

**KEANEKARAGAMAN GENOTIPE-GENOTIPE POTENSIAL DAN PENENTUAN KERAGAMAN KARAKTER AGRO-MORFOLOGI ERCIS (*Pisum sativum* L.)**

**DIVERSITY OF POTENTIAL GENOTYPES AND DETERMINATION OF AGRO-MORPHOLOGICAL CHARACTERS VARIABILITY ON PEA (*Pisum sativum* L.)**

Rawina Saragih<sup>1</sup>, Darmawan Saptadi<sup>2</sup>, Chindy Ulina Zanetta<sup>3</sup>, Budi Waluyo<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Agroekoteknologi Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya

<sup>2</sup>Jurusan Budidaya Pertanian Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya  
Jl. Veteran, Malang 65145, Jawa Timur, Indonesia

<sup>3</sup>Sekolah Ilmu dan Teknologi Hayati – Institut Teknologi Bandung  
Jl. Ganeca No.10, Kota Bandung, Jawa Barat 40132

Korespondensi : budiwaluyo@ub.ac.id

Diterima 16 September 2018/ Disetujui 27 Desember 2018

**ABSTRAK**

Ercis (*Pisum sativum* L.) merupakan salah satu tanaman kacang komersial yang penting di dunia termasuk di Indonesia. Ercis lokal merupakan sumber populasi untuk meningkatkan kapasitas genetik hasil panen polong dan biji melalui seleksi galur murni. Tujuan penelitian ini untuk mempelajari jarak dan keanekaragaman genetik, serta keragaman karakter 37 genotipe potensial ercis hasil seleksi galur murni varietas lokal. Penelitian dilaksanakan pada bulan Maret hingga Juni 2018 di Desa Pendem, Kecamatan Junrejo, Kota Batu. Percobaan menggunakan rancangan acak kelompok dengan 37 genotipe sebagai perlakuan dan diulang tiga kali, sehingga terdapat 111 satuan percobaan. Pengamatan dilakukan pada masing-masing tanaman yakni karakter agronomi dan morfologi. Pengelompokan genetik didasarkan pada *agglomerative hierarchical clustering* dengan similitas koefisien kolerasi Pearson dan metode aglomerasi *unweighted pair group method average* (UPGMA). Keanekaragaman genetik didasarkan pada indeks Shannon-Wiener ( $H'$ ) dan indeks Simpson (D). Keragaman karakter agronomi dan morfologi 37 genotipe ercis menggunakan *principal component analysis* (PCA) dengan pendekatan tipe korelasi Pearson. Berdasarkan analisis kluster 37 genotipe ercis terbagi menjadi 6 kelompok berdasarkan 61 karakter agro-morfologi dengan koefisien kemiripan 89-99%. Diversitas genetik ercis dikategorikan sedang dengan nilai indeks Shanon-Wiener 1,5 dan nilai indeks Simpson 0,26 yang menunjukkan tidak terdapat kelompok genetik yang mendominasi. Tiga puluh tujuh genotipe ercis memiliki keragaman yang luas. Keragaman kumulatif berdasarkan 61 karakter agro-morfologi yang diamati mencapai 87,83% yang melibatkan 44 karakter pada 16 komponen utama pertama.

Kata kunci: Ercis, jarak genetik, keanekaragaman, keragaman

**ABSTRACT**

*Pea (Pisum sativum L.) is one of the important commercial legumes in the world, including in Indonesia. The aims of the research were to study genetic distance, diversity, and characters variability of 37 genotypes of pea. The experiment was conducted on March to June 2018 in*

*Pendem, Junrejo, Batu City. The experimental design used a randomized block design with 37 genotypes as treatments and replicated three times. Observations was made on agronomic and morphological characters. Genetic grouping according to agglomerative hierarchical clustering with Pearson correlation coefficient similarity and unweighted pair group average agglomeration method (UPGMA). Genetic diversity based on Shannon-Wiener ( $H'$ ) index and Simpson ( $D$ ) index. Variability of agronomic and morphological characters in 37 genotypes was analyzed by principal component analysis (PCA) with Pearson correlation approach. The results showed that cluster analysis of 37 genotypes was divided into six groups in 61 agro-morphological characters with similarity coefficients of 89-99%. Genetic diversity was medium categorized with Shanon-Wiener index value of 1.5 and Simpson index value of 0.26. It was indicated that no dominating on genotypes group. Thirty seven genotypes of pea showed high variability. Cumulative variability on 61 observed agro-morphological characters reached 87.83% which involved 44 characters in 16 first principal components.*

*Keywords: diversity, genetic distance, pea, variability*

## PENDAHULUAN

Ercis (*Pisum sativum* L.) adalah salah satu tanaman leguminose komersial yang penting di dunia termasuk di Indonesia. Permintaan ercis di dalam negeri semakin meningkat, namun belum dapat terpenuhi. Indonesia mengimpor ercis tahun 2015 sekitar 9,304 t dan meningkat pada tahun 2016 yakni 13,177 t (FAOSTAT, 2018). Peningkatan jumlah impor tersebut menunjukkan bahwa kebutuhan ercis belum dapat dipenuhi dari produksi dalam negeri. Hal ini disebabkan produktivitas ercis yang masih rendah.

Tanaman ercis potensial dikembangkan di Indonesia. Tanaman ini mempunyai umur panen yang sangat genjah, kandungan biokimia dan nutrisi bermanfaat bagi manusia berupa 20-25% pati, 4-10% gula, 0,6 -1,5% lemak, dan 2-4% mineral dapat berperan penting untuk memenuhi defisiensi nutrisi (Mahmud, 2017). Pada biji ercis terdapat senyawa bioaktif atau sifat fitokimia, anti-bakteri, anti-*Helicobacter pylori*, anti-kanker, anti-diabetes, anti-jamur, anti-inflamasi, aktivitas antilipidemic dan antioksidan (Poolperm & Jiraungkoorskul, 2017). Secara ekologis,

tanaman ercis dapat menunjang pertanian berkelanjutan karena tanaman ini merupakan salah satu jenis tanaman *legume* yang mampu mengikat N dari udara sehingga meningkatkan kesuburan tanah dan dapat digunakan sebagai tanaman rotasi (Bourgault *et al.*, 2016; Gebreslassie & Abraha, 2016).

Indonesia mempunyai plasma nutfah ercis lokal yang menyebar di beberapa daerah dan dibudidayakan di dataran tinggi. Pada penelitian ini digunakan genotipe-genotipe yang diperoleh dari seleksi galur murni ercis lokal Berastagi, Garut, Semarang, dan Batu yang merupakan sentra produksi ercis di Indonesia. Genotipe-genotipe ercis ini sudah beradaptasi di Indonesia dan kemungkinan terdapat segregasi genetik hasil persilangan terbuka, mutasi, dan migrasi sehingga menimbulkan variasi baru yang menyumbang keragaman karakter dan keanekaragaman genetik.

Salah satu upaya meningkatkan produktivitas ercis ialah melalui perakitan varietas unggul ercis yang dapat dapat dilakukan melalui pengelolaan keragaman genetik lokal, seleksi, uji daya hasil, dan pelepasan varietas. Keanekaragaman genetik ialah ukuran yang menunjukkan

nilai keanekaragaman spesies dalam suatu populasi (Hughes *et al.*, 2008). Keanekaragaman menunjukkan heterogenitas genetik plasma nutfah yang dapat dikelola pada pemisahan genotipe melalui seleksi galur murni yang memperkaya ekologi organisme dalam satu spesies (Litrice & Violle, 2015).

Keragaman karakter agronomi dan morfologi pada tanaman ercis dapat digunakan untuk menduga jarak genetik dan keanekaragaman genetik yang akan memberikan informasi untuk membantu program pemuliaan tanaman dalam melakukan pemisahan genotipe (Annicchiarico *et al.*, 2017). Semakin jauh jarak genetik antar tetua maka peluang untuk menghasilkan kultivar baru dengan variabilitas genetik luas akan semakin besar (Tenda *et al.*, 2009).

Tanaman ercis merupakan organisme model pilihan pada penemuan hukum warisan Mendel. Hal ini menjadikan *P. sativum* L. sebagai bagian dari dasar genetika modern (Mahmud, 2017). Identifikasi keragaman karakter pada tanaman ercis merupakan pembuka bagi peningkatan kapasitas genetik peningkatan hasil panen polong dan biji. Dari genotipe-genotipe ini dapat diketahui masing-masing karakter agronomi dan morfologi sehingga potensi genetik dari genotipe-genotipe dapat diduga.

Pemuliaan tanaman memerlukan informasi berupa parameter genetik. Parameter genetik meliputi keragaman genotipe atau fenotipe, interaksi genotipe dengan lingkungan, koefisien keragaman karakter, heritabilitas, dan keanekaragaman genetik yang perlu dilakukan untuk perbaikan sifat suatu spesies (Lubis *et al.*, 2014).

Tujuan dilakukan penelitian ini adalah untuk mempelajari jarak genetik, keanekaragaman genetik, serta keragaman karakter agronomi dan morfologi 37 genotipe ercis.

## BAHAN DAN METODE

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret hingga Juni 2018 yang berlokasi di Desa Pendem, Kecamatan Junrejo, Kota Batu (600 m dpl). Bahan tanam yang digunakan dalam penelitian ini yaitu 37 genotipe ercis (*Pisum sativum* L.) yaitu 01(16)(3)1, 01(16)2-1, 02(16)2, 03(16)(2)-2, 03(16)(3)1, 03(16)1-2, 04(16)(1), 05(16)(2)1, 06(16)(1)-1, 06(16)(2)-1, BATU-1, BATU-2, BATU-3, BTG-1, BTG-2, BTG-4, BTG-5, GRT(02)1-1, GRT(02)2-1, GRT(03), GRT(04)1-1, GRT(04)3-2, GRT(PSO-1-2), GRT(PSO-2-2), GRT(PSO-2-1), GRT(PSO-3-1), GRT04-1-2, GRT04-3-1, SMG(C)1, SMG(D)3, SMG(E)(3)1, SMG(H)(05)1, SMG (H)03, SMG(H)05, Taichung (C) dan Taichung (H). Bahan lain yang digunakan dalam penelitian ini yaitu pupuk NPK mutiara (16:16:16) 500 kg ha<sup>-1</sup>, pupuk Urea (27% Nitrogen dan 12% kalsium) 148 kg ha<sup>-1</sup>, dan pupuk kandang 10 t ha<sup>-1</sup>.

Percobaan menggunakan rancangan acak kelompok dengan perlakuan 37 genotipe, masing-masing genotipe terdapat 10 tanaman, diulang tiga kali sehingga terdapat 111 satuan percobaan. Plot percobaan berupa barisan tunggal. Jarak antar baris 75 cm dan dalam barisan 15 cm.

Karakter yang diamati terdiri dari karakter agronomi dan morfologi berdasarkan Protocol For Tests On Distinctness, Uniformity dan Stability *Pisum sativum* L dari *The Community Plant Variety Office* (CPVO) tahun 2010 dan Guidelines For The Conduct of Tests For Distinctness,

Uniformity dan Stability *Pisum sativum* L. dari *International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV)* tahun 2009.

Jarak genetik dan pengelompokan genotipe didasarkan pada karakter agronomi dan karakter morfologi dengan metode *agglomerative hierarchical clustering* (AHC) dan teknik kemiripan berdasarkan koefisien korelasi Pearson menggunakan aglomerasi *unweighted pair group method average* (UPGMA) (XLSTAT Version 2014.5.03 Copyright Addinsoft 1995-2014, 2014). Analisis keanekaragaman genetik dilakukan menggunakan metode indeks Shannon-Wiener dan indeks Simpson berdasarkan pengelompokan AHC menggunakan Diversity-Excel Template 18.12.12 (Goepel, 2012). Berikut adalah indeks Shannon-Wiener dan indeks Simpson (Magurran, 2004). Indeks Keanekaragaman Shannon-Wiener:

$$H' = \sum p_i \ln p_i$$

Keterangan:

H' : Indeks keanekaragaman Shannon-Wiener

s : Jumlah genotipe

ni : Jumlah jenis ke-i dalam sampel total

Pi : ni/N

N : Jumlah individu dari seluruh genotipe

ln : Logaritma natural

Kriteria kisaran indeks keanekaragaman diklasifikasikan sebagai berikut:

H' < 1 : Keanekaragaman rendah.

1 < H' < 3 : Keanekaragaman sedang

H' > 3 : Keanekaragaman tinggi.

Indeks Dominansi Simpson (D)

$$D = \sum P_i^2$$

Keterangan:

D : Indeks Simpson

Pi : ni/N

N : Total individu dari seluruh genotipe

Ni : Banyaknya spesies pada genotipe

Kriteria kisaran indeks Dominansi Simpson diklasifikasikan sebagai berikut:

0 < D ≤ 0.5 : Tidak ada jenis yang mendominasi

0.5 > D ≥ 1 : Terdapat jenis yang mendominasi

Keragaman karakter agronomi dan morfologi ditentukan berdasarkan analisis komponen utama (*Principal Component Analysis* atau *PCA*) tipe korelasi Pearson (XLSTAT Version 2014.5.03 Copyright Addinsoft 1995-2014, 2014). Komponen utama (PC) yang berkontribusi terhadap keragaman total mempunyai *eigenvalue* >1. Karakter yang berkontribusi terhadap keragaman pada setiap komponen utama ditandai oleh nilai faktor loading (PC ≥ |0.5|) (Woolford, 2015)

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Analisis Jarak Genetik

Hasil analisis jarak genetik menunjukkan 37 genotipe ercis terbagi ke dalam 6 kelompok dengan nilai koefisien kemiripan 89-99%. Hal terpenting ialah mengukur jarak antar kelompok genetik dan jarak antar genetik tertentu (Bien & Tibshirani, 2011) sehingga bisa dipastikan keanekaragaman yang muncul pada genotipe-genotipe yang diamati. Berdasarkan 61 karakter agronomi dan morfologi, pengelompokan genotipe-genotipe potensial menyebar pada kemiripan 97,2% berdasarkan jarak koefisien korelasi Pearson (Gambar 1).

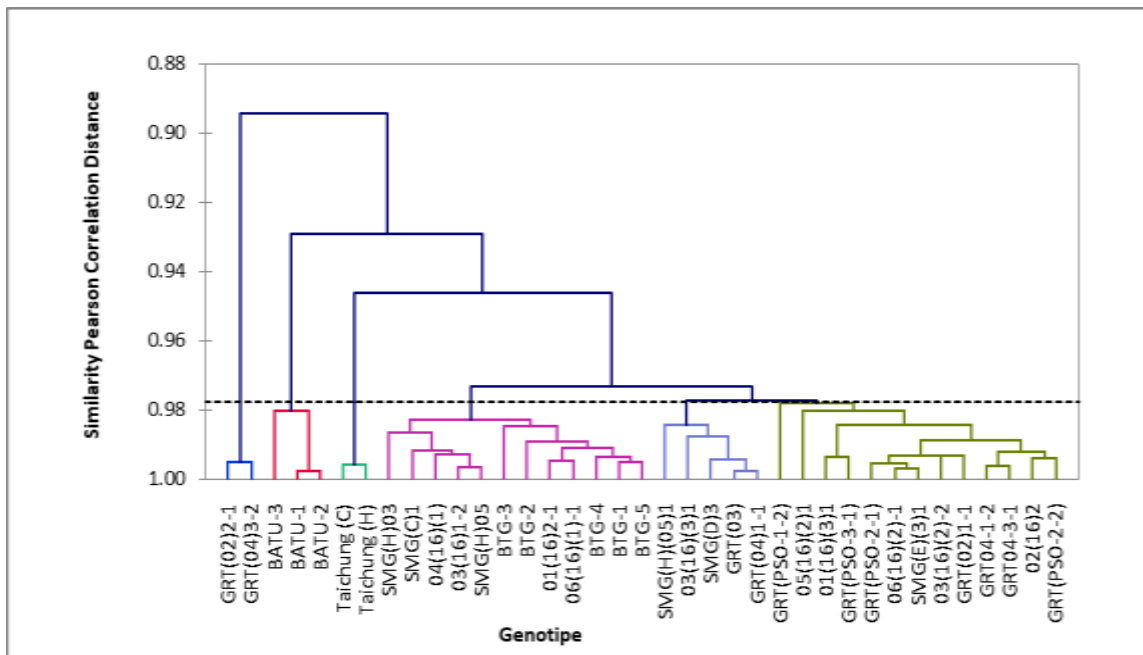
Kelompok pertama dengan nilai koefisien kemiripan 97.1% terbagi menjadi 13 genotipe yakni 01(16)(3)1, 02(16)2, 03(16)(2)-2, 05(16)(2)1, 06(16)(2)-1, GRT(02)1-1, GRT(PSO-1-2), GRT(PSO-2-1), GRT(PSO-2-2), GRT(PSO-3-1), GRT04-1-2,

GRT04-3-1, dan SMG(E)(3)1. Kelompok kedua dengan nilai koefisien kemiripan 96.8% terbagi menjadi 12 genotipe yakni 01(16)2-1, 03(16)1-2, 04(16)(1), 06(16)(1)-1, BTG-1, BTG-2, BTG-3, BTG-4, BTG-5, SMG(C)1, SMG(H)03, dan SMG(H)05. Kelompok ketiga dengan nilai koefisien kemiripan 97.1% terbagi menjadi 5 genotipe yakni 03(16)(3)1, GRT(03), GRT(04)1-1, SMG(D)3, dan SMG(H)(05)1.

Pada kelompok satu dan dua ini genotipe dari wilayah yang berbeda mengelompok ke dalam kelompok yang sama. Genotipe yang dikumpulkan dari daerah yang sama dapat menjadi kelompok yang berbeda. Hal Ini menggambarkan bahwa genotipe dapat menunjukkan kesamaan genetik terlepas dari perbedaan

wilayah asal genotipe (Negisho *et al.*, 2017). Hal ini dapat terjadi karena aliran gen antar plasma nutfah lokal yang berbeda akibat awal sumber genetik yang sama atau perpindahan bahan genetik akibat budidaya tanaman dari suatu wilayah ke wilayah lainnya (Hirota *et al.*, 2012).

Kelompok keempat dengan nilai koefisien kemiripan 92,7% terbagi menjadi 3 genotipe yakni BATU-1, BATU-2, dan BATU-3. Kelompok kelima dengan nilai koefisien kemiripan 89% terbagi menjadi 2 genotipe yakni GRT(02)2-1 dan GRT(04)3-2. Kelompok keenam dengan nilai koefisien kemiripan 94,2% terbagi menjadi 2 genotipe yakni Taichung (C) dan Taichung (H).



Gambar 1. Pengelompokan 37 Genotipe Ercis Berdasarkan 61 Karakter Agro-Morfologi

**Keanekaragaman genetik**

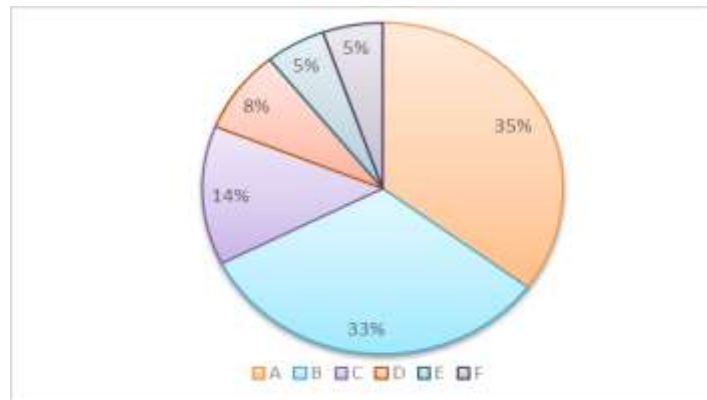
Hasil perhitungan indeks Shannon-Wiener dan indeks Simpson diperoleh nilai keanekaragaman dan nilai dominansi. Nilai indeks keanekaragaman Shannon-Wiener H'

= 1,5 menunjukkan keanekaragaman yang sedang, sedangkan indeks dominansi Simpson D = 0,26 menunjukkan tidak ada genotipe yang mendominasi.

Proporsi distribusi dan banyaknya genotipe atau kelimpahan genotipe pada kelompok berdasarkan pada pengelompokan dan jarak genetik berdasarkan karakter agronomi dan morfologi terdapat 6 kelompok.

Kelompok A dengan nilai proporsi distribusi dan kelimpahan 35% terdiri dari 01(16)(3)1, 02(16)2, 03(16)(2)-2, 05(16)(2)1, 06(16)(2)-1, GRT(02)1-1, GRT(PSO-1-2), GRT(PSO-2-1), GRT(PSO-2-2), GRT(PSO-3-1), GRT04-1-2, GRT04-3-1, dan SMG(E)(3)1. Kelompok B dengan nilai proporsi distribusi dan kelimpahan 3% terdiri dari yakni 01(16)2-1, 03(16)1-2, 04(16)(1), 06(16)(1)-1,

BTG-1, BTG-2, BTG-3, BTG-4, BTG-5, SMG(C)1, SMG(H)03, dan SMG(H)05. Kelompok C dengan nilai proporsi distribusi dan kelimpahan 14% terdiri dari 03(16)(3)1, GRT(03), GRT(04)1-1, SMG(D)3, dan SMG(H)(05)1. Kelompok D dengan nilai distribusi dan kelimpahan 8% terdiri dari BATU-1, BATU-2, dan BATU-3. Kelompok E dengan nilai proporsi distribusi dan kelimpahan 5% terdiri dari GRT(02)2-1 dan GRT(04)3-2. Kelompok F dengan nilai proporsi distribusi dan kelimpahan 5% terdiri dari Taichung(H) dan Taichung(C) (Gambar 2).



Gambar 2. Diagram Proporsi Kelimpahan 37 Genotipe-genotipe Ercis

Persentase kelimpahan ini menunjukkan nilai relatif kelimpahan atau banyaknya genotipe pada setiap kelompok terhadap jumlah total genotipe yang diamati berdasarkan karakter agronomi dan morfologi.

**Analisis Keragaman Karakter Ercis**

Analisis komponen utama berfungsi untuk mengurangi dimensionalitas dari kumpulan data yang melibatkan sejumlah variabel yang saling berhubungan namun masih mempertahankan sebanyak mungkin variasi dalam kumpulan data (Jolliffe, 2002). Analisis komponen utama membantu

mengurangi jumlah sifat yang dianalisis untuk mengkarakterisasi genotipe yang akan digunakan sebagai sumber asal berdasarkan pada kekuatan kontribusi terhadap komponen utama (Gatti *et al.*, 2011).

Analisis komponen utama atau PCA (*Principal component analysis*) melibatkan 61 karakter agro-morfologi pada 37 genotipe ercis menghasilkan 16 komponen utama pertama yang memiliki *eigenvalue* >1 dengan nilai total keragaman kumulatif 87.83% (Tabel 1). Pada penelitian yang pernah dilakukan *eigenvalue* >1 mempunyai keragaman kumulatif 85,92% terdapat 3

komponen utama pertama yaitu pada karakter panjang polong, lebar polong, jumlah biji per polong, lebar stipula, panjang stipula, lebar helai daun, panjang helai daun, jumlah polong per tanaman, berat 100 biji, dan berat polong pertanaman (Leila *et al.*, 2016).

Komponen utama yang berkontribusi terhadap keragaman maksimum ditampilkan pada Tabel 1. Komponen utama pertama (PC1) memiliki *eigenvalue* 11,40 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 18,79%. Karakter yang berkontribusi ialah umur panen segar, umur panen kering, panjang tangkai daun hingga polong pertama, jarak antara polong pertama dan polong kedua, berat polong segar per tanaman, panjang polong segar, lebar polong segar, tebal polong segar, berat biji segar per polong, panjang biji segar, lebar biji segar, tebal biji segar, berat biji segar per tanaman, berat 100 biji segar, berat polong kering per tanaman, berat biji kering per polong, berat biji kering per tanaman, dan berat 100 biji kering.

Komponen utama kedua (PC2) memiliki *eigenvalue* 6,41 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 10,50%. Karakter yang berkontribusi ialah umur berbunga, umur panen segar, panjang sulur, jumlah biji per tanaman, berat biji segar per tanaman, panjang polong kering, lebar polong kering, berat biji kering per polong dan warna testa biji. Komponen utama ketiga (PC3) memiliki *eigenvalue* 5,25 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 8,61%. Karakter yang berkontribusi ialah jumlah maksimal helai daun, jumlah daun dan jumlah ruas.

Komponen utama keempat (PC4) memiliki *eigenvalue* 5,15 memberikan

kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 8,44%. Karakter yang berkontribusi ialah panjang stipula, jarak aksil hingga ujung stipula, jumlah braktea, lebar biji kering, tebal biji kering, dan tekstur biji. memiliki *eigenvalue* 4,09 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 6,70%. Karakter yang berkontribusi ialah lebar helai, jumlah polong per tanaman, jumlah biji per polong, dan bentuk standar bunga (datar dan agak cembung). Komponen utama keenam (PC6) memiliki *eigenvalue* 3,35 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 5,50%. Karakter yang berkontribusi ialah jumlah polong per tanaman dan jumlah bunga per tanaman.

Komponen utama ketujuh (PC7) memiliki *eigenvalue* 3,19 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 5,24%. Karakter yang berkontribusi ialah warna kotiledon biji (hijau, kuning, dan jingga). Komponen utama kedelapan (PC8) memiliki *eigenvalue* 2,41 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 3,95%. Karakter yang berkontribusi ialah bentuk biji (bulat, silinder, tidak beraturan, belah ketupat, dan elips) dan warna daun (hijau dan hijau kekuningan).

Komponen utama kesembilan (PC9) memiliki *eigenvalue* 2,18 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 3,57%. Karakter yang berkontribusi ialah jumlah cabang. Komponen utama kesepuluh (PC10) memiliki *eigenvalue* 1,98 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 3,25%. Karakter yang berkontribusi ialah *dentation* daun (tidak ada dan sedang).

Tabel 1. Eigen Value, Keragaman, Rerata, dan Komponen Utama 61 Karakter Agronomi dan Morfologi 37 Genotipe Ercis

Karakter dan Komponen	Min	Maks	Rerata	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14	PC15	PC16
<i>Eigenvalue</i>	-	-	-	11.46	6.41	5.25	5.15	4.09	3.35	3.19	2.41	2.18	1.98	1.80	1.52	1.42	1.22	1.15	1.02
<i>Variability (%)</i>	-	-	-	18.79	10.50	8.61	8.44	6.70	5.50	5.24	3.95	3.57	3.25	2.95	2.49	2.33	1.99	1.88	1.67
<i>Cumulative %</i>	-	-	-	18.79	29.29	37.90	46.33	53.03	58.53	63.77	67.71	71.28	74.52	77.48	79.96	82.29	84.29	86.17	87.83
Hari berbunga (hst)	30.67	41.67	36.39	0.25	-0.58*	0.36	-0.21	-0.35	-0.06	0.02	-0.15	0.17	-0.03	0.00	-0.07	-0.15	-0.09	-0.05	-0.15
Umur panen segar (hst)	53.00	75.00	60.62	0.62*	-0.59*	0.00	-0.03	-0.19	-0.06	-0.23	-0.02	0.17	0.02	0.13	-0.07	-0.18	0.02	0.06	-0.06
Umur panen kering (hst)	64.00	87.00	73.73	0.71*	-0.13	-0.19	-0.16	-0.16	-0.21	-0.06	0.14	-0.18	0.30	0.13	0.18	-0.08	0.05	0.09	0.15
Panjang tangkai daun hingga polong 1 (cm)	3.16	9.27	5.43	0.69*	-0.38	-0.37	0.26	0.02	0.06	-0.16	-0.03	-0.05	-0.02	0.02	0.05	-0.20	-0.03	0.08	-0.16
Jarak antara polong 1 dengan polong 2 (cm)	0.44	51.33	4.02	0.56*	0.17	0.25	0.33	-0.28	-0.10	-0.08	0.15	-0.07	0.16	0.31	0.07	-0.14	0.06	-0.25	0.19
Panjang sulur (cm)	7.75	12.21	9.80	0.44	-0.52*	-0.03	0.09	-0.22	0.08	-0.01	-0.41	0.00	-0.03	0.07	-0.05	0.25	-0.14	0.18	-0.05
Panjang ruas (cm)	5.69	8.78	7.15	-0.41	0.33	-0.06	0.49	0.25	0.05	0.06	-0.20	-0.38	-0.01	-0.07	-0.01	0.01	-0.21	-0.10	0.22
Lebar standard bunga (cm)	1.64	2.71	1.99	0.49	-0.14	-0.46	0.19	0.19	0.03	-0.15	0.17	-0.02	0.17	-0.25	-0.05	-0.11	-0.05	0.26	-0.14
Panjang stipula (cm)	4.51	6.26	5.44	0.22	0.12	-0.06	0.74*	0.02	0.38	0.12	0.01	0.09	-0.12	-0.02	0.23	0.07	0.05	-0.01	-0.10
Lebar stipula (cm)	2.25	4.51	3.06	0.33	-0.31	-0.17	0.31	0.15	0.36	-0.19	0.10	-0.12	-0.26	0.09	-0.18	0.16	0.03	-0.18	0.13
Jarak aksil hingga ujung stipula(cm)	3.58	4.83	4.26	0.42	-0.09	-0.37	0.62*	0.04	0.30	-0.01	0.08	-0.06	-0.24	0.03	0.00	0.06	0.07	-0.18	0.11
Panjang leaflet (cm)	18.04	21.96	19.91	0.12	-0.42	0.17	-0.08	-0.38	0.12	-0.08	-0.46	0.00	0.17	0.20	-0.22	0.37	0.09	0.04	-0.21
Panjang daun (cm)	3.74	5.95	4.56	0.23	-0.04	-0.38	0.36	0.05	-0.36	0.34	-0.33	-0.09	0.05	0.26	0.13	-0.17	-0.25	0.13	-0.07
Diameter batang (mm)	3.38	6.62	4.68	0.26	0.12	0.25	0.36	-0.40	-0.22	0.42	0.29	0.02	0.17	-0.01	0.02	-0.13	-0.09	-0.18	-0.03
Jumlah bunga tiap ruas	1.07	2.00	1.79	-0.29	0.34	0.44	-0.13	-0.17	0.32	-0.24	-0.10	-0.12	0.29	-0.04	-0.37	0.14	0.06	-0.15	-0.01
Jumlah cabang	1.07	2.22	1.65	0.31	-0.01	0.00	0.31	-0.09	-0.09	-0.32	-0.03	0.62*	-0.18	-0.05	-0.19	-0.27	-0.23	0.03	0.18
Jumlah braktea	0.50	21.61	4.90	0.43	-0.11	0.27	0.51*	-0.02	0.01	0.14	0.26	-0.07	0.06	0.17	-0.28	0.11	0.12	-0.23	-0.13
Jumlah maksimal helai daun	5.84	6.99	6.17	0.09	0.42	-0.50*	-0.06	-0.26	0.07	-0.23	0.24	-0.13	-0.31	-0.21	-0.19	-0.04	-0.10	0.03	-0.07
Lebar helai (cm)	1.61	2.42	1.99	0.37	-0.23	0.05	-0.09	-0.51*	0.40	0.22	0.18	-0.14	-0.27	-0.12	0.05	-0.09	0.10	0.10	0.12
Jumlah daun	21.67	83.15	60.28	-0.38	0.48	0.59*	0.32	-0.14	-0.08	-0.06	0.01	0.28	0.00	0.08	0.04	-0.03	-0.03	0.09	0.01
Panjang tanaman (cm)	88.42	131.23	108.55	-0.15	-0.39	0.48	0.44	-0.06	0.22	0.16	0.02	0.17	-0.22	-0.07	0.17	0.00	-0.16	0.20	0.00
Jumlah maksimal sulur	6.28	7.71	6.64	0.00	-0.29	0.39	-0.30	-0.24	-0.02	0.22	-0.14	-0.11	-0.33	-0.07	-0.23	0.25	-0.36	0.17	0.28

bersambung



sambungan ... Tabel 2. Eigen Value, Keragaman, Rerata, dan Komponen Utama 61 Karakter Agronomi dan Morfologi 37 Genotipe Ercis

Karakter dan Komponen	Min	Maks	Rerata	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14	PC15	PC16
Jumlah bunga per tanaman	20.33	55.56	35.35	-0.05	-0.24	0.36	0.34	0.40	0.64*	0.04	0.12	0.02	-0.05	-0.09	0.01	-0.10	-0.01	0.07	-0.08
Jumlah ruas	21.67	83.15	60.28	-0.38	0.48	0.59*	0.32	-0.14	-0.08	-0.06	0.01	0.28	0.00	0.08	0.04	-0.03	-0.03	0.09	0.01
Jumlah polong per tanaman	16.84	40.23	23.47	-0.01	0.23	0.40	0.14	0.50*	0.55*	-0.26	0.01	-0.12	0.11	0.07	-0.03	-0.07	0.06	0.21	0.10
Jumlah biji per tanaman	49.46	187.98	88.51	0.26	0.53*	-0.27	0.11	0.12	0.12	-0.03	-0.26	-0.11	0.27	-0.20	-0.15	-0.11	-0.34	-0.01	-0.01
Jumlah biji per polong	3.78	6.29	4.79	0.33	0.48	-0.25	0.11	-0.57*	0.01	0.19	-0.29	0.06	-0.16	-0.18	0.06	0.08	0.02	-0.11	-0.07
Berat polong segar per tanaman (g)	23.10	67.46	38.64	0.69*	0.41	0.41	0.20	0.16	0.03	0.03	-0.01	-0.24	0.07	-0.01	0.00	-0.06	-0.13	0.00	0.06
Panjang polong segar (mm)	41.02	75.14	59.82	0.70*	0.14	0.23	0.01	0.01	-0.40	-0.20	-0.11	0.01	-0.10	-0.12	-0.05	-0.06	0.07	-0.16	0.00
Lebar polong segar(mm)	6.81	13.18	10.49	0.69*	-0.01	-0.08	0.13	0.14	-0.29	-0.35	-0.13	0.06	-0.07	0.02	-0.33	-0.01	-0.02	-0.08	-0.02
Tebal polong segar (mm)	5.22	9.02	7.20	0.54*	0.10	0.19	-0.16	-0.38	0.09	0.04	0.13	0.07	0.33	-0.15	-0.02	0.00	0.04	0.27	0.24
Berat biji segar per polong (g)	0.90	1.84	1.24	0.65*	0.33	0.27	0.17	-0.10	-0.25	0.28	-0.08	0.06	-0.06	-0.24	0.10	0.22	0.16	-0.08	0.00
Panjang biji segar (mm)	4.89	8.85	7.68	0.61*	-0.01	0.23	0.11	0.39	-0.42	-0.10	0.06	0.04	-0.05	-0.27	-0.07	0.00	0.03	0.07	-0.07
Lebar biji segar (mm)	4.34	8.59	6.63	0.63*	0.02	0.45	0.07	0.32	-0.27	-0.07	0.02	-0.15	-0.01	-0.16	-0.01	-0.15	0.06	0.12	-0.12
Tebal biji segar (mm)	5.13	8.15	7.11	0.71*	-0.16	0.26	-0.06	0.09	-0.17	-0.24	-0.15	-0.09	-0.20	-0.19	-0.14	0.05	-0.02	-0.01	0.16
Berat biji segar per tanaman (g)	12.92	37.73	23.62	0.50*	0.55*	0.49	0.28	0.14	0.04	0.07	-0.01	-0.14	0.06	-0.11	-0.02	0.03	-0.01	0.04	-0.02
Berat 100 biji segar (g)	15.15	34.47	25.45	0.62*	-0.04	0.34	0.18	0.13	-0.21	0.05	0.13	0.23	-0.04	0.02	0.05	0.33	0.11	0.20	0.03
Berat polong kering per tanaman (g)	7.64	29.77	14.99	0.67*	0.48	-0.15	-0.03	0.12	0.33	0.01	-0.16	0.03	0.16	0.16	0.01	0.06	0.09	0.18	-0.11
Panjang polong kering (mm)	49.14	67.28	58.67	0.44	0.64*	-0.27	-0.19	-0.26	-0.03	-0.12	-0.12	0.10	-0.07	0.16	-0.07	-0.04	0.04	-0.11	-0.07
Lebar polong kering(mm)	7.34	11.20	9.07	-0.13	0.69*	-0.41	-0.15	0.25	-0.07	-0.17	-0.10	0.19	-0.25	-0.03	-0.16	0.01	-0.07	0.08	0.08
Tebal polong kering (mm)	3.41	6.04	5.25	0.38	0.09	-0.07	-0.48	-0.02	0.08	0.38	0.13	0.22	-0.06	-0.13	0.21	-0.01	-0.17	-0.07	0.01
Berat biji kering per polong (g)	0.43	1.01	0.75	0.63*	0.55	-0.14	-0.05	-0.25	0.20	0.28	-0.07	-0.01	0.05	0.01	0.06	0.12	-0.03	-0.05	-0.08
Panjang biji kering (mm)	5.47	7.21	6.33	0.26	0.37	0.03	-0.44	0.48	0.26	0.39	0.02	0.22	-0.18	0.00	-0.10	-0.04	-0.03	-0.07	-0.03
Lebar biji kering (mm)	4.36	5.96	5.12	0.47	0.18	0.02	-0.54*	0.14	0.25	0.37	0.14	0.32	-0.23	0.04	-0.12	-0.08	0.02	-0.07	-0.08
Tebal biji kering (mm)	4.85	6.90	5.61	0.38	-0.12	0.21	-0.51*	0.43	0.18	0.31	0.10	0.24	0.03	0.11	-0.01	-0.07	0.10	-0.18	-0.16
Berat biji kering per tanaman (g)	6.22	23.94	12.81	0.76*	0.19	-0.29	-0.20	0.08	0.32	-0.08	-0.14	-0.04	0.11	0.12	-0.02	0.04	0.04	0.17	-0.03
Berat 100 biji kering (g)	8.11	19.64	13.46	0.71*	-0.02	-0.06	-0.24	-0.01	0.12	0.21	0.13	-0.14	0.14	0.10	0.11	0.30	-0.20	0.15	0.05

bersambung

sambungan ..... Tabel 3. Eigen Value, Keragaman, Rerata, dan Komponen Utama 61 Karakter Agronomi dan Morfologi 37 Genotipe Ercis

Karakter dan Komponen	Min	Maks	Rerata	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14	PC15	PC16
Antosianin pada tanaman	-	-	-	-0.07	-0.16	0.48	-0.39	0.02	-0.15	0.22	-0.21	-0.49	0.06	-0.19	-0.15	-0.30	0.05	-0.07	-0.12
Warna daun	-	-	-	0.14	-0.27	0.21	0.10	-0.05	0.24	0.21	-0.51*	0.33	0.05	0.11	-0.02	-0.34	-0.08	-0.11	0.19
Intensitas warna daun	-	-	-	0.06	-0.11	0.23	-0.02	0.25	0.32	-0.33	-0.40	0.08	0.18	0.17	0.23	0.04	-0.23	-0.24	-0.12
Dentation	-	-	-	-0.18	0.01	-0.25	0.02	-0.18	0.16	0.28	0.15	0.18	0.64*	-0.25	-0.17	-0.04	-0.23	-0.07	0.16
Warna wing bunga	-	-	-	-0.04	0.33	0.36	-0.41	-0.05	0.01	-0.42	0.06	0.01	-0.11	0.09	0.10	0.25	-0.27	-0.19	-0.07
Bentuk standar bunga	-	-	-	-0.09	-0.29	0.04	-0.20	0.71*	-0.27	0.20	0.10	0.15	0.24	0.01	-0.20	0.15	-0.08	0.05	0.08
Bentuk apex	-	-	-	-0.09	0.09	0.35	-0.30	-0.26	0.31	0.01	-0.27	-0.31	-0.22	-0.38	0.10	-0.23	0.11	0.07	-0.04
Bentuk ujung polong	-	-	-	-0.64*	0.22	-0.07	0.19	-0.17	-0.06	-0.02	-0.05	0.32	0.09	-0.20	-0.14	0.20	0.23	0.15	0.02
Lengkungan polong	-	-	-	0.48	-0.13	0.16	-0.35	0.07	-0.02	-0.37	0.12	0.01	0.06	-0.07	0.47	0.15	-0.02	-0.16	0.25
Bentuk biji	-	-	-	0.15	-0.22	0.10	-0.01	-0.25	0.17	0.11	0.57*	-0.22	-0.10	0.30	-0.40	-0.04	-0.24	0.00	-0.03
Tekstur biji	-	-	-	0.02	0.37	0.12	-0.50*	-0.08	-0.03	-0.34	0.05	-0.10	-0.14	0.47	0.10	-0.20	0.07	0.17	0.23
Warna kotiledon biji	-	-	-	0.13	-0.06	-0.19	0.05	0.22	-0.01	0.50*	-0.39	-0.04	-0.03	0.20	-0.22	-0.04	0.41	0.00	0.39
Warna hilum biji	-	-	-	0.20	-0.09	0.04	-0.18	-0.35	0.40	-0.47	0.12	0.24	0.28	-0.22	-0.10	-0.13	0.18	-0.01	0.04
Warna testa biji	-	-	-	-0.22	0.56*	0.28	0.07	-0.20	-0.13	0.13	0.07	-0.05	-0.05	0.45	-0.09	-0.13	-0.02	0.30	-0.19

Keterangan: \*) Karakter yang berkontribusi terhadap keragaman total pada enam belas komponen utama pertama

Komponen utama PC11, PC12, PC13, PC14, PC15, dan PC16 mempunyai kontribusi terhadap keragaman total, namun pada masing-masing komponen tersebut tidak terdapat karakter yang berkontribusi nyata terhadap keragaman. PC11 memiliki *eigenvalue* 1.80 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 2.95%. PC12 memiliki *eigenvalue* 1,52 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 2,49%. PC13 memiliki *eigenvalue* 1,42 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 2,33%. PC14 memiliki *eigenvalue* 1,22 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 1,99%. PC15 memiliki *eigenvalue* 1.15 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 1,88%. PC16 memiliki *eigenvalue* 1.02 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 1,67%. Hasil tersebut menunjukkan bahwa masing-masing komponen utama tersebut memiliki *eigenvalue* >1 tetapi setiap karakter tidak selalu berkontribusi terhadap komponen utama karena didasarkan pada nilai *factor loading*  $\geq 0,5$ .

Kontribusi dari setiap karakter mungkin ada tetapi tidak menunjukkan kontribusi maksimum. Keberadaan variabilitas genetik membentuk dasar perbaikan genetik dari sifat tertentu (Gatti *et al.*, 2011). Dengan adanya karakter yang mempunyai keragaman pada setiap komponen yang berkontribusi nyata terhadap keragaman total dan jarak genetik antar genotipe yang bervariasi dengan tingkat keanekaragaman genetik yang sedang, maka genotipe-genotipe ini bisa dijadikan bahan perbaikan genetik ercis di Indonesia. Selain itu, pemilihan genotipe dapat disesuaikan

dengan karakter yang akan diperbaiki dan disesuaikan dengan keragaman dan nilai rata-rata karakter.

### SIMPULAN

1. Tiga puluh tujuh genotipe ercis terbagi menjadi 6 kelompok berdasarkan 47 karakter agronomi dan 14 karakter morfologi dengan koefisien kemiripan 89-99%.
2. Keanekaragaman genetik ercis dikategorikan sedang dan tidak terdapat kelompok genotipe yang mendominasi.
3. Keragaman kumulatif berdasarkan karakter agro-morfologi mencapai 87.83% yang melibatkan 16 komponen utama pertama.

### UCAPAN TERIMAKASIH

Penelitian ini didanai dari Hibah Penelitian Dosen Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya 2018 dengan nomor sesuai surat perjanjian pelaksanaan penelitian nomor 5859/UN10.F04.06/2018 atas nama Dr. Budi Waluyo, SP., MP.

### DAFTAR PUSTAKA

- Annicchiarico, P., Romani, M., Cabassi, G., Ferrari, B., Annicchiarico Romani G Cabassi B Ferrari, P. M., Annicchiarico, P., ... Ferrari, B. (2017). Diversity in a pea (*Pisum sativum*) world collection for key agronomic traits in a rain-fed environment of Southern Europe. *Euphytica*, 213(11), 245. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-2033-y>
- Bien, J., & Tibshirani, R. (2011). Hierarchical clustering with prototypes via minimax linkage. *Journal of the*

- American Statistical Association*, 106(495), 1075–1084. <https://doi.org/10.1198/jasa.2011.tm10183>
- Bourgault, M., Brand, J., Tausz, M., & Fitzgerald, G. J. (2016). Yield, growth and grain nitrogen response to elevated CO<sub>2</sub> of five field pea (*Pisum sativum* L.) cultivars in a low rainfall environment. *Field Crops Research*, 196, 1–9. <https://doi.org/10.1016/J.FCR.2016.04.011>
- FAOSTAT. (2018). *Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database*.
- Gatti, I., Espósito, M. A., Almirón, P., Cravero, V. P., & Cointry, E. L. (2011). Diversity of pea (*Pisum sativum*) accessions based on morphological data for sustainable field pea breeding in Argentina. *Genetics and Molecular Research*, 10(4), 3403–3410. <https://doi.org/10.4238/2011.October.31.8>
- Gebreslassie, B., & Abraha, B. (2016). Review: distribution and productivity of Dekoko (*Pisum sativum* var. Abyssinicum A. Braun) in Ethiopia. *Global Journal of Science Frontier Research*, 16(3), 45–57. Retrieved from <https://journalofscience.org/index.php/GJSFR/article/view/1903/1764>
- Goepel, K. D. (2012). Simple Excel Sheet to calculate a set of diversity indices. Retrieved from <https://bpmsg.com/diversity-18-12-12/>
- Hirota, T., Sayama, T., Yamasaki, M., Sasama, H., Sugimoto, T., Ishimoto, M., & Yoshida, S. (2012). Diversity and population structure of black soybean landraces originating from Tanba and neighboring regions. *Breeding Science*, 61(5), 593–601. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.593>
- Hughes, A. R., Inouye, B. D., Johnson, M. T. J., Underwood, N., & Vellend, M. (2008). Ecological consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2008.01179.x>
- Jolliffe, I. T. (2002). Principal component analysis, Second Edition. *Encyclopedia of Statistics in Behavioral Science*, 30(3), 487. <https://doi.org/10.2307/1270093>
- Leila, O., Farida, A., Hafida, R.-B., & Aissa, A. (2016). Agro-morphological diversity within field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 11(40), 4039–4047. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11454>
- Litrico, I., & Violle, C. (2015). Diversity in plant breeding: a new conceptual framework. *Trends in Plant Science*, 20(10), 604–613. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2015.07.007>
- Lubis, K., Sutjahjo, S. H., & Syukur, M. (2014). Pendugaan parameter genetik dan seleksi karakter morfofisiologi galur jagung introduksi di lingkungan tanah masam. *Jurnal Agronomi Indonesia*, 33(2), 122–128.
- Magurran, A. E. (2004). *Measuring Biological Diversity*. Oxford, UK: Blackwell Publishing.
- Mahmud, F. (2017). Genetic diversity, correlation and path analysis for yield and yield components of pea (*Pisum sativum* L.). *World Journal of Agricultural Sciences*, 13(1), 11–16.

<https://doi.org/10.5829/idosi.wjas.2017.11.16>

Negisho, K., Teshome, A., & Keneni, G. (2017). Genetic diversity in Ethiopian field pea (*Pisum sativum* L.) germplasm collections as revealed by SSR markers. *Agriculture S*, 27(3), 33–47.

Poolperm, S., & Jiraungkoorskul, W. (2017). An update review on the anthelmintic activity of bitter gourd, *Momordica charantia*. *Pharmacognosy Reviews*, 11(21), 31. [https://doi.org/10.4103/phrev.phrev\\_52\\_16](https://doi.org/10.4103/phrev.phrev_52_16)

Tenda, E., Tulalo, M., & Miftahorrachman. (2009). Hubungan kekerabatan genetik antar sembilan aksesori kelapa. *Jurnal Penelitian Tanaman Industri*, 15(3), 139–144.

Woolford, S. (2015). (Factor) Analyze This PCA or EFA. Genetic Counseling Training Program, July 31, 2015. National Human Genome Research Institute, The Johns Hopkins University. PSTAT, CQE.

XLSTAT Version 2014.5.03 Copyright Addinsoft 1995-2014. (2014). *XLSTAT and Addinsoft are Registered Trademarks of Addinsoft*. Retrieved from <https://www.xlstat.com>