

## Pendugaan Jarak Genetik Berdasarkan Karakter Agromorfologi Genotip Jarak Kepyar Hasil Penerapan Kolkisin Generasi Ke-4

### The Estimation Genetic Distance Based on Agromorphological Character Of Castor Bean Genotypes 4th Generation Colchicine Treatment

Hariyati Khasanah dan Budi Waluyo<sup>\*)</sup>

Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Brawijaya

Jln. Veteran Malang 65145

<sup>\*)</sup>E-mail: budiwaluyo@ub.ac.id

#### ABSTRAK

Jarak kepyar (*Ricinus communis* L.) adalah salah satu komoditi penghasil sumberdaya nabati yang banyak dimanfaatkan menyebabkan permintaan bijinya di berbagai negara meningkat. pendugaan jarak genetik diperlukan sehingga dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan tanaman. Tujuan penelitian untuk menduga keragaman karakter agromorfologi jarak kepyar hasil penerapan kolkisin generasi ke-4 (CT4) aplikasi kolkisin serta untuk mempelajari jarak genetik dan pengelompokan genotip jarak kepyar generasi CT4 aplikasi kolkisin berdasarkan karakter agromorfologi. Penelitian dilaksanakan di Kepuharjo, Malang pada bulan April sampai September 2017. Bahan yang digunakan adalah 25 genotip jarak kepyar generasi CT4 aplikasi kolkisin, pupuk kompos, dan pupuk Urea, SP36 dan KCl. Setiap genotip terdapat 8 tanaman dengan 2 kali ulangan, jarak antar tanaman 90 x 50 cm. Pengamatan jarak kepyar dilakukan dengan mengamati karakter agronomi dan karakter morfologi. Terdapat keragaman karakter agromorfologi pada 25 genotip jarak kepyar generasi CT4 mencapai 92,64% yang melibatkan 16 komponen utama pertama. Karakter yang berkontribusi terhadap keragaman terdapat pada karakter tinggi tanaman, lebar tanaman, panjang tangkai daun, bobot tandan utama, jumlah buah tandan utama, bobot buah per tanaman, berat tandan sekunder dan tersier, jumlah biji tandan utama, bobot biji tandan sekunder dan tersier serta bobot biji per tanaman.

Pengelompokan genotip berdasarkan 72 karakter agromorfologi pada genotip jarak kepyar CT4 terbagi menjadi 6 kelompok yang memiliki jarak genetik yang bervariasi dengan rentang 0 – 0,08. Genotip yang memiliki jarak genetik 0 terdapat pada genotip C1012(CT4)-18[(M)] dengan C1012(CT4)-19[(K)] serta genotip yang memiliki jarak genetik mencapai 0,08 adalah genotip C864(CT4)-7[(T0 I)] dengan C1012(CT4)-19[(K)].

Kata kunci : Agronomi, Jarak kepyar, Morfologi, Pengelompokan Genotip

#### ABSTRACT

Castor bean (*Ricinus communis* L.) is one of most abundant oil-producing plants, therefore increasing castor bean demand is increased. Estimation of genetic distance is required so it can be used in breeding program. The purpose of the study was to estimate variability of castor bean based on agromorphological character of colchicine treatment 4th generation (CT4) and to study genetic distance and clustering genotype of CT4 generation with colchicine treatment based on agromorphological character. The research was conducted in Kepuharjo, Malang from April to September 2017. The materials used were 25 genotypes castor bean CT4 generation of colchicine treatment, compost fertilizer, Urea, SP36 and KCl fertilizer. Each genotype has 8 plants 2 repetition, spacing between plants 90 x 50 cm. The castor bean observations were performed by observing the characters of agronomy and morphological characters.

Hariyati Khasanah dan Budi Waluyo, *Pendugaan Jarak Genetik Berdasarkan ...*

There is agromorphological variability in 25 castor bean genotypes 4th generation reaches 92,64% involving 16 principal component. Characters has contribute in variability are plant height, plant width, leaf length, spike weight, capsule number of main spike, capsule weight per plant, secondary and tertiary spike weight, seeds number of main spike, seeds weight of secondary and tertiary spike, and seeds weight per plant. Clustering of genotypes based on agromorphological characters on CT4 castor bean genotypes is divided into 6 cluster having a genetic range varying from 0 to 0.08. Genotypes with a genetic distance 0 are found in C1012(CT4)-18[(M)] genotype with C1012(CT4)-19[(K)] and genotypes with a genetic distance of 0.08 are C864(CT4)-7[(T01)] with C1012(CT4)-19 [(K)].

Keywords: Agronomical, Castor bean, Genotype Clustering, Morphological

## PENDAHULUAN

Jarak kepyar (*Rinicus communis* L.) adalah tanaman penghasil minyak nabati yang banyak dimanfaatkan sebagai sumber bahan kimia industri dan bahan bakar fosil (Goodarzi et al., 2015). Minyak biji jarak dimanfaatkan sebagai biodiesel dan merupakan sumber bahan kimia terbarukan yang dapat dimanfaatkan sebagai bahan baku cat, plastik, shampo dan kosmetik (Prechtel, 2001) biofarmaka, pestisida nabati, tekstil, tinta, nilon dan plastik (Gupta and Singh, 2015). Keragaman genetik tanaman dapat digunakan untuk mengembangkan dan meningkatkan kapasitas hasil dan kandungan minyak biji (Waluyo et al., 2017). Pengembangan pemuliaan tanaman dapat dilakukan dengan meningkatkan keragaman genetik tanaman melalui poliploidi dengan cara pemberian kolkisin pada varietas benih. Pemberian kolkisin dapat menyebabkan poliploid pada individu tersebut. Poliploidi merupakan proses penggandaan kromosom sehingga menghasilkan organisme yang memiliki jumlah kromosom dalam setiap sel

menjadi dua kali lipat atau terjadi proses poliploidisasi (Ariyanto et al., 2014). Pendugaan jarak genetik pada CT4 (hasil generasi ke-5) untuk mengelompokkan beberapa genotip jarak kepyar (*Ricinus communis* L.) berdasarkan penampilan agronomi dan morfologi sebagai salah satu metode pemuliaan tanaman untuk meningkatkan varian genetik tanaman. Menurut (Gajera et al., 2010) untuk menganalisis keragaman genetik jarak kepyar juga dapat menggunakan metode marka RAPD dan ISSR serta karakter morfologi tanaman.

## BAHAN DAN METODE PENELITIAN

Penelitian di daerah Kepuharjo, Kabupaten Malang. Penelitian dilaksanakan selama 5 bulan pada bulan April 2017 hingga September 2017. Peralatan yang digunakan adalah cangkul, gembor, meteran, jangka sorong, timbangan, kamera, papan penanda, alat tulis, panduan *Descriptor Draft National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability Castor bean (Ricinus communis L.)* (Chakrabarty et al., 2006) dan *descriptor UPOV* (Geneva, 2016). Bahan yang digunakan adalah 25 genotip jarak kepyar (*Ricinus communis* L.) generasi CT4 aplikasi kolkisin, pupuk kompos, dan pupuk Urea, SP36 dan KCl.

Penelitian ini menggunakan rancangan acak kelompok yang terdiri dari 25 genotip jarak kepyar generasi CT4 aplikasi kolkisin, setiap plot terdiri dari 8 tanaman dengan 2 kali ulangan, jarak antar tanaman 90 x 50 cm. Pengamatan dilakukan dengan melakukan pengukuran pada karakter agronomi dan pada karakter morfologi dikategorikan sesuai dengan *Descriptor Draft National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability Castor bean (Ricinus communis L.)* dan *descriptor UPOV*. Analisis keragaman menggunakan *principal component analysis* (PCA) dan analisis jarak genetik menggunakan *agglomerative hierarchical clustering* (AHC) program XLSTAT versi 2017.12.

**Tabel 1.** Statistik Deskriptif Karakter Agronomi Jarak Kepyar CT4

Karakter	Min	Maks	Rata-rata	SD	KV (%)
TT (cm)	48,0	133,3	85,06	19,62	23,07
LT (cm)	60,0	136,1	100,20	19,16	19,12
PBU (cm)	20,8	68,0	38,25	13,01	34,02
JR	11,1	15,5	12,81	1,11	8,68
PR (cm)	1,0	7,7	3,68	2,00	54,50
DB (cm)	1,4	2,7	2,02	0,32	15,82
PTD (cm)	21,3	43,6	31,10	5,31	17,08
DTD (cm)	0,5	1,4	0,88	0,23	25,79
PD (cm)	21,5	38,5	28,47	4,36	15,30
LD (cm)	24,0	42,0	34,74	4,28	12,31
BJD	8,2	9,9	8,94	0,32	3,61
WmBP (hst)	46,2	66,0	54,73	5,75	10,50
PB (cm)	12,0	51,3	30,80	9,87	32,05
UP (hst)	98,5	134,4	117,87	8,99	7,62
JTpT	1,0	3,5	2,21	0,47	21,22
BbTU (g)	52,5	238,1	105,08	38,58	36,72
PTU (cm)	27,1	59,8	43,27	9,27	21,43
JBTU	24,6	75,0	45,16	12,43	27,53
BbBpT (g)	100,9	391,1	179,91	67,45	37,49
BTST (g)	79,8	282,5	150,09	50,51	33,65
PK (cm)	1,5	2,0	1,68	0,10	5,77
PTB (cm)	1,8	4,3	3,07	0,69	22,32
DK (cm)	1,4	1,9	1,62	0,12	7,21
PDr (cm)	0,6	1,0	0,85	0,08	9,80
JBjpB	2,9	3,4	3,07	0,11	3,59
JbjTU	77,5	312,0	145,57	47,71	32,77
B100BjTU (g)	21,1	52,3	35,33	6,91	19,55
BbBjTU (g)	29,0	69,4	46,66	11,07	23,73
PBj (cm)	1,2	1,7	1,33	0,10	7,91
LBj (cm)	0,7	0,9	0,82	0,05	6,49
KBj (cm)	0,5	0,7	0,64	0,04	6,14
BbBjTST (g)	17,6	79,3	52,02	17,18	33,02
BbBjpT (g)	51,9	148,0	88,04	23,32	26,49

Keterangan : SD : Standar Deviasi, KV : Koefisien Variasi, TT : Tinggi Tanaman, LT : Lebar Tanaman, PBU : Panjang Batang Utama, JR : Jumlah Ruas, PR : Panjang Ruas, DB : Diameter Batang, PTD : Panjang tangkai daun, DTD : Diameter Tangkai Daun, PD : Panjang Leaf Blade, LD : Lebar leaf blade, BJD : Banyak jari daun, WmBP : Waktu muncul bunga pertama, PB : Panjang Bunga, UP : Umur panen, JTpT : Jumlah tandan per tanaman, BbTU : Bobot Tandan utama, PTU : Panjang tandan utama, JBTU : Jumlah buah tandan utama, BbBpT : Bobot Buah Per Tanaman, BTST : Berat Tandan Sekunder dan Tersier, PK : Panjang kapsul, PTB : Panjang tangkai buah, DK : Diameter Kapsul, PDr : Panjang Duri, JBjpB : Jumlah biji per buah, JbjTU : Jumlah biji tandan utama, B100BjTU : Berat 100 Biji tandan utama, BbBjTU : Bobot biji tandan utama, PBj : Panjang biji, LBj : Lebar biji, KBj : Ketebalan biji, BbBjTST : Bobot Biji Tandan Sekunder dan Tersier, BbBjpT : bobot biji pertanaman.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Pengamatan karakter agromorfologi pada jarak kepyar generasi CT4 menunjukkan bahwa terdapat keragaman agromorfologi pada karakter batang, daun, bunga, kapsul/buah, dan biji. Pada **Tabel 1**

disajikan hasil analisis deskriptif karakter agromorfologi jarak kepyar generasi CT4. Hasil analisis menunjukkan bahwa nilai koefisien variasi karakter agromorfologi mencapai 3,59% pada karakter jumlah biji per buah sampai 135,37% pada karakter lapisan lilin dibawah daun.

**Tabel 2.** Statistik Karakter Morfologi Jarak Kepyar CT4

Karakter	Min.	Maks.	1	2	3	4	5	6	7	8	9
WA	1,0	9,0	17								8
BP	1,0	2,0	18	7							
LP	1,0	2,0	18	7							
LLpB	1,0	9,0	2								23
WB	1,0	4,0	12		8	5					
TR	1,0	2,0	17	8							
PADM	1,0	9,0	17								8
LLbD	1,0	9,0	22								3
WATD	1,0	7,0	12		5		6		2		
GD ( <i>undulation</i> )	1,0	3,0	15	2	8						
GD ( <i>blistering</i> )	1,0	3,0	18	2	5						
GgD ( <i>dentation</i> )	1,0	3,0	12	9	4						
PPM	1,0	4,0	5	4	7	9					
WUbaD	1,0	4,0	4	6	14	1					
WUTDbbD	1,0	4,0	22			3					
IWAsTDbb	1,0	5,0	17		6		2				
IWAaTDbb	1,0	5,0	21		2		2				
BD	1,0	3,0	5	8	12						
GD ( <i>lascination</i> )	1,0	9,0	13								12
KC	2,0	5,0		1	15	5	4				
RPLD	2,0	3,0		11	14						
RD	1,0	9,0	19								6
PBtD	1,0	3,0	14	3	8						
BB	1,0	3,0	1	3	21						
KBJ	1,0	5,0	4	2	4	4	11				
IWKpA	1,0	2,0	11	14							
WSL	3,0	5,0			10		15				
KK	1,0	3,0	5	13	7						
TBpTU	1,0	3,0	17	5	3						
PBJ	3,0	5,0			4	16	5				
PBB	1,0	3,0	4	17	4						
WUK	1,0	6,0	1	8	4	11					
PK	1,0	5,0	5				20				
BT	1,0	3,0	1	8	16						
<i>Compactness</i>	1,0	7,0	3	2	15						
BBj	1,0	3,0	13	11	1						
WBj	2,0	5,0		5	15	4	1				
Burik	1,0	9,0	17								8
<i>Caruncle</i>	1,0	9,0	8								17

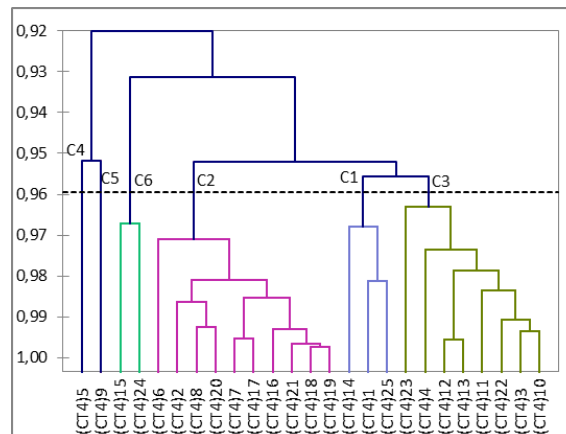
Keterangan : WA : warna antosianin hipokotil (1:nampak, 2:tidak nampak), BP : bentuk percabangan (1:memusat, 2:menyebar), LP : letak percabangan (1:atas, 2:bawah), LLpB : lapisan lilin pada batang (1:ada, 2:tidak), WB : warna batang (1:hijau, 3:mahogani, 4:merah), TR : tipe ruas (1:padat, 2:normal), PADM : pigmen antosianin daun muda (1:nampak, 9:tidak nampak), LLbD : lapisan lilin dibawah daun (1:ada, 2:tidak ada), WATD : warna antosianin tangkai daun (1:sangat lemah, 3:lemah, 5:sedang, 7:kuat), GD (*undulation*) : gelombang (*undulation*) daun (1:sangat lemah, 2:sedang, 3:kuat), GD (*blistering*) : gelembung (*blistering*) daun (1:sangat lemah, 2:sedang, 3:kuat), GgD (*dentation*) : gerigi (*dentation*) daun (1:jelas, 2:sedang, 3:kasar), PPM : penampilan penampang melintang (1:datar, 2:sedikit cekung, 3:cukup cekung, 4:sangat cekung), WubaD : warna utama bagian atas daun (1:hijau, 4:ungu), WUTDbbD : warna utama tulang daun bagian bawah daun (1:sangat lemah, 3:lemah, 5:sedang), IWAsTDbb : intensitas warna antosianin sepanjang tulang daun pada

bagian bawah (1:sangat lemah, 3:lemah, 5:sedang), IWAaTDbb : intensitas warna antosianin antara tulang daun pada bagian bawah (1:sangat lemah, 3:lemah, 5:sedang), BD : bentuk daun (1:datar, 2:kuncup, 3:sangat kuncup), GD (*lascination*) : gelombang (*lascination*) pada daun ke-4 (1:datar, 9:dalam), KC : kedalaman cekungan (2:sedikit cekung, 3:sedang, 4:cekung, 5:sangat cekung), RPLD : rasio panjang lebar daun (2:sedang, 3:tinggi), RD : bulu/rambut daun (1:tidak ada, 9:ada), PBtD : posisi bunga terhadap daun (1:diatas, 2:sejajar, 3:dibawah), BB : bentuk bunga (1:payung, 2:lonjong, 3:kerucut), KBJ : keberadaan bunga jantan (1:sangat sedikit, 2:sedikit, 3:sedang, 4:padat, 5:sangat padat), IWKpA : intensitas warna kuning pada anther (1:cerah, 2:sedang), WSL : warna stigma lengkap (3:oranye 5:merah), KK : keberadaan kapsul (1:jarang, 2:sedang, 3:padat), TBpTU : tipe bunga pada tandan utama (1:*monoceious*, 2:*interspersed*), PBJ : proporsi bunga jantan (3:sedang, 4:padat, 5:sangat padat), PBB : proporsi bunga betina (1:tidak ada, 2:sedikit, 3:banyak), WUK : warna utama kapsul (1:hijau kekuningan, 2:hijau, 3:hijau kemerahan, 4:hijau biru, 6:biru kemerahan), PK : pecah kapsul (1:mudah pecah, 5:cukup mudah), BT : bentuk tandan (1:payung, 2:lonjong, 3:kerucut), BBj : bentuk biji (1:lonjong, 2:oval, 3:bulat), WBj : warna biji (2:marun, 3:coklat, 4:coklat gelap, 5:hitam).

Analisis komponen utama (*Principal Component Analysis*) merupakan analisis yang digunakan untuk menyederhanakan suatu data, dengan cara mentransformasi linier sehingga terbentuk sistem koordinat baru dengan varian maksimum. Komponen utama yang mempunyai *eigenvalue* lebih dari 1 merupakan karakter yang berkontribusi terhadap keragaman (Waluyo *et al.*, 2016). Hasil analisis komponen utama pada 25 genotip jarak kepyar karakter agromorfologi menunjukkan bahwa PC1 memberikan kontribusi variasi sebesar 17,45%, dari kontribusi total sebesar 92,64%, yang dikontribusikan oleh karakter bentuk percabangan, warna batang, warna antosianin tangkai daun, penampilan penampang melintang, intensitas warna antosianin sepanjang tulang daun pada bagian atas, pecah kapsul, tinggi tanaman, lebar tanaman, jumlah ruas, panjang ruas, panjang tangkai daun, bobot buah per tanaman, berat tandan sekunder dan tersier, lebar biji. Pada PC2 dengan *eigenvalue* 5,78 berkontribusi mencapai 31,95% keragaman total, karakter yang berkontribusi adalah rasio panjang lebar daun, posisi bunga terhadap daun, keberadaan bunga jantan, bentuk tandan, panjang bunga, umur panen, jumlah buah tandan utama, jumlah biji tandan utama, bobot biji tandan utama. Pada PC3 dengan *eigenvalue* 3,97 berkontribusi mencapai 42,11% keragaman total, karakter yang berkontribusi adalah karakter *caruncle*, lebar daun, ketebalan biji. Pada PC4 memberikan kontribusi sebesar 49,86% keragaman total, yang dikontribusikan oleh

karakter panjang kapsul, panjang duri, berat 100 biji tandan utama dan ketebalan biji. Menurut Rachmatin (2014) menyatakan bahwa penggambaran pengelompokan kluster menunjukkan skala tingkat kemiripan antar genotip, semakin kecil nilai skala menunjukkan semakin mirip individu tersebut. Sehingga pada kluster 2 memiliki karakter agronomi yang serupa antar 10 genotip dalam kluster.

Berdasarkan **Tabel 2**. Dapat diketahui bahwa karakter hipokotil warna antosianin beragam dengan kategori nampak sampai tidak nampak warna antosianin pada hipokotil. Bentuk percabangan beragam dengan kategori memusat sampai menyebar. Letak percabangan dengan kategori atas sampai bawah. Lapisan lilin pada batang dengan kategori ada dan tidak adanya lapisan lilin. Warna batang dengan kategori warna hijau, mahogany, dan merah. Tipe ruas dengan kategori padat dan normal. Pigmen antosianin daun muda dengan kategori nampak dan tidak nampak. Lapisan lilin dibawah daun dengan kategori ada dan tidak ada lilin. Warna antosianin tangkai daun dengan kategori sangat lemah sampai dengan kuat. Gelombang (*undulation*) daun dengan kategori sangat lemah sampai dengan kuat. Gelembung (*blistering*) daun dengan kategori sangat lemah sampai kuat. Gerigi (*dentation*) daun dengan kategori jelas sampai kasar. Penampilan penampang melintang dengan kategori datar sampai sangat cekung. Warna utama bagian atas



**Gambar 1.** Dendrogram 25 genotip jarak kepyar karakter agromorfologi

daun dengan kategori hijau dan ungu. Warna utama tulang daun bagian bawah daun dengan kategori sangat lemah sampai sedang. Intensitas warna antosianin antara tulang daun pada bagian bawah dengan kategori sangat lemah sampai sedang. Bentuk daun dengan kategori datar sampai sangat kuncup. Gelombang (*lascination*) pada daun ke-4 dengan kategori datar dan dalam. Kedalaman cekungan dengan kategori sedikit cekung sampai sangat cekung. Rasio panjang lebar daun dengan kategori sedang dan tinggi. Bulu/rambut daun dengan kategori tidak ada dan ada. Posisi bunga terhadap daun dengan kategori diatas, sejajar, dan dibawah. Bentuk bunga dengan kategori payung, lonjong, dan kerucut. Keberadaan bunga jantan dengan kategori sangat sedikit sampai sangat padat. Intensitas warna kuning pada anther dengan kategori cerah dan sedang. Warna stigma lengkap dengan kategori oranye dan merah. Keberadaan kapsul dengan kategori jarang sampai padat. Tipe bunga pada tandan utama dengan kategori *monoceious*, dan *interspersed*. Proporsi bunga jantan dengan kategori sedang, padat, dan sangat padat).

Pendugaan jarak genetik karakter agromorfologi dari 25 genotip yang diamati didapatkan jarak genetik yang bervariasi dengan rentang 0 – 0,08, diketahui bahwa genotip yang memiliki jarak genetik 0,08 adalah C856(CT4)-5[(M)] dengan C1012(CT4)-19[(K)]. Sedangkan genotip dengan jarak genetik 0 adalah C1012(CT4)-18[(M)] dengan C1012(CT4)-19[(K)]. Nilai

jarak genetik pada penelitian (Rukhsar *et al.*, 2017) pada 27 genotip tanaman jarak kepyar yaitu 0,04 – 0,62. Penelitian Wang *et al.*, (2013) menyatakan nilai jarak genetik pada 39 genotip jarak kepyar menggunakan analisis UPGMA dan PCoA menghasilkan jarak genetik 0,42 – 0,08 dengan tingkat kemiripan 66%. Tenda *et al.* (2009) menyatakan bahwa persilangan antar tetua yang berkerabat dekat akan mengakibatkan terjadinya variabilitas genetik yang sempit, serta persilangan antar tetua yang memiliki jarak genetik dekat, hubungan kekerabatan dapat menjadi pembatas keberhasilan persilangan.

Analisis kluster dari 25 genotip jarak kepyar berdasarkan karakter agromorfologi menunjukkan bahwa terbentuk 6 kluster utama berdasar derajat kemiripan 96% yaitu C1, C2, C3, C4, C5 dan C6. Menurut Ardiarini *et al.* (2017) pengelompokan galur-galur jarak kepyar lokal dapat dikelompokkan berdasarkan karakter tanaman. Kluster C1 terdiri dari 3 genotip (C856(CT4)-1[(2.2)], TD(CT4)-14[(J)] dan C1012(CT4)-25[(7.3)]). Pada kluster C2 terdiri dari 10 genotip (C856(CT4)-2[(4.2)], C864(CT4)-6[(T0 E)], C864(CT4)-7[(T0 I)], C864(CT4)-8[(D)], C1012(CT4)-16[(B)], C1012(CT4)-17[(8)], C1012(CT4)-18[(M)], C1012(CT4)-19[(K)], C1012(CT4)-20[(A)] dan C1012(CT4)-21). Kluster C3 terdiri dari 8 genotip (C856(CT4)-3[(L)], C856(CT4)4[(TF2 H)], C864(CT4)-10[(3)], C864(CT4)11[(TF2 E)], ASB(CT4)-12[(60)], TD(CT4)-13[(F)], C1012(CT4)-22[(F2 1)] dan C1012(CT4)-23[(F2 2)]). Pada kluster

C4 terdiri dari 1 genotip (C856(CT4)-5[(M)]). Pada kluster C5 terdiri dari 1 genotip (C864(CT4)-9[(2)], kluster 4 dan 5 hanya memiliki 1 genotip karena memiliki perbedaan karakter dengan genotip lainnya. Menurut Rachmatin (2014) menyatakan bahwa objek yang memiliki jarak genetik yang pendek akan dikelompokkan menjadi satu. Pada kluster C6 terdiri dari 2 genotip (TD(CT4)-15[(F2 C)] dan C1012(CT4)-24[(3.1)]).

### KESIMPULAN

Keragaman total tanaman jarak kepyar berdasarkan karakter agromorfologi mencapai 92,64% yang melibatkan 16 komponen utama pertama yaitu pada karakter tinggi tanaman, lebar anaman, panjang tangkai daun, bobot tandan utama, jumlah buah tandan utama bobot buah per tanaman, berat tandan sekunder dan tersier, jumlah biji tandan utama, bobot biji tandan sekunder dan tersier serta bobot biji per tanaman. Pengelompokan genotip berdasarkan karakter agromorfologi pada genotip jarak kepyar CT4 terbagi menjadi 6 kelompok yang memiliki jarak genetik yang bervariasi dengan rentang 0 – 0,08. Genotip yang memiliki jarak genetik 0 terdapat pada genotip C1012(CT4)-18[(M)] dengan C1012(CT4)-19[(K)] serta genotip yang memiliki jarak genetik mencapai 0,08 adalah genotip C864(CT4)-7[(T0I)] dengan C1012(CT4)-19[(K)].

### UCAPAN TERIMAKASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Dr. Budi Waluyo, SP.,MP., sebagai pembimbing utama, serta semua pihak yang telah membantu penelitian ini.

### DAFTAR PUSTAKA

- Ardiarini, N.R., B. Waluyo, D. Saptadi, and Kuswanto. 2017.** Pengelompokan galur-galur jarak kepyar (*Ricinus communis* L.) lokal berdasarkan karakter morfologi spesifik. *Prosiding Seminar Nasional Pembangunan Pertanian II*. 333–335.
- Ariyanto, S.E. dan, P. Supriyadi, and S. Parjanto. 2014.** Pengaruh kolkisin terhadap fenotipe dan jumlah kromosom jahe (*Zingiber officinale* Rosc.). *Sains dan Teknologi*. 4(1): 1–15.
- Chakrabarty, S.K., C. Lavanya, and N. Mukta. 2006.** Draft National Guidelines for the Conduct of Tests for Distinctness, Uniformity and Stability Castor (*Ricinus communis* L.). Directorate of Oilseed Research. Hyderabad.
- Gajera, B.B., N. Kumar, A.S. Singh, B. Singh, R. Ravikiran, N. Subhash, and G.C. Jadeja. 2010.** Assessment of genetic diversity in castor (*Ricinus communis* L.) using RAPD and ISSR markers. *Industrial Crops and Products*. 32(3): 491–498.
- Geneva. 2016.** International Union for the Protection of New Varieties of Plants: Castor Bean. *Agricultural Crops*. Mexico.
- Goodarzi, F., R. Darvishzadeh, and A. Hassani. 2015.** Genetic analysis of castor (*Ricinus communis* L.) using ISSR markers. *Journal of Plant Molecular Breeding*. 3(1): 18–34.
- Gupta, N., and A. Singh. 2015.** A review on *Ricinus communis* Linn. *International Ayurvedic Medical Journal*. 3(2): 491–495.
- Prechtel, B. 2001.** Castor beans. *Agricultural Research*. 7–9.
- Rachmatin, D. 2014.** Aplikasi metode-metode agglomerative dalam analisis kluster pada data tingkat polusi udara. *Jurnal Ilmiah Program Studi Matematika STKIP Siliwangi Bandung*. 3(2): 133–149.
- Rukhsar, M.P. Patel, D.J. Parmar, A.D. Kalola, and S. Kumar. 2017.** Morphological and molecular diversity patterns in castor germplasm accessions. *Industrial Crops and Products*. 97(Maret): 316–323.
- Tenda, E., M. Tulalo, and dan Miftahorrachaman. 2009.** Hubungan kekerabatan genetik antar sembilan aksesori kelapa asal provinsi Sulawesi Utara. *Jurnal Litri*. 15(3): 139–146.

Hariyati Khasanah dan Budi Waluyo, *Pendugaan Jarak Genetik Berdasarkan ...*

- Waluyo, B., L.F. Maulana, C.U. Zanetta, and A. Karuniawan. 2016.** Keragaman karakter agromorfologi dan kandungan nutrisi pada kentang hitam (*Solenostemon rotundifo* (Poir) J. K. Mort). *Prosiding Seminar Nasional Biodiversitas VI*. 31–38.
- Waluyo, B., F. Ramayanti, D. Saptadi, N.R. Ardiarini, and Kuswanto. 2017.** Keragaman genetik karakteristik fisik biji jarak kepyar (*Ricinus communis* L.) lokal untuk bahan baku industri. *Prosiding Seminar Nasional Pembangunan Pertanian II*. 317–321.
- Wang, C., G. Li, Z. Zhang, M. Peng, Y. Shang, R. Luo, and Y. Chen. 2013.** Genetic diversity of castor bean (*Ricinus communis* L.) in northeast china revealed by ISSR markers. *Biochemical Systematics and Ecology*. 51(Desember): 301–307.