

4. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Hasil

4.1.1 Analisis Keragaman Berdasarkan Karakter Morfologi

Analisis keragaman karakter morfologi kuantitatif menunjukkan bahwa nilai CV (*Coefficient of Variation*) bervariasi, yaitu antara 8,65% (% kandungan protein) sampai 36,03% (hasil panen). Karakter dengan nilai CV tinggi (>20%) antara lain tinggi tanaman (28,48%), berat 100 biji (26,41%) dan hasil panen (36,03%), sedangkan karakter dengan CV sedang (CV 15%-20%) yaitu kandungan lemak (15,87%) dan karakter dengan CV rendah (CV <15%) yaitu kandungan protein (8,65%). Keragaman karakter morfologi kuantitatif dapat dilihat pada tabel 5.

Analisis keragaman karakter morfologi kualitatif menunjukkan bahwa seluruh karakter yang dianalisis mempunyai keragaman sedang (Diversitas Karakter 0,25-0,50). Karakter yang mempunyai diversitas tertinggi ke terendah yaitu tipe percabangan (Diversitas 0,396), warna bunga (Diversitas 0,397) dan warna biji (Diversitas 0,268). Keragaman karakter morfologi kualitatif dapat dilihat pada tabel 6.

Tabel 5. Keragaman Karakter Morfologi Kuantitatif 66 Genotipe Kedelai

No.	Karakter	Min	Maks	Range	Rerata	St. Dev	CV (%)
1.	Tinggi tanaman (cm)	46	123	77	75,07	21,39	28,49
2.	Berat Biji (g/100 biji)	6,82	25,2	18,38	13,17	3,479	26,41
3.	Protein (%)	32,10	47,1	15	40,46	3,500	8,65
4.	Kand. Minyak (%)	7,50	22,1	14,6	18,67	2,962	15,87
5.	Hasil Panen (ton/ha)	0,91	3,97	3,06	2,55	0,919	36,03

Tabel 6. Keragaman Karakter Morfologi Kualitatif Menggunakan Software PowerMarker V3.25

No	Karakter	Frekuensi Karakter Utama	Jumlah Karakter	Diversitas Karakter
1.	Warna Bunga	0,727	2	0,397
2.	Warna Biji	0,848	3	0,268
3.	Tipe Percabangan	0,742	3	0,396
	Rerata	0,773	2,667	0,354

Pada penelitian ini, genotipe yang diuji memiliki keragaman karakter kuantitatif yang tinggi. Sebagai contoh, karakter tinggi tanaman mempunyai selang antara 46 cm (Sprite) sampai 123 cm (Cobb) dengan rata-rata 75,07 cm, karakter berat biji mempunyai selang 6,82 g/100 biji (Gepak Ijo) sampai 25,2 g/100 biji (LS 201) dengan rata-rata 13,17 g/100 biji, karakter kandungan lemak mempunyai selang antara 7,5% (Merapi) sampai 22,1% (Hobbit) dengan rata-rata 18,67%, dan karakter hasil panen mempunyai selang antara 0,91 ton/ha (Hojaku Kuwazu) sampai 3,97 ton/ha (Sandusky) dengan rata-rata 2,55 ton/ha. Karakter kandungan protein meskipun mempunyai selang relatif tinggi (32,1-47,1%), tetapi nilai CVnya rendah (8,65%).

Tabel 7. Matriks Korelasi Antar Karakter Kedelai Berdasarkan Koefisien Pearson Menggunakan Software XLSTAT

Variabel	Tipe Percabangan	Warna Bunga	Warna Biji	Tinggi Tanaman	Berat Biji	Kandungan Protein	Kandungan Minyak	Hasil Panen
Tipe Percabangan	1	0,232	-0,228	0,410	0,366	0,136	0,245	0,402
Warna Bunga	0,232	1	0,052	0,017	0,027	-0,213	-0,094	-0,039
Warna Biji	-0,228	0,052	1	-0,203	-0,322	-0,131	-0,494	-0,292
Tinggi tanaman	0,410	0,017	-0,203	1	0,202	0,426	0,187	0,307
Berat Biji	0,366	0,027	-0,322	0,202	1	0,233	0,536	0,558
Kandungan Protein	0,136	-0,213	-0,131	0,426	0,233	1	0,027	0,199
Kandungan Minyak	0,245	-0,094	-0,494	0,187	0,536	0,027	1	0,456
Hasil Panen	0,402	-0,039	-0,292	0,307	0,558	0,199	0,456	1

Ket : angka yang ditulis tebal mempunyai korelasi sedang-kuat.

Analisis korelasi antar karakter diketahui bahwa beberapa karakter saling berkorelasi secara nyata (Tabel 7). Berdasarkan pengkategorian korelasi pearson dari Cohen (1988 dalam Weinberg dan Abramowitz (2002)), karakter yang berkorelasi kuat ($r > 0,5$) terdapat antara kandungan minyak dengan berat biji ($r = 0,536$) dan antara berat biji dengan hasil panen ($r = 0,558$). Karakter dengan korelasi moderat/menengah yaitu antara kandungan minyak dengan warna biji ($r = -0,494$), tinggi tanaman dengan kandungan protein ($r = 0,426$), tipe percabangan dengan tinggi tanaman ($r = 0,410$), tipe percabangan dengan hasil panen ($r =$

0,402), berat biji dengan tipe percabangan ($r = 0,366$) dan tinggi tanaman dengan hasil panen ($r = 0,307$). Dari penelitian ini diketahui bahwa karakter hasil panen kedelai berkorelasi kuat dengan berat biji ($r = 0,558$) dan berkorelasi sedang dengan kandungan minyak ($r = 0,456$), tipe percabangan (0,402) dan tinggi tanaman ($r = 0,307$). Terdapat karakter yang mempunyai korelasi rendah terhadap seluruh karakter lain yaitu karakter warna bunga.

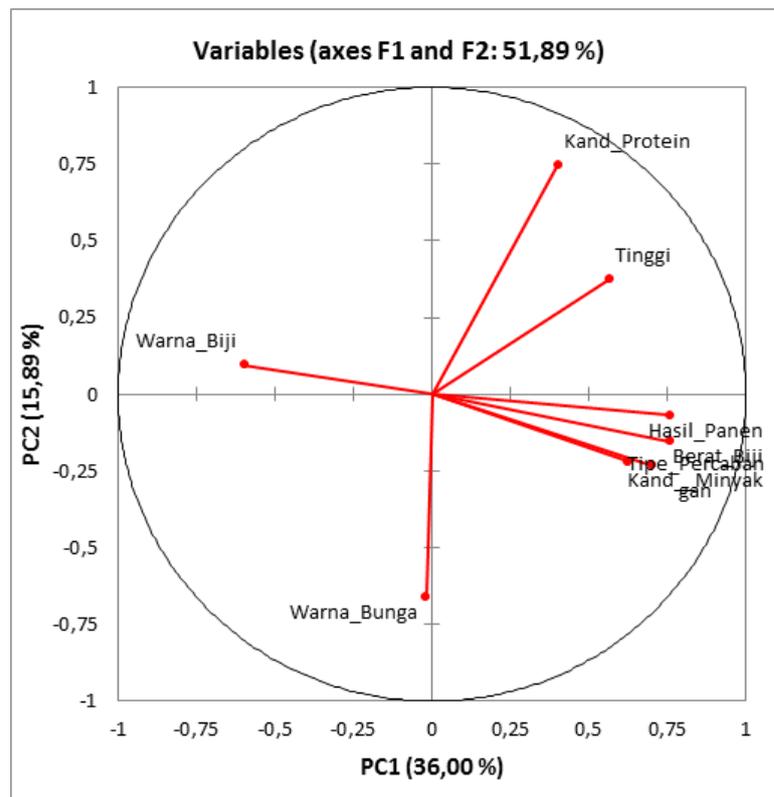
Tabel 8. *Eigenvalue* dan keragaman Masing-masing Komponen Utama / *Principal Component* (PC)

	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8
<i>Eigenvalue</i>	2,88	1,27	1,22	0,77	0,61	0,49	0,44	0,32
Keragaman (%)	36,00	15,89	15,30	9,63	7,57	6,14	5,51	3,95
Kumulatif (%)	36,00	51,89	67,19	76,83	84,40	90,54	96,05	100

Berdasarkan 2 Komponen Utama pertama yang mempunyai *eigenvalue* 2,88 dan 1,27, Analisis Komponen Utama 8 karakter morfologi menunjukkan 51,89% total keragaman karakter morfologi (Tabel 8). PC (*Principal Component*) 1 dengan *eigenvalue* 2,88 mewakili sebagian besar keragaman 7 karakter kedelai yang dianalisis. Karakter-karakter tersebut antara lain tipe percabangan, warna biji, tinggi tanaman, berat biji, kandungan protein, kandungan minyak (%) dan hasil panen. PC2 dengan *eigenvalue* 1,27 mewakili keragaman warna bunga, tinggi tanaman, kandungan minyak dan kandungan protein. Terdapat karakter yang mempunyai nilai positif di PC1 tetapi negatif di PC2, contohnya pada tipe percabangan dan kandungan minyak.

Tabel 9. *Eigenvector* 2 Komponen Utama Pertama 8 Karakter Morfologi

Karakter	PC1	PC2
Tipe Percabangan	0,368	-0,195
Warna Bunga	-0,011	-0,584
Warna Biji	-0,353	0,085
Tinggi Tanaman	0,334	0,333
Berat Biji	0,448	-0,136
Kand Protein	0,237	0,662
Kand Minyak	0,414	-0,205
Hasil Panen	0,447	-0,060

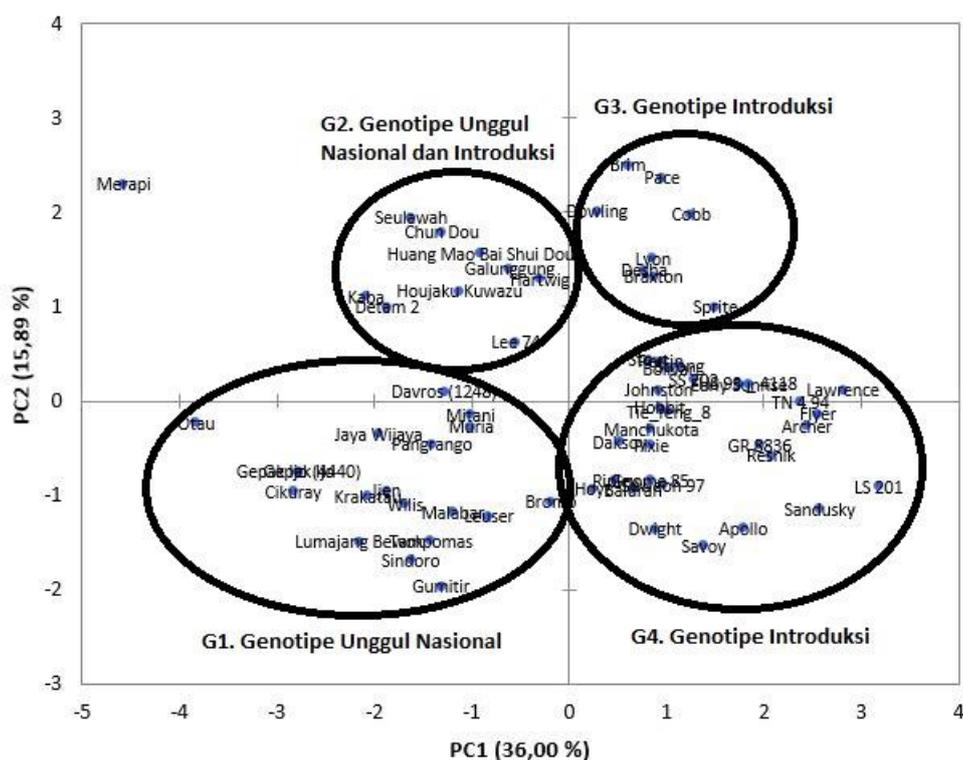


Gambar 1. Sebaran Keragaman Karakter Morfologi Menggunakan PC1 dan PC2

Pada Gambar 1, setiap karakter mempunyai arah koordinat sendiri-sendiri. Koordinat masing-masing karakter ditentukan oleh nilai *eigenvector* PC1 dan PC2. Arah koordinat ke kanan menunjukkan nilai PC1 signifikan positif (*eigenvalue* > 0,200), sedangkan arah koordinat ke kiri menunjukkan nilai PC1 signifikan negatif (*eigenvalue* > -0,200). Arah koordinat ke atas menunjukkan nilai PC2 signifikan positif (*eigenvalue* > 0,200), sedangkan arah koordinat ke bawah menunjukkan nilai PC2 signifikan negatif (*eigenvalue* > -0,200). Karakter hasil panen memiliki arah koordinat ke kiri sedikit ke bawah karena memiliki nilai PC1 signifikan positif (PC1 = 0,447) dan nilai PC2 tidak signifikan negatif (PC2 = -0,060). Karakter warna bunga memiliki arah koordinat ke bawah karena memiliki PC1 tidak signifikan negatif (PC1 = -0,011) dan nilai PC2 signifikan negatif (PC2 = -0,584). Karakter tinggi tanaman memiliki arah koordinat ke kanan atas karena memiliki nilai PC1 dan PC2 sama-sama signifikan positif (PC1 = 0,334, PC2=0,333).

Posisi genotipe menunjukkan nilai suatu karakter. Semakin genotipe menuju arah koordinat, hal tersebut menunjukkan nilai pada karakter tersebut tinggi,

sebaliknya, semakin genotipe berlawanan arah dengan koordinat, maka nilai pada karakter tersebut rendah. Contoh pada karakter hasil panen, karakter mempunyai arah koordinat ke kanan. Semakin ke kanan posisi genotipe, maka akan semakin tinggi nilai hasil panen, sebaliknya, semakin ke kekiri posisi genotipe, maka akan semakin rendah nilai hasil panen.



Gambar 2. Pengklasteran Analisis Komponen Utama Berdasarkan Karakter Morfologi 66 Genotipe Kedelai

Pengklasteran 66 genotipe menggunakan PCA mengelompokkan genotipe yang diuji menjadi 4 group. Group 1 terdiri dari genotipe unggul nasional. Anggota genotipe di group ini antara lain Bromo, Gumitir, Sindoro, Lumajang Bewok, Tampomas, Cikuray, Otou, Leuser, Malabar, Mitani, Muria, Davros (1248), Gepak Ijo, Krakatau, Wilis dan Ijen. Group 2 terdiri dari genotipe unggul nasional (4 genotipe) dan genotipe introduksi (5 genotipe). Anggota genotipe di group ini antara lain Kaba, Detam 2, Lee 74, Hartwig, Galunggung, Chun Dou, Seulawah, Huang Mau Bai Shui Dou dan Houjaku Kuwazu. Group 3 seluruhnya terdiri dari genotipe introduksi. Anggota genotipe di group ini antara lain Dowling, Lyon, Desha, Braxton, Sprite, Brim, Pace dan Cobb. Group 4 hampir seluruhnya terdiri dari genotipe introduksi. Anggota genotipe di group ini antara

lain Dwight, Hoyt, Ripley, Gnome 85, Suweon 97, Baluran, Daksoy, Pixie, Manchukota, Tie Feng 8, Hobbit, Johnston, Stout, Bolivar, SS 202, HS 93-4118, Early Sunrise, TN 4-94, Lawrence, Flyer, Archer, GR-8836, Resnik, Savoy, Apollo, Sandusky dan LS 201.

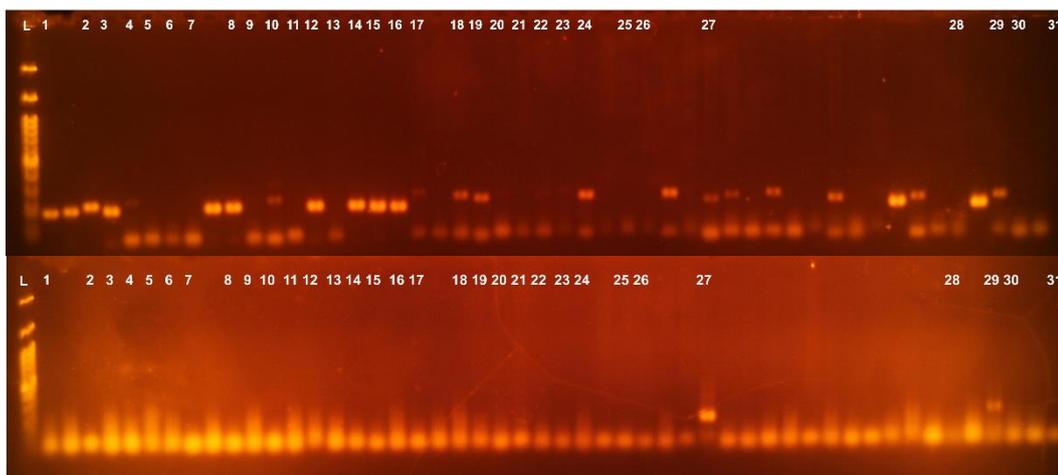
Pengelompokan berdasarkan karakter terjadi pada analisis ini. Group 1 mempunyai karakter bunga berwarna ungu, tinggi tanaman pendek, kandungan protein rendah (posisi bawah) ke sedang (posisi atas), hasil panen < 2,3 ton/ha, berat biji < 13 gram/100 biji dan tipe percabangan determinit. Group 2 mempunyai karakter kandungan protein tinggi (> 42%), tinggi tanaman relatif pendek (< 70 cm kecuali hartwig 100 cm) dan berat biji rendah-sedang (7,5 – 14 gram/100 biji). Group 3 mempunyai karakter tinggi tanaman tinggi (tinggi > 86 cm), kandungan protein > 41,5%, kandungan minyak \geq 18%, tipe percabangan determinit, warna bunga putih, warna biji kuning, dan hasil panen tinggi (> 2,8 ton/ha). Group 4 mempunyai karakter tipe percabangan sebagian besar indeterminit, hasil panen tinggi (> 3 ton/ha), warna biji kuning, kandungan protein diatas 38%, berat biji diatas 12 gram/100 biji, kandungan minyak diatas 17,8% dan warna bunga sebagian besar ungu. Seluruh genotipe dengan tipe percabangan indeterminit berada di klaster ini.

4.1.2 Tingkat Polimorfisme, Jumlah Alel, Heterozigositas dan Diversitas Gen Berdasarkan Marka SNAP

Analisis tingkat polimorfisme, heterozigositas dan diversitas gen berdasarkan marka SNAP menggunakan program PowerMarker (Tabel 10). Berdasarkan analisis yang dilakukan, nilai rerata PIC marka SNAP yang digunakan sebesar 0,313. Nilai PIC tertinggi terdapat pada primer SNAP 1.3 L (PIC = 0,371) sedangkan nilai PIC terendah terdapat pada primer SNAP 1.2 L dan SNAP 2.5 L (PIC = 0,152). Terdapat 8 primer yang mempunyai PIC sedang (PIC 0,25-0,50) dan 2 primer yang mempunyai PIC rendah (PIC < 0,25). Dalam penelitian ini, tidak terdapat primer yang memiliki PIC tinggi (PIC > 0,5). Jumlah alel yang dideteksi masing-masing primer adalah 2. Heterozigositas yang dideteksi seluruh primer adalah 0. Nilai rerata Diversitas Gen atau heterozigositas harapan yaitu 0,401 dengan nilai tertinggi terdapat pada primer SNAP 1.3 L (0,496) dan terendah terdapat pada primer SNAP 1.2 L dan SNAP 2.5 L (0,165).

Tabel 10. *Summary Statistics* 66 Genotipe Kedelai Menggunakan 10 Marka SNAP dengan Program PowerMarker V3.25

Primer	Frekuensi Alel Utama	Jumlah Alel	Diversitas Gen	Hetero-Zigositas	PIC
SNAP 1.1 L	0,621	2	0,471	0	0,360
SNAP 1.2 L	0,909	2	0,165	0	0,152
SNAP 1.3 L	0,545	2	0,496	0	0,373
SNAP 1.4 L	0,561	2	0,493	0	0,371
SNAP 1.5 L	0,727	2	0,397	0	0,318
SNAP 2.1 L	0,591	2	0,483	0	0,367
SNAP 2.2 L	0,606	2	0,478	0	0,363
SNAP 2.3 L	0,712	2	0,410	0	0,326
SNAP 2.4 L	0,652	2	0,454	0	0,351
SNAP 2.5 L	0,909	2	0,165	0	0,152
Rerata	0,683	2	0,401	0	0,313



Gambar 3. Hasil Elektroforesis marka SNAP. Atas = Primer SNAP 1.3 L, Bawah = Primer SNAP 1.2 L, L = DNA Ladder 100 bp, 1-31 = Genotipe yang Digunakan (urutan genotipe berdasarkan Tabel 1)

4.1.3 Analisis Kekerbatan Berdasarkan Karakter Morfologi

Kekerabatan 66 genotipe kedelai menggunakan 8 karakter morfologi pada pemotongan jarak genetik 1,01 membentuk 6 kluster utama. Terdapat satu kluster yang hanya terdiri dari 1 genotipe dan 2 kluster yang masing-masing kluster hanya mempunyai 2 genotipe. Pada kluster 1, anggota kluster hanya terdapat 2 genotipe, yaitu Early Sunrise dan Dowling. Pada kluster 2, hampir seluruh anggota kluster terdiri genotipe introduksi. Kluster 2 terbagi menjadi 2 kluster yaitu kluster 2a dan 2b. Kluster 2a terdapat 12 genotipe introduksi dan 2 genotipe unggul nasional.

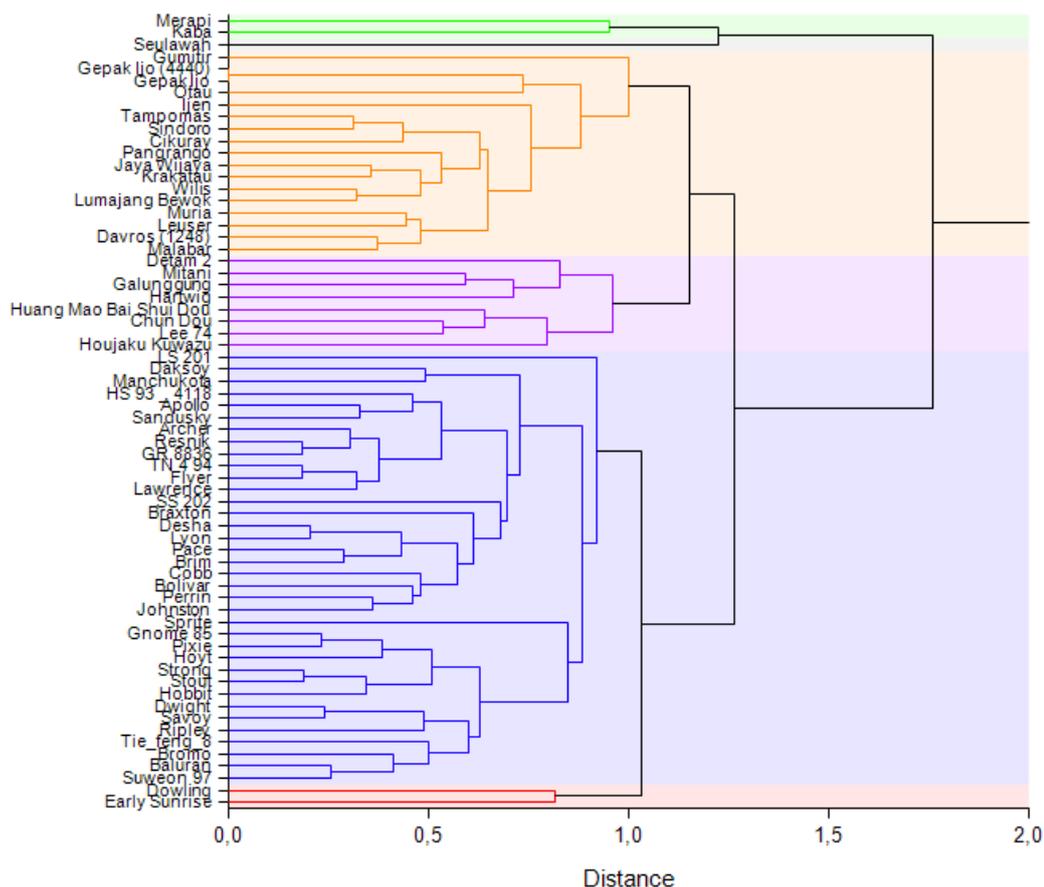
Genotipe-genotipe tersebut antara lain Suweon 97, Tie Feng 8, Ripley, Savoy, Dwilight, Hobbit, Stout, Strong, Hoyt, Pixie, Gnome 85, Sprite (genotipe introduksi), Bromo dan Baluran (genotipe unggul nasional). Klaster 2b memiliki anggota klaster seluruhnya terdiri dari genotipe introduksi. Genotipe-genotipe tersebut antara lain Johnston, Perrin, Bolivar, Cobb, Brim, Pace, Lyon, Desha, Braxton, SS 202, Lawrence, Flyer, TN 4-94, GR 8836, Resnik, Archer, Sandusky, Apollo, HS 93-4118, Manchukota, Daksoy dan LS 201.

Klaster 3 memiliki anggota klaster yang terdiri dari 5 genotipe introduksi dan 3 genotipe unggul nasional. Genotipe-genotipe tersebut antara lain Hojaku Kuwazu, Lee 74, Chun Dou, Huang Mao Bai Shui Dou, Hartwig (introduksi), Galunggung, Mitani dan Detam 2 (unggul nasional). Klaster 4 memiliki anggota klaster seluruhnya terdiri dari genotipe unggul nasional. Genotipe-genotipe tersebut antara lain Malabar, Davros (1248), Leuser, Muria, Lumajang Bewok, Wilis, Krakatau, Jaya Wijaya, Pangrango, Cikuray, Sindoro, Tampomas, Ijen, Otau, Gepak Ijo, Gepak Ijo (4440) dan Gunitir. Klaster 5 hanya terdapat 1 genotipe yaitu Seluwah, dan klaster 6 hanya terdapat 2 genotipe, yaitu Kaba dan Merapi.

Dalam penelitian ini, diketahui bahwa klaster genotipe unggul nasional (klaster 4) memiliki jarak genetik terdekat dengan klaster genotipe introduksi yang berasal dari Asia Timur (klaster 3) dengan jarak genetik 1,15. Antara klaster genotipe unggul nasional (klaster 4) dengan klaster genotipe introduksi US (klaster 1 dan 2) mempunyai jarak genetik 1,25. Jarak genetik terjauh terdapat antara klaster 1 dengan klaster 6 dengan jarak 1,75.

Pengelompokan berdasarkan daerah asal diidentifikasi pada penelitian ini. Secara garis besar, antara genotipe introduksi dan genotipe unggul nasional mengelompok sendiri-sendiri. Pada genotipe introduksi, beberapa klaster terjadi pengelompokan berdasarkan negara bagian asal, contohnya sub-klaster 2a terbagi menjadi 2 gerombol, gerombol pertama merupakan genotipe yang berasal dari Ohio, US (Hobbit, Stout, Strong, Hoyt, Pixie, Gnome 85, dan Sprite) dan gerombol kedua terdiri dari genotipe yang berasal dari selain Ohio, US. Pada gerombol genotipe yang berasal dari selain Ohio, juga terjadi pemisahan gerombol antara genotipe yang berasal dari Asia (Suweon 97, Baluran, Bromo dan

Tie Feng 8) dan yang berasal dari Illinois, US (Dwight dan Savoy). Selain itu pengelompokan juga terjadi pada kluster 4 antara kedelai yang berasal dari Asia Timur (Hojaku Kuwazu, Lee 74, Chun Dou dan Huang Mao Bai Shui Dou) dengan kedelai yang berasal dari Indonesia (Galunggung, Mitani dan Detam 2).

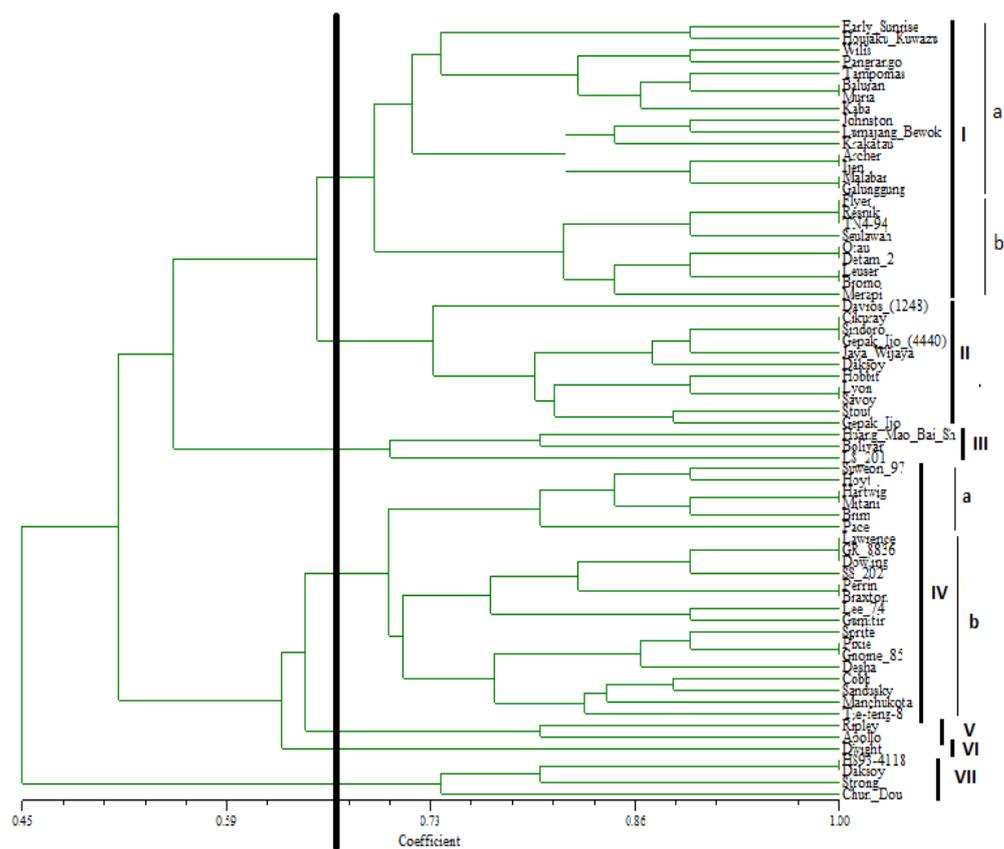


Gambar 4. Dendrogram 66 Genotipe Kedelai Menggunakan 8 Marka Morfologi Dengan Aplikasi NCSS 11 (ket : perbedaan warna menunjukkan perbedaan kluster)

4.1.4 Analisis Kekerbatan Berdasarkan Marka SNAP

Identifikasi kekerabatan 66 genotipe kedelai menggunakan 10 marka SNAP dengan pemotongan 0,67 membentuk 7 kluster utama. Salah satu kluster hanya terdapat 1 genotipe. Pada kluster I, sebagian besar anggota terdiri dari genotipe unggul nasional. Kluster I terbagi menjadi 2 sub kluster. Sub-kluster Ia terdiri dari 11 genotipe unggul nasional dan 4 genotipe introduksi. Genotipe tersebut antara lain Pangrango, Tampomas, Baluran, Muria, Kaba, Lumajang Bewok, Krakatau, Ijen, Malabar, Galunggung (genotipe unggul nasional), Early Sunrise, Hojaku Kuwazu, Johnston dan Archer (genotipe introduksi). Sub kluster

Ib terdiri dari 6 genotipe unggul nasional dan 3 genotipe introduksi. Genotipe tersebut antara lain Seluwah, Otau, Detam 2, Leuser, Bromo, dan Merapi untuk genotipe unggul nasional dan Flyer, Resnik dan TN 4-94 untuk genotipe introduksi. Ketiga genotipe introduksi tersebut mempunyai kesamaan genetik 1.00.



Gambar 5. Dendrogram 66 Genotipe Kedelai Menggunakan 10 Marka SNAP dengan Aplikasi NTSYS 2.11X

Klaster II memiliki anggota kluster sebagian berasal dari genotipe unggul nasional dan sebagian lagi berasal dari introduksi. Antara genotipe unggul nasional dan genotipe introduksi cenderung mengelompok pada sub kluster sendiri-sendiri. Sub kluster bagian atas terdiri dari Davros (1248), Cikuray, Sindoro, Gepak Ijo (4440), Jaya Wijaya (unggul nasional) dan Daksoy (introduksi), sedangkan sub kluster bawah terdiri dari Hobbit, Lyon, Savoy, Stout (introduksi) dan Gepak Ijo (unggul nasional). Kesamaan genetik antara sub kluster atas dan sub kluster bawah adalah 0,8 (80%).

Klaster III-VII memiliki anggota klaster sebagian besar dari genotipe introduksi. Pada klaster III, seluruh anggota klaster adalah genotipe introduksi. Genotipe-genotipe tersebut antara lain Huang Mao Bai Dou, Bolivar dan LS 201. Klaster III mempunyai kesamaan genetik terdekat dengan klaster I dan II yang sebagian besar terdiri dari kedelai genotipe unggul nasional, yaitu 0,55.

Klaster IV mempunyai anggota klaster sebagian besar genotipe introduksi. Klaster IV terbagi menjadi 2 sub klaster yaitu IVa dan IVb. Klaster IVa terdiri dari genotipe Suweon 97, Hoyt, Hartwig, Mitani, Brim dan Pace, sedangkan klaster IVb terdiri dari genotipe Lawrence, GR 8836, Dowling, SS 202, Perrin, Braxton, Lee 74, Gunitir, Sprite, Pixie, Gnome 85, Desha, Cobb, Sandusky, Manchukota, dan Tie-Feng 8. Pada klaster ini, hanya terdapat 2 genotipe unggul yaitu Mitani di klaster IVa dan gunitir di klaster IVb. Kesamaan genetik antara sub klaster IVa dan IVb adalah 0,7 (70%).

Klaster V, VI dan VII secara berturut-turut masing-masing klaster hanya terdapat 2, 1 dan 4 genotipe. Seluruh genotipe di klaster ini berasal dari genotipe introduksi. Anggota klaster V yaitu Ripley dan Apollo, anggota klaster VI yaitu Dwight dan anggota klaster VII yaitu HS93-4118, Daksoy, Strong dan Chun Dou.

Pada penelitian ini, diketahui bahwa klaster I yang merupakan representasi genotipe unggul nasional mempunyai kesamaan genetik 0,65 dengan klaster II yang mempunyai anggota klaster genotipe unggul dan introduksi. Antara klaster I dengan klaster III mempunyai kesamaan genetik 0,55, dan antara klaster I dengan klaster IV, V dan VI mempunyai kesamaan genetik 0,52. Jarak terjauh terdapat antara klaster I dengan klaster VII yaitu 0,46.

Terdapat banyak genotipe kedelai yang memiliki kesamaan genetik mencapai nilai 1.00 (100% sama), diantaranya yaitu antara genotipe Baluran dengan Muria, genotipe Ijen dengan Archer, genotipe Flyer, Resnik dan TN 4-94, genotipe Otau dengan Detam 2, genotipe Leuser dengan Bromo, genotipe Cikuray, Sindoro, dan Gepak Ijo, genotipe Lyon dengan Savoy, genotipe Hartwig dengan Mitani, genotipe Lawrence, GR 8836, dan Dowling, genotipe Perrin dan Baxton, genotipe Pixie dengan Gnome 85, dan antara genotipe Daksoy dengan HS 93-4118. Jika diperhatikan, hampir semua kedelai yang mempunyai kesamaan

genetik 1.00 berasal dari daerah yang sama. Hanya 2 yang berasal dari daerah berbeda yaitu antara Archer dengan Ijen, dan antara Hartwig dengan Mitani.

Secara garis besar, diketahui bahwa antara genotipe unggul nasional dan genotipe introduksi cenderung berkumpul pada klaster berbeda. Meskipun antara genotipe unggul dan genotipe introduksi cenderung mengelompok sendiri-sendiri, tetapi diketahui bahwa seluruh genotipe introduksi tersebar pada seluruh klaster, seperti pada klaster I yang 4 dari 15 genotipe (26%) merupakan genotipe introduksi dan juga klaster II yang 5 dari 11 genotipe (45%) merupakan genotipe introduksi. Berbeda dengan genotipe unggul nasional yang hampir semua terkumpul diklaster I dan II. Pengelompokan berdasarkan negara bagian US maupun negara asal genotipe introduksi tidak terjadi pada uji kekerabatan menggunakan marka SNAP ini.

4.2 Pembahasan

4.2.1 Keragaman Berdasarkan Karakter Morfologi

Identifikasi keragaman karakter morfologi kuantitatif dilakukan menggunakan analisis Koefisien Variasi (KV) / *Coefficient of Variation* (CV). Nilai CV merupakan hasil dari pembagian nilai Standar Deviasi dengan Rata-Rata. Semakin tinggi nilai CV, maka semakin tinggi sebaran data yang dianalisis / semakin heterogen. Nilai koefisien variasi digunakan untuk membandingkan keragaman antar kelompok data yang berbeda (Santosa dan Hamdani, 2007). Analisis CV kurang cocok digunakan untuk identifikasi keragaman karakter kualitatif. Pada karakter kualitatif, nilai CV dapat berubah jika urutan pengklasifikasian berubah (misal karakter warna bunga = 1 = putih, 2 = ungu, diubah menjadi 1 = ungu, 2 = putih). Perubahan urutan pengklasifikasian menyebabkan nilai Rata-Rata berubah sehingga nilai CV menjadi berubah, sehingga menyebabkan nilai CV karakter kualitatif tidak konsisten dan kurang akurat. Pada penelitian ini software PowerMarker V3.25 digunakan untuk analisis keragaman karakter morfologi kualitatif karena cara kerja penghitungan keragaman karakter kualitatif hampir sama dengan penghitungan keragaman alel.

Analisis keragaman karakter kuantitatif diketahui terdapat 3 karakter yang mempunyai nilai CV tinggi ($CV > 20\%$) yaitu tinggi tanaman, berat biji dan hasil panen. Hal tersebut menunjukkan bahwa karakter-karakter tersebut memiliki

sebaran dan keragaman data yang tinggi. Nilai tersebut termasuk tinggi dibandingkan penelitian Kumar *et al.* (2015) menggunakan 42 genotipe kedelai yang menunjukkan ketiga karakter tersebut mempunyai keragaman rendah-sedang. Karakter tinggi tanaman mempunyai CV 16,46%, berat 100 biji mempunyai CV 13,40% dan hasil panen memiliki CV 18,31%. Pada penelitian Cho *et al.* (2008) menggunakan 260 aksesori kedelai, nilai CV berat 100 biji dan tinggi tanaman lebih tinggi dibandingkan penelitian ini, yaitu 36,70% (berat 100 biji) dan 31,57% (tinggi tanaman). Cho *et al.* (2008) tidak menguji keragaman hasil panen. Pada karakter % kandungan protein, meskipun selang antara nilai terendah ke nilai tertinggi relatif jauh (32,1 ke 47,1), tetapi sebenarnya keragaman data yang dimiliki rendah (Standar Deviasi = 3,50 CV = 8,65%). Hal tersebut menunjukkan bahwa tidak selalu karakter yang memiliki selang nilai yang jauh memiliki keragaman yang tinggi. Rendahnya nilai CV % kandungan protein juga terdapat pada penelitian Cho *et al.* (2008). Meskipun selang nilai karakter protein tinggi (36,61-49,38), tetapi nilai CV nya rendah (5,24%). Hal tersebut kemungkinan karena keragaman kandungan protein kedelai rendah. Nilai CV kandungan minyak diketahui sedang (15,87%). Pada penelitian Cho *et al.* (2008), nilai CV kandungan minyak yang diuji rendah (10,39%).

Analisis korelasi menunjukkan bahwa hasil panen berkorelasi kuat dengan berat biji dan berkorelasi moderat dengan kandungan minyak, tipe percabangan dan tinggi tanaman. Hasil yang sama terdapat pada penelitian Ojo *et al.* (2012) yang menunjukkan bahwa hasil panen berkorelasi kuat dengan berat 100 biji ($r = 0,55$). Pada penelitian Andover *et al.* (2013), hasil panen berkorelasi kuat dengan jumlah polong per tanaman ($r = 0,610$) dan tinggi polong pertama ($r = -0,548$) dan berkorelasi sedang dengan berat biji ($r = 0,435$) dan cabang per tanaman ($r = 0,340$). Korelasi hasil panen dengan tinggi tanaman pada penelitian tersebut sedikit lebih rendah ($r = 0,238$) daripada di penelitian ini ($r = 0,307$). Usaha pemuliaan untuk meningkatkan hasil panen perlu memperhatikan karakter-karakter yang berkorelasi karena karakter tersebut juga mempengaruhi karakter hasil panen. Warna biji berkorelasi negatif dengan seluruh karakter disebabkan ketika pengkualitatifan (Tabel 3), karakter warna biji kuning mempunyai urutan

“1”. Jika urutan dirubah menjadi “3”, korelasi warna biji akan berubah menjadi positif.

Analisis PCA menggunakan 2 komponen utama didapatkan nilai *eigenvalue* 2,88 dan 1,27 dengan total keragaman 51,89%. Nilai *eigenvector* seluruh karakter pada PC1 + PC2 diatas 0,2 sehingga seluruh karakter memiliki kontribusi dalam pembentukan klaster. Diketahui terdapat karakter yang mempunyai nilai *eigenvector* positif signifikan di PC1 tetapi mempunyai nilai *eigenvector* negatif signifikan di PC2. Menurut Lestari *et al.* (2016), karakter yang memiliki nilai positif di PC1 tetapi memiliki nilai negatif di PC2 disarankan karakter tersebut diutamakan untuk karakterisasi dan konservasi.

Pengklastran menggunakan PC1 dan PC2 menunjukkan bahwa genotipe yang diuji mengelompok menjadi 4 group. Genotipe unggul nasional mengelompok di Group 1 dan sebagian kecil di Group 2, sedangkan genotipe introduksi mengelompok di Group 2-4. Hal tersebut menunjukkan bahwa keragaman morfologi genotipe unggul nasional relatif rendah, sedangkan keragaman morfologi genotipe introduksi relatif tinggi. Selain itu perbedaan group antara genotipe unggul nasional dan genotipe introduksi menunjukkan bahwa genotipe introduksi mempunyai fenotipe yang berbeda dengan genotipe yang ada (unggul nasional). Penggunaan genotipe yang berada di Group 3 dan 4 untuk bahan pemuliaan disarankan karena memiliki karakter unggul (kandungan protein, minyak, tinggi tanaman dan hasil panen tinggi). Akan tetapi perlu diperhatikan tipe percabangan tanaman terutama di Group 4 karena sebagian besar genotipe mempunyai tipe percabangan indeterminate, padahal sebagian besar kedelai di Indonesia mempunyai tipe percabangan determinate. Menurut Purnomo dan Purnamawati (2007), di Indonesia dikenal kedelai dengan tipe determinit dan semi-determinit. Pada buku “Deskripsi Varietas Unggul Kedelai 1918-2016” yang diterbitkan Balitkabi (2016), 70 varietas unggul nasional mempunyai tipe percabangan determinit, 11 varietas mempunyai tipe percabangan semi-determinit dan 2 varietas mempunyai tipe percabangan indeterminit. Berbeda dengan Group 4, seluruh genotipe di Group 3 mempunyai tipe percabangan determinit. Genotipe introduksi di Group 2 kurang disarankan untuk dijadikan bahan persilangan

karena memiliki karakter kurang unggul (berat biji rendah-sedang, tinggi tanaman pendek dan hasil panen rendah).

4.2.2 Polimorfisme, Jumlah Alel, Heterozigositas dan Diversitas Gen Berdasarkan Marka SNAP

Analisis polimorfisme 10 marka SNAP diketahui bahwa terdapat 8 primer yang memiliki PIC informatif sedang (0,25-0,50) dan 2 primer yang mempunyai PIC informatif rendah ($PIC < 0,25$). Tidak terdapat primer yang memiliki PIC informatif tinggi ($PIC > 0,50$). Hal tersebut dikarenakan marka SNAP merupakan marka bialel yang mempunyai range PIC 0-0,50, berbeda dengan marka SSR yang merupakan marka multi alel sehingga nilai PIC bisa lebih dari 0,5 dengan nilai maksimal 1,00 (Singh *et al.*, 2013; Mubarak, 2015). Tingkat polimorfisme keseluruhan primer lebih tinggi (rerata $PIC = 0,313$) dibanding dengan penelitian lain seperti penelitian Mubarak (2015) yang mempunyai rerata $PIC 0,271$. Semakin tinggi tingkat polimorfisme (PIC) diharapkan akan semakin dapat membedakan antar genotipe yang diuji. Terdapat 2 primer yang mempunyai nilai PIC rendah ($PIC < 0,25$). Menurut Tasliah *et al.* (2013), primer yang dengan nilai PIC dibawah 0,25 dinilai kurang informatif. Primer-primer dengan PIC rendah kurang dapat digunakan untuk identifikasi kekerabatan karena kurang mampu membedakan antara genotipe satu dengan yang lain. Menurut Mubarak (2015), untuk meningkatkan keakuratan pengujian kekerabatan genetik, diperlukan marka molekuler yang mempunyai nilai PIC yang tinggi.

Diversitas gen atau heterozigot harapan (H_e) merupakan estimasi peluang dua alel berbeda pada sembarang lokus pada suatu populasi (Bassil *et al.*, 2005; Mubarak, 2015). Jika di lokus terdapat 2 alel dengan frekuensi p dan q, maka heterozigot harapan adalah $2pq$ (Frankham *et al.*, 2009). Semakin sama-sama tinggi frekuensi kedua alel, maka nilai diversitas gen akan semakin tinggi, sebaliknya, jika frekuensi salah satu alel rendah dan yang salah satu tinggi, maka nilai diversitas gen akan rendah. Pada penelitian ini, nilai diversitas gen tertinggi terdapat pada SNAP 1.3 L yaitu 0,496. Nilai tersebut menunjukkan peluang individu untuk mempunyai alel A atau C sebesar 49,6%. Tingginya nilai diversitas gen menunjukkan frekuensi alel A atau C pada lokus target SNAP 1.3 L relatif merata/sama-sama tinggi di genotipe yang diuji. SNAP 1.2 L dan SNAP

2.5 L mempunyai diversitas gen terendah (0,165) menunjukkan peluang untuk mempunyai alel A atau G (SNAP 1.2 L) dan alel G atau A (SNAP 2.5 L) sebesar 16,5%. Rendahnya nilai diversitas gen di SNAP 1.2 L dan SNAP 2.5 L menunjukkan selisih frekuensi alel A atau G di SNAP 1.2 L dan alel G atau A di SNAP 2.5 L tinggi.

Jumlah alel terdeteksi pada masing-masing primer di penelitian ini adalah 2. Hal tersebut dikarenakan marka SNAP termasuk marka SNP yang merupakan marka bialel sehingga hanya ada dua alel yang terdeteksi (Muir *et al.*, 2003; Papiha *et al.*, 1999). Nilai heterozigositas pada penelitian ini adalah 0. Hal tersebut karena primer yang digunakan hanya primer *alternate* saja sehingga tidak dapat mendeteksi heterozigositas. Handini (2014) menggunakan primer *reference* dan *alternate* untuk mendeteksi heterozigositas anggrek menggunakan marka SNAP.

4.2.3 Keekerabatan Berdasarkan Karakter Morfologi

Analisis dendogram menggunakan karakter morfologi yang berasal dari database menunjukkan bahwa antara genotipe introduksi dan unggul nasional cenderung mengelompok sendiri-sendiri. Genotipe introduksi mengelompok pada klaster 1-3, sedangkan genotipe unggul nasional mengelompok pada klaster 4-6. Pengelompokan antara genotipe introduksi dan unggul nasional kemungkinan disebabkan oleh : 1) perbedaan yang disebabkan karena perbedaan karakter morfologi dan genetik antara genotipe unggul dan introduksi, 2) perbedaan lokasi tanam kedelai sehingga hasil berbeda. Pengambilan data genotipe introduksi dilakukan di Amerika Serikat yang beriklim sub tropis, sedangkan pengambilan data genotipe unggul nasional dilakukan di Indonesia yang beriklim tropis. Hal tersebut dapat menyebabkan perbedaan hasil di karakter kuantitatif. Menurut Adisarwanto *et al.* (2016), panjang hari di daerah subtropis mencapai 14-6 jam, sedangkan panjang hari di daerah tropis hanya sekitar 11-12 jam. Karena kedelai termasuk tanaman yang sensitif terhadap *photoperiode*, hal tersebut menyebabkan kedelai tropis menjadi lebih pendek, cepat berbunga dan produktivitasnya rendah. Meskipun begitu, karena tujuan penelitian ini untuk mendapatkan genotipe yang cocok digunakan untuk persilangan, perbedaaan tersebut seharusnya dapat ditoleransi. Iklim sub tropis merupakan iklim terbaik untuk pertumbuhan kedelai

sehingga potensi genetik yang sebenarnya semakin terlihat daripada ketika ditanam di lahan tropis.

Pengelompokan berdasarkan daerah asal terjadi pada penelitian ini. Pengelompokan berdasarkan daerah juga terjadi pada penelitian Yoon *et al.* (2000) menggunakan aksesori dari beberapa daerah di Korea, China, China Selatan dan Jepang. Aksesori Korea cenderung mengelompok pada klaster i sedangkan aksesori dari China, China Selatan dan Jepang cenderung mengelompok pada klaster iii. Klaster ii hanya terdiri dari 1 daerah yaitu daerah Heilongjiang, China.

Secara umum, antara genotipe introduksi dan genotipe unggul nasional menunjukkan perbedaan keragaman sehingga jarak genetik antara genotipe unggul nasional dan introduksi jauh. Pengujian secara lapang di Indonesia untuk varietas introduksi dan analisa ulang diperlukan karena penelitian ini masih menggunakan database yang daerah pengujian lapangnya berbeda sehingga keakuratannya tidak terlalu tinggi dan perlu divalidasi di daerah tropis Indonesia.

4.2.4 Keekerabatan Berdasarkan Marka SNAP

Analisis dendrogram menggunakan marka SNAP menunjukkan sebagian besar kedelai genotipe unggul nasional cenderung mengelompok dalam satu klaster, seperti pada klaster Ia yang 11 dari 15 anggota klaster terdiri dari kedelai unggul dan klaster Ib yang 6 dari 9 anggotanya terdiri dari genotipe unggul. Hal tersebut kemungkinan karena kedelai unggul yang ada di Indonesia dibentuk dari sumber genetik yang relatif sama sehingga mempunyai keragaman yang sempit. Menurut Santoso *et al.* (2006), keragaman genetik varietas unggul yang dibudidayakan saat ini relatif sempit. Menurut Chaerani *et al.* (2011), sempitnya keragaman kedelai varietas unggul karena varietas unggul dibentuk dari persilangan genotipe-genotipe elit.

Pada genotipe introduksi, hampir sama dengan genotipe unggul nasional, genotipe-genotipe yang diuji mengelompok pada klaster tertentu. Bedanya, variasi klaster yang terbentuk lebih banyak daripada genotipe unggul nasional. Genotipe introduksi tersebar dari klaster I sampai klaster VII, sedangkan genotipe unggul nasional cenderung berada di klaster I dan II. Hal tersebut menunjukkan bahwa keragaman genetik pada genotipe introduksi yang diuji tinggi. Hal tersebut wajar karena Amerika Serikat mempunyai koleksi aksesori kedelai terbesar ke-2 di dunia

(Normah *et al.*, 2013) sehingga keragaman koleksinya tinggi. Klaster I yang merupakan representasi genotipe unggul nasional terdapat beberapa genotipe introduksi. Hal tersebut kemungkinan karena kedelai-kedelai tersebut mempunyai bahan genetik pembentuk genotipe yang sama dengan genotipe unggul nasional yang dimiliki. Menurut Rukmana dan Yuniarsih (2016), kedelai yang ditanam di Indonesia pada mulanya berasal dari luar negeri (introduksi) diantaranya Jepang, Taiwan, Amerika Serikat, Kolombia, dan Filipina.

Secara keseluruhan, antara genotipe unggul nasional dengan genotipe introduksi cenderung mengelompok pada klaster sendiri-sendiri. Pengelompokan berdasarkan daerah asal juga terjadi pada penelitian Li *et al.* (2010) ketika menguji kekerabatan kedelai yang berasal dari beberapa daerah di China dengan menggunakan marka SSR. Pada penelitian tersebut, kedelai yang diteliti mengelompok menjadi 2 klaster besar, yaitu kedelai yang berasal dari China daerah utara dan kedelai yang berasal dari China bagian selatan. Klaster kedelai yang berasal dari daerah utara terbagi lagi menjadi 2 sub klaster, yaitu kedelai yang berasal dari daerah timur laut dan daerah Huanghai + daerah utara.

Pada analisis ini diketahui terdapat banyak genotipe yang memiliki kesamaan genetik mencapai 1.00 (100%). Hal tersebut kemungkinan disebabkan karena marka SNAP yang digunakan hanya 10 pasang primer saja. Selain itu, marka SNAP merupakan marka bialel yang hanya dapat mendeteksi 2 alel, sehingga menyebabkan tingkat polimorfisme menjadi rendah. Berbeda dengan marka SSR yang dapat mendeteksi banyak alel sehingga tingkat polimorfismenya cenderung lebih tinggi dibanding dengan marka SNAP. Pada penelitian Mubarak (2015) menggunakan 9 marka SNAP tervalidasi, terdapat total 25 dari 50 genotipe yang diuji tidak dapat dibedakan dengan satu atau lebih genotipe lain, sedangkan pada penelitian Santoso *et al.* (2006), hanya dengan menggunakan 10 marka SSR dapat membedakan seluruh genotipe (96 genotipe) yang diuji.

4.2.5 Komparasi Data Morfologi dan Molekuler Untuk Program Pemuliaan

Analisis PCA dapat membedakan genotipe-genotipe berdasarkan karakter tertentu, salah satunya membedakan antara genotipe yang memiliki karakter unggul dengan yang kurang unggul. Persilangan antara genotipe unggul diharapkan akan meningkatkan kualitas kedelai yang dimiliki. Salah satu

kekurangan analisis keragaman menggunakan karakter morfologi adalah tidak dapat mengetahui kekerabatan secara genetik. Hal tersebut dapat menyebabkan kesalahan ketika pemilihan tetua persilangan seperti memilih kedelai yang memiliki kekerabatan genetik dekat untuk dijadikan tetua persilangan sehingga hasil persilangan tidak berbeda jauh dengan kedua tetua, sehingga tidak efisien. Penggunaan marka molekuler dapat membantu dalam efisiensi seleksi tetua. Marka molekuler dapat mengetahui kekerabatan secara genetik sehingga dapat mengetahui genotipe dengan jarak genetik dekat dan jauh. Penggabungan data morfologi dan molekuler diharapkan dapat meningkatkan efektivitas seleksi tetua sehingga dapat menghemat waktu, tenaga dan biaya.

Analisis PCA menunjukkan bahwa genotipe introduksi yang memiliki karakter unggul berada pada Group 3 dan 4. Genotipe-genotipe tersebut dapat dijadikan pertimbangan untuk menjadi tetua persilangan. Namun, kekerabatan secara genetik belum diketahui sehingga harus dilengkapi dengan data kekerabatan berdasarkan marka SNAP. Genotipe unggul nasional yang berada di klaster I disarankan disilangkan dengan genotipe introduksi di klaster IV-VII karena memiliki jarak genetik yang jauh sehingga peluang untuk mendapatkan anakan yang lebih unggul menjadi lebih tinggi. Menurut Chaerani *et al.* (2011), genotipe dengan kesamaan genetik rendah dapat dipertimbangkan sebagai calon tetua persilangan. Contoh pemilihan tetua yaitu antara genotipe Ijen dengan Sprite. Genotipe Ijen berada di Group 1 pada analisis PCA dan klaster 1 pada analisis kekerabatan SNAP, sedangkan genotipe Sprite berada dalam Group 3 pada analisis PCA dan di klaster 4 pada analisis kekerabatan SNAP sehingga cocok untuk disilangkan. Genotipe Flyer meskipun berada di Group 4, kurang disarankan untuk disilangkan dengan sebagian besar genotipe unggul nasional karena mempunyai kekerabatan genetik yang dekat dengan genotipe unggul nasional (sama-sama berada di klaster 1 dalam analisis SNAP).