

## Keragaman Genetik Akses Ciplukan (*Physalis* sp.) Berdasarkan Karakter Morfologi dan Agronomi

### Variability Genetic Accession Of Ciplukan (*Physalis* sp.) Based On Agronomic and Morphological Characters

Kirana Rukmi dan Budi Waluyo<sup>\*)</sup>

Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Brawijaya  
 Jl. Veteran, Malang 65145 Jawa Timur, Indonesia

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

#### ABSTRAK

Ciplukan (*Physalis* sp.) merupakan tanaman tropis yang potensial dikembangkan di Indonesia. Di Indonesia tanaman ciplukan dibuktikan dengan berbagai nama daerah, seperti di Jawa: ciciplukan; Madura: yoryoran; Sunda: cecendet; Bali: kopok-kopokan; Pontianak: lelutup; Minahasa: leletokan; Sumatra: daun boda. Ciplukan memiliki banyak manfaat tanaman yang layak untuk dibudidayakan sebagai bahan baku biofarmaka sehingga tidak lagi dikenal sebagai tanaman liar oleh masyarakat. Salah satu dalam memanfaatkan plasma nutfah dengan mengetahui keragaman dan jarak genetik berdasarkan karakter morfologi dan agronomi. Penelitian telah dilaksanakan pada bulan Februari-Juni 2017 bertempat di Screen House Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya. Bahan 10 akses ciplukan, cocopeat, kompos, ZA, SP-36, KCL dan decis. Penelitian menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) perlakuan berupa 10 akses ciplukan dengan tiga kali ulangan. Variabel pengamatan kualitatif tipe pertumbuhan, bentuk daun, batas gerigi daun, letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, rambut ruas, warna daun, warna utama buah, warna daging buah. Variabel pengamatan kuantitatif tinggi tanaman, lebar daun, panjang buah, diameter buah, jumlah buah pertanaman, bobot buah segar dengan kelopak, bobot buah pertanaman, jumlah biji perbuah, padatan terlarut total. Data dianalisis menggunakan perhitungan (PCA) dengan pendekatan koefisien korelasi Pearson dilakukan untuk mengetahui

kontribusi karakter terhadap keragaman maksimum. Analisis pengelompokan berdasarkan (AHC) dengan similitas koefisien korelasi pearson dengan metode aglomerasi *unweighted pair-group method average* (UPGMA). Keragaman akses ciplukan berdasarkan PCA terhadap karakter morfologi dan agronomi dipengaruhi oleh 5 komponen utama dengan nilai keragaman kumulatif 87,36%. Hasil jarak genetik berdasarkan karakter morfologi dan agronomi terbagi menjadi empat kelompok utama yang tersebar pada jarak genetik dengan koefisien 99%-100%.

Kata kunci : Jarak Genetik, Keragaman, Media Tanam, Tanaman Ciplukan.

#### ABSTRACT

Ciplukan (*Physalis* sp.) is a potential tropical plants developed in Indonesia. In Indonesia the plant ciplukan is names areas, such as in Java: ciciplukan; Madura: yoryoran; Sunda: cecendet; Pontianak: lelutup; Minahasa: leletokan; Sumatra: boda leaves. Ciplukan plant has many benefits and is a worthy plants for so that they are no longer known as wild plants by public. One in utilizing germplasm is by knowing variability and genetic distance based on agronomic and morphological characters. Research has been conducted in February-June 2017 in Screen House Brawijaya. The materials 10 accession ciplukan, cocopeat, compost, ZA, SP-36, KCL, and decis. Research method randomized block design (RAK) in the form of 10 accession of ciplukan a repeated three

times. Observations qualitative the type growth, leaf shape, leaf dentation of margin location the petiole, type flower stalk, the hair section, leaf color, the main color fruit, color of flesh. Observations quantitative plant height, leaf width, length petiole, fruit length, fruit diameter, fruit with petals, weight fruit crops, number seeds, total dissolved solids. The data obtained were analyzed (PCA) Pearson correlation coefficient character's contribution towards the maximum variability. Cluster analysis based on (AHC) and correlation coefficients of pearson similitas. The variability the accession ciplukan based on morfologi characters PCA and agronomic influenced by 5 main components with the highest variability cumulative 87,36%. The results of the genetic distance based on agronomic and morphological characters are divided into four main groups which spread on genetic distance coefficient 99%-100%.

Keywords: Ciplukan Plant, Genetic Distance Plant Media, Variability.

## PENDAHULUAN

Ciplukan (*Physalis* sp.) merupakan tanaman tropis yang potensial dikembangkan di Indonesia. Tanaman ciplukan memiliki banyak manfaat dan merupakan tanaman yang layak untuk dibudidayakan sebagai bahan baku biofarmaka sehingga tidak lagi dikenal sebagai tanaman liar atau gulma oleh masyarakat (Sutjiatmo *et al.*, 2011). Beberapa negara asing yang membudidayakan ciplukan untuk produksi secara komersial adalah Ekuador, Afrika Selatan, Kenya, Zimbabwe, Australia, Selandia Baru, Hawaii, India, Malaysia, Colombia dan Cina (Novoa, 2006) Kandungan dari tanaman ciplukan antara lain fisalin B, fisalin D, fisalin F, withangulatin A yang terdapat pada herbal, 12-25% protein, 15-40% minyak, lemak dengan komponen utama asam palmetat dan asam stearat yang terdapat pada biji ciplukan, alkaloid yang terdapat pada akar ciplukan, glikosida flavonoid (luteolin) yang terdapat pada daun ciplukan, flavonoid dan saponin yang terdapat pada tunas ciplukan (Verheij

*et al.*, 1997). Hasil penelitian menyatakan bahwa ciplukan pada bagian batang, daun dan buah mengandung antioksidan alami yang dapat digunakan sebagai obat untuk penyakit, seperti malaria, asma, hepatitis, dermatitis, masalah hati dan rematik, serta memiliki antikanker, antimycobacterial, dan antileukemia (Sutjiatmo *et al.*, 2011). Terdapat tiga jenis ciplukan di Jawa yaitu *Physalis angulata* L., *Physalis minima* L., dan *Physalis peruviana* L. Tanaman ciplukan memiliki peluang untuk dibudidayakan menjadi tanaman komersial maka perlu dilakukan identifikasi keragaman dan jarak genetik ciplukan yang dikoleksi dari beberapa wilayah di Indonesia.

Evaluasi terhadap karakter plasma nutfah merupakan salah satu dalam kegiatan pemuliaan tanaman untuk menghasilkan varietas yang diinginkan (Sharma *et al.*, 2015). Analisis keragaman genetik dapat dilakukan dengan berbagai tipe penanda, salah satu tipe penandanya ialah morfologi pada tanaman tersebut (Talhinhas *et al.*, 2006). Keragaman ialah karakter tanaman yang tampak dan dapat diamati secara visual (fenotipe) merupakan pengaruh interaksi antar faktor genetik dan lingkungan. Jarak genetik ialah ukuran diferensiasi genetik atau perbedaan spesies yang bisa membandingkan jarak genetik bahwa terdapat spesies yang baik dalam satu kelompok (Frankham *et al.*, 2010).

## BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan pada bulan Februari - Juni 2017 bertempat di Screen House Fakultas Pertanian Universitas Brawijaya. Alat yang digunakan dalam penelitian ini meliputi *polybag*, tugal, gembor, ajir, tali raffia, timbangan analitik, jangka sorong, refractometer, kertas label, kalkulator, kamera dan alat tulis. Bahan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi: 10 aksesi ciplukan 16/MDRGDR, 16/KBM, 16/MLG12LWK, 16/MDRDH, 16/MLGTPG5, 16/KDR1, 16/MLGJKT1, 16/OLSME, 16/INTBLD1, 16/INTBLD2, *cocopeat*, pupuk kompos, ZA, SP-36, KCL dan decis. Penelitian disusun berdasarkan Rancangan Acak Kelompok (RAK).

Perlakuan terdiri dari 10 aksesori ciplukan pada satu aksesori ciplukan di tanam sebanyak tiga tanaman dengan tiga kali ulangan. Variabel kualitatif yang diamati antara lain Tipe pertumbuhan, bentuk daun, batas gerigi daun, letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, rambut ruas, warna daun, warna utama buah, warna daging buah, warna biji, bentuk penampang melintang, bentuk penampang membujur dan Variabel kuantitatif yang diamati yaitu tinggi tanaman, lebar daun, panjang tangkai daun, panjang buah, diameter buah, jumlah buah per tanaman, bobot buah segar dengan kelopak, bobot buah per tanaman (kg), Jumlah biji perbuah (biji), diameter bunga (cm), padatan terlarut total (%Brix).

Analisis data yang digunakan yaitu analisis keragaman agronomi ialah Keragaman maksimum karakter agronomi yang terdiri dari karakter kualitatif dan kuantitatif di tentukan berdasarkan banyaknya komponen utama yang berpengaruh terhadap keragaman total ditentukan berdasarkan *eigenvalue* >1 menggunakan aplikasi microsoft Excel 2016/XLSTAT Version 2017.01.41744 dan Analisis jarak genetik ialah Analisis pengelompokan jarak genetik dilakukan dengan karakter kualitatif dan kuantitatif yang nyata berkontribusi terhadap keragaman berdasarkan analisis *Principal Component Analysis* (PCA). Pengelompokan jarak genetik dilakukan dengan analisis pengelompokan berdasarkan *Agglomerative Hierarchical Clustering* (AHC) berdasarkan similitas menggunakan ukuran koefisien korelasi Person dengan metode aglomerasi *unweighted pair-group method average* (UPGMA) menggunakan aplikasi Microsoft Excel 2016/XLSTAT Version 2017.01.41744.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Dari hasil analisis komponen utama atau *Principal Component Analysis* (PCA) dilakukan berdasarkan 12 karakter kualitatif pada 10 aksesori ciplukan. Komponen utama ditentukan berdasarkan nilai *eigenvalue* >1 dan karakter yang berkontribusi terhadap keragaman ditentukan oleh *factor loading*

>0,5 berdasarkan PCA didapatkan 4 komponen utama pertama yang berkontribusi terhadap total keragaman 86,51% (Tabel 1). Berdasarkan 4 komponen utama pertama yang mempunyai *eigenvalue* >1 ialah 4,53, 2,53, 2,18 dan 1,12 dengan total keragaman 86,51% pada karakter kualitatif yang di analisis (Tabel 1). (*Principal Component*) PC1 dengan *eigenvalue* 4,53 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 37,78% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama pertama PC1 ialah bentuk daun, letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, rambut ruas, bentuk penampang melintang buah, tipe pertumbuhan dan warna daun. Komponen utama PC2 mempunyai *eigenvalue* 2,53 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 21,13% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC2 ialah bentuk daun, batas gerigi daun, warna biji, rambut ruas, dan bentuk penampang membujur buah. Komponen utama PC3 mempunyai kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 18,21% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC3 ialah warna biji, warna utama buah, Komponen utama PC4 mempunyai *eigenvalue* 1,12 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 9,38% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC4 ialah warna daging buah.

Dari hasil analisis komponen utama (PCA) dilakukan berdasarkan 11 karakter kuantitatif pada 10 aksesori ciplukan. Komponen utama ditentukan berdasarkan nilai *eigenvalue* >1 dan karakter yang berkontribusi terhadap keragaman ditentukan oleh *factor loading* >0,5 berdasarkan PCA didapatkan 4 komponen utama pertama yang berkontribusi terhadap keragaman 87,68% pada karakter kuantitatif yang dianalisis (Tabel 2). Berdasarkan 4 komponen utama pertama yang mempunyai *eigenvalue* >1 ialah 4,79, 2,30, 1,47 dan 1,07 dengan total keragaman 87,68% pada karakter kuantitatif yang dianalisis (Tabel 2). (*Principal Component*) PC1 dengan *eigenvalue* 4,79 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 43,59% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama pertama PC1 ialah lebar

daun, tinggi tanaman sebesar 20,92% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC2 ialah jumlah buah pertanaman, panjang buah, jumlah biji perbuah dan bobot buah pertanaman. Komponen utama PC3 mempunyai *eigenvalue* 1,47 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar

13,40% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC3 ialah panjang tangkai daun, tinggi tanaman dan jumlah biji perbuah. Komponen utama PC4 mempunyai *eigenvalue* 1,07 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 9,76%. karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC4 ialah panjang buah.

**Tabel 1.** *Eigenvalue*, Keragaman, Keragaman Kumulatif dan *Factor loading* 10 Aksesi Ciplukan Berdasarkan 12 Karakter Kualitatif

Karakter tanaman	PC1	PC2	PC3	PC4
Bentuk daun	-0,65*	0,62*	-0,40	0,07
Batas gerigi daun	-0,00	0,69*	0,35	0,47
Letak tangkai daun	0,93*	-0,04	-0,05	-0,27
Tipe tangkai bunga	0,93*	-0,04	-0,05	-0,27
Warna biji	0,07	-0,57*	0,62*	0,04
Rambut ruas	-0,53*	0,75*	-0,00	-0,32
Warna utama buah (saat panen)	0,49	0,10	-0,63*	0,27
Bentuk penampang membujur buah	-0,10	-0,55*	-0,62*	0,26
Bentuk penampang melintang buah	-0,64*	-0,18	0,69*	-0,09
Tipe pertumbuhan	0,79*	0,35	0,32	0,27
Warna daun	-0,79*	-0,35	-0,32	-0,27
Warna daging buah	-0,38	-0,40	0,05	0,57*
<i>Eigenvalue</i>	4,53	2,53	2,18	1,12
Keragaman (%)	37,78	21,13	18,21	9,38
Kumulatif (%)	37,78	58,91	77,12	86,51

Keterangan: \*) Karakter yang berkontribusi pada komponen utama terhadap keragaman maksimum.

**Tabel 2.** *Eigenvalue*, Keragaman, Keragaman Kumulatif dan *Factor loading* 10 Aksesi Ciplukan Berdasarkan 11 Karakter Kuantitatif

Karakter tanaman	PC1	PC2	PC3	PC4
Panjang tangkai daun	0,34	-0,16	0,64*	0,06
Lebar daun	0,97*	-0,04	-0,03	0,18
Tinggi tanaman	0,65*	-0,43	0,51*	0,12
Diameter bunga	0,90*	-0,03	-0,08	0,27
Jumlah buah pertanaman	0,09	0,83*	0,28	-0,42
Panjang buah	-0,32	0,60*	-0,00	0,64*
Diameter buah	0,95*	0,08	-0,09	0,25
Bobot buah segar dengan kelopak	0,72*	-0,23	0,07	-0,38
Jumlah biji perbuah	0,07	0,58*	0,66*	-0,06
Padatan terlarut total (%Brix)	0,78*	0,18	-0,44	-0,36
Bobot buah pertanaman	0,55*	0,75*	-0,25	0,06
<i>Eigenvalue</i>	4,79	2,30	1,47	1,07
Keragaman (%)	43,59	20,92	13,40	9,76
Kumulatif (%)	43,59	64,50	77,91	87,68

Keterangan: \*) Karakter yang berkontribusi pada komponen utama terhadap keragaman maksimum.

**Tabel 3.** *Eigenvalue*, Keragaman, Keragaman Kumulatif dan *Factor loading* 10 Aksesii Ciplukan Berdasarkan 23 Karakter Kualitatif dan Kuantitatif

Karakter tanaman	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Tipe pertumbuhan	0,98*	-0,16	-0,07	-0,00	0,02
Bentuk daun	-0,85*	-0,23	-0,03	0,17	-0,02
Batas gerigi daun	-0,42	0,31	-0,64*	-0,07	-0,08
Letak tangkai daun	0,56*	0,75*	0,17	0,20	-0,14
Panjang tangkai daun	-0,32	-0,50*	-0,11	0,67*	-0,13
Lebar daun	-0,97*	0,15	0,00	0,09	-0,05
Tinggi tanaman	-0,70*	-0,31	-0,47	0,16	0,27
Diameter bunga	-0,92*	0,25	-0,00	0,01	0,06
Tipe tangkai bunga	0,56*	0,75*	0,17	0,20	-0,14
Jumlah buah pertanaman	0,06	0,08	0,75*	0,57*	0,16
Panjang buah	0,12	-0,42	0,60*	-0,38	0,26
Diameter buah	-0,98*	0,13	0,12	-0,02	-0,00
Bobot buah segar dengan kelopak	-0,92*	0,02	0,29	-0,15	0,09
Jumlah biji perbuah	0,21	-0,43	-0,17	0,24	0,74*
Padatan terlarut total (%Brix)	-0,71*	0,43	0,06	-0,19	0,04
Rambut ruas	-0,98*	0,16	0,07	0,00	-0,02
Warna daun	0,98*	-0,16	-0,07	-0,00	0,02
Warna utama buah saat panen	0,05	0,17	-0,51*	0,68*	0,09
Warna daging buah	-0,30	0,61*	-0,31	-0,39	0,45
Warna biji	-0,32	-0,66*	0,35	0,05	0,07
Bentuk penampang membujur buah	-0,13	0,59*	0,49	0,12	0,36
Bentuk penampang melintang buah	-0,34	-0,56*	0,00	-0,34	-0,36
Bobot buah pertanaman	-0,68*	-0,01	0,27	0,36	-0,29
<i>Eigenvalue</i>	10,04	3,91	2,62	2,11	1,40
Keragaman (%)	43,66	17,03	11,39	9,17	6,09
Kumulatif (%)	43,66	60,69	72,09	81,27	87,36

Keterangan: \*) Karakter yang berkontribusi pada komponen utama terhadap keragaman maksimum.

Dari hasil analisis komponen utama (PCA) dilakukan berdasarkan 23 karakter kualitatif dan kuantitatif pada 10 aksesii ciplukan. Komponen utama ditentukan berdasarkan nilai *eigenvalue* >1 dan karakter yang berkontribusi terhadap keragaman ditentukan oleh *factor loading* >0,5 berdasarkan PCA didapatkan 5 komponen utama pertama yang berkontribusi terhadap total keragaman 87,36% (Tabel 3).

Berdasarkan 5 komponen utama pertama yang mempunyai *eigenvalue* >1 ialah 10,04, 3,91, 2,62, 2,11 dan 1,40 dengan total keragaman 87,36% pada karakter kualitatif dan kuantitatif yang di analisis (Tabel 3). (*Principal Component*) PC1 dengan *eigenvalue* 10,04 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 43,66% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama pertama PC1

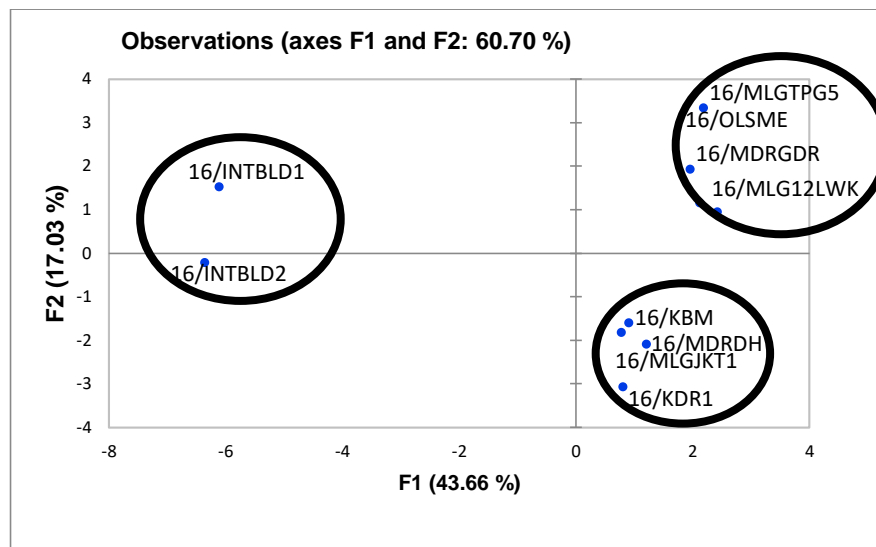
ialah tipe pertumbuhan, bentuk daun, letak tangkai daun, lebar daun, tinggi tanaman, diameter bunga, tipe tangkai bunga, diameter buah, bobot buah segar dengan kelopak, padatan terlarut total (%Brix), rambut ruas, warna daun, dan bobot buah pertanaman. Komponen utama PC2 mempunyai *eigenvalue* 3,91 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 17,03% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC2 ialah letak tangkai daun, panjang tangkai daun dan tipe tangkai bunga. Komponen utama PC3 mempunyai *eigenvalue* 2,62 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 11,39% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC3 ialah batas gerigi daun, jumlah buah pertanaman, panjang buah dan warna utama buah. Komponen utama PC4 mempunyai

*eigenvalue* 2,11 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 9,17% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC4 ialah panjang tangkai daun, jumlah buah pertanaman dan warna utama buah. Komponen utama PC5 mempunyai *eigenvalue* 1,40 memberikan kontribusi terhadap keragaman maksimum sebesar 6,09% karakter yang berkontribusi terhadap komponen utama PC5 ialah jumlah biji perbuah. Terdapat karakter yang mempunyai nilai positif di PC1 tetapi mempunyai nilai negatif di PC2, contohnya yaitu tipe pertumbuhan, panjang buah, jumlah biji perbuah dan warna daun.

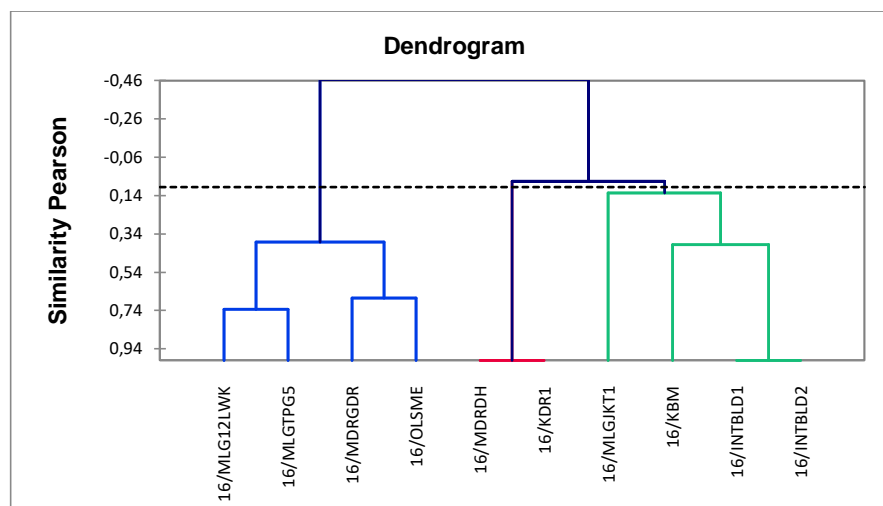
Pengelompokan 10 aksesori menggunakan *Principal Component Analysis* (PCA) pada aksesori yang diuji mengelompok menjadi 3 group. Group 1 terdiri dari dua aksesori ciplukan introduksi anggota aksesori di group ini antara lain 16/INTBLD1 dan 16/INTBLD2, pada group 2 terdiri dari empat aksesori ciplukan dari masing-masing daerah antara lain 16/MLGTPG5, 16/MDRGDR, 16/OLSME, dan 16/MLG12LWK, pada group 3 terdiri dari empat aksesori ciplukan dari masing-masing daerah antara lain 16/KBM, 16/MLGJKT, 16/MDRDH dan 16/KDR1. Pengelompokan berdasarkan karakter terjadi pada analisis ini. Group 1 introduksi mempunyai karakter tinggi tanaman yang tinggi >50 cm, memiliki rambut ruas, memiliki bulu di bagian batang, bentuk daun lonjong luas, lebar daun 9,8 cm, letak tangkai daun semi tegak dan batas gerigi daun sedang. Group 2 mempunyai karakter tinggi tanaman yang kecil berkisar 39 cm, warna daging buah putih, batas gerigi daun sedang, lebar daun 4,5 cm, tidak memiliki rambut ruas, dan letak tangkai daun menengah. Group 3 mempunyai karakter tinggi tanaman yang sedang berkisar 43 cm, warna biji ciplukan berwarna kuning kecoklatan, bentuk daun ciplukan lonjong sedang, lebar daun 6,2 cm, batas gerigi daun sedang, letak tangkai daun semi tegak. Analisis pengelompokan pada jarak genetik berdasarkan koefisien korelasi Pearson dengan menggunakan metode aglomerasi *unweighted pair-group method average* (UPGMA) membagi karakter kualitatif dari 10 aksesori ciplukan menyebar pada nilai koefisien 11%-74%.

Berdasarkan pengelompokan menggunakan hasil pengamatan karakter kualitatif pada koefisien kemiripan 13% terdapat tiga kelompok dan karakter penciri dari setiap kelompok diambil dari karakter yang sama dari masing-masing aksesori dalam tiap kelompok (Gambar 1). Kelompok pertama terdiri dari 4 aksesori yang mengelompok pada koefisien 36% yaitu 16/MLG12LWK, 16/MLGTPG5, 16/MDRGDR, 16/OLSME dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna utama buah, warna daging buah, warna biji. Kelompok kedua terdiri dari 2 aksesori yang mengelompok pada koefisien 11% yaitu 16/MDRDH, 16/KDR1 dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna utama buah, warna daging buah, warna biji. Kelompok ketiga terdiri dari 4 aksesori yang mengelompok pada koefisien 14% yaitu 16/MLGJKT1, 16/KBM, 16/INTBLD2, 16/INTBLD1 dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna utama buah, warna daging buah, warna biji,

Berdasarkan pengelompokan menggunakan hasil pengamatan karakter kualitatif pada koefisien kemiripan 98% terdapat tiga kelompok dan karakter penciri dari setiap kelompok diambil dari karakter yang sama dari masing-masing aksesori dalam tiap kelompok (Gambar 2). Kelompok pertama terdiri dari 2 aksesori yang mengelompok pada koefisien 100% yaitu 16/INTBLD1 dan 16/INTBLD2, dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu panjang tangkai daun, lebar daun, panjang buah, jumlah biji. Kelompok kedua terdiri dari 1 aksesori yang mengelompok pada koefisien 97% yaitu 16/OLSME dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu panjang tangkai daun, lebar daun, panjang buah, jumlah biji dan bobot buah segar dengan kelopak. Kelompok ketiga terdiri dari 4 aksesori yang mengelompok pada koefisien 99% yaitu 16/MLGTPG5, 16/MLGJKT1, 16/KBM dan 16/KDR1 dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu panjang tangkai daun,



**Gambar 1.** Pengelompokan Analisis Komponen Utama Berdasarkan Karakter Morfologi dan Agronomi 10 Aksesii Ciplukan



**Gambar 2.** Dendrogram 10 aksesii ciplukan berdasarkan 12 karakter kualitatif

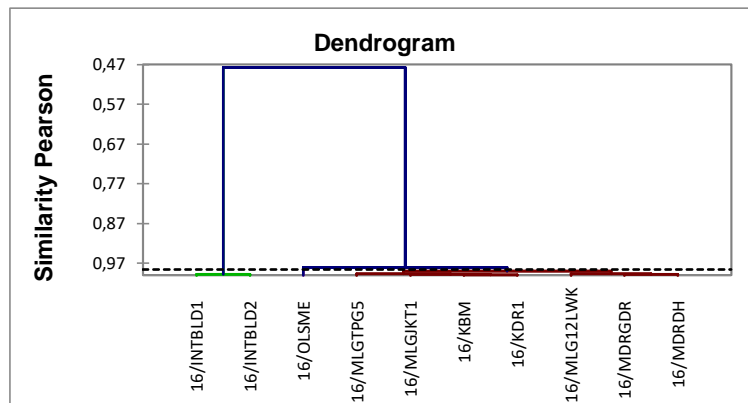
lebar daun, panjang buah, jumlah biji. Kelompok keempat terdiri dari 3 aksesii yang mengelompok pada koefisien 99% yaitu 16/MLG12LWK, 16/MDRGDR, dan 16/MDRDH dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu panjang tangkai daun, panjang buah, jumlah biji. Berdasarkan pengelompokan menggunakan hasil pengamatan karakter kualitatif dan kuantitatif pada koefisien kemiripan 99% terdapat empat kelompok dan karakter penciri dari setiap kelompok diambil dari karakter yang

sama dari masing-masing aksesii dalam tiap kelompok (Gambar 3). Kelompok pertama terdiri dari 2 aksesii yang mengelompok pada koefisien 100% yaitu 16/INTBLD1 dan 16/INTBLD2 dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna daun, warna utama buah, warna daging buah, warna biji, bentuk penampang membusur buah, bentuk penampang melintang buah, bentuk ujung buah, panjang tangkai daun, lebar daun, panjang buah, jumlah biji dan bobot buah

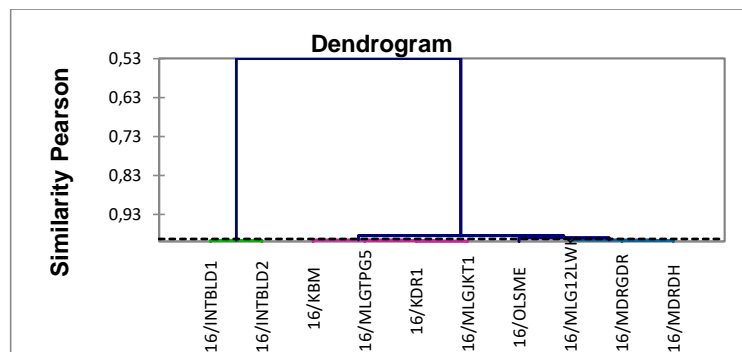
segar dengan kelopak. Kelompok kedua terdiri dari 4 aksesori yang mengelompok pada koefisien 99% yaitu 16/KBM, 16/MLGTPG5, 16/KDR1 dan 16/MLGJKT1 dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna daun, warna utama buah, warna daging buah, warna biji, bentuk penampang membujur buah, bentuk penampang melintang buah, bentuk ujung buah, panjang tangkai daun, lebar daun, panjang buah, jumlah biji dan bobot buah segar dengan kelopak. Kelompok ketiga terdiri dari 1 aksesori yang mengelompok pada koefisien 99%kelopak. Kelompok ketiga terdiri dari 1 aksesori yang mengelompok pada koefisien 99% yaitu 16/OLSME dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna daun, warna utama buah, warna daging buah, warna biji, bentuk penampang membujur buah, bentuk penampang melintang buah, bentuk ujung buah, panjang tangkai daun, lebar daun,

panjang buah, jumlah biji dan bobot buah segar dengan kelopak. Kelompok keempat terdiri dari 3 aksesori yang mengelompok pada koefisien 99% yaitu 16/MLG12LWK, 16/MDRGDR dan 16/MDRDH dengan kesamaan karakter yang didapatkan yaitu letak tangkai daun, tipe tangkai bunga, warna daun, warna utama buah, warna daging buah, warna biji, bentuk penampang membujur buah, bentuk penampang melintang buah, bentuk ujung buah, panjang tangkai daun, lebar daun, panjang buah, jumlah biji dan bobot buah segar dengan kelopak.

Berdasarkan karakter kualitatif dan kuantitatif komponen yang paling berpengaruh PC1 ialah tipe pertumbuhan, bentuk daun, letak tangkai daun, lebar daun, tinggi tanaman, diameter bunga, tipe tangkai bunga, diameter buah, bobot buah segar dengan kelopak, padatan terlarut total (%Brix), rambut ruas, warna daun, dan bobot



**Gambar 3.** Dendrogram 10 aksesori ciplukan berdasarkan 11 karakter kuantitatif



**Gambar 4.** Dendrogram 10 aksesori ciplukan berdasarkan 23 karakter kualitatif dan kuantitatif



buah pertanaman, pada PC2 ialah letak tangkai daun, panjang tangkai daun dan tipe tangkai bunga, pada PC3 ialah batas gerigi daun, jumlah buah pertanaman, panjang buah dan warna utama buah, pada PC4 ialah panjang tangkai daun, jumlah buah pertanaman dan warna utama buah, pada PC5 ialah jumlah biji perbuah.

### KESIMPULAN

Keragaman yang terbentuk pada 10 aksesii ciplukan berdasarkan 23 karakter kualitatif dan kuantitatif yang memiliki nilai *eigenvalue* >1 dengan total keragaman kumulatif 87,36%. Pada komponen utama. Hasil analisis jarak genetik dengan menggunakan AHC (*Analysis Hierarchical Clustering*) terdapat empat kelompok pada 10 aksesii ciplukan berdasarkan karakter kualitatif dan kuantitatif dengan koefisien kemiripan 99%-100%.

### DAFTAR PUSTAKA

- Frankham, R., J. D. Ballou, D. A. Briscoe. 2010. Introduction of Conservation Genetic. Second Edition. Cambridge University Press. New York. p 375.
- Higgs, P. G., & Derrida, B. 1992. Genetic-distance and species formation in evolving populations. *Journal Of Molecular Evolution*, 3(5): 454-465.
- Mahalakshmi, A. M., and R. B. Nidayani. 2014. (*Physalis angulata* L.): an ethanopharmacological review. *Indo Am. Journal Pharmaceutical Research*. 4(3): 1479–1486.
- Novoa, R.H., M. Bojaca, J.A. Galvis and G. Fischer. 2006. Fruit maturity and calyx drying influence post-harvest behavior of cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) *Agronomia Colombiana*: 24(1): 77-86.
- Sharma, N., A. Bano, H. S. Dhaliwal, and V. Sharma. 2015. Perspectives and possibilities of Indian species of genus *Physalis* (L.) a comprehensive review. *Eur. Journal Pharmaceutical Medical Research*. 2(4): 693-698.
- Simarmata, I. A., A. J. Amri dan Arnita. 2014. Aplikasi analisis faktor dengan *Principal Component Analysis* dan *Maximum Likelihood* dalam faktor-faktor yang memengaruhi pemberian makanan tambahan pada bayi usia 0-6 bulan. Sumatera Utara. 5-8
- Sukartini. 2008. Analisis jarak genetik dan kekerabatan aksesii-aksesii pisang berdasarkan primer random amplified polymorphic DNA. *Jurnal Hortikultura* 18(3): 261-266.
- Sutjiatmo, A. B., E. Y. Sukandar, Y. Ratnawati, S. Kusmaningati, A. Wulandari, S. Narvikasari, J. Farmasi, U. Jenderal, and A. Yani. 2011. Efek antidiabetes herba ciplukan (*Physalis angulata* L.) pada mencit diabetes dengan induksi aloksan. *Journal Farmasi Indonesia*. 5(4): 166-171.
- Talhinhas P., S. Sreenivasaprasad, J. Neves-Martins, and H. Oliveira. 2002. Genetic and morphological characterisation of *Colletotrichum acutatum* causing anthracnose of lupins. *Phytopathology* 9(2): 986–996.
- Verheij, E. W. M. dan R. E. Coronel. 1997. Sumber daya nabati asia tenggara 2: Buah-buahan yang dapat dimakan. Prosea Gramedia.
- Vikash, K., A. Sahay, F. Ahmad, V. Nirgude, R. S. Singh, and A. Khandelwal. 2016. Genetic divergence of cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) genotypes in India. *International Journal Agriculture Environment Biotechnol*. 9(1): 230-732.