

BAYESIAN CLUSTERING OF INDONESIAN RICE GERMPLASM

Klasterisasi Bayes Plasma Nutfah Padi Indonesia

Dwinita W. Utami, Ida Rosdianti, Dani Satyawan, Habib Rizjaani and M. Sabran

Indonesian Center for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development

Jalan Tentara Pelajar No. 3A, Bogor 16111, Indonesia

Telp. (0251) 8337975, Fax. (0251) 8338820

E-mail: dnitawu@windowslive.com

(Makalah diterima 11 Agustus 2014 – Disetujui 3 Desember 2015)

ABSTRAK

Pengklastran berbasis model yang parameternya diduga berdasarkan prinsip-prinsip Bayes telah dilakukan terhadap 467 aksesori padi yang terdiri dari varietas yang sudah dilepas, varietas lokal, galur introduksi, galur-galur hasil pemuliaan dan kerabat liar. Analisis klaster berbasis model-bayesian dari data genotipe plasma nutfah padi ini dapat digunakan untuk mengevaluasi latar belakang genetik populasi padi. Berdasarkan analisis ini dapat diketahui struktur populasi, menentukan kelompok individu dalam subpopulasi tertentu serta mempelajari keragaman populasi hibrida. Tujuan penelitian ini adalah menganalisis klaster berbasis model-bayesian data genotipe beragam aksesori plasma nutfah padi. Data genotipe yang digunakan untuk pengklastran diperoleh melalui *high-throughput genotyping platform* menggunakan 1536 SNP-chip. Hasil pengklastran menunjukkan plasma nutfah padi di Indonesia dapat dibagi menjadi lima klaster berdasarkan kesamaan profil genotipe; yaitu kesamaan frekuensi gen sepanjang genom antar-individu. Setiap klaster dapat diidentifikasi berdasarkan galur/varietas referensi, yaitu galur/varietas yang unik di klaster tersebut dan tidak atau kurang memiliki frekuensi alel introgresi dari galur/varietas di klaster lain. Banyak galur/varietas yang memiliki introgresi antarklaster; yang mengindikasikan sebagian besar plasma nutfah padi di Indonesia, termasuk varietas lokal dan varietas introduksi, adalah hasil persilangan secara alami maupun melalui pemuliaan tanaman. Ada satu klaster yang tidak memiliki galur/varietas referensi, yaitu yang secara fenotipik tergolong padi aromatik.

Kata kunci: plasma nutfah padi, *bayesian cluster*, *high throughput genotyping*

ABSTRACT

Model-based clustering where the inference on the parameters follow the Bayesian principle has been used to cluster 467 accessions of Indonesian rice germplasm which consist of released varieties, landraces, introduction lines, improved lines and wild species. A model-based Bayesian cluster analysis of genotype data can be used to evaluate the genetic backgrounds of rice populations of interest. Such analyses can be used to infer population structure, assign individuals to sub populations, and to study hybrid populations. Thus, the goal of this research was to examine the genotype data of numerous accession of rice germplasm using the model bayesian cluster analysis. The 1536 SNP-chip design was performed for genome scanning of the accession using the high throughput genotyping platform, the data of which were used for clustering. The result indicated that the germplasm can be clustered into five cluster based on similarities on genetic profile, i.e. similarities in gene frequencies across genome among individuals. Each cluster can be identified by reference lines, i.e. the lines or varieties that their genetic profile uniquely belong to one cluster and do not have or very rare introgression from lines or varieties of other clusters. Many introgressions have been identified among lines in all clusters which indicated that most of Indonesia rice germplasm, including local and introduced varieties were the results of crosses that occurred either in naturally fixation or breeding program activities that crossed one line/varieties to the others. There is also cluster in which no reference line and almost all lines/varieties in that cluster are known to have same common specific phenotype, e.g. aromatic.

Key words: rice germplasm, *bayesian cluster*, *high throughput genotyping*

INTRODUCTION

Plant genomic and molecular breeding have accelerated the pace and precision of crops improvement. Plant genomics plays a key role by providing the knowledge base required for understanding the complex inheritance traits, molecular basis of important intragenomic biological phenomenon and the evolutionary history of genes (Kumpatla *et al.*, 2012). Molecular breeding provide ways of transferring genes that control certain important traits. It is also speed up the conventional breeding program through the marker assisted selection.

One of the important step in molecular breeding is genome sequencing to identify genes that associated with the traits of interest. The genome-wide association studies are often conducted to determine the association between the genotype and the phenotype data. The successful GWAS requires that the population structure is well identified. However, in many genotyping studies the population structure is unknown. Population structure assesment has often relied upon apriori grouping of individuals on the basis of phenotype or sampling location. With this method, genetically similar group of individuals might be labeled differently due to distinct geographically or different phenotypes. However, a high level geographic or phenotypic diversity among a collection of populations need not imply that the groups are genetically divergent. Conversely, geographical overlap or phenotypic simalarity may mask underlying genetic variation (Rosenberg *et al.*, 2001).

The statistical method that often be used for studying population structure is cluster analysis. In principle there are two approach in clustering a sample of individuals or objects. One approach is by measuring the distance between a pair of individuals or objects. Two individuals or objects that have close distance are then assigned to the same cluster. The number of clusters can vary from one to as many as the number of objects or individuals in the sample (no cluster). The user can determine the number of cluster through the dendogram or phylogenetic tree. Other approach is by constructing a model on each cluster. Each individual or object on the samples are assumed to be random draws from clusters with some parametric models. Inference for the parameters corresponding to each cluster is then done jointly with inference for the cluster membership of each individual using standard statistical method such as maximum likelihood or Bayesian methods. This method of clustering is called model-based clustering, and if the inference on the parameters of the model follow Bayesian principle, it is called Bayesian Clustering. The information generated from these analysis can be used as basis for future collection to augment diversity in the genebank collections as well as baseline information for utilization in rice breeding programs.

In this research we will cluster 467 rice accessions by the Bayesian Clustering. The purpose of this clustering is as a preliminary study on the population structure of indonesian rice germplasm, based on genotypes data. Introduction on Bayesian Clustering is given in the Materials and Methods section of this article.

MATERIALS AND METHODS

The Rice Accession and DNA Preparation

Four hundred and sixty-seven accessions of rice which consist of landraces, released varieties, improved lines and wild species were used in this study. The landraces accessions were selected to represent the wide range of Indonesian geographical regions. The released varieties and improved lines are those that have been used in the previous breeding programs. The list of those accession and related information are given as Supplement Table 1.

For the genome sequencing, rice leaves were collected from approximately 10 seedlings for each line. The Thermo Scientific King Fisher Plant DNA kits were used for the genomic DNA extraction. DNA concentration was counted using a spectrophotometer Nano Drop (Thermo Scientific, 2011). A minimum of 250 ng genomic DNA is required for the Golden Gate assay. DNA was stored in TE buffer (10 mM Tris-HCL pH 8,0; 1 mM EDTA). It is recommended that at least 10% of samples be duplicated within the samples to act as QC. The DNAs concentration was normalized using dilution into 50 ng/ μ l for final concentration. While the purity standard were have ratio A_{260}/A_{280} 1,8-2,0 (Sambrook and Russell, 2001).

Designing and Validating 1536 SNP-chip on High Throughput Genotyping Assay

The availability of rice genome sequence, SNP database and diverse linkage map of several genes in rice genome browser could support the designing of the 1536 SNP-chip. The SNPs targets were selected from several sources of rice SNP databases : SNP Consortium (www.ricesnp.org); Illumina 1536 SNP-chip on 395 O. sativa accessions (Zhao *et al.*, 2010); IRFGC-Perlegen SNP (TIGR Pseudomolecules v5); and SNPs of the rice diversity projects developed by Susan McCouch Lab (www.ricediversity.org). The 1536 SNP custom design was selected based on genetic map position of genes or QTL contributed to heading dates and yield component characters as reviewed in Utami et al (Utami *et al.*, 2013).

The 1536 SNP-chip design was performed for genome scanning using the high throughput genotyping platform, by Illumina's BeadArray technology-based GoldenGate (GG) assays (Fan *et al.*, 2003). The core of

this technology is a collection of 3-micron silica beads that assembled in the wells, which are etched on the surface of a miniaturized matrix and evenly spaced at ~5.7 micron distance. Each bead is covered with hundred thousands copies of a specific oligonucleotide that act as the capture sequences in GoldenGate assays. A high-resolution confocal scanner (iScan) is engineered to read arrays and generate intensity data, which is converted into genotypic data by reliable genotype-calling software, GenomeStudio and followed by filtering the called-genotypes using the ALCHEMY software. The resulting SNP calls were then re-formatted for subsequent data analysis for SNP visualization such as the diversity analysis of the PowerMarker program (<http://statgen.ncsu.edu/powermarker>) and the population structure by the STRUCTURE software (<http://pritch.bsd.ichicago.edu/structure.html>).

Bayesian Clustering

Before discussing the Bayesian Clustering, let we introduce the Bayesian method for data analyses as follow. Let a population be characterized by a random variable Y with probability function $P(Y|\theta)$, where θ is the vector of (unknown) parameters. Random variable Y is an observable random variable, with the data vector y is the observation from random variable Y . The joint distribution of the random variable Y and the parameters θ is $P(y, \theta) = P(y|\theta)P(\theta)$, where $P(\theta)$ is the prior distribution of the parameters established subjectively by the researcher; and $P(y|\theta)$ is the sampling distribution of the random variable Y . The main task in the Bayesian data analysis is to determine the posterior distribution of the $P(\theta|y)$. In other words, conditioning on the observed data, we obtain the probability distribution of the parameter, instead of the estimate or the confidence interval as in the classical (empirical) statistical analysis. The posterior distribution of the parameter is determined by:

$$P(\theta|y) = \frac{P(y, \theta)}{P(y)} = \frac{P(y|\theta)P(\theta)}{\int P(y, \theta)\delta\theta} \quad (1)$$

We shall now apply the Bayesian data analyses method to the clustering of genetic population. In what follows, we describe the model developed by Pritchard *et al.* (2000) in clustering the multi-locus genotype data. We describe the model without admixture, i.e., when each individual originated only from one cluster or subpopulation, in considerable details, and deals briefly on model with admixture at the end of this section.

Let N diploid individuals genotyped at L loci. Each individual is assumed to be originated from one of the

K populations. Let the vector X denote the observed genotype with the i -th element is $(x_i^{(i,1)}, x_i^{(i,2)})$ which is the genotype of the i -th diploid individuals at the l -th locus. Let Z be an $N \times 1$ vector with the i -th equal to $z^{(i)}$ and denote the (unknown) populations of origin of the individuals. Let also P be a $K \times \sum_{l=1}^L j_l$ with the k -th rows denote the (unknown) frequencies of each allele in each locus in the populations k , where $k=1,2,\dots,K$, and $j=1,2,\dots,j_l$. j_l is the number of distinct alleles observed at locus l .

$$Pr(x_i^{(i,a)} = j|Z, P) = p_{z^{(i)}ij} \quad (2)$$

where $p_{z^{(i)}ij}$ denote the frequency of allele j at locus l in the population of origin of individual i .

Having observed the genotypes X , our knowledge about Z and P is then given by the posterior distribution

$$Pr(Z, P|X) \propto Pr(Z)Pr(P)Pr(X|Z, P) \quad (3)$$

$Pr(Z)$ and $Pr(P)$ are the pre-determined prior distribution of Z and P , respectively. Pritchard *et al.* (2000) use uniform distribution for Z , i.e., by assuming that the probability that individual i originated in population k is the same for all k ,

$$Pr(z^{(i)} = k) = 1/K \quad (4)$$

independently for all k ; where K is the number of populations or clusters. For the prior distribution of P , they followed the suggestion of Balding and Nichols (1995) to use the Dirichlet distribution which specify the probability of a particular set of allele frequencies p_{kl} for population k at locus l ,

$$p_{kl} \sim D(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3 \dots \dots \lambda_{j_l}) \quad (5)$$

In particular, if we take $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3 = \dots \dots = \lambda_{j_l} = 1.0$, then it will give a uniform distribution of allele frequencies. Although we have defined $Pr(Z)$, $Pr(P)$ and by (2), we have also defined $Pr(X|Z, P)$, hence by (3), $Pr(Z, P|X)$ completely defined, it is difficult to draw a sample from $Pr(Z, P|X)$. However, it is possible to obtain, an approximate sample by constructing a markov chain that have stationary distribution $Pr(Z, P|X)$, using the Markov Chain Monte Carlo (MCMC) algoritme (Gilks *et al.*, 1996) as described below

Starting with initial values $Z^{(0)}$ for Z , e.g. by drawing at random using (4); then iterate the following steps for $m=1,2,\dots$,

Step 1. Sample $P^{(m)}$ from $Pr(P|X, Z^{(m-1)})$

Step 2. Sample $Z^{(m)}$ from $Pr(Z|X, P^{(m)})$

Step 1 correspond to estimating the allele frequencies for each population assuming that the population of origin of each individual is known; whereas step 2 correspond to estimating the population of origin of each individual, assuming that population of origin is known. Step 1 may be performed by simulating p_{kl} independently for each (k,l) from

$$p_{kl}|X, Z \sim D(\lambda_1 + \eta_{kl1}, \dots, \dots, \lambda_{j_l} + \eta_{klj_l})$$

Where

$$\eta_{klj} = \# \{ (i, a) : x_l^{(i,a)} = j \text{ and } z^{(i)} = k \}$$

is the number of copies of allele j at locus l observed in individuals assigned to population k.

Step 2 may be performed by simulating $z^{(i)}$, independently for each i, from

$$Pr(z^{(i)} = k | X, P) = \frac{Pr(x^{(i)} | P, z^{(i)} = k)}{\sum_{k'=1}^K Pr(x^{(i)} | P, z^{(i)} = k')} \quad (6)$$

where

$$Pr(x^{(i)} | P, z^{(i)} = k) = \prod_{i=1}^k p_{kix^{(i,z)}} p_{kix^{(i,z)}}$$

By equation (6) we implicitly assumed that an equal fraction of the sample is drawn from each population.

The markov chain constructed by the method described above will converge in distribution to $Pr(Z, P | X)$, i.e., for sufficiently large m and c, $(Z^{(m)}, P^{(m)})$, $(Z^{(m+c)}, P^{(m+c)})$, $(Z^{(m+2c)}, P^{(m+2c)})$, are samples from $Pr(Z, P | X)$. We may pick up any of those samples and use that to assign membership of the cluster. Recall that $z^{(i)}$,

the i-th element of Z is the assumed origin of individual i. Since we only have K clusters, we wil only have K distinct values of $z^{(i)}$, $i=1,2,\dots,N$. hence, for some $i \neq j, z^{(i)} = z^{(j)}$. This means that individual i and j belong to the same cluster.

The extension to the model with admixture could be done by introducing a vector Q to denote the admixture

proportions for each individual. The element of Q are $q_k^{(i)}$ which denote the proportion of individual i's genome that originated from population k. It is also necessary to modify the vector Z to replace the assumption that each individual i originated in some unknown population $z^{(i)}$ with the assumption that each observed allele copy $x_l^{(i,a)}$ originated in some unknown population $z_l^{(i,a)}$. We use the term "allele copy" refer to an allele carried out at particular locus by a particular individual. Our main task is to define the posterior distribution $Pr(Z, P, Q | X)$ and proceed in the same way as the model without admixture.

A computer program for the Bayesian clustering described above have been written. This program is called STRUCTURE and freely available (<http://pritch.bsd.ichicago.edu/structure.html>). The program also cover the case when there are admixture, i.e., when an individual may originated from more than one cluster.

RESULTS AND DISCUSSION

Filtering of Best Quality Selected SNPs Performance

The raw data was produced by Illumina GoldenGate assay and alleles was performed by Genome Studio program. The total genotype data 1536 SNP on 467 accessions were filtered and selected through ALCHEMY program with the parameters of inbreeding coefficient 0.9 and a confidence cut off threshold of 0.80 after running ALCHEMY. The next filtering were obtained using PowerMarker and Flapjack program. To filter down the good quality SNPs for the analysis, initially the cut-off parameters steps were used: first, removed 139 SNPs with missing >30%; second, removed 6 additional SNPs with hets > 10%; third, removed 30 additional SNPs with MAF < 0.5% (BB allele); and fourth, removed 42 additional SNPs with MAF < 0.5% (AA allele). The results of the filtering and selecting steps upon as represented on the distribution of minor allele frequency (MAF) value (Figure 1). The MAF refers to the frequency at which the

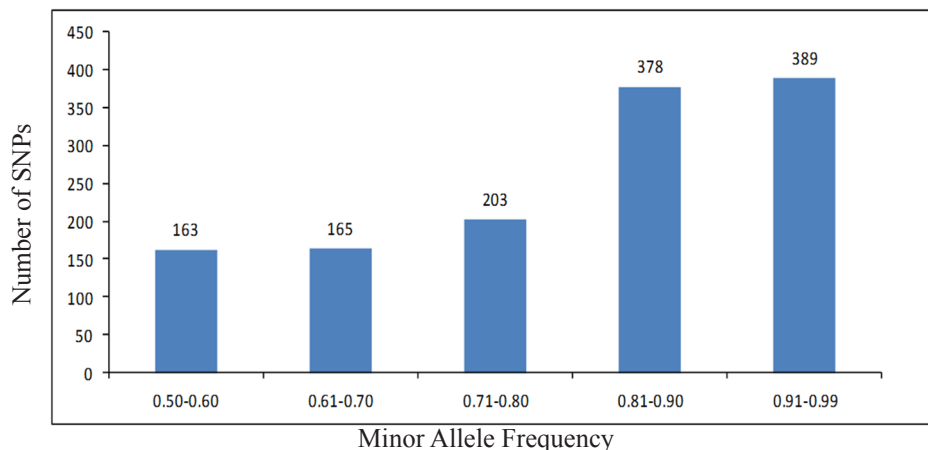


Figure 1. Minor allelic frequency distribution in the 467 diverse rice germplasm based on 1536 SNPs

least common alleles occur in given population (www.ncbi.nlm.nih.gov). In Figure 1, the distribution of minor allele frequency (MAF) was observed in 5 continued classes from 0,5-0.99 with a different number of SNPs in each MAF class. This MAF distribution results is narrower compared with MAF distribution prior to filtering, which observed in 10 continued classes (Utami *et al.*, 2013) because of remove out the smallest MAF value. There is an indication that SNP markers with low MAF scores may not be informative for most diversity analysis. Alleles present at very low frequencies generally have very little impact on large scale diversity studies and have a low probability of being polymorphic in mapping studies. Therefore, markers with higher MAF score should be valuable for screening diverse source of rice germplasm. However, markers with low MAF score may be highly valuable in allele mining approach (Yan *et al.*, 2009).

Figure 1 showed that 970 ($\pm 63\%$) total SNP markers had $MAF \geq 0,7$ which were considered to have good differentiating power in distinguishing the rice accessions tested.

Population Structure and Genetic Relationship

The abundant variation of the rice germplasm provides an important reservoir of genetic diversity and potential sources of beneficial alleles for rice breeding. The information of population structure and genetic relationship of the germplasm collection, particularly in the core collections is an important component in

association mapping analysis because it can reduce both type I and II errors between molecular markers and target traits in an inbreeding species (Zhang *et al.*, 2011). The presence of subpopulation can affect in spurious associations due to confounding of unlike markers with phenotype variations (Buckler and Thornberry., 2002). Therefore, information about the population structure within the population is of fundamental importance for association mapping (Stich *et al.*, 2005).

The relatively stable and proportional membership coefficient plot of structure runs at $K=5$. Figure 2A showed the five clusters of the rice accessions. The rectangles in the cluster represent individual members of the cluster. A rectangle with the full colour represent an individual that has the same allele frequencies in all loci as the allele frequencies that is modeled for the cluster (population); whereas those with mixed colours represent individuals that in some portion of their loci the allele frequencies equals to that modeled in one cluster, while in the other portion of the loci, the allele frequencies equal to those modeled in other cluster. Recall that we assume Hardy-Weinberg and complete linkage equilibrium between loci within populations; which implies that once we specify the allele frequencies in each locus of an individual, we can then completely determined the genotype of such an individual. The C1 is represented by individuals (rectangles) with full green colour (e.g. *O.nivara* 02). The *Japonica* reference line, Waseoikoku, is also belong to this cluster; although in a very small portion of its loci, contain allele that come from other cluster. Distribution of *Japonica* rice has been reported in temperate

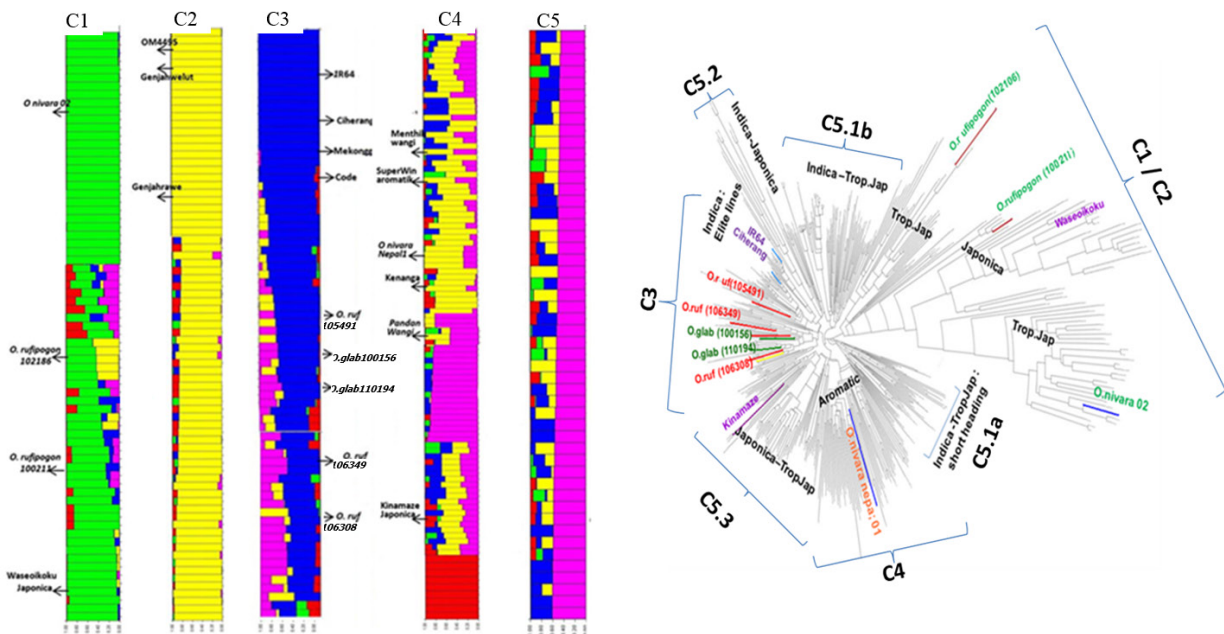


Figure 2. Population structure estimated using structure output for $K=5$ (A); Phylogenetic tree among subpopulations (B)

and subtropical zone (Chang, 1976). By grouping Waseoikoku into *Temperate Japonica* indicated that this variety is native to temperate region. Many accessions of wild species which were belong to C1 cluster, e.g., *O. rufipogon* (102186), *O. rufipogon* (100211) and *O. nivara* 02. They have different genetic background. *O. rufipogon* (102186) is a combination between *Japonica* (C1) and *Tropical Japonica* (C2); while *O. rufipogon* (100211) is of *Japonica* type (C1). *O. nivara* 02 seems to have a homogenous genotype of a *Japonica* type. These results confirmed thereport that the Asian common wild progenitor of *O. sativa*, *O. rufipogon* as a perennial ancestor and *O. nivara* as represent an annual species ancestor (Khush, 2000; Yamanaka *et al.*, 2003; Londo *et al.*, 2006). They were as the ancestors of cultivated *O. sativa*, including its two major varieties, *O. sativa*, *Japonica* and *O. sativa*, *Indica* (Vaughan *et al.*, 2008). Phylogeographical studies of *O. rufipogon* based on isozyme markers was identified the two genetic lineages, which were genetically distinct and geographically separated at the division between China and Southeast Asia, this lineages had genetic affinity to *Japonica* and *Indica* rice respectively (Second, 1982; Huang *et al.*, 2012). The genetic relationship of this study (Figure 1B) also identified a wide ancestral type in Indonesian rice germplasm especially in local rice lines, including *Tropical Japonica*-like group *O. rufipogon* (100211), *Temperate Japonica*-like *O. rufipogon* (102186) and *Tropical Japonica*-like *O. nivara* 02.

The C2 cluster has local rice lines that belong to subspecies *Tropical Japonica*, as indicated by the reference lines Genjah Welut and Genjah Rawe. Nearly all accessions in cluster C1 and C2 have short vegetative growth stage, Waseoikoku has a vegetative growth stage 60-74 days date to flowering, while other accessions such as OM4495, Genjah Welut and Genjah Rawe have a vegetative growth stage 57-66 days before heading. These results indicated that *Temperate Japonica* and *Tropical Japonica* shared alleles on the domestication traits, in this case particularly on those that related to heading date. On the phylogenetic tree (Figure 2B) showed that between *Temperate Japonica* and *Tropical Japonica* have close genetic distance. This results in accordance with the result of Zhao *et al.* (2010) when they analysed the genomic diversity of 395 *O. sativa* using 1536 SNP from the high quality MBML intersection data in the OryzaSNP project (McNally *et al.*, 2009). It has also been concluded that *Temperate Japonica* and *Tropical Japonica* groups are selections from a single genetic pool that have been adapted to different climate conditions (Garris *et al.*, 2005).

The C3 has several Indonesian commercial released varieties such as: IR64, Ciherang, Mekongga and Code as the reference lines. One of the wild rice species which

joined in this cluster is *O. rufipogon* (105491) has been introgressed into wide range of groups, i.e., *Temperate Japonica*, *Tropical Japonica* and even into the wild rice species *Oryza rufipogon*. However, there is significantly more *Indica* introgression into *Tropical Japonica* than into *Temperate Japonica*. These results explain the facts that most of Indonesian commercial rice varieties were developed using *Indica* genetic background. The introgression of *Indica* into *O. rufipogon* (105491) have resulted in two new released commercial varieties: Inpari-Blas and Inpari-HDB. Many accessions of wild rice species, like *O. rufipogon* (106349), *O. rufipogon* (106308), *O. glabberima* (100156), *O. glabberima* (110194) were grouped into this cluster.

Cluster C4 is an *Aromatic* cluster consist of several aromatic accessions, including several local rice with specific aromatic character, such as :Menthik Wangi, Super Win aromatic, Kenanga and Pandan Wangi. One of the improved line joined in this aromatic cluster is Sintanur which is a progeny of local aromatic rice Bengawan Solo (Suprihatno *et al.*, 2011). The lines have a different genotypic structure as indicated by mixed colour in the rectangles. Yellow colour found on many rectangles in this cluster indicated that some of accession belong to this cluster have been introgressed with local rice that belongs to *Tropical Japonica* (such as in cluster C2). These Indonesian aromatic rice lines were grouped in the same cluster with *O. nivara* from Nepal. Most aromatic local rice such as *O. nivara* in Nepal were cultivated in specific region condition so that they have low diversity (Celeste *et al.*, 2013). Aromatic indigenous rice varieties generally are maintained and cultivated by traditional farmers in narrow geographic regions. However, traditional farming practices are in declines due to preference for agronomically improved varieties for higher yield. Therefore, appropriate conservation measures should be taken to promote the cultivation of indigenous varieties with local traditional knowledge (Choudhury *et al.*, 2013).

The last cluster C5 consists of of hybrid lines which have the variation of introgression on their genotype profile. On the Group C5 was drawn up the Indonesian breeding program has been done so far which showed by the genetic relationship on phylogenetic tree (Figure 2B). The Indonesian breeding program has been widely performed on the introgression among the different subspecies, like cross-introgression between *Indica-Tropical Japonica* subspecies, as reflected in the group C 5.1a of phylogenetic tree. On this group incorporated several accessions of rice that is having short heading date both of *Indica* or *Tropical Japonica* subspecies, like examples: Dodokan, Silugonggo and Jatiluhur. The other introgression *Indica-Tropical Japonica* type is the C 5.1 b group which is also a group of introgression between

subspecies, but with the difference target traits on biotic resistance of breeding program which has been carried out. This group consists of several resistant varieties to *Brown Planthopper* and *Bacteria Leaf Blight* with the identified genes involved, such as: Swarnalata (*Bph6*), Mudgo (*Bph1*), Rathu Haenathi (*Bph3*), IRBB8 (*Xa8*) and IRBB57 (*Xa4+Xa5+Xa21*).

The next introgression group in C5 cluster is C5.2 group which contains the accessions with introgression between *Indica-Temperate Japonica*. In generally, the target breeding program basically of this population is developing the rice lines with high productivity as an *Indica* but with short heading date as a *Temperate Japonica* genetic background. Part of the lines included in this group are: FKN56-1-1, FKN50-2-1 (both are the progenies from Fatmawati and Kinamaze parents) and IKN39-1-3 (progeny from Inpari 1 and Kinamaze parents). The last introgression group which included in C5 cluster is C5.3 group which contains the introgression between *Temperate Japonica-Tropical Japonica* accessions. Several accessions which included in this group are: TN1 (Taiwan origin variety; *Japonica* type; progeny from Dee-gee-woo-gen and Tasi yonli parents), Huma Gadang, Pulut Mandailing and Toliwang (all are the local Indonesian origin varieties; *Tropical Japonica* type). In this cluster also joined another *Japonica* variety, Kinamaze, which has character longer on basic vegetative growth stage (78-82 days date to flowering) but slightly shorter periods on filling grain (94-99 days date to harvesting) than Waseoikoku. Kinamaze variety is the Japan origin variety and is the progeny from the crossing between Ryosaku and Aichinakate Asahi parents (Pervaiz *et al.*, 2009). The results study was indicated that Kinamaze is the one of the *Japonica* variety which cultivated in sub-tropical region due to has closest relation with the Indonesian local rice, *Tropical Japonica* groups.

CONCLUSIONS

Indonesian rice germplasm can be clustered into five cluster based on similarities on genetic profile, i.e. similarities in gene frequencies across genome among individuals. Each cluster can be identified by reference lines, i.e. the lines or varieties that their genetic profile uniquely belong to one cluster and do not have or very rare introgression from lines or varieties of other clusters. Many introgressions have been identified among lines in all cluster which indicated that most of Indonesian rice germplasm, including local and introduced varieties were the results of breeding program that crossed one line/varieties to the others. There are also cluster in which there is no reference lines, although almost all lines/

varieties in that cluster are known to have common specific phenotype, e.g. *aromatic*.

REFERENCES

- Balding, D.J. and R.A. Nichols. 1995. A method for quantifying differentiation between populations at multi-allelic loci and its implications for investigating identity and paternity. *Genetica* 96:3-12.
- Buckler, E.S.T. and J.M. Thornberry. 2002. Plant molecular diversity and applications to genomics. *Current Opinion In Plant Biology* 5:107-111.
- Celeste, M., N. Banaticla-Hilario, R.G. van den Berg, N.R.S. Hamilton, and K.L. McNally. 2013. Local differentiation amidst extensive allele sharing in *Oryza nivara* and *O. rufipogon*. *Ecology and Evolution* 3(9):3047-3062.
- Chang, T. T. 1976. Rice. In: N. W. Simmonds (Ed.), *Evolution of crop plants*. Longman, London. p. 98–104.
- Choudhury, B., M.L. Khan and S. Dayanandan. 2013. Genetic structure and diversity of indigenous rice (*Oryza sativa*) varieties in the Eastern Himalayan region of Northeast India. *A Springer Plus Open Journal* 2 : 228.
- Fan, J.B., A. Oliphant, R. Shen, B. Kermani, F. Garcia, K. Gunderson, M. Hansen, F. Steemers, S. Butler, and P. Deloukas. 2003. Highly parallel SNP genotyping. *Cold Spring Harbor Laboratory Press* 68:69.
- Garris, A.J., T.H. Tai, J. Coburn, S. Kresovich, and S. McCouch. 2005. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics* 169:1631-1638.
- Gilks, W.R., S. Richardson and D.J. Spiegelhalter. 1996. *Introducing Markov Chain Monte Carlo*. p. 1-19 in *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, W.R Gilks, S. Richardson and D.J. Spiegelhalter (Eds.). Chapman and Hall, London.
- Huang, P.U., J. Molina, J.M. Flowers, S. Rubinstein, S.A. Jackson, M.D. Purugganan, and B.A. Schaal. 2012. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon* : a genome wide view. *Molecular Ecology* 21: 4593-4604.
- Kumpatla, S.P., R. Buyyarapu, I.Y. Abdurakhmonov and J.A.Mammadov. 2012. Genomics-assisted plant breeding in the 21st century : Technological advances and progress. *Plant Breeding*. www.intechopen.com. p. 131-184.
- Londo, J.P., Y.C. Chiang, K.H. Hung, T.Y. Chiang, and B.A. Schaal. 2006. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. *PNAS*, 103(25): 9578-9583.

- McNally, K.L., K.L. Childs, R. Bohert, R.M. Davidson, K. Zhao, B.J. Ulat, G.G. Zeller, R.M. Clark, D.R. Hoen, and T.E. Bureau. 2009. Genome-wide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 106:12273–12278.
- Pervaiz, Z.H., M.A. Rabbani, S.R. Pearce and S.A. Malik. 2009. Determination of genetic variability of Asian rice (*Oryza sativa L.*) varieties using microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology* 8 (2): 5641-5651.
- Pritchard, J.K., M. Stephen and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- Rosenberg, N.A., T.Burke, K. Elo, M.W. Feldman, P.J. Freidlin, M.A.M. Groenen, J. Hillel, A. Maki-Tanila, M. Tixier-Boichard, A. Vignal, K. Wimmers, and S. Weigend. 2001. Empirical Evaluation of Genetic Clustering Methods Using Multilocus Genotypes From 20 Chicken Breeds. *Genetics* 159:699-713.
- Sambrook, J. and Russell, DW. 2001. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (3rd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Second, G. 1982. Origin of the genic diversity of cultivated rice (*Oryza spp.*): Study of the polymorphism scored at 40 isozyme loci. *Jap. J. Genet* 57:25-57.
- Stich, B., A.E. Melchinger, M. Fisch, H.P. Maurer, and M. Heckenberger. 2005. Linkage disequilibrium in European elite maize germplasm investigated with SSR. *Theor APP.Genet.* 111:723-730.
- Suprihatno, B. A.A. Daradjat, Satoto, Suwarno, E. Lubis, S.E. Baehaki, Sudir, S.D.Indrasari, P.Wardana, dan M.J.Mejaya. 2011. Deskripsi Varietas Padi. Balai Besar Penelitian Tanaman Padi. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Kementerian Pertanian.
- Thermo Scientific. 2011. KingFisher Plant DNA Kit: Instruction Manual. Thermo Fisher Scientific Inc, Finland.
- Utami, D.W., I. Rosdianti, P. Lestari, D. Satyawan, H. Rijzaani, and I.M. Tasma. 2013. Development and Application of 1536-plex Single Nucleotide Polymorphism Marker Chip for Genome Wide Scanning of Indonesian Rice Germplasm. *Indonesian Journal Agricultural Science* 14(2):45-86.
- Vaughan, D.A., B.R. Lu and N. Tomooka. 2008. The evolving story of rice evolution. *Plant Science* 174: 394-408.
- Yamanaka, S., I. Nakamura, H. Nakai and Y.I. Sato. 2003. Dual origin of the cultivated rice based on molecular markers of newly collected annual and perennial strains of wild rice species, *Oryza nivara* and *O. rufipogon*. *Genetic Resources and Crop Evolution* 50: 529-538.
- Yan, J., X. Yang, T. Shah, H.S. Villeda, J. Li, M. Warburton, Y. Zhou, H.J. Crouch, and Y. Xu. 2009. High-throughput SNP genotyping with the GoldenGate assay in maize. *Molecular Breeding*, 25:441-451. DOI 10.1007/s11032-009-9343-2.
- Zhang, P., J. Li, X. Li, X. Liu, and X. Zhao. 2011. Population structure and genetic diversity in rice core collection (*Oryza sativa L.*) investigated with SSR markers. *PLoS One* 6(12): e27565. DOI : 10.1371/Journal.pone.0026565.
- Zhao, K., M. Wright, K.J. Kimball, G. Eizenga, A. McClung, M. Kovach, W. Tyagi, L. Ali, C.W. Tung, and A. Reynolds. 2010. Genomic diversity and introgression in *O. sativa* reveal the impact of domestication and breeding on the rice genome. *PLoS One* 5: e10780.

HUBUNGAN KAUSAL ANTARA TINGKAT PENGUASAAN TEKNOLOGI, DUKUNGAN KELEMBAGAAN, DAN PERAN PENYULUH TERHADAP ADOPSI INTEGRASI TERNAK-TANAMAN

Causal Correlation Between Technology Level, Institutional Support, and Agricultural Extension Role Against the Adoption Level of Livestock-Crop Integration

Priyono¹, M.Ikhsan Shiddieqy¹, Didik Widiyantono², dan Zulfanita²

¹Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan, Jalan Raya Pajajaran Kav E59 Bogor 16151

²Fakultas Pertanian Universitas Muhammadiyah Purworejo, Jalan K.H. A. Dahlan 3 Purworejo

Telp. (0251) 8322183, Fax. (0251) 8328383

E-mail: priyono.spt@gmail.com

(Makalah diterima 3 Desember 2014, Disetujui 3 Desember 2015)

ABSTRAK

Upaya untuk peningkatan jumlah adopter integrasi ternak-tanaman memerlukan dukungan penyuluh pertanian dan kelembagaan yang kuat dalam transfer teknologi pada petani. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan kausal antara tingkat penguasaan teknologi, dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Penelitian dilaksanakan pada 15 Februari sampai 31 Maret 2013 di Desa Vokasi Sadangkulon, Kecamatan Sadang, Kabupaten Kebumen, Jawa Tengah. Metode yang digunakan dalam penelitian adalah survei terstruktur. Responden diambil sebanyak 31 orang dengan metode *simple random sampling* 50% dari tiap kelompok tani ternak yang ada. Variabel yang diamati yaitu tingkat teknologi integrasi, dukungan kelembagaan, peran penyuluh pertanian, dan tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Data dianalisis dengan metode path untuk mengestimasi koefisien persamaan struktur linear yang memiliki hubungan kausalitas dengan alat bantu SPSS. Hasil penelitian menunjukkan kontribusi tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian secara simultan mempengaruhi tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman sebesar 72,5% dengan nilai $p < 0,05$. Secara parsial tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman dipengaruhi secara langsung oleh tingkat penguasaan teknologi sebesar 16,4%; dukungan kelembagaan 4,7%; dan peran penyuluh pertanian 13,4%. Tingkat penguasaan teknologi memiliki hubungan yang cukup erat, positif, dan sangat nyata dengan dukungan kelembagaan dan hubungan yang erat, positif dan sangat nyata dengan peran penyuluh pertanian dengan nilai r_{12} 0,580 dan r_{13} 0,703. Dukungan kelembagaan memiliki hubungan yang cukup erat, positif dan nyata dengan peran penyuluh pertanian dengan nilai r_{23} 0,427. Berdasarkan hasil penelitian diperoleh informasi bahwa tingkat penguasaan teknologi, dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian memiliki hubungan kausal terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

Kata kunci: integrasi ternak-tanaman, teknologi, adopsi, kelembagaan, penyuluhan

ABSTRACT

Efforts to increase the amount of livestock-crop integration adopter needs agricultural extension support and powerful institutional support through technology transfer to farmers. This research was aimed to determine causal correlation between technology level, institutional support and agricultural extension's role against the adoption level of livestock-crop integration. This research was conducted from 15th February - 31th March 2013 in Sadangkulon, Kebumen Regency. The used method in this study was structured survey method. Respondents were taken as much as 31 people using sample random sampling, as much as 50% from each farmer group. Variables which measured in this study were integration technology level, agricultural extension role, and adoption level of livestock-crop integration. Data were analyzed using path analysis to estimate the coefficient of linear structural equation which has a causal correlation by SPSS tools. The research result showed that the contribution of exogenous variables (technology level, institutional support, and agricultural extension role) simultaneously affecting the adoption level of livestock-crop integration of 72,5% ($P < 0,05$). Partially, the adoption level of livestock-crop integration was directly affected by the mastery level of technology (16,4%), institutional support (4,7%), and agricultural extension role (13,4%). Based correlation analysis showed that the correlation between exogenous variable have a positive and significant correlation ($r_{12} = 0,580$; $r_{13} = 0,703$; and $r_{23} = 0,427$). Based on the research result, that mastery level of technology, institutional support, and agricultural extension role had a causal correlation against the adoption level of livestock-crop integration.

Key words: livestock-crop integration, technology, adoption, institutional, agricultural extension

PENDAHULUAN

Sistem integrasi ternak-tanaman merupakan salah satu model usahatani yang dapat mendukung pembangunan pertanian di perdesaan. Karakteristik integrasi ternak-tanaman yaitu adanya keterkaitan yang saling menguntungkan antara tanaman dengan ternak. Model ini menempatkan ternak untuk dipelihara secara terintegrasi secara vertikal maupun horizontal pada usaha pertanian, perkebunan, atau kehutanan yang membentuk simbiosis mutualisme. Menurut Diwyanto *et al.* (2004), pola integrasi ternak-tanaman menerapkan prinsip *Low External Input For Sustainable Agriculture* (LEISA), sehingga akan mewujudkan “zero waste” dan bahkan mendekati “zero cost”.

Sistem integrasi ternak-tanaman perlu diterapkan dengan pendekatan konsep teknologi yang mengintegrasikan ternak dan tanaman secara vertikal dan horizontal. Integrasi secara vertikal dilakukan secara menyeluruh, mulai dari hulu sampai hilir meliputi kesiapan teknologi budidaya, input modal, tenaga kerja sampai pascapanen. Konsep integrasi secara horizontal mengintegrasikan lebih dari satu komoditas atau cabang usahatani. Oleh karena itu, untuk meningkatkan pendapatan petani, maka integrasi ternak-tanaman dilakukan secara vertikal dan horizontal yang bersifat spesifik lokasi supaya teknologi tersebut secara teknis dan ekonomis menguntungkan, diterima pengguna, dan sesuai dengan kebijakan pemerintah. Menurut Gunawan dan Sulastiyah (2010), penerapan teknologi integrasi dengan spesifik lokasi merupakan strategi penting dalam meningkatkan kesejahteraan petani di perdesaan.

Teknologi integrasi ternak-tanaman spesifik lokasi dapat memanfaatkan sumberdaya dan input yang ada di lokasi setempat secara optimal. Contoh model integrasi ternak-tanaman yang banyak dilakukan petani yaitu budidaya tanaman pangan (padi) dengan ternak ruminansia (sapi, domba, kambing). Dalam hal ini, limbah tanaman padi dimanfaatkan untuk pakan dan kotoran ternak untuk pupuk. Nurcholih dan Supangkat (2011) menyatakan bahwa sistem pertanian terpadu dapat meningkatkan kemampuan petani dalam memproduksi pupuk organik dan membudayakan pertanian organik. Sinergi antara tanaman dan ternak membutuhkan inovasi teknologi untuk dapat mengarah pada peningkatan produktivitas yang tinggi, keamanan produksi serta konservasi sumberdaya spesifik lokasi. Oleh karena itu dibutuhkan pengembangan teknologi yang aplikatif dan mudah diterapkan petani.

Kinerja pengembangan suatu teknologi dikatakan baik jika teknologi yang didiseminasikan langsung diadopsi petani. Suatu teknologi akan diadopsi petani jika memiliki dampak positif bagi petani, baik manfaat langsung (peningkatan produktivitas dan pendapatan) maupun manfaat tidak langsung (penguasaan teknologi, informasi dan organisasi kelompok). Petani adopter dapat berasal dari petani yang merupakan anggota kelompok tani sasaran maupun petani non anggota di sekitar lokasi kelompok tani.

Tingkat adopsi petani terhadap teknologi integrasi ternak-tanaman perlu didukung oleh kelembagaan yang kuat yaitu lembaga sosial masyarakat, lembaga agroinput, lembaga keuangan, lembaga pemasaran, dan lembaga penyuluhan (Fagi dan Kartaatmadja, 2004). Kelompok tani merupakan kelembagaan yang dapat memperkuat posisi petani dalam berhubungan dengan lembaga lain seperti lembaga agroinput dan lembaga pemasaran. Oleh karena itu petani membutuhkan kelembagaan kelompok tani untuk mempermudah mengadopsi teknologi integrasi ternak-tanaman, baik secara vertikal maupun horizontal. Keberadaan kelompok tani tidak hanya sebagai kelas belajar bagi petani tetapi juga menjadi media dalam mempermudah anggota mengakses kelembagaan yang berhubungan dengan usahatannya, sekaligus sebagai wahana diseminasi inovasi teknologi spesifik lokasi.

Diseminasi atau penyebarluasan teknologi integrasi ternak-tanaman memerlukan peran penyuluh pertanian dalam mendukung transfer teknologi kepada petani dalam kelompok tani. Transfer teknologi melalui peran penyuluh akan mempermudah proses adopsi dan penerapan teknologi spesifik lokasi pada tingkat petani. Dalam melakukan pendampingan pada petani, penyuluh memiliki peran dalam persiapan penyuluhan, pelaksanaan penyuluhan, evaluasi dan pelaporan serta pengembangan penyuluhan pertanian. Hal tersebut sesuai dengan pendapat Suwandi (2006) bahwa kegiatan penyuluhan terbagi dalam tiga bagian utama, yakni penyusunan program, pelaksanaan program, dan evaluasi program penyuluhan.

Penyuluh memiliki peran penting dalam proses diseminasi teknologi integrasi ternak-tanaman. Penyuluh dapat melakukan sosialisasi dan diseminasi teknologi integrasi ternak-tanaman dengan memberdayakan petani sebagai pelaku utama dan pelaku usaha dengan melibatkan kelembagaan kelompok tani. Meningkatnya adopsi integrasi ternak-tanaman dengan dukungan kelembagaan dan penyuluh pertanian akan mendorong peningkatan kesejahteraan petani, pertumbuhan ekonomi daerah dan ketahanan pangan. Berdasarkan hal tersebut diperlukan alat analisis untuk mengetahui hubungan kausal antara tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

Penelitian hubungan kausal antar variabel yang diuji dapat menggunakan analisis path, yang merupakan pengembangan dari model regresi yang digunakan untuk menguji bentuk hubungan sebab akibat atau kausal dari beberapa variabel dan kesesuaian model yang digunakan. Analisis path mengakomodasi analisis korelasi antara dua peubah dan analisis pengaruh suatu peubah bebas X terhadap peubah bebas Y. Analisis path dapat digunakan untuk menduga pengaruh langsung dan tidak langsung variabel eksogen terhadap variabel endogen.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan kausal antara tingkat teknologi, dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

BAHAN DAN METODE

Metode Penelitian

Penelitian dilaksanakan di Desa Vokasi Sadangkulon Kecamatan Sadang, Kabupaten Kebumen, Jawa Tengah pada 15 Februari sampai 31 Maret 2013. Lokasi penelitian dipilih secara sengaja (*purposive sampling*) dengan kriteria: (1) Desa Sadangkulon merupakan desa vokasi pengembangan ternak ruminansia; (2) sebagian besar peternak ruminansia (kambing dan sapi) juga mengembangkan tanaman pangan; (3) terdapat kelompok tani aktif yang mengembangkan integrasi pertanian-peternakan; (4) petani peternak Desa Vokasi Sadangkulon sudah mulai mengembangkan integrasi antara sektor pertanian dengan subsektor peternakan.

Metode penelitian bersifat penelitian deskriptif dengan desain studi kasus tunggal terpancang (Yin, 1996). Pengambilan sampel kelompok tani ternak dilakukan dengan metode sensus, selanjutnya pada masing-masing kelompok tani ternak dipilih 50% sebagai responden (sudah menerapkan integrasi ternak-tanaman) dengan metode pengambilan sampel *simple random sampling*, sehingga secara keseluruhan penelitian ini menggunakan 31 responden.

Data yang diperoleh dalam penelitian ini terdiri dari data primer dan sekunder. Data primer diperoleh dari hasil pengamatan dan wawancara langsung dengan responden mengenai karakteristik dari variabel-variabel penelitian yang digunakan. Data sekunder diperoleh dari instansi terkait, yaitu Badan Pusat Statistik (BPS) dan Satuan Kerja Perangkat Daerah (SKPD) terkait di Kabupaten Kebumen.

Metode Analisis

Model statistik yang digunakan adalah analisis path dengan rumus umum:

$$Y = \rho_{YX_1}X_1 + \rho_{YX_2}X_2 + \rho_{YX_3}X_3 + \rho_{Y\epsilon_1}$$

Dimana:

- Y = Variabel dependen (endogen)
- X₁₋₃ = Variabel independen (eksogen)
- ρ_{YX_1} = Koefisien jalur dari variabel X₁ terhadap Y
- ρ_{YX_2} = Koefisien jalur dari variabel X₂ terhadap Y
- ρ_{YX_3} = Koefisien jalur dari variabel X₃ terhadap Y
- $\rho_{Y\epsilon_1}$ = Koefisien jalur dari variabel ϵ_1 terhadap Y
- ϵ_1 = Variabel luar pertama atau variabel lain selain X yang mempengaruhi Y

Analisis path merupakan pengembangan dari analisis regresi yang dapat digunakan untuk mengestimasi koefisien beberapa persamaan struktural linier yang mempunyai hubungan sebab akibat (Sarwono, 2007). Analisis path digunakan untuk mengukur hubungan kausal antara variabel tingkat teknologi (X₁), dukungan kelembagaan (X₂) dan peran penyuluh pertanian (X₃) terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman (Y) secara langsung dan tidak langsung.

Untuk mengetahui hubungan antara variabel tingkat teknologi, dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian digunakan analisis korelasi Pearson dan pengaruh variabel bebas (X_{1...X₃}) terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman (Y) diketahui melalui analisis regresi dengan asumsi semua data ordinal telah ditransformasi menjadi data interval menggunakan *Method of Successive Interval* (MSI). Menurut Harun (1993), data skala ordinal dapat diubah menjadi skala interval menggunakan *Method of Successive Interval* sebagai syarat dalam analisis *multivariate*. Hal ini juga sesuai dengan Monica *et al.* (2013), bahwa apabila dipunyai data berskala ordinal maka ukuran/skala data masih bisa ditransformasikan ke dalam skala interval, salah satunya adalah *Method of Successive Interval* (MSI).

Data ordinal yang akan dianalisis menggunakan *Method of Successive Interval* harus memenuhi syarat validitas dan reliabilitas. Validitas menunjukkan sejauh mana ketepatan dan kecermatan suatu alat ukur dalam melakukan fungsi ukurnya. Uji validitas dapat menggunakan teknik korelasi *product moment* (Sugiyono, 2003). Uji reliabilitas bertujuan untuk mengetahui apakah kuesioner dapat diterima dan dipahami oleh responden atau tidak (Azwar, 2003).

Salah satu komponen penting dalam analisis path adalah diagram path (Sarwono, 2007). Diagram path digunakan untuk menginterpretasikan hubungan kausal antar variabel ke dalam bentuk gambar, sehingga mudah terbaca. Diagram path pada penelitian ini tersaji pada Gambar 1.

Koefisien path menyatakan besarnya pengaruh langsung dari variabel eksogen terhadap variabel endogen. Hipotesis statistik dari penelitian ini, yaitu:

H₀: $\rho_{YX_1} = \rho_{YX_2} = \rho_{YX_3} = 0$, artinya tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh tidak berkontribusi secara simultan dan signifikan terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

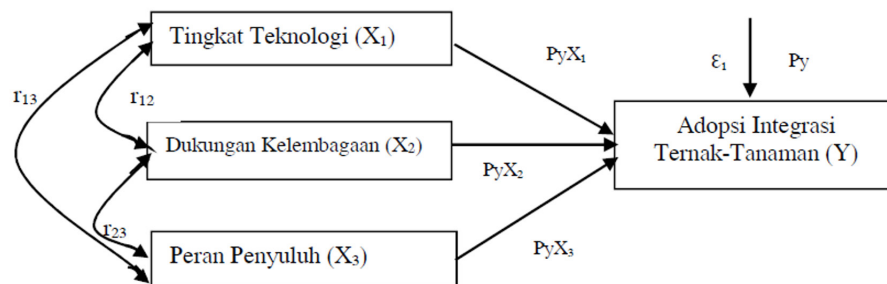
H_a: $\rho_{YX_1} = \rho_{YX_2} = \rho_{YX_3} \neq 0$, artinya tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh berkontribusi secara simultan dan signifikan terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaan Petani Adopter Integrasi Ternak-Tanaman

Tingkat pendidikan petani adopter rata-rata termasuk rendah, hanya Sekolah Dasar (SD) sebesar 58,06%. Menurut Indraningsih (2011), tingkat pendidikan seseorang berpengaruh terhadap perilaku dan pola pikir, terutama dalam mengatasi permasalahan usaha dan adopsi teknologi.

Petani adopter di lokasi penelitian sebagian besar (58,06%) berumur 25 sampai 50 tahun. Hal ini menunjukkan bahwa petani peternak di lokasi penelitian berada pada kisaran umur produktif. Menurut Irawan (2011), umur produktif berkisar antara 18 sampai 60 tahun.



Gambar 1. Diagram path hubungan kausal antara tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman

Hasil penelitian menunjukkan tingkat kepemilikan lahan oleh petani adopter adalah 67,7%, termasuk kategori sempit. Tingkat kepemilikan ternak 64,5%, masuk kategori rendah. Menurut Kusnadi (2008) tingkat kepemilikan ternak ruminansia besar masyarakat Indonesia rata-rata relatif rendah.

Sebanyak 54,8% petani memiliki pengalaman bertani dan beternak dengan kategori tinggi, hanya 22,6% yang pengalamannya termasuk kategori rendah. Pengalaman petani peternak akan memudahkan dalam merencanakan usahanya menjadi lebih menguntungkan sekaligus memotivasi untuk selalu berusaha mencari inovasi yang baru.

Hasil Analisis Instrumen Penelitian

Analisis path dalam penelitian ini didahului dengan analisis peningkatan skala data dari skala ordinal menjadi skala interval sebagai syarat untuk dilakukannya analisis *multivariate*. Peningkatan skala data dari ordinal ke interval dilakukan untuk setiap item per variabel data primer yang diperoleh dengan menggunakan analisis *Method of Successive Interval*.

Data primer yang diperoleh dalam penelitian ini telah memenuhi syarat uji validitas dan uji reliabilitas dari instrumen kuesioner yang digunakan. Berdasarkan hasil uji validitas diketahui semua *item* pertanyaan dalam instrumen penelitian memiliki nilai korelasi > 0,374 dan signifikansi < 0,05 yang menunjukkan instrumen tersebut valid. Hasil uji reliabilitas menunjukkan nilai *alpha cronbach* > dari nilai *r* tabel (α , 29), sehingga instrumen tersebut reliabel atau dapat dipahami oleh responden.

Dalam analisis *Method of Successive Interval* perlu memperhatikan tahapan-tahapan yang harus dilakukan. Menurut Harun (1993), tahapan dalam *Method of Successive Interval* terdiri dari: (1) menentukan frekuensi setiap respon; (2) menentukan proporsi setiap respon dengan membagi frekuensi dengan jumlah sampel; (3) menjumlahkan proporsi secara berurutan untuk setiap respon sehingga diperoleh proporsi kumulatif; (4) menentukan *Z* untuk masing-masing proporsi kumulatif yang dianggap menyebar mengikuti sebaran normal baku; (5) menghitung *scale value* (SV) masing-masing respon; dan (6) mengubah *scale value* (SV) terkecil menjadi sama dengan satu (1) dan mentransformasikan masing-masing skala menurut perubahan skala terkecil sehingga diperoleh *transformed scale value* (TSV).

Berdasarkan hasil analisis *Method of Successive Interval* diperoleh informasi bahwa variabel eksogen X_1 , X_2 , dan X_3 serta variabel endogen (Y) yang setelah dilakukan tabulasi data merupakan data dalam skala ordinal. Setelah dilakukan analisis peningkatan skala data menjadi skala data interval, maka data tersebut dapat digunakan untuk analisis lebih lanjut yang membutuhkan syarat-syarat minimal data harus dalam skala rasio atau interval. Menurut Lawendatu *et al.* (2014), penggunaan analisis regresi terapan perlu memenuhi syarat bahwa data harus terdistribusi normal yang dapat dipenuhi dari skala data interval.

Hasil Analisis Korelasi Antar Variabel Eksogen

Analisis korelasi antar variabel eksogen menggunakan analisis korelasi Pearson, karena data variabel eksogen yang terdiri dari tingkat teknologi, dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian jenis datanya sudah ditingkatkan menjadi skala data interval menggunakan *Method of Successive Interval* (MSI). Hasil analisis korelasi dapat dilihat pada Tabel 1.

Nilai korelasi antara variabel eksogen tingkat teknologi dan dukungan kelembagaan (r_{12}) adalah 0,580. Artinya, tingkat teknologi memiliki hubungan yang cukup erat, positif dan sangat nyata dengan dukungan kelembagaan. Pada lokasi penelitian ini, jika dilakukan peningkatan peran dukungan kelembagaan, maka tingkat teknologi petani akan mengalami peningkatan. Hasil penelitian Saridewi dan Siregar (2010) menunjukkan penggunaan analisis korelasi dapat diketahui hubungan antara peran penyuluh dan tingkat adopsi petani.

Nilai korelasi antara variabel eksogen tingkat teknologi dengan peran penyuluh pertanian (r_{13}) adalah 0,703. Artinya tingkat teknologi memiliki hubungan yang erat, positif dan sangat nyata dengan peran penyuluh pertanian. Keberadaan penyuluh pertanian memiliki peran dan hubungan dengan tingkat teknologi petani. Semakin banyak dan semakin produktif penyuluh semakin membantu peningkatan adopsi teknologi oleh petani.

Nilai korelasi antara variabel eksogen dukungan kelembagaan dan peran penyuluh pertanian (r_{23}) adalah 0,427 yang berarti bahwa kelembagaan memiliki hubungan yang cukup erat, positif, dan nyata dengan peran penyuluh pertanian. Penyuluh pertanian yang didukung oleh kelembagaan yang baik, misalnya keaktifan kelompok tani, akan semakin mempermudah

Tabel 1. Hasil Analisis Korelasi antar Variabel Eksogen

Variabel Eksogen		Tingkat Teknologi	Dukungan Kelembagaan	Peran Penyuluh Pertanian
Tingkat Teknologi	Korelasi	-	0,580**	0,703**
	Signifikansi	-	0,001	0,000
Dukungan Kelembagaan	Korelasi	0,580**	-	0,427*
	Signifikansi	0,001	-	0,017
Peran Penyuluh Pertanian	Korelasi	0,703**	0,427*	-
	Signifikansi	0,000	0,017	-

Keterangan: ** (*highly significant*) dan * (*significant*)

Sumber: Data Primer diolah (2013)

peningkatan adopsi petani terhadap teknologi yang diberikan. Menurut Indraningsih (2011), penyuluhan dan kelembagaan memiliki peran dalam pengambilan keputusan petani dalam adopsi usahatani terpadu.

Tingkat teknologi dalam penelitian ini meliputi aspek perbibitan, pengelolaan pakan, perkandangan, pengelolaan reproduksi, dan pemeliharaan kesehatan ternak pada bidang peternakan. Pada bidang pertanian meliputi aspek bibit, penanaman, pemupukan, pengendalian hama, dan pengendalian gulma. Penerapan teknologi dalam pengolahan limbah pertanian dan peternakan di lokasi penelitian sudah mulai dilakukan dengan pendekatan *zero waste* atau konsep LEISA. Menurut Gunawan dan Sulastiyah (2010); Diwyanto *et al.* (2004), sistem integrasi yang menerapkan LEISA akan mewujudkan sistem integrasi yang mendekati *zero waste*. Dukungan kelembagaan meliputi media kerjasama antar petani, unit usahatani, keaktifan kelompok, wadah proses pembelajaran kelompok, media kerja sama antar kelompok, dan dukungan pemerintah.

Hasil Analisis Regresi Variabel Eksogen terhadap Variabel Endogen

Analisis variabel eksogen terhadap variabel endogen menggunakan analisis regresi linier berganda. Berdasarkan hasil analisis regresi linier berganda diperoleh nilai koefisien determinasi (R^2) sebesar 0,725. Artinya tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman 72,5% dipengaruhi oleh tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian, sedangkan sisanya 27,5% dipengaruhi oleh variabel lain di luar model penelitian ini. Penelitian Sinaga (2004) menunjukkan tingkat adopsi teknologi dipengaruhi oleh tingkat penerimaan petani dan perbedaan waktu antar petani adopter yang terbagi dalam kelompok *innovator*, *early adopter*, *early majority*, *late majority*, dan *laggard*.

Hasil analisis regresi variabel eksogen terhadap variabel endogen ditunjukkan pada data ANOVA yang disajikan pada Tabel 2.

Berdasarkan analisis ragam (ANOVA), diketahui nilai F dari hasil perhitungan sebesar 23,716 dengan signifikansi probabilitas kesalahan 0,000. Hasil probabilitas kesalahan yang nilainya lebih kecil dari α 0,05 menunjukkan hipotesis statistik H_a diterima atau H_0 ditolak. Artinya, variabel eksogen yang terdiri dari

variabel tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluhan pertanian secara bersama-sama (simultan) berpengaruh nyata terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

Hasil analisis tersebut menunjukkan adanya peningkatan teknologi dengan mengintegrasikan antara ternak dan tanaman yang aplikatif bagi petani dengan bantuan penyuluh pertanian dalam suatu wadah kelompok tani yang secara bersama-sama berdampak terhadap peningkatan adopsi integrasi ternak-tanaman. Semakin meningkat adopsi petani terhadap teknologi semakin berdampak terhadap peningkatan produktivitas. Hal ini didukung oleh hasil penelitian Saridewi dan Siregar (2010), yang menunjukkan penyuluhan dan tingkat adopsi teknologi memberikan kontribusi sebesar 16,6% terhadap peningkatan produktivitas padi.

Hasil analisis regresi dapat memberikan informasi ada tidaknya pengaruh variabel eksogen secara individual (parsial) terhadap variabel endogen. Pengaruh variabel eksogen secara parsial yang mempengaruhi variabel endogen dianalisis menggunakan uji t sesuai dengan hasil koefisien regresi yang disajikan pada Tabel 3.

Variabel eksogen tingkat teknologi ($\rho_{YX1} = 0,405$) dengan nilai uji t 0,216 memiliki signifikansi probabilitas kesalahan 0,015 lebih kecil dari α 0,05. Artinya tingkat teknologi memiliki pengaruh yang nyata secara individual/parsial terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Tingkat teknologi aplikatif dalam integrasi ternak-tanaman perlu diketahui dan dikuasai petani, agar dapat mengadopsi teknologi tersebut. Petani di lokasi penelitian secara umum telah menguasai teknologi usahatani padi, namun penerapan teknologi pengolahan limbah ternak belum optimal. Oleh karena itu diperlukan dukungan penyuluh dan kelompok tani dalam mentransfer teknologi aplikatif guna meningkatkan penguasaan teknologi oleh petani. Menurut Abdullah *et al.* (2012), petani peternak di Kabupaten Pinrang Sulawesi Selatan memiliki pengetahuan teknologi pengolahan limbah yang belum optimal, dimana penguasaan teknologi biogas 28,8%, teknologi pupuk cair 30,6%, dan teknologi pupuk kompos 46,9%.

Variabel eksogen dukungan kelembagaan ($\rho_{YX2} = 0,217$) meskipun secara simultan memiliki pengaruh yang nyata, jika dianalisis secara individual/parsial, dukungan kelembagaan tidak memiliki pengaruh yang nyata terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman

dengan nilai probabilitas kesalahan 0,088, lebih besar dari α 0,05 dengan nilai uji t 1,772. Namun, dukungan kelembagaan memiliki pengaruh yang nyata terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman secara parsial pada probabilitas kesalahan 10% (α 0,10). Hal ini bahwa dukungan kelembagaan perlu disinergikan dengan kegiatan penyuluhan pertanian untuk memotivasi petani agar lebih berperan aktif dalam kelembagaan petani. Menurut Anantanyu (2011), upaya peningkatan dukungan kelembagaan melalui partisipasi petani dalam kelembagaan dilakukan secara bertahap diantaranya melalui penyadaran petani, pengorganisasian, dan pematapan kelembagaan.

Variabel eksogen peran penyuluh pertanian ($\rho_{YX3} = 0,366$) secara individual/parsial terhadap variabel endogen tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman memiliki pengaruh yang nyata. Hal ini ditunjukkan oleh nilai probabilitas kesalahan 0,017, lebih kecil dari α 0,05 dengan nilai uji t 2,535. Dalam menjalankan program peningkatan kesejahteraan petani diperlukan peran penyuluh untuk mengomunikasikan pesan tertentu atau perkembangan teknologi aplikatif untuk ditransformasikan kepada petani. Peningkatan peran penyuluh akan memberikan dampak positif bagi peningkatan petani adopter. Menurut Rasyid (2012), metode penyuluhan yang efektif pada petani di Balai Informasi Penyuluhan (BIP) yaitu menggunakan pendekatan perorangan, kelompok, dan massal. Terkait peran penyuluh pertanian, lebih lanjut Husnah dan Kallo (2010), menyatakan adopsi teknologi penggemukan sapi menggerakkan kegiatan *Farmer Managed-Extension Activites* (FMA) sebanyak 75%, dengan melibatkan kelembagaan kelompok tani dan petugas penyuluh pertanian sebagai pendamping petani.

Interpretasi Hasil Analisis Path

Berdasarkan struktur analisis path $Y = \rho_{YX1}X_1 + \rho_{YX2}X_2 + \rho_{YX3}X_3 + \rho_{Y\epsilon_1}$, diperoleh nilai koefisien variabel

eksogen X_1 0,405; koefisien variabel eksogen X_2 sebesar 0,217; dan variabel eksogen X_3 0,366. Nilai koefisien variabel endogen adalah 0,524 dengan perhitungan rumus: $\rho_{Y\epsilon} = \sqrt{1 - R^2_{y,x_1,x_2}}$, sehingga struktur model analisis path dalam penelitian ini dapat dituliskan menjadi: $Y = 0,405X_1 + 0,217X_2 + 0,366X_3 + 0,524\epsilon_1$.

Berdasarkan hasil analisis path, kontribusi tingkat teknologi (X_1) yang secara langsung mempengaruhi tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman adalah 0,164. Hal ini menunjukkan tingkat teknologi petani dalam integrasi ternak-tanaman mempengaruhi secara langsung tingkat adopsi dalam penerapan integrasi ternak-tanaman sebesar 16,4%. Dalam upaya peningkatan produktivitas, teknologi yang aplikatif bagi petani dalam integrasi ternak-tanaman dapat diberikan sesuai dengan spesifik lokasi supaya tingkat adopsi menjadi lebih tinggi. Tingkat adopsi petani terhadap teknologi integrasi ternak-tanaman diharapkan minimal setara dengan yang dianjurkan pemerintah. Zakaria (2010) menyatakan bahwa meskipun usahatani kedelai di Kabupaten Garut telah layak dikembangkan, namun tingkat penerapan teknologinya masih di bawah yang dianjurkan pemerintah.

Dukungan kelembagaan (X_2) memiliki kontribusi langsung terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman sebesar 0,047. Artinya, dukungan kelembagaan mempengaruhi langsung tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman sebesar 4,7%. Semakin banyak petani yang mengadopsi integrasi ternak-tanaman dengan dukungan kelembagaan maka secara tidak langsung mampu mengubah pola pikir petani untuk berupaya meningkatkan produktivitas. Menurut Cahyono (2012), peran dan efektivitas lembaga petani di Desa Andongsari dipengaruhi oleh usia lembaga dan sikap petani dalam menerima perubahan. Semakin terbuka petani dalam menerima inovasi baru semakin memudahkan lembaga petani berperan secara efektif.

Peran penyuluh pertanian (X_3) memiliki pengaruh langsung terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman sebesar 0,134. Hal ini berarti tingkat adopsi

Tabel 2. ANOVA

Model	Jumlah kuadrat (JK)	Derajat bebas (DB)	Kuadrat tengah (KT)	F Hitung	Sig.
Regression	21,502	3	7,167	23,716	0,000
Residual	8,160	27	0,302		
Total	29,662	30			

Sumber: Data Primer diolah (2013)

Tabel 3. Koefisien regresi

Model	Koefisien	Std. Error	T hitung	Sig.
(Constant)	0,079	0,365	0,216	0,831
Tingkat teknologi integrasi (X_1)	0,405	0,156	2,598	0,015
Dukungan kelembagaan (X_2)	0,217	0,123	1,772	0,088
Peran penyuluh pertanian (X_3)	0,366	0,145	2,535	0,017

Sumber: Data Primer diolah (2013)

integrasi ternak-tanaman sebesar 13,4% dipengaruhi secara langsung oleh peran penyuluh pertanian. Peran penyuluh pertanian dalam meningkatkan adopsi petani membutuhkan dukungan kelembagaan, terutama kelompok tani. Kelompok tani dengan didampingi oleh penyuluh pertanian berperan sebagai media belajar usahatani, berorganisasi, melatih kerjasama, dan pengembangan unit produksi usahatani. Menurut Nuryanti dan Swastika (2011), potensi yang mempercepat dan memperkuat adopsi teknologi secara berkelanjutan adalah jumlah anggota dan luas lahan, kepatuhan terhadap kesepakatan kelompok, pemahaman terhadap pencapaian tujuan bersama, kesamaan persepsi, dan lembaga pembiayaan yang dapat diakses lembaga tani.

Dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian selain memiliki pengaruh langsung terhadap variabel endogen tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Antara variabel eksogen tersebut juga memiliki korelasi yang saling timbal balik. Merujuk pada struktur dalam diagram path (Gambar 1), maka dalam penelitian ini hanya dapat diamati pengaruh langsung dari variabel eksogen terhadap variabel endogen. Menurut Sudaryono (2011), analisis path efektif digunakan dalam menjawab permasalahan penelitian hubungan kausalitas antara variabel eksogen dan endogen. Berdasarkan hasil penelitian ini, diperlukan penguatan pada tingkat teknologi, kelembagaan petani, dan penyuluh pertanian dalam pengembangan integrasi ternak-tanaman pada petani.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Integrasi ternak-tanaman merupakan model usahatani yang menerapkan sinergi antara usahatani dan ternak yang saling menguntungkan untuk meningkatkan produktivitas. Adopsi petani terhadap integrasi ternak-tanaman dapat diukur dari tingkat teknologi yang diterapkan, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian.

Kontribusi tingkat teknologi, dukungan kelembagaan, dan peran penyuluh pertanian secara simultan memiliki pengaruh yang nyata terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Peningkatan penguasaan teknologi aplikatif oleh petani, dukungan kelembagaan petani yang didampingi oleh penyuluh pertanian mampu meningkatkan adopsi integrasi ternak-tanaman. Tingkat teknologi memiliki korelasi yang cukup erat, positif, dan sangat nyata dengan dukungan kelembagaan dan erat, positif dan sangat nyata dengan peran penyuluh pertanian. Dukungan kelembagaan memiliki hubungan yang cukup erat, positif dan nyata dengan peran penyuluh pertanian sehingga sinergi antara penyuluh dan kelembagaan petani diperlukan dalam meningkatkan transfer teknologi pada petani.

Tingkat teknologi memiliki kontribusi langsung yang paling tinggi terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman. Dukungan kelembagaan memiliki kontribusi langsung yang lebih rendah dibandingkan dengan tingkat

teknologi dan peran penyuluh pertanian terhadap tingkat adopsi integrasi ternak-tanaman.

Saran

Diperlukan penguatan introduksi teknologi spesifik lokasi yang aplikatif dan dapat diterapkan sesuai dengan kebutuhan petani. Peran kelompok tani perlu ditingkatkan, terutama sebagai tempat belajar oleh petani, media kerjasama, peningkatan usahatani, dan pencapaian tujuan bersama dengan didukung peran aktif penyuluh pertanian dalam mendampingi petani dan kelompok tani dalam mengadopsi integrasi ternak-tanaman sebagai upaya peningkatan produktivitas usahatani.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdullah, A., M. Aminawar, A.H. Hoddi, H.M. Ali dan J.A. Syamsu. 2012. Identifikasi kapasitas peternak dalam adopsi teknologi untuk pengembangan sapi potong yang terintegrasi dengan padi. Prosiding Seminar Nasional Peternakan Berkelanjutan IV Inovasi Agribisnis Peternakan untuk Ketahanan Pangan. Fakultas Peternakan Universitas Padjajaran 12 September 2012. Bandung. Hlm. 341 – 347.
- Anantanyu, S. 2011. Kelembagaan petani: peran dan strategi pengembangan kapasitasnya. *Jurnal Sosial Ekonomi Petanian dan Agribisnis (SEPA)* 7 (2): 102 – 109.
- Azwar, S. 2003. Reliabilitas dan Validitas. Pustaka Pelajar, Yogyakarta.
- Cahyono, S. 2012. Peran kelembagaan petani dalam mendukung keberlanjutan pertanian sebagai basis pengembangan ekonomi lokal (studi kasus: kelembagaan petani di desa andongsari kecamatan ambulu kabupaten jember. Tesis. Institut Teknologi Bandung, Bandung.
- Diwyanto, K., D. Sitompul, I. Manti, I.W. Mathius dan Soentoro. 2004. Pengkajian pengembangan usaha sistem integrasi kelapa sawit-sapi. Prosiding Lokakarya Nasional Sistem Integrasi Kelapa Sawit-Sapi. Bengkulu, 9-10 September 2003. Pusat Penelitian dan Pengembangan Peternakan bekerjasama dengan Pemerintah Provinsi Bengkulu dan PT. Agriconal. Hlm. 11 – 22.
- Fagi, A.M. dan S. Kartaatmadja. 2004. Dinamika kelembagaan sistem usaha tani tanaman-ternak dan diseminasi teknologi. Prosiding Seminar Sistem Kelembagaan Usaha Tani Tanaman-Ternak. Jakarta: Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian. Hlm. 226 – 241.
- Gunawan dan A. Sulastiyah. 2010. Pengembangan usaha peternakan sapi melalui pola integrasi tanaman ternak dan pembangunan kawasan peternakan. *Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian* 6 (2): 157 – 168.
- Harun, A. 1993. Teknik Penarikan Sampel dan Penyusunan Skala. Tesis. Program Pasca Sarjana Universitas Padjadjaran, Bandung.

- Husnah, N. dan R. Kallo. 2010. Studi Adopsi dan Dampak Diseminasi Teknologi Penggemukan Sapi Mendukung Farmer Managed-Extension Activities (FMA) di Sulawesi Selatan. BPTP Sulawesi Selatan. Kementerian Pertanian. Hlm. 1 – 31.
- Indraningsih, K.S. 2011. Pengaruh penyuluhan terhadap keputusan petani dalam adopsi inovasi teknologi usahatani terpadu. *Jurnal Agro Ekonomi* 29 (1): 1 – 24.
- Irawan, E. 2011. Prospek partisipasi petani dalam program pembangunan hutan rakyat untuk mitigasi perubahan iklim di Wonosobo. *Jurnal Ekonomi Pembangunan* 12 (1): 67 – 76.
- Kusnadi, U. 2008. Inovasi teknologi peternakan dalam sistem integrasi tanaman-ternak untuk menunjang swasembada daging sapi. *Pengembangan Inovasi Pertanian* 1 (3): 189 – 205.
- Lawendatu, J.R., J.S. Kekenusa dan D. Hatidja. 2014. Regresi linier berganda untuk menganalisis pendapatan petani pala. *Jurnal de Cartesian* 3 (1): 66 – 72.
- Monica, N., D.A. Nohe, dan Sifriyani. 2013. Analisis chi-square dan transformasi data ordinal ke data interval menggunakan method of successive interval (MSI). *Jurnal Eksponensial* 4 (2): 89 – 94.
- Nurcholis, M. dan G. Supangkat. 2011. Pengembangan Integrated Farming System untuk Pengendalian Alih Fungsi Lahan Pertanian. Prosiding Seminar Nasional Budidaya Pertanian “Urgensi dan Strategi Pengendalian Alih Fungsi Lahan Pertanian”. Fakultas Pertanian Universitas Bengkulu 7 Juli 2011. Hlm. 71 – 84.
- Nuryanti, S. dan D.K.S. Swastika. 2011. Peran kelompok tani dalam penerapan teknologi pertanian. *Forum Penelitian Agro Ekonomi* 29 (2): 115 – 128.
- Rasyid, A. 2012. Metode komunikasi penyuluhan pada petani sawah. *Jurnal Ilmu Komunikasi* 1 (1): 31 – 35.
- Saridewi, T.R. dan A.R. Siregar. 2010. Hubungan antara peran penyuluh dan adopsi teknologi oleh petani terhadap peningkatan produksi padi di kabupaten tasikmalaya. *Jurnal Penyuluhan Pertanian* 5 (1): 55 – 61.
- Sarwono, J. 2007. Analisis Jalur untuk Riset Bisnis dengan SPSS. Penerbit Andi, Yogyakarta.
- Sinaga, A.H. 2004. Peranan waktu dalam adopsi teknologi pada kegiatan penyuluhan pertanian. *Jurnal Penelitian Bidang Ilmu Pertanian* 2 (1): 25 – 28.
- Sudaryono. 2011. Aplikasi analisis (path analysis) berdasarkan urutan penempatan variabel dalam penelitian. *Jurnal Pendidikan dan Kebudayaan* 17 (4): 391 – 403.
- Sugiyono. 2003. Statistik Non Parametrik Untuk Penelitian. Alfabeta, Bandung.
- Suwandi. 2006. Penyuluhan Partisipatif. Cekza Blog, Bogor.
- Yin, R. 1996. Studi Kasus: Desain dan Metode. PT Raja Grafindo Persada, Jakarta.
- Zakaria, A.K. 2010. Dampak penerapan teknologi usahatani kedelai di agrosistem lahan kering terhadap pendapatan petani. *Agrika* 4 (2): 67 – 78.