

ASOSIASI MARKA *SIMPLE SEQUENCE REPEAT* DAN *SINGLE NUCLEOTIDE AMPLIFIED POLYMORPHISM* DENGAN KARAKTER PERTAMBAHAN TINGGI BATANG PADA POPULASI KELAPA INDONESIA

ANDI NADIA NURUL LATHIFA HATTA



**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2023**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “Asosiasi Marka *Simple Sequence Repeat* dan *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* dengan Karakter Pertambahan Tinggi Batang pada Populasi Kelapa Indonesia” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Maret 2023

Andi Nadia Nurul Lathifa Hatta
NIM A263190078

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



RINGKASAN

ANDI NADIA NURUL LATHIFA HATTA. Asosiasi Marka *Simple Sequence Repeat* dan *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* dengan Karakter Pertambahan Tinggi Batang pada Populasi Kelapa Indonesia. Dibimbing oleh SUDARSONO, DEWI SUKMA, dan ISMAIL MASKROMO.

Kelapa (*Cocos nucifera* L.) di Indonesia secara umum dibedakan menjadi dua tipe yaitu kelapa Dalam dan kelapa Genjah. Pemuliaan terhadap tanaman kelapa Indonesia telah dilakukan dengan menyilangkan kelapa Dalam dan Genjah yang menghasilkan kelapa Hibrida dengan sifat yang intermediate terhadap tetuanya. Validitas keberhasilan dalam persilangan dibuktikan secara morfologis. Salah satu ciri morfologis yang umum dilihat adalah pertambahan tinggi tahunan kelapa melalui sebelas bekas daun kelapa. Salah satu kelemahan dalam pemuliaan konvensional kelapa yaitu memerlukan waktu yang lama untuk mengamati karakter morfologis pada hasil persilangan. Marka molekuler dapat digunakan pada awal fase pertumbuhan kelapa, sehingga tidak perlu menunggu hingga karakter morfologis tertentu dapat diamati. Pemuliaan tanaman pendekatan bioteknologi berbasis marka molekuler merupakan terobosan untuk mempercepat proses pemuliaan dengan tingkat keakuratan yang tinggi.

Marka molekuler yang dikembangkan dibedakan menjadi dua yaitu marka dominan dan marka kodominan. Marka dominan memiliki kelemahan tidak membedakan alel heterozigot, sedangkan tanaman kelapa dapat menyerbuk silang yang berarti tingkat heterozigotnya tinggi. Oleh sebab itu, dalam penelitian ini digunakan marka kodominan. Marka kodominan yang digunakan dalam penelitian ini yaitu marka *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* (SNAP) dan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR). Marka SNAP didesain menggunakan dasar gen (*gene-based marker*). Sedangkan marka SSR dalam penelitian ini menggunakan dasar genom (*genome-based marker*).

Tujuan penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi keragaman genetik populasi plasma nutfah kelapa Indonesia berdasarkan marka SSE berbasis *whole genome* kelapa; mendapatkan informasi marka SSR berbasis *whole genome* kelapa yang berasosiasi dengan karakter pertambahan tinggi tahunan tanaman kelapa Indonesia; mendapatkan informasi keragaman nukleotida genom kelapa, informasi keragaman beberapa genotipe kelapa berdasarkan situs SNP, dan pengembangan marka SNAP berbasis gen pertambahan tinggi kelapa (gen CYP P450 87A3, DET2, dan FBP SNE).

Percobaan pertama menginformasikan 16 kromosom kelapa memiliki masing-masing tandem pengulangan. Pengulangan motif nukleotida berhasil didesain primer SSR. Dari 20 primer yang diuji, 18 pasang primer menunjukkan hasil positif sedangkan 2 pasang primer menunjukkan hasil negatif. Dari 18 pasang primer, terdapat 2 lokus yang menghasilkan pita monomorfik yaitu lokus Cn-1-1 (primer 20) dan Cn-4-2 (primer 16). Terdapat 1 lokus mikrosatelit, yaitu lokus Cn-5-1 (primer 15) tidak menghasilkan pita pada sekuenser vertikal.

Percobaan kedua menginformasikan 14 lokus SSR menunjukkan polimorfisme, masing-masing terdapat 2 hingga 4 pita, dengan alel yang bervariasi antara homozigot dan heterozigot tiap aksesinya. Rata-rata nilai jumlah alel yang teramati secara aktual (N_a), heterozigositas (H_o dan H_e) dan *Polymorphic*

Information Content (PIC) berturut-turut adalah 2.92, 0.95, 0.59 dan 0.67. Analisis keragaman genetik pada 25 varietas kelapa Indonesia menggunakan 14 lokus SSR polimorfik menunjukkan hasil klustering menjadi tiga kluster. Kluster pertama didominasi oleh tipe genjah dan hibrida, kluster kedua didominasi oleh tipe dalam dan hibrida, serta kluster ketiga didominasi oleh tipe hibrida. Sebanyak 4 lokus berhasil diasosiasikan dengan karakter pertambahan tinggi tanaman, yaitu Cn-16-1, Cn-10-1, Cn-8-1, Cn-7-1.

Percobaan ketiga menghasilkan informasi 9 SNP pada CYP P450 87A3 dan penanda SNAP dikembangkan berdasarkan situs SNP tersebut. Analisis lokus tunggal pada lokus SNAP CYP2_SNP1 menunjukkan asosiasi dengan pertambahan tinggi batang kelapa. Genotipe homozigot CC untuk lokus SNAP CYP2_SNP1 memiliki asosiasi dengan karakter pertambahan tinggi batang lambat. Alel T dan C pada lokus CYP2_SNP1 memiliki aksi aditif, dimana genotipe TC merupakan aditif dari genotipe CC dan TT. Efek heterosis negatif terlihat pada lokus SNAP CYP1_SNP2, CYP2_SNP3, CYP2_SNP5, CYP2_SNP11. Pada lokus CYP2_SNP8 menunjukkan bahwa tidak ada asosiasi antara genotipe dan karakter pertambahan tinggi tahunan kelapa.

Percobaan keempat menghasilkan informasi 7 SNP pada gen DET2 dan penanda SNAP dikembangkan berdasarkan situs SNP tersebut. Genotipe GG pada lokus SNAP DET2_SNP2, genotipe GG pada lokus DET2_SNP5, dan alel TT pada DET2_SNP7 menunjukkan asosiasi dengan karakter pertambahan tinggi batang lambat. Alel-alel pada tiga lokus tersebut memiliki aksi aditif. Hasil analisis menunjukkan bahwa tidak ada asosiasi antara genotipe dan karakter pertambahan tinggi tahunan kelapa untuk lokus DET2_SNP1, DET2_SNP4, dan DET2_SNP9.

Percobaan kelima menunjukkan sebanyak 3 SNP dan 2 situs indel pada FBP SNE. Penanda SNAP yang berhasil dikembangkan yaitu pada lokus FBP_SNP3, sementara itu primer indel menunjukkan hasil monomorfik. Analisis lokus tunggal pada lokus SNAP FBP_SNP3 menunjukkan asosiasi dengan pertambahan tinggi batang kelapa. Alel G dan C pada lokus FBP_SNP3 memiliki aksi aditif, dimana genotipe GC merupakan aditif dari genotipe CC dan GG.

Kelima percobaan menunjukkan bahwa terdapat lokus-lokus dari marka SSR dan marka SNAP yang menunjukkan asosiasi dengan tinggi tahunan tanaman kelapa. Asosiasi antar lokus dengan karakter morfologi ini juga dapat menjelaskan aksi gen serta efek heterosis yang terdapat dalam populasi kelapa yang diuji. Marka yang berasosiasi dengan karakter pertambahan tinggi tahunan kelapa ini diharapkan dapat membantu percepatan pemuliaan kelapa di Indonesia.

Kata kunci: pertambahan tinggi batang, populasi kelapa Indonesia, SNAP, SSR



SUMMARY

ANDI NADIA NURUL LATHIFA HATTA. Association *Simple Sequence Repeat* and *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* Marker with Trunk Height Increment Character in Indonesian Coconut Population. Supervised by SUDARSONO, DEWI SUKMA and ISMAIL MASKROMO.

Coconut (*Cocos nucifera* L.) in Indonesia is generally divided into tall coconut and dwarf coconut. Breeding of the Indonesian coconut plant has been carried out by crossing the tall and dwarf coconuts, which produce hybrid coconuts with intermediate properties to their parents. The validity of success in crosses was proven morphologically. The morphological characteristic that is commonly seen is the increase in the height of the coconut trunk through eleven coconut leaf marks. One of the weaknesses in conventional coconut breeding is that it takes a long time to observe the morphological character. Molecular marker-based plant breeding is the biotechnology breakthrough to speed up the breeding process with a high degree of accuracy.

The developed molecular markers are divided into dominant markers and codominant markers. Dominant markers have the disadvantage of not distinguishing heterozygous alleles. Meanwhile, the coconut plant is cross-pollinated, which means it has a high heterozygous level. Therefore, in this study, codominant markers were used. The codominant markers used in this study were Single Nucleotide Amplified Polymorphism (SNAP) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. SNAP markers are designed using gene-based markers. SSR markers in this study are genome-based markers.

This study aimed to obtain information on the genetic diversity of the Indonesian coconut germplasm population based on coconut whole genome-based SSR markers; obtain information on coconut whole genome-based SSR markers associated with the annual height gain of Indonesian coconut plants; obtained information on the nucleotide diversity of the coconut genome, information on the diversity of several coconut genotypes based on SNP sites, and the development of SNAP markers based on coconut height increment genes (CYP P450 87A3, DET2, and FBP SNE genes).

The first experiment, 16 coconut chromosomes had their respective tandem repeats. The tandem repeat motif was successfully designed as an SSR primer. Of the 20 primers tested, 12 pairs were AT motifs, 6 pairs were AG motifs, and 2 primer pairs were AC motifs. 18 pairs of primers showed positive results, while 2 pairs of primers showed negative results. There are 2 loci that produce monomorphic bands, the Cn-1-1 (primer 20) and Cn-4-2 (primer 16) loci. There is 1 microsatellite locus, the Cn-5-1 locus (primer 15) does not produce bands on the vertical sequencer.

The second experiment revealed that 14 SSR loci showed polymorphism, each with 2 to 4 bands, with alleles varying between homozygous and heterozygous for each accession. The mean values for the number of alleles that were actually observed (N_a), heterozygosity (H_o and H_e) and Polymorphic Information Content (PIC) were 2.92, 0.95, 0.59 and 0.67, respectively. Analysis of genetic diversity in 25 Indonesian coconut accessions using 14 polymorphic SSR loci showed clustering results into three clusters. The first cluster is dominated by the dwarf and

hybrid types, tall types and hybrids dominate the second cluster, and hybrid types dominate the third cluster. There are 4 loci that associated with coconut trunk height increment, Cn-16-1, Cn-10-1, Cn-8-1, and Cn-7-1.

The third experiment yielded information on 9 SNPs on CYP P450 87A3, and SNAP markers were developed based on these SNP sites. Single locus analysis at the SNAP CYP2_SNP1 locus showed an association with coconut trunk height increment. The CC homozygous genotype for the SNAP CYP2_SNP1 locus is associated with a slow stem height increment. The T and C alleles at the CYP2_SNP1 locus have an additive action, where the TC genotype is additive to the CC and TT genotypes. Negative heterotic effects were seen at the SNAP CYP1_SNP2, CYP2_SNP3, CYP2_SNP5, and CYP2_SNP11 loci. The CYP2_SNP8 locus showed no association between the genotype and the character of the annual height increment of coconuts.

The fourth experiment yielded information on 7 SNPs in the DET2 gene, and SNAP markers were developed based on these SNP sites. The GG genotype at the DET2_SNP2 SNAP locus, the GG genotype at the DET2_SNP5 locus, and the TT allele at DET2_SNP7 showed associations with the slow stem height increment. The alleles at these three loci have additive action. The analysis showed no association between the genotype and the characters for the annual height increment of coconuts for the DET2_SNP1, DET2_SNP4, and DET2_SNP9 loci.

The fifth experiment showed 3 SNPs and 2 indel sites on FBP SNE. The SNAP marker successfully developed was at the FBP_SNP3 locus, while the indel primers showed monomorphic results. Single locus analysis at the SNAP FBP_SNP3 locus showed an association with coconut trunk height increment. The G and C alleles at the FBP_SNP3 locus have an additive action, where the GC genotype is additive to the CC and GG genotypes.

The five experiments showed that there were loci from the SSR and SNAP markers, which were associated with the coconut plant's annual height. The association between loci and morphological characters can also explain gene action and heterosis effects in the coconut population tested. This marker associated with the character of the annual height increase of coconuts can help accelerate coconut breeding in Indonesia.

Keywords: Indonesian coconut population, SNAP, SSR, yearly trunk height increment



- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta Milik IPB, Tahun 2023

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah; dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB

ASOSIASI MARKA *SIMPLE SEQUENCE REPEAT* DAN *SINGLE NUCLEOTIDE AMPLIFIED POLYMORPHISM* DENGAN KARAKTER PERTAMBAHAN TINGGI BATANG PADA POPULASI KELAPA INDONESIA

ANDI NADIA NURUL LATHIFA HATTA

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor pada
Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman

**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2023**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Penguji luar komisi pembimbing pada ujian tertutup disertasi:

1. Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S.
2. Prof. Dr. Ir. Novarianto Hengky, M.S.

Penguji luar komisi pembimbing pada sidang promosi terbuka disertasi:

1. Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S.
2. Ir. Jelfina Constansje Alouw, M.Sc., Ph.D.



@Hak cipta milik IPB University

IPB University

Judul Disertasi : Asosiasi Marka *Simple Sequence Repeat* dan *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* dengan Karakter Pertambahan Tinggi Batang pada Populasi Kelapa Indonesia

Nama : Andi Nadia Nurul Lathifa Hatta

NIM : A263190078

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc.

Pembimbing 2:

Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si.

Pembimbing 3:

Dr. Ir. Ismail Maskromo, M.Si.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:

Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu EK, M.S.

NIP. 19631107 198811 2 001

Plt, Dekan Fakultas Pertanian:

Prof. Dr. Ir. Suryo Wiyono, M.Sc.Agr.

NIP. 19690212 199203 1 003

Tanggal Ujian Tertutup:
6 Februari 2023

Tanggal Lulus:
13 Maret 2023

Tanggal Sidang Promosi:
13 Maret 2023

13 MAR 2023



PRAKATA

Puji syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT atas segala rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan karya ilmiah disertasi yang berjudul “Asosiasi Marka *Simple Sequence Repeat* dan *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* dengan Karakter Pertambahan Tinggi Batang pada Populasi Kelapa Indonesia” yang disusun sebagai salah satu syarat memperoleh gelar Doktor dari Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman, Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor.

Dalam menyelesaikan disertasi ini, penulis banyak memperoleh bantuan baik berupa pengajaran, bimbingan dan arahan dari berbagai pihak. Oleh karena itu penulis menyampaikan ucapan terima kasih dan penghargaan setinggi-tingginya kepada yang terhormat Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc. selaku ketua komisi pembimbing, Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si., dan Dr. Ir. Ismail Maskromo, M.Si. selaku anggota komisi pembimbing dimana di tengah-tengah kesibukannya masih tetap meluangkan waktunya untuk memberikan bimbingan, petunjuk, dan mendorong semangat penulis untuk menyelesaikan penulisan disertasi ini.

Perkenankanlah juga, penulis menyampaikan ucapan terima kasih kepada semua pihak yang terlibat dalam penyelesaian studi ini, kepada:

1. Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S. dan Prof. Dr. Ir. Novariant Hengky, M.S. selaku dosen penguji yang telah memberikan masukan dan saran sehingga penulisan disertasi ini menjadi lebih baik.
2. Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu EK, M.S. selaku Ketua Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman dan dosen penguji yang telah memberikan motivasi, masukan, arahan dan saran dalam perbaikan disertasi.
3. Ayah dan Ibu tercinta (Andi Muhammad Hatta Tajang, S.P., M.M. dan Andi Nurul Uneng, S.P.) yang telah membesarkan dan mendidik dengan penuh rasa kasih sayang serta adik saya Andi Nadhilah NF. Hatta dan Andi Muhammad Naufal BL. Hatta yang senantiasa memberikan doa, semangat dan dukungan kepada penulis.
4. Dr. Zulfikar Damaralam Sahid yang dengan setia mendampingi, mendukung semangat penulis selama dimulai penelitian hingga akhir menyelesaikan studi.
5. Bapak dan Ibu mertua tercinta (Prof. Sahid Teguh Widodo dan Ninik Suspriyati, M.Pd.) serta kedua adik ipar saya Jolang Ryamizard Sahid dan Rulla Paundryanagari Sahid yang senantiasa memberikan doa, semangat dan dukungan kepada penulis
6. Keluarga besar PMB Lab, khususnya kepada: Kak Adis, Kak Freta, Mas Zikril, Bu Anneke, Bu Maera, Bu Dini Astika, Pak Agus, dan Bu Susi atas sharing ilmu dan informasi, serta bantuan tenaga dalam pelaksanaan penelitian.

Kritik dan saran selalu diterima oleh penulis untuk perbaikan penelitian dimasa depan. Semoga karya ilmiah ini bermanfaat.

Bogor, Maret 2023

Andi Nadia Nurul Lathifa Hatta

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xv
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Tujuan Penelitian	3
1.3 Hipotesis Penelitian	3
1.4 Kebaruan (<i>Novelty</i>)	4
1.5 Ruang Lingkup Penelitian	4
II TINJAUAN PUSTAKA	6
2.1 Kelapa (<i>Cocos nucifera</i> L.)	6
2.2 Jenis Kelapa Indonesia	6
2.3 Marka Molekuler	7
2.4 <i>Simple Sequence Repeat</i> (SSR)	8
2.5 <i>Single Nucleotide Amplified Polimorphism</i> (SNAP)	9
III DESAIN DAN VALIDASI MARKA SSR BERDASARKAN DATA WHOLE GENOME KELAPA (<i>Cocos nucifera</i> L.)	10
3.1 Abstrak	10
3.2 Pendahuluan	11
3.3 Metodologi Penelitian	11
3.4 Hasil dan Pembahasan	14
3.5 Simpulan	21
IV PEMANFAATAN MARKA SSR BERBASIS DATA WHOLE GENOME PADA POPULASI KELAPA INDONESIA	22
4.1 Abstrak	22
4.2 Pendahuluan	23
4.3 Metodologi Penelitian	24
4.4 Hasil dan Pembahasan	27
4.5 Simpulan	33
V PENGEMBANGAN DAN VALIDASI MARKA SNAP BERBASIS GEN CYP P450 87A3 PADA KELAPA (<i>Cocos nucifera</i> L.)	34
5.1 Abstrak	34
5.2 Pendahuluan	35
5.3 Metodologi Penelitian	36
5.4 Hasil dan Pembahasan	38
5.5 Simpulan	50



DAFTAR ISI (Lanjutan)

VI	PENGEMBANGAN DAN VALIDASI MARKA SNAP BERBASIS GEN DET2 PADA KELAPA (<i>Cocos nucifera</i> L.)	51
	6.1 Abstrak	51
	6.2 Pendahuluan	52
	6.3 Metodologi Penelitian	53
	6.4 Hasil dan Pembahasan	55
	6.5 Simpulan	68
VII	PENGEMBANGAN DAN VALIDASI MARKA SNAP BERBASIS GEN FBP SNE PADA KELAPA (<i>Cocos nucifera</i> L.)	69
	7.1 Abstrak	69
	7.2 Pendahuluan	70
	7.3 Metodologi Penelitian	71
	7.4 Hasil dan Pembahasan	73
	7.5 Simpulan	82
VIII	PEMBAHASAN UMUM	83
IX	SIMPULAN UMUM DAN SARAN	87
	DAFTAR PUSTAKA	88
	RIWAYAT HIDUP	98

DAFTAR TABEL

1	Lokus SSR teridentifikasi pada 16 kromosom kelapa Hainan Tall	14
2	Pengulangan motif dinukleotida dari 16 kromosom kelapa Hainan Tall beserta pasangan primer yang terbentuk	15
3	20 pasang primer SSR kelapa untuk validasi	17
4	Primer SSR dan suhu annealing (Hatta, 2022)	25
5	Jumlah alel (N_a), jumlah alel efektif (N_e), heterozigositas pengamatan (H_o), heterozigositas harapan (H_e), dan nilai PIC berdasarkan 14 marka SSR pada populasi kelapa	27
6	Jumlah alel yang diamati pada setiap lokus pada populasi kelapa	28
7	Parameter keragaman genetik pada populasi kelapa berdasarkan nilai heterozigositas pengamatan (H_o) dan heterozigositas harapan (H_e)	29
8	Pasangan primer untuk amplifikasi gen CYP P450 87A3	38
9	Hasil analisis SNP pada gen CYP P450 87A3	44
10	Primer SNAP pada gen CYP P450 87A3	46
11	Analisis varian untuk karakter pertambahan tinggi batang tahunan pada populasi kelapa yang diuji	47

DAFTAR TABEL (Lanjutan)

12	Deskripsi pertambahan tinggi batang tahunan antar varietas kelapa yang diuji: Genjah, Dalam, dan Hibida	48
13	Pasangan primer untuk amplifikasi gen DET2	55
14	Hasil analisis SNP pada gen DET2	63
15	Primer SNAP pada gen DET2	65
16	Pasangan primer untuk amplifikasi gen FBP SNE	73
17	Hasil analisis SNP pada gen FBP SNE	78
18	Primer SNAP pada gen FBP SNE	79

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram alir penelitian	5
2	Persentase motif dinukleotida pada 16 kromosom kelapa Hainan Tall	15
3	Polimorfisme pada lokus Cn-6-1 pada berbagai varietas kelapa	18
4	Peta keterkaitan 876 lokus SSR yang diidentifikasi dalam penelitian ini dan 198 lokus SSR sebelumnya disimpan dalam Database DNA NCBI pada 16 kromosom kelapa. (Keterangan: Lokus yang digarisbawahi merupakan SSR pada NCBI; lokus SSR berlabel merah adalah 20 lokus yang divalidasi)	19
5	Pohon filogenetik berdasarkan metode Neighbour Joining menggunakan piranti lunak DARwin berdasarkan 14 lokus marka SSR (Keterangan: Merah varietas genjah, kuning varietas dalam, hijau varietas hibrida)	30
6	Representasi konstitusi genotipe dan pertambahan tinggi batang kelapa pada 25 varietas kelapa berdasarkan lokus SSR. (A) Cn-16-1; (B) Cn-10-1; (C) Cn-8-1; (D) Cn-7-1	31
7	Peta sekuen dan hasil amplifikasi dari gen CYP P450 87A3. (A) Gen CYP P450 87A3 pada genom kelapa; (B) Sekuen yang teramplifikasi dengan primer CYP1 dan CYP2; (C) Visualisasi produk PCR pada CYP1 dan CYP2.	38
8	Representatif sekuen dari putativ gen CYP P450 87A3 dari sampel Dalam Bali (DBI). (A) pasangan primer CYP-1 dan (B) primer CYP-2	39
9	Representatif dari <i>exonic</i> - dan <i>intronic</i> -SNPs pada ekson 2 dari gen CYP 450 87A3.	40
10	Representatif <i>Multiple sequence alignment</i> (MSA) dari ekson 1 gen CYP 450 87A3	41
11	Pohon filogenetik berdasarkan SNP pada gen CYP P450 87A3 antar varietas kelapa	45

DAFTAR GAMBAR (Lanjutan)

12	Validasi primer CYP2_SNP11 pada varietas kelapa. (A) Visualisasi pada beberapa genotype yang menunjukkan polimorfisme; (B) Representasi skor serta genotype yang terdapat pada CYP2_SNP11	47
13	Representasi konstitusi genotype dan pertambahan tinggi batang kelapa pada 31 varietas kelapa berdasarkan lokus tunggal gen CYP P450 87A3. (A) CYP1_SNP2; (B) CYP2_SNP1; (C) CYP2_SNP3; (D) CYP2_SNP5; (E) CYP2_SNP8; (F) CYP2_SNP11	49
14	Peta sekuen dan hasil amplifikasi dari gen DET2. (A) Gen DET2 pada genom kelapa beserta sekuen yang teramplifikasi dengan primer DET2_F dan DET2_R; (B) Visualisasi produk PCR pada DET2.	55
15	Representatif sekuen gen DET2 dari sampel Dalam Tenga (DTA) koloni 2	56
16	Hasil <i>Multiple sequence alignment</i> (MSA) dari gen DET2	58
17	Representatif dari <i>exonic</i> - dan <i>intronic</i> -SNPs pada gen DET2	63
18	Pohon filogenetik berdasarkan SNP gen DET2 antar varietas kelapa	64
19	Validasi primer DET2_SNP2 pada varietas kelapa. (A) Visualisasi pada beberapa genotype yang menunjukkan polimorfisme; (B) Representasi skor serta genotype yang terdapat pada DET2_SNP2	65
20	Representasi konstitusi genotype dan pertambahan tinggi batang kelapa pada 31 varietas kelapa berdasarkan lokus tunggal gen DET2. (A) DET2_SNP1; (B) DET2_SNP2; (C) DET2_SNP4; (D) DET2_SNP5; (E) DET2_SNP7; (F) DET2_SNP9.	66
21	Peta sekuen dan hasil amplifikasi dari gen FBP SNE. (A) Gen FBP SNE pada genom kelapa beserta sekuen yang teramplifikasi dengan primer FBP_F dan FBP_R; (B) Visualisasi produk PCR pada FBP SNE.	73
22	Representatif sekuen gen FBP SNE dari sampel Dalam Palu (DPU)	74
23	<i>Multiple sequence alignment</i> (MSA) dari gen FBP SNE	75
24	Representatif dari <i>exonic</i> -SNPs pada gen FBP SNE	78
25	Pohon filogenetik berdasarkan SNP pada gen FBP SNE antar varietas kelapa	79
26	Hasil amplifikasi primer Indel yang menunjukkan pita monomorfik	80
27	Validasi primer FBP_SNP3 pada varietas kelapa. (A) Visualisasi pada beberapa genotype yang menunjukkan polimorfisme; (B) Representasi skor serta genotype yang terdapat pada FBP_SNP3	80
28	Representasi konstitusi genotype dan pertambahan tinggi batang kelapa pada 31 varietas kelapa berdasarkan lokus tunggal gen FBP SNE_SNP3 gen FBP	81