

Deteksi keturunan kelapa sawit (*Elaeis guineensis*) rendah asam lemak bebas menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR)

Detection of oil palm (*Elaeis guineensis*) low lipase offspring using simple sequence repeat (SSR)

DENI ARIFIYANTO^{1,3}, MOHAMMAD BASYUNI^{2,*}, REVANDY I. M. DAMANIK⁴, ROSMAYATI⁴,
RETNO PUJI ASTARI^{1,3}

¹Program Doktor Ilmu Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Sumatera Utara. Jl. Dr. A. Sofian No. 3, Medan 20155, Sumatera Utara, Indonesia

²Program Studi Kehutanan, Fakultas Kehutanan, Universitas Sumatera Utara. Jl. Tri Dharma Ujung No. 1, Medan 20155, Sumatera Utara, Indonesia.
Tel.: +62-61-8213236, *email: m.basyuni@usu.ac.id

³PT. Socfin Indonesia. Jl. K.L. Yos Sudarso No. 106, Medan 20244, Sumatera Utara, Indonesia

⁴Program Studi Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Sumatera Utara. Jl. Dr. A. Sofian No. 3, Medan 20155, Sumatera Utara, Indonesia

Manuskrip diterima: 2 Mei 2024. Revisi disetujui: 9 Oktober 2024.

Abstrak. Arifiyanto D, Basyuni M, Damanik RIM, Rosmayati, Astari RP. 2024. Deteksi keturunan kelapa sawit (*Elaeis guineensis*) rendah asam lemak bebas menggunakan marka Simple Sequence Repeat (SSR). *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 10: 89-93*. Program seleksi kelapa sawit memerlukan benih yang bermutu dan murni untuk mendapatkan hasil yang berkualitas. Salah satu cara yang dapat dilakukan adalah dengan menganalisis kemurnian keturunan yang diperoleh. Keturunan yang murni adalah yang memiliki alel dari kedua induknya tanpa adanya penyimpangan. Sidik jari DNA dapat memberikan informasi mengenai kemurnian keturunan tersebut. Simple Sequence Repeat (SSR) adalah salah satu metode sidik jari DNA yang memiliki keunggulan dalam efisiensi. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi kemurnian individu keturunan kelapa sawit unggul yang memiliki sifat rendah asam lemak bebas. Hasil kuantitas dan kualitas DNA yang dipergunakan memiliki tingkat kemurnian yang baik yaitu antara 1,8-2,2 dan kuantitas yang cukup banyak >100 ng/μL, sehingga dapat dipergunakan untuk proses lanjutan. Hasil visualisasi alel-alel SSR menggunakan gel poliakrilamid, dikuantifikasikan dan dianalisis sesuai hukum segregasi Mendel, menggunakan Software Uvitech 1D. Berdasarkan hasil analisis pada persilangan SL81 terdapat satu dari lima individu yang menunjukkan ketidakmurnian dengan nilai probabilitas adalah 0,5, ditemukan oleh marka mEgCIR3543. Sedangkan pada SL33, keseluruhan keturunannya adalah murni ditunjukkan dengan nilai probabilitas kemurnian adalah 1. Ketiga marka SSR pada penelitian ini dapat digunakan untuk melakukan identifikasi kemurnian keturunan pada kelapa sawit, mempercepat proses seleksi dan menghemat biaya dan luasan lokasi.

Kata kunci: Asam deoksiribonukleat, asam lemak bebas, kelapa sawit, mikrosatelit, *simple sequence repeat*

Abstract. Arifiyanto D, Basyuni M, Damanik RIM, Rosmayati, Astari RP. 2024. Deteksi keturunan kelapa sawit (*Elaeis guineensis*) rendah asam lemak bebas menggunakan marka Simple Sequence Repeat (SSR). *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 10: 89-93*. Oil palm selection program requires good and pure seeds to obtain the best results. One way that can be done is to conduct purity analysis on the offspring obtained. Pure offspring are those that have alleles from both parents, without any deviation. DNA fingerprinting can provide information on the purity of the offspring obtained. Simple Sequence Repeat (SSR) is one of the DNA fingerprinting methods that can be used and has advantages and efficiency to distinguish alleles of parents and offspring. This study aims to identify the purity of superior oil palm offspring individuals that have low free fatty acid properties. The results of the quantity and quality of DNA used have a good level of purity between 1.8-2.2 and have good quantity >100 ng/μL, thus it can be used for further processes. The results of the visualization of SSR alleles using polyacrylamide gel, quantified and analyzed according to Mendel's law of segregation, using Uvitech 1D Software. Based on the analysis results of the SL81 cross, there is one individual out of five individuals that is not pure with a probability value of 0.5, found by the mEgCIR3543 marker. While in SL33, all of the offspring are pure, indicated by the purity probability value of 1. The three SSR markers in this study can be used to identify offspring purity in oil palm, speed up the selection process and save costs and location area.

Keyword: Deoxyribonucleic acid, free fatty acid, microsatellite, oil palm, simple sequence repeat

Singkatan: DNA: *Deoxyribonucleic acid*, SSR: *Simple Sequence Repeat*, ALB: Asam Lemak Bebas, MKS: Minyak Kelapa Sawit, CTAB: *Cetyltrimethyl ammonium bromide*, UV: Ultraviolet, PCR: *Polymerase Chain Reaction*

PENDAHULUAN

Kelapa sawit merupakan komoditas perkebunan yang sangat penting bagi Indonesia dan menjadi penyedia utama minyak nabati dunia sebesar 46,5 juta ton (USDA 2024). Perkebunan kelapa sawit juga menyediakan lapangan kerja bagi lebih dari 12 juta jiwa penduduk Indonesia. Meskipun begitu dunia perkebunan kelapa sawit di Indonesia masih menghadapi tantangan terutama yaitu rendahnya produktivitas (2,65 ton CPO/ha) dibandingkan Malaysia (>3,41 ton/ha) (USDA 2024). Salah satu penyebab rendahnya produktivitas kelapa sawit di Indonesia adalah penanaman bibit dari sumber benih kelapa sawit yang tidak legal dan tidak melalui proses pemuliaan tanaman.

Program pemuliaan tanaman yang penting adalah melakukan proses seleksi kelapa sawit unggul dengan menyilangkan satu dengan lainnya. Namun, meskipun persilangan kelapa sawit dilakukan secara tertutup, potensi ketidakhurnian persilangan tersebut masih ada. Biasanya untuk mengevaluasi kemurnian keturunan yaitu dengan melakukan uji tipe buah (Arifiyanto *et al.* 2017), jika keturunan yang dihasilkan memiliki tipe buah tenera, maka persilangan dianggap berhasil. Tetapi jika tipe buah keturunan yang dihasilkan memiliki tipe buah lainnya, maka persilangan dianggap tidak berhasil. Ketidakhurnian persilangan ini dapat disebabkan oleh asal polen yang salah, polen terkontaminasi oleh individu lainnya akibat serangga ataupun peralatan sungkup yang tidak sesuai, penyerbukan sendiri, pelabelan yang salah pada produksi benih, pembibitan serta penanaman di lapangan (Thongthawee *et al.* 2010; Corley dan Thinker 2016). Salah satu metode yang dapat dipergunakan untuk identifikasi kemurnian keturunan selain evaluasi tipe buah pada keturunan yang dihasilkan adalah dengan menggunakan pendekatan molekuler (Corley 2005).

Salah satu metode analisa *Deoxyribonucleic acid* (DNA) yang dapat digunakan untuk pengujian kemurnian keturunan adalah metode *Simple Sequence Repeat* (SSR) (Corley 2005; Bakoumé *et al.* 2011). Laporan sebelumnya menunjukkan bahwa teknik SSR telah sukses digunakan sebagai analisis sidik jari DNA pada tanaman kelapa sawit (Billote *et al.* 2005; Abdullah *et al.* 2011; Wening *et al.* 2013) dan jagung (Enoki *et al.* 2002). Bilska dan Szczecińska (2016), menyatakan bahwa SSR sangat sesuai digunakan sebagai metode untuk analisis kemurnian keturunan karena bersifat kodominan dan tinggi polimorfisme, selain itu efektif untuk membedakan populasi yang tidak terpengaruh lingkungan dan genotipe.

Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi kemurnian keturunan SL81 dan SL33 yang merupakan genotipe-genotipe yang memiliki karakteristik rendah hingga sedang asam lemak bebas (ALB), serta bertujuan untuk meningkatkan kualitas produk Minyak Kelapa Sawit (MKS) dan lebih sehat. Individu keturunan yang diidentifikasi sebagai tidak murni, tidak akan dipergunakan untuk penelitian selanjutnya. Metode SSR ini dilakukan dengan membandingkan alel-alel yang dihasilkan keturunan dibandingkan dengan alel-alel pada tetua betina dan jantan pada galur SL81 dan SL33. Jika terdapat alel-alel yang tidak berasal dengan kedua betina dan jantan maka hal tersebut akan menyalahi hukum segregasi mendel (Mendel *et al.* 1993), sehingga keturunan tersebut disebut sebagai tidak murni.

BAHAN DAN METODE

Bahan

Penelitian ini dilakukan di Laboratorium Molekuler PT Socfin Indonesia. Bahan tanaman yang dipergunakan sebagai sampel merupakan hasil persilangan yang ditanam di kebun induk Aek Loba, Kabupaten Asahan, Provinsi Sumatera Utara. Sebanyak dua persilangan yaitu SL81 dan SL33 yang merupakan keturunan genotipe rendah ALB, menghasilkan masing-masing lima anakan yang telah ditanam masing-masing sejak 2011 dan 2006. Sebanyak tiga marka SSR/mikrosatelit digunakan (Billote *et al.* 2005), yaitu mEgCIR3292, mEgCIR2527 dan mEgCIR3543 (Tabel 1).

Metode

Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan terhadap jaringan daun menggunakan metode Cetyltrimethyl Ammonium Bromide (CTAB) sebagaimana dijelaskan oleh Orozco-Castillo *et al.* (1994). Kualitas dan kuantitas hasil ekstraksi dievaluasi menggunakan gel agarose 1% dan diukur menggunakan UV (Ultraviolet) - Spektrofotometer. Semua ekstrak DNA kemudian disimpan pada suhu -20°C sebelum dilakukan analisis lebih lanjut.

Amplifikasi DNA dengan marka SSR

Analisis keturunan kelapa sawit dapat dilakukan dengan melihat kesamaan alel-alel dari kedua tetua dan keturunannya sesuai hukum segregasi Mendel. Sampel daun kelapa sawit yang telah diambil digunakan untuk ekstraksi DNA, selanjutnya DNA hasil tahap ekstraksi digunakan untuk amplifikasi PCR (*Polymerase Chain Reaction*) SSR.

Tabel 1. Primer spesifik yang digunakan dalam studi ini (Billote *et al.* 2005)

Nama	Sekuen marka (5' -3')	Ukuran produk (bp)	Jumlah alel
mEgCIR3292	F 5'-AGCCATGAGTGAATCATATC-3' R 5'-ACCACGATGTCAATCTCTAT-3'	160-180	1-6
mEgCIR2527	F 5'-GCATCCAAAAGGTATC-3' R 5'-CCTTGAGAAAGTTGCATAC-3'	170-190	1-6
mEgCIR3543	F 5'-GTTCCCTGACCATCTTTGAG-3' R 5'-GTCGGCGATTGATTAGATTC-3'	200-230	1-6

Tiga primer spesifik yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 1. Setiap reaksi menggunakan 5 ng DNA yang dicampur dengan 5 μ L PCR buffer (50 mmol/L KCl, 10 mmol/L Tris-HCl, 2 mmol/L MgCl₂, 0,001 glycerol), 200 μ mol/L dNTPs, 0,10 μ mol/L primer, 0,1 UnitTaq DNA polymerase. Amplifikasi PCR dijalankan pada mesin Sensoquest Labcycler 96 (SensoQuest GmbH, Jerman). Program amplifikasi dilakukan yang terdiri dari denaturasi awal 4 menit pada 95°C, diikuti oleh 35 siklus amplifikasi pada 94°C selama 30 detik, tahap *annealing* pada 52°C selama 1 menit 15 detik, ekstensi 72°C selama 1 menit 30 detik, dan tahap pemanjangan pada 72°C selama 30 menit (Basyuni *et al.* 2018).

Visualisasi amplifikasi DNA

Produk PCR yang dihasilkan kemudian divisualisasikan dalam gel akrilamid dengan pewarna perak nitrat (Aswidinnoor *et al.* 2003). Lembar gel akrilamid kemudian dipindai dengan menggunakan *scanner*, untuk kemudian dilanjutkan prosesnya untuk kuantifikasi panjang alel-alel yang terdeteksi pada keturunan dan tetuanya. Selanjutnya panjang alel-alel tersebut dianalisis probabilitas kemurniannya.

Analisis data

Data genotipe yang diperoleh berupa alel-alel SSR pada gel akrilamid kemudian dibaca dan dikuantitatifkan menggunakan software UVITECH-1D. Analisis dilakukan dengan mengamati potensi segregasi pada individu anakan berdasarkan alel tetuanya dengan mengikuti hukum segregasi Mendel. Beberapa kombinasi yang mungkin didapatkan yaitu pewarisan alel pada anakan yang sesuai dengan kedua tetuanya, hanya sesuai pada salah satu tetua jantan atau betina, serta alel anakan sama sekali tidak sesuai dengan kedua induk (Mendel *et al.* 1993). Selanjutnya, ketidaksesuaian segregasi pada anakan ini dihitung nilai probabilitasnya $(1/2)^n$ (Durrand-Gasselin *et al.* 2009).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Kuantitas dan kualitas hasil

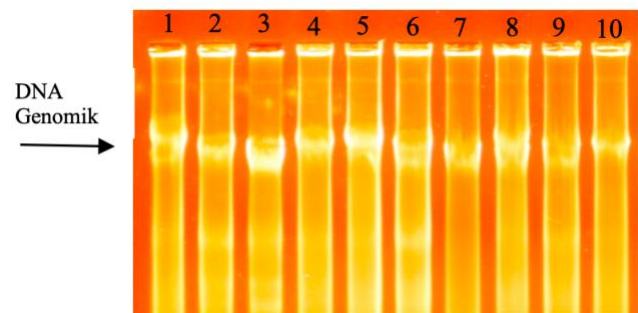
Isolasi DNA dilakukan pada bagian daun kelapa sawit yang masih muda dan tanaman tua dari semua sampel yang digunakan pada studi ini. DNA yang sudah diisolasi kemudian dites kualitas dan kuantitasnya. Tes kualitatif dilakukan dengan melihat secara kasat mata menggunakan gel agarose 2%. Tes kualitas hasil menunjukkan bahwa kualitas DNA yang dihasilkan secara umum baik namun menunjukkan kualitas yang bervariasi. Visualisasi kualitas DNA di daun pada 10 sampel yang digunakan pada UV-transluminator dan Gel-Doc ditunjukkan pada Gambar 1.

Tes kuantitas DNA dilakukan untuk melihat tingkat kemurnian dan konsentrasi isolat DNA. Tes kuantitas dilakukan menggunakan spektrofotometer Nanodrop dan dilakukan pada panjang gelombang 260 nm untuk menghitung konsentrasi DNA. Sedangkan untuk kemurnian DNA maka dihitung dengan perbandingan absorban pada panjang gelombang A_{260/280}. Nilai perbandingan absorban (A_{260/280}) yang dihasilkan pada studi ini adalah 1,8-2,0, mengindikasikan bahwa isolasi DNA yang dihasilkan

memiliki kemurnian yang baik (Foan *et al.* 2012). Nilai perbandingan absorban diatas 2,0 mengindikasikan bahwa isolat DNA mengandung lebih banyak RNA, sedangkan nilai dibawah 1,8 menunjukkan DNA yang dihasilkan mengandung lebih banyak protein, lipid dan karbohidrat (Foan *et al.* 2012). Berdasarkan Tabel 2, secara umum tingkat kemurnian DNA yang dihasilkan sudah cukup baik dengan variasi antara 1,69-2,21, sedangkan konsentrasi DNA yang diperoleh antara 133,71-466,41 ng/ μ L. Secara umum dapat disimpulkan bahwa hasil isolasi DNA adalah sukses dan dapat dipergunakan sebagai isolat untuk amplifikasi DNA pada proses selanjutnya.

Amplifikasi DNA kelapa sawit

Amplifikasi sampel DNA pada studi ini menggunakan tiga marka SSR untuk memvalidasi keturunan berdasarkan alel-alel yang terdeteksi baik pada tetua maupun pada keturunannya. Produk amplifikasi DNA yang dihasilkan pada saat PCR kemudian divisualisasikan menggunakan gel akrilamid, dan diwarnai menggunakan EtBr. Setelah diwarnai, umumnya ketiga marka menghasilkan dua band, dan hanya sedikit tetua yang menghasilkan hanya satu band (Gambar 2). Sebagai contoh pada genotipe SL33, marka mEgCIR3543 induk jantan menunjukkan alel homozigot, sementara pada tetua betinanya menunjukkan heterozigot. Jumlah band yang terlihat menunjukkan kondisi alel pada target gen, apakah homozigot atau heterozigot (Basyuni *et al.* 2018).



Gambar 1. Kualitas hasil isolasi DNA daun SL81 (1-5) dan SL33 (6-10)

Tabel 2. Kemurnian dan konsentrasi isolat DNA

No	Genotipe	Jaringan	Kemurnian (A _{260/280})	Konsentrasi (ng/ μ L)
1	SL81	Daun	1,75	195,88
2	SL81	Daun	2,04	179,31
3	SL81	Daun	1,97	221,98
4	SL81	Daun	2,26	179,43
5	SL81	Daun	1,89	323,44
6	SL33	Daun	2,11	133,71
7	SL33	Daun	1,69	155,29
8	SL33	Daun	2,03	466,41
9	SL33	Daun	2,21	153,54
10	SL33	Daun	2,09	318,98

Pewarisan alel pada analisis kemurnian keturunan

Jika ditemukan alel pada anakan tidak sesuai dengan kedua induk betina dan jantan pada satu atau dua marka molekuler, maka anakan tersebut kemungkinan terjadi mutasi (Thongthawee *et al.* 2010) atau adanya kesalahan teknis seperti kontaminasi polen atau penyerbukan sendiri (*selfing*) (Durrand-Gasselín *et al.* 2009). Locus SSR pada genom eukariot dapat mengalami mutasi yang lebih cepat per generasi perlokus dibandingkan dengan marka lainnya (Buschiazzo dan Gemmell 2006). Hal ini mengindikasikan bahwa marka SSR mungkin menjadi lebih efektif untuk melihat mutasi yang terjadi.

Keturunan yang diperoleh dapat dinyatakan tidak sesuai jika individu atau kelompok individu menunjukkan perwarisan alel yang tidak sesuai dengan induknya, berdasarkan prinsip hukum Mendel (Mendel *et al.* 1993). Berdasarkan pada Tabel 4 dibawah, dapat disimpulkan bahwa individu nomor 3, menunjukkan penyimpangan pada pewarisan alel marka mEgCIR3543, dimana tidak terdapat alel dari tetua jantan dan hanya terdeteksi alel dari tetua betina saja. Hal ini tidak sesuai dengan hukum segregasi mendel I yaitu bahwa setiap pasangan alel pada induk jantan ataupun betina akan diwariskan secara bebas kepada anaknya (Mendel *et al.* 1993).

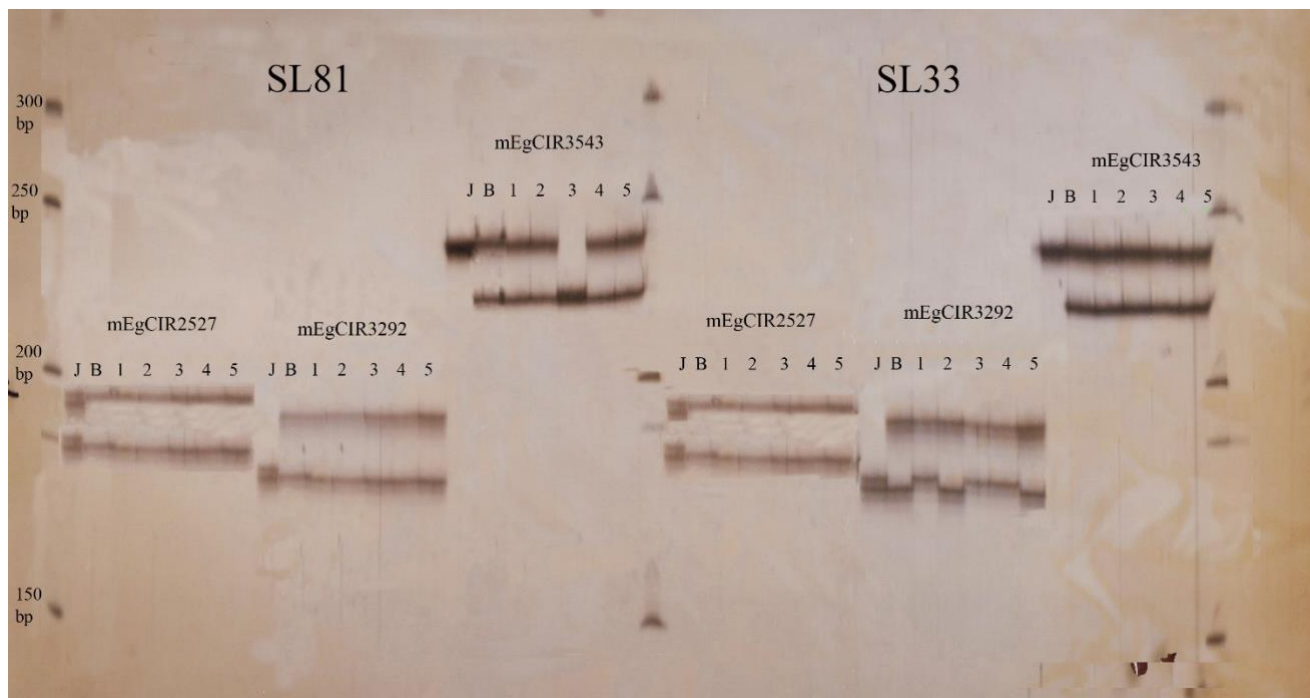
Probabilitas kemurnian

Formula nilai probabilitas yang diajukan oleh Durrand-Gasselín *et al.* (2009) adalah $(1/2)^n$ (n adalah jumlah marka SSR yang tidak sesuai hukum Mendel). Meskipun begitu, probabilitas kemurnian keturunan pada tanaman kelapa sawit merupakan hal yang sulit untuk dibuktikan,

namun dapat menggunakan pendekatan segregasi atau pola pewarisan alel. Dengan demikian, individu No. 3 adalah satu-satunya yang tidak murni berdasarkan penyimpangan alel pada lokus mEgCIR3543, yang ditunjukkan dengan nilai probabilitas kemurnian 0,5. Semakin rendah nilai probabilitas, maka semakin tinggi tingkat ketidakmurniannya dan sebaliknya nilai probabilitas yang mendekati angka 1 maka semakin murni.

Tabel 3. Alel-alel hasil amplifikasi DNA

Genotipe	mEgCIR3292		mEgCIR2527		mEgCIR3543	
	Alel 1	Alel 2	Alel 1	Alel 2	Alel 1	Alel 2
Induk Betina	164	182	173	177	216	232
Induk Jantan	164	168	184	188	228	232
SL81	164	182	173	188	216	232
SL81	164	182	173	188	216	216
SL81	164	182	173	188	216	232
SL81	164	182	173	188	216	232
Induk Betina	164	182	173	177	216	232
Induk Jantan	164	168	184	188	224	232
SL33	168	182	173	188	216	232
SL33	164	182	173	188	216	232
SL33	168	182	173	188	216	232
SL33	168	182	173	188	216	232
SL33	164	182	173	188	216	232



Gambar 2. Hasil amplifikasi DNA yang ditunjukkan dengan alel-alel pada setiap individu sampel dan induk. M: DNA Ladder, 1,2,3: nomor sampel, bp: pasang basa, J: Induk jantan, B: Induk betina

Tabel 4. Analisis kemurnian keturunan 10 individu hasil dua persilangan

Genotipe	mEg CIR3292	mEg CIR2527	mEg CIR3543	Probabilitas kemurnian
SL81	O	O	O	1
SL81	O	O	O	1
SL81	O	O	X	0,5
SL81	O	O	O	1
SL81	O	O	O	1
SL33	O	O	O	1
SL33	O	O	O	1
SL33	O	O	O	1
SL33	O	O	O	1
SL33	O	O	O	1

Banyak faktor yang menyebabkan ketidakmurnian terjadi pada individu atau kelompok individu. Beberapa diantaranya adalah kontaminasi polen pada saat persiapan, penyerbukan sendiri, kesalahan pada pelabelan saat produksi benih, pembibitan serta penanaman di lapangan (Durrand-Gasselín *et al.* 2009). Oleh karena itu, sistem kontrol pada produksi benih sangat diperlukan untuk mengatasi hal-hal tersebut, dengan demikian kemurnian keturunan dan pohon-pohon indukan dapat terjaga untuk mendapatkan benih kelapa sawit yang unggul.

Kesimpulannya, berdasarkan tiga marka yang digunakan pada penelitian ini, maka individu nomor sampel 3 dari genotipe SL81 menunjukkan alel yang tidak berasal dari tetua jantan. Sehingga dapat disimpulkan bahwa sampel nomor 3 adalah tidak murni dan tidak dapat dipergunakan sebagai individu untuk penelitian selanjutnya. Hal ini ditunjukkan oleh nilai probabilitas kemurnian <1, dimana semakin tinggi nilai probabilitas maka tingkat kemurnian semakin baik. Analisis DNA dengan metode SSR sangat bermanfaat sebagai alat deteksi kemurnian keturunan pada persilangan kelapa sawit, dalam studi ini adalah genotipe rendah asam lemak.

UCAPAN TERIMAKASIH

Kami berterimakasih kepada PT. Socfin Indonesia yang telah membantu material dan laboratorium untuk penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

Abdullah N, Yusop MR, Ithnin M, Saleh M, Latif MA. 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. DOI: 10.1016/j.crv.2011.01.004.
- Arifiyanto D, Basyuni M, Sumardi, Putri LAP, Siregar, Risnasari ES, Syahputra I. 2017. Occurrence and cluster analysis of palm oil (*Elaeis guineensis*) fruit type using two-dimensional thin-layer chromatography. *Biodiversitas* 18: 1487-1492. DOI: 10.13057/biodiv/d180427.
- Basyuni M, Baba S, Oku H. 2018. Microsatellite analysis of genetic diversity and structure of *Bruguiera gymnorrhiza* and *Kandelia obovata* E3S. Web Conf 2018: 5200027. DOI: 10.1051/e3sconf/20185200027.
- Aswidinnor HA, Toruan-Mathius N, Purwantara A. 2003. Kemiripan genetik klon karet (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) berdasarkan metode Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP). *Menara Perkebunan* 71 (1): 1-15.
- Billotte N, Marseillac N, Risterucci AM, Adon B, Brottier P, Baurens FC, Singh R, Herran A, Asmady H, Billot C, Amblard P, Gasselín TD, Courtois B, Asmono D, Cheah SC, Rohde W, Ritter E, Charrier A. 2007. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theor Appl Genet* 110: 754-765. DOI: 10.1007/s00122-004-1901-8.
- Bakoumé C, Aziah MY, Praveena T, Teh CK, Suzaini Y, Hamidah M, Jangi MS, Basiran MN, Khairudin H, Harikrishna K. 2011. DNA sequence-based markers for verification of ramet-to-ortet relationship in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Am J Plant Sci* 2: 539-548. DOI: 10.4236/ajps.2011.24064.
- Bilka K, Szczecińska M. 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, Gemmel NJ. 2006. The rise, fall, and renaissance of microsatellites in eukaryotic genomes. *BioAssay* 28 (10): 1040-1050. DOI: 10.1002/bies.20470.
- Corley RHV. 2005. Illegitimacy in oil plant breeding: A review. *J Oil Palm Res* 17: 64-69.
- Corley RHV, Tinker PB. 2016. *The Oil Palm*, Fifth Edition. Blackwell Science Ltd, Hoboken. DOI: 10.1002/9781118953297.
- Durrand-Gasselín T, Billotte N, Pomies V, Mastin G, Potier F, Amblard P, Flori A, Cochard F. 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, Sato H, Koinuma K. 2002. SSR analysis of genetic diversity among maize inbred lines adapted to cold regions of Japan. *Tag Theor Appl Genet* 104 (8): 1270-1277. DOI: 10.1007/s00122-001-0857-1.
- Foan CC, Lee YW, Tan JS, Alwee SSRS. 2012. Amplification and sequencing of partial-length disease resistance gene homologues coding for NBS-LRR proteins in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Asia Pac J Mol Biol Biotechnol* 20 (1): 25-31.
- Mendel G, Corcos, Alain F, Monaghan, Floyd V. 1993. *Gregor mendel's experiments on plant hybrids: A guided study masterworks of discovery*. Rutgers University Press, New Jersey.
- Orozco-Castillo C, Chalmers KJ, Waugh R, Powell W. 1994. Detection of genetic diversity and selective gene introgression in coffee using RAPD markers. *Theor Appl Genet* 87: 934-940.
- Thongthawee S, Tittinutchanon P, Volkaert H. 2010. Microsatellite for parentage analysis in oil palm breeding population. *Thai J Genet* 3 (2): 172-181.
- USDA [United States Department of Agriculture]. 2024. <https://fas.usda.gov/data/production/commodity/4243000>.
- Wening S, Yenni Y. 2013. Optimasi analisis sidik jari DNA kelapa sawit. *Pertemuan Teknis Kelapa Sawit*. Jakarta, 6-8 April 2013.