

# Keragaman Genetik 49 Klon Teh Tipe Sinensis (*Camellia sinensis var. sinensis*)

## *Genetic Diversity of 49 Sinensis-type Tea Clones (Camellia sinensis var. sinensis)*

Ryski Sahdina<sup>1</sup>, Alvian Maghribi Ihza Hartono<sup>2</sup>, Ana Farah Rofidah<sup>2</sup>, Ayu Dilla Angreani<sup>2</sup>, Indana Istiqomah<sup>2</sup>, Heri Syahrian<sup>3</sup>, Vitria P. Rahadi<sup>3</sup>, Sarjiyah<sup>1</sup>, dan M. Khais Prayoga<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup> Prodi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Muhammadiyah Yogyakarta

<sup>2</sup> Prodi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Sebelas Maret

<sup>3</sup> Pusat Penelitian Teh dan Kina

\* Correspondence: mkhaisprayoga@yahoo.com

**Abstract:** The observation of plant genetic characters is useful for enriching the database in plant breeding. Plant characters can be observed both in terms of molecular and morphological. The purpose of this study was to determine genetic diversity through observations of plant morphology. The materials used in this study were 49 new superior clone candidates of sinensis type. The variables observed plucking table, stem diameter, number of branches and frame wide. Data were analyzed using principal component analysis (PCA) and then determined the biplot relationship between characters. The diversity of each clone was then displayed in a dendrogram. Data analysis was carried out using past3 software. The result of this study ~~is~~ was variable characterizing diversity for 49 clones observed is stem diameter. Clone kinship can then be seen from the dendrogram which displays the genetic kinship of each tea clone observed. The clone that has the farthest genetic similarity is Yabukita clone with KG24 clone. This research is expected to be the basis of data collection for further plant breeding research.

Received: 8 April 2023

Accepted: 4 Maret 2024

Published: 7 Agustus 2024

Jurnal Sains Teh dan Kina  
Pusat Penelitian Teh dan Kina  
Desa Mekarsari, Kec. Pasirjambu,  
Kab. Bandung, Jawa Barat 40972  
redaksijptk@gmail.com  
(022) 5928186

**Keywords:** genetic diversity, superior clone, sinensis tea

**Abstrak:** Pengamatan karakter genetik tanaman berguna untuk memperkaya database dalam pemuliaan tanaman. Sifat atau karakter tanaman dapat diamati baik dalam segi molekuler maupun secara morfologi. Tujuan dari penelitian ini adalah mengetahui keragaman genetik 49 klon teh sinensis melalui pengamatan morfologi tanaman. Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah 49 calon klon unggul baru tipe sinensis. Variabel yang diamati yaitu tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang dan luas frame. Data dianalisis menggunakan analisis komponen utama/principal component analysis (PCA) selanjutnya ditentukan hubungan biplot antar karakter. Keragaman masing-masing klon selanjutnya ditampilkan dalam dendrogram. Analisis data dilakukan menggunakan perangkat lunak past3. Hasil dari penelitian ini adalah diketahui variabel penciri keragaman untuk 49 klon yang diamati adalah diameter batang. Kekerbatan klon selanjutnya dapat dilihat dari dendrogram yang menampilkan kekerabatan genetik tiap-tiap klon teh yang diamati. Klon yang memiliki kemiripan genetik terjauh yaitu klon Yabukita dengan klon KG24. Penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar pengumpulan database untuk kegiatan pemuliaan selanjutnya.

**Kata Kunci:** keragaman genetik, klon unggul, teh sinensis.

## 1. Pendahuluan

Teh merupakan salah satu penyumbang devisa negara non migas Indonesia. Pada 2016, volume ekspor mencapai 51.319 ton dengan nilai USD113,1 juta. Akan tetapi volume ekspor teh meningkat 5,59 persen pada 2017 atau total ekspor 54.187 ton dengan nilai 114,2. Kemudian pada tahun 2018, volume ekspor kembali menurun

sebesar 9,50 persen atau 49.038 ton dengan nilai ekspor sebesar USD108,5 juta, diikuti penurunan volume ekspor pada tahun 2019 menjadi 42.811 ton atau 12,70 persen dengan nilai ekspor sebesar \$92. 3 juta. Hingga pada tahun 2020 mengalami kenaikan dengan ekspor teh sebanyak 45.265 ton dengan nilai sebesar USD 96,3 juta, sedangkan pada tahun 2021 menjadi USD 89,16 dan tercatat 64 negara yang menjadi pangsa ekspor teh Indonesia (BPS, 2021).

Varietas teh terdapat 2 yaitu Asamika dan sinensis. Tanaman teh varietas sinensis memiliki keragaman yang tinggi yang umumnya berasal dari biji, belum dibudidayakan secara khusus dan diduga memiliki kualitas pucuk lebih baik dari teh varietas *Asamika*. Pemanfaatan teh jenis sinensis perlu dilakukan seleksi berbagai varietas jenis teh yang dapat dikembangkan menjadi tanaman klonal untuk mendapatkan bahan baku teh yang berkualitas sehingga perlu adanya pencirian awal terhadap ciri-ciri klon. Menurut Liana *et al.*, (2022) ciri klon tanaman sewaktu-waktu bisa mengalami perubahan yang disebabkan oleh faktor lingkungan seperti jenis tanah, iklim, kekurangan unsur hara dan lain sebagainya. Oleh karena itu, diperlukan identifikasi klon yang dapat menunjukkan adanya perbedaan satu klon dengan klon lainnya.

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui kemiripan genetik dan karakter yang berpengaruh terhadap keragaman genetik pada 49 calon klon teh unggul tipe sinensis di Kebun Percobaan PPTK Gambung. Karakter atau sifat yang berkontribusi terhadap plasma nutfah diperlukan untuk memperkaya *database*. Penelitian ini dilakukan untuk menentukan tingkat kemiripan varietas atau klon dapat dipelajari dari jauh dekatnya kesamaan fenotipik dalam suatu hubungan kekerabatan beberapa karakter pada tingkat morfologi tanaman. Menurut Santos *et al.*, (2012) karakterisasi tanaman baik secara molekuler maupun morfologi harus dilakukan sebelum memanfaatkan koleksi plasma nutfah hal ini karena karakterisasi morfologi tanaman merupakan langkah penting untuk plasma nutfah yang efektif. Dilakukannya analisis keragaman genetik dan hubungan kekerabatan diharapkan dapat ditentukan wakil dari kelompok klon yang memiliki kemiripan untuk dikoleksi sehingga jumlah aksesori koleksi klon lebih sedikit tetapi keragaman genetik tetap tinggi (Sriyadi, 2012). Penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar *database* penciri antar klon untuk penelitian pemuliaan tanaman berikutnya.

## 2. Metode

Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan Gambung Pusat Penelitian Teh dan Kina, Kabupaten Bandung, Jawa Barat dari bulan Desember 2022 sampai dengan Januari 2023. Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah 49 klon koleksi plasma nutfah teh tipe sinensis asal Tambi dan Kaligua yang ditanam pada tahun 1996 (Tabel 1.) yang ditanam dengan jarak tanam 60x120 cm dengan jumlah 30 tanaman per plot (5x6) dan terdapat 3 ulangan. Total tanaman yang diamati sebanyak 441 tanaman dengan 3 tanaman per klon pada semua ulangan.

**Tabel 1.** Daftar Klon yang digunakan dalam penelitian

No	Klon								
1	TB 1	11	TB 11	21	KG 8	31	KG 18	41	KG 29
2	TB 2	12	TB 12	22	KG 9	32	KG 19	42	KG 31
3	TB 3	13	TB 13	23	KG 10	33	KG 20	43	KG 32
4	TB 4	14	KG 1	24	KG 11	34	KG 21	44	KG 34
5	TB 5	15	KG 2	25	KG 12	35	KG 22	45	RBS 2
6	TB 6	16	KG 3	26	KG 13	36	KG 23	46	RBS 3
7	TB 7	17	KG 4	27	KG 14	37	KG 24	47	STR
8	TB 8	18	KG 5	28	KG 15	38	KG 25	48	Yabukita
9	TB 9	19	KG 6	29	KG 16	39	KG 26	49	SGMBA
10	TB 10	20	KG 7	30	KG 17	40	KG 28		

Karakter fenotip yang diamati adalah adalah tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang dan luas frame. Tinggi bidang petik diukur menggunakan meteran mulai dari pangkal batang di atas permukaan tanah hingga ujung tunas tertinggi dalam satuan centimetre (cm) lalu dikonversikan dalam satuan meter (m). Diameter batang diukur menggunakan jangka sorong pada batang utama yang terbesar dalam satu milimeter (mm). Jumlah cabang dihitung berdasarkan jumlah cabang yang terletak pada batang utama sedangkan luas frame diukur menggunakan meteran. Luas frame merupakan panjang lebar tajuk tanaman teh dan ditampilkan dalam satuan

cm<sup>2</sup>. Analisis keragaman genetik dilakukan terhadap 4 karakter yaitu tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang, dan luas frame pada 49 klon teh. Analisis komponen utama atau *principal componen analysis* (PCA) untuk menentukan kontribusi setiap karakter terhadap keragaman total. Selanjutnya ditampilkan biplot hubungan antar karakter. Tingkat keragaman 49 klon teh yang diamati ditentukan dengan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average* (UPGMA). Analisis data menggunakan perangkat lunak past3.

**3. Hasil dan Pembahasan**

*3.1. Principal Component Analysis (PCA)*

*Principal Component Analysis* (PCA) merupakan teknik mengurangi dimensi sebuah data, meningkatkan interpretabilitas tetapi juga meminimalkan kehilangan informasi pada waktu yang sama (Jolliffe & Cadima, 2016). Hasil dari PCA menunjukkan kontribusi komponen dari karakter terhadap keragaman total (Zanetta *et al.*, 2016). Dalam *Principal Component Anlysis* yang dilakukan terdapat satu komponen utama yang berkontribusi dalam keragaman karakter (Tabel 2.).

Komponen utama (PC1) memiliki *eigenvalue* 293.158 dengan kontibusi keragaman 86.706% dari keseluruhan karakter tinggi bidang petik, diameter batang, jumah cabang dan luas frame. Tabel 2 menjelaskan hubungan korelasi antara variabel baru (*Principal component analysis*) yang dibentuk dengan nilai *loading factor*. Nilai *loading factor* yang dipilih adalah nilai *factor loading* (PC>0.6) (Peres-Neto *et al.*, 2003) yang dianggap mampu menjelaskan variabel yang berpengaruh terhadap 49 klon teh seri sinensis di Kebun Percobaan Rancacangkuang, Gambung, Jawa Barat. Diameter batang menunjukkan kontribusi utama dengan *loading factor* 0.0996. PC2 memiliki nilai *eigenvalue* 393.267 berkontribusi terhadap keragaman total sebesar 98.825% yang dipengaruhi oleh tinggi bidang petik dengan nilai *loading factor* 0.996 sedangkan PC3 mempunyai *eigenvalue* 393.267 dan berkontribusi terhadap keragaman total yang berasal dari jumlah cabang.

**Tabel 2.** Hasil *Principal Component Analysis*

Komponen Utama	PC1	PC 2	PC 3
<b>Eigenvalue</b>	293.158	409.763	393.267
<b>Variability (%)</b>	86.706	12.119	1.163
<b>Cumulative</b>	86.706	98.825	99.988
<b>Tinggi bidang petik</b>	0.088	0,996	0,030
<b>Diameter batang</b>	<b>0.996</b>	-0,089	0,029
<b>Jumlah cabang</b>	-0.032	-0,027	0,999
<b>Luas frame</b>	0.006	0,001	0,005

Keterangan: PC = Principal Component

*3.2 Biplot Hubungan Antar Karakter*

Hasil analisis biplot pada Gambar 1 menunjukan terdapat 4 karakter yang menjadi penciri umum klon yang diuji. Karakter tersebut adalah tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang, dan luas frame. Biplot pada Gambar 1 menunjukan satu karakter yang menjadi penciri kuadran I yaitu luas frame (D). Terdapat 16 klon yang termasuk kedalam kelompok I yaitu TB 7, TB 31, TB 10, TB 4, KG 3, KG 21, TB 34, KG5 ,KG 22, KG 11, KG 8, KG 28, TB 2, KG 9, KG 4, KG 12 yang dicirikan oleh luas frame. Kelompok 2 hanya dicirikan oleh satu karakteristik yaitu tinggi bidang petik. Pada kelompok II terdapat 10 klon yaitu KG 17, KG 15, RBS 3, SGMBA, KG 23, KG 10, KG 19, RBS 2, TB 1, dan KG 24. Kelompok III dicirikan oleh diameter batang dengan 12 klon di dalam kelompok III yaitu KG 18, KG 29, KG 23, TB 13, SGMBA, TB 12, KG 13, TB 3, STR, KG 26, KG 25, dan KG 20. Sedangkan kelompok IV dicirikan oleh dua faktor yaitu jumlah cabang dan luas frame. Klon yang terdapat dala kelompok IV sebanyak 11 klon yaitu KG 14, KG 6, KG 2, TB 11, TB 6, KG 1, KG 7, TB 5, TB 8, TB 9, dan Yabukita.

Pada Gambar 1 terlihat bahwa penyebaran klon-klon yang bergerombol dan bertumpang tindih pada setiap kuadran. Hal ini merupakan tampilan kemiripan yang tinggi antar klon dan dapat dimaknai memiliki kekerabatan yang dekat. Informasi keragaman genetik dan kekerabatan yang ditampilkan dapat menjadi dasar dalam diversifikasi tanaman. Martono (2020) mengungkapkan bahwa perakitan varietas unggul dan keragaman genetik memiliki peranan penting karena semakin tinggi keragaman genetik maka semakin tinggi pula peluang untuk mendapatkan sumber gen bagi karakter yang ingin diperbaiki.

Analisis komponen utama yang diikuti analisis biplot dapat digunakan sebagai alat seleksi keragaman untuk suatu varietas. Panjang vektor yang dapat dilihat secara visual menunjukkan keunikan yang berkaitan dengan setiap karakter yang diukur. Selain itu analisis biplot dapat digunakan sebagai pengelompokan klon berdasarkan variabel tertentu sebagai penciri klon tersebut (Hetharie *et al.*, 2018). Klon-klon yang berada pada kuadran yang berbeda dengan sudut 90 derajat memiliki hubungan kekerabatan yang jauh, apabila klon tersebut berada pada suatu kuadran yang sama maka klon tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat (Setiawati *et al.*, 2013).

### 3.3 Analisis kluster

Analisis kluster dilakukan untuk pengelompokan dapat diterapkan sebagai dasar dalam pemuliaan klon-klon dengan karakter unggul yang diinginkan (Prayudha *et al.*, 2019). Analisis kluster merupakan kegiatan mengelompokkan elemen yang mirip sebagai objek penelitian untuk menjadi kelompok (*clustering*). Tujuan dari analisis ini adalah mengelompokkan objek-objek berdasarkan kesamaan karakteristik di antara objek-objek tersebut (Chaidir *et al.*, 2016). Hasil analisis terhadap 18 klon koleksi plasma nutfah berdasarkan tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang, dan luas frame menunjukkan 2 kluster utama dan 4 sub kluster (Gambar 2.).

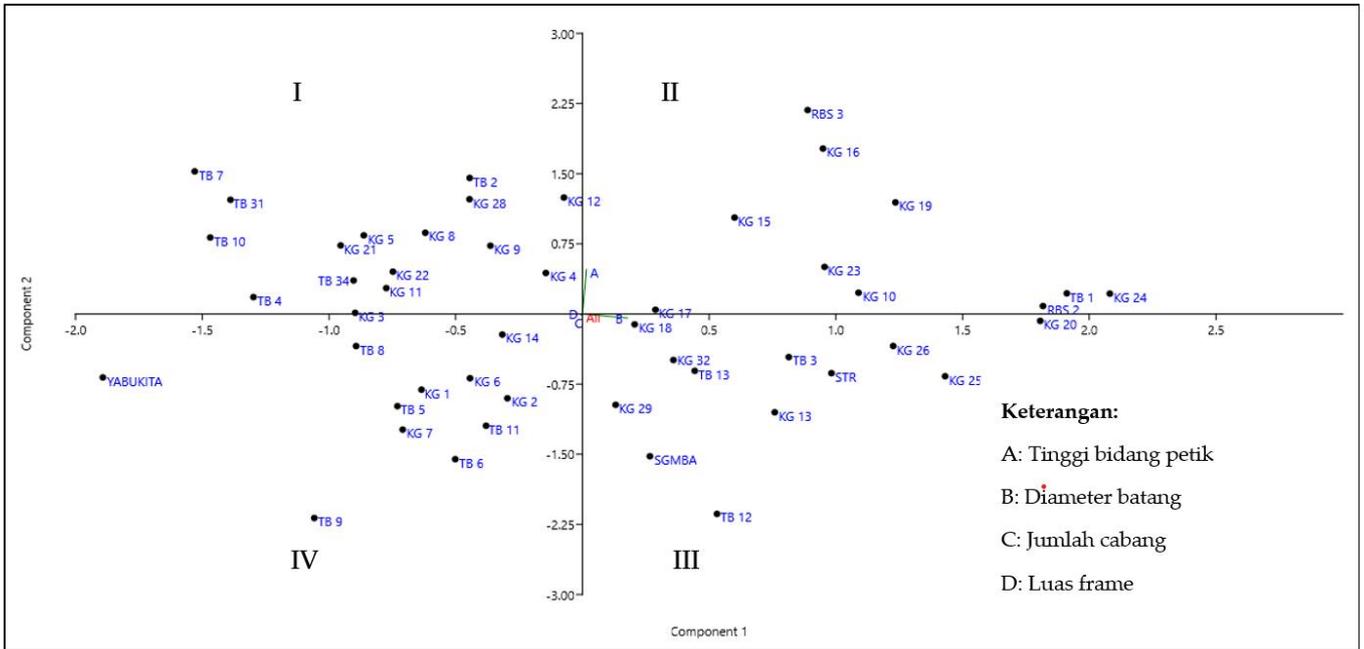
**Tabel 3.** Sub kluster klon-klon dalam dendogram

Kluster Utama	Sub Kluster	Jumlah	Nama klon
A	A.1	5	YABUKITA, TB 4, TB 7, TB 31, TB 10.
	A.2	22	TB 8, KG 3, KG 11, TB 34, KG 22, KG 5, KG 21, KG 4, KG 9, KG 14, KG 12, KG 8, TB 2, KG 28, TB 5, KG 7, KG 1, TB 6, TB 11, KG 2, KG 6, TB 9.
B	B.1	18	TB 12, TB 13, KG 31, KG 17, KG 18, KG 29, SGMBA, KG 10, KG 23, KG 19, KG 15, KG 16, RBS 3, TB 3, KG 13, STR, KG 25, KG 26.
	B.2	4	KG 20, TB 1, RBS 2, KG 24.

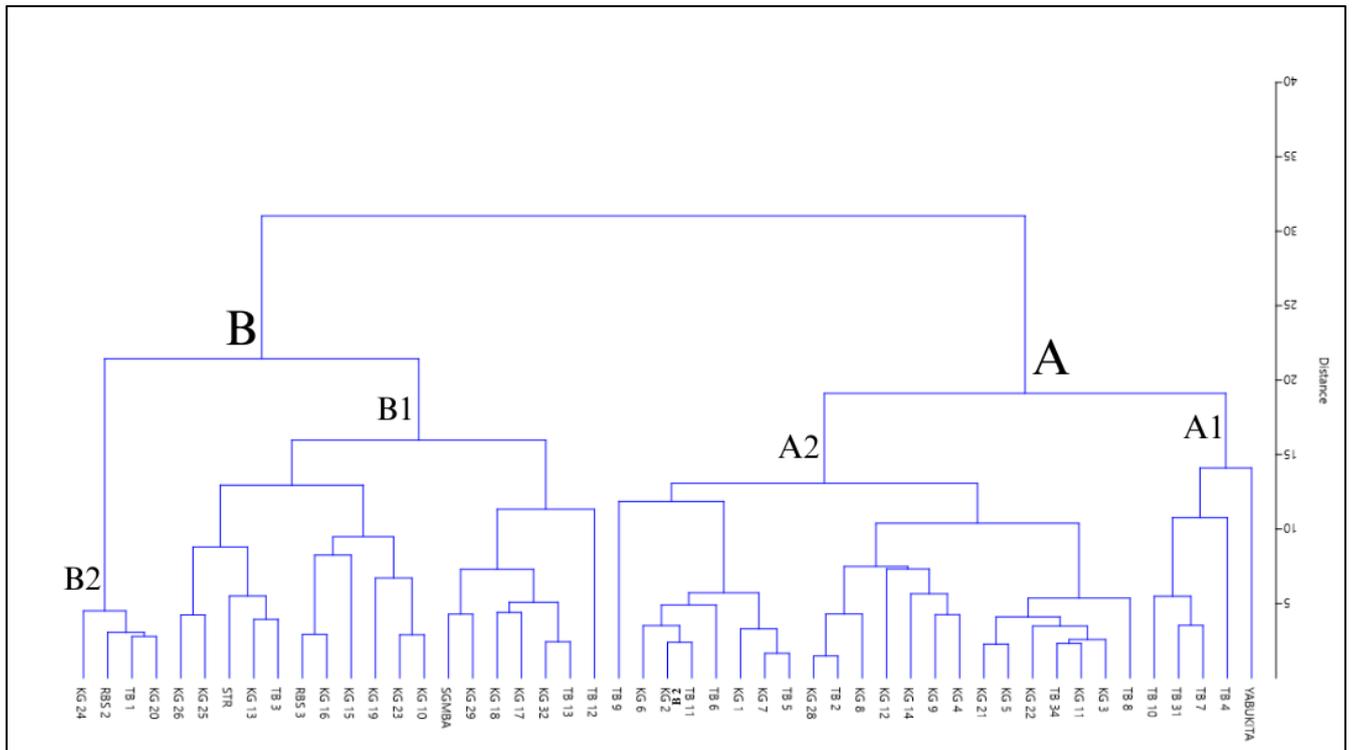
Garis dendogram menunjukkan semakin mendekati angka 0 menunjukkan kekerabatan klon-klon dalam kelompok tersebut semakin dekat, dan jika garis dendogram semakin jauh dari angka 0 maka kekerabatan antar klon semakin jauh (Hetharie *et al.*, 2018). Sub kluster A.1 merupakan sub kluster yang terdekat dari angka 0 yang memiliki 5 jumlah klon. Sedangkan kluster A.2 terdapat 22 klon. Dengan demikian, 55% dari total klon yang diuji terdapat pada kluster A. Pada kluster B.1 terdapat 18 klon dan B.2 terdapat 4 klon yang berarti 45% dari total klon berkumpul pada kluster ini. Hal ini menunjukkan tingginya persamaan karakter sehingga dapat dikatakan klon-klon tersebut memiliki kekerabatan yang dekat.

Banyaknya jumlah klon yang berada di dalam satu kluster memiliki kemungkinan bahwa klon-klon tersebut berasal dari induk yang sama. Seperti yang diungkapkan (Méndez-Tovar *et al.*, 2015) bahwa karakter genetik genetik yang menunjukkan kekerabatan yang dekat dapat diduga sebagai karakter genetik duplikat sehingga selain karakterisasi morfologi, harus dilakukan karakterisasi molekuler untuk mengkonfirmasi apakah genotip-genotip tersebut merupakan material yang sama ataukah berasal dari induk yang sama. Selain dalam penelitian teh yang

telah dilakukan terhadap pengelompokan 40 varietas teh didapatkan bahwa keragaman genetik bukan dari teh yang berasal dari asal wilayah tetapi diduga karena adanya variasi diskontinu hibridisasi jangka panjang, penyerbukan silang dan efek lingkungan jangka panjang (Subositi Rohmat, 2019). Sehingga dapat diduga keragaman genetik pada 49 klon teh yang diuji dan berada pada kluster yang sama berasal dari indukan yang sama.



Gambar 1. Biplot hubungan antar karakter 49 calon klon unggul baru teh tipe sinensis



Gambar 2. Dendrogram 49 calon klon unggul baru teh tipe sinensis berdasarkan karakter tinggi bidang petik, diameter batang, jumlah cabang, dan luas frame

#### 4. Kesimpulan

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa ke 49 klon diuji terbagi kedalam 4 kuadran dan menunjukkan adanya keragaman. Karakter yang menjadi komponen utama dalam keragaman adalah karakter diameter batang. Berdasarkan analisis kekerabatan, ke 49 klon terbagi menjadi 2 kluster utama dan 4 sub kluster dimana klon Yabukita dan klon KG 24 memiliki kekerabatan yang paling jauh.

**Ucapan Terimakasih:** Penulis mengucapkan kepada Pusat Penelitian Teh dan Kina yang telah memberikan sarana dan prasarana selama penelitian.

#### Daftar Pustaka

- Badan Pusat Statistik. Statistik Teh Indonesia. **2021**. Badan Pusat Statistik: Jakarta, 2022.
- Chaidir, L., Yuliani, K., & Taufik Qurrohman, B. F. **2016**. Eksplorasi dan Karakterisasi Tanaman Genjer (*Limnocharis flava* (L.) Buch) di Kabupaten Pangandaran Berdasarkan Karakter Morfologi dan Agronomi. *Jurnal Agro*, Volume 3, 53-66.
- Hetharie, H., Raharjo, S. H. T., & Jambormias, E. **2018**. Pengelompokan Klon-Klon Ubi Jalar Berdasarkan Analisis Gerombol , Komponen Utama dan Biplot dari Karakter Morfologi Components and Biplot Analyses of Morphological Characters. *Jurnal Agron Indonesia*, Volume 46, 276-282.
- Jolliffe, I. T., & Cadima, J. **2020**. Principal component analysis: A review and recent developments. *Journal Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, Volume 374.
- Liana, D., Maryani, A.T., & Hanibal. **2022**. Keragaan bibit okulasi beberapa klon karet (*Hevea brasiliensis*). *Ciwal: jurnal pertanian*, Volume 1, 14-26.
- Martono, B. (2020). Keragaman Genetik, Heritabilitas dan Korelasi Antar Karakter Kuantitatif Nilam (*Pogostemon Sp.*) Hasil Fusi Protoplas. *Jurnal Penelitian Tanaman Industri*, Volume 15, 9-15.
- Méndez-Tovar, I., Martín, H., Santiago, Y., Ibeas, a., Herrero, B., Asensio-S.-Manzanera, M. C., Afuape, S. O., Okocha, P. I., Njoku, D., Thiyagu, D., & Rafii, M. Y. **2015**. Multivariate assessment of the agromorphological variability and yield components among sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam ) landraces. *African Journal of Plant Sciences*, Volume 5, 123–132.
- Peres-Neto, P. R., Jackson, D. A., & Somers, K. M. **2003**. Giving meaningful interpretation to ordination axes: Assessing loading significance in principal component analysis. *Journal Ecology*, Volume 84, 2347–2363.
- Prayudha, H. N., Noerrizki, A. M., Maulana, H., Ustari, D., Rostini, N., & Karuniawan, A. **2019**. Keragaman Genetik Klon Ubi Jalar Ungu Berdasarkan Karakter Morfologi dan Agronomi. *Jurnal Buletin Palawija*, Volume 17,94.
- Santos, R. C., Pires, J. L., & Correa, R. X. **2012**. Morphological characterization of leaf, flower, fruit and seed traits among Brazilian *Theobroma L.* species. *Genetic Resources and Crop Evolution*. Volume 3, 327-345.
- Setiawati, T., Karyono, Supriatun, T., & Karuniawan, A. **2013**. Analisis keragaman genetik kerabat liar ubi jalar asal Citatah sebagai sumber gen untuk merakit ubi jalar unggul berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Biodjati*, Volume 3, 14–20.
- Sriyadi, B. **2012**. Analisis kemiripan morfologi daun beberapa klon teh generasi pertama Analysis of leaves morphology similarity of several first generation tea clones. *Jurnal Penelitian Teh dan Kina*, Volume 15. 51-58.
- Statistik, B. P. Statistik Teh Indonesia. BPS 2020. <https://www.ptonline.com/articles/how-to-get-better-mfi-results>.
- Subositi Rohmat, D. M. **2019**. Keanekaragaman genetik tempuyung (*Sonchus arvensis* L.) berdasarkan marka inter-simple sequence repeats (ISSR). *Jurnal Majalah Ilmiah Biologi Biosfera*, Volume 36, 57–62.
- Zanetta, C. U., Karuniawan, A., Waluyo, B., & Karuniawan, A. **2016**. Karakteristik agronomi dan fisik biji sebagai penduga keragaman serta penciri spesifik genotipe pada kultivar unggul dan galur harapan kedelai. *Prosiding Seminar Nasional Hasil Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi Tahun*, 59–66.