Hayati, Desember 2003, hlm. 125-129
ISSN 0854-8587

Vol. 10, No. 4

Kemiripan Genetika Empat Populasi Kelapa Genjah Berdasarkan pada *Random Amplified Polymorphic DNA*

Genetic Similarity of Four Dwarf Coconut Populations Based on Random Amplified Polymorphic DNA

SALEHA HANNUM[1‡], ALEX HARTANA[1,2*], SUHARSONO[1,2,3]

[1]Departemen Biologi, FMIPA, Institut Pertanian Bogor, Jalan Raya Pajajaran, Bogor 16144;
[2]Pusat Studi Ilmu Hayat; [3]Pusat Studi Bioteknologi, Institut Pertanian Bogor, Kampus Darmaga, Bogor 16680

Diterima 23 Agustus 2002/Disetujui 26 September 2003

Genetic similarity of 4 dwarf coconut populations [*Genjah Hijau Jombang* (*GHJ*) from Java island, *Genjah Raja* (*GRA*) from Molluca islands, *Genjah Hijau Nias* (*GHN*) from Nias island, and *Genjah Malabar* (*GMB*) from Kalimantan island] had been evaluated based on RAPD markers. The objectives of this study were to acses the genetic similarity and to identify the specific RAPD markers of four dwarf coconuts (GHJ, GRA, GHN, and GMB). There were 10 sample palms drawn in each population. DNA of coconut was amplified using 9 primers that selected from 35 random decamer primers of Operon Kit A, B, and C (Operon Alameda Technologies, Alameda, California). A total of 108 DNA bands were recorded, and 83 of them were polymorphic (77%). Unweighted Pair-Group Method Arithmetic (UPGMA) based on Numerical Taxonomy and Multivariate System (NTSYS) version 1.8 computer program. The result showed that the ten dwarf coconut palms were grouped within their populations. Genetic similarity of dwarf coconut within GRA, GHJ, GHN, and GMB populations was 86, 83, 83, and 82% respectively. The genetic similarity of GHN and GMB population was the highest when compared to other populations. The Principle Component Analysis of RAPD binary data matrix showed that dwarf coconut populations grouped in four different quadrants. OPB-08_{350} RAPD band could be used as a specific genetic markers for GRA coconut populations. While OPA-08_{2500}, OPA-08_{1250}, and OPC-05_{550} RAPD band can be used to distinguish GHJ or GMB from GRA and GHN coconuts. OPA-13_{300} RAPD band had been identified and found only in GRA and GMB coconut populations.

PENDAHULUAN

Kelapa merupakan komoditas strategis yang memiliki peran ekonomi, sosial, dan budaya bagi masyarakat Indonesia. Tanaman ini diduga berasal dari Asia Tenggara terutama wilayah Indo-Malaya (Persley 1992). Indonesia merupakan daerah sentra penyebaran genetika kelapa di dunia.

Berdasarkan umur berbuah, tanaman kelapa digolongkan ke dalam dua tipe, yaitu tipe Dalam (*typica*) dan tipe Genjah (*nana*). Kelapa Genjah berpenampilan lebih pendek, pangkal batang tidak membesar, dan pembungaan pertama lebih cepat dibandingkan dengan kelapa Dalam (Harries 1978). Sebagai salah satu pusat keanekaragaman kelapa, Indonesia memiliki sejumlah kelapa Genjah lokal yang dapat dikembangkan untuk merakit kelapa unggul. Saat ini Kebun Percobaan (KP) Mapanget, Balai Penelitian Tanaman Kelapa dan Palma Lain (Balitka) Manado telah mengoleksi 9 populasi kelapa Genjah dan KP Pakuwon 11 populasi (Novarianto 1994). Kebun Instalasi Penelitian dan Pengkajian Teknologi Pertanian (IPPTP) Selakau mengoleksi satu populasi kelapa Genjah.

Evaluasi hubungan genetika dari koleksi plasma nutfah kelapa genjah ini sangat perlu dilakukan untuk memperoleh informasi genetikanya dalam menunjang program pemuliaan dan pelestarian plasma nutfah Indonesia. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) merupakan salah satu penanda molekuler yang banyak digunakan untuk evaluasi hubungan genetika antarpopulasi organisme. Penggunaan RAPD relatif lebih murah, mudah, cepat memberikan hasil, tidak memerlukan pengetahuan tentang latar belakang dari genom yang dianalisis dan mudah memperoleh primer acak yang diperlukan untuk analisis genom semua jenis organisme (Tingey *et al.* 1992). Pada tanaman tahunan, RAPD sangat membantu dalam peningkatan efisiensi pada seleksi awal (Grattapaglia *et al.* 1992).

Penggunaan penanda RAPD pada kelapa Genjah telah dilaporkan oleh Lengkong *et al.* (1998), yang mendapatkan bahwa penanda RAPD dapat mengelompokkan individu–individu pohon kelapa populasi Genjah Orange Sagerat (GOS), Genjah Kuning Bali (GKB), dan Genjah kuning Nias (GKN) ke dalam populasinya. Sedangkan Hayati *et al.* (2000) melaporkan bahwa individu pohon kelapa Genjah asal Jombang yang ditanam di Jombang dan KP Mapanget Balitka mengelompok pada tingkat kemiripan genetika 75% dalam masing-masing populasi kelapa Genjah Merah Jombang, Genjah Kuning Jombang, Genjah Hijau Jombang, dan Genjah Coklat Jombang. Namun demikian, kemiripan genetika antarpopulasi kelapa Genjah yang berasal dari berbagai pulau berdasarkan penanda RAPD belum pernah dilaporkan.

‡Alamat kini: Jurusan Biologi, FMIPA, Universitas Sumatera Utara, Padang Bulan, Medan 20155

*Penulis untuk korespondensi, Tel./Fax. +62-251-345011, E-mail: ahartana@indo.net.id

Penelitian ini bertujuan menganalisis kemiripan genetika populasi kelapa Genjah Hijau Jombang (GHJ) yang berasal dari Pulau Jawa, Genjah Raja (GRA) yang berasal dari Kepulauan Maluku, Genjah Hijau Nias (GHN) dari Pulau Nias, dan Genjah Malabar (GMB) dari Pulau Kalimantan; dan mengidentifikasi pita RAPD spesifik yang dapat membedakan keempat populasi kelapa Genjah tersebut.

BAHAN DAN METODE

Isolasi DNA Tanaman. Bahan tanaman yang digunakan ialah daun muda kelapa (dari daun tombak yang berwarna kekuningan) dari populasi kelapa Genjah Hijau Jombang (GHJ), Genjah Raja (GRA), dan Genjah Hijau Nias (GHN) yang ditanam di KP Mapanget, dan kelapa Genjah Malabar (GMB) yang ditanam di IPPTP Selakau Kabupaten Sambas, Kalimantan Barat. Dari masing-masing populasi diambil 10 tanaman contoh sehingga jumlah seluruh tanaman yang dianalisis ialah 40 pohon. DNA kelapa diisolasi dengan metode Rohde *et al.* (1995) yang telah dimodifikasi. Kuantitas dan kualitas DNA yang diisolasi ditentukan mengikuti cara Sambrook *et al.* (1989).

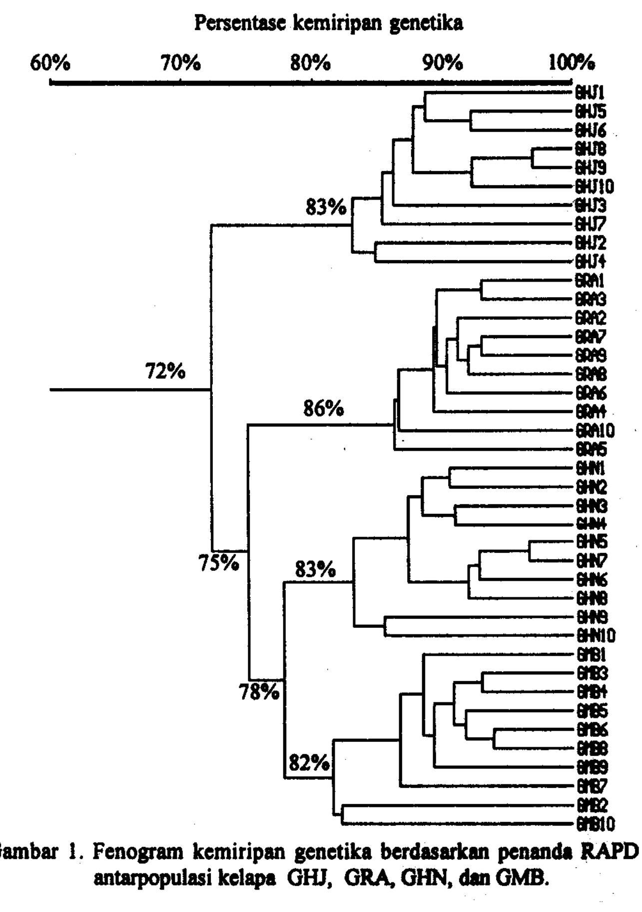
Analisis RAPD. DNA hasil isolasi diamplifikasi menggunakan sembilan primer acak 10-mer (OPA-04, OPA-08, OPA-10, OPA-13, OPA-18, OPA-20, OPB-08, OPC-05, dan OPC-11) yang diseleksi dari 35 primer operon Kit A, B, dan C (Operon Alamida Technologies, Alameda, California). Reaksi amplifikasi DNA dilakukan mengikuti prosedur PCR yang dilakukan oleh Lengkong *et al.* (2001). Volume final reaksi ialah 40 µl dengan komposisi reaksi 1X larutan penyangga (50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl pH 9 dan 0.1% triton X-100), 1 unit Taq Polimerase (Promega), 2.5 mM MgCl, 200 µM dNTP, 0.4 µM primer, dan 50 ng DNA genom. Reaksi amplifikasi DNA berlangsung sebanyak 40 siklus pada mesin PCR (Gene Amp PCR System 2400 Perkin-Elmer), dengan kondisi pre-PCR 95°C (5 menit), suhu denaturasi DNA 95°C (1 menit), suhu pelekatan primer 37°C (1 menit), suhu polimerisasi DNA 72°C (2 menit), pasca-PCR 72°C (5 menit). Hasil amplifikasi dielektroforesis bersama penanda DNA ukuran 1 kb DNA Ladder (Promega) pada gel agarosa 0.8%, selama 2.5 jam pada tegangan listrik 70 V di dalam larutan penyangga TAE 1X (0.04 M Tris-asetat, 0.001 M EDTA). Gel diwarnai dengan 0.5 µg/ml etidium bromida dan pola pita DNA-nya diamati di atas UV dan transluminator, dipotret dengan film Polaroid 667 atau direkam dengan alat dokumentasi gel.

Profil pita DNA diterjemahkan ke dalam data biner berdasarkan ada atau tidak adanya pita. Jarak genetika antarpopulasi dihitung menggunakan koefisien *Dice* dan pembuatan fenogram menggunakan *unweighted pair-group method arithmetic* (UPGMA) dengan perangkat lunak *numerical taxonomy and multivariate system* (NTSYS) versi 1.80 (Rohlf 1993). Pita RAPD spesifik yang membedakan masing-masing populasi kelapa Genjah diidentifikasi dengan metode analisis komponen utama menggunakan program MINITAB versi 13.3. Ukuran penanda spesifik diduga berdasarkan pada ukuran penanda DNA (1 kb DNA Ladder) yang dielektroforesis bersama DNA genom kelapa, kemudian hasilnya digambar pada kertas milimeter.

HASIL

Hasil analisis pengelompokan keempat populasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB berdasarkan pada penanda RAPD dengan sembilan primer acak ditampilkan dalam bentuk fenogram (Gambar 1). Sepuluh individu dari setiap kelapa Genjah mengelompok ke dalam populasinya masing-masing, yaitu populasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB pada kemiripan genetika 82%. Kemiripan genetika di dalam populasi yang tertinggi ialah pada populasi kelapa GRA (86%), dan terendah pada populasi kelapa GMB (82%). Populasi kelapa GHN yang berasal dari Pulau Nias mempunyai hubungan genetika yang lebih dekat dengan GMB dari Pulau Kalimantan (kemiripan genetika 78%) dibandingkan dengan GHJ dari Pulau Jawa dan GRA dari Kepulauan Maluku. Populasi kelapa GRA mempunyai hubungan genetika lebih dekat dengan populasi kelapa GHN dan GMB dibandingkan dengan GHJ. Keempat populasi kelapa Genjah ini membentuk satu kelompok pada kemiripan genetika 72%.

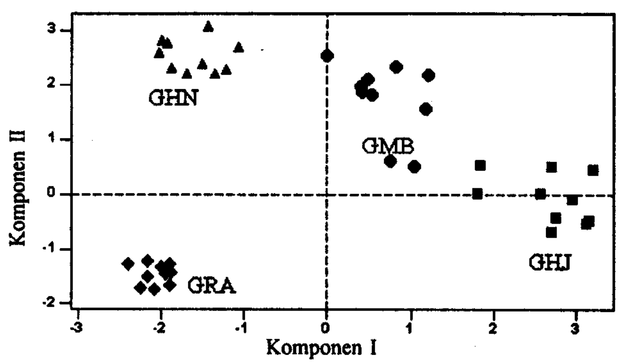
Analisis komponen utama yang diturunkan dari matriks peragam terhadap 108 pita RAPD dari sembilan primer pada populasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB, menghasilkan tiga komponen utama (KU) pertama yang memiliki akar ciri lebih dari satu. Nilai keragaman KU I, II, dan III berturut-



Gambar 1. Fenogram kemiripan genetika berdasarkan penanda RAPD antarpopulasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB.

turut sebesar 24%, 17%, dan 9%. Artinya 50% keragaman dari 108 pita RAPD dengan sembilan primer acak pada 40 individu pohon kelapa dari keempat populasi kelapa Genjah dapat diterangkan oleh tiga komponen utama ini. Berdasarkan nilai KU I dan II, masing-masing kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB terpencar membentuk kelompok terpisah (Gambar 2).

Nilai KU (Tabel 1) dari 108 pita hasil amplifikasi sembilan primer pada populasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB yang paling besar (nilai mutlak lebih dari 0.2) pada KU I dicirikan oleh 7 pita DNA, yaitu masing-masing 3 pita hasil amplifikasi primer OPA-08 (pita nomor 1, 5, dan 6) dan OPC-05 (pita nomor 8, 10, dan 11), dan 1 pita dengan primer OPA-13 (pita nomor 10); KU II dicirikan oleh 5 pita, yaitu masing-masing 1 pita hasil amplifikasi primer OPA-13 (pita nomor 2) dan primer OPB-08 (pita nomor 10), dan 3 pita hasil amplifikasi primer OPC-11 (pita nomor 2, 3, dan 15); KU III dicirikan oleh 7 pita, yaitu 1 pita primer OPA-04 (pita nomor 5) dan masing-masing 2



Gambar 2. Diagram pencar dua dimensi dari 40 genotipe kelapa Genjah (GHJ, GRA, GHN, dan GMB).

pita primer OPA-13 (pita nomor 4 dan 13), primer OPC-05 (pita nomor 2 dan 3), dan primer OPC-11 (pita nomor 8 dan 10).

Pita pertama dari primer OPA-08 yang berukuran 2500 pb (dinamakan penanda RAPD OPA-08$_{2500}$) merupakan pita penciri KU I, hanya dimiliki oleh kelapa populasi GRA dan GHN (Tabel 1), artinya pita ini dapat digunakan sebagai pembeda kelapa populasi GRA atau GHN dari populasi kelapa GHJ dan GMB. Sedangkan pita nomor 6 primer OPA-08 yang berukuran 1250 pb (dinamakan penanda RAPD OPA-08$_{1250}$) dan pita nomor 11 primer OPC–05 yang berukuran 550 pb (dinamakan penanda RAPD OPC-05$_{550}$) hanya dimiliki oleh populasi kelapa GHJ dan GMB, oleh karena itu kedua pita tersebut dapat digunakan sebagai penanda pembeda kelapa GHJ atau GMB dari populasi kelapa GRA dan GHN. Pita nomor 13 primer OPA-13 yang berukuran 300 pb (dinamakan penanda RAPD OPA-13$_{300}$) dapat digunakan sebagai pembeda kelapa GRA dan GMB dari GHJ dan GHN, dan pita nomor 10 yang berukuran 350 pb primer OPB-08 (dinamakan penanda RAPD OPB-08$_{350}$) hanya ada pada kelapa populasi GRA.

PEMBAHASAN

Kemiripan genetika di dalam populasi kelapa GRA lebih tinggi (86%) dibandingkan populasi kelapa GHJ, GHN, dan GMB. Kemiripan genetika paling rendah ialah dalam populasi GMB, namun masih di atas 80%. Tingginya tingkat kemiripan genetika dalam populasi kelapa Genjah diduga karena umumnya kelapa Genjah memiliki pola penyerbukan sendiri, walaupun peluang terjadinya penyerbukan silang masih mungkin terjadi (Sangare *et al.* 1978), karena tingkat ketidakmiripan dalam populasi masih berkisar dari 11% sampai 14%. Hasil ini tidak berbeda jauh dengan rata-rata kemiripan

Tabel 1. Nilai mutlak komponen utama terbesar yang lebih dari 0.19 dan persentase kehadirannya dari nilai komponen utama I, II, dan III pita-pita hasil amplipikasi PCR dengan sebilan primer acak pada DNA kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GMB

Primer	Pita ke-* (ukuran pita)	Nilai komponen utama (% keragaman)			Persentase kehadiran (%)			
		I (24%)	II (17%)	III (9%)	GHJ	GRA	GHN	GMB
OPA-04	3	0.042	-0.198	0.111	80	100	0	60
	5	-0.077	0.155	**-0.206**	0	0	90	0
OPA-08	1(2500 pb)	**-0.236**	-0.030.	-0.146	**0**	**100**	**100**	**0**
	5	**0.222**	0.015	0.078	100	0	0	70
	6 (1250 pb)	**0.236**	0.030	0.146	**100**	**0**	**0**	**100**
OPA-13	2	0.059	**-0.281**	-0.075	100	100	0	10
	3	0.040	-0.192	-0.086	70	70	10	10
	4	0.103	0.044	**-0.237**	80	0	60	10
	10	**0.219**	-0.025	0.017	100	0	0	50
	13 (300 pb)	-0.082	-0.104	**0.339**	**0**	**100**	**0**	**100**
OPB-08	10 (350 pb)	-0.133	**-0.207**	0.048	**0**	**100**	**0**	**0**
OPC-05	2	-0.136	0.019	**0.258**	0	90	60	100
	3	-0.122	0.073	**0.217**	0	70	70	100
	8	**0.230**	0.031	0.135	100	0	0	90
	10	**0.233**	0.018	0.126	100	0	0	90
	11 (550 pb)	**0.236**	0.030	0.146	**100**	**0**	**0**	**100**
OPC-11	2	0.058	**0.228**	0.073	50	0	80	100
	3	-0.023	**0.251**	0.097	10	0	80	80
	8	-0.045	-0.054	**0.277**	10	70	10	70
	10	0.103	-0.143	**0.203**	100	90	10	100
	15	0.025	**0.240**	-0.044	50	0	100	70

*Urutan pita hasil amplifikasi dari setiap primer dari pita yang berukuran besar ke kecil (pita ke-1 mempunyai ukuran lebih besar dari pita ke-2 dalam setiap primer yang sama) genetika empat populasi kelapa Genjah Jombang (80%-82%) yang dianalisis dengan menggunakan 10 primer acak RAPD (Hayati *et al.* 2000).

Kemiripan genetika di dalam populasi yang tinggi dan kemiripan genetika antarpopulasi yang relatif lebih rendah menunjukkan bahwa keempat populasi Genjah tidak dapat dikelompokkan dalam satu populasi dan juga menunjukkan tingkat homozigositas tanaman kelapa tinggi. Pengelompokan keempat populasi kelapa Genjah berdasarkan penanda RAPD sesuai dengan daerah asal, yaitu GHJ dari Jombang Pulau Jawa, GRA dari Kepulauan Maluku, GHN dari Pulau Nias, dan GMB dari Pulau Kalimantan.

Kemiripan genetika antarpopulasi yang tinggi ialah antara populasi kelapa GHN yang berasal dari Pulau Nias dan GMB yang berasal dari Pulau Kalimantan. Tingginya kemiripan antara dua populasi kelapa ini mungkin disebabkan oleh proses migrasi. Pada 65 juta tahun yang lalu Pulau Sumatera (termasuk Pulau Nias), Pulau Jawa, dan Pulau Kalimantan merupakan daratan yang bersatu (Futuyma 1986), sehingga populasi GHN dan GMB mungkin berasal dari populasi yang sama. Terpisahnya kedua populasi kelapa GHN dan GMB dengan populasi kelapa GHJ yang berasal dari Pulau Jawa mungkin disebabkan oleh proses seleksi yang dilakukan oleh manusia pada daerah asal masing-masing pada masa sekarang (setelah terpisah Pulau Sumatera, Pulau Jawa, dan Pulau Kalimantan) yang mengakibatkan semakin rendah kemiripan genetika antarpopulasi tersebut. Sedangkan populasi populasi GRA yang berasal dari Kepulauan Maluku terpisah dari populasi kelapa GHN dan GMB yang masing-masing asalnya dari Pulau Nias dan Pulau Kalimantan kemungkinan karena garis Wallace yang membentang dari Selatan (antara Bali dan Lombok) ke Utara (antara Kalimantan dan Sulawesi) memisahkan kepulauan Nusantara menjadi Indonesia bagian Barat dan Timur. Pulau Sulawesi dan Kepulauan Maluku termasuk Kawasan Wallace yang memiliki penyebaran flora dan fauna yang berbeda dengan Indonesia bagian Barat (P. Sumatera, P. Jawa, dan P. Kalimantan).

Populasi kelapa GRA mempunyai hubungan genetika lebih dekat dengan populasi kelapa GHN dan GMB dibandingkan dengan populasi kelapa GHJ. Sedangkan geografi daerah asal kelapa populasi GRA lebih dekat dengan GHJ dibandingkan GHN. Kedekatan hubungan genetika ini kemungkinan karena mekanisme penyebaran bibit kelapa melalui air dan migrasi penduduk dari satu pulau ke pulau lainnya dalam persebaran bibit kelapa. Tanaman kelapa tidak memiliki halangan biologi dan genetika dalam persilangan antarpopulasi kelapa (Rao *et. al.* 1996). Persilangan antarpopulasi memungkinkan kemiripan genetika populasi GRA lebih dekat dengan populasi GHN meskipun kedua populasi mempunyai jarak geografi daerah asal yang jauh. Kejadian ini juga dijumpai pada populasi kelapa Dalam Mapanget (DMT) yang mempunyai kemiripan genetika yang lebih dekat ke kelapa Dalam Palu (DPU) dibandingkan ke kelapa Dalam Tenga (DTA), walaupun secara geografi asal kelapa DMT lebih dekat ke daerah asal kelapa DTA dibandingkan ke daerah asal DPU (Pandin 2000).

Populasi kelapa GHN yang dikoleksi dan ditanam di KP Mapanget ternyata mempunyai hubungan genetika lebih dekat dengan populasi kelapa GMB yang dikoleksi dan ditanam di Kebun IPPTP Selakau dibandingkan dengan populasi kelapa GHJ dan GRA yang sama-sama ditanam di KP Mapanget. Kenyataan ini terjadi karena pohon kelapa koleksi KP Mapanget dan Kebun IPPTP Selakau yang daunnya dianalisis, merupakan generasi pertama hasil koleksi, oleh karena itu percampuran bahan genetika melalui penyerbukan antarkelapa Genjah yang ditanam pada tempat yang sama (GHJ, GRA, dan GHN) belum terjadi.

Dalam keempat populasi kelapa Genjah ini tidak ditemukan antarindividu pohon kelapa yang mempunyai kemiripan genetika 100% (Gambar 1), berbeda dengan lima populasi kelapa Dalam asal Pulau Jawa (Sumarsono *et al.* 2003) dan tiga populasi kelapa Dalam asal Kepulauan Maluku (Matondang *et al.* 2001), yang antarindividunya mempunyai kemiripan 100%. Keadaan ini menunjukkan walaupun berasal dari populasi kelapa yang sama, antarindividu tidak ada yang sama secara genetika. Oleh karena itu individu pohon kelapa dari tiap populasi kelapa GHJ, GRA, GHN, dan GHN harus dicatat dan dibedakan dalam kombinasi program persilangan antarpopulasi kelapa.

Dari sembilan primer yang diamplifikasikan ke DNA empat populasi kelapa Genjah, hanya dalam populasi kelapa GRA yang berhasil ditemukan pita DNA yang spesifik sebagai penanda yang membedakannya dari populasi kelapa GHJ, GHN, dan GMB, yaitu pita nomor 10 (350 pb) primer OPB-08 (Tabel 1). Untuk populasi kelapa GHJ, GHN, dan GMB perlu diteliti lebih banyak lagi primer acak yang diharapkan menghasilkan penanda DNA yang spesifik untuk tiap populasi tersebut. Walaupun demikian, populasi kelapa GHJ dan GMB bisa dibedakan dari GRA dan GHN karena mempunyai penanda RAPD OPA-08_{1250} tetapi tidak mempunyai penanda RAPD OPA-08_{2500}. Dan untuk membedakan kelapa GHJ dari GMB dapat dipakai penanda RAPD OPA-13_{300} yang tidak ditemukan di GHJ tetapi ada di GMB. Kelapa GHN dan GRA mempunyai penanda RAPD OPA-08_{2500} tetapi GHN tidak mempunyai penanda RAPD OPB-08_{350} sehingga bisa dibedakan dari GRA. Untuk memastikan bahwa pita-pita DNA tersebut merupakan penanda molekul yang dapat membedakan antarkeempat populasi tersebut, primer OPA-08, OPA-13, dan OPB-08 perlu diamplifikasikan lagi pada DNA pohon kelapa yang lebih banyak dari populasi GHJ, GRA, GHN, dan GMB.

Mengelompoknya individu kelapa populasi GHJ, GRA, GHN, dan GMB ke dalam populasinya masing-masing pada fenogram (Gambar 1) berdasarkan pada analisis pengelompokan yang diturunkan dari matriks kemiripan, maupun pada diagram pencar berdasarkan pada analisis komponen utama yang diturunkan dari matriks peragam (Gambar 2) menunjukkan bahwa analisis RAPD dapat digunakan untuk membedakan keempat populasi kelapa Genjah tersebut.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Hengky Novarianto dari Balai Penelitian Kelapa dan Palma Lain, Manado yang telah memberikan bahan daun kelapa. Penelitian dibiayai oleh Proyek Hibah Tim Penelitian Pascasarjana (URGE) No. 038/ADD-1/HTPP/URGE/1998 a.n. Alex Hartana dengan judul *Moleculer Genetic analysis of Indonesia Coconut Germplasm for Crop Improvement in Breeding Program.*

DAFTAR PUSTAKA

Futuyma DJ. 1986. *Evolutionary Biology*. Ed ke-2. Saunderland, Massachusetts: Sinaur Associates, Inc.

Grattapaglia D, Chaparro J, Wilcox P, McCord S, Werner D, Amerson H, McKeand S, Bridgwater F, Whetten R, O'Malley D, Sederoff R. 1992. Mapping in woody plants with RAPD markers: Application to breeding in forestry and holticulture. Di dalam: *Application of RAPD Technology to Plant Breeding*. Madison: Crop Sci Soc Amer. hlm 37-40.

Harries HC. 1978. The evolution, dissemination and classification of *Cocos nucifera* L. *Bot Rev* 44:265-317.

Hayati PKD, Hartana A, Suharsono, Aswidinnoor H. 2000. Keanekaragaman genetika kelapa Genjah Jombang berdasarkan *Random Amplified Polymorphic DNA*. *Hayati* 7:35-40.

Lengkong EF, Suharsono, Runtunuwu SD, Hartana A. 1998. Keragaman genetika beberapa kultivar kelapa berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Di dalam: *Prosiding Seminar Sehari Hasil-Hasil Penelitian Bidang Ilmu Hayat*. Bogor, 3 Sep 1998. hlm 1-12.

Lengkong EF, Suharsono, Runtunuwu SD, Hartana A. 2001. Pengoptimuman Reaksi Berantai Polimerase DNA Tanaman Kelapa [Catatan Penelitian]. *Hayati* 8:121-123.

Matondang I, Suharsono, Hartana A. 2001. Analisis keanekaragaman genetika kelapa Dalam asal Maluku menggunakan teknik *random amplified polymorphic DNA*. *Hayati* 8:31-34.

Novarianto H. 1994. Keanekaragaman kelapa dan pemanfaatannya. *Hayati* 1:64-65.

Pandin DS. 2000. Kemiripan Genetika Populasi kelapa Dalam Mapanget, Tenga, Bali, Palu, dan sawarna berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) [Tesis]. Bogor: Institut Pertanian Bogor.

Persley GJ. 1992. Replanting the Tree of Life: Toward an International Agenda for Coconut Palm Research. Melksham: Redwood Pr.

Rao VR, Riley KW, Engels JMM, Engelmann F, Diekmann M. 1996. Towards a coconut consevation strategy. Di dalam: Rao VR, Batugal PA (ed). *Proceeding of the COGENT Regional Coconut Genebank Planning Workshop*. Pekanbaru, 26-28 Feb 1998. hlm 4-20.

Rohde W, Kullaya A, Rodriguez J, Ritter E. 1995. Genome analysis of *Cocos nucifera* L. by PCR amplification of spacer sequences separating a subset of copia-like EcoRI repetitive elements. *J Genet Breed* 49:170-186.

Rohlf F. 1993. *NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, version 1.80*. New York: Exeter.

Sambrook JE, Fritsch F, Maniatis T. 1989. *Moleculer Cloning: A Laboratory Manual*. CSH-New York: Cold Spring Harbour Laboratory.

Sumarsono, Hartana A, Suharsono, Tjahjoleksono A. 2003. Keragaman genetika lima populasi kelapa Dalam dari Jawa berdasarkan atas penanda *random amplified polymorphic DNA*. *Biosfera* 20:37-42.

Sangare A, Rognon F, Lamothe M de N de. 1978. Male and female phases in the fluorescence of the coconut. *Oleagineaux* 30:609-617.

Tingey SV, Rafalski JA, Williams JGK. 1992. Genetic analysis with RAPD markers. Di dalam: *Application of RAPD Technology to Plant Breeding*. Madison: Crop Sci Soc Amer. hlm 3-8.