



Penilaian Keragaman Morfologi Teh (*Camellia sinensis*) Berdasarkan Karakter Daun dan Bunga saat Periode Reproduksi

Assessing Morphological Diversity of Tea (*Camellia sinensis*) Based on Leaf and Flower Characters during the Reproductive Phase

Abdillah Azzam Wahyudin¹, Citra Bakti², Yudithia Maxiselly^{2*}, Muhamad Khais Prayoga³, Heri Syahrian³, Vitria Puspitasari Rahadi³ dan Agung Karuniawan²

¹ Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran

² Departemen Agronomi, Fakultas Pertanian, Universitas Padjadjaran

³ Pusat Penelitian Teh dan Kina

* Correspondence: yudithia.maxiselly@unpad.ac.id

Received: 10 Juni 2024

Accepted: 12 Juli 2024

Published: 5 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

Abstract: Tea plants (*Camellia sinensis*) can produce flowers and seeds, which can be used by plant breeders in the process of artificial crossing. Breeders can predict the success of artificial crosses by analyzing the genetic diversity of the parents to be crossed. The aim of this research was to determine the genetic diversity of tea accessions from illegitimate seeds during the reproductive period. The research was carried out from August 2023 to January 2024 at the Indonesia Research Institute Tea and Cinchona, Mekarsari Village, Pasir Jambu District, Bandung Regency. The research method used was a design without spatial design. Thirteen selected accessions in the population during the flowering period were identified for their morphological description of 15 characters. The observation data were used to analyze principal component analysis and cluster analysis using XLSTAT software, while data visualization used the R Program. The results obtained showed that 13 tea accessions had high genetic diversity. These results are based on genetic diversity in the 5 main components reaching 89.11% and cluster analysis which is divided into 3 main clusters with the largest percentage in the third cluster at 46.15%.

Keywords: accessions; design without spatial design; cluster analysis; principal component analysis

Abstrak: Tanaman teh (*Camellia sinensis*) dapat menghasilkan bunga dan biji, yang dapat dimanfaatkan oleh pemulia tanaman dalam proses persilangan buatan. Pemulia dapat memprediksi keberhasilan persilangan buatan dengan menganalisis keragaman genetik tetua yang akan disilangkan. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik aksesi teh dari benih illegitim pada masa reproduksi. Penelitian dilaksanakan mulai bulan Agustus 2023 sampai dengan Januari 2024 di Pusat Penelitian Teh dan Kina, Desa Mekarsari, Kecamatan Pasir Jambu, Kabupaten Bandung. Metode penelitian yang digunakan yaitu rancangan tanpa tata ruang. Sebanyak tiga belas aksesi terpilih pada populasi saat periode berbunga diidentifikasi penampilan morfologinya sejumlah 15 karakter. Data hasil pengamatan digunakan untuk menganalisis analisis komponen utama dan analisis kluster menggunakan software XLSTAT, sedangkan visualisasi data menggunakan R Program. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa bahwa 13 aksesi teh mempunyai keragaman genetik yang tinggi. Hasil tersebut berlandaskan keragaman genetik pada 5 komponen utama yang mencapai 89.11% dan analisis kluster yang terbagi menjadi 3 kluster utama dengan persentase terbesar pada kluster ketiga yaitu sebesar 46.15%.

Kata Kunci: aksesi; analisis kluster; analisis komponen utama; rancangan tanpa tata ruang

1. Pendahuluan

Teh (*Camellia sinensis* L. (O). Kuntze) merupakan komoditas tanaman perkebunan penting di Indonesia. Ekspor teh kering yang tercatat pada tahun 2020 mencapai 45.265 ton (Simalango *et al.*, 2023). Umumnya teh dimanfaatkan bagian daun yang mengandung senyawa katekin tinggi untuk minuman penyegar (Pranoto, 2022). Tanaman teh umumnya diperbanyak secara vegetatif dengan stek, namun tanaman ini juga bisa menghasilkan bunga dan biji normal sehingga kondisi ini dapat dimanfaatkan oleh pemulia tanaman untuk melakukan persilangan buatan dengan tujuan memperoleh klon yang memiliki karakter unggul. Salah satu klon teh yang diperoleh dari persilangan buatan adalah klon seri GMB (Gambung), yang termasuk klon generasi kedua, dan merupakan klon hasil persilangan dari klon generasi pertama. Salah satu klon seri GMB, yaitu klon unggul GMB 7, adalah hasil persilangan Mal 2 X PS 1 (Malabar 2 X Pasir Sarongge 1). Klon PS 1 dan Mal 2 merupakan plasma nutfah klon generasi pertama dari hasil seleksi pohon induk yang berasal dari biji sapuan (*illegitimate seed*) (Sriyadi, 2015). Keunggulan yang dimiliki klon GMB 7 adalah potensi hasil tinggi dengan rata-rata hasil 5800 kg per hektare per tahun.

Tanaman teh asal biji sapuan merupakan tanaman yang diperbanyak melalui biji dari penyerbukan secara alami dan asal keturunannya tidak diketahui (Martono & Syafaruddin, 2018). Secara konstitusi genetik, teh asal biji memiliki keragaman dengan sifat penyangga individu (sifat genotip tertentu) dan penyangga populasi (Interaksi antara genotipe yang berbeda dalam satu populasi). Kedua sifat ini memiliki peran untuk mencapai populasi tanaman yang beragam (Bocci *et al.*, 2020). Populasi teh dengan genotipe yang beragam dapat mengurangi dampak penurunan produksi yang disebabkan oleh perubahan iklim dibandingkan populasi kebun teh monoklonal (Sriyadi, 2010).

Pemulia dapat menduga keragaman populasi dan peluang keberhasilan persilangan buatan dengan menganalisis keragaman genetik. Hasil keragaman dapat digunakan sebagai acuan untuk konservasi plasma nutfah dan pemilihan tetua untuk persilangan buatan. Tetua yang dipilih untuk persilangan sebaiknya memiliki hubungan dan kekerabatan genetik yang tidak terlalu dekat. Kekerabatan genetik yang terlalu dekat memungkinkan terkumpulnya gen-gen resesif dan mengakibatkan *inbreeding depression* pada generasi selanjutnya sehingga dapat mengurangi kemampuan tanaman yang dapat berakibat menurunnya produktivitas (Acquaah, 2012). Sebaliknya, kemungkinan adanya keturunan superior lebih besar dihasilkan dari persilangan antara klon unggul dan berkerabat jauh dibandingkan persilangan terbuka (Rahadi *et al.*, 2016).

Keragaman genetik dapat diprediksi melalui pengamatan langsung berdasarkan karakter morfologinya. Karakter morfologi yang umum diamati pada tanaman teh adalah struktur perdu dan morfologi daun (Zakir, 2019). Beberapa penelitian lain mengamati pula karakter berdasarkan reproduktif seperti bunga dan buah sebagai variabel pengamatan untuk menilai keragaman genetik teh (Jin *et al.*, 2022; Lo *et al.*, 2023).

Keragaman genetik dapat dianalisis menggunakan Analisis Komponen Utama/*Principal Component Analysis* (PCA) dan analisis kluster. PCA dan analisis kluster telah umum digunakan oleh pemulia dalam menilai morfologi tanaman (Jarwar *et al.*, 2019). Banyak penelitian terkini yang mengulas keragaman genetik teh di Indonesia, tetapi umumnya keragaman genetik mencakup morfologi daun dan karakter potensi hasil (Rahadi *et al.*, 2016; Ramdan *et al.*, 2019). Studi terkini tentang karakterisasi morfologi bunga tanaman teh yaitu pengamatan aksesi teh asal Indonesia yang dibandingkan dengan koleksi aksesi dan klon teh yang dikumpulkan di Pakistan. Akan tetapi, morfologi bunga yang diamati sebatas karakter diameter bunga, warna bunga, dan panjang pedikel (Kamal *et al.*, 2023). Berdasarkan uraian di atas, penelitian ini bertujuan untuk mengkaji lebih dalam mengenai keragaman antara karakter daun dan bunga sebagai identifikasi keragaman dan penampilan karakter morfologi populasi aksesi teh asal biji saat periode berbunga.

2. Metode

Penelitian dilaksanakan dengan metode penelitian rancangan tanpa tata ruang. Penelitian ini dilaksanakan mulai Agustus 2023 hingga Januari 2024 di Pusat Penelitian Teh dan Kina, Kampung Gambung, Desa Mekarsari, Kecamatan Pasir Jambu, Kabupaten Bandung, Provinsi Jawa Barat. Lokasi penelitian berada di ketinggian 1250 mdpl dengan jenis tanah andisol, iklim tipe B berdasarkan klasifikasi Schmidt Ferguson, dan curah hujan rata-rata antara 2960 mm/tahun.

Alat yang digunakan pada penelitian ini yaitu label tanaman, penggaris, kertas putih, jangka sorong, dan kaca pembesar. Bahan tanam yang diamati yaitu 13 aksesi yang berasal dari koleksi plasma nutfah tanaman teh asal biji sapuan di Blok A2 yang ditanam sejak tahun 1907 oleh Rudolf Eduard (R.E) Kerkhoven (Tabel 1). Kondisi populasi tanaman di lapangan selama penelitian berlangsung yaitu periode tanaman teh di tahun pangkas kedua (TP 2). Aksesi dari populasi Blok A2 yang dipilih untuk pengamatan ini yaitu perdu teh asal biji sapuan selama periode

pembungaan pada tahap bunga dalam keadaan mekar sempurna dan kondisi perdu teh tidak dalam keadaan rusak. Aksesori yang mengindikasikan periode pembungaan kemudian diberi kode label untuk memudahkan pengamatan. Jadwal pemeliharaan aksesori-aksesori pada populasi blok A2 mengikuti prosedur yang sudah ditetapkan sehingga karakter morfologi yang diamati merupakan kondisi sebenarnya tanpa ada perlakuan khusus yang mempengaruhinya.

Tabel 1. Kode aksesori dari koleksi plasma nutfah teh yang digunakan dalam penelitian ini

No	Aksesori	No	Aksesori	No	Aksesori	No	Aksesori	No	Aksesori
1	A2.002	4	A2.013	7	A2.021	10	A2.027	13	A2.064
2	A2.010	5	A2.016	8	A2.022	11	A2.043		
3	A2.012	6	A2.019	9	A2.025	12	A2.050		

Sebanyak 15 karakter diamati berdasarkan karakter morfologi. Karakter yang diamati mencakup 8 karakter daun dan 7 karakter bunga. Acuan karakter pengamatan tersebut diambil dari deskriptor IPGRI (*International Plant Genetic Resources Institute*) dan UPOV (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*) dengan berbagai modifikasi di dalamnya (IPGRI, 1997; UPOV, 2022). Karakter yang berkaitan dengan periode pembungaan dikarakterisasi pada tahap bunga mekar sempurna sedangkan karakter-karakter daun yang diamati setidaknya lima daun dewasa pada setiap aksesori dan dirata-ratakan jumlahnya. Teknis pengamatan setiap karakter tertera pada Tabel 2.

Tabel 2. Teknis 15 karakter yang diamati

No	Karakter (Kode)	Teknis Pengamatan
1	Panjang daun (PD)	Pengamatan menggunakan penggaris dengan ketelitian 0.1 cm.
2	Lebar daun (LbD)	Pengamatan menggunakan penggaris dengan ketelitian 0.1 cm.
3	Luas daun (LD)	Pengamatan menggunakan <i>software ImageJ</i> .
4	Intensitas pucuk (IP)	Diamati satu bulan sesudah pemetikan. [1] = Jarang (≤ 4); [2] = Sedang (5 - 9); [3] = Padat (≥ 10)
5	Panjang pucuk+2 daun/P+2 (PP)	Pengukuran dimulai dari atas pucuk pekee hingga daun muda kedua.
6	Rasio panjang dan lebar daun (P/L)	Menghitung perbandingan panjang dan lebar daun.
7	Bentuk daun (BD)	[1] = Ovate; [2] = Oblong; [3] = Elips; [4] = Lanset
8	Permukaan atas daun	[1] = Halus; [2] = Bergelombang
9	Diameter bunga (DB)	[3] = Kecil; [5] = Sedang; [7] = Besar
10	Bunga: Warna petal dalam (WPD)	[1] = Putih; [2] = Putih kehijauan; [3] = Merah muda
11	Bunga: posisi pemisah <i>style</i> (PPS)	[1] = Genikulat; [2] = <i>ascending</i> ; [3] = terminal.
12	Bunga: posisi stigma (PS)	[1] = Dibawah; [3] = Sejajar; [5] = Diatas
13	Bunga: Kepadatan bulu ovari (ODP)	Pengamatan menggunakan bantuan kaca pembesar. [3] = Renggang; [5] = Sedang; [7] = Padat
14	Bunga: Panjang Pedikel (BPP)	Pengukuran menggunakan jangka sorong dengan ketelitian 0.1 mm.
15	Bunga: Panjang <i>Style</i> (BPS)	Pengukuran menggunakan jangka sorong dengan ketelitian 0.1 mm.

Data pengamatan dianalisis menggunakan Microsoft Excel 2016 dengan *add-ins* XLSTAT 2016. Analisis yang dilakukan yaitu keragaman genetik menggunakan *Principal Component Analysis* (PCA) dengan korelasi Pearson dan hubungan kekerabatan menggunakan analisis kluster menggunakan jarak ketidaksamaan euclidean dengan model Ward's. Hasil analisis PCA yang diperoleh divisualisasikan dalam bentuk tabel dan plot PCA, sementara itu analisis kluster divisualisasikan dalam bentuk dendrogram. Plot PCA divisualisasikan dalam bentuk grafik biplot dan 3D plot. Grafik biplot divisualisasikan menggunakan XLSTAT 2016 dan 3D plot divisualisasikan menggunakan R Program versi 4.3.3 dengan *plot.ly packages*.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Principal component analysis

Principal Component Analysis (PCA) merupakan analisis multivariat yang berfungsi untuk menyederhanakan variabel-variabel yang berkontribusi. Penyederhanaan tersebut diinterpretasikan menjadi komponen utama (PC) yang mewakili keragaman genetik. Informasi yang diperoleh pada analisis PCA yaitu nilai eigen (*eigenvalue*) dan variasi yang menggambarkan kontribusi karakter yang bertanggung jawab terhadap komponen utama (Jarwar *et al.*, 2019). Keragaman yang diharapkan melalui analisis PCA yaitu nilai eigen pada komponen utama lebih dari 1 (Lin *et al.*, 2024). Tabel 3 menunjukkan hasil analisis PCA dari 13 aksesori teh saat periode berbunga yang memenuhi kriteria nilai eigen. Analisis PCA menghasilkan 5 PC dengan kontribusi variasi total sebesar 89.11% dengan rentang nilai eigen sebesar 1.089 hingga 5.075.

Tabel 3. Kontribusi 5 PC terhadap variasi total

Komponen Utama (PC)	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5
Nilai eigen	5.075	3.465	2.316	1.423	1.089
Variasi (%)	33.838	23.098	15.440	9.484	7.258
Total %	33.838	56.931	72.371	81.855	89.113

Perhitungan kontribusi karakter terhadap komponen utama dapat diukur dengan faktor *loading* pada analisis PCA. Nilai faktor *loading* yang dapat dijadikan acuan signifikansi hubungan variabel berkisar ≤ -0.7 atau ≥ 0.7 (Fitriah *et al.*, 2018). Karakter dengan faktor *loading* yang tinggi dan bernilai positif berkontribusi maksimal terhadap keragaman yang dihasilkan pada sumber genetik yang digunakan (Prayoga *et al.*, 2022). Berdasarkan hal tersebut, nilai *loading* yang digunakan sebagai acuan dalam penelitian ini yaitu nilai *loading* ≥ 0.7 . Nilai *loading* setiap karakter pada 5 PC yang memiliki nilai eigen lebih dari 1 tertera pada Tabel 4.

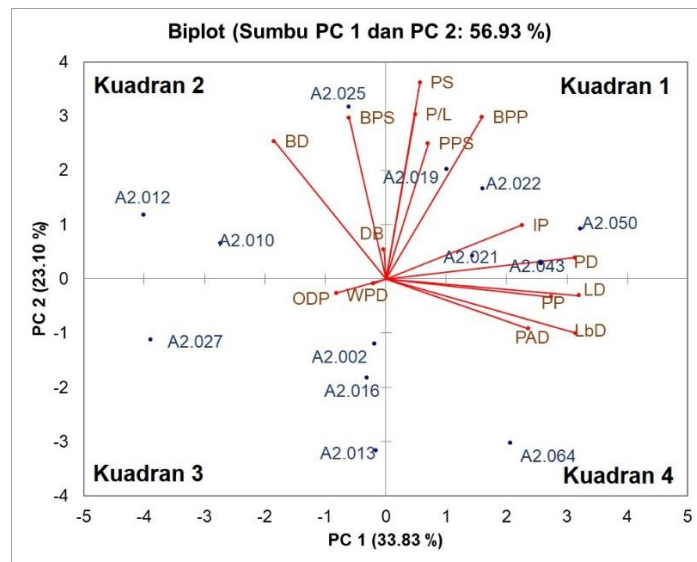
Tabel 4. Nilai loading pada 5 PC

Karakter	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5
Panjang daun	0.9403*	0.0964	0.1435	-0.2112	-0.1474
Lebar daun	0.9449*	-0.2495	0.0590	0.0158	-0.0351
Luas daun	0.9614*	-0.0771	0.1605	-0.0371	-0.0455
Panjang P+2	0.8225*	-0.0834	-0.2062	-0.0015	0.3166
Rasio panjang dan lebar	0.1472	0.7526*	0.1911	-0.5190	-0.2779
Intensitas pucuk	0.6784	0.2457	-0.4985	-0.1006	0.3073
Bentuk daun	-0.5552	0.6290	0.1470	0.2655	0.2890
Permukaan atas daun	0.7114*	-0.2282	0.0580	0.6390	0.0025
Diameter bunga	-0.0106	0.1341	0.7457*	0.1915	0.4917
Warna petal dalam	-0.0625	-0.0232	0.8384*	-0.1124	0.1788
Posisi pemisah style	0.2109	0.6184	-0.4015	0.4651	0.0540
Posisi stigma	0.1709	0.8997*	-0.0796	-0.0283	-0.0801
Kepadatan bulu ovarium	-0.2439	-0.0653	-0.5880	-0.4575	0.5406
Panjang pedikel	0.4800	0.7411*	0.3225	-0.1933	0.1434
Panjang style	-0.1821	0.7360*	-0.1937	0.3240	-0.1538

*Angka yang dicetak tebal menunjukkan nilai *loading* lebih dari 0.7

Hasil sumbu PC 1 hingga PC 3 ditemukan karakter-karakter dengan nilai faktor *loading* lebih dari 0.7. Nilai tersebut menunjukkan kontribusi maksimal yang berkorelasi positif. Kontribusi karakter yang berkorelasi positif di PC 1 merupakan karakter-karakter morfologi daun. Karakter tersebut diantaranya panjang, lebar, luas daun, panjang P+2, dan permukaan atas daun. Sumbu PC 2 ditemukan 3 karakter yang mencapai signifikansi faktor *loading* yaitu rasio panjang dan lebar, posisi stigma, serta panjang pedikel. Sumbu PC 3 ditemukan dua karakter bunga yang mencapai signifikansi ≥ 0.7 , Karakter tersebut yaitu diameter bunga dan warna petal dalam. Sementara itu, Sumbu PC 4 dan PC 5 tidak ditemukan karakter bernilai *loading* lebih dari 0.7.

Hasil analisis PCA diproyeksikan menjadi plot PCA dalam bentuk 2D dan 3D pada Gambar 1 dan 2. Grafik biplot pada Gambar 1 menunjukkan hasil interpretasi variasi total pada 2 PC. Sumbu PC 1 dan PC 2 menyumbang variasi total sebesar 56.93%. Masing-masing variasi PC 1 dan PC 2 berturut-turut sebesar 33.83% dan 23.10%. Grafik biplot berfungsi untuk melihat sebaran aksesori dalam kuadran dan karakter yang mempengaruhinya (Prayoga *et al.*, 2023). Aksesori yang berkelompok menunjukkan karakter morfologi yang seragam. Kuadran 4 menunjukkan aksesori A2.064 yang terpisah dengan aksesori lainnya. Hal ini menandakan bahwa aksesori A2.064 memiliki karakter morfologi yang berbeda dengan aksesori di kuadran lainnya.

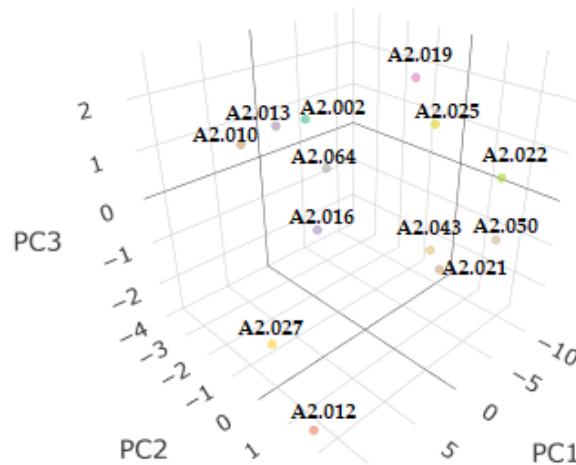


Gambar 1. Grafik biplot 13 aksesori teh.

Grafik biplot juga dapat menafsirkan kontribusi karakter terhadap keragaman berdasarkan jarak vektor setiap karakter (Jarwar *et al.*, 2019). Vektor karakter terjauh dari titik nol menyatakan nilai kontribusi yang tinggi terhadap keragaman dan sebaliknya. Kontribusi tertinggi morfologi daun yaitu panjang daun, lebar daun, dan luas daun. Kontribusi morfologi bunga pada biplot yaitu posisi stigma dan panjang pedikel untuk kontribusi tertinggi sedangkan kontribusi terkecil yaitu warna petal bunga bagian dalam. Warna petal pada aksesori yang diamati umumnya berwarna putih, tetapi aksesori A2.027 dan A2.050 memiliki warna petal berwarna putih kehijauan. Warna bunga yang seragam dibuktikan juga oleh peneliti dari Pakistan yang menganalisis 8 koleksi teh introduksi dan 5 klon teh dengan hasil semua bunga pada koleksi tersebut memiliki warna putih (Kamal *et al.*, 2023).

PCA dapat divisualisasikan dalam bentuk 3 dimensi menjadi 3D plot. Visualisasi 3D plot bertujuan untuk memproyeksikan 3 komponen utama (PC) yang berkontribusi terhadap keragaman. Visualisasi 3D plot telah dilakukan dengan hasil variasi total 3 PC sebesar 63.7% terhadap 21 aksesori tanaman hias *evergreen* (Jang *et al.*, 2021). Variasi 3 PC sejumlah 73.9% dari 11 karakter yang diamati pada 20 genotip gandum dapat diproyeksikan pula ke dalam bentuk 3D plot (Farid *et al.*, 2020). Berdasarkan literatur tersebut, variasi total 3 PC sebesar 72.37% pada penelitian ini dapat divisualisasikan ke dalam bentuk 3D plot (Gambar 2). Sama halnya dengan grafik biplot, 3D plot mampu menjelaskan persebaran aksesori. Sebanyak 6 aksesori membentuk satu kelompok dengan jarak yang saling berdekatan yaitu A2.019, A2.021, A2.022, A2.025, A2.043, dan A2.050. Adapun, aksesori A2.012 dan A2.027 saling berkelompok dan terpisah dari kelompok aksesori lainnya.

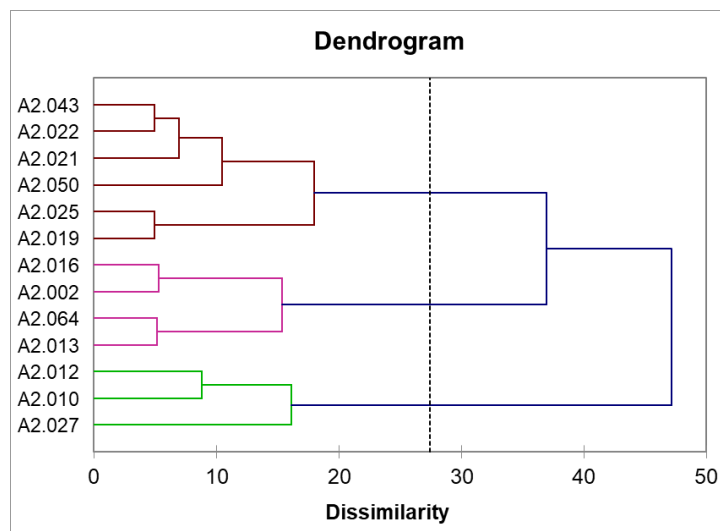
Adanya keragaman genetik membentuk dasar pengelompokan aksesori-aksesori berdasarkan karakter tertentu. Keberadaan karakter yang berkontribusi terhadap keragaman pada setiap komponen utama menunjukkan aksesori-aksesori ini layak digunakan sebagai konservasi plasma nutfah. Aksesori-aksesori tersebut juga dapat digunakan untuk pertimbangan sebagai aksesori terpilih untuk perbaikan genetik teh di Indonesia. Pemilihan aksesori dapat menyesuaikan tujuan karakter yang akan diperbaiki (Saragih *et al.*, 2018).



Gambar 2. Sebaran 13 aksesi teh berdasarkan 3D plot PCA

3.2. Analisis kluster

Kekerabatan aksesi dapat diidentifikasi dengan analisis kluster. Analisis kluster digunakan untuk mengelompokkan aksesi berdasarkan jarak antar aksesi yang divisualisasikan menjadi dendrogram. Jarak antar aksesi yang digunakan dalam penelitian ini adalah jarak euclidean dengan model Ward’s. Hasil penelitian ini menunjukkan jarak ketidaksamaan mencapai 47.13. Jarak ketidaksamaan ini menunjukkan pengelompokan aksesi ke dalam kelompok utama. Pembagian tersebut didasari oleh garis putus-putus (*cut-point*) dengan nilai 27.4 sebagaimana yang tertera pada Gambar 3. Nilai garis putus-putus tersebut membagi 13 aksesi menjadi tiga kelompok utama.



Gambar 3. Dendrogram dari 13 aksesi teh

Masing-masing kelompok utama memiliki ciri khas karakter yang menjadi pembeda antar kelompok (Tabel 5). Setiap kelompok diberikan rentang atau nilai rata-rata untuk mengetahui karakter pembedanya (Wardhani *et al.*, 2024). Perbedaan karakter setiap aksesi disebabkan oleh adanya perbedaan struktur genetik atau pengaruh lingkungan terhadap genotip setiap aksesi (Dargah *et al.*, 2023). Aksesi yang akan diseleksi untuk tetua persilangan disarankan aksesi yang mewakili setiap kelompok dan bukan aksesi yang berkerabat dekat. Hal ini dilakukan untuk menghindari variabilitas sempit dan kemungkinan gen-gen resesif terkumpul pada keturunan (Rahadi *et al.*, 2016; Prayoga *et al.*, 2017). Berdasarkan pembahasan di atas, aksesi-aksesi yang dapat mewakili klaster pertama hingga ketiga secara berturut-turut adalah A2.027, A2.013, dan A2.050. Aksesi-aksesi yang mewakili kelompok utama tersebut juga dapat memudahkan manajemen dalam pengelolaan plasma nutfah teh (Sriyadi, 2012).

Tabel 5. Kelompok aksesi dan karakter yang membedakannya antar klaster.

Klaster	Jumlah (%)	Karakter pembeda
1	3 (23.08%)	Rentang karakter kuantitatif daun yang sempit di antaranya panjang daun (7.14-7.68 cm), lebar daun (2.98-3.26 cm), luas daun (14.07-17.02 cm ²), kondisi pucuk burung (Panjang P+2=0 cm), rasio panjang dan lebar (2.36-2.49 cm), serta kombinasi bentuk daun lanset (tipe 4) dan permukaan atas daun yang halus. Panjang pedikel (3.05-3.72 mm) dan panjang <i>style</i> (3.71-5.12 mm)
2	4 (30.77%)	Rentang karakter ukuran daun yang sedang di antaranya panjang daun (8.32-10.1 cm), lebar daun (3.96-4.4 cm), luas daun (23.57-29.91 cm ²). panjang pucuk (3.5-4.38 cm), serta rasio panjang dan lebar (2.11-2.34 cm). Penciri karakter bunga yaitu posisi stigma pada tipe 1, panjang pedikel (2.56-3.39 mm), dan panjang <i>style</i> (2.05-5.15 mm).
3	6 (46.15%)	Karakter ukuran daun yang cukup besar seperti panjang daun (9.03-11.3 cm), lebar daun (3.52-4.58 cm), luas daun (20.78-36.03 cm ²), panjang pucuk (3.12-5.3 cm), P/L (2.42-2.64 cm). Karakter bunga memiliki ciri khusus yaitu posisi stigma pada tipe 3 dan 5, posisi pemisah <i>style</i> tipe 3, panjang pedikel (4.4-5.66 mm), serta panjang <i>style</i> (3.49-5.01 mm).

4. Kesimpulan

Berdasarkan pembahasan di atas dapat disimpulkan bahwa 13 aksesi memiliki keragaman genetik luas dan kekerabatan yang cukup jauh. Hal ini ditunjukkan berdasarkan nilai variasi total dengan nilai eigen lebih dari 1 sebesar 89.11% pada PC kelima dan 13 aksesi terbagi menjadi 3 kelompok utama dengan persentase aksesi di klaster ketiga sebanyak 46.15%. Untuk menilai korelasi antar karakter morfologi daun dan bunga pada populasi teh saat periode reproduktif yang lebih kompleks, penelitian disarankan mengamati penampilan dan pertumbuhan morfologi pada berbagai fase reproduktif.

Ucapan Terima Kasih : Penelitian ini dilakukan di Pusat Penelitian Teh dan Kina. Penulis mengucapkan terima kasih kepada Heri Syahrian K., S.P., M.P., dan Dr. M. Khais Prayoga, S.P., M.P., yang telah membimbing dan membantu penulis selama pelaksanaan penelitian ini.

Daftar Pustaka

- Acquaah, G. 2012. *Principles of Plant Genetics and Breeding*, 2nd ed.; John Wiley Sons, UK.
- Bocci, R.; Bussi, B.; Petitti, M.; Franciolini, R.; Altavilla, V.; Galluzzi, G.; Di, P.; Migliorini, P.; Spagnolo, S.; Floriddia, R.; Li, G.; Petacciato, M.; Battezzato, V.; Albino, A.; Faggio, G.; Arcostanzo, C.; Ceccarelli, S. 2020. Yield, yield stability and farmers preferences of evolutionary populations of bread wheat : A dynamic solution to climate change. *European Journal of Agronomy*, 121, 126156.
- Dargah, S.; Rezaei, M. B.; Ghanbari, M.; Jari, S.; Khiavi, S. 2023. Genetic resources diversity of tea (*Camellia sinensis* (L.) Kuntze) in the southern region of the Caspian Sea. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation*, 21, 97–106.
- Farid, M.; Nasaruddin, N.; Musa, Y.; Anshori, M. F.; Ridwan, I.; Hendra, J.; Subroto, G. 2020. Genetic parameters and multivariate analysis to determine secondary traits in selecting wheat mutant adaptive on tropical lowlands. *Plant breeding and biotechnology*, 8(4), 368-377.
- Fitriah, A. F. Y.; Rachmadi, M.; Carsono, N. 2018. Principal Component Analysis (PCA) of Root Characters Local Variety Carrot from Sibayak. *Zuriat*, 29(2), 67.
- IPGRI. 1997. *Descriptors for Tea (Camellia sinensis)*. Rome: International Plant Genetic Resources Institute.
- Jang, B. K.; Park, K.; Lee, S. Y.; Lee, H.; Yeon, S. H.; Ji, B.; Lee, C. H.; Cho, J. S. 2021. Screening of particulate matter reduction ability of 21 indigenous Korean evergreen species for indoor use. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(18), 9803.
- Jarwar, A. H.; Wang, X.; Iqbal, M. S.; Sarfraz, Z.; Wang, L.; Ma, Q.; Shuli, F. 2019. Genetic divergence on the basis of principal component, correlation and cluster analysis of yield and quality traits in cotton cultivars. *Pakistan Journal of Botany*, 51(3), 1143–1148.
- Jin, J. Q.; Dai, W. D.; Zhang, C. Y.; Lin, Z.; Chen, L. 2022. Genetic, morphological, and chemical discrepancies between *Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze and its close relatives. *Journal of Food Composition and Analysis*, 108, 104417.

- Kamal, D.; Khan, M. A.; Mujtaba-shah, G.; Ahmed, N.; Shah, B. H.; Ahmed, I. **2023**. Morphological and Anatomical Studies of Tea Varieties and Clones Grown at Nthri, Shinkiari, Mansehra, Pakistan. *Pakistan Journal of Agricultural Research*, 36 (4), 341-349.
- Lin K, Wang A, Li Y, Li L, Wei J, Zhou F, Liang S, Yang X, Zhao D, Yan D. **2024**. Genetic diversity analysis and germplasm identification of 'ShiqianTaicha' (*Camellia sinensis* var. *sinensis*) resources based on morphological traits and biochemical components. *Research square*, 1-22.
- Lo, S. K.; Hu, C. Y.; Roan, S. F.; Su, T. C.; Chen, I. Z. **2023**. Relationship between Flower Phenotypic Traits and Fruit Yields in Tea (*Camellia sinensis* L.) Varieties. *Horticulturae*, 9(4), 1-16.
- Martono, B.; Syafaruddin, S. **2018**. Genetic Variability of 21 Tea Genotypes (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) Based on RAPD Markers. *Jurnal Tanaman Industri Dan Penyegar*, 5(2), 77-85.
- Pranoto, E. Transformasi Teknologi Budidaya Teh Berkelanjutan. ANR Conference Series, Seminar Nasional Optimasi Peran dan Kontribusi Stakeholder guna Mendukung Daya Saing Agribisnis Komoditas Penyegar, Medan, Indonesia, 18-19 Agustus 2022. Talenta: Medan, Indonesia.
- Prayoga, G. I.; Mustikarini, E. D.; Pradika, D. **2017**. Seleksi Aksesori Padi Lokal Bangka Melalui Pengujian Variabilitas dan Heritabilitas. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Pertanian*, 1(2), 56-67.
- Prayoga, M. K.; Syahrian, H.; Rahadi, V. P.; Atmaja, M. I. P.; Maulana, H.; Anas. **2022**. Quality diversity of 35 tea clones (*Camellia sinensis* var. *sinensis*) processed for green tea. *Biodiversitas*, 23(2), 810-816.
- Prayoga, M. K.; Syahrian, H.; Rahadi, V. P.; Maulana, H.; Shabri, S.; Akhdya, A.; Martono, N.; Santoso, T. J.; Utami, D. W. **2023**. Stabilitas Parameter Kualitas 35 Klon Teh Sinensis (*Camellia Sinensis* var. *Sinensis*) Yang Diolah Menjadi Teh Hijau Dengan Metode Panning dan Steaming. *Agrosaintek: Jurnal Ilmu dan Teknologi Pertanian*, 7(2), 70-78.
- Rahadi, V. P.; Khomaeni, H. S.; Chaidir, L.; Martono, B. **2016**. Genetic diversity and relationship of tea germplasm collection based on leaf morphology character and yield components. *Jurnal Tanaman Industri Dan Penyegar*, 3(2), 103-108.
- Ramdan, A.; Suryawati, E.; Kusumo, R. B. S.; Pardede, H. F.; Mahendra, O.; Dahlan, R.; Fauziah, F.; Syahrian, H. **2019**. Deep CNN Based Detection for Tea Clone Identification. *Jurnal Elektronika Dan Telekomunikasi*, 19(2), 45.
- Saragih, R.; Saptadi, D.; Zanetta, C. U.; Waluyo, B. **2018**. Keanekaragaman genotipe-genotipe potensial dan penentuan keragaman karakter argo-morfologi ercis (*Pisum sativum* L.). *Jurnal Agro*, 5(2), 127-139.
- Simalango, M.; Fadil, C.; Imaningsih, N. **2023**. Analisis Daya Saing Ekspor Teh Indonesia di Pasar Global Tahun 2017-2021. *Jurnal Ilmiah Wahana Pendidikan*, 9(18), 458-464.
- Sriyadi, B. **2010**. Superior *sinensis* tea clones release of GMBS 1, GMBS 2, GMBS 3, GMBS 4, and GMBS 5. *Jurnal Penelitian Teh Dan Kina*, 14(2), 59-71.
- Sriyadi, B. **2012**. Analisis kemiripan morfologi daun beberapa klon teh generasi pertama. *Jurnal Penelitian Teh Dan Kina*, 15(2), 51-58.
- Sriyadi, B. **2015**. An assessment of genetic relationship in tea clones based on important chemical compounds and yield potential. *Jurnal Penelitian Teh Dan Kina*, 18(1), 1-10.
- UPOV. **2022**. *Descriptor List of UPOV for Tea*. Geneva: International union for protection of new varieties of plants.
- Wardhani, V. D.; Rahadi, V. P.; Syahrian, H.; Prayoga, M. K. **2024**. Kekekabatan Genetik 50 Klon Kina (*Cinchona ledgeriana*) Berdasarkan Karakter Morfologi pada Fase Tanaman Belum Menghasilkan (TBM). *Jurnal Sains Teh Dan Kina*, 3(1), 1-7.
- Zakir, M. Morphological and biochemical characterization of tea (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) clones in southwestern Ethiopia. Master of Science Thesis, Jimma University, Ethiopia, 2019.