



Keragaman dan Kekerabatan Genetik 89 Aksesori Kunyit (*Curcuma longa* L.) Lokal Indonesia berdasarkan Karakter Agro-Morfologi

Firsa Insani Sajidah¹, Arif Affan Wicaksono¹, Debby Ustari^{1,2}, Fadila Ridara¹, Nolahdi Wicaksana¹, Agung Karuniawan^{1,3*}

¹Universitas Padjadjaran, Program Studi Agroteknologi, Jatinangor, Jawa Barat, Indonesia, 45363

²Universitas Islam Nusantara, Fakultas Pertanian, Bandung, Jawa Barat, Indonesia, 40286

³Padjadjaran Center for Sweet Potato Research and Innovation Excellence (PRAISE), Universitas Padjadjaran, Jatinangor, Jawa Barat, Indonesia, 45363³

*Email correspondence: agung.karuniawan@unpad.ac.id

Informasi Artikel

Diterima 27 Februari 2025

Direvisi 3 Juni 2025

Disetujui terbit 30 Juni 2025

Diterbitkan online 31 Des 2025

Keywords

Augmented Design, Cluster Analysis, PCA, RCBD, Rhizome.

Abstract

*Turmeric (*Curcuma longa* L.) is one of the most popular medicinal plants for its rhizome's pharmacological and economic value. Indonesia as a country with high biodiversity, has a wide level of turmeric diversity. Studies regarding the genetic diversity and relationship of Indonesian local turmeric collection is still limited to this day. This research aimed to obtain information regarding the genetic diversity and relationship of 89 Indonesian local turmeric accessions. The experimental design used in this research was Randomized Complete Block (RCB) based Augmented Design with 3 blocks and 6 checks variety replicated in each block. This research was conducted from January 2024 to February 2025 in Ciparanje Experimental Field, Unpad. There are 25 characters observed according to the Guidelines composed by India's Department of Agriculture in 2001. The obtained data were analyzed using Principal Component Analysis (PCA) to estimate the phenotypic variation. The genetic relationship was estimated by Cluster Analysis shown in Dendrogram. Results showed the observed accessions have a high phenotypic variation with 7 significant PC that has Eigenvalues ranging from 1,090-5,440 and a Cumulative Variation of 68,20%. There are 8 characters that were significant towards the emerged diversity. A wide genetic relationship amongst the accessions was shown by the Euclidean distance ranging from 1.8 - 9.8. The emerged wide genetic diversity and relationship indicate that there is a high potential of Indonesian local turmeric accessions to be developed by plant breeders.*



1. Pendahuluan

Nilai farmakologis dan ekonomis dari rimpang kunyit menjadikan kunyit sebagai salah satu jenis tanaman yang populer di Indonesia. Penggunaan secara langsung maupun ekstrak dari rimpang kunyit banyak dimanfaatkan baik sebagai bahan tambahan, bumbu masak, pewarna, maupun obat tradisional. Selain itu, rimpang kunyit juga berperan sebagai organ perbanyakan secara vegetatif, karena tanaman kunyit memiliki kromosom triploid ($3n=63$) yang menyebabkan sterilitas pada kunyit (Dayarathna *et al.* 2024). Menurut berbagai penelitian, zat kurkumin juga memiliki banyak khasiat di bidang pengobatan, seperti zat anti-inflamasi (Choi *et al.* 2019), anti kanker (Shakeri *et al.* 2019), dan antioksidan (Jayarathne *et al.* 2017). Hal ini menjadikan kunyit sebagai komoditas yang strategis untuk dikembangkan.

Indonesia dikenal sebagai negara dengan biodiversitas tinggi, termasuk dalam keanekaragaman tanaman kunyit (*Curcuma longa* L.) lokal yang tersebar di berbagai wilayah. Berbagai penelitian telah membuktikan bahwa meskipun kunyit diperbanyak secara vegetatif, terdapat keragaman kunyit pada tingkat genetik (Verma *et al.* 2015; Singh *et al.* 2015; Singh *et al.* 2018). Menurut Anindita *et al.* (2020), tanaman kunyit di Indonesia memiliki keragaman genetik yang luas berdasarkan penampilan fenotipik. Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat (Balittro) memiliki koleksi plasma nutfah tanaman obat sebanyak 2.700 aksesi dan 70 di antaranya merupakan aksesi tanaman kunyit yang diperoleh dari berbagai daerah sentra produksi. Kekayaan plasma nutfah kunyit yang dimiliki Indonesia menunjukkan adanya potensi pengembangan tanaman kunyit yang tinggi.

Keragaman genetik tanaman merupakan kunci untuk mencapai tujuan akhir dalam program pemuliaan tanaman, yaitu untuk menjaga biodiversitas plasma nutfah serta mengembangkan varietas unggul. Program pemuliaan untuk tanaman kunyit terbatas pada seleksi plasma nutfah, karena tanaman kunyit diperbanyak secara vegetatif, sehingga sulit untuk dilakukan hibridisasi (Verma *et al.* 2014). Widyapangesthi *et al.* (2022), menyatakan bahwa munculnya keragaman atau perbedaan penampilan tanaman menjadi peluang keberhasilan seleksi, karena dapat dengan luas memilih karakter yang diinginkan. Seiring berjalannya waktu, koleksi plasma nutfah dan jumlah aksesi kunyit di Indonesia akan terus meningkat, sehingga akan lebih sulit untuk membedakan masing-masing aksesi (Bursatriannyo *et al.* 2014). Namun, saat ini studi terkait keragaman dan kekerabatan genetik koleksi kunyit di Indonesia saat ini masih sangat terbatas. Oleh karena itu, analisis keragaman dan kekerabatan koleksi kunyit lokal perlu dilakukan untuk mengetahui karakter masing-masing aksesi agar dapat diseleksi dan dikembangkan pada jangka panjang seperti yang ditampilkan pada Tabel 1 berikut ini.

Tabel 1 Daftar 89 Aksesori uji yang digunakan

No	Kode aksesori	Daerah asal (Provinsi)
1.	CL-02, CL-03, CL-04, CL-06, CL-13, CL-07, CL-08, CL-09, CL-10, CL-11, CL-12, T1, T2, & T3	Jawa Barat
2.	CL-15 & CL-19	Jawa Tengah
3.	CL-20, CL-21, CL-22, CL-23, CL-24, CL-25, CL-26, & CL-77	Jawa Timur
4.	CL-78 & CL-74	Banten
5.	CL-28, CL-29, CL-30, & CL-68	Sumatera Selatan
6.	CL-31, CL-32, & CL-34	Sumatera Utara
7.	CL-98	Sumatera Barat
8.	CL-85 & CL-97	Lampung
9.	CL-74	Jambi
10.	CL-86 & CL-88	Bengkulu
11.	CL-63, CL-73, CL-79, CL-81, & CL-82	Kepulauan Bangka Belitung
12.	CL-62, CL-96, & CL-99	NAD
13.	CL-35	Kalimantan Barat
14.	CL-36 & CL-67	Kalimantan Timur
15.	CL-87	Kalimantan Tengah
16.	CL-37, CL-64, CL-93, & CL-94	Sulawesi Selatan
17.	CL-38, CL-39, CL-40, & CL-72	Sulawesi Tenggara
18.	CL-89	Sulawesi Utara
19.	CL-90, CL-91, & CL-92	Sulawesi Tengah
20.	CL-66	Gorontalo
21.	CL-65 & CL-83	Bali
22.	CL-41, CL-42, CL-43, CL-69, & CL-70	Maluku
23.	CL-95	Maluku Utara
24.	CL-44, CL-45, & CL-80	Nusa Tenggara Barat
25.	CL-46, CL-47, & CL-48	Papua
26.	CL-49, CL-50, CL-52, CL-53, CL-54, CL-55, CL-56, CL-57, CL-58, & CL-61	Papua Barat

Penelitian ini ditujukan untuk memperoleh informasi terkait keragaman dan kekerabatan genetik 89 aksesori kunyit lokal Indonesia berdasarkan karakter agronomi dan morfologi tanaman. Pemilihan 89 aksesori kunyit didasarkan pada asal lokasi geografis yang berbeda, yaitu dari 26 provinsi dan 9 pulau yang berbeda (Tabel 1). Aksesori kunyit lokal yang berasal dari lokasi geografis berbeda menunjukkan karakteristik yang beragam, sehingga dapat merepresentasikan keragaman kunyit lokal yang ada di Indonesia (Putri 2016). Perbedaan fenotipik yang muncul pada tanaman menunjukkan keragaman pada populasi tanaman akibat adanya perbedaan genetik. Kemunculan variasi karakter agronomi dan morfologi tanaman kunyit dijadikan sebagai acuan untuk menggambarkan keragaman serta kekerabatan dari genetik masing-masing aksesori kunyit. Oleh karena itu, diharapkan informasi terkait keragaman dan kekerabatan genetik koleksi kunyit lokal Indonesia dapat menunjang perkembangan ilmu pengetahuan di bidang pertanian, khususnya di bidang pemuliaan tanaman memaksimalkan potensi komoditas kunyit di Indonesia.

2. Metode Penelitian

2.1. Tempat, Waktu, Bahan, dan Rancangan Penelitian

Seluruh rangkaian penelitian dilaksanakan dari penanaman pada Bulan Januari 2024-Februari 2025. Pengamatan lapangan dilakukan di plot penanaman kunyit di Kebun Percobaan Ciparanje, Unpad ([-6.916026085319016](#), [107.77170639613473](#)) dengan kode yang disajikan pada Tabel 2 berikut.

Tabel 2 Kode/penamaan karakter agro-morfologi yang diamati

No.	Karakter	Kode Karakter
1.	Jumlah Anakan/Tanaman	JAT
2.	Tinggi Tanaman	TGT
3.	Jumlah Daun/Rumpun	JDR
4.	Panjang Daun	PND
5.	Lebar Daun	LBD
6.	Panjang Petiole	PPT
7.	Jumlah Daun pada Tanaman Utama	JDT
8.	Jumlah Induk Rimpang	JIR
9.	Panjang Rimpang Primer	PRP
10.	Lebar Rimpang Primer	LRP
11.	Ketebalan Rimpang Primer	KRP
12.	Berat Rimpang Primer	BRI
13.	Bobot Rimpang/Tanaman	BRT
14.	Bobot Rimpang/Plot (Total)	BRP
15.	<i>Dry Recovery</i>	DRC
16.	Potensi Hasil Rimpang/Hektar	PHR
17.	Habitus Batang Semu	HBS
18.	Pola Urat Daun	PUD
19.	Margin Daun	MRD
20.	Posisi Daun	PDU
21.	Warna Bagian Atas Daun	WAD
22.	Warna Daging Rimpang	WDR
23.	Habitus Rimpang	HBR
24.	Bentuk Rimpang	BRR
25.	Status Rimpang Tersier	SRT

Lokasi plot berada pada ketinggian 759 mdpl dengan jenis tanah inseptisol, serta memiliki rata-rata suhu 23,2° C dan kelembaban 90,3%. Bahan tanam yang digunakan yaitu bibit rimpang kunyit dari 89 aksesori kunyit lokal Indonesia serta 6 varietas cek. Percobaan dirancang menggunakan *Augmented Design* berbasis RAK atau disebut juga *Augemented Design* Tipe II yang terdiri atas 3 blok dengan perlakuan 6 varietas cek ditanam dengan 3 kali pengulangan pada masing-masing blok dan perlakuan 89 aksesori kunyit lokal ditanam tanpa pengulangan. Masing-masing plot terdiri atas 10 tanaman yang ditanam pada guludan tanah dengan jarak antar tanaman 50 cm dan jarak antar guludan 100 cm.

2.2. Pengamatan Karakter Agro-Morfologi

Terdapat 25 karakter Agro-Morfologi tanaman kunyit diamati berdasarkan *Guidelines for the Conduct of Test for Distinctiveness, Uniformity and Stability on Turmeric* yang disusun oleh PPV & FRA Government of India Tahun 2001 (Tabel 2). Karakter pertumbuhan kunyit meliputi HBS, PUD, MRD, PDU, WAD, JAT, TGT, JDR, PND, LBD, PPT, dan JDT diamati pada masa pertumbuhan vegetatif kunyit, yaitu pada 5 bulan setelah tanam. Karakter rimpang dan hasil kunyit meliputi WDR, HBR, BRR, SRT, PRP, LRP, KRP, BRP, BRT, BRP, DRC, dan PHR diamati pada saat dan setelah panen, yaitu pada 8 bulan setelah tanam. Jumlah tanaman sampel setiap aksesori yang digunakan untuk pengamatan yaitu sebanyak 5 tanaman, kecuali untuk karakter bobot rimpang/plot (BRP) digunakan seluruh tanaman.

2.3. Rancangan Analisis Data

Analisis data dilakukan pada perolehan data kualitatif maupun kuantitatif. Pengamatan karakter yang menghasilkan data kualitatif yaitu karakter HBS, PUD, MRD, MRD, PDU, WAD, HBR, BRR, dan SRT. Sebelum dianalisis, dilakukan pengolahan data kualitatif dengan cara mengkonversikan hasil pengamatan berdasarkan indeks skoring menurut pedoman pengamatan. Data kuantitatif diperoleh dari hasil pengamatan karakter JAT, JBS, TGT, JDR, PND, LBD, PPT, PRP, LRP, KRP, KRP, BRI, BRT, BRP, DRC, dan PHR.

2.3.1 Principal Component Analysis (PCA)

Hasil data yang diperoleh dianalisis menggunakan *software* SPSS dan STAR untuk *Principal Component Analysis* (PCA) dan *Cluster Analysis*. PCA diterapkan dalam pemuliaan tanaman untuk mengestimasi variasi genetik antar aksesi tanaman dan menentukan karakter yang paling berkontribusi terhadap variasi yang muncul (Verma *et al.* 2018). Hasil analisis akan menunjukkan nilai dan vector eigen. Tiga komponen utama pertama merupakan komponen paling penting untuk mengestimasi pola variasi antar aksesi. Sehingga, karakter penciri dari keragaman yang muncul ditentukan berdasarkan nilai eigen dari masing-masing komponen utama.

2.3.2 Cluster Analysis

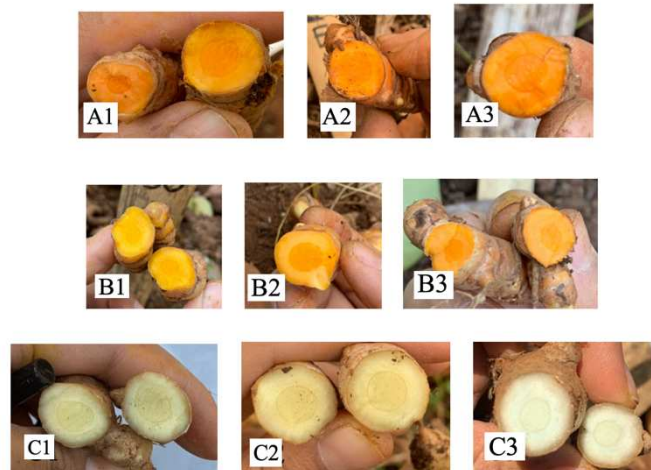
Data yang dihasilkan dari PCA kemudian dijadikan sebagai acuan dalam melakukan *cluster analysis*. *Cluster analysis* yang diterapkan menggunakan pendekatan *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA). UPGMA merupakan teknik *clustering* dalam bentuk konstruksi pohon filogenetik (Andriani 2016). *Clustering* divisualisasikan dalam bentuk dendrogram yang mengilustrasikan hubungan kekerabatan evolusioner antar genotip atau aksesi yang diamati (Scott dan Baum 2016). Kerapatan garpu pada dendrogram menunjukan jarak genetik antar aksesi, semakin rapat garpu maka semakin dekat hubungan kekerabatan antar aksesi atau kelompok tersebut.

3. Hasil dan Pembahasan

Hasil pengamatan yang dilakukan menunjukkan adanya variasi penampilan fenotipik dari 89 aksesi dan 6 varietas cek yang diuji dalam penelitian ini. Sesuai dengan panduan yang disusun oleh *PPV & FRA Government of India* (2001), pengkategorian warna daging rimpang pada aksesi yang diuji ditampilkan pada Tabel 3. Variasi warna daging rimpang yang muncul pada beberapa sampel ditunjukkan pada Gambar 1.

Tabel 3 Variasi warna daging rimpang aksesi kunyit

No.	Kategori Warna	Aksesi
1.	Kuning Terang	CL-49, CL-92, CL-08, CL-72, CL-88, CL-11, CL-48, CL-56, CL-86, CL-50, CEK 6, CL-43, CL-83, CL-39, CL-85, CL-53, CL-43, CL-46, CEK 5, CEK 1, CEK 2, CL-09, CL-32, CL-96, CL-95, CL-23, CL-06, & CEK 3.
2.	Oranye	CL-57, CL-73, CL-64, CL-79, CL-80, CL-24, CL-25, CL-38, CL-69, CL-66, CL-67, CL-90, CL-84, CL-58, CL-34, CL-32, CL-05, CL-03, & CL-55.
3.	Oranye Kemerahan	CL-2, CL-93, CEK 4, CL-40, CL-85, CL-54, CL-61, CL-52, CL-44, CL-81, CL-29, CL-13, CL-65, CL-41, CL-89, CL-70, CL-29, CL-01, CL-20, CL-26, CL-36, CL-98, CL-99, CL-37, CL-35, CL-02, T2, CL-19, CL-15, CL-87, CL-74, CL-91 CL-22, CL-47, T1, T3, CL-12, CL-78, CL-62, CL-07, CL-77, CL-30, CL-45, CL-42, CL-04, CL-31, CL-68, CL-10, CL-97, CL-94, & CL-82.



Keterangan :

A: Kuning Terang; A1 : CEK 6, A2 : CEK 2, & A3 : CL-88,

B: Oranye; B1 : CL-90, B2 : CL-64, & B3 : CL-65,

C: Oranye Kemerahan; C1 : CL-52, C2 : CEK-4, & C3 : CL-89.

Gambar 1 Variasi warna daging rimpang pada aksesi kunyit

Warna daging pada rimpang kunyit merupakan salah satu indikator kualitas rimpang berdasarkan kandungan zat kurkuminnya. Kandungan utama pada rimpang kunyit yaitu zat kurkumin ($C_{21}H_{20}O_5$) yang berperan sebagai sebagai zat pigmen pemberi warna pada rimpang (Handayani *et al.* 2023) Intensitas warna pada daging rimpang menunjukkan tingkat kandungan zat kurkumin pada rimpang tersebut. Studi yang dilaksanakan oleh Pal *et al.* (2020) menunjukkan bahwa genotip kunyit yang unggul dari segi kandungan zat kurkuminoid, antioksidan, dan besi memiliki daging rimpang berwarna oranye gelap. Farrar *et al.* (2021) juga menyatakan bahwa rimpang kunyit dengan warna oranye yang sangat kuat memiliki konsentrasi kurkumin paling tinggi dibandingkan dengan rimpang berwarna kuning cerah. Oleh karena itu, dapat dikatakan bahwa berdasarkan warna rimpang, aksesi kunyit yang memiliki kandungan kurkumin paling tinggi berada pada kelompok kategori warna oranye kemerahan.

3.1. Estimasi Keragaman Genetik

Keragaman fenotipik pada populasi tanaman kunyit yang terdiri atas 89 aksesi dan 6 varietas cek yang berasal dari 25 Provinsi di Indonesia diestimasi menggunakan metode *Principal Component Analysis* (PCA). Melalui metode PCA, karakter dengan kontribusi yang signifikan terhadap keragaman yang muncul dapat diidentifikasi dan divisualisasikan hubungannya dengan aksesi yang diuji (Venujayakanth *et al.* 2017). Penentuan jumlah *Principal Component* (PC) yang digunakan didasarkan pada nilai eigenvalue masing-masing komponen. Menurut Enzellina dan Suhaedi (2022), PC yang dianggap signifikan memiliki nilai eigen ≥ 1 .

Hasil analisis yang disajikan pada Tabel 4 menunjukkan adanya 7 PC yang memiliki nilai eigen ≥ 1 dengan persentase kumulatif sebesar 68,20%. Persentase tersebut menunjukkan besar keragaman yang direpresentasikan oleh ketujuh PC tersebut. Nilai persentase kumulatif tersebut tidak berbeda jauh dengan penelitian (Anindita *et al.* 2020) terkait keragaman aksesi lokal kurkuma di Indonesia yang melaporkan persentase kumulatif sebesar 70.73%. Studi yang dilaksanakan Verma *et al.* (2018) juga menunjukkan nilai persentase kumulatif sebesar

71.64% pada keragaman 80 aksesori kunyit di India. Nilai persentase kumulatif $\geq 50\%$ menunjukkan adanya keragaman yang luas pada populasi yang diamati (Mooi *et al.* 2018). Hal ini berarti populasi dari 89 aksesori kunyit lokal Indonesia di Jatinangor yang diamati memiliki keragaman genetik yang luas berdasarkan karakter Agro-Morfologi (Tabel 4).

Tabel 4 Hasil PCA berdasarkan 25 karakter agronomi dan morfologi

PC	Nilai eigen	Persentase variasi (%)	Persentase kumulatif (%)
1	5,440	22,60	22,60
2	3,913	16,30	38,90
3	1,750	7,30	46,20
4	1,535	6,40	52,50
5	1,429	5,90	58,50
6	1,245	5,20	63,70
7	1,090	4,50	68,20

Karakter yang memiliki kontribusi signifikan terhadap keragaman pada suatu PC ditentukan berdasarkan nilai *factor loading* yang disajikan pada Tabel 5. Menurut Wiktorowicz (2016), suatu variabel (karakter) memiliki kontribusi terhadap keragaman pada suatu PC jika memiliki *factor loading* lebih dari 5. Total terdapat 22 karakter yang signifikan pada *PC1–PC7*. Terdapat delapan karakter yang signifikan terhadap keragaman pada *PC1*, yaitu tinggi tanaman (TGT), jumlah daun/rumpun (JDR), panjang daun (PND), lebar daun (LBD), jumlah daun/tanaman (JDT), bobot rimpang/tanaman (BRT), bobot rimpang/plot (BRP), dan potensi hasil rimpang (PHR). Hal ini sesuai dengan studi oleh Anindita *et al.* (2020) yang melaporkan terdapat 11 karakter kuantitatif yang berkontribusi terhadap keragaman aksesori kunyit pada *PC1*, yaitu yaitu tinggi tanaman, jumlah tunas/tanaman, panjang petiole, panjang daun, lebar daun, lebar rimpang primer, tebal rimpang primer, jumlah rimpang induk, bobot panen total, bobot panen per tanaman, dan berat rimpang primer. Penemuan ini juga sejalan dengan studi oleh Raghuveer *et al.* (2023); Verma *et al.* (2018) yang menunjukkan bahwa karakter terkait morfologi daun dan hasil rimpang merupakan karakter paling signifikan terhadap keragaman yang muncul dalam analisis keberagaman kunyit di India. Hal ini berarti karakter yang paling berkontribusi terhadap keragaman yang muncul dalam penelitian ini yaitu karakter terkait morfologi daun yang meliputi PND, LBD, PUD, dan MRD serta karakter terkait hasil rimpang yang meliputi BRT, BRP, PHR, LRP, KRP, dan BRI (Tabel 5).

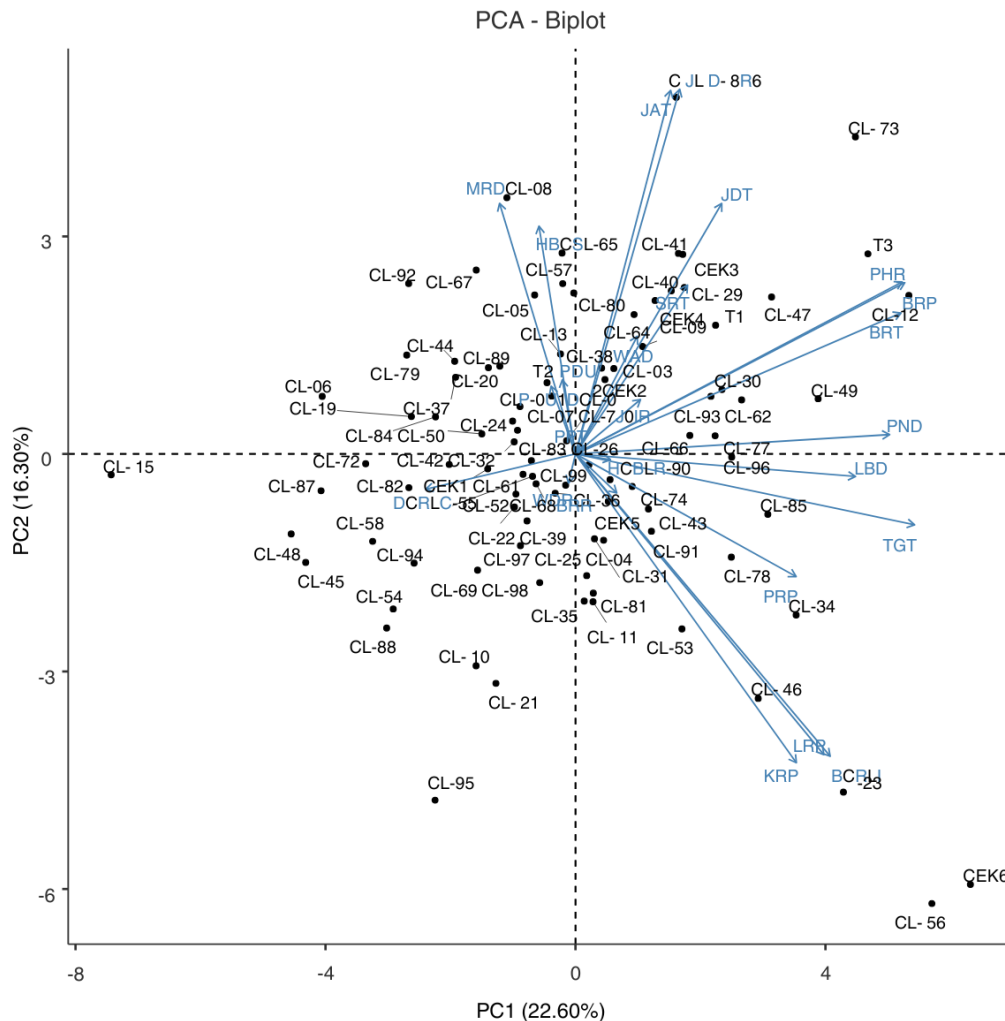
Tabel 5 *Factor loading* dari 25 karakter terhadap 7 PC

Karakter	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7
JAT	0,477	-0,426	0,469	0,080	-0,168	-0,109	0,370
TGT	0,640*	0,496	-0,094	0,215	-0,115	-0,073	0,149
JDR	0,567*	-0,479	0,309	-0,021	-0,212	-0,207	0,324
PND	0,685*	0,324	0,022	0,236	0,042	-0,040	-0,016
LBD	0,596*	0,350	-0,116	0,138	0,007	0,067	0,252
PPT	-0,026	0,077	0,112	0,014	0,080	0,058	-0,166
JDT	0,527*	-0,198	0,177	-0,328	-0,049	-0,061	0,246
JIR	0,215	-0,062	0,095	0,294	0,529*	-0,328	-0,014
PRP	0,297	0,528*	0,065	0,034	0,141	0,410	-0,072
LRP	0,164	0,922*	-0,040	-0,005	-0,015	-0,109	0,104
KRP	0,114	0,884*	-0,105	0,012	-0,009	-0,071	0,075
BRI	0,196	0,912*	-0,074	-0,027	0,016	-0,002	-0,006
BRT	0,843*	0,150	0,129	-0,035	0,034	0,003	-0,152
BRP	0,835*	0,089	0,106	-0,061	0,055	0,100	-0,114
DRC	-0,229	-0,309	-0,466	0,440	0,050	0,048	0,183
PHR	0,838*	0,081	0,090	-0,084	0,039	0,088	-0,095
HBS	0,039	-0,319	0,517*	0,060	0,296	0,081	-0,001
PUD	-0,089	-0,024	0,246	-0,065	0,033	0,783*	0,043
MRD	-0,046	-0,357	0,535*	-0,151	0,178	0,199	0,115
PDU	0,092	-0,161	0,080	-0,011	-0,065	-0,030	-0,820*
WAD	0,283	-0,185	-0,130	0,145	-0,276	0,582*	-0,033
WDR	-0,030	0,048	0,005	-0,155	0,859*	0,018	0,046
HBR	0,077	-0,035	-0,073	0,780*	-0,129	0,018	0,020
BRR	-0,063	0,176	0,339	0,601*	0,137	-0,037	-0,036
SRT	0,224	0,042	0,634*	0,080	-0,128	0,053	-0,139

Keterangan: Angka yang diikuti tanda * dinyatakan signifikan

Visualisasi hasil PCA disajikan dalam bentuk biplot yang menunjukkan pola hubungan karakter yang diamati berdasarkan 2 PC pertama (Gambar 2). Biplot menampilkan visualisasi data hasil PCA dalam dua dimensi, yaitu meliputi PC1 dan PC2 yang merepresentasikan variasi paling signifikan pada data (Nishisato *et al.* 2021). Menurut Mooi *et al.* (2018), dalam biplot terdapat titik data yang posisinya menunjukkan kemiripannya dengan data lain dan vektor data yang menunjukkan korelasinya dengan karakter atau variabel lain. Panjang vektor suatu karakter menunjukkan tingkat pengaruh karakter tersebut. Semakin panjang vektor suatu karakter maka semakin tinggi tingkat pengaruh karakter tersebut terhadap keragaman yang muncul. Hubungan antar karakter ditunjukkan oleh sudut yang dibentuk oleh vektor antar karakter tersebut. Semakin kecil luas sudut yang terbentuk antar dua vektor maka semakin dekat korelasi antar dua karakter tersebut (Jolliffe dan Cadima 2016).

Karakter jumlah anakan/tanaman (JAT), jumlah daun/rumpun (JDR), potensi hasil rimpang (PHR), bobot rimpang/plot (BRP), bobot rimpang/tanaman (BRT), tinggi tanaman (TGT), lebar rimpang primer (LRP), bobot rimpang primer (BRI), dan ketebalan rimpang primer (KRP) memiliki vektor paling panjang dibandingkan karakter lainnya. 6 dari 9 karakter tersebut, yaitu PHR, BRP, BRT, LRP, BRI, dan KRP merupakan karakter terkait hasil rimpang. Hal ini sejalan dengan studi oleh Anindita *et al.*, (2020) yang menunjukkan bahwa karakter hasil rimpang yang meliputi lebar rimpang primer, ketebalan rimpang primer, dan bobot rimpang primer termasuk kedalam karakter yang paling berkontribusi terhadap keragaman.



Gambar 2 Biplot hasil *PCA* 89 aksesii kunyit lokal Indonesia

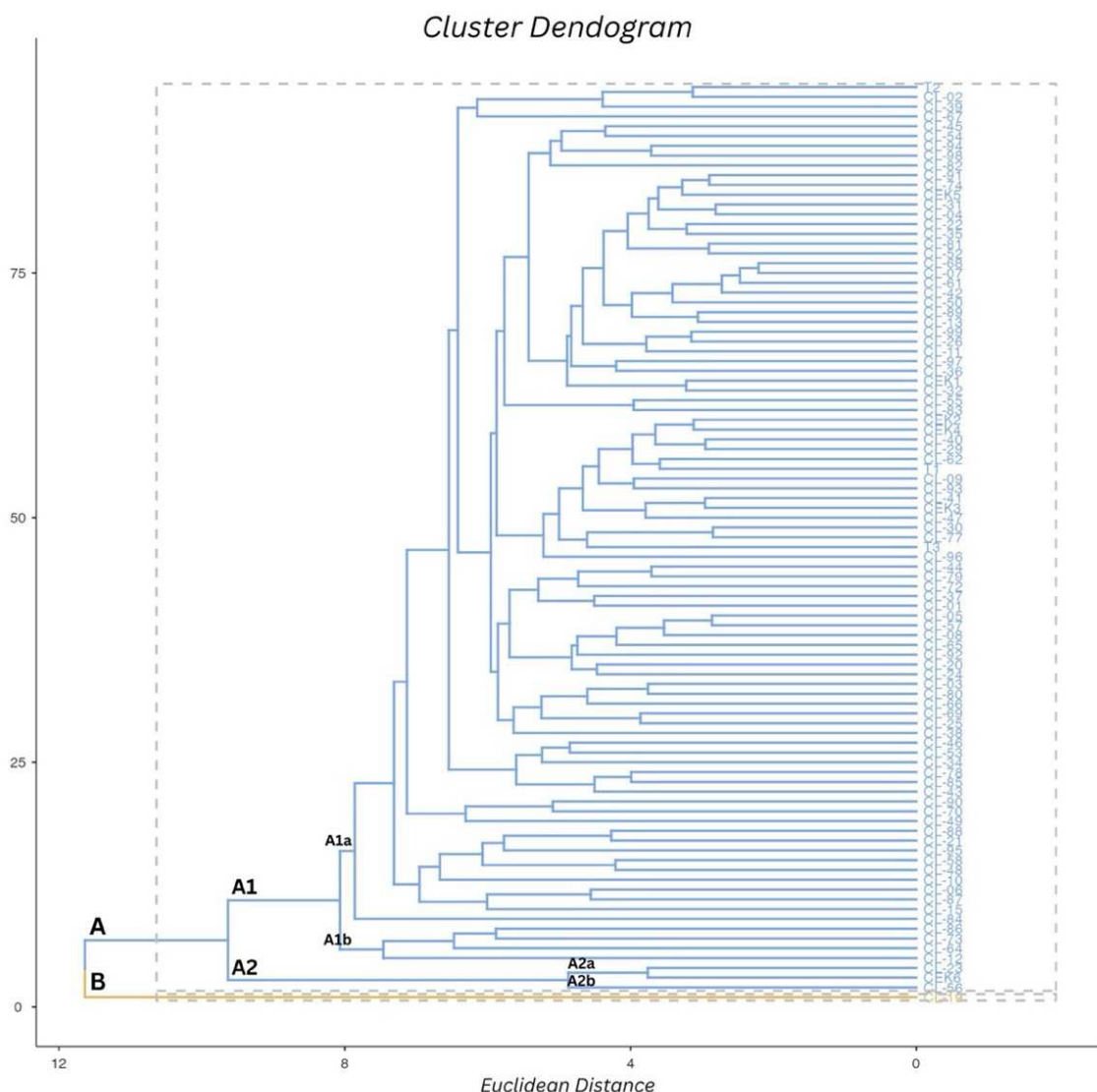
Beberapa karakter yang membentuk sudut vektor sangat dekat yaitu JAT dengan JDR, PHR dengan BRP, BRP dengan BRT, LRP dengan BRI, dan BRI dengan KRP. Hampir seluruh karakter yang membentuk sudut vektor yang sempit merupakan karakter yang berkaitan dengan morfologi bagian tanaman yang sama, misalnya rimpang dan daun. Karakter PHR, BRP, dan BRT sama-sama termasuk karakter terkait hasil rimpang. Karakter LRP, BRI, dan KRP merupakan karakter terkait rimpang primer, sehingga memiliki korelasi yang tinggi.

Posisi titik data masing-masing aksesii pada biplot menunjukkan pola keragaman yang muncul. Secara umum, seluruh titik data tersebar ke semua area kuadran, walau terdapat beberapa aksesii yang berdekatan dan membentuk kelompok. Sebaran aksesii yang merata pada seluruh area kuadran menunjukkan tingkat keragaman yang tinggi dalam *PCA*, yaitu aksesii yang terdapat pada kuadran yang sama cenderung memiliki kemiripan dengan satu sama lain (Sayed *et al.* 2022) Salah satu kelompok yang terbentuk terdiri dari aksesii yang berasal dari 5 pulau berbeda, yaitu CL-22 dari Jawa, CL-36 dari Kalimantan, CL-83 dari Bali, CL-68 dan CL-99 dari Sumatera, serta CL-52, CL-55, dan CL-61 dari Papua. Kelompok aksesii tersebut berada dekat dengan titik pusat (0,0), artinya memiliki karaktersitik yang relatif sama dan tidak memiliki perbedaan karakter yang ekstrim. Beberapa aksesii yang berasal dari pulau yang sama pada kelompok tersebut dapat diasumsikan bahwa aksesii tersebut berasal dari

bahan tanaman yang sama. Adapun aksesori yang berasal dari pulau berbeda berarti memiliki kemiripan berdasarkan karakter yang dianalisis. Banyaknya titik data yang terpisah jauh dan menyebar keseluruh area pada biplot menunjukkan aksesori yang diuji memiliki penampilan karakter yang berbeda dengan satu sama lain. Oleh karena itu, dapat dikatakan bahwa 89 aksesori kunyit lokal yang diuji pada penelitian ini memiliki keragaman yang tinggi.

3.2. Estimasi Kekerabatan Genetik

Estimasi kekerabatan genetik antar aksesori yang diuji dilakukan melalui analisis kluster. Pengelompokan aksesori dalam kluster diukur berdasarkan jarak *euclidean* yang menunjukkan tingkat perbedaan antar aksesori atau kelompok. Metode ini akan mengelompokkan berbagai aksesori berdasarkan kesamaan karakter yang dianalisis, baik yang kuantitatif maupun kualitatif (Vus *et al.* 2020). Semakin tinggi jarak *euclidean*, maka semakin jauh kekerabatan antar individu atau kelompok tersebut. Hasil analisis kluster disajikan pada Gambar 3.



Gambar 3 Dendrogram 89 aksesori kunyit lokal Indonesia

Rentang jarak dalam pengelompokan yaitu 1,8–9,8. Aksesori berjarak terdekat dengan nilai *euclidean* 1,8 yaitu CL-68 yang berasal dari Pulau Sumatera dengan CL-07 yang berasal dari Pulau Jawa. Berdasarkan hasil observasi, kedua aksesori tersebut memiliki kesamaan

pada karakter panjang rimpang primer (PRP), warna daging rimpang (WDR), dan bentuk rimpang (BRR) yang semuanya termasuk karakter kualitatif. Walau berasal dari pulau berbeda, dapat diasumsikan keduanya memiliki kekerabatan yang kuat berdasarkan kesamaan karakter yang dimiliki. Menurut Zhang *et al.* (2017), jarak euclidean lebih dari 1 menunjukkan adanya kekerabatan genetik yang jauh. Oleh karena itu, dapat disimpulkan bahwa 89 aksesori kunyit lokal yang diuji memiliki kekerabatan yang luas.

Secara keseluruhan, aksesori yang diuji terbagi menjadi 2 kelas besar yaitu A dan B. Kelas A terdiri atas 2 subkelas, yaitu A1 yang meliputi 67 aksesori dan A2 yang meliputi 4 aksesori. Subkelas A2 terdiri atas aksesori CL-12, CL-64, CL-73, dan CL-86 dengan karakter yang unggul meliputi jumlah anakan/tanaman (JAT), jumlah daun/rumpun (JDR), potensi hasil rimpang (PHR), berat rimpang/plot (BRP), berat rimpang/tanaman (BRT). Penelitian oleh Anindita *et al.* (2020) juga menunjukkan aksesori kunyit yang terpisah pada kelas dengan jarak *euclidean* tinggi memiliki keunggulan pada karakter berat rimpang/tanaman dan berat rimpang/plot. Kelas B terdiri atas aksesori CL-23, CEK 6, CL-56 yang ketiganya berada pada titik yang relatif dekat pada kuadran yang sama dalam biplot dengan karakter lebar rimpang primer (LRP), berat rimpang primer (BRI), dan ketebalan rimpang primer (KRP) yang paling unggul dan jauh di atas rata-rata.

Kekerabatan genetik yang luas pada aksesori yang diuji disebabkan oleh asal geografis yang beragam dan tersebar hampir ke seluruh area di Indonesia. Menurut Amien *et al.* (2021), munculnya keragaman genetik disebabkan oleh adanya jarak fisik serta penghalang geografis yang mempengaruhi kemungkinan adanya migrasi dan introduksi suatu genotip di area baru. Luasnya kekerabatan genetik yang muncul menunjukkan adanya potensi yang tinggi pada aksesori kunyit lokal di Indonesia untuk dikembangkan oleh pemulia tanaman.

4. Simpulan

Hasil pengujian 89 aksesori kunyit lokal Indonesia memiliki keragaman genetik yang luas berdasarkan karakter agronomi dan morfologi pada hasil *PCA*. Terdapat 7 *PC* yang signifikan dengan nilai eigen berturut-turut 5,440; 3,913; 1,750; 1,535; 1,429; 1,245; dan 1,090 dengan variasi kumulatif sebesar 68,20% berdasarkan hasil *PCA*. Terdapat 8 karakter yang paling berkontribusi terhadap keragaman yang muncul, yaitu tinggi tanaman (TGT), jumlah daun/rumpun (JDR), panjang daun (PND), lebar daun (LBD), jumlah daun/tanaman (JDT), bobot rimpang/tanaman (BRT), bobot rimpang/plot (BRP), dan potensi hasil rimpang (PHR). Aksesori kunyit lokal Indonesia yang diuji juga memiliki kekerabatan genetik yang jauh berdasarkan karakter agronomi dan morfologi dengan rentang jarak *euclidean* 1.8–9.8. Keragaman dan kekerabatan genetik yang luas pada aksesori yang diuji disebabkan oleh perbedaan latar belakang geografis yang tersebar hampir ke seluruh area di Indonesia dengan iklim yang beragam. Hal ini menunjukkan adanya potensi yang tinggi pada aksesori kunyit lokal di Indonesia untuk dikembangkan oleh pemulia tanaman. Pemahaman mengenai hubungan antara perbedaan agroklimat pada berbagai lokasi geografis asal masing-masing aksesori dengan kandungan kurkumin dan warna rimpang kunyit perlu dikaji lebih lanjut. Hal ini dikarenakan kurkumin merupakan kandungan utama pada rimpang kunyit yang dimanfaatkan oleh masyarakat, sehingga potensi keragaman kunyit Indonesia bisa dimaksimalkan.

Ucapan Terima Kasih

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Sensient Colors LLC, St. Louis, Missouri, Amerika yang mendanai penelitian ini dan bekerja sama dengan Universitas Padjadjaran, Kabupaten Sumedang, Indonesia.

Daftar Pustaka

- Amien S, Maulana H, Ruswandi D, Nurjanah, S. 2021. Genetic gain and relationship of yield and yield attributes of mutant and cross-bred stevia (*Stevia rebaudiana*) genotypes. *Biodiversitas*. 22(8): 3119–3126. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220805>.
- Andriani T. 2016. Aplikasi metode upgma untuk identifikasi kekerabatan jenis virus dan penyebaran epidemi ebola melalui pembentukan pohon filogenetik [tesis]. Surabaya: Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
- Anindita PA, Putri TK, Ustari D, Maulana H, Rachmadi M, Concibido V, Suganda T, Karuniawan A. 2020. Dataset of agromorphological traits in early population of turmeric (*Curcuma longa* L.) local accessions from Indonesia. *Data in Brief*, 33. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2020.106552>.
- Bursatriannyo, Syukur C, Mushthofa. 2014. Identifikasi varietas tanaman kunyit menggunakan sistem pakar. *Informatika Pertanian*. 23(1): 95–106.
- Choi Y, Ban I, Lee H, Baik MY, Kim W. 2019. Puffing as a novel process to enhance the antioxidant and anti-inflammatory properties of *Curcuma longa* L. (turmeric). *Antioxidants*. 8(11). <https://doi.org/10.3390/antiox8110506>.
- Dayarathna R, Dissanayake D, Weerasinghe P, Randeniya, R. (2024). Study on the effect of colchicine on in-vitro cultures of turmeric (*Curcuma longa* L.) approach to polyploid development. *International Journal of Agronomy and Agricultural Research (IJAAR)*, 25(2): 20–25. ISSN: 2223-7054.
- Enzellina G, Suhaedi D. 2022. Penggunaan metode principal component analysis dalam menentukan faktor dominan. *Jurnal Riset Matematika*. 101–110. <https://doi.org/10.29313/jrm.v2i2.1192>.
- Farrar MB, Wallace HM, Brooks P, Yule, CM, Tahmasbian I, Dunn PK, Bai SH. 2021. A performance evaluation of vis/nir hyperspectral imaging to predict curcumin concentration in fresh turmeric rhizomes. *Remote Sensing*. 13(9). <https://doi.org/10.3390/rs13091807>.
- Handayani D, Halimatushadyah E. 2016. Standarisasi mutu simplisia rimpang kunyit dan ekstrak etanol rimpang kunyit (*Curcuma longa* Linn). *Pharmacy Genius*, 2(1) : 23 - 59. ISSN : 2964-4771.
- Jayarathne S, Koboziev I, Park OH, Oldewage-Theron W, Shen CL, Moustaid-Moussa N. 2017. Anti-inflammatory and anti-obesity properties of food bioactive components: effects on adipose tissue. In *Preventive Nutrition and Food Science*. 22(4): 251–262. <https://doi.org/10.3746/pnf.2017.22.4.251>.
- Jolliffe IT, Cadima J. 2016. Principal component analysis: A review and recent developments. In *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*. 374(2065). [HTtps://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202](https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202).

- Mooi EM, Sa.rstedt, Mooi-Reci. 2018. *Market Research : The Process, Data, and Methods Using Stata*. Singapore : Springer Nature Singapore Pte Ltd.
- Nishisato S, Beh EJ, Lombardo R, Clavel JG. 2021. *History of the Biplot*. Modern Quantification Theory. Behaviormetrics: Quantitative Approaches to Human Behavior, 8. Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-16-2470-4_9.
- Pal K, Chowdhury S, Dutta SK, Chakraborty S, Chakraborty M, Pandit GK, Dutta S, Paul PK, Choudhury A, Majumder B, Sahana N, Mandal S. 2020. Analysis of rhizome colour content, bioactive compound profiling and ex-situ conservation of turmeric genotypes (*Curcuma longa* L.) from sub-Himalayan terai region of India. *Industrial Crops and Products*, 150. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2020.112401>.
- Putri DSI. 2016. Keragaman Genotipik dan fenotipik pada sembilan genotip tanaman tomat (*Lycopersicum esculentum* Mill.) [skripsi]. Malang: Universitas Brawijaya.
- [PPV & FRA] Protection Of Plant Varieties and Farmers Rights Authority. (2001). *Guidelines for the Conduct of Test for Distinctiveness, Uniformity and Stability on Turmeric (Curcuma longa L.)*. Government of India.
- Raghuveer S, Yuvaraj KM, Aarthi S, Prasath D. 2023. Multivariate analysis for various agromorphological traits of turmeric (*Curcuma longa* L.). *Journal of Horticultural Sciences*, 18(2). <https://doi.org/10.24154/jhs.v18i2.2092>.
- Sayed MRI, Alshallash KS, Safhi FA, Alatawi A, ALshamrani SM, Dessoky ES, Althobaiti AT, Althaqafi MM, Gharib HS, Shafie WWM, Awad-Allah MMA, Sultan FM. 2022. Genetic Diversity, Analysis of Some Agro- Morphological and Quality Traits and Utilization of Plant Resources of Alfalfa. *Genes*, 13(9). <https://doi.org/10.3390/genes13091521>.
- Scott AD, Baum DA. 2016. *Encyclopedia of Evolutionary Biology (1st Ed.)*. Elsevier.
- Shakeri A, Panahi Y, Johnston TP, Sahebkar A. 2019. Biological properties of metal complexes of curcumin. In *BioFactors*, 45(3), 304–317. Blackwell Publishing Inc. <https://doi.org/10.1002/biof.1504>.
- Singh A, Nanda P, Singh A, Singh B. 2015. Genetic diversity analysis in turmeric (*Curcuma longa* L.) based on SSR Markers. *Journal of Biological Engineering Research and Review*. 2(1): 20–24.
- Singh T, Patel R, Patel S, Patel, P. 2018. Molecular Diversity Analysis in Turmeric (*Curcuma longa* L.) Using SSR. *Journal of Human Genetics*. 32(3): 314.
- Venujayakanth B, Dudhat AS, Swaminathan B, Lakhlani Anurag M. 2017. Assessing Crop Genetic Diversity using Principle Component Analysis: a Review. In *Trends in Biosciences* 10(2).
- Verma K, Pandey V, Solankey S, Verma R, Nisha R, Kumar R. 2014. Genetic variability, character association and diversity analysis in turmeric. *Indian Journal of Horticulture*, 7(3): 367–372.

- Verma R, Kumari P, Kumar V, Rani N, Kumar R. 2018. Principal component analysis in Turmeric (*Curcuma longa* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*.
- Verma S, Singh S, Sharma S, Tewari S, Roy R, Goel A, Rana T. 201). Assessment of Genetic Diversity in Indigenous Turmeric (*Curcuma longa*) Germplasm from India Using Molecular Markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*. 21(2): 233–242. <https://doi.org/10.1007/s12298-015-0286-2>.
- Vus NA, Kobyzeva LN, Bezuglaya ON. 2020. Determination of the breeding value of collection chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions by Cluster analysis. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii*. 24(3): 244–251. <https://doi.org/10.18699/VJ20.617>.
- Widyapangesthi DA, Moeljani IR, Soedjarwo DP. 2022. Keragaman genetik dan heritabilitas m1 mentimun (*Cucumis sati* L.) lokal madura hasil iradiasi sinar gamma 60°C. *Jurnal Agrium*. 19(2): 191-196. <https://ojs.unimal.ac.id/index.php/agrium>.
- Wiktorowicz J. 2016. Exploratory factor analysis in the measurement of the competencies of older people / Eksploracyjna analiza czynnikowa w ocenie kompetencji osób starszych. *Ekonometria*, <https://doi.org/10.15611/ekt.2016.4.03>.
- Zhang Z, Murtagh F, Poucke S. Van, Lin S, Lan P. 2017. Hierarchical cluster analysis in clinical research with heterogeneous study population: Highlighting its visualization with R. *Annals of Translational Medicine*. 5(4). <https://doi.org/10.21037/atm.2017>.