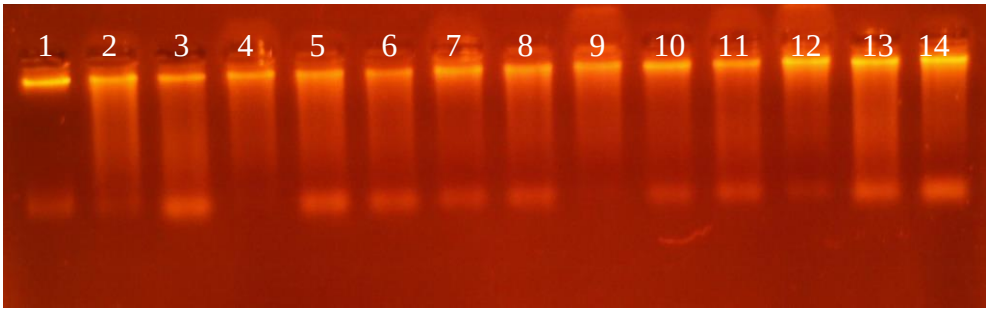
I. PEMBAHASAN

A. Hasil Uji Kuantitatif dan Kualitatif DNA

Uji kualitatif dilakukan dengan dipilih secara acak sebanyak 14 sampel dari 27 sampel yang digunakan karena dianggap mewakili keseluruhan sampel bahwa 14 sampel tersebut terdapat pita yang dibutuhkan. 14 sampel yang diuji kualitatif menggunakan teknik elektroforesis gel agarosa konsentrasi 1% pada tangki berisi buffer TAE 1x, dengan tegangan 90 Volt selama 45 menit. Hasil elektroforesis kemudian diamati di bawah UV *Transilluminator*. Hasil Uji kualitatif sampel DNA menggunakan gel agarose 1% disajikan pada gambar 3.



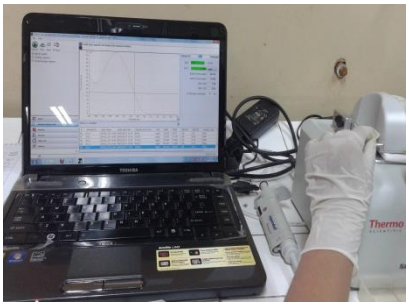
Gambar 3. Hasil uji kualitatif menggunakan gel agarose 1% (Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Keterangan: 1-14 sampel kedelai introduksi USDA yang dipilih secara acak untuk uji kualitatif .
Sampel 1 aksesi Strong; sampel 2 aksesi Bolivar; sampel 3 aksesi Parana; sampel 4 aksesi NN; sampel 5 aksesi LS201; sampel 6 aksesi Chun Dou; sampel 7 aksesi Apex; sampel 8 aksesi Desha; sampel 9 aksessi D 96-1217; sampel 10 aksesi Skylla; sampel 11 aksesi JTN-5303; sampel 12 aksesi Pace; sampel 13 aksesi LG98-1445; sampel 14 aksesi CL0J0 095-4

Berdasarakan Gambar 3 menunjukkan hasil uji kualitas DNA secara kualitatif. Hasil tersebut diperoleh dari ekstraksi DNA yang diuji menggunakan elektroforesis dengan gel agarosa 1%. Secara umum sampel yang digunakan dalam uji kualitatif menghasilkan pita-pita DNA. Namun demikian, pita-pita

DNA hasil elektroforesis yang diperoleh terdapat *smear*. *Smear* pita DNA tersebut diduga disebabkan oleh pemipetan DNA berulang-ulang sehingga DNA akan terpotong. Hal ini mengakibatkan terjadinya *smear* pada pita-pita yang diuji (Solihah, 2014).

Larutan DNA dapat digunakan sebagai sampel cetakan PCR apabila DNA memiliki nilai kemurnian. Nilai kemurnian DNA dapat ditentukan menggunakan perbandingan Optical Density (OD) larutan pada berbagai macam gelombang dengan menggunakan spektofotometer. Tingkat kemurnian DNA dikatakan baik jika nilai rasio Optical Density (OD) 260/280 nm yang diperoleh antara 1.8-2.0 (Sambrook *et al.*, 1989). Nicholl (1996) menyatakan rasio OD 260/280 nm 1.8 mengindikasikan DNA murni, sedangkan rasio OD 260/280 nm kurang dari 1.8 kemungkinan DNA terkontaminasi protein. Menurut Fatchiyah *et al* (2009) tingkat kemurnian d iatas 2,0 menunjukkan bahwa DNA tidak murni disebabkan juga oleh adanya sisa-sisa etanol pada saat pengeringan yang tidak sempurna, faktor lain yang menyebabkan DNA tidak murni adalah adanya sisa kandungan metabolit sekunder pada organ tanaman yang diekstrak. Nanodrop disajikan pada gambar 4 dan Hasil uji kemurnian DNA dengan rasio OD 260/280 nm disajikan pada tabel 4.



Gambar 4. Uji kemurnian DNA menggunakan alat Nanodrop Spektofotometer (Dokumentasi pribadi, 2017)

Tabel 4. Hasil Uji Kemurnian DNA

Sampel No.	Nama Aksesi	Konsentrasi (ng/µl)	A260/A80
1	HS 93-4118	1408,7	2,1
2	Strong	902,3	2,1
3	Daksoy	1197,0	2,1
4	Chun Dou	934,0	2,1
5	Bolivar	453,8	2,1
6	LG 93-7054	656,0	2,1
7	LG 93 1255	933,0	2,1
8	Parana	1342,2	2,1
9	D 96-1217	1447,7	2,1
10	CL0J0 095-4	1943,7	2,1
11	LG 01-5087-5	1441,8	2,1
12	NN	1419,9	2,1
13	Pace	1046,2	2,1
14	Tie-feng-8	613,7	2,1
15	D76-8070	2524,3	2,1
16	LS 201	815,1	2,1
17	D 92-6487	496,7	2,1
18	NCBPMV-3	1310,4	2,1
19	D 95-5246	1136,4	2,1
20	Apex	1483,0	2,1
21	HC 95-634	655,6	2,1
22	Desha	967,5	2,1
23	LG 98-1445	782,9	2,1
24	Skylla	1196,4	2,1
25	NC. Raleigh	982,5	2,1
26	JTN-5303	1040,9	2,1
27	S 00-9980-22	1218,8	2,1

(Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Berdasarkan data (Tabel 4) menunjukkan hasil pengukuran kualitas DNA secara kuantitatif yang meliputi konsentrasi dan kemurnian DNA. Dari seluruh sampel yang dihitung konsentrasi dan kemurniannya, secara umum konsentrasi DNA hasil isolasi memiliki konsentrasi yang relatif besar dan tidak seragam. Konsentrasi terendah DNA terjadi pada aksesi Bolivar yaitu sebesar 453,8 ng/µl

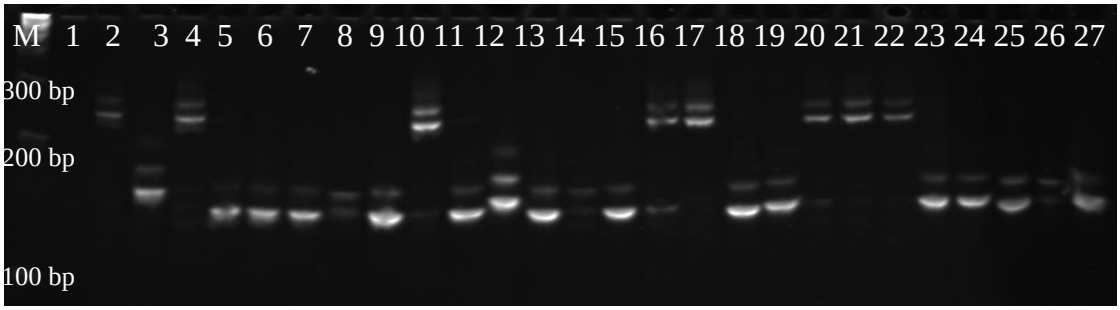
sedangkan konsentrasi tertinggi DNA terjadi pada aksesi D76-8070 sebesar 2524,3 ng/µl. Banyak sedikitnya DNA yang dihasilkan dipengaruhi oleh beberapa faktor pada saat ekstraksi DNA dan kondisi sampel. Menurut Komalasari (2009) menyatakan bahwa konsentrasi hasil ekstraksi pada waktu ekstraksi dan komposisi penambahan lisis buffer. Faktor kecepatan ekstraksi merupakan faktor paling berpengaruh karena pada tahap lisis sel dan presipitasi pengambilan supernatant harus dilakukan persampel, sehingga beberapa sampel terjadi pengendapan DNA.

Pengukuran kuantitas DNA dengan menggunakan menggunakan alat spektofotometer (Gambar 4). Kemurnian DNA diperoleh dari perbandingan absorban A260/280 pada sampel DNA. Nilai 260 nm merupakan nilai maksimal DNA dapat menyerap cahaya, nilai tersebut dapat digunakan untuk memperkirakan konsentrasi DNA, sedangkan nilai 280 merupakan nilai maksimal residu protein dapat menyerap cahaya.

Berdasarkan hasil kemurnian DNA (Tabel 4) menunjukkan keseluruhan sampel yang diuji memiliki nilai rasio 2,1. Sementara nilai kemurnian DNA berkisar antara 1.8-2.0 (Sambrook *et al.,* 1989). Nilai kemurnian DNA yang tinggi diduga karena adanya sisa-sisa etanol pada saat pengeringan yang tidak sempurna dan adanya sisa kandungan metabolit sekunder pada organ tanaman yang diekstrak. Meskipun nilai kemurnian DNA diatas 2,0, PCR tetap dilanjutkan selama memiliki kurva kemurnian yang baik.

B. **Analisis Polimorfisme**

Analisis polimorfisme dilakukan untuk menemukan keragaman genetik dari satu varietas dengan varietas yang lain. Pada penelitian ini telah disurvei tingkat polimorfisme 27 varietas kedelai introduksi USDA menggunakan 15 marka SSR. Hasil amplifikasi DNA berukuran antara 100-500 pasang basa (bp) (Gambar 5). Ukuran alel yang diperoleh pada penelitian ini memiliki kisaran 100 bp hingga 368 bp. Pita-pita yang ukurannya terletak di atas 500 bp tidak diikutkan dalam analisis selanjutnya karena target dari marka yang digunakan bukanlah pita-pita tersebut. Adanya pita yang terletak di atas ukuran target diduga akibat tipe kromosom kedelai yang somatik (2n = 40) sehingga pola pita yang dihasilkan menjadi lebih banyak. Salah satu hasil amplifikasi DNA menggunakan primer SATT436 pada gel poliakrilamid 8% disajikan pada gambar 5. Hasil amplifikasi DNA lainnya disajikan pada lampiran 2.



Gambar 5. Hasil elektroforegram amplifikasi DNA primer SATT463 (Dokumentasi pribadi, 2017)

Keterangan: M= marker 100 bp, sampel 1-27 merupakan sampel kedelai introduksi USDA

Berdasarkan hasil analisis, sebanyak 15 marka memperlihatkan polimorfisme pada genotipe yang diuji (Tabel 5). Polimorfisme yang terjadi dari analisis ditunjukkan dengan terbentuknya pita DNA. Adanya polimorfisme ini menggambarkan tingkat keragaman genetik yang dikarakterisasi. Semakin tinggi

tingkat polimorfisme maka tingkat keragaman genetik suatu varietas juga akan semakin tinggi.

Tabel 5. Jumlah Alel, Frekuensi Alel Utama, Diversitas Gen, dan Tingkat Polimorfisme (PIC) yang dihasilkan dari Dua Puluh Tujuh Varietas Kedelai Introduksi USDA

Marka	Frekuensi alel utama	Diversitas gen	PIC	Jumlah alel	Kisaran ukuran alel (bp)
SATT463	0.06	**0.97**	**0.96**	17	124-254
SATT249	**0.04**	0.96	**0.96**	14	245-341
SATT191	0.09	0.95	0.95	12	199-254
SATT147	0.13	0.93	0.92	9	172-237
SATT431	0.09	0.95	0.94	9	138-190
SATT308	0.17	0.91	0.91	10	143-204
SATT197	0.16	0.92	0.92	9	195-247
SATT114	0.15	0.95	0.94	12	146-248
SATT063	0.09	0.96	0.96	18	124-276
SATT045	0.16	0.91	0.90	7	155-279
SATT038	**0.29**	**0.88**	**0.87**	12	100-188
SATT030	0.17	0.91	0.90	8	170-213
SATT009	0.17	0.93	0.93	13	160-275
SATT002	0.19	0.89	0.88	4	202-219
GMES1604	0.19	**0.88**	**0.87**	4	352-368
Jumlah				158	
Rata-rata	**0.14**	**0.93**	**0.92**	10.53	

(Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Hasil analisis polimorfisme (Tabel 5) menunjukkan bahwa keragaman genetik yang tinggi dapat dideteksi dari 27 aksesi kedelai introduksi USDA menggunakan 15 marka SSR (Tabel 5) Sebanyak 158 alel terdeteksi dapat diidentifikasi dengan rerata jumlah alel dari marka SSR hasil amplifikasi sebanyak 10,53 alel per marka dengan kisaran antara 4-18 alel per lokus. Jumlah alel yang terdeteksi pada penelitian ini lebih tinggi dibandingkan dengan penelitian sebelumnya Lestari dkk (2016) yang menganalisis 29 varietas kedelai lokal Indonesia, terdeteksi 50 alel dengan kisaran 4-9 alel per lokus SSR yang

digunakan. Namun demikian, rerata jumlah alel yang diperoleh pada penelitian ini lebih rendah dari pada penelitian Santoso *et al*. (2006) yang menganalisis 96 aksesi tanaman kedelai lokal dan beberapa varietas introduksi koleksi BB-Biogen, dan berhasil mendeteksi 11,6 alel per marka berukuran 79-300 bp dengan kisaran 7-19 alel per lokus SSR.

Frekuensi alel adalah frekuensi relatif dari suatu alel dalam populasi atau jumlah suatu alel terhadap total alel yang terdapat dalam suatu populasi (Nei dan Kumar, 2000). Rerata frekuensi alel utama yang dihasilkan adalah 14,29% dengan nilai terendah 3,84%% (SATT249) dan nilai tertinggi 29,16% (SATT038).

Nilai diversitas gen yang tertinggi ditunjukkan oleh marka SATT463, yaitu 0,97, sedangkan nilai diversitas terendah ditunjukkan oleh dua marka yaitu SATT038 dan GMES1604 sebesar 0,88. Rerata nilai diversitas gen adalah 0,93. Tingginya rata-rata nilai diversitas gen menunjukkan bahwa lokus SSR yang digunakan dapat membedakan antar varietas yang digunakan (Surti, 2011).

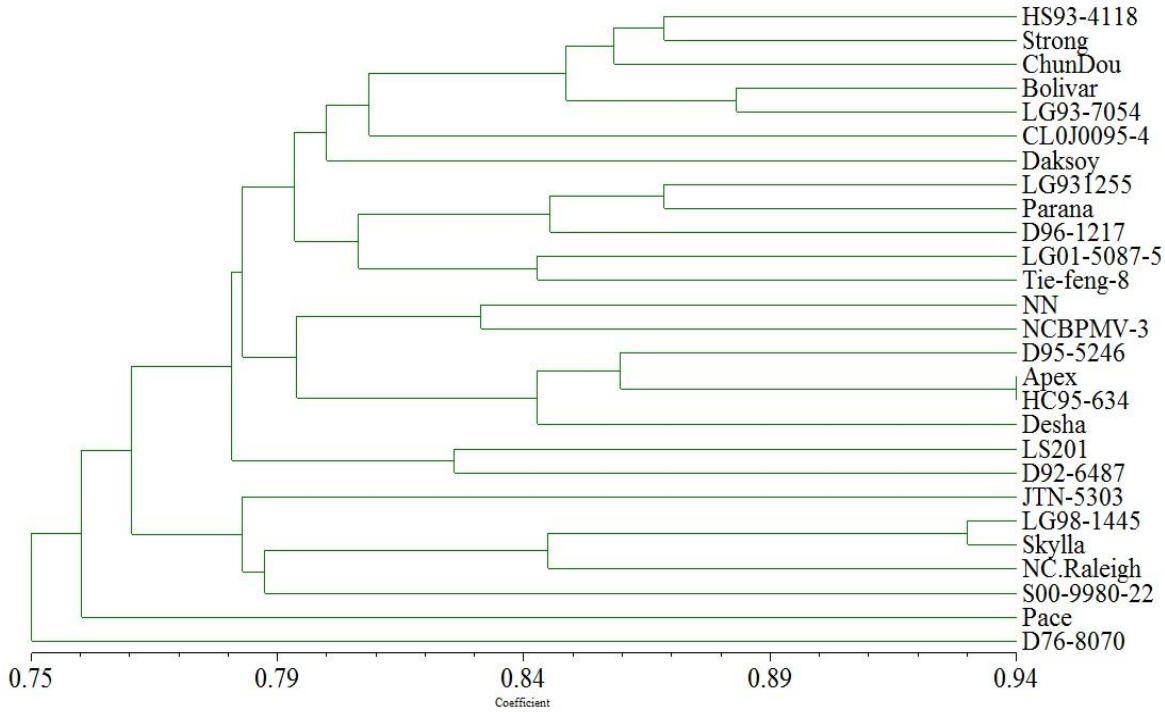
Nilai PIC adalah ukuran polimorfisme suatu lokus antar genotipe dengan menggunakan informasi jumlah alel (Sajib *et al* 2012). Nilai PIC merefleksikan tinggi rendahnya polimorfisme. Nilai PIC (Tabel 5) menunjukkan rerata yang cukup tinggi yaitu 0,92 dengan kisaran antara 0,87 sampai 0,96. Nilai PIC terendah (0,87) dihasilkan oleh marka SATT038 dan GMES1604, sedangkan nilai tertinggi (0,96) dihasilkan oleh marka SATT463, SATT249 dan SATT063. Sementara itu, penelitian Lestari dkk (2016) menghasilkan PIC dengan kisaran antara 0,38 hingga 0,74. Tingkat informatif marka ditentukan dengan nilai PIC. Semakin tinggi nilai PIC yang diperoleh, maka semakin informatif primer tersebut

dalam membedakan individu antar genotipe dalam populasi. Sehingga nilai PIC yang dilakukan dalam penelitian lebih informatif dibandingkan penelitian Lestari dkk (2016).

DeWoody *et al.* (1995) menyatakan bahwa marka molekuler yang memiliki nilai PIC >0,5 merupakan marka yang efisien dalam mendiskriminasi genotipe-genotipe dan sangat berguna dalam mendeteksi tingkat polimorfisme pada lokus tersebut. Berdasarkan nilai PIC yang diperoleh, sebanyak 15 marka yang digunakan dalam penelitian ini memiliki nilai PIC >0,5. Hal ini menunjukkan bahwa keseluruhan marka yang digunakan dapat diaplikasi lebih lanjut dalam mendukung program pemuliaan tanaman kedelai.

C. **Analisis Filogeni**

Analisis filogenetik biasanya direpresentasikan sebagai sistem percabangan, seperti diagram pohon yang dikenal sebagai pohon filogenetik (Brinkman *et al*, 2001). Analisis fiologeni merupakan salah satu pendekatan yang dapat digunakan untuk menetukan kekerabatan suatu tumbuhan yang didasarkan pada kesamaan karakter (Tjitrosoepomo, 1994) dalam (Adrianto, 2017). Berdasarkan analisis klaster dengan menggunakan perangkat NTSYS, diperoleh hasil dendrogram yang menunjukkan bahwa dua puluh tujuh kedelai introduksi USDA menghasilkan dua klaster utama pada koefisien 0,75 yang disajikan pada gambar 6.



Gambar 6. Hasil dendrogram 27 kedelai introduksi USDA (Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Hasil dendrogram 27 kedelai introduksi USDA pada Gambar 6. menunjukkan bahwa kedelai introduksi USDA yang digunakan menghasilkan dua klaster utama pada koefisien 0,75. Klaster pertama terdiri atas 26 aksesi, sedangkan klaster kedua terdiri atas 1 aksesi, yaitu D76-8070. Dua klaster utama berdasarkan total marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini menggambarkan kekerabatan yang jauh antara kedua grup aksesi kedelai introduksi USDA, namun secara genetis aksesi yang berada dalam klaster yang sama lebih dekat kekerabatannya. Hal ini dibuktikan dari nilai koefisien pada hasil dendrogram. Semakin tinggi nilai koefisien pada hasil dendrogram, maka semakin dekat pula jarak genetik aksesi kedelai introduksi. Aksesi D76-8070 pada klaster kedua tidak memiliki kekerabatan genetik dengan aksesi lainnya hal ini berkemungkinan besar aksesi D76-8070 untuk dijadikan tetua persilangan.

Marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini mampu mengelompokkan dua aksesi introduksi yang berasal dari Negara bagian yang sama yaitu Ohio, kedua aksesi ini antara lain Apex dan HC95-634. Kedua aksesi tersebut berada pada subkelompok yang sama dengan dendrogram yang memiliki nilai matriks kesamaan genetik tertinggi yaitu 0,94 sebagaimana disajikan pada tabel 6.

Tabel 6. Nilai Matriks Kesamaan Genetika 27 Kedelai Introduksi USDA

Varietas	HS93-4118	Strong	Daksoy	ChunDou	Bolivar	LG93-7054	LG931255	Parana	D96-1217	CL0J0095-4	LG01-5087-5	NN	Pace	Tie-feng-8	D76-8070	LS201	D92-6487	NCBPMV-3	D95-5246	Apex	HC95-634	Desha	LG98-1445	Skylla	NC Raleigh	JTN-5303	S00-9980-22
HS93-4118	1.00																										
Strong	0.87	1.00																									
Daksoy	0.87	0.81	1.00																								
ChunDou	0.87	0.86	0.78	1.00																							
Bolivar	0.84	0.85	0.78	0.86	1.00																						
LG93-7054	0.86	0.85	0.81	0.85	0.88	1.00																					
LG931255	0.85	0.80	0.81	0.78	0.85	0.83	1.00																				
Parana	0.81	0.82	0.81	0.79	0.81	0.83	0.87	1.00																			
D96-1217	0.79	0.79	0.79	0.79	0.81	0.80	0.84	0.85	1.00																		
CL0J0095-4	0.83	0.81	0.77	0.82	0.79	0.80	0.79	0.79	0.78	1.00																	
LG01-5087-5	0.76	0.78	0.75	0.76	0.82	0.80	0.83	0.79	0.77	0.79	1.00																
NN	0.78	0.77	0.77	0.75	0.78	0.77	0.79	0.77	0.74	0.77	0.79	1.00															
Pace	0.75	0.74	0.75	0.77	0.80	0.78	0.78	0.79	0.77	0.78	0.80	0.73	1.00														
Tie-feng-8	0.79	0.78	0.77	0.78	0.79	0.79	0.83	0.85	0.79	0.81	0.85	0.76	0.79	1.00													
D76-8070	0.77	0.77	0.76	0.74	0.77	0.77	0.73	0.73	**0.68**	0.76	0.75	0.78	0.72	0.73	1.00												
LS201	0.83	0.82	0.79	0.80	0.77	0.79	0.78	0.84	0.77	0.74	0.78	0.78	0.74	0.81	0.74	1.00											
D92-6487	0.80	0.79	0.79	0.76	0.77	0.81	0.76	0.78	0.75	0.76	0.77	0.75	0.71	0.80	0.77	0.83	1.00										
NCBPMV-3	0.78	0.81	0.75	0.78	0.83	0.81	0.78	0.83	0.77	0.80	0.80	0.83	0.77	0.79	0.78	0.79	0.77	1.00									
D95-5246	0.80	0.81	0.76	0.79	0.81	0.78	0.79	0.82	0.77	0.81	0.83	0.80	0.78	0.84	0.74	0.82	0.77	0.83	1.00								
Apex	0.81	0.84	0.77	0.81	0.80	0.81	0.81	0.82	0.81	0.79	0.81	0.79	0.76	0.84	0.76	0.84	0.80	0.84	0.87	1.00							
HC95-634	0.80	0.83	0.75	0.80	0.78	0.78	0.79	0.80	0.79	0.78	0.79	0.78	0.76	0.83	0.72	0.80	0.78	0.84	0.86	**0.94**	1.00						
Desha	0.75	0.80	0.71	0.79	0.76	0.75	0.71	0.74	0.73	0.75	0.76	0.73	0.75	0.78	0.74	0.77	0.75	0.78	0.82	0.86	0.86	1.00					
LG98-1445	0.79	0.82	0.75	0.77	0.81	0.80	0.75	0.75	0.73	0.77	0.74	0.77	0.73	0.75	0.73	0.77	0.77	0.81	0.79	0.80	0.79	0.77	1.00				
Skylla	0.78	0.80	0.74	0.75	0.80	0.77	0.74	0.73	0.72	0.74	0.73	0.76	0.69	0.72	0.70	0.74	0.74	0.79	0.80	0.82	0.80	0.77	0.93	1.00			
NC Raleigh	0.76	0.77	0.74	0.74	0.79	0.74	0.74	0.73	0.69	0.75	0.72	0.73	0.73	0.72	0.76	0.73	0.73	0.77	0.75	0.78	0.77	0.76	0.85	0.85	1.00		
JTN-5303	0.78	0.78	0.75	0.75	0.81	0.79	0.77	0.73	0.72	0.71	0.80	0.76	0.70	0.76	0.74	0.75	0.78	0.74	0.80	0.81	0.79	0.77	0.78	0.82	0.76	1.00	
S00-9980-22	0.78	0.77	0.77	0.78	0.79	0.80	0.78	0.76	0.73	0.75	0.77	0.78	0.74	0.75	0.74	0.73	0.79	0.80	0.79	0.79	0.80	0.75	0.80	0.81	0.77	0.78	1.00

(Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Berdasarkan matriks kesamaan genetika (Tabel 6) terdapat dua aksesi kedelai introduksi USDA, yaitu aksesi D76-8070 dan aksesi D96-1217 yang memiliki nilai kesamaan genetik paling rendah, sebesar 0,68. Menurut Sukartini (2007), aksesi-aksesi yang jarak genetiknya jauh berpotensi untuk digunakan sebagai tetua pada program pemuliaan tanaman.

D. Analisis Morfologi

Analisis morfologi atau fenotipe dilakuan untuk melengkapi data analisis genotipe. Hasil analisis morfologi berdasarkan data sekunder (Tabel 2) yang diperoleh terdapat beberapa parameter morfologi yaitu parameter warna yang terdiri dari warna bunga, polong, biji dan warna hilum, serta tipe pertumbuhan dari tanaman kedelai, pubescence, maturity group dan Negara bagian dari 27 aksesi kedelai introduksi USDA.

Parameter warna pada bunga kedelai menunjukkan bahwa terdapat dua warna bunga yaitu ungu dan putih. Dari 27 aksesi yang diuji kualitatif, 7 aksesi diantaranya memiliki warna bunga putih, 11 aksesi warna bunga ungu dan data yang hilang sebanyak 9 aksesi (Tabel 2). Banyaknya aksesi yang berbunga ungu disebabkan karena gen warna bunga ungu bersifat dominan terhadap bunga putih (Woodworth, 1923).

Pada karakter warna polong, terdapat dua keragaman warna yaitu polong dengan warna coklat dan wana tan (Tabel 2). Dari 27 aksesi kedelai yang diuji kualitatif, sebanyak 7 aksesi diantaranya berwarna coklat, 9 aksesi berwarna tan dan data yang hilang sebanyak 11 aksesi.

Pada karakter warna biji, keragamana di antara 27 aksesi kedelai yang diuji kualitatif diperoleh warna kuning, kelabu, kuning kelabu dan kuning mengkilat (Tabel 2). Sebagian besar aksesi kedelai memiliki data yang hilang sebanyak 10 aksesi, 8 aksesi berbiji kuning, diikuti warna kuning kelabu sebanyak 6 aksesi, warna kuning mengkilat 2 aksesi dan warna kelabu sebanyak 1 aksesi.

Keragaman warna hilum dari kedelai introduksi USDA yang diuji kualitatif yaitu aksesi kedelai dengan hilum berwarna hitam, kuning, hitam muda, abu-abu, kekuningan, hitam coklat dan coklat (Tabel 2). Sebagian besar aksesi kedelai memiliki data yang hilang sebanyak 10 aksesi, hilum dengan warna hitam sebanyak 7 aksesi, diikuti dengan warna hilum hitam muda sebanyak 3 aksesi, warna hilum kekuningan 2 aksesi, dan warna hilum abu-abu, hitam coklat serta hilum warna coklat masing-masing memiliki 1 aksesi. Menurut Owen (1927), gen yang mengendalikan warna hilum bersifat alelmorfik. Omarfa (2012) menyatakan bahwa hilum berwarna kuning umumnya lebih diterima pasar.

Tanaman kedelai memiliki tiga tipe pertumbuhan, yaitu *determinate*, *semideterminate* dan *indeterminate*. Pada penelitian ini, diperoleh data sekunder dua tipe pertumbuhan, yaitu *determinate* dan *indeterminate*. Sebanyak 8 aksesi memiliki tipe pertumbuhan *indeterminate*, 7 aksesi memiliki tipe pertumbuhan *determinate* dan data yang hilang sebanyak 12 aksesi (Tabel 2).

Sebanyak 27 aksesi kedelai introduksi USDA yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari beberapa Negara bagian koleksi USDA yaitu Ohio; North Dakota; China; Mississippi; Illinois; Parana, Brazil; Indiana; Saitama, Jepang; Liaoning, China, Iowa, North Carolina; Arkansas; Michigan; Tennessee;

Missouri. Sebanyak 7 aksesi berasal dari Negara bagian Mississippi, diikuti oleh Negara bagian Ohio dan Illinois masing-masing Negara bagian memiliki 2 aksesi; selanjutnya dari Negara China memiliki 2 aksesi, salah satu aksesi berasal dari Negara bagian Liaoning, China, Negara bagian North Dakota; Parana, Brazil; Indiana; Saitama, Jepang, Iowa, North Carolina; Arkansas; Michigan; Tennessee; Missouri masing-masing dari Negara bagian tersebut meiliki 1 aksesi yang diuji, sehingga total keseluruhan aksesi sebanyak 27 keragaman morfologi.

Data morfologi 27 aksesi kedelai introduksi USDA (Tabel 2) bersifat kualitatif. Pengolahan data sekunder menggunakan perangkat lunak XLSTAT yang bersifat data kuantitatif, sehingga data sekunder (Tabel 2) dikonversi terlebih dahulu menjadi data kuantitatif. Ada 7 variabel yang dianalisis berdasarkan karakter morfologi yaitu; bunga, polong, biji, hilum, pertumbuhan, pubescence, dan maturity group. Karakter morfologi tersebut dianalisis untuk mengetahui keterkaitan variabel satu dengan yang lain. Hasil analisis disajikan dalam bentuk matriks korelasi Pearson dan gambar pengelompokkan aksesi pada empat kuadran. Hasil analisis matriks korelasi Pearson disajikan pada tabel 7.

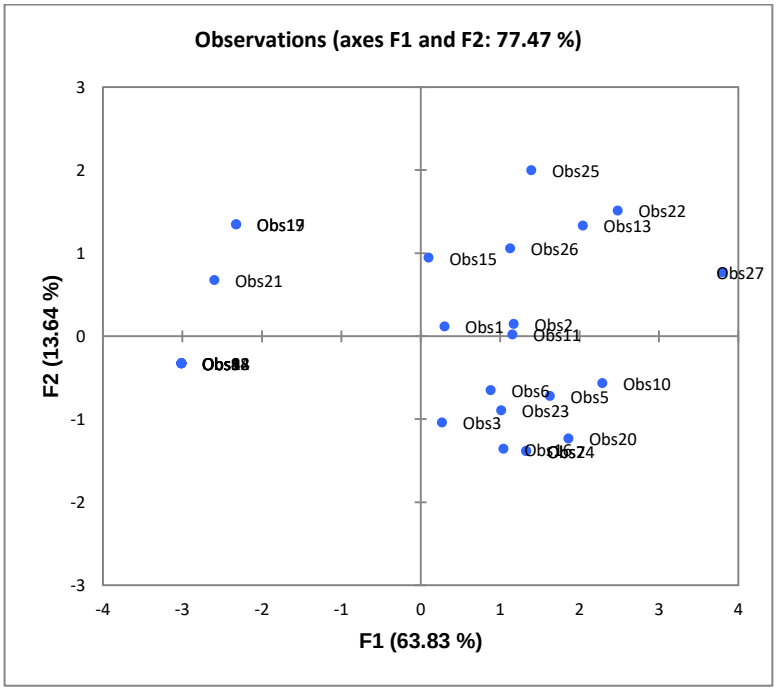
Tabel 7. Nilai Matriks Korelasi Pearson

Variabel	Bunga	Polong	Biji	Hilum	Pertumbuhan	Pubescence	Maturity Group
Bunga	**1**	**0.739**	**0.784**	**0.458**	**0.495**	**0.890**	0.269
Polong	**0.739**	**1**	**0.694**	**0.637**	**0.401**	**0.754**	**0.422**
Biji	**0.784**	**0.694**	**1**	**0.442**	**0.727**	**0.713**	**0.414**
Hilum	**0.458**	**0.637**	**0.442**	**1**	**0.484**	**0.608**	**0.585**
Pertumbuhan	**0.495**	**0.401**	**0.727**	**0.484**	**1**	**0.532**	**0.455**
Pubescence	**0.890**	**0.754**	**0.713**	**0.608**	**0.532**	**1**	**0.451**
Maturity Group	0.269	**0.422**	**0.414**	**0.585**	**0.455**	**0.451**	**1**

Keterangan : Angka yang dicetak tebal memiliki korelasi positif dengan tingkat signifikansi alpha = 0,05

Berdasarkan nilai matriks korelasi Pearson pada (Tabel 7), keseluruhan variabel memiliki korelasi positif antar variabel satu dengan yang lain kecuali dua variabel yaitu bunga dan maturity group yang tidak berkorelasi positif. Hal ini dibuktikan pada (Tabel 7) variabel bunga dan maturity group memiliki nilai matriks 0,269 kurang dari 0,05 yang menunjukkan bahwa tidak adanya keterkaitan antar variabel. Sementara variabel yang memiliki keterkaitan sangat dekat terjadi pada variabel bunga dan pubescence. Hal ini dikarenakan kedua variabel tersebut memiliki nilai matrik tertinggi yaitu 0,890, diikuti dengan variabel bunga dan biji yang memiliki nilai matriks 0,784, variabel bunga dengan polong dengan nilai matriks 0,739, variabel bunga dengan pertumbuhan memiliki nilai matriks 0,495 dan variabel terakhir yang memiliki korelasi positif yaitu variabel bunga dengan hilum yang memiliki nilai matriks 0,458. Semakin tinggi nilai matriks korelasi pearson, maka semakin dekat pula keterkaitan antar variabel yang memiliki korelasi positif.

Sebanyak 27 aksesi kedelai introduksi USDA dikelompokkan pada empat kuadran. Setiap satu aksesi dianggap sebagai satu unit observasi (Tabel 1). Hasil pengelompokan 27 aksesi disajikan pada gambar 7.



Gambar 7. Pengelompokan 27 aksesi kedelai introduksi USDA (Dokumentasi BB-Biogen, 2017)

Hasil pengelompokan 27 aksesi terbagi menjadi 4 kuadran (Gambar 7). Observasi 1 (HS 93-4118) dengan Observasi 15 (D76-8070) berkumpul dalam satu kuadran yang sama menunjukkan bahwa observasi yang berkumpul dalam satu kuadran sama memiliki kesamaan karakter morfologi baik segi warna bunga, polong, biji, hilum, tipe pertumbuhan, pubescence, maturity group maupun Negara bagian yang sama. Banyaknya aksesi yang berkumpul dalam satu kuadran sama dapat dijadikan referensi sumber tetua dalam persilangan. Namun berdasarkan hasil genetik analisis filogeni (Gambar 6) menunjukkan Observasi 1 (HS 93-4118) dengan Observasi 15 (D76-8070) memiliki tingkat kekerabatan jauh karena berada dalam klaster berbeda. Hal ini menunjukkan bahwa faktor lingkungan mempengaruhi karakter morfologi, sehingga uji genetik sangat diperlukan dalam persilangan varietas.