

**Analisis Keragaman Genetik Varietas MTG Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.)  
Berdasarkan Tiga Marka RAPD**

*Genetic diversity of Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) of MTG Commercial Variety Based on  
Three RAPD Marker*

**Frynando Purba Girsang, Lollie Agustina P. Putri\*, Rosmayati,**

Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian Universitas Sumatera Utara Medan, 20155

\*Corresponding author: [lollie.agustina@usu.ac.id](mailto:lollie.agustina@usu.ac.id)

**ABSTRACT**

*MTG variety is “moderate resistant” oil palm variety to ganoderma disease, these variety is not totally resistant to ganoderma disease, it means can be attacked and has the same morphological with other variety, so need to analyzed with molecular marker to see genetic differences. The aim of this study is to know the pattern of DNA bands of oil palm based on RAPD marker OPA-13, OPD-13, OPH-13. This study was conducted in Plant Tissue Culture Laboratory, Faculty of Agriculture, Universitas Sumatera Utara, Medan, from March 2017 to February 2018. Analyzed genetic materials were 26 DNA stocks of oil palm of commercial MTG variety from PT. Socfindo and resulted 100% of polymorphic percentage. The size of the DNA that produced a varied range between 424 to 2572 bp. Only 19 DNA samples that could be processed in software from the 26 DNA samples that analyzed, because there some samples that were not able to be amplified, so they did not meet the standardized percentage. Genetic distance measurement and dendrogram formation were analyzed using DARwin 6.0 software. The results of the analysis showed that 19 individuals were divided into three clusters with a total molecular diversity 49.87%. Coefficient of dissimilarity distance was 0 to 0,6.*

*Keywords: genetic diversity, RAPD markers, oil palm of MTG variety*

**ABSTRAK**

Varietas MTG merupakan varietas kelapa sawit yang “moderat tahan” penyakit ganoderma, varietas ini bukan varietas yang total resisten terhadap serangan penyakit ganoderma, tetapi moderat tahan yang berarti masih bisa terserang dan jika dilihat secara kasat mata mempunyai bentuk morfologi yang sama dengan varietas lain, sehingga perlu dilakukan analisis dengan menggunakan marka molekuler untuk melihat perbedaan secara genetik. Penelitian ini bertujuan mengetahui profil pita DNA kelapa sawit varietas MTG (Moderat Tahan Gano) berdasarkan marka *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) menggunakan primer OPA-13, OPD-13, OPH-13. Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Kultur Jaringan Tanaman, Fakultas Pertanian Universitas Sumatera Utara, Medan, dimulai dari bulan Maret 2017 hingga Februari 2018. Materi genetik yang dianalisis merupakan 26 stok DNA kelapa sawit varietas MTG dari PT. Socfindo menghasilkan persentase polimorfik sebesar 100 %. Ukuran pita DNA yang di hasilkan bervariasi berkisar antara 424 sampai 2572 bp. Hanya 19 sampel DNA yang dapat diproses software dari 26 sampel DNA yang dianalisis, karena ada beberapa sampel yang tidak teramplifikasi, sehingga tidak memenuhi persentase yang distandarkan. Perhitungan jarak dan pembentukan dendrogram dilakukan menggunakan software DARwin 6.0. Hasil analisis menunjukkan bahwa 19 individu tersebut terbagi atas tiga kelompok utama dengan total keragaman molekuler 49,87 %. Koefisien jarak *dissimilarity* berkisar antara 0-0,6.

Kata kunci: kelapa sawit varietas MTG, keragaman genetik, marka RAPD

## PENDAHULUAN

Kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) adalah tanaman yang berasal dari Nigeria, Afrika Barat. Tanaman ini berkeping satu yang termasuk famili Palmae, genus *Elaeis* berasal dari bahasa Yunani, sedangkan nama spesies *guineensis* berasal dari kata Guinea, yaitu tempat dimana seorang ahli bernama Jacquin menanam tanaman kelapa sawit pertama kali di pantai Guinea (Ketaren, 2005).

Tanaman kelapa sawit merupakan salah satu jenis tanaman perkebunan yang menduduki posisi penting dalam sektor pertanian umumnya, dan sektor perkebunan khususnya. Hal ini disebabkan karena dari sekian banyak tanaman yang menghasilkan minyak atau lemak, kelapa sawit yang menghasilkan nilai ekonomi terbesar per hektarnya di dunia (Sunarko, 2009).

Analisis produktivitas dengan melihat faktor-faktor yang mempengaruhi pertumbuhan kelapa sawit diperlukan dalam upaya peningkatan produktivitas kelapa sawit (Risza, 2009).

Salah satu cara untuk meningkatkan produksi pertanian adalah dengan menanam varietas unggul yang dihasilkan dari kegiatan pemuliaan tanaman. Walaupun pemuliaan konvensional (penyilangan dan seleksi) telah terbukti menghasilkan varietas unggul dan mampu meningkatkan produksi tanaman, namun pemuliaan konvensional memiliki keterbatasan, terutama dalam hal waktu yang diperlukan untuk memasukkan/introgensi gen-gen yang diinginkan. Oleh sebab itu diperlukan teknologi baru yaitu penggunaan marka molekuler yang membantu pemulia tanaman dalam mempersingkat waktu seleksi dan menentukan apakah gen yang diinginkan benar-benar ada dalam tanaman hasil persilangan tanaman yang terseleksi (Bahagiawati, 2011).

Dewasa ini penelitian dengan menggunakan metode marka molekuler berkembang sangat pesat, salah satu metode

itu adalah dengan menggunakan penanda *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD). Metode RAPD merupakan metode untuk mengidentifikasi sejumlah besar polimorfisme DNA pada genom dengan cepat dan efisien. Tipe polimorfisme ini membuat RAPD cocok untuk studi keanekaragaman genetik, hubungan kekerabatan, peta genetik, sidik jari DNA. Sidik jari DNA banyak digunakan untuk kasus paternity dan forensik. Metode RAPD menggunakan oligonukleotida pendek (biasanya 10 bp) sebagai primer yang akan berikatan dengan bagian (sites) komplemennya (Aggereini, 2008).

Ketersediaan material genetik (plasma nutfah) merupakan prasyarat utama bagi pemilihan tetua untuk penciptaan bahan tanaman unggul. Keragaman genetik menempati posisi penting dalam program pemuliaan karena optimalisasi dan maksimalisasi sifat-sifat tertentu akan dapat dicapai jika cukup peluang untuk melakukan seleksi gen untuk sifat yang diinginkan juga merupakan syarat mutlak untuk pengembangan kultivar. Keragaman genetik tanaman dapat ditingkatkan baik dengan cara persilangan, introduksi, mutasi maupun persilangan dengan genotype liar. Semakin tinggi tingkat keragaman genetik populasi tanaman akan semakin cepat proses keberhasilan perbaikan tanaman tersebut (Putri *et al.*, 2009).

Saat ini, penyakit busuk pangkal batang merupakan jenis penyakit yang paling sering terjadi dan berdampak paling merusak di perkebunan kelapa sawit di Indonesia dan negara lainnya, sehingga mengakibatkan kerugian yang sangat besar. Telah banyak dilakukan cara untuk mengatasi penyakit ini baik secara kimia, biologi dan mekanis, namun belum dapat memecahkan permasalahan ini. Direktorat Jendral Perkebunan (2014) menyatakan sejak tahun 2000 PT. Socfindo telah melakukan percobaan dan screening untuk mencari bahan tanam kelapa sawit unggul dan yang diharapkan

dapat tahan terhadap penyakit *Ganoderma boninense* Pat. Percobaan dan screening telah dilakukan, baik di lingkup laboratorium (pembibitan) maupun di wilayah perkebunan komersial PT. Socfin Indonesia. Hasil percobaan dan screening tersebut diperoleh bahwa terdapat tanaman D x P Socfindo yang selain unggul dalam hal produktivitas juga memiliki sifat moderat tahan serangan penyakit ganoderma. Varietas ini bukan varietas yang “total resisten” terhadap serangan penyakit ganoderma, tetapi “moderat tahan” yang berarti masih bisa terserang, namun tingkat serangannya jauh di bawah rata-rata serangan pada varietas lain. Kementerian Pertanian pada bulan Agustus 2013 telah merilis kelapa sawit varietas D x P Socfindo moderat tahan *Ganoderma*.

## BAHAN DAN METODE

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah stok DNA yang telah berhasil diisolasi dari daun muda tanaman kelapa sawit varietas MTG (*Moderat Tahan Gano*) yang dikeluarkan oleh Pusat Seleksi Bangun Bandar PT. SOCFINDO sebanyak 26 sampel, tube 2 ml, tube 1,5 ml, tube 0,2 ml, Buffer TAE, marker 1kb DNA Ladder (Promega) dan 1kb plus DNA Ladder (Invitrogen), Go taq Green Master Mix produksi Promega, loading Dye (*Therma Scientific*), aquades, aquabidest, etidium bromide, agarose, primer OPA-13, OPD-13, OPH-13, tip pipet (warna kristal, kuning dan biru), kertas tissue, sarung tangan karet, aluminium foil.

Alat yang digunakan dalam penelitian ini adalah mikropipet ukuran 1-10 µl, 20-100 µl, 100-1000 µl, rak tube, autoklaf, waterbath, magnetic stirrer, centrifuge, freezer, komputer, timbangan elektrik, vortex mixer, cetakan agarose, chambell well (bak elektroforesis), power supply, thermal cycler (Eppendorf), Gel-Doc (*UVITEC Cambridge*), pH meter, alat-alat gelas (gelas beaker, Erlenmeyer, gelas ukur), pengaduk, kamera, oven, gunting, pinset, spatula, timbangan digital, dan alat tulis.

## Penentuan Skoring Marka RAPD

Pola pita yang muncul pada gel diterjemahkan ke dalam data biner dengan scoring manual. Setiap pita mewakili satu karakter dan diberi nilai berdasarkan ada tidaknya pita. Untuk melihat persentase pita polimorfik menggunakan rumus berikut ini:

$$\% \text{ Pita Polimorfik} = \frac{\sum \text{lokus yang polimorfik}}{\sum \text{lokus semuanya}} \times 100$$

Setiap pita dalam gel yang merepresentasikan fragmen DNA dari setiap genotipe tanaman diberi nilai satu ketika pita muncul dan diberi nilai nol ketika pita tidak muncul.

Untuk menentukan keragaman genetik, produk PCR – RAPD diskoring berdasarkan muncul tidaknya pita DNA. Pita yang muncul pada gel diasumsikan sebagai alel RAPD. Keragaman alel RAPD ditentukan dari perbedaan migrasi alel pada gel masing-masing individu sample. Berdasarkan ada atau tidaknya pita, profil pita diterjemahkan kedalam data biner. Pita yang muncul diberi kode 1 (ada) dan 0 (tidak ada) (Ferreira dan Grattapaglia, 1998).

## Penentuan Ukuran Pasangan Basa

Ukuran fragmen basa (pasangan basa = bp) produk PCR ditentukan dengan menggunakan software *UVITEC Cambridge Fire Reader*. Fragmen DNA yang digunakan yaitu 100 bp DNA ladder. Dengan menggunakan software *UVITEC Cambridge Fire Reader* maka ukuran pita DNA (*base pairs*) ini akan berpacuan dari ladder yang kita gunakan. Program ini akan mengukur pita yang muncul berdasarkan ukuran ladder yang digunakan. Pengukuran pola pita yang terbentuk ini dengan pendar cahaya DNA yang terbentuk saat proses elektroforesis dengan sinar UV.

Matriks jarak atau ketidaksamaan genetik untuk semua kombinasi pasangan individu dapat dilakukan dengan dua tipe analisis deskriptif dari keragaman: (1) *Principal Coordinate Analysis* (PCoA), Suatu jenis analisis faktorial pada tabel ketidak

Tabel 1. Hasil uji kuantitas 26 sampel DNA kelapa sawit MTG

No.	Nama Sampel	Å260/280	Konsentrasi DNA (ng/µL)
1	T1	1,79	79,9
2	T2	1,55	34,2
3	T3	1,63	6,6
4	T4	1,87	41,3
5	T5	1,37	60,4
6	T6	1,35	40,6
7	T7	1,95	17,5
8	T8	1,62	18,9
9	T10	1,61	42,8
10	T11	1,07	90,6
11	T12	1,05	119,8
12	T13	2,49	31,8
13	T14	1,73	24,7
14	T15	1,62	30,7
15	T16	1,90	12,3
16	T17	1,19	133,2
17	T18	1,13	32,6
18	T19	1,40	61,3
19	T20	1,81	11,9
20	T21	1,53	62,2
21	T22	2,13	45,9
22	T23	1,82	25,4
23	T24	1,29	18,0
24	T25	1,98	63,3
25	T26	1,03	1,03
26	T27	0,97	34,4

samaan untuk mendapatkan grup origi utama dan (2) *Neighbour-Joining Tree* (NJ tree) untuk memperoleh gambaran dari kekerabatan diantara individu-individu. Perhitungan dan analisis deskriptif ini menggunakan software Darwin 6.0.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Materi genetik yang digunakan untuk analisis berasal dari 26 tanaman kelapa sawit MTG yang telah diisolasi dan dalam bentuk stok. Berikut data sampel terkait identitas dan hasil uji kuantitas pada Tabel 1.

Berdasarkan data hasil uji kuantitas tersebut kuantitas DNA yang dilakukan secaraspektrofotometri pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm sehingga di

peroleh nilai kemurnian dan konsentrasi DNA hasil isolasi

Panjang gelombang 260 nm merupakan serapan maksimum untuk nukleat, sedangkan panjang gelombang 280 nm merupakan serapan maksimum untuk protein. Dapat dilihat juga tingkat absorbansi stock DNA pada Å260/280 berkisar 0,97-2,49. Hal ini menunjukkan bahwa sampel masih mengandung kontaminan seperti polisakarida, fenol dan protein (Fatchiyah, 2011). DNA hasil isolasi dinyatakan kemurnian tinggi apabila nilai Å260/280 beradapada kisaran 1,80-2,00. Tingkat kemurnian dapat menjadi salah satu faktor keberhasilan dalam amplifikasi DNA.

### Visualisasi Hasil Amplifikasi

Hasil amplifikasi terhadap 26 stok DNA tanaman kelapa sawit varietas MTG yang diuji dengan 3 primer RAPD yaitu OPA-13, OPD-13 dan OPH-13, kemudian dielektroforesis menggunakan agarose dengan

konsentrasi agar sebesar 1,3%, voltase sebesar 75 selama 60 menit.

Beberapa sampel yang tidak berhasil teramplifikasi telah dilakukan pengulangan prosedur PCR-RAPD, dengan hasil akhir menunjukkan bahwa ada 6 sampel yang tidak teramplifikasi saat menggunakan primer OPA-13 yaitu sampel T2, T3, T5, T7, T14, dan T16, untuk primer OPD-13 ada 3 sampel yaitu sampel T2, T5, T14, dan untuk primer OPH-13 ada 4 sampel yaitu sampel T2, T13, T14, dan T16 (Tabel 2). Pada Tabel 3, dari ketiga primer yang telah dilakukan ditemukan jumlah pola pita yaitu, OPH-13 sebanyak delapan pita, OPD-13 sebanyak tujuh pita, dan OPA-13 sebanyak lima pita dan panjang basepair (bp) yang bervariasi yaitu, OPH-13 dengan panjang 488 bp-2179 bp, OPD-13 dengan panjang 424 bp-2101 bp, dan OPA-13 dengan panjang 893 bp-2572 bp.

Pola pita paling banyak muncul saat materi DNA diuji dengan menggunakan primer OPH-13 sebanyak delapan pola pita (488 bp, 650 bp, 748 bp, 923 bp, 1408 bp, 1527 bp, 1758 bp, dan 2179 bp) dengan tingkat kemunculan pita semua adalah sebagai pita polimorfis dengan kisaran panjang pita 488 bp-2179 bp. Untuk pola pita ada yang hanya muncul disebagian kecil saja yaitu pada pola pita ketiga dengan panjang 748 bp terdapat pada sampel T3, T15, dan T27, serta

pada pita ketujuh dengan panjang 1758 bp terdapat pada sampel T6, T8, T12, dan T18. Pada primer ini telah dilakukan pengulangan sebanyak tiga kali pada beberapa sampel yang tidak terlihat pitanya hingga akhirnya beberapa sampel yang tetap tidak terlihat pola pitanya tidak dilakukan amplifikasi kembali.

Untuk primer OPD-13, jumlah pola pita yang dihasilkan yaitu sebanyak tujuh pola pita (424 bp, 638 bp, 834 bp, 1025 bp, 1654bp, 1787 bp, dan 2101 bp) dengan tingkat kemunculan pita semua adalah polimorfis dengan panjang pita 424 bp-2101 bp. Untuk pola pita ada yang hanya muncul disebagian kecil saja yaitu pada pola pita pertama dengan panjang 424 bp terdapat pada sampel T3 dan T23, pita keempat dengan panjang 1025 terdapat pada sampel T12 dan T20, serta pada sampel T13 yang hanya memiliki satu pola pita saja yaitu pada pita ketiga dengan panjang 834 bp. Pada primer ini juga telah dilakukan pengulangan sebanyak tiga kali pada beberapa sampel yang tidak terlihat pitanya hingga akhirnya beberapa sampel yang tetap tidak terlihat pola pitanya tidak dilakukan amplifikasi kembali.

Primer terakhir yang digunakan yaitu primer OPA-13. Amplifikasi dengan primer ini menghasilkan lima pola pita (893 bp, 1355 bp, 1536 bp, 2037 bp, dan 2572 bp) dengan ukuran 893 bp-2572 bp. Pola pita yang pada primer ini ada yang hanya muncul sebagian pada pita keempat yaitu pada panjang 2037 bp dan kelima pada panjang 2572 bp terdapat pada sampel masing-masing yaitu, pada pita keempat sampel T11, T12, T18, T20, dan T24, sedangkan pada pita kelima yaitu T11, T12, T18, T20, dan T24, serta pada primer ini juga

Tabel 2. Hasil amplifikasi tiga primer RAPD

No.	Nama Primer	Urutan Basa (5'-3')	Jumlah Sampel Tidak Teramplifikasi	No. Sampel
1.	OPA-13	GACGCCACAC	6	T2, T3, T5, T7, T14, T16
2.	OPD-13	GGGGTGACGA	3	T2, T5, T14
3.	OPH-13	CAGCACCCAC	4	T2, T13, T14, T16

didapatkan hanya satu pola pita yang muncul yaitu pada sampel T4 dan T6 terdapat pada pita kedua dengan panjang pita 1355 bp.

Primer ini juga telah dilakukan pengulangan sebanyak tiga kali pada beberapa sampel yang tidak terlihat pita hingga akhirnya beberapa sampel yang tetap tidak terlihat pita tidak dilakukan amplifikasi kembali.

### Analisis Hubungan Genetik

Analisis dilakukan dengan menggunakan data *matrix dissimilarity simple matching* untuk mendapatkan profil hubungan kekerabatan dan sebaran 26 individu tanaman kelapa sawit MTG yang diuji. Data tersebut ditampilkan dalam bentuk pohon filogenetik (Gambar 1). Dari profil tersebut diketahui bahwa ada 3 kelompok utama yang terbentuk, dimana masing-masing kelompok terdiri dari 11 individu (T4, T6, T11, T12, T15, T18, T19, T20, T23, T24, dan T25) pada kelompok I, 6 individu (T1, T8, T10, T22, T26, dan T27) pada kelompok II, dan 2 individu (T17 dan T21) pada kelompok III yang diuji.

Pada hasil profil kelompok (*cluster*) yang dihasilkan, terdapat beberapa individu yang bila diamati saling bertumpuk pada satu titik, yang menunjukkan bahwa individu

yang berada pada titik tersebut memiliki tingkat keidentikan yang sangat tinggi

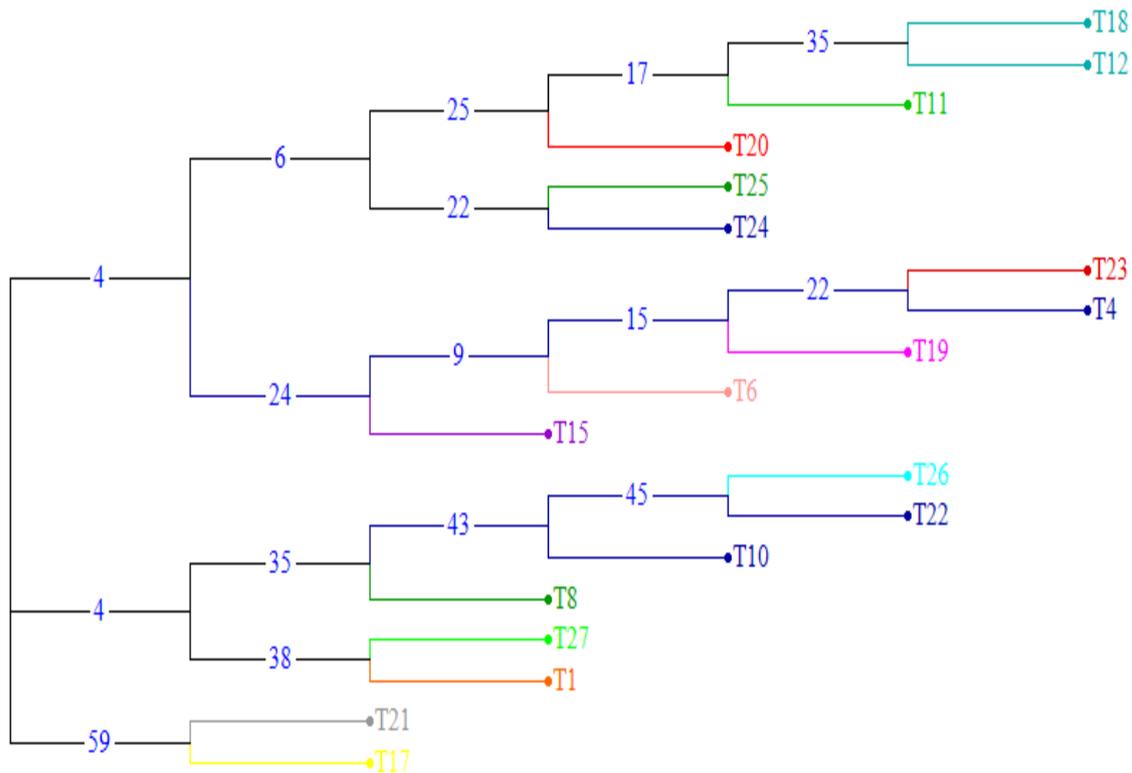
Jarak genetik 26 individu kelapa sawit MTG dengan menggunakan tiga primer RAPD yaitu primer OPH-13, OPD-13 dan OPA-13 sebagai marka molekuler berkisar antara 0,00-0,6 berdasarkan hasil perhitungan *matrix dissimilarity simple matching*. Jarak terjauh terdapat pada antarindividu T23 dengan individu T27 yang menunjukkan nilai 0,6.

Jarak genetik materi yang diuji tergolong cukup rendah dengan nilai 0 pada individu T22 dengan individu T26 dan individu T21 dengan individu T17 yang menunjukkan bahwa secara umum antar materi DNA yang digunakan memiliki hubungan yang cukup dekat satu dengan yang lainnya.

Terdapat perbedaan yang cukup jelas dari ketiga primer yang digunakan, berkaitan dengan jumlah pita yang dihasilkan untuk masing-masing primer. Jumlah pita terbanyak terdapat pada primer OPH-13 yaitu sebanyak delapan pita, dan terendah pada OPA-13 yang menghasilkan lima pita. Perbedaan jumlah pita yang dihasilkan ini berkaitan erat dengan proses kerja primer dalam mengenali keberadaan situs penempelan pada DNA menyatakan semakin banyak situs penempelan kelapa sawit MTG berasal dari kombinasi

Tabel 3. Presentase polimorfisme

No.	Nama Primer	Ukuran Pita (bp)	Σ Pita	Σ Pita Polimorfis	Σ Pita Monomorfis	% Polimorfis
1.	OPA-13	893-2572	5	5	0	100%
2.	OPD-13	424-2101	7	7	0	100%
3.	OPH-13	488-2179	8	8	0	100%
Total			20	20	0	300%
Rata-Rata			6,6	6,6	0	100%



Gambar 1. Diagram filogenik 26 individu kelapa sawit MTG berdasarkan *matrix dissimilarity simple matching* dengan menggunakan tiga marka RAPD

dari primer yang digunakan pada DNA cetakan, maka semakin banyak jumlah pita DNA yang dihasilkan.

Persentase polimorfis sebesar 100 % terjadi pada semua primer yaitu primer OPH-13, OPD-13, dan OPA-13. Sedangkan untuk jumlah monomorfis 0%. Tingkat polimorfisme diperlukan untuk memilih marka yang dapat membedakan antar galur/tetua yang digunakan. Putri (2010) menyatakan bahwa tingkat polimorfisme yang didapatkan dari analisis marka molekuler merupakan informasi yang sangat penting bagi pemulia tanaman untuk menjadi acuan untuk melihat kekayaan diversitas gen. Tingkat polimorfisme yang tinggi diduga terjadi apabila merupakan hasil dari persilangan tetua yang sangat jauh berbeda dan masih sedikit mengalami penekanan seleksi, dengan kata lain didapatkan nilai polimorfisme yang tinggi menunjukkan hubungan kekerabatan yang semakin jauh, mengingat bahwa materi genetik

berpotensi tahan terhadap penyakit ganoderma.

Ketiga primer yang digunakan, menghasilkan tiga kelompok (*cluster*) melalui analisis *Neighbor-Joining Tree (NJ tree)* tampak terdapat beberapa individu yang memiliki nilai keidentikan sebesar 100% yang apabila kita lihat dari pola terjadi penumpukkan pada satu titik sampel pada profil NJ tree. Kelompok I terdiri dari 11 sampel yaitu T4, T6, T11, T12, T15, T18, T19, T20, T23, T24, dan T25. Sedangkan kelompok II terdiri enam sampel yaitu T1, T8, T10, T22, T26, dan T27. Terakhir untuk kelompok III terdiri dari sampel T17 dan T21. Informasi ini bias digunakan untuk menduga dan menyeleksi sampel-sampel yang mengalami perubahan genetik. Ferreira dan Grattapaglia (1998) menyatakan terdapat pita-pita DNA yang kemudian diterjemahkan ke dalam bentuk data binary yaitu dengan memberi angka 1 bila terdapat pita dan angka

0 bila tidak terdapat pita. Data binary dari pita-pita yang telah diskoring dan dianalisis dengan menggunakan software DARwin 6.0. sehingga didapatkan dendogram.

Dendogram merupakan pohon filogenetik yang menggambarkan pengelompokan sampel dengan Operational Taxonomic Unit (OTU) yang berderet rata secara vertikal pada satu sisi pohon. Informasi ini bias digunakan untuk menduga dan menyeleksi sampel-sampel yang mengalami perubahan genetik.

Hasil pengamatan dari 26 sampel untuk ketiga primer RAPD juga terdapat tujuh individu yang tidak dapat dianalisis oleh software Darwin 6.0. yaitu individu T2, T3, T5, T7, T13, T14, dan T16, dikarenakan jumlah data skoring ketujuh sampel tersebut yang tidak memenuhi syarat yang distandarkan. Proses amplifikasi tidak selalu berhasil pada semua sampel untuk beberapa primer RAPD, dikarenakan beberapa faktor yang menyebabkan pita-pita DNA tidak muncul sama sekali, sehingga untuk pita DNA dari ketujuh sampel tersebut tidak mempunyai nilai.

### SIMPULAN

Polimorfisme dari tiga primer yang di gunakanya itu OPH-13, OPD-13, dan OPA-13 sebesar 100 % dengan ukuran basa fragmen yang berbeda-beda berkisar antara 424 bp-2572 bp. Ada kemunculan satu pola pita unik yaitu terdapat pada sampel T13 (834 bp) pada primer OPD-13, sampel T4 (1355 bp) dan T6 (1355 bp) pada primer OPA-13. Dendogram terbagi oleh tiga kelompok, yaitu kelompok I (Individu T4, T6, T11, T12, T15, T18, T19, T20, T23, T24, dan T25), kelompok II (Individu T1, T8, T10, T22, T26, dan T27) dan kelompok III (Individu T17 dan T21).

Perlu di lakukan penelitian lebih lanjut untuk keragaman genetic tanaman kelapa sawit varietas MTG dengan menggunakan primer yang berbeda agar dapat meningkatkan keakuratan kekerabatan lebih tinggi.

### DAFTAR PUSTAKA

- Aggereini, E., 2008. *Random amplified polymorphic DNA (RAPD)*, suatu metode analisis DNA dalam menjelaskan berbagai fenomena biologi. *J. Biospecies*, 1 (2): 73 - 76.
- Bahagiawati. 2011. Peran markah molekuler dalam pemuliaan tanaman. *Badan Litbang Pertanian*. Edisi 16-22 Maret 2011 No.3397 Tahun XLI.
- Direktorat Jenderal Perkebunan. 2014. Benih Sawit Unggul PT.Socfin Indonesia DXP Socfin Moderat Tahan Gano. Diakses dari <http://ditjenbun.pertanian.go.id/tanhu/berita-233-benih-sawit-unggul-ptsocfin-indonesia-dxp-socfindomoderattahan-gano.html> pada tanggal 20 Januari 2017.
- Fatchiyah. 2011. Pelatihan analisis fingerprinting  $\Gamma$  man dengan metode I Modul. Laboratorium S nu h\Hayati Universitas Brawijaya, Malang.
- Ferreira, M.E dan Grattapaglia, D. 1998. Introducao ao uso de marcadores moleculares em analise genetica. Embrapa-Cenargen. Brasilia.
- Ketaren,S.2005.Minyak Dan Lemak Pangan. Penerbit Universitas Indonesia, Jakarta Halaman 284.
- Poerba, Y. S. dan Yuzammi. 2008. Pendugaan keragaman genetik *Amorphophallus titanum* Becc. berdasarkan marka *random amplified polymorphic DNA*. *Biodiversitas* 9 (2): 103-107.
- Putri, L.A.P. 2010. Pendugaan parameter genetik dan karakterisasi molekuler keragaman genetik dengan marka *mikrosatelit* (SSR) pada kelapa sawit.*Disertasi*. Program Pascasarjana IPB. Bogor.
- Putri, L.A.P., Sudarsono, H. Aswidinnoor, dan D. Asmono. 2009. Keragaan genetik dan pendugaan heritabilitas pada komponen hasil dan kandungan  $\beta$ -

- karoten progeni kelapa sawit. Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor. *J. Agron. Indonesia* 37 (2) : 145 – 151.
- Risza, S. 2009. Kelapa Sawit Upaya Peningkatan Produktivitas. Yogyakarta (ID):189 hlm.
- Sunarko. 2009. Budidaya dan Pengelolaan Kebun Kelapa Sawit dengan Sistem Kemitraan. Jakarta (ID): Agromedia Pustaka. 178 hlm.