

## Identification of MADS-box gene in oil Palm (*elaeis guineensis jacq.*)

Winda Nawfetrias, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20447908&lokasi=lokal>

---

### Abstrak

The bunch size represented by the fruit number is the main parameter of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) yield. The

fruit number, which is determined during the initial phase of development, is related to various factors, including the

genetic properties of the trees. Trees that have more pistillate flowers have more fruit. The diversity of MADS-box

genes assumed can be used as a marker for trees that have a higher number of pistillate flowers. Therefore, the aims of

this research were to isolate and identify the MADS-box genes from flowers of tenera oil palm using PCR techniques.

The SQUAMOSA (SQUA) gene and the GLOBOSA (GLO) gene are members of the MADS-box genes family that are

responsible for sepal, petal and stamen organ development. The genomic DNA of the staminate flowers of trees that

have more staminate flowers (P1) and the genomic DNA of the pistillate flowers of trees that have more pistillate

flowers (P2) were isolated using the CTAB+ PVP method. The CTAB+PVP method was more efficient for isolating

pistillate flower genomic DNA than staminate flower genomic DNA. The genomic DNA of P1 and P2 was amplified

with two primers: BMS and BMG. The BMS primers gave a PCR product size of 1250 bp for the genomic DNA of P1

and P2. Meanwhile, the BMG primers gave a PCR product size of 1250 bp and 1300 bp for P1 and P2, respectively.

The PCR products were sequenced and analyzed for homology using the GenBank database. BLAST analysis showed

the PCR products have high homology with the SQUA1 gene and the GLO2 gene. Alignment analysis showed that the

DNA fragments amplified with the BMS primers of the P1 and P2 sequences have variations in the exons and introns,

and the variations were observed only in the introns of the DNA fragments amplified with the BMG primers.

<br><br>

Identifikasi Gen MADS-box pada Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.). Ukuran tandan yang dipresentasikan

dengan jumlah buah merupakan parameter utama pada produksi kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.).

Jumlah buah,  
yang dapat diduga selama fase awal perkembangan tanaman, berkaitan dengan berbagai faktor, salah satunya adalah properti genetik pohon. Pohon yang mempunyai bunga betina lebih banyak mempunyai buah lebih banyak.

Keragaman gen MADS-box diduga dapat digunakan sebagai marka untuk pohon yang mempunyai banyak bunga betina.

Tujuan dari penelitian ini adalah mengisolasi dan mengidentifikasi gen MADS-box dari bunga kelapa sawit *Tenera* menggunakan teknik PCR. Gen SQUAMOSA (SQUA) dan gen GLOBOSA (GLO) termasuk dalam famili gen MADSbox yang berperan pada perkembangan organ sepal, petal dan stamen. DNA genom bunga jantan dari pohon yang mempunyai bunga jantan lebih banyak (P1) dan DNA genom bunga betina dari pohon yang mempunyai bunga betina lebih banyak (P2) diisolasi menggunakan metode CTAB+PVP. DNA genom P1 dan P2 diamplifikasi menggunakan dua primer: BMS dan BMG. Primer BMS menghasilkan produk PCR berukuran 1250 bp untuk DNA genom P1 dan P2. Primer BMG menghasilkan produk PCR berukuran 1250 bp dan 1300 bp untuk P1 dan P2. Produk PCR disekuensing dan dianalisis homologinya menggunakan database GenBank. Analisis BLAST menunjukkan bahwa produk PCR mempunyai homologi yang tinggi dengan gen SQUA1 dan gen GLO2. Analisis alignment menunjukkan fragmen DNA yang teramplifikasi primer BMS dari sekuen P1 dan P2 mempunyai keragaman pada ekson dan intron, keragaman hanya terdeteksi pada intron fragmen DNA yang teramplifikasi primer BMG.