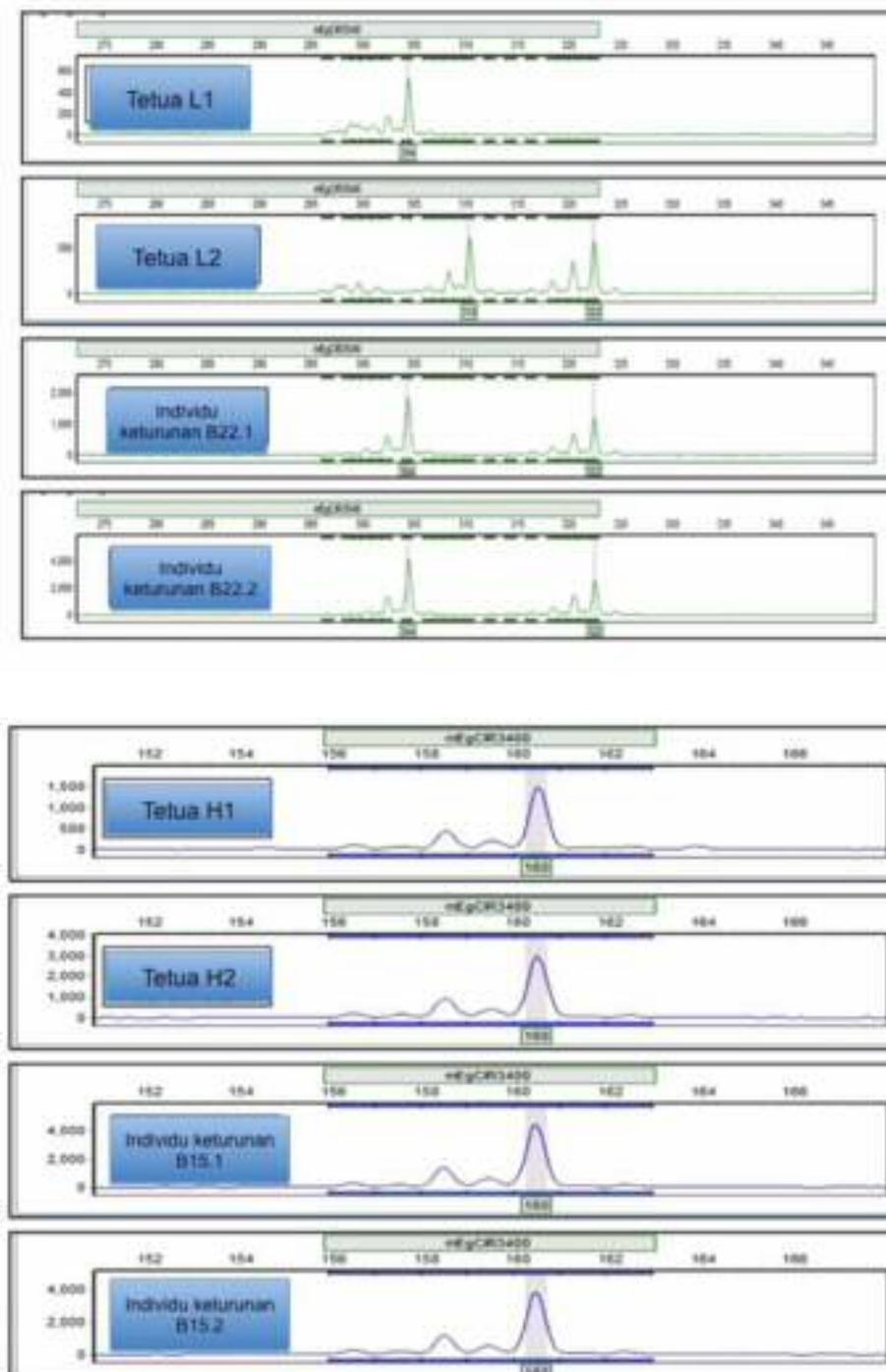
#### Frekuensi Alel Tetua Berdasarkan Marka SSR

Analisis kemurnian keturunan kelapa sawit tidak terlepas dari informasi alel tetuanya, yaitu dura dan tenera/pisifera. Frekuensi alel pada tetua dura berkisar antara 0,938-0,063 dengan tertinggi pada mEgCIR3213, sedangkan terendah ditunjukkan oleh marka mEgCIR0894, mEgCIR3400, mEgCIR2347, dan mEgCIR3213 (Gambar 3). Frekuensi alel pada tetua tenera memiliki kisaran tertinggi 0,778 pada mEgCIR2149 dan mEgCIR3555, sedangkan terendah hampir disetiap marka, yaitu dengan frekuensi alel 0,056. Jika dilihat lebih detail, sebaran alel pada tetua dura memiliki frekuensi alel yang lebih tinggi dibandingkan tetua tenera dengan jumlah alel pada dura 2-3 alel per lokus dan tetua tenera menunjukkan frekuensi alel yang beragam dengan intensitas 3-8 alel per lokus. Pada frekuensi alel 0,2; tetua dura memiliki jumlah lokus yang teramplifikasi lebih tinggi 21/9 (2,3%) dibandingkan tetua tenera yang 22/34 (0,64%). Tingginya frekuensi alel pada tetua dura dimungkinkan karena *selfing* pada beberapa generasi (Bakoumé *et al.*, 2007).



Gambar 1. Visualisasi ukuran alel pada nomor penyerbukan G dan D menggunakan marka mEgCIR0894 dan mEgCIR2224 yang menunjukkan indikasi bahwa keturunan bukan berasal dari kedua tetuanya.

Figure 1. Visualization of alleles size in crosses G and D using mEgCIR0894 and mEgCIR2224 markers that shown the progeny indicated as illegitimate crossing.



Gambar 2. Visualisasi ukuran alel pada tetua dan keturunan L dan H menggunakan marka mEgCIR3546 dan mEgCIR3400 yang menunjukkan indikasi bahwa keturunan berasal dari kedua tetuanya.

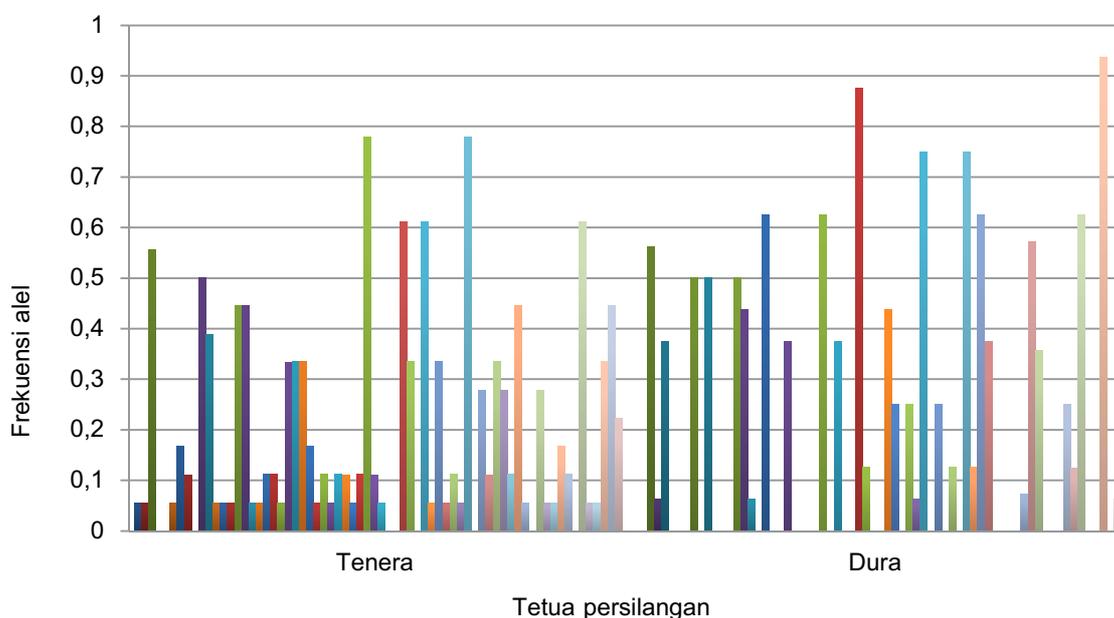
Figure 2. Visualization of alleles size in crosses of L and H using mEgCIR3546 and mEgCIR3400 markers that shown indicated genetically derived from their known parents.

Tabel 2. Jumlah alel per lokus dan variasi ukuran alel (bp) pada 12 nomor penyerbukan persilangan kelapa sawit menggunakan 13 marka SSR.

Table 2. Sum of alleles in each loci and variation of alleles size (bp) in the 12 oil palm crosses using 13 SSR markers.

No.	Lokus SSR*	Jumlah alel	Kisaran ukuran alel (bp)	No.	Lokus SSR*	Jumlah alel	Kisaran ukuran alel (bp)
1.	mEgCIR0894	8	195,3 – 219,5	9.	mEgCIR3555	4	140,0 – 155,2
2.	mEgCIR2224	5	104,9 – 124,4	10.	mEgCIR3546	5	296,6 – 322,7
3.	mEgCIR3400	4	156,7 – 162,8	11.	mEgCIR3433	4	258,8 – 264,4
4.	mEgCIR3311	6	188,3 – 205,1	12.	mEgCIR0782	8	175,7 – 217,5
5.	mEgCIR0257	9	293,3 – 312,7	13.	mEgCIR3213	3	108,3 – 113,9
6.	mEgCIR2149	3	113,3 – 137,2		Rerata	5,23	
7.	mEgCIR2347	5	157,2 – 172,5		Total	68	
8.	mEgCIR3775	4	187,1 – 203,3				

\*) Billotte *et al.* 2005.



Gambar 3. Frekuensi alel per lokus tetua dura dan tenera pada 12 nomor penyerbukan persilangan.

Figure 3. Alleles frequency each loci in the dura and tenera parents in the 12 crosses.

**Pola pewarisan alel pada analisis kemurnian keturunan**

Suatu keturunan dinyatakan murni apabila genotipe yang dimiliki oleh individu-individu pada keturunan tersebut menunjukkan pola pewarisan alel dari tetuanya berdasarkan hukum segregasi Mendel (Balding *et al.*, 2007; Corley 2005; Mendel *et al.*, 1993). Hasil analisis menunjukkan bahwa nomor penyerbukan H berasal dari kedua tetuanya. Pada nomor penyerbukan J terdapat fenomena segregasi alel keturunan yang tidak sesuai dengan informasi kedua tetuanya, yaitu hanya 1 individu keturunan B20.1 pada lokus mEgCIR0894, mEgCIR3311, mEgCIR2149, mEgCIR3546, dan mEgCIR3433.

Menurut Thongthawee *et al.* (2010), apabila terdapat satu individu yang memiliki alel yang tidak sesuai dengan informasi alel tetua pada 1 atau 2 marka yang berbeda dengan marka lainnya, maka individu tersebut diduga terjadi mutasi. Pendapat ini diperkuat dengan individu tersebut yang tidak terdeteksi berasal dari populasi yang lain (*off-type*).

Berdasarkan Buschiazzo dan Gemell (2006), daerah SSR pada genom eukariot dapat mengalami mutasi lebih cepat antara 10<sup>-7</sup>-10<sup>-3</sup> per lokus per generasi dari marka lainnya. Sehingga, marka SSR efektif dan efisien untuk mendeteksi daerah SSR yang mengalami mutasi.

Berdasarkan data genotipe, hal yang menyebabkan ketidakmurnian keturunan adalah alel bapak yang tidak bersegregasi pada keturunannya (misalnya ditemukan pada nomor penyerbukan A dan G) dan segregasi alel keturunan tidak berdasarkan Hukum Mendel I, yaitu hukum segregasi yang menyatakan bahwa setiap pasang alel pada tetua akan diwariskan ke keturunannya secara bebas (Mendel *et al.*, 1993). Tingginya ketidakmurnian keturunan yang ditunjukkan pada beberapa marka dilaporkan Bakoumé *et al.* (2011), Thongthawee *et al.* (2010) yaitu identifikasi adanya ketidakmurnian keturunan pada populasi kelapa sawit dilakukan dengan membandingkan data genotipe SSR yang dapat mendeteksi adanya *off-type* pada suatu populasi.

Tabel 3. Analisis kemurnian keturunan pada 12 nomor penyerbukan persilangan program pemuliaan kelapa sawit.  
Table 3. Legitimacy of progenies analysis in the 12 oil palm crosses.

No.	No. serbuk	Lokus SSR mEgCIR0000 (Billotte <i>et al.</i> 2005)													Kemurnian dan probabilitas
		0894	2224	3400	3311	0257	2149	2347	3775	3555	3546	3433	0782	3213	
1	A	v	v	v	XX	XX	X	v	v	v	v	XX	XX	XX	Tidak murni
2	B	v	v	v	v	XX	v	v	X	v	v	v	v	v	0,5
3	C	v	v	v	v	XX	v	v	X	v	v	v	v	v	0,5
4	D	v	v	v	v	X	v	v	v	v	v	v	v	v	0,5
5	E	v	v	v	v	X	v	v	v	v	v	v	v	v	0,5
6	F	v	v	v	v	XX	v	v	v	v	v	X	v	v	0,5
7	G	XX	XX	v	v	XX	v	X	XX	v	XX	v	XX	XX	Tidak murni
8	H	v	v	v	v	v	v	v	v	v	v	v	v	v	Murni
9	I	v	v	v	v	X	v	v	v	v	v	v	v	v	0,5
10	J	B20.1	v	v	B20.1	v	B20.1	v	v	v	B20.1	B20.1	v	v	0,031
11	K	v	v	v	v	X	v	v	v	v	v	v	v	v	0,5
12	L	v	v	v	v	X	v	v	v	v	v	v	v	v	0,5

Keterangan: √ = alel sesuai dengan kedua tetuanya; x = segregasi alel tidak sesuai dengan kedua tetuanya; xx = alel keturunan tidak sesuai dengan alel kedua tetuanya.

### Nilai probabilitas kemurnian dan ketidakmurnian keturunan

Analisis ketidakmurnian keturunan dapat dibuktikan dengan segregasi atau pola pewarisan alel keturunan, namun menurut Corley (2005) dan Durrand-Gasselín *et al.* (2009), kemurnian keturunan kelapa sawit merupakan nilai probabilitas dan sulit dibuktikan. Pendapat ini menguatkan hasil penelitian bahwa terdapat dugaan faktor lain selain dari segregasi alel dan kontaminasi polen pada kemurnian keturunan kelapa sawit. Durrand-Gasselín *et al.* (2009) menyebutkan perhitungan nilai probabilitas pada beberapa marka yang digunakan adalah  $(1/2)^n$  dimana  $n$  adalah jumlah marka yang menunjukkan individu keturunan tidak mengikuti Hukum Segregasi Mendel. Berdasarkan perhitungan tersebut yang berasumsi bahwa alel keturunan yang berbeda dengan alel tetua tidak berlaku, maka nilai probabilitas pada 9 nomor penyerbukan adalah 0,5 kecuali nomor penyerbukan J yang mencapai 0,031 (Tabel 3). Semakin rendah nilai probabilitas segregasi alel yang tidak sesuai dengan kedua tetuanya pada suatu populasi, maka semakin besar tingkat ketidakmurnian keturunan. Dengan kata lain, analisis kemurnian keturunan dapat berlaku apabila nilai probabilitas mendekati 1 (satu) dan ketidakmurnian mendekati 0 (nol) (Durrand-Gasselín *et al.*, 2009).

### Keefektifan kemurnian keturunan sebagai sistem kontrol dan seleksi dini

Dalam upaya pengontrolan kualitas persilangan dan seleksi dini sejak di pembibitan pada program pemuliaan kelapa sawit, analisis kemurnian keturunan sangat diperlukan sebagai pertimbangan apakah nomor penyerbukan yang diuji dapat diteruskan untuk ditanam di lapangan atau dimanfaatkan untuk kegiatan lain. Hal ini sependapat dengan Soh *et al.* (2009) dan Thongthawee *et al.* (2010) bahwa program pemuliaan kelapa sawit harusnya terbebas dari ketidakmurnian keturunan baik pada saat kegiatan persilangan, proses perkecambahan benih, pembibitan hingga penanaman di lapangan. Selain itu, hasil analisis kemurnian keturunan pada pembibitan yang akan diteruskan untuk penanaman juga bergantung pada tujuan program pemuliaan. Bila hasil analisis kemurnian keturunan digunakan untuk pengujian keturunan ataupun sebagai material genetik di lapangan, sebaiknya dipilih keturunan berdasarkan populasi. Namun, untuk tujuan pemilihan pohon induk

komersial, sebaiknya dipilih berdasarkan individu bibit. Sistem kontrol dan seleksi dini kemurnian keturunan sejak di pembibitan sangat mendukung percepatan program pemuliaan kelapa sawit dalam upaya menghemat waktu dan biaya seleksi.

### KESIMPULAN

Berdasarkan 13 marka SSR yang digunakan pada 12 nomor penyerbukan, diketahui bahwa nomor penyerbukan H memiliki alel-alel yang berasal dari kedua tetua sesuai informasi persilangan, sedangkan nomor penyerbukan A dan G diperlukan verifikasi ulang. Berdasarkan segregasi alel keturunan yang tidak sesuai dengan kedua tetuanya pada 9 nomor penyerbukan, terdapat nilai probabilitas 0,031 pada J dan probabilitas 0,5 pada 8 nomor penyerbukan lainnya. Semakin tinggi nilai probabilitas, semakin besar tingkat kemurnian keturunan pada populasi tersebut. Analisis kemurnian keturunan menggunakan marka SSR bermanfaat sebagai sistem kontrol kualitas hasil persilangan dan seleksi dini di pembibitan kelapa sawit.

### DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, N., M.R. Yusop, M. Ithnin, M. Saleh, and M.A. Latif. 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 (4): 290-299.
- Ai, C.X., XM. Yu, G.N. Shen, Z.H. Qin, S.L. Tian, and L. Xu. 2012. Allele frequency analysis of Chinese chestnut (*Castanea mollissima*) population using fluorescent simple sequence repeats (SSR) analysis. *African Journal of Biotechnology* 11(73): 13767-13774.
- Bakoumé, C., M.Y. Aziah, T. Praveena, C.K. Teh, Y. Suzaini, M. Hamidah, M.S. Jangi, M.N. Basiran, H. Khairudin, and K. Harikrishna. 2011. DNA sequence-based markers for verification of ramet-to-ortet relationship in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *American Journal of Plant Sciences* 2: 539-548.
- Bakoumé, C., R. Wickneswari, N. Rajanaidu, A. Kushairi, P. Amblard, and N. Billotte. 2007. Allelic diversity of natural oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) populations detected by

- microsatellite markers: implications for conservation. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 5 (2): 104-107.
- Balding, D.J., M. Bishop, and C. Cannings. 2007. *Handbook of statistical genetics*, third edition volume 1. John Wiley & Sons, Ltd. England. 751 pages.
- Billotte, N., N. Marseillac, A.M. Risterucci, B. Adon, P. Brottier, F.C. Baurens, R. Singh, A. Herran, H. Asmady, C. Billot, P. Amblard, T. Durand-Gasselin, B. Courtois, D. Asmono, S. C. Cheah, W. Rohde, and E. Ritter, and A. Charrier. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theoretical and Applied Genetics* 110: 754-765
- Bilska, K. dan M. Szczecińska. 2016. Comparison of the effectiveness of ISJ and SSR markers and detection of outlier loci in conservation genetics of *Pulsatilla patens* populations. *PeerJ* 4:e2504; DOI 10.7717/peerj.2504.
- Buschiazzo, E. and N.J. Gemmel. 2006. The rise, fall, and renaissance of microsatellites in eukaryotic genomes. *BioAssay* 28 (10): 1040-1050.
- Corley, R.H.V. 2005. Illegitimacy in oil plant breeding—a review. *Journal of Oil Palm Research* Volume 17 June 2005: 64-69.
- Corley, R.H.V. and P.B. Tinker. 2016. *The oil palm*, Fifth Edition. Blackwell Science Ltd.
- Culley, T.M., T.I. Stamper, R.L. Stokes, J.R. Brzski, N.A. Hardiman, M.R. Klooster, and B.J. Merritt. 2013. An efficient technique for primer development and application that integrates fluorescent labeling and multiplex PCR. *Applications in Plant Sciences* 1 (10): 1300027.
- Durrand-Gasselin, T., N. Billotte, V. Pomies, G. Mastin, F. Potier, P. Amblard, A. Flori, and F. Cochard. 2009. ID Checking by Microsatellite Type Markers (SSR) During the oil Palm Variety Selection and Production Processes. *Proceeding the International Society for Oil Palm Breeders (ISOPB)*. ISOPB Seminar, 4-5 November 2009. Kuala Lumpur City Center.
- Enoki, H, H. Sato, and K. Koinuma, 2002. SSR analysis of genetic diversity among maize inbred lines adapted to cold regions of Japan. *Tag Theoretical and Applied Genetics* 104 (8): 1270-1277.
- Faizah, R. dan S. Wening. 2015. Protokol legitimasi keturunan kelapa sawit di PPKS. *Dalam: H.Y. Rahmadi, S. Wening, R. Nurkhoiry, V.D. Lelyana, A.E.Prasetyo, N.H. Darlan, H.A. Hasibuan, E. Suprianto, dan A.R. Purba (Eds) . Prosiding Pertemuan Teknis Kelapa Sawit*. Jogjakarta, 17-19 Mei 2015. SBN : 978-602-7539-24-2
- Hartley, C.W.S. 1988. *The oil palm*, 3<sup>rd</sup> Edn. Longman. London
- Mendel, G., Corcos, F. Alain, Monaghan, and V. Floyd 1993. *Gregor mendel's experiments on plant hybrids: a guided study masterworks of discovery*. Rutgers University Press. 174p.
- Perera, L., J.R. Russell, J. Provan, and W. Powell. 2001. Level and distribution of genetic diversity of coconut (*Cocos nucifera* L., var. *Typica*) from Sri Lanka assessed by microsatellite markers. *Euphytica* 122: 381-389.
- Riberio, F.E., L. Baudouin, P. Lebrun, L.J. Chaves, C. Brondani, M.I. Zucchi, and R. Vencovsky. 2010. Population structures of Brazilian tall coconut (*Cocos nucifera* L.) by microsatellite markers. *Genetic and Molecular Biology* 33 (4): 696-702.
- Schuelke, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature America* 18: 1-2.
- Soh A.C., C.K. Wong, Y.W. Ho, and C.W. Choong. 2009. *Oil Palm*. In: Vollmann J. and Rajcan I. 2009. *Handbook of plant breeding: Volume 4 Oil Crops*. Springer. New York. 548 p.
- Thongthawee, S., P. Tittinutchanon, and H. Volkaert. 2010. Microsatellite for parentage analysis in oil palm breeding population. *Thai Journal of Genetics* 3 (2): 172-181.
- Wening, S., dan Y. Yenni. 2013. Optimasi analisis sidik jari DNA kelapa sawit. *Pertemuan Teknis Kelapa Sawit*. Jakarta, 6-8 April 2013.
- Wening, S., R. Faizah, Y. Yenni, dan A.R. Purba. 2013. Aplikasi sidik jari DNA dalam manajemen plasma nutfah kelapa sawit. *Pertemuan Teknis Kelapa Sawit*. Jakarta, 6-8 April 2013.