

# Kekerabatan Genetik 41 Klon Kina (*Cinchona ledgeriana*) Asal Biji Berdasarkan Karakter Morfologi

## Genetic Relationship of 41 Cinchona (*Cinchona ledgeriana*) Clones of Seed Origin Based on Morphological Characters

Iftita Fitri<sup>1</sup>, Heri Syahrin<sup>1</sup>, Vitria P. Rahadi<sup>1</sup>, dan M. Khais Prayoga<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Pusat Penelitian Teh dan Kina; [secretariat@iritc.org](mailto:secretariat@iritc.org)

\* Correspondence: [mkhaisprayoga@yahoo.com](mailto:mkhaisprayoga@yahoo.com)

**Abstract:** *Cinchona ledgeriana*, or quinine, is a tree plant that has many benefits for human life, so the decreasing productivity of quinine in Indonesia needs to be improved. Quinine productivity can be increased by using superior clones through plant breeding. Quinine breeding generally involves two different parents (cross-pollination), but it risks causing inbreeding depression caused by close genetic kinship. Genetic kinship research is important to prevent inbreeding depression. This study aims to determine the kinship of 41 *C. ledgeriana* genotypes at the Indonesia Research Institute for Tea and Cinchona (IRITC). The research was conducted at IRITC, Pasirjambu subdistrict, Bandung Regency, West Java. There are 8 morphological characteristics observed as parameters, including plant height, leaf number, stem diameter, branch number, leaf length, leaf width, leaf shape, and leaf vein number. Data were analyzed using PAST 3 with cluster analysis of UPGMA algorithm method, resulting in Euclidean dissimilarity matrix and PCA analysis. The results showed that the 41 quinine genotypes were divided into two main clusters. The closest related genotypes were QRC 219-15 and QRC 259-10. The contributing characters to diversity were the plant height with a loadings value of 0.950 in PC 1 and number of leaves with a loadings value of 0.960 in PC 2.

Received: 04 Juli 2025

Accepted: 13 Juli 2025

Published: 28 Juli 2025

**Keywords:** *Cinchona*, genetic kinship, cluster analysis

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

**Abstrak:** Kina (*Cinchona ledgeriana*) merupakan tanaman pohon yang memiliki banyak manfaat bagi kehidupan manusia, sehingga produktivitas kina di Indonesia yang semakin menurun harus ditingkatkan lagi. Produktivitas kina dapat ditingkatkan dengan penggunaan klon unggul melalui pemuliaan tanaman. Pemuliaan tanaman kina umumnya melibatkan dua tetua berbeda (penyerbukan silang), tetapi kegiatan tersebut berisiko menimbulkan depresi silang yang disebabkan oleh kedekatan hubungan kekerabatan. Penelitian kekerabatan genetik penting dilakukan untuk mencegah depresi silang. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan 41 genotipe *C. ledgeriana* asal biji di Pusat Penelitian Teh dan Kina (PPTK). Penelitian dilakukan di PPTK, Kecamatan Pasirjambu, Kabupaten Bandung, Jawa Barat. Terdapat delapan karakter morfologi yang diamati, antara lain tinggi tanaman, jumlah daun, diameter batang, jumlah cabang, panjang daun, lebar daun, bentuk daun, dan jumlah tulang daun. Data dianalisis menggunakan PAST 3 dengan analisis kluster metode algoritma UPGMA, sehingga diperoleh hasil matriks jarak kemiripan Euclidean dan analisis PCA. Hasil penelitian menunjukkan bahwa 41 genotipe kina terbagi menjadi dua kluster utama. Genotipe dengan kekerabatan terdekat ditunjukkan oleh QRC 219-15 dan QRC 259-10. Karakter yang berkontribusi terhadap keragaman yaitu tinggi tanaman dengan nilai loadings sebesar 0,952 pada PC 1 dan jumlah daun dengan nilai loadings sebesar 0,960 pada PC 2

**Kata Kunci:** Kina, kekerabatan genetik, analisis kluster

## 1. Pendahuluan

Tanaman kina (*Cinchona ledgeriana*) merupakan tanaman perkebunan yang memiliki nilai ekonomis. Kulit kina saat ini masih dibutuhkan oleh dunia berdasarkan kegunaan utamanya sebagai tanaman biofarmaka untuk obat malaria. Meskipun penyakit malaria dapat dikatakan sudah tidak banyak, tetapi terdapat manfaat lain yang didapatkan dari kina diantaranya obat untuk penyakit jantung, minuman ringan, garam kina, campuran bahan peledak, kosmetik dan lain-lain (Suriadikusumah dan Pratama, 2010). Manfaat tersebut didapatkan dari kandungan metabolit sekunder yaitu kinin, kinidin, sinkonin, sinkonidine. Mengingat banyaknya fungsi dan manfaat dari tanaman kina tersebut, diperlukan perbaikan dan peningkatan kualitas biji kina untuk menghasilkan varietas yang unggul.

Penghasilan varietas unggul didapatkan dari serangkaian kegiatan pemuliaan tanaman. Kegiatan pemuliaan tanaman merupakan rangkaian proses merakit keragaman genetik tanaman menjadi lebih unggul dari sebelumnya. Pemuliaan tanaman kina dilakukan dengan merancang dan melakukan proses seleksi tanaman baru yang dikembangkan sesuai dengan sifat yang diinginkan untuk memenuhi kebutuhan masyarakat dan lingkungan. Proses seleksi diharapkan mampu memperbaiki karakter yang diinginkan.

Keragaman genetik diperlukan untuk mengumpulkan karakter yang diinginkan sehingga proses seleksi lebih efektif. Variabilitas atau keragaman menjadi syarat utama dalam kegiatan yang diamati. Tanaman kina setiap individu memiliki keragaman yang luas karena termasuk dalam jenis tanaman yang menyerbuk silang yang memiliki susunan genetik heterozigot (Hidayat *et al.* 2018). Pemuliaan pada tanaman kina melibatkan dua tetua yang berbeda dikarenakan tanaman kina merupakan tanaman yang menyerbuk silang dan heterozigot. Proses penyerbukan secara silang pada tanaman kina berpotensi menimbulkan inbreeding depression (depresi silang). Mustikarini *et al.* (2023), menjelaskan bahwa depresi silang dapat mengakibatkan penampilan karakter tanaman menjadi lebih buruk, rentan terhadap penyakit dan tanaman menjadi lebih kecil serta memperlihatkan sifat-sifat yang tidak diinginkan. Hal ini terjadi karena gen-gen resesif yang menentukan sifat-sifat yang tidak diinginkan akan lebih mudah ditemukan dan diekspresikan pada keadaan homozigot.

Depresi silang dapat terjadi pada persilangan tanaman yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat atau perkawinan saudara (Baskorowati, 2017). Kekerabatan genetik yang jauh, menurut Dini *et al.* (2023), dibutuhkan untuk memperbesar kemungkinan munculnya keturunan unggul. Analisis kesamaan tampilan fenotipik pada sejumlah organisme menjadi dasar untuk mengukur hubungan kekerabatan dan jarak genetik secara fenotip. Kedua individu atau populasi dapat dibandingkan berdasarkan kesamaan karakter-karakter mereka, dengan asumsi bahwa perbedaan karakter terjadi karena perbedaan susunan genetik. Kemampuan untuk memperkirakan hubungan kekerabatan yang lebih akurat dapat dicapai dengan menggunakan karakter-karakter morfologi yang memiliki nilai heretabilitas tinggi dan stabil (Hidayat dan Adirejo, 2020).

Peningkatan kualitas biji kina dapat meningkatkan potensi hasil dan meningkatkan produksi. Pemuliaan tanaman tahunan membutuhkan waktu yang relatif lama, biaya yang tinggi, serta fasilitas yang memadai. Penentuan tujuan pemuliaan, pemilihan spesies, prosedur seleksi beserta pemilihan karakter harus dipertimbangkan. Hal yang perlu diperhatikan dalam perakitan varietas baru adalah keunggulan tanaman sehingga setiap calon varietas mempunyai karakteristik yang berbeda dengan yang sudah ada (Sunandar *et al.* 2023). Kegiatan persilangan merupakan awal proses pemuliaan tanaman untuk menghasilkan genotipe tanaman kina guna meningkatkan keragaman genetik tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan genetik 41 genotipe kina berdasarkan karakter morfologi.

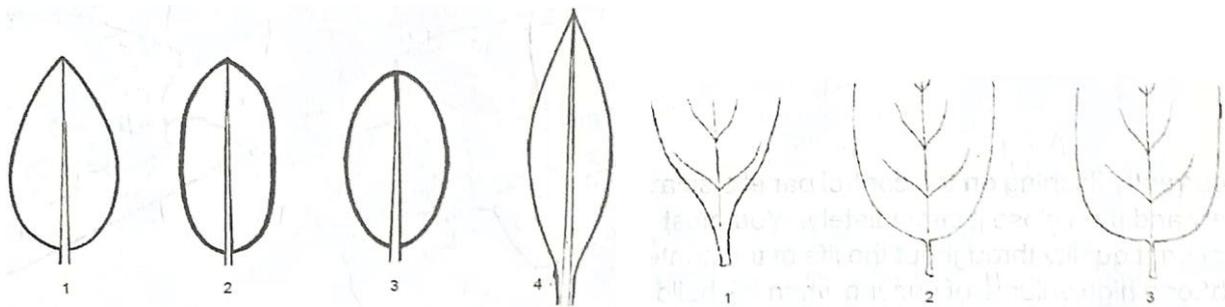
## 2. Metode

Penelitian dilaksanakan di Kebun Percobaan Pusat Penelitian Teh dan Kina, Kecamatan Pasirjambu, Kabupaten Bandung, Jawa Barat. Lokasi penelitian berada di ketinggian 1.353 mdpl. Bahan yang digunakan adalah 41 genotipe kina berumur delapan bulan yang berasal dari persilangan alami tiga tetua yaitu QRC 114, QRC 259, dan QRC 219. Genotipe yang diamati terdiri dari satu genotipe dari masing-masing tetua, 18 genotipe klon QRC 114, 5 genotipe klon QRC 259, dan 15 genotipe klon QRC 219 (Tabel 1). Alat yang digunakan meliputi penggaris, meteran, dan jangka sorong. Karakter yang diamati meliputi tinggi tanaman, diameter batang, jumlah daun, jumlah cabang, panjang daun, lebar daun, bentuk daun, bentuk pangkal daun, dan jumlah tulang daun.

Sampel diambil 1 tanaman tiap klonnya yang dipilih paling baik kenampakannya. Tinggi tanaman diukur dari batas sambungan sampai pucuk daun tertinggi. Jumlah daun dihitung total daun yang ada pada tanaman kina. Diameter batang diukur di bagian dekat sambungan. Panjang daun diukur dari ujung daun sampai pangkal daun pada daun ke-4 dari atas. Lebar daun diukur pada bagian tengah-tengah daun pada daun ke-4 dari atas. Tulang daun dihitung jumlah tulang daun utama pada daun ke-4 dari atas. Untuk menentukan bentuk daun dan bentuk pangkal daun dilakukan pengamatan secara kualitatif dengan mencocokkan daun kina yang ada di lapang dengan klasifikasi seperti pada Gambar 1.

**Tabel 1.** Koleksi Klon plasma Nutfah Kina Yang digunakan

No.	Klon	No.	Klon	No.	Klon	No.	Klon	No.	Klon
1	QRC 114	11	QRC 114_10	21	QRC 259_1	31	QRC 219_5	41	QRC 219_18
2	QRC 114_1	12	QRC 114_11	22	QRC 259_2	32	QRC 219_6		
3	QRC 114_2	13	QRC 114_12	23	QRC 259_6	33	QRC 219_7		
4	QRC 114_3	14	QRC 114_14	24	QRC 259_7	34	QRC 219_8		
5	QRC 114_4	15	QRC 114_15	25	QRC 259_10	35	QRC 219_9		
6	QRC 114_5	16	QRC 114_17	26	QRC 219	36	QRC 219_10		
7	QRC 114_6	17	QRC 114_18	27	QRC 219_1	37	QRC 219_11		
8	QRC 114_7	18	QRC 114_20	28	QRC 219_2	38	QRC 219_12		
9	QRC 114_8	19	QRC 114_21	29	QRC 219_3	39	QRC 219_14		



**Gambar 1.** Klasifikasi bentuk daun dan bentuk pangkal daun

Analisis kekerabatan dilakukan untuk mengetahui kekerabatan genetik dan menduga jarak genetik berdasarkan kemiripan objek yang diamati (Murtiyaningsih, 2017). Pengukuran kemiripan genetik antar individu menggunakan analisis kluster menggunakan program PAST 3 dengan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method of Arithmetic Average*) berdasarkan hasil matrik jarak Euclidean. Analisis komponen utama atau *Principal component analysis* (PCA) untuk mengetahui perbedaan antara variabel tanaman. Komponen utama (PC) bermakna apabila nilai %cumulative lebih dari 80%. Karakter yang dianggap berkontribusi utama pada setiap PC ditandai dengan nilai loadings lebih dari 0,5 (Elhaik, 2022).

### 3. Hasil dan Pembahasan

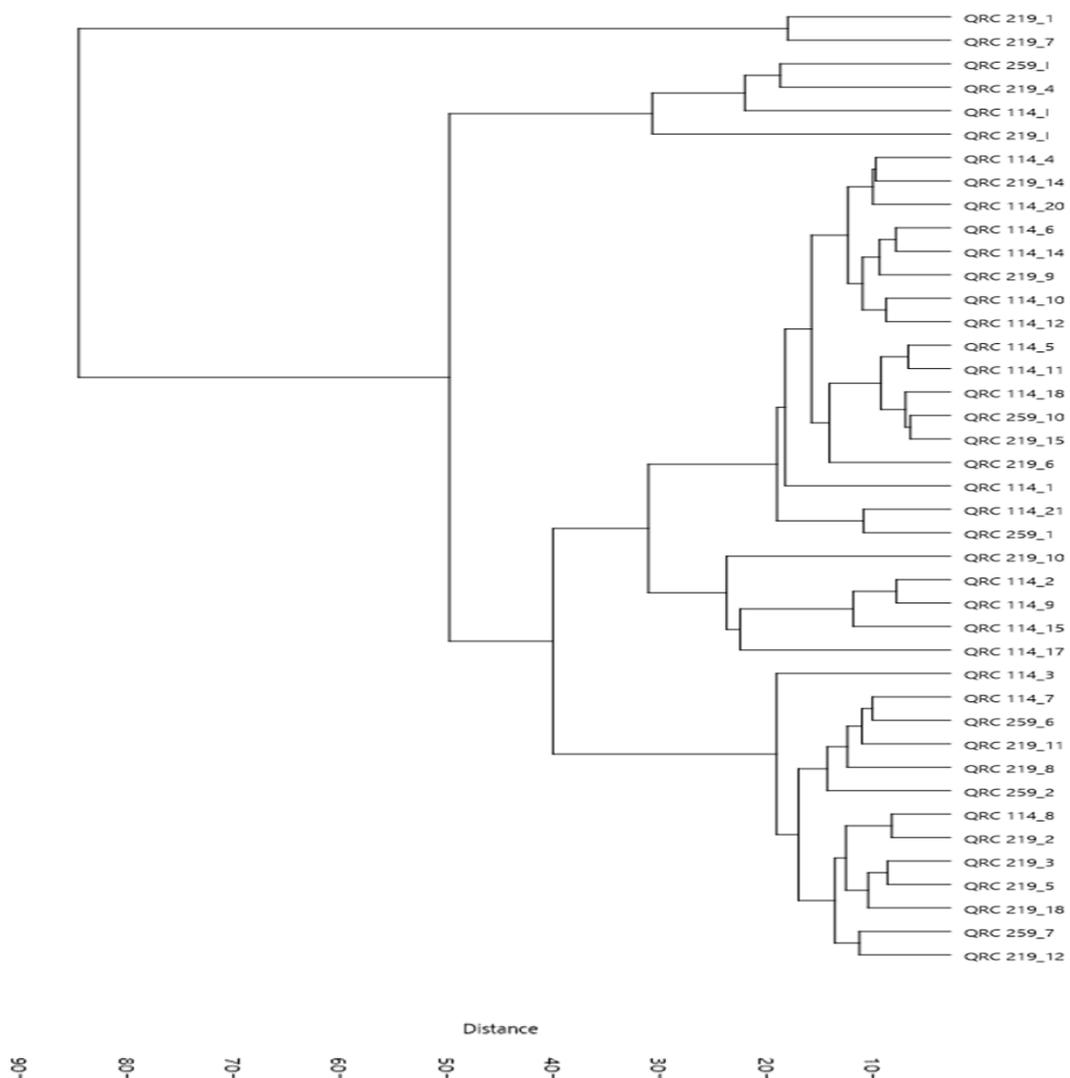
#### 3.1. Kekerabatan Genetik

Kelompok organisme dianggap memiliki hubungan kekerabatan yang erat apabila memiliki kesamaan ciri atau karakter. Jarak genetik yang ditampilkan pada penelitian ini berbentuk dendogram. Menurut Sujadi *et al.* (2019), dendogram selain memperlihatkan jarak genetik, juga dapat menunjukkan karakteristik pada setiap genotipe tanaman. Berdasarkan karakter kualitatif seperti bentuk daun dan karakter kuantitatif seperti tinggi tanaman, diameter batang, jumlah cabang, jumlah daun, panjang daun, dan lebar daun yang diamati, pengelompokan dilakukan untuk menghasilkan gambaran posisi masing-masing genotipe dalam dendogram. Nilai jarak genetik menunjukkan hubungan kemiripan atau kekerabatan antar genotype.

Analisis keragaman genetik menghasilkan kluster genetik dalam bentuk dendogram. Nilai jarak genetik pada dendogram hasil analisis kluster UPGMA dihitung dengan jarak Euclidean. Nilai *similarity* (kemiripan) dan pengelompokan antar sampel menunjukkan tingkat kekerabatan. Hasil analisis kluster berdasarkan delapan karakter dapat dilihat pada Gambar 2.

Genotipe yang berada di dalam kelompok yang sama akan mengindikasikan bahwa genotipe tersebut memiliki banyak kemiripan berdasarkan karakter morfologi. Pengelompokan antar genotipe membagi menjadi 2 kluster dan beberapa subkluster yang menunjukkan tingkat kekerabatan antar genotipe. Pengelompokan dan nilai koefisien ketidaksamaan pada dendogram

menunjukkan bahwa hampir seluruh sampel genotipe kina asal biji (QRC 114, QRC 259, dan QRC 219) relatif berkerabat dekat karena hampir seluruhnya berada dalam kluster yang sama. Kekerbatan genotipe QRC 219-1 dan QRC-7 tidak terlalu dekat dengan genotipe lainnya karena berada di kluster berbeda. Garis pada dendrogram apabila semakin mendekati angka 0 menunjukkan kekerabatan semakin dekat dimana semakin dekat maka semakin banyak kesamaan yang dimiliki antar genotipe (Hetharie, et al, 2018). Nilai kesamaan yang besar dan pengelompokkan yang tidak terlalu signifikan menyebabkan keragaman kina 41 genotipe kina asal biji sempit. Hal ini dikarenakan apabila semakin kecil nilai dissimilaritas maka semakin besar pula nilai kesamaan maka semakin mirip pula kekerabatan antar objek dan sebaliknya (Angkat et al, 2018).



**Gambar 2.** Klastering 41 Genotipe Kina (Koefisien Euclidean)

Jarak ketidakmiripan terendah yaitu genotipe QRC 219-15 dan QRC 259-10 yang menunjukkan memiliki karakter morfologi yang tinggi sehingga hubungan kekerabatan antara kedua genotipe ini sangat dekat. Tingginya derajat kesamaan tidak menutup kemungkinan kedua

genotipe merupakan materi yang sama. Genotipe tetua QRC 114, QRC 259, dan QRC 219 relatif berkerabat dekat karena berada dalam subklaster yang sama. Keragaman genetik suatu populasi bergantung pada apakah bersegregasi tersebut dari suatu persilangan, pada persilangan ke berapa dan bagaimana latar belakang genetiknya (Crowder, 1990). Terdapat dugaan penyebab keragaman genetik populasi kina hasil polycross sempit karena latar belakang genetik tetuanya berasal dari sumber genetik yang sama. Jarak ketidakmiripan terendah antara genotipe tetua dengan F1 yaitu genotipe QRC 219-I dan QRC 219-4. Genotipe yang memiliki kemiripan tinggi maka tidak akan terjadi banyak perbaikan dalam proses persilangan dan dianggap sebagai duplikasi sehingga hanya salah satu klon yang akan diikuti dalam analisis lanjut lainnya (Lestari *et al* 2019).

Analisis jarak genetik tanaman dalam sekelompok genotipe dilakukan untuk menentukan tahapan pemuliaan tanaman selanjutnya. Informasi mengenai kemiripan genetik berdasar karakter morfologi dapat digunakan pemulia tanaman untuk membuat populasi persilangan. Program pemuliaan tanaman kina dalam mengidentifikasi perbedaan genetik antar genotipe melalui analisis klaster memungkinkan penemuan kemajuan genetik dalam karakter tertentu dan juga menunjukkan peran kombinasi heterosis dalam program pemuliaan.

### 3.2 Komponen Utama

Analisis komponen utama dilakukan pada 41 genotipe kina asal biji untuk melihat hubungan kekerabatan dan karakter yang berpengaruh terhadap variasi yang muncul diantara genotipe-genotipe tersebut. Berdasarkan % cumulative dari penjumlahan % varian terdapat komponen utama satu (PC 1) dapat menggambarkan 83,11% variasi dari 41 genotipe-genotipe yang diuji. Sehingga penilaian karakter yang berkontribusi hanya pada PC 1 saja. Hasil analisis komponen utama dapat dilihat pada Tabel 2.

**Tabel 2.** Nilai Komponen Utama 41 Genotipe Kina Asal Biji

No	Karakter	Komponen Utama (PC)		
		1	2	3
1	Tinggi Tanaman	<b>0.950</b>	-0.255	-0.151
2	Jumlah Daun	0.262	<b>0.960</b>	0.035
3	Diameter batang	0.083	0.017	0.003
4	Jumlah Cabang	0.028	0.074	-0.019
5	Panjang Daun	0.122	-0.074	0.624
6	Lebar Daun	0.067	-0.040	0.436
7	Bentuk Daun	0.003	0.006	-0.070
8	Bentuk Pangkal Daun	-0.001	0.002	-0.009
9	Jumlah Tulang Daun	0.048	-0.011	0.625
Eigenvalue		834.865	118.095	33.702
Variability (%)		83.112	11.756	3.355

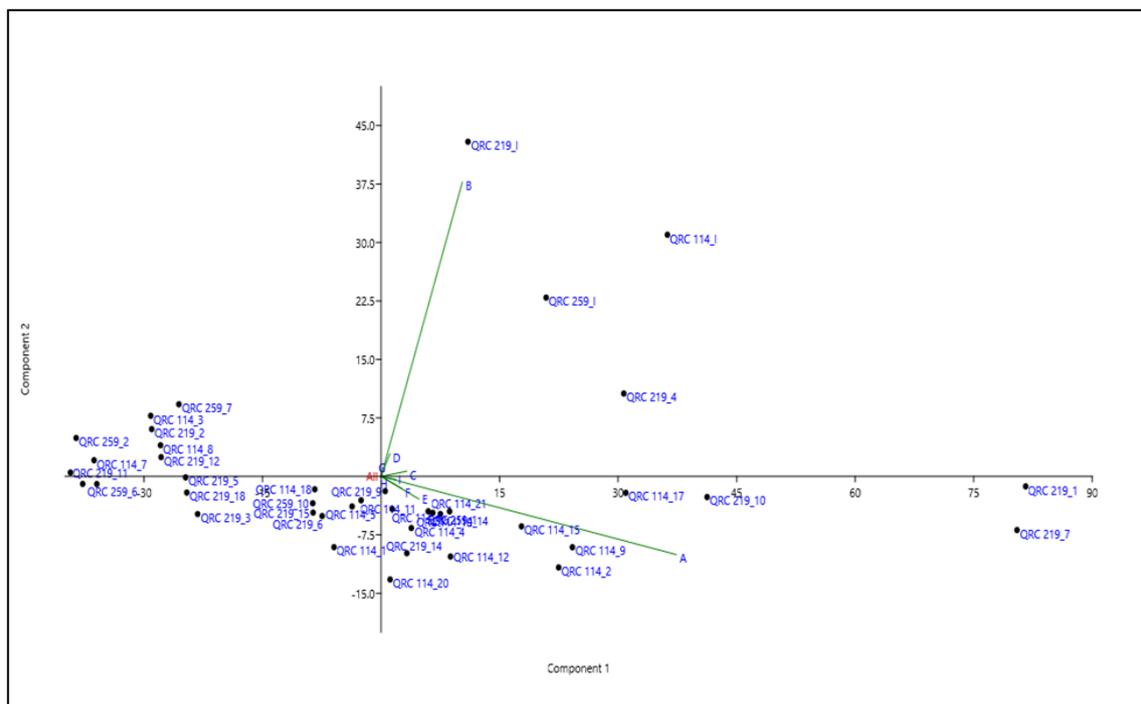
Cumulative (%)	83.112	94.868	98.223
----------------	--------	--------	--------

Keterangan: Angka yang dicetak tebal adalah nilai karakter yang berpengaruh karena diskriminant >0,5

Hasil analisis komponen utama dianggap bernilai apabila karakter tersebut memiliki kontribusi utama terhadap keragaman atau variasi yang dihasilkan. Hal ini sesuai dengan Lestari dan Julianto (2020), bahwa hasil analisis komponen utama yang memiliki nilai positif menunjukkan jika karakter yang diamati berkontribusi nyata terhadap keragaman, sedangkan yang memiliki nilai negatif berarti tidak memiliki kontribusi nyata terhadap keragaman. Elhaik (2022) menambahkan bahwa jenis pengaruh variabel ditentukan berdasarkan nilai loadingsnya.

Pada tabel 2 tampak menggambarkan bahwa PC 1 memberikan kontribusi proporsi variasi sebesar 83, 11% pada 41 genotipe kina asal biji yang diberikan oleh karakter tinggi tanaman. Nilai karakter tinggi tanaman merupakan karakter yang berpengaruh utama terhadap keragaman karena memiliki nilai loadings lebih dari 0,5 yaitu sebesar 0,950. Karakter tinggi tanaman memiliki kontribusi terhadap keragaman karena setiap genotipe memiliki perbedaan tinggi tanaman yang tidak seragam. Perbedaan tinggi tanaman dikarenakan setidaknya terdapat 3 faktor lingkungan dan 1 faktor genetik (David dan Jhonson, 1987). Faktor genetik yang dapat mempengaruhi tinggi tanaman diantaranya keseimbangan sifat genetik antara pertumbuhan tinggi, diameter pohon dan cabang yang dapat mempengaruhi perbedaan morfologi tanaman (Firdaus, 2022). Karakter lainnya yaitu jumlah daun, diameter batang, jumlah cabang, panjang daun, lebar daun, bentuk daun, bentuk pangkal daun, dan jumlah tulang daun tidak memberikan kontribusi terhadap keragaman yang berarti dikarenakan relatif sama antargenotipe. Selain tinggi tanaman karakter lain yang berpengaruh adalah jumlah daun dengan nilai loadings sebesar 0,960.

Pola penyebaran 41 genotipe kina asal biji dapat dilihat pada Gambar 3 biplot kekerabatan PC 1 dan PC 2. Genotipe yang berada pada kuadran yang sama menunjukkan bahwa genotipe-genotipe tersebut mempunyai kekerabatan yang sangat dekat. Genotipe yang berada pada kuadran yang berbeda mempunyai kekerabatan yang jauh. Analisis biplot dilakukan untuk mengetahui karakter yang berkelompok atas karakteristik dengan ciri khas karakter tertentu. Analisis ini mengelompokkan genotipe ke dalam empat kuadran. Analisis biplot terhadap 41 genotipe kina ditunjukkan melalui Gambar 3.



Keterangan: A =Tinggi Tanaman,B = Diameter Batang,C = Jumlah Daun, D = Jumlah Cabang, E = Panjang Daun, F = Lebar Daun, G = Bentuk Daun, dan H = Bentuk Pangkal Daun

**Gambar 3.** Biplot 41 Genotipe Kina Asal Biji

Analisis biplot pada Gambar 3 menggambarkan bahwa 41 genotipe kina asal biji tersebar pada 4 kuadran biplot. Genotipe kina yang memiliki hubungan kekerabatan dekat ditunjukkan pada letak kuadran yang sama apabila terletak di kuadran yang berbeda maka memiliki hubungan kekerabatan yang jauh (Hetharie et al, 2018). Genotipe GRC 219-I, QRC 114-I, QRC 259-I, dan QRC 219-4 terletak pada kuadran yang sama dengan sudut antara penciri terbentuk  $< 90$  sehingga keempat genotipe tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hal yang sama juga ditunjukkan pada hasil analisis kluster bahwa genotipe-genotipe tersebut terletak pada kluster bahkan subkluster yang sama. Analisis kluster digunakan untuk mengelompokkan objek menggunakan kedekatan antarobjek sedangkan analisis biplot menggambarkan baris sebagai objek dan kolom sebagai peubah dalam sebuah grafik dimensi (Ariawan *et al* 2013).

#### 4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis kluster, ke-41 genotipe yang diuji terbagi menjadi dua kelompok utama. Genotipe QRC 219-15 dan QRC 259-10. memiliki tingkat kekerabatan yang paling dekat, sehingga tidak disarankan untuk melakukan persilangan ulang. Keragaman yang dihasilkan dipengaruhi oleh karakter tinggi tanaman dengan nilai loadings 0,952 pada PC 1 dan karakter jumlah daun dengan nilai loading 0,960 pada PC 2. Konfirmasi lebih lanjut masih diperlukan dengan menggunakan penanda molekuler, seperti SSR atau RAPD, guna memperoleh hasil identifikasi yang lebih akurat dan valid.

**Ucapan Terima Kasih :** Penulis mengucapkan terimakasih banyak kepada Pusat Penelitian Teh dan Kina yang telah memberikan sarana prasarana selama penelitian dilakukan. Ucapan terimakasih juga disampaikan kepada pembimbing, teknisi, teman-teman, dan semua yang telah berkontribusi dalam penelitian ini.

### Daftar Pustaka

- Angkat, N.U; Siregar, L.A.M; Damanik, R.I. Identifikasi Karakter Morfologi Buah Naga (*Hylocereus* sp.) Di Kecamatan Sitinjo Kabupaten Dairi Sumatera Utara. *Jurnal Agroekoteknologi FP USU* **2018**, Vol.6.No.4, (121): 818- 825.
- Ariawan, I.M.A; Kencana, I.P.E.N; Suciptawati, N.L.P. Komparasi Analisis Gerombol (Cluster) dan Biplot dalam Pengelompokan. *E-Jurnal Matematika* **2013**, Vol. 2, No.4
- Baskorowati, L. Depresi Silang Dalam Biji dan Semai *Melaleuca alternifolia*. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* **2017**, 11(2): 87-98.
- Crowder, L. V.. Genetika Tumbuhan. Terjemah dari: Plant Genetics. Penerjemah: L. Kusdiari dan Sutarso. Gajah Mada University Press, **1990**. Yogyakarta.
- Dini, N.A.R.; Azizah E.; Samaullah, M.Y.; Susanto, U. Hubungan Kekerabatan Beberapa Varietas Unggul Terpilih Tanaman Padi (*Oryza sativa* L.) Berdasarkan Marka Morfologi. *Jurnal Agroplasma* **2023**, 10(1): 25-34.
- Elhaik, E. Principal Component Analyses (PCA)-based findings in population genetic studies are highly biased and must be reevaluated. *Sci Rep* 12, 14683 **2022**. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-14395-4>
- Firdaus, N; Chusnah, M; Purbowo. Identifikasi Morfologi Vegetatif dan Generatif Varietas Jambu Bol Gondangmanis Kecamatan Bandarkedungmulyo Jombang. *Agrosaintifika : Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian*, **2022**. Volume 4 No.2,
- Hetharie, H., Raharjo, S.H.T., dan Jambormias, E. 'Pengelompokan Klon-Klon Ubi Jalar Berdasarkan Analisis Gerombol, Komponen Utama dan Biplot dari Karakter Morfologi', *J. Agron. Indonesia* **2018**, 46(3), pp. 276–282.
- Hidayat, D.; Chaidir, L; Khomaeni, H.S.; Wicaksana, N. Penilaian Keragaman Beberapa Karakter Pertumbuhan Koleksi Plasma Nutfah Bibit Kina (*Cinchona Ledgeriana* Moens) Secara Destruktif. *Jurnal Penelitian Teh dan Kina* **2018**, 21(1): 1-7.
- Hidayat, R. dan Adirejo, L. Keragaman Genetik dan Heritabilitas Beberapa Karakter Kuantitatif pada Populasi Tanaman Padi (*Oryza sativa* L.) Generasi F2. *Jurnal Produksi Tanaman* **2020**, 8(1): 99-105
- Lestari SU, Hapsari RI, Basuki N. Crossing Among Sixteen Sweet Potato Parents for Establishing Base Population Breeding. *AGRIVITA* **2019**, 41(2): 246–255.

- 
- Lestari, S.U. dan Julianto, R.P.D. Analisis Keragaman Genetik dan Kekerabatan Genotipe Ubi Jalar Berdasarkan Karakter Morfologi. *BULETIN PALAWIJA* **2020**, VOL. 18 NO. 2
- Murtiyaningsh, H. Isolasi DNA genom dan identifikasi kekerabatan genetik nanas menggunakan RAPD (Random Amplified Polimorfic DNA). *Agritrop* **2017**, 15:83-93. doi: 10.32528/agr.v15i1.795
- Mustikarini, E.D; Prayoga, G.I.; Yufikar. Karakter Morfologi dan Depresi Silang dalam Galur F4 Jagung Ungu Hasil Persilangan Bersari Bebas. *Agrotechnology Research Journal* **2023**, 7(1): 26-32.
- Sunandar, A.; Yeny, R.F.; Hilal, S.; Millah, Z; Sabda, D; Natawijaya, A. Uji Keunggulan Calon Varietas Melon Minion (*Cucumis Melo* L.) di Desa Cikarawang Dramaga. *Jurnal Zuriat* **2023**, 34(2): 85-93.
- Suriadikusumah, A. & Pratama, A. Penetapan Kelembapan, Tekstur Tanah dan Kesesuaian Lahan untuk Tanaman Kina (*Chnchona* spp.) di Sub Das Cikapundung Hulu Melalui Citra Satelit Landsat-TM Image 2010. *Jurnal Agrikultura* **2010**, 21(1): 85-92.