

## Karakterisasi dan Penilaian Variabilitas Morfologi Bunga Telang (*Clitoria ternatea* L.) Asal Pulau Berbeda di Indonesia

### Characterization and Assessment of Morphological Variability of Butterfly pea (*Clitoria ternatea* L.) from Different Islands in Indonesia

Firdausi dan Budi Waluyo\*)

Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Brawijaya  
 Jl. Veteran, Malang 65145 Jawa Timur  
 \*)Email : [budiwaluyo@ub.ac.id](mailto:budiwaluyo@ub.ac.id)

#### ABSTRAK

Bunga telang (*Clitoria ternatea* L.) merupakan salah satu tumbuhan liar yang termasuk dalam keluarga Fabaceae dengan nomor kromosom  $2n=16$ , untuk merakit varietas bunga telang unggul langkah utama yang diperlukan adalah mengetahui keragaman karakter baik karakter pada morfologi maupun agronomi. Penelitian dilaksanakan pada bulan Januari-Mei 2020 di *Agrotechno Park* Universitas Brawijaya, yang berlokasi di Desa Jatikerto, Kabupaten Malang menggunakan 41 genotipe bunga telang yang dikoleksi dari Pulau Jawa, Madura dan Ternate. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman karakter dan mengetahui jarak genetik aksesori bunga telang. Penelitian dilakukan berdasarkan observasi terhadap genotipe bunga telang menggunakan deskriptor. Keragaman karakter dianalisis menggunakan *Principal Component Analysis* (PCA), pengelompokan dan jarak genetik dihitung dengan analisis kluster berdasarkan metode *agglomerasi unweighed pair-group method average* (UPGMA) berdasarkan similaritas menggunakan ukuran koefisien korelasi gower. Keragaman karakter 41 genotipe bunga telang berdasarkan analisis komponen utama terbagi menjadi 2 komponen utama. Kontribusi masing-masing komponen utama satu dan dua adalah 31,651% dan 21,253% dan didapatkan keragaman total sebanyak 52,94%. Hasil analisis jarak genetik pada 41 genotipe bunga telang menunjukkan bahwa bunga telang terbagi

menjadi 4 kelompok, genotipe yang memiliki jarak genetik terjauh berada pada kelompok ke 2 yakni genotipe 69281-03 dengan nilai jarak genetik sebesar 0,45 atau koefisien kemiripan 55%, sedangkan genotipe yang memiliki jarak genetik terdekat berada pada kelompok 4 yang terdiri dari genotipe 69281-02, 69281-04 dan 69281-05 dengan nilai jarak genetik sebesar 0,0375 atau dengan nilai koefisien kemiripan sebesar 96,25%.

Kata Kunci: Bunga telang, Keragaman, Jarak genetik, PCA

#### ABSTRACT

Butterfly pea (*Clitoria ternatea* L.) is one of the wild plants belonging to the Fabaceae family with chromosome number  $2n = 16$ , to assemble superior varieties of telang flowers the main step needed is to determine the variability of characters both in morphology and agronomy. The research was conducted in January-May 2020 at the *Agrotechno Park*, Universitas Brawijaya, which is located in Jatikerto Village, Malang Regency using 41 genotypes of telang flowers collected from Java, Madura and Ternate Islands. The purpose of this study was to determine the variability of characters and to determine the genetic distance of butterfly pea accessions. The research was conducted based on observations of the butterfly pea genotype using descriptors. The variability of characters was analyzed using *Principal Component Analysis* (PCA), genetic grouping and distance were calculated by

cluster analysis based on the unweighed pair-group method average (UPGMA) agglomeration method based on similarity using the measure of the gower correlation coefficient. The variability of the characters of the 41 flower telang genotypes based on the main component analysis was divided into 2 main components. The contribution of each main component one and two was 31.651% and 21.253% and the total variability was 52.94%. The results of genetic distance analysis on 41 butterfly pea genotypes showed that butterfly pea geno were divided into 4 groups, the genotype with the farthest genetic distance was in the second group, namely genotype 69281-03 with a genetic distance value of 0.45 or a similarity coefficient of 55%, while the genotype those who have the closest genetic distance are in group 4 which consists of genotypes 69281-02, 69281-04 and 69281-05 with a genetic distance value of 0.0375 or a similarity coefficient value of 96.25%.

Keyword: Butterfly pea, variability, genetic distance, PCA.

## PENDAHULUAN

Bunga telang merupakan salah satu tanaman asli Indonesia yang memiliki nilai ekonomis dan mulai banyak dipasarkan, hal ini disebabkan karena bunga telang memiliki banyak manfaat di bidang pangan, kesehatan dan kosmetik. Daun bunga telang telah dimanfaatkan sebagai sayuran di Negara India dan Filipina (Lee dan Abdullah, 2011). Thailand juga telah memanfaatkan sebagai minuman dengan nama Nam Dok Anchan (Kumar dan More, 2019). Warna biru pada bunga telang telah dimanfaatkan sebagai pewarna biru pada nasi kerabu di Malaysia (Salleh *et al.*, 2013), di Brazil bunga telang dibudidayakan sebagai pakan ternak karena memiliki nilai gizi yang tinggi dan sebanding dengan alfalfa (Abreu *et al.*, 2014), dan di Jerman berfungsi sebagai penghias dekoratif dan merupakan salah satu tanaman hias (Grüneberg *et al.*, 2009), selain itu bunga telang juga efektif untuk mengobati berbagai penyakit pada manusia. anti

depresan, anti konvulsan, obat penenang (Makasana *et al.*, 2016), dalam ilmu kesehatan India bunga telang telah lama digunakan sebagai obat tradisional yang dapat menghilangkan rasa ngantuk (Ali *et al.*, 2013). Secara hirarki bunga telang diyakini berasal dari Pulau Ternatea yaitu dari gugusan Molucca (Kupta *et al.*, 2015), sehingga keragaman plasma nutfah bunga telang di Indonesia dinilai cukup melimpah. Pada program pemuliaan tanaman keragaman dapat dimanfaatkan untuk membentuk varietas bunga telang unggul berdaya hasil tinggi

Pengoleksian dan pendataan karakter dari plasma nutfah bunga telang merupakan langkah awal untuk mengetahui keragaman genetik bunga telang. Keragaman genetik memiliki peran penting dalam pemuliaan dan pemanfaatan tanaman (Gu *et al.*, 2019). Langkah utama dalam memanfaatkan tanaman sebagai sumber bahan genetik adalah tersedianya informasi dari tingkat keragaman genetik (Melaku *et al.*, 2019). Keragaman yang tersedia akan bermanfaat untuk memperbaiki genetik masa depan (Hariyono *et al.*, 2019). Mengetahui keragaman genetik pada suatu tanaman merupakan hal yang sangat penting dalam program pemuliaan tanaman, hal ini berkaitan dengan hasil akhir dari program pemuliaan tanaman yaitu menciptakan tanaman dengan genetik yang lebih baik dari sebelumnya. Diketahui dalam menghasilkan populasi hybrid, data keragaman penting sebagai panduan dalam pemilihan tetua yang diinginkan (Agustina dan Waluyo, 2017)

## BAHAN DAN METODE PENELITIAN

Penelitian dilaksanakan pada bulan Januari-Mei 2020 di *Seed and Nursery Industry Agrotechno Park* Universitas Brawijaya, yang berlokasi di Desa Jatikerto, Kromengan, Kabupaten Malang, Provinsi Jawa Timur. Alat yang digunakan diantaranya, cetok, gembor, sabit, jangka sorong, penggaris, meteran, tugal, timbangan analitik, gunting, kamera, dan alat tulis.

Bahan yang digunakan diantaranya pupuk NPK, KNO<sub>3</sub>, SP36, pupuk kandang, fungisida Dhitane M-45, Insektisida AMMATE 150 EC, gamal, 41 genotipe bunga telang yang dikoleksi dari Pulau Jawa diantaranya, Banyuwangi, Jember, Pasuruan, Malang, Kediri, Jombang, Lamongan, Gunung Kidul, Wonosobo, Depok, Cirebon, Pulau Madura yaitu Sumenep dan Kepulauan Maluku yaitu Ternate.

Penelitian dilakukan di lapangan berdasarkan metode observasi. Akses di tanam berdasarkan satu lubang satu biji. Benih disemai terlebih dahulu kedalam media semai kemudian dipindah tanamkan ke lahan. Data dari hasil seluruh pengamatan dianalisis secara statistik. Nilai keragaman diperoleh berdasarkan analisis komponen utama/ *Principal Component Analysis* (PCA). Sedangkan pengelompokan dan jarak genetik berdasarkan morfologi dihitung dengan analisis kluster berdasarkan metode *aglomerasi unweighed pair-group method average* (UPGMA) berdasarkan similaritas menggunakan ukuran koefisien korelasi gower, menggunakan aplikasi berbasis online PAST3 (*Palaenotological Statistic*) (Hammer *et al.*, 2001).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Keragaman Karakter Kualitatif

Hasil evaluasi terhadap keragaman karakter pada 41 genotipe bunga telang berdasarkan *Principal component analysis* (PCA) menunjukkan terdapat 2 komponen utama yang memiliki *eigenvalue* >1 dengan

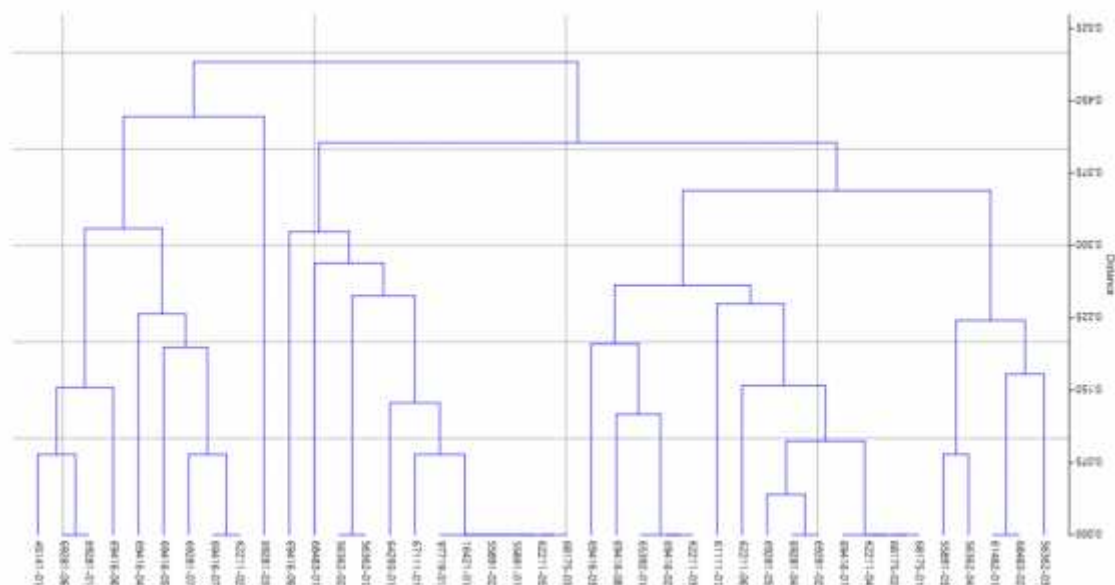
kontribusi keragaman total sebanyak 52,9% (Tabel 1). *Principal component 1* (PC1) memiliki nilai *eigenvalue* sebesar 1,89 dan memberikan kontribusi terhadap keragaman sebesar 31,65%, karakter-karakter yang diantaraya antosiain pada hipokotil, warna standar dan warna biji. *Principal component 2* (PC2) memiliki *eigenvalue* sebesar 1,27 dan memberikan kontribusi terhadap keragaman sebesar 21,25%, karakter yang berkontribusi terhadap PC 2 adalah jenis bunga.

Dari data hasil analisis PCA menunjukkan masing-masing komponen utama memberikan kontribusi yang berbeda-beda terhadap keragaman total, komponen utama yang pertama berkontribusi lebih besar terhadap keragaman total dibandingkan komponen utama kedua. Komponen utama yang pertama merupakan karakter paling penting dalam mencerminkan suatu variasi diantara akses, karakter ini sangat penting sebagai pembeda akses dan dapat berguna sebagai perbaikan genetik dari sifat-sifat penting yang memiliki kontribusi lebih besar terhadap variabilitas pada karakter yang diteliti (Das *et al.*, 2017).

Dari tujuh karakter yang diamati terdapat empat karakter yang berkontribusi terhadap keragaman total pada 2 komponen utama diantaranya antosianin pada hipokotil, warna standar, warna biji dan jenis bunga, kontribusi dari karakter-karakter ini ditandai dengan nilai loading faktor lebih dari 0,6. *Loading factor* digunakan untuk mengestimasi kontribusi

**Tabel 1.** Eigenvalue, keragaman, keragaman kumulatif, dan komponen utama 7 karakter kualitatif 41 genotipe bunga telang

Karakter dan Komponen	PC 1	PC 2
<i>Eigenvalue</i>	1.89	1.27
<i>Variability</i>	31.651	21.253
<i>Comulative variance (%)</i>	31.651	52.904
Antosianin pada hipokotil	0.63951*	-0.08647
Jenis Bunga	-0.27648	0.76033*
Keberadaan Antosianin pada batang	0.55769	0.53517
Tipe tumbuh	-0.26326	0.57982
Warna standar	0.7959*	-0.05116
Warna Biji	-0.63234*	-0.25369



**Gambar 1.** Dendrogram 41 genotipe bunga telang dari pulau berbeda

unik masing-masing karakter dimana nilai loading faktor yang dianggap sangat baik secara umum memiliki nilai lebih dari 0,6 (Hays, 1983).

#### **Jarak Genetik 41 Genotip Bunga Telang berdasarkan Karakter Kualitatif**

Pendugaan jarak genetik berdasarkan penampilan agronomi dan morfologi akan mengelompokkan beberapa genotipemenjadi beberapa kelompok (Khasanah dan Waluyo, 2018). Dari hasil analisis jarak genetik menggunakan data karakter kualitatif pada 41 genotipe bunga telang telah menghasilkan 4 kelompok (Gambar 1), pengelompokan ini didasarkan pada jarak genetik 0,405. Informasi tentang jarak genetik berfungsi untuk menentukan tetua yang akan digunakan dalam program hibridisasi (Arunachalam, 1981), tetua yang memiliki jarak genetik jauh berpeluang besar untuk menghasilkan kultivar baru (Miftahorrachman, 2012).

Dari 41 genotipe bunga telang yang dianalisis, genotipe yang memiliki jarak genetik terjauh berada pada kelompok ke 2 yakni genotipe 69281-03 dengan nilai jarak genetik sebesar 0,45 atau koefisien kemiripan 55%, genotipe ini dikoleksi dari wilayah geografis Madura dan dapat dimanfaatkan sebagai tetua dalam

hibridisasi bunga telang untuk memperluas keragaman genetik dan menghasilkan kultivar baru. Perkiraan jarak genetik membantu seorang *breeder* untuk lebih memahami susunan plasma nutfah, untuk meningkatkan efisiensi pengambilan sampel genotipe, dan untuk menunjukkan kombinasi induk terbaik yang akan digunakan (Bertan *et al.*, 2009). Jarak genetik yang jauh merupakan salah satu kunci dalam menghasilkan kultivar baru (Miftahorrachman, 2012), sedangkan genotipe yang memiliki jarak genetik terdekat berada pada kelompok 4 yang terdiri dari genotipe 69281-02, 69281-04 dan 69281-05 yang merupakan genotipe koleksi dari wilayah geografis Madura dengan nilai jarak genetik sebesar 0,0375 atau dengan nilai koefisien kemiripan sebesar 96,25%. Jarak genetik yang dekat menunjukkan bahwa individu yang diamati berasal dari perkawinan acak dalam satu populasi yang sama (Bao *et al.*, 2009)

Dalam dendrogram diketahui genotipe bunga telang yang memiliki jenis bunga *double petal* tidak mengelompok menjadi 1 kelas yang sama baik bunga telang yang berwarna putih maupun bunga telang yang berwarna biru. Tidak mengelompoknya genotipe tanaman yang memiliki jenis yang sama menunjukkan adanya perbedaan asal

genom pada koleksi plasma nutfah yang diamati (Sukartini, 2008). Dari keseluruhan karakter yang diamati menunjukkan nilai koefisien kemiripan berada pada kisaran antara 55-96,25% atau dengan rentan jarak genetik 0,0375 hingga 0,45.

### KESIMPULAN

Tujuh karakter kualitatif pada 41 genotipe bunga telang memiliki keragaman sebesar 52,9% dengan 4 karakter yang berkontribusi terhadap keragaman yang tersebar pada 2 komponen utama pertama dengan rentan jarak genetik sebesar 0,0375 hingga 0,45 atau dengan nilai koefisien kemiripan yang berkisar antara 55% hingga 96,25%.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini difasilitasi oleh Agro Techno Park Universitas Brawijaya melalui Seed and Nursery Industry.

### DAFTAR PUSTAKA

- Abreu, M. L. C., Vieira, R. A. M., Rocha, N. S., Araujo, R. P., Glória, L. S., Fernandes, A. M., de Lacerda, P. D., and Júnior, A. G. 2014. *Clitoria ternatea* L. as a potential high quality forage legume. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 27(2): 169–178. <https://doi.org/10.5713/ajas.2013.13343>
- Agustina, N. I., dan Waluyo, B. 2017. Keragaman karakter morfo-agronomi dan keanekaragaman galur-galur cabai besar (*Capsicum annuum* L.). *Jurnal Agro*, 4(2): 120–130. <https://doi.org/10.15575/1608>
- Ali, Z., Ganie, S. H., Narula, A., Sharma, M. P., and Srivastava, P. S. 2013. Intra-specific genetic diversity and chemical profiling of different accessions of *Clitoria ternatea* L. *Industrial Crops and Products*, 43(1): 768–773. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2012.07.070>
- Arunachalam, V. 1981. Genetic distance in plant breeding. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41, 226–236.
- Bao, W. B., Shu, J. T., Wu, X. S., Musa, H. H., Ji, C. L., and Chen, G. H. 2009. Genetic diversity and relationship between genetic distance and geographical distance in 14 Chinese indigenous chicken breeds and red jungle fowl. *Czech Journal of Animal Science*, 54(2): 74–83. <https://doi.org/10.17221/1666-cjas>
- Bertan, I., de Carvalho, F. I. F., de Oliveira, A. C., Benin, G., Vieira, E. A., and Valério, I. P. 2009. Distâncias morfológicas, genealógicas e moleculares e suas associações com o desempenho de híbridos em trigo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(2): 155–163. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000200007>
- Das, S., Das, S. S., Chakraborty, I., Roy, N., Nath, M. K., and Sarma, D. 2017. Principal component analysis in plant breeding. *Biomolecule Reports*, September, 1–3.
- Grüneberg, H., Wasmund, A., and Gruda, N. 2009. Untersuchungen zur Vermehrbarkeit der neuen Zierpflanze *Clitoria ternatea* L. var. *pleniflora* Fantz. *Gesunde Pflanzen*, 61(2): 93–99. <https://doi.org/10.1007/s10343-009-0206-x>
- Gu, X., Cao, Y., Zhang, Z., Zhang, B., Zhao, H., Zhang, X., Wang, H., Li, X., and Wang, L. 2019. Genetic diversity and population structure analysis of *Capsicum* germplasm accessions. *Journal of Integrative Agriculture*, 18(6): 1312–1320. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(18\)62132-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(18)62132-X)
- Hammer, Ø., Harper, D. A. T., and Ryan, P. D. 2001. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1): 1–9.
- Hariyono, D. N. H., Maharani, D., Cho, S., Manjula, P., Seo, D., Choi, N., Sidadolog, J. H. P., and Lee, J. H. 2019. Genetic diversity and phylogenetic relationship analyzed by

- microsatellite markers in eight Indonesian local duck populations. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 32(1): 31–37. <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0055>
- Hays, W. L. 1983.** Review of using multivariate statistics. *Contemporary Psychology: A Journal of Reviews*, 28(8): 642–642. <https://doi.org/10.1037/022267>
- Khasanah, H., dan Waluyo, B. 2018.** Pendugaan jarak genetik berdasarkan karakter agromorfologi genotipe jarak keyar hasil penerapan kolkisin generasi ke-4. *Plantropica Journal of Agricultural Science*, 3(2): 116–123.
- Kumar, M., and More, D. 2019.** Phytochemical analysis and bioactivity of selected medicinal plant of butterfly-pea (*Clitoria ternatea* L.) used by Kolam tribe Addjoing region of Telangana and Maharashtra states. *Pharma Innovation*, 8(1): 417–421.
- Kupta, G. K., Chahal, J., and Bhatia, M. 2015.** *Clitoria ternatea* (L.): old and new aspects. *Journal of Pharmacy Research*, January 2010, 2610–2614.
- Lee, P. M., and Abdullah, R. 2011.** Thermal degradation of blue anthocyanin extract of *Clitoria ternatea* flower. *2nd International Conference on Biotechnology and Food Science*, 7, 49–53.
- Makasana, J., Pillai, V., Sharma, A., Dholakiya, B. Z., Gajbhiye, N. A., and Saravanan, R. 2016.** Effect of seed treatment on germination and flavonoids diversity in accessions of butterfly pea (*Clitoria ternatea*). *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 86(12): 1553–1558.
- Melaku, G., Labroo, M., Liyu, H., Shilai, Z., Guangfu, H., Jing, Z., Tesfaye, K., Haileselassie, T., and Hu, F. 2019.** Genetic diversity and differentiation of the African wild rice (*Oryza longistaminata* chev. et roehr) in Ethiopia. *Scientific African*, 6, e00138. <https://doi.org/10.1016/j.sciaf.2019.e00138>
- Miftahorrhachman. 2012.** Hubungan kekerabatan genetik empat aksesi plasma nutfah pinang asal Sulawesi Utara dan Sumatera Utara. *Buletin Palma*, 13(1): 17–21. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.21082/bp.v13n1.2012.17-21>
- Salleh, R. M., Ong, M. T., and Neda, G. D. 2013.** Chemical composition and anti-proliferative properties of flowers of *Clitoria ternatea*. *International Food Research Journal*, 20(3): 1229–1234.
- Sukartini, S. 2008.** Analisis jarak genetik dan kekerabatan aksesi-aksesi pisang berdasarkan primer random amplified polymorphic DNA. *Jurnal Hortikultura*, 18(3): 81904. <https://doi.org/10.21082/jhort.v18n3.2008.p>