

Analisis Keragaman Genetik dan Kekerabatan Genotipe Ubi Jalar Berdasarkan Karakter Morfologi

Analysis Genetic Diversity and Relationship of Sweet Potato Genotype Based on Morphological Characters

Sri Umi Lestari, Reza Prakoso Dwi Julianto*

Program Studi Agroteknologi Fakultas Pertanian Universitas Tribhuwana Tungadewi
Jalan Telaga Warna Tlogomas, Kota Malang 65144

*e-mail: reza.prakoso@unitri.ac.id

NASKAH DITERIMA 7 JUNI 2020; DISETUJUI UNTUK DITERBITKAN 22 OKTOBER 2020

ABSTRAK

Ubi jalar (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) merupakan komoditas sumber karbohidrat setelah padi, jagung dan ubi kayu. Saat ini produktivitas ubi jalar nasional hanya sebesar 13,51 t/ha, lebih rendah dibandingkan hasil penelitian yang mencapai 35 t/ha. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi karakter morfologi beberapa genotipe ubi jalar dan menganalisis jarak genetik genotipe-genotipe berdasarkan karakter kuantitatif. Hasil analisis kekerabatan dari 13 genotipe ubi jalar berkelompok pada 2 klaster (A dan B). Kemiripan antargenotipe didasarkan pada jarak *Euclidean*; terdapat dua kelompok genotipe yang memiliki nilai kemiripan tertinggi yaitu Beta 2-♂-22 dengan Jago-OP-28, dan Beta 2-♀-12 dengan Beta 2-♀-15. Sepuluh variabel pengamatan yang mempengaruhi keragaman 13 genotipe tereduksi ke dalam empat komponen utama dengan nilai keragaman kumulatif sebesar 91,1%. Hasil analisis biplot dari 10 variabel pengamatan dengan menghilangkan empat variabel yang mempunyai vektor pendek mampu meningkatkan keragaman dari 59,7% menjadi 92,1%.

Kata kunci: Genotipe, keragaman genetik, kekerabatan, ubi jalar

ABSTRACT

Sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) is a source of carbohydrate after rice, maize and cassava. Currently, the national productivity of sweet potato is 13,51 t/ha lower than the yield potential obtained at research level i.e. 35 t/ha. The research aimed to evaluate the morphological characters of 13 sweet potato genotypes and to analyze the genetic distance of genotypes based on quantitative characters. The results showed that 13 sweet potato genotypes could be grouped into two clusters (A and B). The similarity between genotypes was based on the *Euclidean* distance. There were two groups of genotypes that had the highest similarity values, namely Beta 2-♂-22 and Jago-OP-28, and Beta 2-♀-12 and Beta 2-♀-15. Ten variables that influenced the diversity of 13 genotypes could be reduced into four main components with a cumulative diversity value of 91.1%. The result of biplot analysis showed that by eliminating four variables with short vectors from initially 10 variables, it increased the diversity from 59.7% to 92.1%

Keywords: Genetic diversity, kindship, genotype, sweet potato

PENDAHULUAN

Ubi jalar kaya akan karbohidrat, serat pangan, vitamin, mineral dan antioksidan (Mohanraj dan Sivasankar 2014; Ji *et al.* 2015) sehingga sesuai digunakan sebagai bahan diversifikasi pangan menunjang kedaulatan pangan. Menurut Suryani (2016), selain karbohidrat, ubi jalar juga mengandung 562 g K, 107 mg Ca, 2,8 g protein, kalori 53,00 kal, 5,565 SI vitamin A dan 32 mg vitamin C dalam setiap 100 gram umbi segarnya. Selain itu, ubi jalar memiliki daya adaptasi yang baik terhadap berbagai kondisi lingkungan dan iklim (Ngailo *et al.* 2016).

Rata-rata produksi ubi jalar di Indonesia dari tahun 2012-2016 sebesar 2,33 juta ton per tahun dengan rata-rata produktivitas hasil 13,51 t/ha (Suryani 2016). Di tingkat penelitian, potensi hasil varietas unggul ubi jalar dapat mencapai > 35 t/ha sehingga terbuka peluang untuk meningkatkan produksi ubi jalar secara nasional.

Sejumlah varietas ubi jalar telah dilepas dengan warna daging umbi, produktivitas, dan tujuan pemanfaatan yang berbeda. Khusus ubi jalar oranye, terdapat tiga varietas unggul yakni Beta 1, Beta 2, dan Beta 3. Varietas Beta 1 dan Beta 2 masing-masing mempunyai kadar bahan kering 25,3% dan 23,8% (Balitkabi 2016), sedangkan Beta 3 kadar bahan keringnya lebih tinggi, yakni sebesar 32,5% (Jamil *et al.* 2016). Kadar betakaroten ketiga varietas masing-masing sebesar 12.032 µg/100 g, 4.629 µg/100 g, dan 9.630 µg/100 g (basis basah) (Balitkabi 2016; Jamil *et al.* 2016). Menurut Kathabwalika *et al.* (2013), salah satu variabel penentu kualitas ubi jalar adalah kadar bahan kering. Umumnya bahan kering ubi jalar segar berkisar antara 20–30% (Oliveira *et al.* 2017). Beberapa varietas ubi jalar,

terutama yang daging umbinya berwarna putih, memiliki kadar bahan kering >30%, diantaranya Sukuh (35%), Jago (33,3%), Pating 1 (36,88%), dan Pating 2 (35,65%) (Balitkabi 2016, Balitkabi 2020).

Proses kegiatan pemuliaan tanaman untuk menghasilkan genotipe ubi jalar unggul dimulai dari kegiatan persilangan tanaman untuk peningkatan keragaman genetik dilanjutkan kegiatan seleksi tanaman dan evaluasi daya hasil (Rini *et al.* 2018). Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi karakter morfologi beberapa genotipe ubi jalar dan menganalisis jarak genetik genotipe ubi jalar berdasarkan karakter kuantitatif.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan Universitas Brawijaya di Desa Jatikerto, Kecamatan Kromengan, Kabupaten Malang mulai bulan Juni hingga September 2019. Lokasi penelitian berada pada ketinggian 350 m di atas permukaan laut (dpl). Bahan yang digunakan adalah 13 genotipe ubi jalar, yaitu Cangukuang-OP-22 (G01), Beta 2-♀-12 (G02), Jago-OP-16 (G03), Beta 2-♀-15 (G04), Beta 2-♂-22 (G05), BIS OP-61-♀-36 (G06), Jago-OP-24 (G07), D67-♀-23 (G08), Jago-OP-2 (G09), Jago-OP-28 (G10), Beta 1 (G11), Beta 2 (G12), dan Kuningan Merah (G13). *Pedigree* dari 13 genotipe ubi jalar dapat dilihat pada Tabel 1.

Genotipe-genotipe yang digunakan dalam penelitian merupakan hasil seleksi sejak tahun 2015 melalui persilangan resiprokal. Genotipe Beta 2, BIS OP, dan D67 dijadikan sebagai tetua betina dengan kriteria kandungan mikronutrien tinggi disilangkan dengan 10 genotipe induk jantan: Cilembu, Sari, Sukuh, 73-6/2, Boko, Sawentar, Kuningan Merah, Kuningan Putih, Beta 1, dan Beniazuma dengan kriteria hasil tinggi. Persilangan ini menghasilkan beberapa genotipe antara lain Beta 2-♀-12, Beta 2-♀-15, BIS OP-61-♀-36, dan D67-♀-23. Sedangkan genotipe Beta 2-♂-22 merupakan hasil persilangan dari varietas Beta 2 sebagai induk jantan dengan 10 genotipe induk betina yang memiliki hasil tinggi. Genotipe yang berasal dari Cangukuang, BIS, dan Jago merupakan hasil persilangan terbuka, dan proses seleksi dilakukan per tanaman (Lestari 2019).

Penelitian menggunakan Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan 3 ulangan. Setiap genotipe ditanam pada petak berukuran 5 m × 3 m, terdiri dari empat gulud yang pada setiap gulud ditanam stek (panjang ±25 cm) dengan jarak antarstek 25 cm sedangkan jarak antargulud 100 cm, sehingga pada setiap petak ditanam 48 stek. Pupuk dasar yang digunakan adalah 300 kg/ha (15% N, 15% P,

15%K) + 100 kg KCl + 10 t bahan organik/ha. Pupuk Phonska dan KCl diberikan dua kali, pertama pada umur 7 HST sebanyak 100 kg Phonska dan 30 kg KCl, pemupukan kedua pada umur 45 HST sebanyak 200 kg Phonska dan 70 kg KCl/ha. Pupuk organik diberikan pada saat tanam, dilakukan dengan cara ditabur merata di setiap guludan. Variabel yang diamati meliputi jumlah umbi/tanaman, bobot umbi/tanaman, bobot brangkas/tanaman, % bahan kering umbi, % bobot kering (BK) brangkas, bahan kering umbi/tanaman, BK brangkas/tanaman, BK biomass/tanaman, indeks panen (%), dan kadar betakaroten (mg/g) sebagai data penunjang.

Analisis ragam dilakukan dengan menghitung ragam genetik (σ^2_g), ragam fenotipe (σ^2_f), heritabilitas (h^2), dan kemajuan genetik harapan (KGH). Estimasi ragam genetik dan ragam fenotipe dilakukan dengan memanipulasi harapan kuadrat tengah (Tabel 2).

Keragaman genetik dan fenotipe dihitung berdasarkan persamaan berikut :

$$\sigma^2_g = (KTg - KTe) / r \text{ dan } \sigma^2_p = (\sigma^2_g + KTe) \text{ (Singh dan Chaudary 1985).}$$

Keragaman genetik termasuk kriteria luas apabila nilai ragam genetik (σ^2_g) lebih besar dari dua kali standar deviasi ragam genetik ($2.Sd. \sigma^2_g$). Sedangkan keragaman fenotipe termasuk kriteria luas apabila ragam fenotipe (σ^2_f) lebih besar dari dua kali nilai standar deviasi ragam fenotipe ($2.Sd. \sigma^2_f$) (Qosim *et al.* 2013).

Nilai heritabilitas (h^2) dikelompokkan sebagai berikut: kriteria rendah jika nilai $h^2 < 0,2$, kriteria sedang jika $0,2 \leq h^2 \leq 0,5$, dan kriteria tinggi jika $h^2 > 0,5$. Penentuan nilai heritabilitas dengan menggunakan persamaan berikut :

$$h^2 = \sigma^2_g / \sigma^2_f \text{ (Stansfield 1991).}$$

Kriteria persentase Kemajuan Genetik Harapan (KGH) yaitu: rendah = $0 < KGH < 3,3\%$; agak rendah = $3,3\% < KGH < 6,6\%$; cukup tinggi = $6,6\% < KGH < 10\%$; tinggi = $KGH > 10\%$ (Mangoen-didjojo 2003). Penentuan nilai kemajuan genetik harapan dihitung menggunakan persamaan berikut (Stansfield 1991).

$$KGH = i.h^2. \sigma^2_f$$

Keterangan :

σ^2_f : ragam fenotipe

h^2 : heritabilitas

KGH : Kemajuan Genetik Harapan

i : intensitas seleksi, asumsi 5% bernilai 2,06 (Becker 1992).

Tabel 1. Pedigree genotipe-genotipe ubi jalar

No	Genotipe	Pedigree
1.	Cangkuang-OP-22	Hasil OP dari induk varietas Cangkuang dengan nomor seleksi 22
2.	Beta 2-♀-12	Hasil HP dengan induk betina varietas Beta 2 dengan nomor seleksi 12
3.	Jago-OP-16	Hasil OP dari induk varietas Jago dengan nomor seleksi 16
4.	Beta 2-♀-15	Hasil HP dengan induk betina varietas Beta 2 dengan nomor seleksi 15
5.	Beta 2-♂-22	Hasil HP dalam kelompok induk jantan varietas Beta 2 dengan nomor seleksi 22
6.	BIS OP-61-♀-36	Hasil HP dari induk betina BIS OP-61 dengan nomor seleksi 36
7.	Jago-OP-24	Hasil OP dari induk varietas Jago dengan nomor seleksi 24
8.	D67-♀-23	Hasil HP dari induk betina klon D67 dengan nomor seleksi 23
9.	Jago-OP-2	Hasil OP dari induk varietas Jago dengan nomor seleksi 2
10.	Jago-OP-28	Hasil OP dari induk varietas Jago dengan nomor seleksi 28
11.	Beta 1	Hasil persilangan bebas induk betina MSU 01015
12.	Beta 2	Hasil persilangan bebas induk betina MSU persilangan varietas Kidal dengan BB 97281-16
13.	Kuningan Merah	Varietas Lokal dari Jawa Barat

Keterangan: OP = persilangan terbuka; HP = persilangan terkontrol; ♀ = induk betina; ♂ = induk jantan

Analisis kekerabatan digunakan untuk melihat kekerabatan genetik dan menduga jarak genetik berdasarkan kemiripan antarobjek yang diteliti, dianalisis dengan metode *agglomerative hierarchical clustering*. Pengukuran kemiripan berdasarkan koefisien jarak *Euclidean* karena mempunyai skala data kontinu, dianalisis menggunakan program SPSS (Anderberg 1973).

Pendugaan hubungan kekerabatan dilakukan melalui analisis kluster, sedangkan perbedaan antara variabel tanaman dianalisis menggunakan metode komponen utama atau *Principal Component Analysis* (PCA). Analisis komponen utama dilakukan terhadap 15 variabel pengamatan dengan menggunakan program SPSS yang terbagi ke dalam dua tahap analisis. Tahap pertama dilakukan untuk menentukan variabel pengamatan yang mempunyai nilai *Measure of Sampling Adequacy* >0,5. Tahap kedua bertujuan untuk menentukan komponen utama dari variabel pengamatan hasil tahap pertama. Analisis biplot dilakukan menggunakan program minitab untuk memetakan 13 genotipe ubi jalar berdasarkan variabel yang terpilih.

Tabel 2. Analisis Ragam RAK

SK	db	KT	KTH
Kelompok	r-1	KTr	$\sigma^2e + g \sigma^2f$
Genotipe	g-1	KTg	$\sigma^2e + r \sigma^2g$
Galat	(r-1)(g-1)	KTe	σ^2e
Total	r.g-1		

Keterangan: SK = Sumber Keragaman; db = Derajat bebas; KT = Kuadrat tengah; KTH = Nilai Harapan Kuadrat Tengah; r = Jumlah ulangan; g = Jumlah genotipe; σ^2f = Ragam fenotipe; σ^2e = Ragam galat percobaan/ragam lingkungan; σ^2g = Ragam genetik

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaman Genetik Ubi Jalar

Hasil analisis sidik ragam menunjukkan adanya perbedaan yang nyata dari 13 genotipe ubi jalar pada variabel jumlah umbi, bobot umbi, bobot brangkas, persen bahan kering umbi, bobot bahan kering umbi, bobot kering (BK) brangkas, BK biomassa, indeks panen, dan kadar betakaroten. Sedangkan persen bobot kering brangkas tidak berbeda nyata. Karakter morfologi dan agronomi dapat digunakan sebagai dasar untuk menentukan nilai keragaman (Fongod *et al.* 2012). Penentuan bahan genetik yang akan dikembangkan dapat ditentukan dari nilai keragaman (Miswanti *et al.* 2014).

Nilai pendugaan ragam genetik pada Tabel 3 dari 13 genotipe ubi jalar menunjukkan beberapa variabel mempunyai nilai keragaman genetik dengan kriteria luas yaitu: jumlah umbi, BK brangkas, BK biomassa dan kadar betakaroten. Nilai pendugaan ragam genetik yang luas akan memberikan kesempatan lebih besar untuk dapat menghasilkan genotipe tanaman unggul berdasarkan variabel tersebut. Keragaman genetik dan fenotipe merupakan variabel penting dalam kegiatan pemuliaan tanaman; digunakan sebagai acuan untuk melakukan seleksi karakter pada tanaman (Qosim *et al.* 2013). Analisis keragaman genetik dapat digunakan untuk mengetahui pola pengelompokan pada genotipe yang diidentifikasi serta digunakan untuk mengetahui karakter dari setiap kelompok yang terbentuk, sehingga karakter tersebut dapat digunakan sebagai variabel seleksi untuk menghasilkan varietas unggul (Dualembang *et al.* 2011).

Variabel bobot umbi, bobot brangkasan, bahan kering umbi, % BK brangkasan, bobot bahan kering umbi, serta Indeks Panen menunjukkan nilai duga ragam genetik dengan kriteria sempit. Hal ini menunjukkan bahwa kegiatan seleksi yang dilakukan dengan menggunakan variabel tersebut tidak akan efektif meskipun nilai pendugaan ragam fenotipenya luas. Hal ini disebabkan oleh pengaruh lingkungan lebih besar dibandingkan dengan pengaruh genetik. Kegiatan seleksi yang dilakukan pada kondisi keragaman genetik yang sempit tidak berjalan dengan efektif (Sugandi *et al.* 2012). Menurut Hetharie *et al.* (2018) informasi genetik dapat diketahui dari nilai pendugaan ragam genotipe, sedangkan keragaman fenotipe digunakan sebagai informasi pembeda secara visual apabila nilai ragam genotipe dan fenotipe pada kriteria luas. Syukur *et al.* (2011) menyatakan bahwa keragaman genotipe berbanding lurus dengan keragaman fenotipe yaitu jika keragaman genetik suatu tanaman luas, maka keragaman fenotipe juga akan luas. Variabel pengamatan BK brangkasan memiliki nilai yang dianggap nol, karena berasal dari nilai ragam lingkungan yang lebih besar dibandingkan dengan nilai ragam fenotipe, sehingga nilai ragam genetik akan negatif.

Nilai duga heritabilitas (Tabel 3) menunjukkan bahwa semua variabel yang diamati memiliki nilai heritabilitas yang berbeda. Nilai heritabilitas terendah ditunjukkan pada variabel BK brangkasan (0,00) dan tertinggi ditunjukkan pada variabel kadar betakaroten (0,97). Variabel lain yang menunjukkan nilai heritabilitas dengan kriteria tinggi yaitu bobot umbi, % bahan kering umbi, dan bahan kering umbi. Pengaruh faktor genetik lebih besar dibandingkan dengan pengaruh faktor lingkungan pada suatu karakter tanaman dapat ditunjukkan dengan nilai heritabilitas yang tinggi. Jika nilai heritabilitas tinggi

maka peluang keberhasilan kegiatan pemuliaan tanaman akan tinggi (Sugianto *et al.* 2015). Suatu karakter tanaman jika mempunyai nilai heritabilitas tinggi maka dapat dilakukan seleksi pada generasi awal dengan menggunakan karakter-karakter tanaman yang mempunyai nilai heritabilitas tinggi (Meydina *et al.* 2013).

Nilai duga kemajuan genetik harapan dengan kriteria rendah ditunjukkan pada beberapa variabel pengamatan yaitu jumlah umbi, bobot umbi, bobot brangkasan, bahan kering umbi, % BK brangkasan, bahan kering umbi, dan indeks panen. Sedangkan yang menunjukkan nilai kemajuan genetik harapan dengan kriteria tinggi adalah kadar betakaroten yaitu sebesar 17,18% (Tabel 4). Tidak terjadinya peningkatan keragaman pada populasi genotipe yang diteliti dapat ditunjukkan dengan nilai kemajuan genetik harapan dengan kriteria yang rendah dan agak rendah. Kemajuan genetik akan lebih besar jika pengaruh variasi genetik terhadap variasi fenotipe lebih besar. Pengaruh variasi genetik lebih besar dapat diketahui dari nilai heritabilitas yang tinggi (Suprpto dan Kairudin 2007). Variabel kadar betakaroten dapat digunakan sebagai variabel untuk seleksi generasi selanjutnya karena memiliki nilai kemajuan genetik harapan dengan kriteria tinggi.

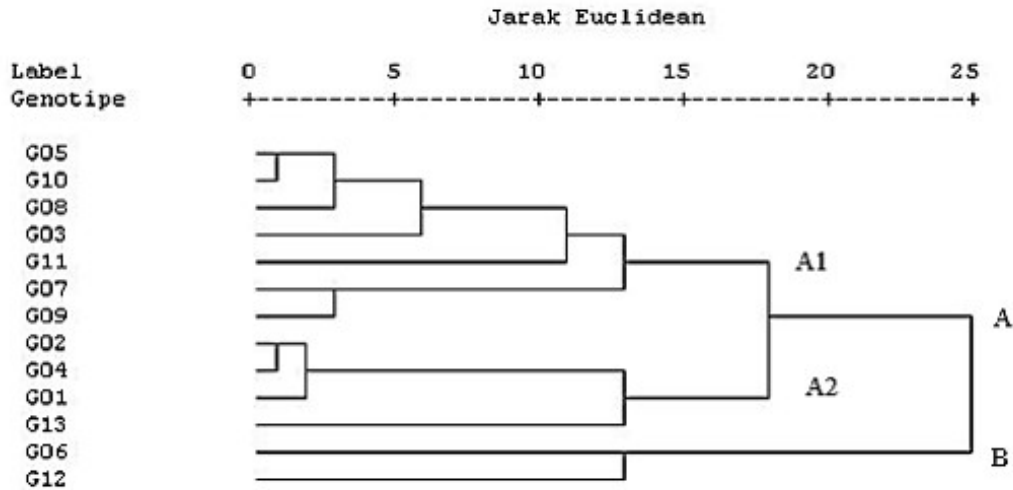
Kekerabatan Genotipe-genotipe Ubi Jalar

Hasil analisis kluster dengan menggunakan metode *agglomeration hierarchical clustering* yang didasarkan pada jarak *Euclidean* menunjukkan bahwa 13 genotipe ubi jalar dapat dikelompokkan menjadi dua kluster (A dan B). Kluster A terdiri atas 11 genotipe yang tersusun atas dua subkluster (A1 dan A2) (Gambar 1). Subkluster A1 terdiri atas tujuh genotipe yang memiliki hubungan kemiripan meliputi genotipe Jago-OP-16 (G03), Beta 2-♂-22

Tabel 3. Nilai duga ragam genetik, fenotipe, dan heritabilitas 13 klon unggul ubi jalar

No	Variabel	σ^2g	2.Sd. σ^2g	Kriteria	σ^2f	2.Sd. σ^2f	Kriteria	h^2	Kriteria
1	Jumlah umbi (umbi/tanaman)	0,09	0,05	Luas	0,26	0,06	Luas	0,35	Sedang
2	Bobot umbi (kg/tanaman)	0,01	0,01	Sempit	0,02	0,01	Luas	0,64	Tinggi
3	Bobot brangkasan (kg/tanaman)	0,03	0,05	Sempit	0,17	0,05	Luas	0,16	Rendah
4	Bahan kering umbi (%)	0,00	0,01	Sempit	0,00	0,01	Sempit	0,65	Tinggi
5	BK brangkasan (%)	0,00	0,02	Sempit	0,11	0,02	Luas	0,00	Rendah
6	Bahan kering umbi (kg/tanaman)	0,00	0,01	Sempit	0,00	0,01	Sempit	0,57	Tinggi
7	BK brangkasan (kg/tanaman)	2,03	1,64	Luas	8,15	1,64	Luas	0,25	Sedang
8	BK biomassa (kg/tanaman)	1,98	1,62	Luas	8,06	1,62	Luas	0,25	Sedang
9	Indeks panen (%)	0,00	0,01	Sempit	0,00	0,01	Sempit	0,48	Sedang
10	Kadar betakaroten (mg/g)	946,10	361,71	Luas	978,65	361,71	Luas	0,97	Tinggi

Keterangan : Keragaman Luas : $\sigma^2g > 2.Sd. \sigma^2g$ dan $\sigma^2p > 2.Sd. \sigma^2f$; Keragaman Sempit : $\sigma^2g < 2.Sd. \sigma^2g$ dan $\sigma^2p < 2.Sd. \sigma^2f$ (Qosim *et al.* 2013) ; Rendah = $h^2 < 0,2$ Sedang = $0,2 < h^2 \leq 0,5$ Tinggi = $h^2 > 0,5$ (Stansfield 1991)



Gambar 1. Dendrogram kekerabatan antar 13 genotipe ubi jalar berdasarkan jarak *Euclidean*

(G05), Jago-OP-24 (G07), D67-♀-23 (G08), Jago-OP-2 (G09), Jago-OP-28 (G10), dan Beta 1 (G11), sedangkan subklaster A2 terdiri atas empat genotipe yang mempunyai hubungan kemiripan yaitu Cangukang-OP-22 (G01), Beta 2-♀-12 (G02), Beta 2-♀-15 (G04), dan Kuningan Merah (G13) (Gambar 1). Klaster B terdiri atas dua genotipe yaitu BIS OP-61-♀-36 (G06) dan Beta 2 (G12).

Garis yang ditunjukkan dengan angka 0 – 25 merupakan skala berdasarkan jarak *Euclidean* (Gambar 1). Garis pada dendrogram tersebut jika semakin mendekati angka 0 menunjukkan hubungan kekerabatan antargenotipe semakin dekat. Jika garis semakin menjauhi angka 0 menunjukkan hubungan kekerabatan antargenotipe semakin jauh. Semakin dekat hubungan kekerabatan menunjukkan semakin banyaknya kesamaan yang dimiliki antargenotipe. Sedangkan semakin jauh hubungan kekerabatan maka menunjukkan semakin banyak perbedaan yang ada. Menurut Karuniawan *et al.* (2017) dan Nair *et al.* (2017), jika jarak *Euclidean*

bernilai lebih dari satu maka keragaman genetik bersifat luas. Moulin *et al.* (2012) melaporkan bahwa keragaman warna umbi lebih kecil dibandingkan dengan keragaman bentuk umbi pada berbagai aksesori ubi jalar.

Tabel 5 menunjukkan nilai koefisien tingkat kemiripan antar 13 genotipe ubi jalar. Semakin kecil nilai jarak *Euclidean* maka menunjukkan tingkat kemiripan semakin tinggi, sedangkan semakin besar jarak *Euclidean* maka menunjukkan tingkat kemiripan semakin rendah. Menurut Govindaraj *et al.* (2015), jarak genetik pada masing-masing individu tanaman secara kuantitatif digambarkan melalui jarak *Euclidean*. Genotipe dengan tingkat kemiripan tertinggi adalah genotipe Beta 2-♂-22 (G05) dan Jago-OP-28 (G10) dengan jarak *Euclidean* sebesar 2,627, serta genotipe Beta 2-♀-12 (G02) dan Beta 2-♀-15 (G04) yang memiliki jarak *Euclidean* sebesar 2,770 (Tabel 5). Semakin tinggi kemiripan antargenotipe maka akan semakin kecil jarak genetiknya (Hamzah, 2005). Genotipe

Tabel 4. Nilai duga kemajuan genetik harapan 13 genotipe ubi jalar

No	Variabel	KGH	%KGH	Kriteria
1	Jumlah umbi (umbi/tanaman)	0,01	0,73	Rendah
2	Bobot umbi (kg/tanaman)	0,00	0,26	Rendah
3	Bobot brangkasan (kg/tanaman)	0,01	0,79	Rendah
4	Bahan kering umbi (%)	0,00	0,06	Rendah
5	BK brangkasan (%)	0,00	0,00	Rendah
6	Bahan kering umbi (kg/tanaman)	0,00	0,07	Rendah
7	BK brangkasan (kg/tanaman)	0,37	4,30	Agak rendah
8	BK biomass (kg/tanaman)	0,36	4,16	Agak rendah
9	Indeks panen (%)	0,00	0,02	Rendah
10	Kadar betakaroten (mg/g)	7,56	17,18	Tinggi

Keterangan : BK: Bobot kering; KGH = kemajuan genetik harapan; rendah= $0 < KGH < 3,3\%$; agak rendah = $3,3\% < KGH < 6,6\%$; cukup tinggi = $6,6\% < KGH < 10\%$; tinggi = $KGH > 10\%$

Tabel 5. Koefisien kemiripan 13 genotipe ubi jalar berdasarkan jarak *Euclidean*

Kluster	Genotipe Ubi Jalar	Jarak Ketidakmiripan ^{*)}
Kluster A	Beta 2-♂-22 (G05) dan Jago-OP-28 (G10)	2,627
	Beta 2-♀-12 (G02) dan Beta 2-♀-15 (G04)	2,770
	Cangkuang-OP-22 (G01) dan Beta 2-♀-12 (G02)	4,737
	Jago-OP-24 (G07) dan Jago-OP-2 (G09)	4,996
	Beta 2-♂-22 (G05) dan D67-♀-23 (G08)	5,738
	Jago-OP-16 (G03) dan Beta 2-♂-22 (G05)	8,190
	Jago-OP-16 (G03) dan Beta 1 (G11)	13,429
	Cangkuang-OP-22 (G01) dan Kuningan Merah (G13)	15,717
	Jago-OP-16 (G03) dan Jago-OP-24 (G07)	16,400
	Cangkuang-OP-22 (G01) dan Jago-OP-16 (G03)	20,784
Kluster B	Cangkuang-OP-22 (G01) dan BIS OP-61-♀-36 (G06)	29,150
	BIS OP-61-♀-36 (G06) dan Beta 2 (G12)	15,950

Keterangan: ^{*)} Berdasarkan Jarak *Euclidean*

Tabel 6. Akar Ciri dari 15 karakter yang tereduksi dalam 4 komponen utama

Komponen	Akar Ciri (<i>Eigen Value</i>)			Jumlah Komponen Utama Hasil Ekstraksi		
	Total	Keragaman (%)	Kumulatif (%)	Total	Keragaman (%)	Kumulatif (%)
KU1	3,965	39,655	39,655	3,965	39,655	39,655
KU2	2,568	25,676	65,331	2,568	25,676	65,331
KU3	1,359	13,587	78,918	1,359	13,587	78,918
KU4	1,218	12,177	91,095	1,218	12,177	91,095

Beta 2-♀-12 (G02) dan Beta 2-♀-15 (G04) merupakan hasil persilangan antara varietas Beta 2 sebagai induk betina dengan 10 genotipe: Cilembu, Sari, Sukuh, 73-6/2, Boko, Sawentar, Kuningan Merah, Kuningan Putih, Beta 1, dan Beniazuma yang mempunyai kriteria hasil tinggi, sedangkan genotipe Beta 2-♂-22 (G05) merupakan hasil persilangan Varietas Beta 2 sebagai induk jantan, serta genotipe Jago-OP-28 (G10) merupakan hasil persilangan terbuka.

Tahapan selanjutnya, untuk genotipe yang memiliki tingkat kemiripan tinggi dianggap terdapat duplikasi sehingga hanya salah satu klon yang diikuti pada analisis selanjutnya. Menurut Roullier *et al.* (2013) duplikasi juga ditemukan pada ubi jalar di New Guinea akibat adanya pertukaran tanaman antardaerah yang jauh, yaitu antara dataran tinggi dan rendah. Semakin banyak genotipe ubi jalar yang memiliki tingkat kemiripan tinggi, maka tidak akan terjadi banyak perbaikan dalam proses persilangan. Keragaman genetik biasanya berbanding lurus dengan jarak genetik (Ismail *et al.* 2015). Keragaman fenotipik yang karakter agronomi tanaman memiliki kecenderungan lebih luas dibandingkan dengan keragaman genotipik dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan tanaman (Qosim *et al.* 2013)

Analisis Komponen Utama

Analisis komponen utama digunakan untuk menentukan variabel yang berkontribusi pada keragaman. Berdasarkan hasil analisis komponen utama terhadap 10 variabel pengamatan dari 13 genotipe ubi jalar, diperoleh empat komponen utama yang menentukan keragaman, ditunjukkan melalui Akar Ciri >1 (Tabel 6). Komponen utama 1 (KU1), (KU2), (KU3), dan (KU4) berkontribusi terhadap keragaman masing-masing sebesar 39,66; 25,68; 13,59; dan 12,18% dengan nilai keragaman kumulatif sebesar 91,10% (Tabel 6). Variabel pada komponen utama tersebut akan menentukan keragaman yang muncul pada 13 genotipe ubi jalar yang diteliti. Penelitian Su *et al.* (2016) juga menunjukkan hasil analisis yang tereduksi menjadi lima dari 16 karakter utama dengan keragaman kumulatif sebesar 66%. Penelitian dari Laurie *et al.* (2013) menunjukkan pada 29 karakter ubi jalar, nilai yang lebih rendah yakni keragaman sebesar 58%.

Hasil analisis komponen utama yang bernilai positif menunjukkan bahwa karakter tersebut memiliki kontribusi yang nyata terhadap keragaman, sedangkan yang bernilai negatif menunjukkan tidak memiliki kontribusi yang nyata terhadap keragaman (Jain dan Patel 2016). Variabel pengamatan yang

Tabel 7. Vektor ciri pada 10 variabel pada empat komponen utama

No	Variabel Pengamatan	Komponen Utama			
		KU1	KU2	KU3	KU4
1	Jumlah umbi (umbi/tanaman) (P1)	0,892	0,210	-0,150	-0,136
2	Bobot umbi (kg/tanaman) (P2)	0,941	0,192	-0,138	0,194
3	Bobot brangkasan (kg/tanaman) (P3)	-0,450	0,294	-0,008	0,688
4	% BK umbi (P4)	-0,314	-0,428	0,816	-0,139
5	% BK brangkasan (P5)	0,472	0,044	0,032	-0,679
6	BK umbi (kg/tanaman) (P6)	0,952	0,076	0,208	0,127
7	BK brangkasan (kg/tanaman) (P7)	-0,265	0,945	-0,033	-0,124
8	BK biomassa (kg/tanaman) (P8)	-0,223	0,956	-0,023	-0,120
9	Indeks panen (%) (P9)	0,850	-0,082	0,242	0,402
10	Kadar betakaroten (mg/g) (P10)	0,113	0,629	0,739	0,023

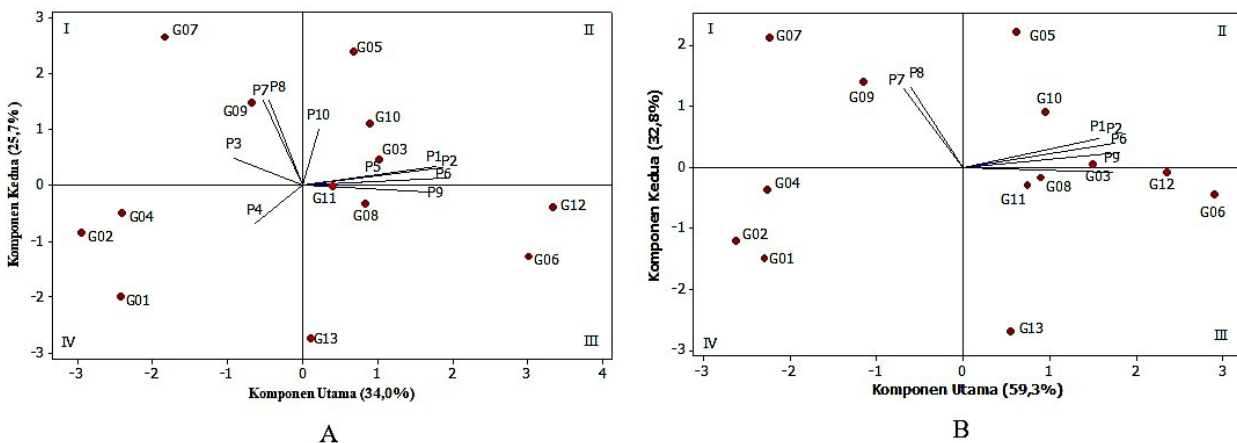
terdapat pada komponen utama 1 (KU1) merupakan penentu utama keragaman 13 genotipe ubi jalar yang diteliti jika nilai vektor ciri menunjukkan >0,5 yaitu: jumlah umbi, bobot umbi, bahan kering umbi dan indeks panen. Tiga variabel pengamatan penentu utama pada komponen utama 2 (KU2) antara lain BK brangkasan, BK biomassa, dan Indeks panen, memberikan sumbangan pengaruh keragaman sebesar 25,68% (Tabel 6). KU3 dan KU4 memberikan sumbangan pengaruh keragaman lebih kecil dibandingkan KU1 dan KU2 yaitu sebesar 13,59% dan 12,18% (Tabel 6).

Analisis Biplot

Analisis biplot pada 13 genotipe ubi jalar terhadap 10 variabel pengamatan menunjukkan nilai keragaman total sebesar 59,7% dengan nilai komponen pertama sebesar 34,0% dan komponen kedua sebesar 25,7%. Hasil analisis biplot pada Gambar 2A menunjukkan adanya empat garis vektor yang pendek, yaitu pada variabel bobot brangkasan (P3), bahan kering umbi (P4), BK brangkasan (P5), dan kadar betakaroten (P10). Jika keempat garis vektor pendek tersebut dieliminasi mampu

meningkatkan keragaman menjadi 92,1% dengan nilai komponen pertama sebesar 59,3% dan komponen kedua sebesar 32,8%. Menurut Aghae *et al.* (2010), pada tanaman gandum durum jumlah buku dan klorofil kurang berkontribusi terhadap keragaman yang ditunjukkan dengan ukuran garis vektor yang pendek. Dengan demikian, berdasarkan hasil analisis biplot dapat diketahui variabel pengamatan yang berkontribusi terhadap keragaman genotipe ubi jalar yang diteliti.

Analisis biplot digunakan juga untuk mengetahui genotipe yang saling berkelompok yang didasarkan atas karakteristik tertentu sebagai ciri khas dari kelompok tersebut. Kelompok pada kuadran I terdiri dari dua genotipe yaitu Jago-OP-24 (G07) dan Jago-OP-2 (G09) yang dicirikan dengan karakter morfologi yang kuat pada karakter BK brangkasan (P7) dan BK biomassa (P8) (Gambar 2B). Genotipe Jago-OP-16 (G03), Beta 2- δ -22 (G05), dan Jago-OP-28 (G10) memiliki karakteristik yang kuat pada karakteristik jumlah umbi (P1), bobot umbi (P2), dan bahan kering umbi (P6) yang berkelompok pada kuadran II. Kuadran III karakter utama yaitu indeks panen (P9) dengan genotipe yang ber-



Gambar 2. Biplot 13 genotipe ubi jalar berdasarkan karakteristik morfologi. Lima belas karakter morfologi dengan keragaman 59,7% (A) dan tiga belas karakter dengan keragaman 92,1% (B)

kelompok adalah D67-♀-23 (G08), Beta 1 (G11), Beta 2 (G12), dan Kuningan Merah (G13). Kuadran IV menunjukkan tidak adanya variabel pengamatan (garis vektor) yang berkelompok pada kuadran tersebut. Hal ini berarti 10 variabel mempunyai pengaruh yang lemah terhadap tiga genotipe: Cangkuang-OP-22 (G01), Beta 2-♀-12 (G02) dan Beta 2-♀-15 (G04). Genotipe ubi jalar yang memiliki hubungan kekerabatan dekat ditunjukkan pada letak kuadran yang sama sedangkan jika terletak pada kuadran yang berbeda dengan sudut 90°, maka memiliki hubungan kekerabatan yang jauh (Setiawati *et al.* 2013). Analisis biplot mempunyai hasil yang sama dengan pengelompokan kluster, antara lain dapat dilihat pada hasil analisis biplot genotipe Beta 2-♂-22 (G05), Jago-OP-28 (G10), Jago-OP-16 (G03), D67-♀-23 (G08), dan Beta 1 (G11) mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat karena terletak pada kuadran yang sama dengan sudut antara penci-ri yang terbentuk <90°. Hal yang sama juga ditunjukkan pada hasil analisis kluster bahwa genotipe-genotipe tersebut terletak pada kluster yang sama. Analisis kluster merupakan analisis yang digunakan untuk mengelompokkan objek-objek dari data yang diteliti berdasarkan persamaan karakteristik menggunakan ukuran kedekatan antarobjek, sedangkan analisis biplot digunakan untuk menggambarkan baris (objek) dan kolom (peubah) yang terdapat pada matriks data secara bersamaan di dalam sebuah grafik dimensi (Ariawan *et al.* 2013).

KESIMPULAN

Analisis kekerabatan dari 13 genotipe ubi jalar dapat dikelompokkan menjadi dua klaster (A dan B). Berdasarkan jarak *Euclidean*, terdapat dua kelompok genotipe yang memiliki nilai kemiripan tertinggi, yaitu Beta 2-♂-22 dan Jago-OP-28, serta Beta 2-♀-12 dan Beta 2-♀-15. Sepuluh variabel pengamatan yang berpengaruh terhadap keragaman 13 genotipe ubi jalar tereduksi menjadi empat komponen utama dengan nilai keragaman kumulatif sebesar 91,1%.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada: Kemenristek-Dikti yang telah membiayai pelaksanaan penelitian ini melalui Program Hibah Penelitian Terapan Unggulan Perguruan Tinggi (PTUPT) Tahun 2018-2020 dan Lembaga Penelitian dan Pengabdian Masyarakat (LPPM) Universitas Tribhuwana Tunggaladewi yang telah memfasilitasi kegiatan ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Aghae M, Mohammadi R, Nabovati S. 2010. Agromorphological characterization of durum wheat accessions using pattern analysis. *Australian Journal of Crop Science* 4(7): 505–514.
- Anderberg MR. 1973. Hierarchical clustering methods. *Cluster Analysis for Application*, p 132-156. Academic Press, New York.
- Ariawan IMA, Kencana IPEN, Suciptawati NLP. 2013. Komparasi Analisis Gerombol (Cluster) dan Biplot Dalam Pengelompokan. *E-Jurnal Mat.* 2(4): 17-22.
- Balitkabi. 2016. Deskripsi Varietas Unggul Kacangkacangan dan Umbi-umbian. Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi. Malang.
- Balitkabi. 2020. Deskripsi Varietas Terbaru. <http://.balitkabi.litbang.pertanian.go.id/informasi/deskripsi-varietas-terbaru> (diakses 21 Oktober 2020)
- Becker WA. 1992. *Manual of Quantitative Genetics*. Academic Enterprise, USA. 191p.
- Dualembang E, Musa Y, Azrai M. 2011. Karakterisasi genetik koleksi plasma nutfah sorgum (*Sorghum bicolor* L. Moench) berbasis marka SSR (Simple Sequence Repeats). *Jurnal Balai Penelitian Tanaman Serealia* 25: 1–15.
- Feng J, Li M, Zhao S, Zhang C, Yang ST, Qiao S, Tan WF, Qu HJ, Wang DY, Pu ZG. 2018. Analysis of evolution and genetic diversity of sweetpotato and its related different polyploidy wild species *I. trifida* using RAD-seq. *BMC Plant Biology* 18: 181.
- Fongod A, Mih A, Nkwatoh T. 2012. Morphological and agronomic characterization of different accessions of sweet potatoes (*Ipomoea batatas*) in Cameroon. *International Research Journal of Agricultural Science and Soil Science* 2(6): 234–245.
- Govindaraj M, Vetriventhan M, Srinivasan M. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. *Genetics Research International* 2015: 1–14.
- Hamzah 2005. Studi keragaman genetik dan pendugaan derajat perkawinan silang berdasarkan analisis isozim serta pengujian provenansi jenis bakau (*Rhizophora mucronata* Lamk.). [Disertasi S3]. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Hetharie H, Raharjo S, Wattimena A, Tomaso R, Dahamarudin L. 2018. Keragaman dan potensi genetik ubi jalar lokal pada kondisi partial submergence. *Jurnal Budidaya Pertanian* 14(1): 1–7.
- Ismail A, Wicaksana N, Daulati Z. 2015. Heritabilitas, variabilitas dan analisis kekerabatan genetik pada 15 genotip pisang (*Musa paradisiaca*) varietas ambon asal Jawa Barat berdasarkan karakter morfologi di Jatinangor. *Jurnal Kultivasi* 14(1): 9-16.

- Jain S, Patel P. 2016. Genetic diversity and principle component analysis for fodder yield and their component traits in genotypes of forage sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench). *Annals of Arid Zone* 55: 17–23.
- Jamil A, Mejaya M, Praptana R, Subekti N, Aqil M, Musaddad A, Putri F. 2016. Deskripsi Varietas Unggul Tanaman Pangan 2010-2016. 142 hlm.
- Ji H, Zhang H, Li H, Li Y. 2015. Analysis on the nutrition composition and antioxidant activity of different types of sweet potato cultivars. *Food and Nutrition Sciences* 06(01): 161.
- Karuniawan A, Wicaksono N, Ustari D, Setiawati T, Supriatun T. 2017. Identifikasi keragaman genetik plasma nutfah ubi kayu liar (*Manihot glaziovii* muell) berdasarkan karakter morfo-agronomi. *Jurnal Kultivasi* 16(3): 435–443.
- Kathabwalika DM, Chilembwe EHC, Mwale VM, Kambewa D, Njoloma JP. 2013. Plant growth and yield stability of orange fleshed sweet potato (*Ipomoea batatas*) genotypes in three agro-ecological zones of Malawi. *International Research Journal of Agricultural Science and Soil Science* 3(11): 383–392.
- Laurie SM, Calitz FJ, Adebola PO, Lezar A. 2013. Characterization and evaluation of South African sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) land races. *South African Journal of Botany* 85: 10–16.
- Lestari SU, Hapsari RI, Basuki N. 2019. Crossing Among Sixteen Sweet Potato Parents for Establishing Base Population Breeding. *AGRIVITA* 41(2): 246–255.
- Mangoendidjojo W. 2003. Dasar-Dasar Pemuliaan Tanaman. Kanisius, Yogyakarta.
- Meydina A, Barmawi M, Sa'diyah N. 2013. Kemajuan genetik dan heritabilitas karakter agronomi kedelai (*Glycine max* [L.] Merrill) generasi F2 persilangan wilis dan Mlg 2521. pp: 77-82. Prosiding Semirata FMIPA Universitas Lampung.
- Miswarti, Nurmala T, Anas. 2014. Karakterisasi dan kekerabatan 42 aksesori tanaman jawawut (*Setaria italica* L. Beauv). *PANGAN* 23(2): 166–177.
- Mohanraj R, Sivasankar S. 2014. Sweet potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam) - A valuable medicinal food: A review. *Journal of Medicinal Food* 17(7):1-9.
- Moulin MS, Rodrigues LSA, Goncalves CV, Sudre MH, Dos Santos, Da Silva JRP. 2012. No Collection and morphological characterization of sweet potato landraces in north of Rio de Janeiro state. *Horticultura Brasileira* 30(2): 286–292.
- Nair A, Vidya P, Ambu V, Sreekumar J, Mohan C. 2017. Genetic diversity studies in cultivated sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) revealed by simple sequence repeat markers. *International Journal of Advanced Biotechnology Research* 7(1): 33–48.
- Ngailo S, Shimelis H, Sibiya J, Amelework B, Mtunda K. 2016. Genetic diversity assessment of Tanzanian sweetpotato genotypes using simple sequence repeat markers. *South African Journal of Botany* 102: 40–45.
- Oliveira AM, Blank AF, Alves RP, Arrigoni-blank MF, Maluf WR. 2017. Performance of sweet potato clones for bioethanol production in different cultivation periods. *Horticultura Brasileira* 35(1): 57–62.
- Qosim W, Rachmadi M, Hamdani J, Nuri I. 2013. Penampilan fenotipik, variabilitas, dan heritabilitas 32 genotipe cabai merah berdaya hasil tinggi. *Jurnal Agronomi Indonesia* 41(2): 140–146.
- Rini FM, Wirnas D, Nindita A. 2018. Keragaman Populasi F2 Padi (*Oryza sativa* L.) pada kondisi cekaman suhu tinggi F2. *Buletin Agrohorti* 6(3): 326–335.
- Roullier C, Kambouo R, Paofa J, McKey D, Lebot V. 2013. On the origin of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genetic diversity in New Guinea, a secondary centre of diversity. *Heredity* 110(6): 594–604.
- Setiawati T, Karyono, Supriatun T, Kurniawan A. 2013. Analisis keragaman genetik kerabat liar ubi jalar asal Citatah sebagai sumber gen untuk merakit ubi jalar unggul berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Biodjati* 3(1): 14–20.
- Singh R, Chaudary BD. 1985. Biometrical Methods in Quantitative Genetics Analysis. Kalyani Publishers, Indiana New Delhi.
- Stansfield W. 1991. Theory and Problems of Genetics (Schaum's Outline Series). McGraw-Hill Inc, Toronto.
- Su W, Liu Y, Lei J, Wang L, Chai S, Jiao C, Yang X. 2016. Phenotypic variation analysis of sweet potato germplasm resources from different agro-climate zones in the world. *American Journal of Experimental Agriculture* 13(6): 1–13.
- Sugandi R. 2013. Variabilitas genetik dan heritabilitas karakter agronomis beberapa varietas dan galur sorgum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). [Skripsi]. Jurusan Agroteknologi Fakultas Pertanian, Universitas Riau.
- Sugianto, Nurbaiti, Deviona. 2015. Variabilitas genetik dan heritabilitas karakter agronomis beberapa genotipe sorgum manis (*Sorghum bicolor* L. Moench) koleksi Batan. *JOM Faperta Universitas Riau* 2(1): 472-473.
- Sugri I, Maalekuu B, Gaveh E, Kusi F. 2017. Sweet potato value chain analysis reveals opportunities for increased income and food security in Northern Ghana. *Advances in Agriculture* 5: 1–14.
- Suprpto, Kairudin NM. 2007. Genetic variation, heritability, gene action and genetic advance of soybean on ultisol. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia* 9(2): 183–190.

- Suryani R. 2016. Outlook Komoditas Pertanian Sub Sektor Tanaman Pangan. Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian, Kementerian Pertanian.
- Syukur M, Sujiprihati S, Yuniarti R, Nida K. 2011. Pendugaan komponen ragam, heritabilitas dan korelasi untuk menentukan kriteria seleksi cabai (*Capsicum annum* L.) populasi F5. Hortikultura Indonesia 1(2): 74–80.
-