



Intisari

Indonesia merupakan bagian dari Indo-Malaya yang merupakan pusat keragaman genetik kelapa di dunia. Produksi kelapa Indonesia mencapai 17,7 juta ton. Indonesia negara penghasil kelapa terbesar di dunia diikuti oleh Filipina, India, Brazil dan Srilangka. Keragaman genetik plasma nutfah kelapa Genjah di Indonesia tinggi, dan terdapat keragaman dalam sistem penyerbukannya. Penggunaan marka morfologi dalam program pemuliaan tanaman memiliki banyak keterbatasan karena marka morfologi dipengaruhi oleh lingkungan dan ekspresinya ditentukan oleh fase perkembangan tanaman sehingga perlu dikonfirmasi dengan marka molekular. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui: sistem penyerbukan 8 aksesori kelapa Genjah melalui pendekatan keragaman genetik populasi dengan analisis molekular, marka molekular penanda varietas dan atau penanda individu serta marka molekular yang berasosiasi dengan ciri vegetatif, produksi dan komponen buah kelapa. Penelitian ini terdiri dari dua kegiatan yaitu karakterisasi morfologi dan analisis molekular. Karakterisasi 26 karakter morfologi dilakukan di Kebun Percobaan Mapanget, Balai Penelitian Tanaman Palma, Sulawesi Utara dan analisis molekular dengan marka SSR dan RAPD dilaksanakan di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Genetika, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada Yogyakarta. Aksesori yang digunakan sebagai bahan penelitian yaitu: 17 tanaman kelapa Dalam Bali (DBI); 11 tanaman kelapa Dalam Mapanget (DMT), 15 tanaman kelapa Genjah Tebing Tinggi (GTT); 15 tanaman kelapa Genjah Hijau Jombang (GHJ); 10 tanaman kelapa Genjah Hijau Nias (GHN); 10 tanaman kelapa Genjah Kuning Nias (GKN); 10 tanaman kelapa Genjah Orange Sagerat (GOS); 5 tanaman kelapa Genjah Merah Waingapu (GMW); 9 tanaman kelapa Genjah Kuning Bali (GKB) dan 20 tanaman kelapa Genjah Hijau Manis (GHM) yang dipilih secara acak dari populasinya. Heterosigositas harapan (H_e), indeks keragaman Shannon's (I), persentase lokus polimorfik (PLP) dan analisis varian molekular (Amova) dianalisis dengan bantuan perangkat lunak GenAEx 6.5. Keberadaan alel spesifik individu dan aksesori dianalisis secara manual. Asosiasi antara marka molekular dan morfologi dilakukan dengan metode regresi bertatar dengan bantuan program SAS 9.1. Keragaman dalam (inter) populasi kelapa Genjah yang diamati lebih besar dibanding keragaman antar populasi kelapa Genjah. Aksesori kelapa Genjah yang memiliki indeks Shannon dan nilai heterosigositas di atas nilai rata-rata kelapa Dalam adalah kelapa Genjah Hijau Manis. Diduga kelapa Genjah Hijau Manis memiliki sistem penyerbukan terbuka seperti pada kelapa Dalam sedangkan Genjah Hijau Jombang memiliki persentase menyerbuk silang yang lebih besar dari kelapa Genjah yang lain. Sebanyak 39 alel khusus individu marka SSR dan 94 alel khusus individu marka RAPD dapat dimanfaatkan sebagai penanda individu, serta sebuah alel khusus aksesori yaitu OPD 11 – 580 bp pada aksesori kelapa DMT yang diduga berasosiasi dengan warna buah merah pada kelapa DMT. Terdapat asosiasi antara marka SSR dan RAPD dengan ciri vegetatif, produksi dan komponen buah dengan jumlah yang variatif baik pada masing-masing marka maupun karakter yang diamati.



Abstract

Indonesia is part of the Indo-Malaya which is the center of coconut genetic diversity in the world. Indonesia's coconut production reaches 17,7 million tons. Indonesia is the largest coconut producing country in the world followed by the Philippines, India, Brazil, and Sri Lanka. The genetic diversity of coconut germplasm in Indonesia is followed by the high diversity of characters found in coconut accessions in Indonesia, including its pollination system. The use of morphological markers in conducting various studies in plant breeding programs has many limitations, morphological markers are influenced by the environment and its expression is determined by the phase of plant development. Therefore, it needs to be confirmed by the application of molecular markers. This study aims to determine: the pollination system of 8 Dwarf coconut accessions through the approach of population genetic diversity with molecular analysis, molecular markers of varieties and/or individual markers and genetic markers associated with agronomic traits, yields, and components of coconuts. This study consisted of two activities, morphological characterization and molecular analysis. The 26 morphological characterization of accession was carried out in the Mapanget Experimental Garden, Palma Plant Research Institute, North Sulawesi. Molecular analysis was carried out at the Plant and Genetic Breeding Laboratory, Faculty of Agriculture, Gadjah Mada University, Yogyakarta. This research used 122 coconut palms as research material, namely: 17 palms Bali Tall (BAT); 11 palms Mapanget Tall (MPT), 15 palms Tebing Tinggi Dwarf (TTD); 15 palms Jombang Green Dwarf (JGD); 10 palms Nias Green Dwarf (NGD); 10 palms Nias Yellow Dwarf (NYD); 10 palms Sagerat Orange Dwarf (SOD); 5 palms Waingapu Red Dwarf (WRD); 9 palms Bali Yellow Dwarf (BYD) and 20 palms Sweet Green Dwarf (SGD). All coconut palms randomly selected from the population. Expected heterozygosity (H_e), Shannon's diversity index (I), the percentage of locus polymorphic (PLP) and analysis of molecular variants (Amova) were analyzed with GenAlEx 6.5 software. The existence of individual-specific alleles and accession-specific alleles is analyzed manually. The association between molecular markers and morphology was carried out using stepwise regression method with SAS 9.1 program. The diversity within population of dwarf coconut populations was observed in SSR method greater than the diversity of between coconut populations. SGD coconut population has greater Shannon diversity index and heterozygosity value than Bali Tall and Mapanget Tall populations, suspected that SGD population has an open pollination system. While the Jombang Green Dwarf has a greater percentage of cross-pollination than the other Dwarf coconut. As many as 39 special alleles of individual SSR markers and 94 special alleles of individual RAPD markers can be used as individual markers, as well as a special accession allele namely OPD 11-580 bp in DMT coconut accession which is suspected to be associated with red fruit color in MPT coconut. There is an association between SSR and RAPD markers with vegetative traits, production and fruit components with varying amounts in both the markers and observed characters.