

ANALISIS GGE BILOT PADA HASIL KLON-KLON UBI KAYU MENGGUNAKAN METODE *RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD*

GGE Biplot Analysis of Tuber Yield of Cassava Clones Using Restricted Maximum Likelihood

Kartika Noerwijati¹, Nasrullah², Taryono², dan Djoko Prajitno²

¹ Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi, Jl. Raya Kendalpayak km 8, PO Box 66 Malang 65101, Indonesia

² Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada Yogyakarta, Jl. Flora, Bulaksumur, Yogyakarta 55281, Indonesia

Telp. (0341) 801468, Fax. (0341) 801496

E-mail : tika_iletri@yahoo.com

(Makalah diterima 25 November 2015 – Disetujui, 3 Juni 2016)

ABSTRAK

Data hasil umbi diperoleh dari penelitian di lima lokasi yaitu Kediri, Ponorogo, Probolinggo, Malang, dan Mojokerto, mulai bulan November 2010 hingga Agustus 2011. Bahan tanam yang digunakan adalah 15 klon ubi kayu. Tujuan penelitian adalah membandingkan metode analisis interaksi genotipe \times lingkungan yaitu: a) teknik GGE menggunakan metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam galat residual homogen, b) teknik GGE menggunakan metode REML dengan matriks A berdasar asumsi ragam galat residual homogen, c) teknik GGE menggunakan metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam galat residual heterogen, dan d) teknik GGE menggunakan metode REML dengan matriks A berdasarkan asumsi ragam galat residual heterogen. Hasil penelitian menunjukkan teknik GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen merupakan model yang lebih tepat. Klon CMM 03038-7 (G8) memiliki daya adaptasi luas dan berpotensi hasil tinggi, serta merupakan klon yang paling mendekati kriteria genotipe yang lebih ideal dibandingkan dengan genotipe yang lain. Klon CMM 03094-4 (G10) memiliki daya adaptasi khusus di lingkungan S2 (Ponorogo) dan S5 (Mojokerto), serta memiliki potensi hasil lebih tinggi dibandingkan dengan varietas kontrol UJ5, Malang 6, dan Adira 4. Lingkungan Kediri (S1) memiliki rata-rata hasil tertinggi di antara lingkungan yang lain dan sesuai untuk pertumbuhan dan seleksi ubi kayu.

Kata kunci: ubi kayu, GGE biplot, REML

ABSTRACT

The study was conducted in five locations i.e Kediri, Ponorogo, Probolinggo, Malang, and Mojokerto, from November 2010 until August 2011. The planting materials used were 15 cassava clones. The research objective was to compare analysis methods of the genotype \times environment interaction, namely: a) GGE technique using REML without A matrix by assuming homogeneous residual error variance, b) GGE technique using REML with A matrix by assuming homogeneous residual error variance, c) GGE technique using REML without A matrix by assuming heterogeneous residual error variance, and d) GGE technique using REML with A matrix by assuming heterogeneous residual error variance. The results showed that GGE technique using REML without A matrix by assuming heterogeneous residual error variance was more appropriate. Clones CMM 03038-7 (G8) had a wide adaptability and high yield potential, and its clone was closest to the ideal criteria for genotype compared with other genotypes. Clones CMM 03094-4 (G10) had specific adaptability in the environments S2 (Malang) and S5 (Mojokerto), and it had higher yield potential than the control varieties UJ5, Malang 6, and Adira 4. Environment Kediri (S1) had the highest yield among other environments and Kediri was a suitable environment for the growth and selection of cassava.

Key words: cassava, GGE biplot, REML

PENDAHULUAN

Teknik GGE (*Genotype + Genotype by Environment*) telah banyak digunakan untuk analisis interaksi genotipe × lingkungan. Teknik GGE memiliki beberapa kelebihan dibandingkan dengan AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) yaitu: (1) grafik GGE biplot untuk *the which-won-where* lebih superior dibandingkan grafik AMMI1 untuk analisis *mega-environment*, (2) penampilan GGE biplot untuk rata-rata versus stabilitas lebih superior daripada biplot AMMI dalam menyeleksi genotipe karena lebih menjelaskan G + GE, dan (3) pada teknik AMMI tidak dilakukan evaluasi lingkungan uji (Yan *et al.*, 2007).

Teknik GGE merupakan teknik analisis GEI yang melibatkan pengaruh genotipe (G) dan genotipe × lingkungan (GE). Penggunaan GGE biplot yang paling umum mendasarkan diri pada model regresi lingkungan *linear-bilinear (the Sites Regression linear-bilinear/SREG)* (Samonte *et al.*, 2005; Cornelius *et al.*, 1996). Teknik GGE biplot dapat digunakan untuk membandingkan penampilan genotipe berbeda pada suatu lingkungan, membandingkan penampilan satu genotipe di lingkungan berbeda, membandingkan penampilan dua genotipe pada semua lingkungan, mengetahui genotipe berdaya hasil paling tinggi pada lingkungan berbeda, mengetahui genotipe dan lingkungan ideal, membandingkan genotipe berdasarkan beberapa sifat, dan mengetahui genotipe dengan beberapa sifat yang sesuai (Yan dan Kang, 2002).

Teknik GGE dikembangkan berdasarkan model tetap (*fixed model*), yaitu semua faktor yang digunakan merupakan faktor tetap. Seiring dengan fakta yang terjadi di lapangan, penerapan model tetap dianggap kurang realistis karena beberapa alasan diantaranya hanya sesuai untuk data seimbang, tidak mempertimbangkan jumlah ulangan yang tidak sama antar lokasi, terdapat informasi kekerabatan di antara genotipe yang diuji, dan adanya ragam yang heterogen. Hal tersebut dapat diatasi dengan menerapkan model campuran (Henderson, 1975; Falconer, 1989; Cullis *et al.*, 1989; Bernardo, 2002)

Restricted Maximum Likelihood (REML) merupakan salah satu metode pendugaan dalam model campuran (*Mixed model*). REML digunakan untuk menduga varian. Untuk model yang lebih kompleks, hasil estimasi REML tidak bias dibandingkan metode Maximum Likelihood (ML). REML dapat menganalisis data yang melibatkan lebih dari satu sumber variasi kesalahan dan dapat digunakan untuk analisis uji multilokasi. REML merupakan generalisasi dari metode Anova klasik (Dieng, 2014).

Tujuan penelitian adalah untuk membandingkan metode analisis interaksi genotipe × lingkungan yaitu: a) teknik GGE menggunakan metode REML tanpa

matriks A dengan asumsi ragam galat residual homogen, b) teknik GGE menggunakan metode REML dengan matriks A berdasarkan asumsi ragam galat residual homogen, c) teknik GGE menggunakan metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam galat residual heterogen, dan d) teknik GGE menggunakan metode REML dengan matriks A berdasar asumsi ragam galat residual heterogen.

MATERI DAN METODE

Bahan Penelitian

Penelitian dilakukan di lima lokasi yaitu Kediri, Ponorogo, Probolinggo, Malang, dan Mojokerto, mulai bulan November 2010 hingga Agustus 2011. Bahan penelitian yang digunakan adalah 15 genotipe ubi kayu, terdiri atas 11 klon harapan yaitu CMM 03025-43, CMM 03036-7, CMM 03036-5, CMM 03038-7, CMM 03094-12, CMM 03094-4, CMM 03095-5, CMM 02040-1, CMM 02033-1, CMM 02035-3, CMM 02048-6 serta empat varietas unggul sebagai kontrol yaitu Adira 4, UJ 5, Malang 4, dan Malang 6. Percobaan di setiap lokasi menggunakan rancangan acak blok lengkap dengan tiga ulangan sebagai blok. Stek batang ubi kayu sepanjang sekitar 20 cm ditanam dengan posisi tegak. Jarak tanam 100 cm × 80 cm. Ukuran petak adalah 5 m × 6 m. Panen dilakukan pada umur 10 bulan. Pengamatan dilakukan terhadap hasil umbi segar.

Metode Statistik

Persamaan model multilokasi adalah

$$Y_{ijk} = \mu + e_j + \beta_k + g_i + ge_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad [1]$$

dengan $k = 1, 2, \dots, r$ Y_{ijk} = respon dari variabel yang diamati di lokasi ke-i, genotipe ke-j, dan kelompok ke-k, μ = rata-rata umum, e_j = pengaruh dari lokasi ke-j ($j = 1, 2, \dots, e$), $\beta_{k(j)}$ = pengaruh kelompok ke-k tersarang pada lokasi ke-j, g_i = pengaruh dari genotipe ke-i ($i = 1, 2, \dots, g$), ge_{ij} = pengaruh interaksi genotipe ke-i di lokasi ke-j, ε_{ijk} = galat percobaan dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k di lokasi ke-j.

Apabila ditulis dalam bentuk persamaan model campuran linier sederhana menurut Lynch dan Walsh (1997) menjadi:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon \quad [2]$$

dan karena genotipe (g) dan lingkungan (e) merupakan faktor acak maka persamaan [2] berubah menjadi

$$y = X\beta + Zgug + Zeue + Zgeuge + \varepsilon \quad [3]$$

dengan y = vektor berukuran $gen \times 1$ dari variabel yang diamati, $y = [y_{111}, y_{112}, \dots, y_{gen}]'$, β = vektor pengaruh tetap $p \times 1$, u_g = vektor dari pengaruh acak genotipe,

g merupakan banyaknya genotipe (15 genotipe), $\mathbf{u}_g = [v_1, v_2, \dots, v_g]^T$, \mathbf{u}_e = vektor dari pengaruh acak lokasi, e merupakan banyaknya lokasi (5 lokasi), $\mathbf{u}_e = [s_1, s_2, \dots, s_e]^T$, \mathbf{u}_{ge} = vektor dari pengaruh acak (pengaruh interaksi genotipe \times lingkungan), ge merupakan banyaknya interaksi (15 \times 5), $\mathbf{u}_{ge} = [(ge)_{11}, (ge)_{12}, \dots, (ge)_{15}]$, X = matriks rancangan (design matriks) berukuran $gen \times l$, Z_g = matriks insiden berukuran $gen \times g$ yang menghubungkan y ke \mathbf{u}_g , Z_e = matriks insiden berukuran $gen \times e$ yang menghubungkan y ke \mathbf{u}_e , Z_{ge} = matriks insiden berukuran $gen \times ge$ yang menghubungkan y ke \mathbf{u}_{ge} , $\boldsymbol{\varepsilon}$ = vektor $gen \times l$ dari galat acak, $\boldsymbol{\varepsilon} = [\varepsilon_{111}, \varepsilon_{112}, \dots, \varepsilon_{ger}]^T$

Vektor acak \mathbf{u} dan $\boldsymbol{\varepsilon}$ diasumsikan menyebar normal dan independen dengan vektor rata-rata nol dan matriks varians-kovarians sebagai

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} = 0 \text{ dan } \text{var} \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \boldsymbol{\varepsilon} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \Sigma & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

$$\text{dengan } \mathbf{u} = \begin{bmatrix} \mathbf{u}_g \\ \mathbf{u}_e \\ \mathbf{u}_{ge} \end{bmatrix} \text{ sehingga } \Sigma = \begin{bmatrix} G_g & 0 & 0 \\ 0 & G_e & 0 \\ 0 & 0 & G_{ge} \end{bmatrix}$$

dengan $G_g = \sigma^2_g I_g$; $G_e = \sigma^2_e I_e$; $G_{ge} = \sigma^2_{sv} I_{ge}$; dan $R = \sigma^2_{\varepsilon} I_n$ dengan I_g, I_e, I_{ge} dan I_n adalah matriks insiden dengan ordo $g, e, g \times e$ dan $n \times n$.

Estimasi dan prediksi nilai pengaruh tetap (β), pengaruh acak genotipe (\mathbf{u}_g), lingkungan (\mathbf{u}_e) dan interaksi genotipe \times lingkungan (\mathbf{u}_{ge}) dihitung menggunakan persamaan model campuran (mixed model equation/MMEQ) menurut Henderson (1985) yaitu:

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\mathbf{u}}_g \\ \hat{\mathbf{u}}_e \\ \hat{\mathbf{u}}_{ge} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_g & X'R^{-1}Z_e & X'R^{-1}Z_{ge} \\ Z_g'R^{-1}X & Z_g'R^{-1}Z_g + G_g & Z_g'R^{-1}Z_e & Z_g'R^{-1}Z_{ge} \\ Z_e'R^{-1}X & Z_e'R^{-1}Z_g & Z_e'R^{-1}Z_e + G_e & Z_e'R^{-1}Z_{ge} \\ Z_{ge}'R^{-1}X & Z_{ge}'R^{-1}Z_g & Z_{ge}'R^{-1}Z_e & Z_{ge}'R^{-1}Z_{ge} + G_{ge} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_g'R^{-1}y \\ Z_e'R^{-1}y \\ Z_{ge}'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad [4]$$

dengan penduga $\hat{\mathbf{u}}_g, \hat{\mathbf{u}}_e$, dan $\hat{\mathbf{u}}_{ge}$ merupakan BLUP dari $\mathbf{u}_g, \mathbf{u}_e$ dan \mathbf{u}_{ge} . Jika genotipe yang digunakan berkerabat, matriks kekerabatan A dapat digunakan untuk menghitung matriks G_g . Matriks A merupakan matriks kekerabatan antar genotipe yang digunakan dalam penelitian yang nilainya diperoleh berdasarkan silsilah. Matriks kovarians untuk pengaruh genetik umumnya ditulis sebagai $G_g = \sigma^2_A A$, dengan elemen dalam A menggambarkan hubungan kekerabatan antara dua genotipe, dan disebut sebagai varians genetik. Jika $A = I$ artinya genotipe tidak berkerabat, dan I merupakan matriks identitas, yaitu matriks diagonal yang diagonal utamanya bernilai 1, selainnya bernilai nol. Genotipe yang berkerabat dapat memberikan kontribusi untuk memprediksi nilai genotipe lain yang sekerabat (Henderson, 1975).

Sidik ragam menurut persamaan [3] dilakukan berdasarkan dua asumsi, yaitu ragam galat residual yang

homogen antarlokasi $\{e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)\}$ dengan matriks $R = \sigma^2 I$ dan ragam galat residual yang heterogen antarlokasi $\{e_{ijk} \sim N(0, \sigma_j^2)\}$ dengan $\sigma_1^2, \sigma_2^2, \dots, \sigma_j^2$ tidak semua sama (Hu *et al.*, 2013; 2014). Pada asumsi ragam galat residual yang heterogen antar lokasi, struktur matriks varians kovarians R yang digunakan adalah *Banded Main Diagonal* atau UN(1) (Littell *et al.*, 2006) dengan bentuk:

$$\begin{bmatrix} \sigma_1^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \sigma_4^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_5^2 \end{bmatrix}$$

Analisis Stabilitas

Nilai duga e_j, g_i , dan ge_{ij} pada metode REML tanpa maupun dengan matriks A diperoleh berdasarkan persamaan [3] menggunakan asumsi ragam galat residual antarlokasi homogen dan heterogen. Nilai duga $g_i + ge_{ij}$ digunakan untuk analisis stabilitas menggunakan GGE (memanfaatkan nilai duga $g_i + ge_{ij}$ untuk dekomposisi dan partisi nilai singular).

Persamaan model GGE yang digunakan adalah

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + e_j + \sum_{k=1}^l \lambda_k u_k v_k + \varepsilon_j$$

dengan \bar{Y}_{ij} = rata-rata hasil genotipe ke- i di lingkungan ke- j untuk sejumlah g genotipe dan e lingkungan ($i = 1, 2, \dots, g$ dan $j = 1, 2, \dots, e$), μ = rata-rata umum, e_j = pengaruh lingkungan, λ_k ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_r$ = nilai singular yang memberi pembebanan ortonormalitas vektor singular genotipe, μ_{ik} ($\mu_{i1}, \dots, \mu_{igk}$), dan vektor singular lingkungan, v_{jk} (v_{j1}, \dots, v_{jek}); dan untuk $k = 1, 2, 3, \dots$, disebut primer, sekunder, tersier, dan seterusnya sebagai pengaruh genotipe ke- i dan lingkungan ke- j ; ε_{ij} = residu (Crossa *et al.*, 2002; Samonte *et al.*, 2005).

Penentuan Model Terbaik Menggunakan Akaike Information Criteria (AIC)

Nilai *Akaike Information Criteria* (AIC) digunakan untuk mengevaluasi dan menentukan model terbaik. Semakin kecil nilai AIC semakin baik model yang digunakan (So dan Edwards, 2009; Raman *et al.*, 2011, Hu *et al.*, 2013; 2014).

Persamaan AIC adalah sebagai berikut:

$$AIC = -2LL + 2q$$

dengan LL adalah log nilai REML dari model yang digunakan dan q adalah jumlah parameter varians-kovarians yang diduga.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Ragam

Hasil sidik ragam gabungan menggunakan metode REML apabila asumsi ragam homogen terpenuhi disajikan pada Tabel 1. Sidik ragam metode REML tanpa matriks A (matriks koefisien kekerabatan) menunjukkan faktor lingkungan tidak berbeda nyata, sedangkan faktor genotipe dan interaksi genotipe × lingkungan berbeda nyata ($P < 0,05$). Nilai duga lingkungan memiliki proporsi terbesar, yaitu 80,23%. Nilai duga genotipe dan interaksi genotipe × lingkungan memiliki proporsi masing-masing 3,39% dan 3,75%.

Pada sidik ragam metode REML menggunakan matriks A, faktor lingkungan dan genotipe tidak berbeda nyata, kecuali interaksi genotipe × lingkungan yang berbeda nyata. Nilai duga lingkungan pada metode REML menggunakan matriks A sedikit lebih tinggi dibandingkan dengan metode REML tanpa matriks A, yaitu 81,14%. Nilai duga genotipe adalah 2,19% dan interaksi genotipe × lingkungan 3,92% (Tabel 1).

Proporsi nilai duga varians lingkungan pada kedua metode hampir sama yaitu 80,23% pada metode REML tanpa matriks A dan 81,14% pada metode REML menggunakan matriks A. Proporsi nilai duga varians genotipe mengalami penurunan, yaitu 3,39% pada metode REML tanpa matriks A dan

2,19% pada metode REML menggunakan matriks A. Penurunan nilai duga varians genotipe pada metode REML menggunakan matriks A berkaitan dengan diikutsertakannya koefisien kekerabatan antargenotipe sehingga menurunkan nilai ragam genotipe dari 12,83 pada metode REML tanpa matriks A menjadi 8,19 pada metode REML menggunakan matriks A. Proporsi nilai duga varians interaksi genotipe × lingkungan antarmetode adalah 3,75% pada metode REML tanpa matriks A dan 3,92% pada metode REML dengan matriks A.

Seperti halnya pada asumsi ragam antarlingkungan homogen, sidik ragam metode REML tanpa matriks A menggunakan asumsi ragam antarlingkungan heterogen menunjukkan faktor lingkungan tidak berbeda nyata, sedangkan faktor genotipe dan interaksi genotipe × lingkungan berbeda nyata ($P < 0,05$). Nilai duga lingkungan memiliki proporsi 92,41%. Nilai duga genotipe dan interaksi genotipe × lingkungan memiliki proporsi hampir sama, masing-masing 3,02% dan 3,09%. Jika menggunakan matriks A, faktor lingkungan dan genotipe tidak berbeda nyata, hanya faktor interaksi genotipe × lingkungan yang berbeda nyata ($P < 0,01$). Proporsi nilai duga lingkungan sedikit lebih tinggi dibandingkan dengan metode REML tanpa matriks A yaitu 93,12%. Nilai duga genotipe memiliki proporsi 2,13% dan interaksi genotipe × lingkungan 3,28% (Tabel 2).

Tabel 1. Komponen varians G, E, GE dan ϵ berdasarkan metode REML dengan asumsi ragam galat residual antarlingkungan homogen

Komponen varians	Metode REML tanpa A			Metode REML dengan A		
	Nilai duga varians	Prop (%) ⁺	Prob Z	Nilai duga varians	Prop (%) ⁺	Prob Z
Lingkungan (E)	303,26	80,23	0,0835	303,45	81,14	0,1124
Genotipe (G)	12,83	3,39	0,0392	8,19	2,19	0,0836
Gntp × Lingk (GE)	14,17	3,75	0,0111	14,66	3,92	0,0353
Galat (ϵ)	47,72	12,63		47,67	12,75	
Jumlah	377,98 ^{*)}			373,97 ^{*)}		

Keterangan : Metode REML menggunakan uji Z Wald (menguji varians satu sisi dengan varians > nol)

⁺ = Proporsi terhadap total nilai duga E + G + GE + ϵ

^{*)} = total nilai duga E + G + GE + ϵ

A = matriks koefisien kekerabatan

Tabel 2. Komponen varians G, E, GE dan ϵ berdasarkan metode REML dengan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen

Komponen varians	Metode REML tanpa A			Metode REML dengan A		
	Nilai duga varians	Prop (%) ⁺	Prob Z	Nilai duga varians	Prop (%) ⁺	Prob Z
Lingkungan (E)	312,81	92,41	0,0823	312,78	93,12	0,0823
Genotipe (G)	10,24	3,02	0,0319	7,16	2,13	0,0893
Genotipe × Lingk (GE)	10,49	3,09	0,0104	11,02	3,28	0,0106
Galat (ϵ)	4,96	1,47	0,0001	4,94	1,47	<,0001
Jumlah	338,50 ^{*)}			335,90 ^{*)}		

Keterangan : Metode REML menggunakan uji Z Wald (menguji varians satu sisi dengan varians > nol)

⁺ = Proporsi terhadap total nilai duga E + G + GE + ϵ

^{*)} = total nilai duga E + G + GE + ϵ

A = matriks koefisien kekerabatan

Ragam Galat Residual Antarlingkungan Diasumsikan Homogen

Tanpa Matriks A

Nilai PC1 dan PC2 pada teknik GGE metode REML tanpa matriks A masing-masing menjelaskan jumlah kuadrat $g_i + ge_{ij}$ sebesar 76,98% dan 11,50%, dengan nilai total 88,48% (Tabel 3), namun hanya PC1 yang berbeda nyata.

Sinebo *et al.* (2010) melaporkan hasil uji multilokasi pada tanaman barley yang dianalisis menggunakan GGE model campuran dengan genotipe sebagai pengaruh acak dan faktor lain sebagai pengaruh tetap diperoleh hasil

skor PC1 dan PC2 menerangkan keragaman pengaruh $g_i + ge_{ij}$ masing-masing sebesar 68,3% dan 17,1% dengan total dua skor PC pertama 85,4%.

Genotipe yang memiliki skor PC1 > 0 merupakan genotipe berdaya hasil tinggi dan sebaliknya, sedangkan PC2 menggambarkan stabilitas hasil suatu genotipe. Genotipe berdaya hasil tinggi pada analisis ini adalah G2, G3, G4, G6, G8, dan G10. Berdasarkan skor PC2, genotipe yang diuji dapat dikelompokkan menjadi dua yaitu genotipe stabil (skor PC2 mutlak mendekati nol) yang terdiri dari genotipe G1, G5, G6, G8, G11, G13, G15 dan genotipe tidak/kurang stabil (skor PC2 mutlak yang besar) yaitu G2, G3, G4, G7, G9, G10, G12, G14 (Tabel 4).

Tabel 3. Hasil analisis GGE berdasarkan metode REML tanpa dan dengan matriks A yang mengasumsikan ragam galat residual antarlingkungan homogen

	Akar ciri (λ)			Jumlah Kuadrat GGE		Probabilitas H_0		Persentase	
	Tanpa A	Dengan A		Tanpa A	Dengan A	Tanpa A	Dengan A	Tanpa A	Dengan A
λ_1	31,27	31,11	PC1	2934,13	2902,86	0,00001	0,00001	76,98	76,17
λ_2	12,09	12,33	PC2	438,22	456,08	0,86094	0,83917	11,50	11,97
λ_3	9,02	9,09	PC3	244,29	247,94	0,96983	0,96772	6,41	6,51
λ_4	7,54	7,68	PC4	170,39	176,95	0,97926	0,97582	4,47	4,64
λ_5	2,85	3,01	PC5	24,41	27,25	0,99996	0,99994	0,64	0,72
	Jumlah			3811,44	3811,08			100,00	100,00

H_0 : suatu PC tidak berpengaruh ($PC_i = 0$)

Tabel 4. Nilai vektor ciri genotipe dan lingkungan berdasarkan teknik GGE dengan metode REML tanpa dan dengan matriks A yang mengasumsikan ragam galat residual antarlingkungan homogen

Kode	Genotipe	Hasil Umbi Segar (t/ha)	Tanpa A		Dengan A	
			PC1	PC2	PC1	PC2
G1	UJ5	25,22	-1,46	-0,30	-1,49	-0,34
G2	Malang 6	32,58	1,04	0,61	1,03	0,65
G3	Malang 4	37,79	2,80	-0,71	2,63	-0,64
G4	Adira 4	31,51	0,48	1,73	0,42	1,73
G5	CMM 03025-43	26,91	-0,84	-0,05	-0,79	-0,06
G6	CMM 03036-7	31,52	0,80	0,50	0,85	0,54
G7	CMM 03036-5	29,93	-0,04	1,48	-0,26	1,49
G8	CMM 03038-7	37,52	2,51	0,28	2,66	0,32
G9	CMM 03094-12	24,40	-1,51	-1,00	-1,53	-1,03
G10	CMM 03094-4	34,55	1,54	-1,70	1,70	-1,69
G11	CMM 03095-5	23,95	-2,09	0,24	-2,02	0,21
G12	CMM 02040-1	28,13	-0,77	-0,79	-0,66	-0,82
G13	CMM 02033-1	29,49	-0,09	-0,51	0,11	-0,51
G14	CMM 02035-3	24,16	-0,95	0,73	-0,90	0,75
G15	CMM 02048-6	26,69	-1,34	-0,50	-1,29	-0,57
S1	Kediri	54,84	3,49	0,93	3,50	1,03
S2	Ponorogo	7,79	1,40	0,09	1,37	0,04
S3	Probolinggo	31,00	2,42	1,79	2,36	1,80
S4	Malang	37,08	2,73	-2,83	2,78	-2,83
S5	Mojokerto	18,28	1,95	0,01	1,91	-0,02

Dengan Matriks A

Analisis GGE metode REML menggunakan matriks A menunjukkan hanya terdapat satu nilai PC yang nyata dan nilai PC1 menjelaskan jumlah kuadrat $g_i + ge_{ij}$ dalam proporsi yang tinggi yaitu 76,17%, sedangkan PC2 11,97% dengan total kontribusi dua skor PC pertama 88,14%. Pada metode ini juga diperoleh lima nilai PC yang disebabkan oleh jumlah baris pada matriks $g_i + ge_{ij}$ tidak sama dengan nol, sehingga tidak dapat direstriksi (Tabel 3).

Genotipe yang tergolong berdaya hasil tinggi pada analisis ini sama dengan analisis tanpa menggunakan matriks A, ditambah satu genotipe yaitu G13. Berdasarkan skor PC2, genotipe yang tergolong stabil (skor PC2 mutlak mendekati nol) adalah G1, G5, G6, G8, G11, dan G13, sedangkan genotipe yang tidak/kurang stabil (skor PC2 mutlak yang besar) adalah G2, G3, G4, G7, G9, G10, G12, G14, dan G15 (Tabel 4).

Ragam Galat Residual Antarlingkungan Diasumsikan Heterogen

Tanpa Matriks A

Pada teknik GGE menggunakan metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam galat antarlingkungan heterogen, skor PC1 dan PC2 masing-masing menjelaskan

jumlah kuadrat $g_i + ge_{ij}$ sebesar 77,74% dan 11,47%, dengan skor total 89,21%. Pada metode ini terdapat tiga nilai PC yang berbeda nyata ($P < 0,01$) (Tabel 5).

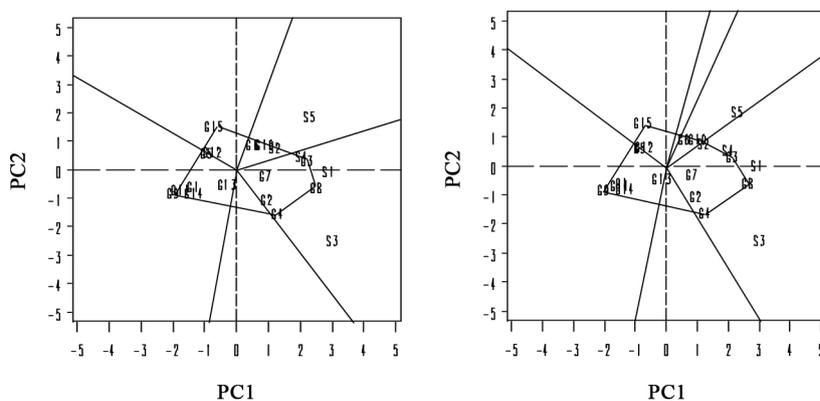
Poligon GGE pada metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam antarlingkungan heterogen membentuk lima sektor dengan lima titik sudut poligon, yaitu varietas kontrol G4, genotipe G8, varietas kontrol G3, genotipe G15, dan G9. Dari lima sektor tersebut hanya dua yang memiliki titik lingkungan sehingga terbentuk dua *mega-environment*. *Mega-environment* pertama memiliki tiga titik lingkungan yaitu S1, S3 dan S4. Pada *mega-environment* tersebut G8 merupakan genotipe terbaik. Varietas kontrol G2, G3, G4, dan G7 juga beradaptasi dengan baik di lingkungan S1, S3, dan S4. *Mega-environment* kedua memiliki dua titik lingkungan yaitu S2 dan S5. Genotipe yang beradaptasi baik pada kedua lingkungan tersebut adalah G10 dan G6. Terdapat delapan genotipe yang terletak pada sektor yang tidak memiliki titik lingkungan, termasuk varietas kontrol G1, sehingga genotipe-genotipe tersebut tergolong tidak sesuai untuk kelima lingkungan yang digunakan dalam pengujian ini (Gambar 1-A).

Stabilitas genotipe bergantung pada jarak terhadap garis AEA. Genotipe yang lebih dekat terhadap garis AEA lebih stabil dibandingkan dengan genotipe lain yang jaraknya lebih jauh. Pada biplot GGE metode REML tanpa menggunakan matriks A dengan asumsi ragam antarlingkungan heterogen, genotipe yang paling

Tabel 5. Hasil analisis GGE berdasarkan metode REML tanpa dan dengan matriks A yang mengasumsikan ragam galat residual antarlingkungan heterogen.

Akar ciri (λ)	Jumlah kuadrat GGE		Probabilitas H_0		Persentase				
	Tanpa A	Dengan A	Tanpa A	Dengan A	Tanpa A	Dengan A			
λ_1	28,20	28,15	PC1	2385,77	2376,83	0,00000	0,00000	77,74	76,43
λ_2	10,83	11,09	PC2	352,03	368,70	0,00000	0,00000	11,47	11,86
λ_3	8,53	8,97	PC3	218,48	241,51	0,00016	0,00004	7,12	7,77
λ_4	4,40	4,66	PC4	58,04	65,22	0,39606	0,29208	1,89	2,10
λ_5	4,27	4,38	PC5	54,68	57,46	0,28563	0,24599	1,78	1,85
Jumlah				3069,00	3109,72			100,00	100,00

H_0 : suatu PC tidak berpengaruh ($PC_i = 0$)



Gambar 1. Poligon biplot GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A (A) dan dengan matriks A (B) yang menunjukkan mega-environment dan genotipe terbaik pada masing-masing sektor menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen.

stabil adalah varietas kontrol G3, genotipe G7, dan G13. Varietas kontrol G3 memiliki hasil tertinggi (37,79 t/ha), sedangkan G7 (29,93 t/ha) dan G13 (29,49 t/ha) potensi hasilnya dekat dengan rata-rata (29,59 t/ha) (Gambar 2-A).

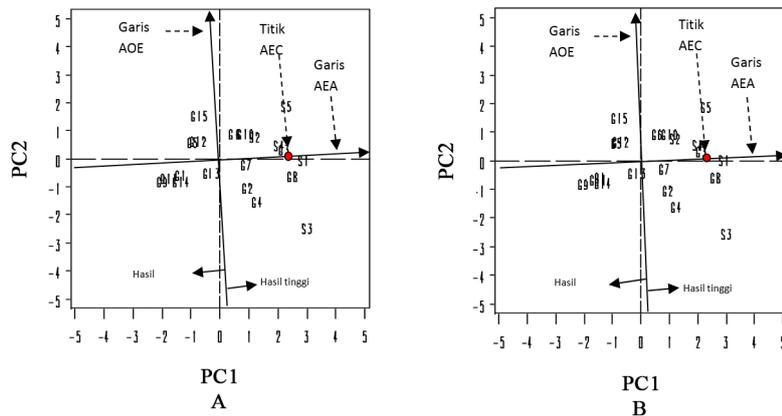
Gambar 3-A menunjukkan letak genotipe ideal, yaitu genotipe yang memiliki nilai PC1 besar (hasil tinggi) dan nilai mutlak PC2 kecil (stabil). Teridentifikasi bahwa varietas kontrol G3 merupakan genotipe yang paling mendekati kriteria genotipe ideal karena letaknya paling dekat dengan posisi genotipe ideal. Di antara klon harapan yang diuji, posisi G8 paling dekat dengan letak genotipe ideal dan memiliki rata-rata hasil tidak berbeda dengan varietas kontrol G3.

Berdasarkan Gambar 4-A, lingkungan S1 merupakan lingkungan yang lebih mendekati ideal dibandingkan dengan lingkungan yang lain karena paling dekat dengan letak titik lingkungan ideal (lingkungan yang memiliki nilai mutlak PC2 kecil lebih representatif dibandingkan dengan lingkungan lain, dan nilai PC1 besar lebih dapat membedakan genotipe).

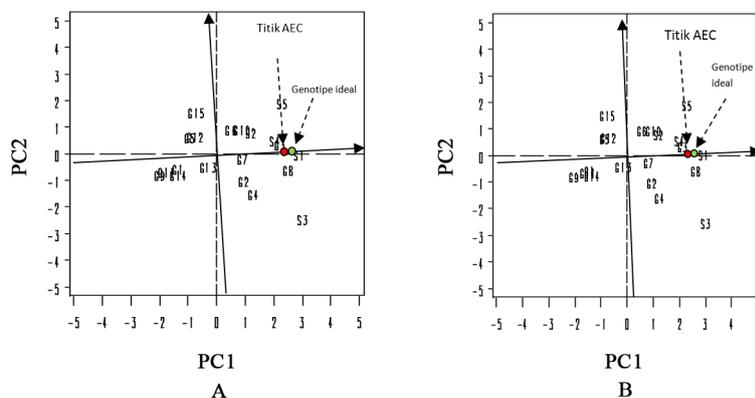
Dengan Matriks A

Analisis GGE metode REML menggunakan matriks A dengan asumsi ragam antarlingkungan heterogen menghasilkan tiga nilai PC pertama yang nyata ($P < 0,01$). Nilai PC1 memiliki proporsi yang tinggi yaitu 76,43% dan PC2 11,86%, dengan total sumbangan dua PC pertama 88,29% (Tabel 5).

Poligon GGE metode REML menggunakan matriks A dengan asumsi ragam antarlingkungan heterogen membentuk enam sektor dengan titik sudut G4, G8, G3, G10, G15, dan G9, namun hanya dua sektor yang memiliki titik lingkungan, sehingga terbentuk dua mega-environment. *Mega-environment* pertama mempunyai titik lingkungan S1, S2, S3, dan S4. Genotipe yang terletak pada titik puncak *mega-environment* tersebut adalah G8, sehingga merupakan genotipe yang memiliki potensi hasil dan daya adaptasi yang baik pada lingkungan S1, S2, S3, dan S4. Di samping G8, pada sektor tersebut juga terdapat varietas kontrol G2, G3, G4, dan genotipe G7. *Mega-environment* kedua berisi titik lingkungan S5.



Gambar 2. Biplot GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A (A) dan dengan matriks A (B) menggunakan skala simetris dengan koordinat rerata lingkungan (AEC) menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen.



Gambar 3. Biplot GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A (A) dan dengan matriks A (B) yang menunjukkan perbandingan semua genotipe dengan genotipe ideal menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen.

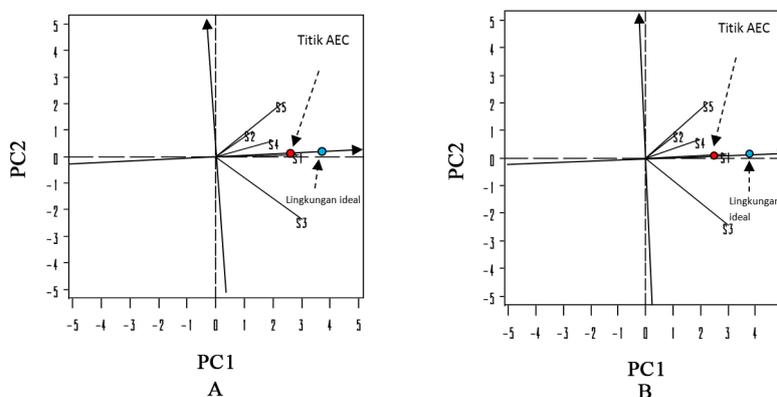
Terdapat dua genotipe yang berada dalam satu sektor dengan lingkungan S5 yaitu G10 dan G6, sehingga genotipe tersebut memiliki daya hasil dan daya adaptasi yang baik pada lingkungan S5 (Gambar 1-B).

Biplot GGE berdasarkan skala simetris dengan koordinat rata-rata lingkungan pada metode REML menggunakan matriks A menunjukkan genotipe yang paling dekat jaraknya dengan garis AEA adalah varietas kontrol G3, diikuti G7 dan G13. Ketiga genotipe dikategorikan lebih stabil dibandingkan dengan genotipe yang lain. Namun demikian, di antara klon harapan yang yang diuji, G8 merupakan genotipe yang paling dekat letaknya dengan genotipe ideal dan memiliki skor PC2 yang sama dengan varietas kontrol G3 (Gambar 2-B).

Lingkungan yang paling dekat dengan absis rata-rata lingkungan (AEA) adalah S1 dan S4. Kedua lingkungan tersebut memiliki nilai PC2 yang lebih kecil dibandingkan dengan lingkungan yang lain sehingga lebih representatif. Nilai PC1 untuk lingkungan S1 lebih besar dibandingkan dengan S4, sehingga lingkungan S1 lebih dapat membedakan genotipe dibandingkan dengan S4. Lingkungan S4 meskipun memiliki nilai PC1 tertinggi (lebih dapat membedakan genotipe), namun nilai PC2 juga besar sehingga kurang representatif. Namun demikian, berdasarkan kriteria lingkungan ideal, maka lingkungan yang paling mendekati kriteria ideal adalah S1, karena memiliki nilai PC1 besar (lebih dapat membedakan genotipe) dan nilai PC2 kecil (lebih dapat

Tabel 6. Nilai vektor ciri genotipe dan lingkungan berdasarkan teknik GGE dengan metode REML tanpa dan dengan matriks A yang mengasumsikan ragam galat residual antarlingkungan heterogen

Kode	Genotipe	Hasil Umbi Segar (t/ha)	Tanpa A		Dengan A	
			PC1	PC2	PC1	PC2
G1	UJ5	25,22	-1,38	-0,45	-1,37	-0,45
G2	Malang 6	32,58	0,96	-0,92	1,04	-0,89
G3	Malang 4	37,79	2,20	0,45	2,20	0,45
G4	Adira 4	31,51	1,30	-1,42	1,31	-1,48
G5	CMM 03025-43	26,91	-0,93	0,72	-0,80	0,78
G6	CMM 03036-7	31,52	0,50	1,01	0,62	1,07
G7	CMM 03036-5	29,93	0,90	-0,10	0,79	-0,20
G8	CMM 03038-7	37,52	2,49	-0,49	2,67	-0,46
G9	CMM 03094-12	24,40	-1,98	-0,69	-1,98	-0,66
G10	CMM 03094-4	34,55	0,88	1,01	1,08	1,08
G11	CMM 03095-5	23,95	-1,75	-0,59	-1,60	-0,55
G12	CMM 02040-1	28,13	-0,75	0,76	-0,57	0,81
G13	CMM 02033-1	29,49	-0,31	-0,37	-0,12	-0,29
G14	CMM 02035-3	24,16	-1,35	-0,69	-1,22	-0,61
G15	CMM 02048-6	26,69	-0,71	1,66	-0,65	1,64
S1	Kediri	54,84	2,88	0,07	2,93	0,15
S2	Ponorogo	7,79	1,19	0,91	1,21	0,89
S3	Probolinggo	31,00	3,02	-2,37	2,98	-2,46
S4	Malang	37,08	2,02	0,61	2,01	0,70
S5	Mojokerto	18,28	2,30	2,01	2,28	1,93



Gambar 4. Biplot GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A (A) dan dengan matriks A (B) yang menunjukkan perbandingan semua lingkungan dengan lingkungan ideal menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen.

membedakan genotipe) di antara lingkungan yang lain (Tabel 6 dan Gambar 4-B).

Penentuan Kelayakan Model Menggunakan Nilai AIC

Hu *et al.* (2014) menggunakan nilai AIC untuk mengevaluasi model dengan ragam galat residual homogen dan heterogen. Semakin kecil nilai AIC, semakin baik model yang digunakan. Secara umum ditunjukkan bahwa teknik GGE menggunakan metode REML tanpa maupun dengan matriks A (matriks kekerabatan) berdasarkan asumsi ragam galat residual heterogen lebih baik dibandingkan apabila berdasarkan asumsi ragam galat residual homogen. Hal tersebut ditunjukkan oleh nilai AIC yang lebih kecil dibandingkan dengan asumsi ragam galat residual homogen.

Dari empat model yang digunakan, model terbaik adalah teknik GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A dengan asumsi ragam galat residual heterogen (memiliki nilai AIC terkecil) (Tabel 7). Hal tersebut sejalan dengan Casanoves *et al.* (2005) dan Hu *et al.* (2013; 2014) yang menyatakan bahwa model dengan menggunakan ragam residual heterogen memiliki nilai AIC yang lebih kecil dibandingkan dengan model yang menggunakan ragam residual homogen.

Pemanfaatan Matriks A (Matriks Kekerabatan) dalam Analisis $G \times E$

Pemanfaatan matriks A dalam penelitian ini belum mampu meningkatkan ketepatan model karena nilai koefisien kekerabatan yang dimiliki genotipe yang digunakan dalam penelitian ini masih kurang besar (berkisar antara 0,125–0,50), sehingga belum dapat digunakan sebagai acuan dalam melihat penampilan suatu genotipe berdasarkan kerabatnya. Berbeda dengan hasil kajian Crossa *et al.* (2006), pemanfaatan koefisien kekerabatan dalam analisis interaksi genotipe \times lingkungan memberikan hasil yang lebih realistis dari hubungan antargenotipe, lingkungan, dan interaksinya. *Sister line* dengan hubungan genetik yang kuat (nilai koefisien kekerabatan $> 0,90$) memiliki posisi yang

berdekatan pada biplot, sedangkan *sister line* yang lain dengan koefisien kekerabatan 0,79 terletak jauh dari *sister line*-nya. Disebutkan bahwa ketika dua atau lebih genotipe berkorelasi genetik dan tanggapannya terhadap lingkungan diukur, penampilan genotipe-genotipe tersebut seharusnya terkait, setidaknya sebagian, karena adanya kesamaan genetik dan akan mempengaruhi hubungan antarlingkungan yang tidak ditemukan ketika hubungan genetik tidak disertakan dalam analisis.

KESIMPULAN

Teknik GGE berdasarkan metode REML tanpa matriks A menggunakan asumsi ragam galat residual antarlingkungan heterogen merupakan model yang lebih tepat. Klon CMM 03038-7 (G8) yang memiliki daya adaptasi luas dan berpotensi hasil tinggi merupakan klon yang lebih mendekati kriteria ideal dibanding genotipe yang lain. Klon CMM 03094-4 (G10) memiliki daya adaptasi khusus di lingkungan S2 (Ponorogo) dan Mojokerto (S5), potensi hasil lebih tinggi dibandingkan dengan varietas kontrol UJ5, Malang 6, dan Adira 4. Lingkungan Kediri (S1) memiliki rata-rata hasil tertinggi di antara lingkungan yang lain dan sesuai untuk pertumbuhan dan seleksi ubi kayu.

CMM 03038-7 dapat diusulkan menjadi klon harapan untuk dilepas menjadi varietas unggul baru karena memiliki daya adaptasi yang luas dan potensi hasil tinggi. CMM 03094-4 dapat diusulkan sebagai klon harapan untuk dilepas menjadi varietas unggul baru spesifik lokasi. Analisis GEI pada tanaman ubi kayu dapat mengabaikan hubungan kekerabatan antargenotipe jika nilai koefisien kekerabatannya.

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih ditujukan kepada Balitbangtan yang telah mendukung pendanaan dalam pelaksanaan penelitian, Bapak Rohmad Budiono, MSc, Bapak Langggeng Sutrisno, SP, dan para petani di lokasi penelitian yang telah membantu pelaksanaan penelitian di lapangan.

Tabel 7. Nilai AIC (*Akaike's Information Criterion*) untuk menentukan kelayakan model

Model	Nilai AIC
REML tanpa matriks A (ragam galat residual homogen)	1594,10
REML dengan matriks A (ragam galat residual homogen)	1594,90
REML tanpa matriks A (ragam galat residual heterogen)	1515,00
REML dengan matriks A (ragam galat residual heterogen)	1516,60

Keterangan: semakin kecil nilai AIC, model semakin baik

DAFTAR PUSTAKA

- Bernardo, R. 2002. Breeding for Quantitative Traits in Plants. Stemma Press. Woodbury, Minnesota. 369 p.
- Casanoves, F., J. Baldessari, and M. Balzarini. 2005. Evaluation of Multienvironment Trials of Peanut Cultivars. *Crop Science* 45 : 18 – 26.
- Cornelius, P.L., J. Crossa, and M.S. Seyedsadr. 1996. Statistical Test and Estimates of Multiplicative models for GE Interaction. In : Kang, M.S and H.G. Gauch (Eds.) *Genotype-by-Environment Interaction*. CRC Press, Boca Raton. 416 p.
- Crossa, J., P.L. Cornelius, and W. Yan. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype \times environment interaction. *Crop Sci.* 42: 619 – 633.
- Crossa, J., J. Burgueno, P.L. Cornelius, G. McLaren, R. Trethowan, and A. Krishnamachari. 2006. Modeling Genotype \times Environment Interaction Using Additive Genetics Covariance of Relative for Breeding Value of Wheat Genotypes. *Crop Science* 46 : 1722-1733.
- Cullis, B.R., W. Lill, J. Fisher, B. Read, and A. Gleeson. 1989. A New Procedure for The Analysis of Early Generation Variety Trial. *Applied Statistics* 38 : 361 – 375.
- Dieng, I. 2014. Mixed Model and REML. <http://www.AfricaRice.org>.
- Falconer, D.S. 1989. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3rd Edition. Longman Group Limited. 464 p.
- Henderson, C.R. 1975. Use of all relatives in intraherd prediction of breeding values and producing abilities. *Journal Dairy Science* 58 : 1910 – 1916.
- Henderson, C.R. 1985. Best linear unbiased prediction of nonadditive genetics merits in non inbred population. *Journal of Animal Science* 60 : 111-117.
- Hu, X., S. Yan, and K. Shen. 2013. Heterogeneity of Error Variance and Its Influence on Genotype Comparison in Multi-location Trials. *Field Crops Research* 149 : 322-328.
- Hu, X., S. Yan, and S. Li. 2014. The Influence of Error Variance Variation on Analysis of Genotype Stability in Multi-Environment Trials. *Field Crops Research* 15 : 84-90.
- Lynch, M. and B. Walsh. 1997. *Genetics Analysis of Quantitative Traits*. Sinauer Associates Inc. Publisher, USA. 980 p.
- Littell, R.C., G.A. Milliken, W.W. Stroup, R.D. Wolfinger, and O. Schabenberger. 2006. *SAS for Mixed Models*. Second Edition. SAS Press. 814 p.
- Raman, A., J.K. Ladha, V. Kumar, S. Sharma, and H.P. Piepho. 2011. Stability Analysis of Farmer Participatory Trials for Conservation Agriculture using Mixed Models. *Field Crop Research* 121:450-459.
- Samonte, S.O.P.B., L.T. Wilson, Ana M.Mc. Chang, and J. C. Medley. 2005. Targeting Cultivars onto Rice Growing Environment Using AMMI and SREG GGE Biplot Analyses. *Crop Science* 45 : 2414-2424.
- So, Yoon-Sup and J. Edwards. 2009. A Comparison of Mixed-Model Analyses of the Iowa Crop Performance Test for Corn. *Crop Science* 49:1593-1601.
- Yan, W. and M.S. Kang. 2002. *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press, 288 p.
- Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods, and P.L. Cornelius. 2007. GGE Biplot vs AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data. *Crop Science* 47 : 643-655.