

## Analisis Keragaman Genetika Kelapa Kopyor secara Molekuler

Irfan Abdul Fatah<sup>1</sup>, Sisunandar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan, Universitas Muhammadiyah Purwokerto

### ARTICLE INFO

#### Article history:

DOI:

[10.30595/pspfs.v8i.1479](https://doi.org/10.30595/pspfs.v8i.1479)

Submitted:

12 February, 2025

Accepted:

28 February, 2025

Published:

13 March, 2025

#### Keywords:

Kelapa Kopyor; RAPD; SSR

### ABSTRACT

*Kelapa kopyor (KC) merupakan tanaman perkebunan bernilai ekonomis tinggi. Namun demikian, tingginya serangan hama dan penyakit, perubahan peruntukan lahan ataupun ancaman bencana alam dapat menyebabkan hilangnya keragaman genetika KC. Dalam penelitian ini dilaporkan hasil analisis keragaman genetika KC secara molekuler. Sampel penelitian yang digunakan terdiri atas 12 varietas atau aksesori KC dan 1 varietas KC hibrida dengan masing-masing digunakan 1 sampai 4 pohon. DNA masing-masing sampel diekstraksi menggunakan metode CTAB, kemudian diamplifikasi menggunakan teknik RAPD dan SSR. 30 marka molekuler RAPD dan 10 marka molekuler SSR digunakan pada penelitian ini. DNA hasil PCR dianalisis menggunakan Microchip Electrophoresis-202 MultiNA. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan Genalex 6.51. Analisis Kluster dibuat berdasarkan pengelompokan Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) dan indeks kesamaan dihitung menggunakan Koefisien Jaccard. Visualisasi Dendrogram dan Principal Coordinat Analysis (PCoA) dibuat menggunakan Software Paleontological Statistic 4.03. Hasil penelitian menunjukkan bahwa marka OPA 3 (RAPD) mampu memisahkan varietas KC genjah dengan KC dalam. KC genjah memiliki hasil amplifikasi sebanyak 4 pita dengan ukuran 200 bp, 235 bp, 325 bp, dan 400 bp, sedangkan KC dalam memiliki pita berukuran 130 bp, 200 bp, 235 bp, 325 bp, dan 400 bp. Dengan marka CnCirA9 (SSR), KC genjah memiliki pita DNA sebanyak 1 pita yaitu 70 bp, sedangkan KC dalam memiliki pita DNA hasil amplifikasi dengan ukuran bervariasi antara 70 bp, 80 bp, ataupun memiliki keduanya. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa secara molekuler nilai heterogenitas KC genjah lebih rendah dibandingkan dengan nilai heterogenitas KC dalam baik menggunakan pendekatan RAPD maupun SSR.*

*This work is licensed under a [Creative Commons Attribution 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).*



#### Corresponding Author:

**Irfan Abdul Fatah**

Universitas Muhammadiyah Purwokerto

Jl. KH. Ahmad Dahlan, Dukuwaluh, Kec. Kembaran, Kabupaten Banyumas, Jawa Tengah 53182, Indonesia

Email: [irfanabdulfatah071@gmail.com](mailto:irfanabdulfatah071@gmail.com)

### 1. PENDAHULUAN

Kelapa kopyor merupakan salah satu produk perkebunan yang memiliki nilai ekonomis tinggi karena harganya bisa 10 kali lipat lebih besar dibandingkan kelapa normal (Antu *et al.*, 2020). Namun demikian, adanya perubahan penggunaan lahan, tingginya serangan hama dan penyakit, dan ancaman bencana alam dapat membuat keragaman genetika kelapa kopyor berkurang atau bahkan hilang (Asril *et al.*, 2022). Oleh karena itu, upaya konservasi kelapa Kopyor telah dilakukan dalam rangka mempertahankan keragaman genetika kelapa Kopyor. Keragaman genetika tanaman dapat membantu populasi dalam menghadapi penyakit, hama, perubahan iklim, ataupun kondisi stress lainnya (Chung *et al.*, 2023). Salah satu langkah penting dalam konservasi adalah

pengumpulan informasi keragaman genetika baik secara fenotipik maupun secara genetik dari tanaman yang di konservasi. Analisis kekaragaman genetik umumnya dilakukan berdasarkan penanda morfologi, biokimia, dan molekuler (Rajesh *et al.*, 2015).

Penanda morfologi memiliki kelebihan berupa mudah diamati, dan murah tetapi polimorfisme yang dihasilkan sedikit, heritabilitas rendah, serta dipengaruhi oleh tahap perkembangan dan kondisi lingkungan (Rajesh *et al.*, 2015). Penanda biokimia memiliki kelebihan bersifat kodominan, serta relatif mudah dikerjakan tetapi polimorfisme yang dihasilkan relatif sedikit serta dapat dipengaruhi oleh berbagai metode ekstraksi, jaringan tanaman, serta berbagai tahap pertumbuhan tanaman (Mondini *et al.*, 2009). Untuk melengkapi kekurangan pada penanda Morfologi dan Biokimia maka digunakan penanda Molekuler. Meskipun penanda ini membutuhkan biaya yang besar, tetapi hasil yang didapatkan memiliki keakuratan yang tinggi, polimorfisme tinggi, dan tidak terpengaruh oleh lingkungan (Maskromo *et al.*, 2015). Diantara berbagai jenis penanda molekuler, terdapat 2 penanda yang banyak digunakan untuk menganalisis keragaman genetik pada kelapa yaitu *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)* dan *Simple Sequence Repeats (SSR)*.

Penggunaan kedua penanda tersebut pada analisis keragaman genetik untuk saling melengkapi karena RAPD bersifat dominan dan acak, sementara SSR bersifat Kodominan, menargetkan lokus tertentu, dan polimorfisme tinggi (Ramesh *et al.*, 2020). Sampai saat ini penelitian tentang keragaman genetika kelapa kopyor terutama menggunakan penanda molekuler masih terbatas. Penelitian sebelumnya pernah dilakukan menggunakan penanda SSR oleh Maskromo *et al* (2015) pada 3 varietas Kopyor Genjah Pati dan Rahayu *et al* (2022) pada populasi Kelapa Kopyor Puan Kalianda. Namun, seiring bertambahnya varietas kelapa Kopyor yang ada seperti Genjah Hijau Cungap Merah, Kopyor Dalam Sumenep, dan Kopyor Dalam Pati, maka diperlukan penelitian yang lebih lanjut untuk menganalisis keragaman genetika kelapa Kopyor pada semua varietas. Oleh karena itu, penelitian ini akan menganalisis keragaman genetika kelapa Kopyor menggunakan penanda RAPD dan SSR.

## 2. METODE PENELITIAN

### Bahan Tanaman

Sampel Kelapa Kopyor yang digunakan berjumlah 33 individu dari 13 varietas yang diambil dari Kebun Plasma Nutfah Kelapa Kopyor Universitas Muhammadiyah Purwokerto (Tabel 1). Jumlah pohon pada masing-masing varietas berkisar antara 1 hingga 4 pohon.

**Tabel 1.** Varietas kelapa kopyor yang digunakan

No	Varietas	Nomor Pohon	Simbol	Tipe
1	Kopyor Cungap Merah	1	KCM 1	Genjah
		2	KCM 2	Genjah
		11	KCM 11	Genjah
2	Genjah Kuning Sinumpur	1	GKS 1	Genjah
		6	GKS 6	Genjah
		7	GKS 7	Genjah
3	Genjah Hijau Sinumpur 1	2	GHS 1.2	Genjah
		4	GHS 1.4	Genjah
4	Genjah Hijau Sinumpur 2	5	GHS 2.5	Genjah
		6	GHS 2.6	Genjah
		7	GHS 2.7	Genjah
5	Genjah Coklat Sinumpur 1	7	GCS 1.7	Genjah
		8	GCS 1.8	Genjah
6	Genjah Coklat Sinumpur 2	2	GCS 2.2	Genjah
		3	GCS 2.3	Genjah
		5	GCS 2.5	Genjah
7	Genjah Merah Sinumpur	1	GMS 1	Genjah
		2	GMS 2	Genjah
		3	GMS 3	Genjah
8	Puan Kalianda	7	KPK 7	Dalam
		16	KPK 16	Dalam
9	Dalam Sumenep	2	DS 2	Dalam
10	Dalam Banyumas 1	1	DB 1	Dalam
11	Dalam Banyumas	3	DB 3	Dalam
		13	DB 13	Dalam

No	Varietas	Nomor Pohon	Simbol	Tipe
		5P	DB5P	Dalam
		6P	DB6P	Dalam
12	Dalam Pati	1	DP 1	Dalam
		2	DP 2	Dalam
		5	DP 5	Dalam
13	Hibrida (GKS 2 x DB5P)	9	H 9	Hibrida
		37	H 37	Hibrida
		38	H 38	Hibrida

### Ekstraksi DNA

DNA diisolasi dengan metode CTAB dengan prosedur yang dipublikasikan oleh Doyle & Doyle (1987).

### DNA Amplifikasi dan Elektroforesis

DNA Amplifikasi dilakukan menggunakan Thermal Cycler Eppendorf. Primer RAPD yang digunakan berjumlah 30 primer yaitu OPA (1 sd 10), OPB (1 sd 10), dan OPBA (1-10). Primer SSR yang digunakan berjumlah 12 primer yaitu Cn Cir A3, Cn Cir A9, Cn Cir B6, Cn Cir B12, Cn Cir C7, Cn Cir C12, Cn Cir E2, Cn Cir E10, Cn Cir E12, Cn Cir F2, Cn Cir G11, dan Cn Cir H7. Primer-primer tersebut kemudian diseleksi untuk memilih primer yang dapat membedakan kelapa kopyor genjah dan kopyor dalam. PCR dilakukan dengan mencampurkan  $\mu$ l MyTaq™ One-Step RT-PCR Kit, ddH<sub>2</sub>O, Primer, dan sampel. Pada RAPD, Denaturasi dilakukan pada suhu 95°C selama 15 detik, Annealing 31°C selama 15 detik, dan Extension 72°C selama 10 detik. Pada SSR, Denaturasi dilakukan pada suhu 95°C selama 15 detik, Annealing 54°C selama 30 detik, dan Extension 72°C selama 30 detik. Elektroforesis dilakukan menggunakan Microchip Electrophoresis-202 MultiNA Shimadzu.

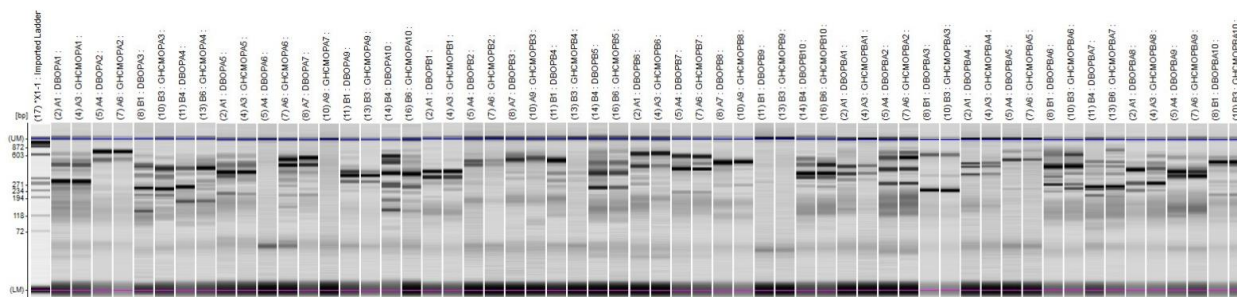
### Analisis Data

Hasil elektroforesis dianalisis dengan memberikan skor 1 untuk kehadiran pita DNA dan 0 untuk tidak adanya pita DNA. Parameter yang diamati yaitu Indeks Informasi Shannon (I), Heterozigositas yang diharapkan (He), dan Heterozigositas yang teramati (Ho). Parameter tersebut dianalisis menggunakan Software Genalex 6.51. Analisis Kluster dibuat berdasarkan pengelompokan Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) dan indeks kesamaan dihitung menggunakan Koefisien Jaccard. Visualisasi Dendrogram dan Scatter Plot untuk *Principal Coordinat Analysis* (PCoA) dibuat menggunakan Software Paleontological Statistic 4.03.

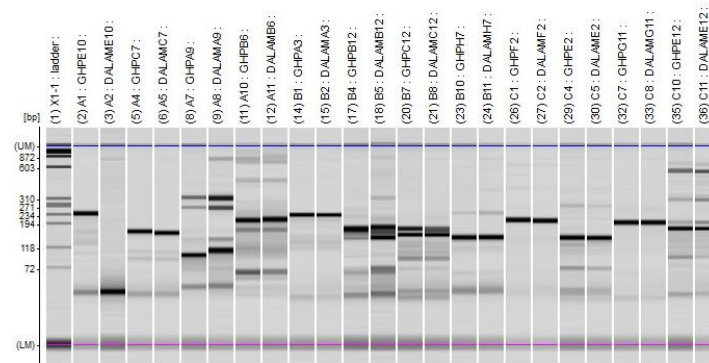
## 3. HASIL DAN PEMBAHASAN

### Seleksi Primer

Seleksi primer dilakukan pada kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam untuk memilih primer yang dapat membedakan keduanya. Hasil elektroforesis seleksi primer RAPD disajikan dalam Gambar 1 dan seleksi primer SSR disajikan dalam Gambar 2. Hasil menunjukkan bahwa 2 primer RAPD (OPA 3 dan OPBA 6) dan 3 primer SSR (Cn Cir A9, Cn Cir B12, dan Cn Cir E10) dapat membedakan kelapa kopyor dalam dan kelapa kopyor genjah. Oleh karena itu, primer tersebut akan digunakan untuk menganalisis keragaman genetik kelapa kopyor pada penelitian ini.



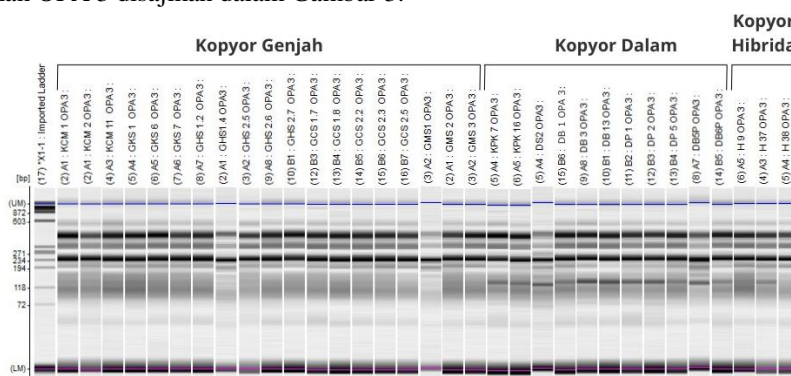
**Gambar 1.** Seleksi primer RAPD yang diujikan pada varietas kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam



**Gambar 2.** Seleksi primer SSR yang diujikan pada varietas kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam

**Analisis RAPD**

3 primer RAPD yang diujikan pada 33 individu kelapa kopyor dari 13 varietas berhasil mengamplifikasi segmen DNA pada varietas kelapa kopyor. Pita hasil amplifikasi menunjukkan polimorfisme dan dapat digunakan untuk membedakan kelapa Kopyor Genjah, Dalam, dan Hibrida. Primer OPA 3 merupakan primer RAPD yang paling konsisten dalam membedakan kelapa kopyor genjah dan kopyor dalam. Hasil Elektroforesis RAPD menggunakan OPA 3 disajikan dalam Gambar 3.



**Gambar 3.** Hasil elektroforesis RAPD menggunakan primer OPA 3

Primer OPA 3 mengamplifikasi 5 pita DNA dengan ukuran 130 bp, 200 bp, 235 bp, 325 bp, dan 400 bp. Kelapa kopyor genjah dengan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pada pita DNA yang berukuran 130 bp. Semua varietas kelapa kopyor dalam memiliki pita DNA dengan ukuran 130 bp, sedangkan semua varietas kelapa kopyor genjah tidak memilikinya. Primer OPBA 6 mengamplifikasi 4 pita DNA dengan ukuran 200 bp, 230 bp, 295 bp, dan 385 b. Kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pada pita DNA yang berukuran 200 bp dan 230 bp. Semua varietas kelapa kopyor genjah memiliki pita DNA dengan ukuran 200 bp dan 230 bp, sedangkan kehadiran 2 pita tersebut pada kelapa kopyor dalam bervariasi yaitu hanya salah satu dari keduanya ataupun keduanya tidak teramplifikasi. Sementara itu, pola pita DNA pada kelapa kopyor hibrida memiliki persamaan yang lebih besar dengan pola pita DNA pada kelapa kopyor genjah. Sementara itu, primer OPA 10 mengamplifikasi 5 dengan ukuran 115 bp, 150 bp, 230 bp, 335 bp, dan 400 bp.

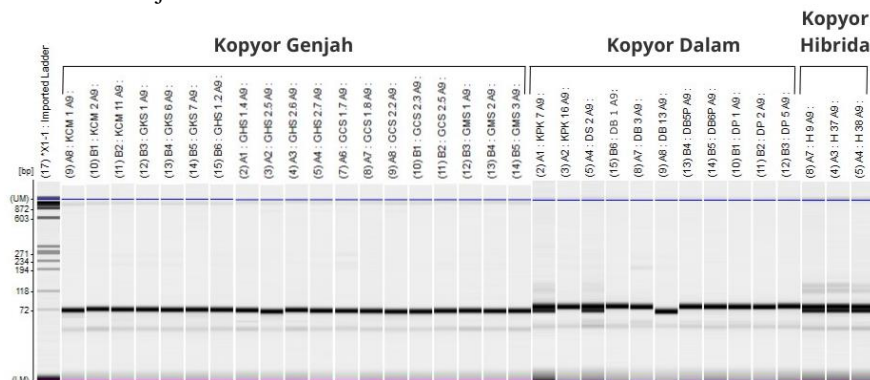
Persentase lokus polimorfisme, Indeks informasi Shannon, dan Heterozigositas yang diharapkan pada kelapa kopyor genjah memiliki nilai berturut-turut 1,59%, 0,008, dan 0,005 (Tabel 2). Nilai tersebut lebih kecil dibandingkan nilai pada kelapa kopyor dalam yaitu 8,89%, 0,051, dan 0,034. Hal tersebut menunjukkan bahwa nilai heterozigositas pada kelapa kopyor genjah lebih kecil dibandingkan kelapa kopyor dalam. Hal ini disebabkan karena perilaku reproduksi mereka dimana kelapa kopyor genjah melakukan penyerbukan sendiri sedangkan kelapa kopyor dalam melakukan penyerbukan silang (Upadhyay *et al.*, 2004).

**Tabel 2.** Nilai Persentase Lokus Polimorfisme (%P), Indeks Informasi Shannon (I), dan Heterozigositas yang Diharapkan (He) pada kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam.

Varietas	%P	I	He
Kopyor Genjah	1,59%	0,008	0,005
Kopyor Dalam	8,89%	0,051	0,034

### Analisis SSR

3 primer SSR yang diujikan pada sampel yang sama berhasil mengamplifikasi segmen DNA pada varietas kelapa kopyor. Pita hasil amplifikasi menunjukkan polimorfisme dan dapat digunakan untuk membedakan kelapa Kopyor Genjah, Dalam, dan Hibrida. Primer Cn Cir A9 merupakan primer SSR yang paling konsisten dalam membedakan kelapa kopyor genjah dan kopyor dalam. Hasil Elektroforesis SSR menggunakan Cn Cir A9 disajikan dalam Gambar 4.



**Gambar 4.** Hasil elektroforesis SSR menggunakan primer Cn Cir A9

Primer Cn Cir A9 mengamplifikasi 4 pita DNA dengan ukuran 70 bp, 80 bp, 120 bp, dan 130 bp. Kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pada pita DNA yang berukuran 70 bp dan 80 bp. Semua kelapa kopyor genjah memiliki pita DNA dengan ukuran 70 bp, sedangkan kelapa kopyor dalam bervariasi yaitu hanya memiliki pita berukuran 70 bp, hanya memiliki pita berukuran 80 bp, ataupun memiliki kedua pita tersebut. Kelapa kopyor hibrida menunjukkan kombinasi dari kedua induk yaitu memiliki pita berukuran 70 bp dan 80 bp dan memiliki 2 pita band unik yang membedakan dari kedua induknya berukuran 120 bp dan 130 bp. Primer Cn Cir E10 mengamplifikasi 3 pita DNA dengan ukuran 175 bp, 185 bp, dan 195 bp. Sementara itu, Cn Cir B12 mengamplifikasi pita DNA dengan ukuran 100 bp dan 120 bp.

Hasil analisis penanda SSR juga menunjukkan hasil yang sama dengan penanda RAPD dimana kelapa kopyor genjah memiliki nilai keragaman genetika yang lebih rendah dibandingkan dengan kopyor dalam berdasarkan nilai persentase lokus polimorfisme, Indeks Informasi Shannon, Heterozigositas yang teramati, dan heterozigositas yang diharapkan (Tabel 3). Nilai parameter tersebut pada kelapa kopyor genjah secara berturut-turut 4,76%, 0,030, 0,000, dan 0,021, sedangkan pada kelapa kopyor dalam berturut-turut 40,00%, 0,244, 0,189, dan 0,169.

**Tabel 3.** Nilai Persentase Lokus Polimorfisme (%P), Indeks Informasi Shannon (I), Heterozigositas yang teramati (Ho), dan Heterozigositas yang Diharapkan (He) pada kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam.

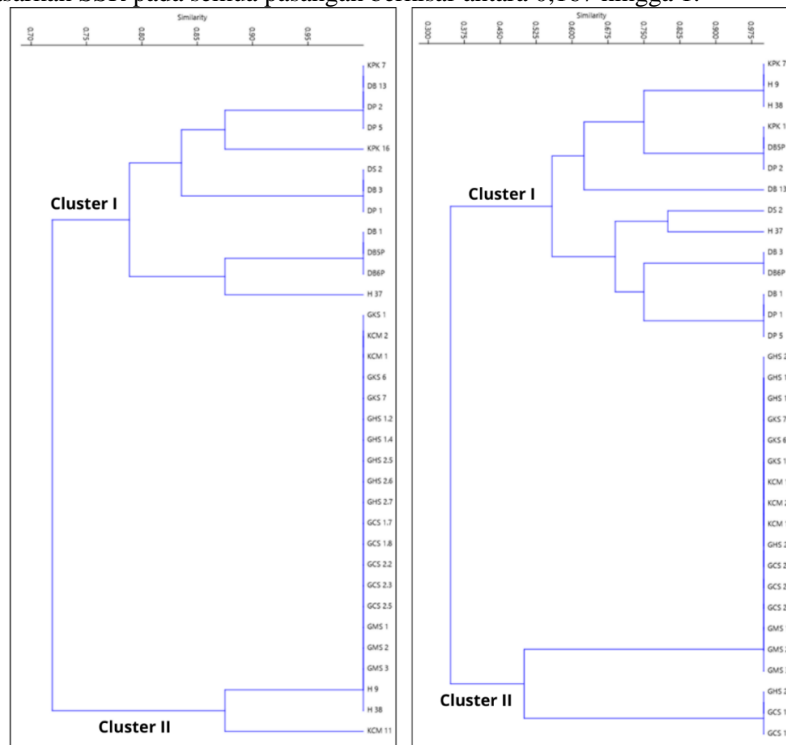
Varietas	%P	I	Ho	He
Kopyor Genjah	4,76%	0,030	0,000	0,021
Kopyor Dalam	40,00%	0,244	0,189	0,169

Secara umum hasil analisis menggunakan penanda RAPD dan SSR sesuai dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Perera *et al* (2000), Teulal *et al* (2000), Meerow *et al* (2003), Devakumar *et al* (2006), Rajesh *et al* (2008), Dasanayaka *et al* (2009), dan Riangwong *et al* (2020) yang menyatakan bahwa tingkat keragaman pada populasi kelapa dalam lebih tinggi dibandingkan dengan kelapa genjah. Perilaku kelapa dalam yang melakukan penyerbukan silang diduga menjadi penyebab keragaman yang tinggi pada kelapa dalam dibandingkan dengan kelapa genjah yang melakukan penyerbukan sendiri (Upadhyay *et al.*, 2004).

### Analisis Kluster dan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA)

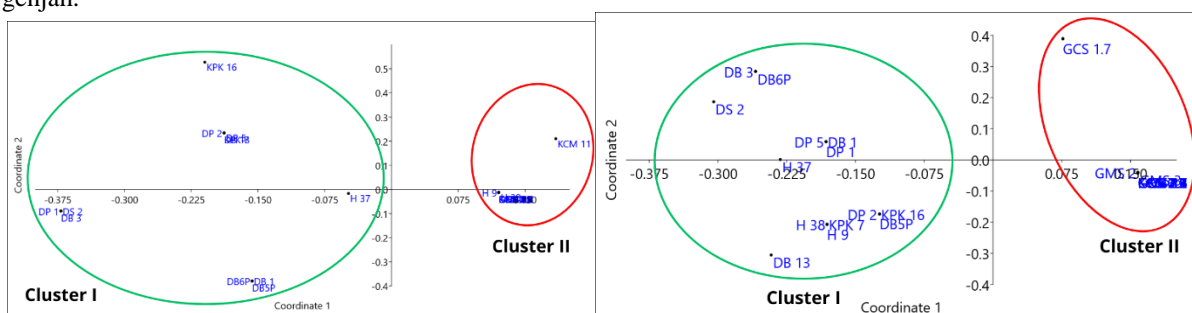
Analisis Kluster menggunakan pengelompokan UPGMA disajikan pada Gambar 5. Dendrogram berdasarkan RAPD dan SSR menunjukkan hasil yang sama yaitu memisahkan kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam ke dalam kelompok yang berbeda. Kedua Dendrogram memisahkan populasi kelapa kopyor menjadi 2 kelompok utama. Kelompok I terdiri dari semua varietas kelapa kopyor dalam dan kopyor hibrida. Kelompok II terdiri dari semua varietas kelapa kopyor genjah. Hasil tersebut sesuai dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Perera *et al* (2000), Meerow *et al* (2003), Upadhyay *et al* (2004), dan Rajesh *et al* (2008) yang menemukan bahwa kelapa genjah dan kelapa dalam terpisah dalam kelompok yang berbeda pada analisis Kluster.

Tergabungnya Kelapa kopyor hibrida ke dalam kelompok kelapa kopyor dalam menunjukkan bahwa varietas hibrida yang digunakan terkonfirmasi sebagai hibrida dari kedua induknya karena kopyor hibrida mengikuti sifat induknya yang jantan (kopyor dalam). Pada Dendrogram berdasarkan RAPD, jarak kesamaan genetik pada semua pasangan berkisar antara 0,625 hingga 1, sedangkan jarak kesamaan genetik pada Dendrogram berdasarkan SSR pada semua pasangan berkisar antara 0,167 hingga 1.



**Gambar 5.** Dendrogram dengan pengelompokan UPGMA pada populasi kelapa kopyor berdasarkan penanda RAPD (kiri) dan berdasarkan penanda SSR (kanan)

Scatter Plot *Principal Coordinate Analysis* ditunjukkan pada gambar 6. Hasil Scatter Plot berdasarkan penanda RAPD dan SSR menunjukkan pengelompokan yang sama dengan Dendrogram UPGMA dimana kelapa Kopyor Dalam dan Kelapa Kopyor Genjah terpisah pada kelompok yang berbeda. Kedua Scatter Plot juga membagi populasi kelapa kopyor menjadi 2 kelompok utama. Kelompok I terdiri dari semua varietas kelapa kopyor dalam dan kopyor hibrida. Sementara itu, kelompok II terdiri dari semua varietas kelapa kopyor genjah.



**Gambar 6.** Scatter Plot Principal Coordinate Analysis berdasarkan penanda RAPD (kiri) dan berdasarkan penanda SSR (kanan)

Varietas kelapa kopyor genjah cenderung bertumpuk dan memiliki persebaran yang lebih sempit. Hal tersebut menunjukkan bahwa varietas kelapa kopyor genjah memiliki kesamaan genetik yang besar. Sementara itu, kelapa kopyor dalam memiliki pola persebaran yang lebih luas. Hal ini dikarenakan keragaman pada kelompok kopyor dalam lebih tinggi dibandingkan dengan kopyor genjah. Penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Meerow *et al* (2003), Upadhyay *et al* (2004), Dasanayaka *et al* (2009), dan Riangwong *et al* (2020) juga telah mengungkap bahwa kelapa dalam memiliki pola persebaran yang lebih luas dan menyeluruh dibandingkan dengan kelapa genjah.

#### 4. SIMPULAN

Berdasarkan primer OPA 3, kelapa kopyor genjah dengan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pita DNA yang berukuran 130 bp. Berdasarkan primer OPBA 6, kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pada pita DNA yang berukuran 200 bp dan 230 bp. Berdasarkan primer Cn Cir A9, kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam memiliki perbedaan pada pita DNA yang berukuran 70 bp dan 80 bp. Kelapa kopyor genjah memiliki nilai keragaman genetika yang lebih rendah dibandingkan dengan kopyor dalam. RAPD maupun SSR mampu memisahkan kelapa kopyor genjah dan kelapa kopyor dalam ke dalam kelompok yang berbeda. Varietas kelapa kopyor genjah cenderung bertumpuk dan memiliki persebaran yang lebih sempit dibandingkan dengan kelapa kopyor dalam yang memiliki persebaran yang lebih luas. Penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar pemuliaan tanaman kelapa khususnya kelapa Kopyor.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Antu, M.Y., Maskromo, I. and Rindengan, B. 2020. Potency of Kopyor Coconut Meat as an Ingredient of Healthy Food. *Perspektif*, 19(2): 95–104.
- Astril, M. *et al.* 2022. *Keanekaragaman Hayati*, Jakarta: Yayasan Kita Menulis.
- Chung, M.Y. *et al.* 2023. Neutral and Adaptive Genetic Diversity in Plants: An Overview. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 11: 1–14.
- Dasanayaka, P.N. *et al.* 2009. Analysis of Coconut (*Cocos nucifera* L.) Diversity using Microsatellite Markers with Emphasis on Management and Utilisation of Genetic Resources. *Journal of the National Science Foundation of Sri Lanka*, 37(2): 99–109.
- Devakumar, K. *et al.* 2006. Assessment of the Genetic Diversity of Indian Coconut Accessions and Their Relationship to Other Cultivars , using Microsatellite Markers. *Plant Genetic Resources Newsletter*, (145): 38–45.
- Doyle . J.J. and Doyle . J.L. 1987. A Rapid Dna Isolation Procedure for Small Quantities of Fresh Leaf Tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19(1): 11–15.
- Kumar, M. *et al.* 2018. Biochemical and Molecular Markers for Characterization of Chrysanthemum Germplasm : A Review. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(5): 2641–2652.
- Maskromo, I. *et al.* 2015. Keragaman Fenotipe dan Genetik Tiga Varietas Kelapa Genjah Kopyor Asal Pati Jawa Tengah. *Jurnal Littri*, 21(1): 1–8.
- Meerow, A.W. *et al.* 2003. Analysis of Genetic Diversity and Population Structure within Florida Coconut (*Cocos nucifera* L.) Germplasm Using Microsatellite DNA, with Special Emphasis on the Fiji Dwarf Cultivar. *Theoretical and Applied Genetics*, 106(4): 715–726.
- Perera, L. *et al.* 2000. Use of Microsatellite DNA Markers to Investigate the Level of Genetic Diversity and Population Genetic Structure of Coconut (*Cocos nucifera* L.)', *Genome*, 43(1): 15–21.
- Rahayu, M.S. *et al.* 2022. Genetic Diversity Analysis of Puan Kalianda Kopyor Coconuts ( *Cocos nucifera* ) From South Lampung , Indonesia Based on SSR Markers. *Biodiversitas*, 23(1): 205–211.
- Rajesh, M.K. *et al.* 2008. Genetic Survey of 10 Indian Coconut Landraces by Simple Sequence Repeats (SSRs). *Scientia Horticulturae*, 118(4): 282–287.
- Rajesh, M.K. *et al.* 2015. Genetic Relationship and Diversity Among Coconut (*Cocos nucifera* L.) Accessions Revealed Through SCoT Analysis. *3 Biotech*, 5(6): 999–1006.
- Ramesh, P. *et al.* 2020. Advancements in Molecular Marker Technologies and Their Applications in Diversity Studies. *Journal of Biosciences*, 45(1): 122–136.
- Riangwong, K. *et al.* 2020. Mining and Validation of Novel Genotyping-by-Sequencing (GBS)-Based Simple Sequence Repeats (SSRs) and Their Application for the Estimation of the Genetic Diversity and Population Structure of Coconuts (*Cocos nucifera* L.) in Thailand. *Horticulture Research*, 7(1): 1–16.
- Teulat, B. *et al.* 2000. An Analysis of Genetic Diversity in Coconut (*Cocos nucifera*) Populations From Across the Geographic Range Using Sequence-Tagged Microsatellites (SSRs) and AFLPs. *Theoretical and Applied Genetics*, 100(5): 764–771.
- Upadhyay, A. *et al.* 2004. Genetic Relationship and Diversity in Indian Coconut Accessions Based on RAPD Markers. *Scientia Horticulturae*, 99(3): 353–362.