

APLIKASI GGE BILOT UNTUK EVALUASI STABILITAS DAN ADAPTASI GENOTIPA-GENOTIPA DENGAN DATA PERCOBAAN LINGKUNGAN GANDA

Application of GGE Biplot for Stability and Adaptation Evaluation of Genotypes with Multi-environment Trials Data

E. Jambormias dan J. Riry

Program Studi Agronomi Jurusan Budidaya Pertanian Fakultas Pertanian
Universitas Pattimura Ambon

ABSTRACT

Jambormias, E dan J. Riry. 2008. Application of GGE Biplot for Stability and Adaptation Evaluation of Genotypes with Multi Environment Trials Data. *Jurnal Budidaya Pertanian* 4: 84-93.

Evaluation of stability, local adaptation and specific adaptation of genotypes on specific environment from a Multi-environment Trials (MET) Data become more difficult when there is a genotype-by-environment interaction. GGE Biplot display offers a better solution to evaluate such a tendency, especially to show mega-environment differences; stability, local adaptation and location-specific adaptation and to evaluate the trial environment whether a mega-environment is representative as a suitable environment to plant production. The research data were soybean (*Glycine max* L. Merrill) yield data from a computer simulation from a trial location. The data structured were a 7×7 factorial of experiment (genotype factor with seven number genotypes and environment factor with seven number locations) with three replication which were nested in seven locations, and one location was assumed as a specific environment (marginal environment). Genotypes were coded as $G_1, G_2, G_3, G_4, G_5, G_6, G_7$, and environment were coded as $L_1, L_2, L_3, L_4, L_5, L_6, L_7$. Data analysis was initiated by singular value decomposition (SVD) of the genotype \times environment cross tabulation data. The Singular value and principal component scores was used to generate a biplot curve between the first principal component (PC_1) and the second principal component (PC_2). The results of the data analysis showed: 1) there were three different mega-environments; 2) one genotype (G_5) was agronomically stable; 3) two genotypes (G_1 and G_6) showed local adaptation at each mega-environment; 4) one genotype (G_6) showed a specific adaptation to a specific environment; and 5) two locations that was suitable for increasing plant yield so that the mega-environment that contained these locations represented a trial environment that was suitable to increasing plant yield.

Key words: GGE Biplot, stability, local adaptation, specific location, MET data

PENDAHULUAN

Percobaan lokasi ganda (*multilocation*) merupakan percobaan yang sering digunakan dalam penelitian pemuliaan tanaman untuk

menilai keragaan beberapa galur harapan dari suatu gugus galur harapan sebelum dilepas sebagai varietas unggul baru. Dalam bentuk yang lebih umum, evaluasi dapat dilakukan terhadap galur harapan, varietas introduksi,

varietas unggul yang telah ada, dan lain-lain., dan secara singkat disebut sebagai genotipa. Data yang dihasilkan merupakan data percobaan lingkungan ganda (*multi-environment trials*, MET). Gugus genotipa (G) tersebut dicobakan pada beberapa lokasi (lingkungan, E) berbeda, termasuk pada lingkungan marginal yang bersifat spesifik lokasi. Evaluasi menjadi sulit apabila terdapat interaksi antara genotipa \times lingkungan (*genotype-by-environment interaction*, GEI).

GEI disebabkan oleh respons diferensial genotipa-genotipa terhadap peubah lingkungan (Kang *et al.*, 2002). Dalam konteks ini, GEI dapat didefinisikan sebagai perilaku perubahan keragaan dari genotipa-genotipa pada keadaan lingkungan berbeda. Genotipa-genotipa dengan keragaan relatif terbaik pada semua lokasi dapat diseleksi sebagai genotipa-genotipa yang berpenampilan stabil (*stability of genotypes*). Konsep stabilitas meliputi dua pengertian yaitu stabilitas statis dan dinamis (Kang *et al.*, 2002), atau dalam pengertian pemuliaan tanaman, lebih dikenal sebagai stabilitas biologis dan stabilitas agronomis (Romagosa & Fox, 1993). Stabilitas statis atau biologis menyatakan keragaan suatu genotipa yang relatif sama dari suatu lokasi ke lokasi lainnya (*homestatis*). Dalam prakteknya genotipa yang stabil biologis sering memiliki keragaan rata-rata yang rendah. Sedangkan stabilitas dinamis atau agronomis menyatakan keragaan rata-rata suatu genotipa pada semua lokasi. Selain itu, percobaan lokasi ganda juga dapat mempertahankan adaptasi suatu genotipa pada suatu lingkungan. Genotipa dengan keragaan terbaik pada suatu lokasi tertentu diseleksi sebagai genotipa yang memiliki adaptasi lokal (*local adaptation of genotype*). Sedangkan apabila lokasi itu merupakan suatu lingkungan spesifik (lingkungan marginal seperti kekeringan, pH rendah, naungan, tergenang, kawasan pantai, salinitas, dll.), maka genotipa dengan keragaan terbaik pada lokasi tersebut diseleksi sebagai genotipa yang memiliki adaptasi spesifik lokasi terhadap lingkungan spesifik yang marginal.

Analisis stabilitas dan adaptasi diawali dengan seleksi *mega-environment* dan diakhiri dengan evaluasi pengujian lingkungan. Mega-

environment merupakan gugus lokasi (lingkungan) yang memiliki kesamaan dari aspek kemampuannya untuk mendukung produksi beberapa genotipa suatu spesies tanaman secara serempak. Sedangkan evaluasi pengujian lingkungan merupakan prosedur untuk menentukan mega-environment representatif yang mendukung produksi tanaman.

Berbagai metode statistik telah dikembangkan untuk menilai keragaan genotipa-genotipa pada lingkungan berbeda, yang oleh Flores *et al.* (1998) dikategorikan atas metode parametrik univariat, non-parametrik univariat, dan multivariat. Salah satunya yang berkebang pesat akhir-akhir ini adalah peragaan grafis *Genotype and Genotype by Environment Interaction Biplot* (GGE Biplot) (Yan & Hunt, 2002).

Berbagai bentuk peragaan biplot dapat dihasilkan yang bertalian dengan interaksi genotipa \times lingkungan, diantaranya visualisasi keragaan genotipa-genotipa pada suatu lingkungan tertentu, visualisasi adaptasi relatif suatu genotipa pada lingkungan berbeda, visualisasi perbandingan dua genotipa pada lingkungan berbeda, visualisasi yang mengidentifikasi genotipa terbaik pada setiap lingkungan, visualisasi gugus lingkungan untuk genotipa(-genotipa) tertentu, visualisasi keragaan rata-rata dan stabilitas genotipa, dan visualisasi kemampuan diskriminasi dan representasi lingkungan (Yan & Hunt, 2002). Secara umum, peragaan grafis dapat digunakan untuk menentukan perbedaan mega-environment diantara lokasi-lokasi, evaluasi genotipa yang stabil atau beradaptasi pada lingkungan tertentu, dan evaluasi lingkungan pengujian untuk menilai apakah suatu mega-environment representatif sebagai lingkungan yang sesuai (Yan *et al.*, 2007).

Tulisan ini bertujuan menggunakan peragaan grafis GGE Biplot menurut Yan & Hunt (2002) untuk: 1) menentukan perbedaan mega-environment untuk produksi tanaman; 2) mengevaluasi genotipa-genotipa yang memiliki stabilitas, adaptasi lokal genotipa(-genotipa) pada suatu atau beberapa lingkungan, dan adaptasi spesifik lokasi genotipa(-genotipa) pada lingkungan spesifik (termasuk stabilitas

pada lingkungan spesifik); dan 3) mengevaluasi lingkungan pengujian untuk menilai apakah suatu mega-environment representatif sebagai lingkungan yang sesuai untuk produksi tanaman.

BAHAN DAN METODE

Bahan

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data produksi kedelai (*Glycine max* L. Merrill) (gram per tanaman) dari tujuh famili terbaik hasil seleksi silsilah berbasis informasi kekerabatan pada Generasi Seleksi F6 hasil persilangan varietas Slamet × Nakhonsawan (Jambormias, 2004). Data yang dianalisis terdiri dari satu gugus data asal pada satu lokasi (dikoreksi 30% dari data sebenarnya) dengan tujuh genotipa (tiga ulangan berdasarkan hasil simulasi komputer dengan program Minitab 15.2), lima gugus data hasil simulasi komputer pada lingkungan optimal (5 lokasi), dan satu gugus data hasil simulasi komputer pada lingkungan marginal (1 lokasi). Simulasi ulangan dalam lokasi berdasarkan ragam intra-tetua, simulasi perbedaan antar genotipa berdasarkan ragam genotipa inter- Famili F6, dan simulasi perbedaan antar lingkungan menggunakan ragam intra-famili F6 (Jambormias *et al.*, 2007). Struktur data bangkitan diasumsikan sebagai hasil dari percobaan faktorial 7 × 7 (faktor genotipa berukuran tujuh genotipa dan faktor lingkungan berukuran tujuh lokasi) dengan tiga ulangan yang tersarang dalam tujuh lokasi.

Genotipa kedelai yang diuji pada penelitian ini antara lain Nomor Famili SN158-29-31-11-11 (G₁), SN250-4-64-14-22 (G₂), SN125-17-10-12-9 (G₃), SN250-48-46-10-11 (G₄), SN359-2-13-8-11 (G₅), SN158-29-36-7-4 (G₆) dan SN353-38-69-16-23 (G₇). Sedangkan lingkungannya dikodekan sebagai lokasi-lokasi L₁, L₂, L₃, L₄, L₅, L₆, dan L₇, dimana L₃ merupakan lokasi yang diasumsikan sebagai lingkungan marginal (spesifik lokasi), dan lokasi lainnya merupakan lingkungan optimal.

Metode Analisis

Tahapan analisis dalam penelitian ini adalah: 1) pengujian kehomogenan ragam galat percobaan menggunakan Uji Bartlett (Minitab Inc., 2006); 2) pengujian kenormalan terhadap sisaan model analisis ragam menggunakan Uji Anderson-Darling (Minitab Inc., 2006); 3) anova klasik menggunakan model:

$$y_{ijk} = \mu + R_{k(i)} + G_i + E_j + (GE)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

untuk $i = 1, 2, \dots, 7$, $j = 1, 2, \dots, 7$ dan $r = 1, 2, 3$, dimana: y_{ijk} = nilai amatan produksi biji pada genotipa ke- i , lokasi ke- j dan ulangan ke- k , μ = rata-rata umum, $R_{k(i)}$ = pengaruh ulangan ke- k yang tersarang dalam lokasi ke- j , G_i = pengaruh genotipa ke- i , E_j = pengaruh lokasi ke- j , $(GE)_{ij}$ = pengaruh interaksi genotipa ke- i dan lokasi ke- j , dan ε_{ijk} = galat percobaan; dan 4) analisis dan peragaan biplot sesuai model biplot (GGEbiplot Inc., 2007).

Tabulasi silang dua arah dari rata-rata kombinasi genotipa × lokasi mengkonstruksi data MET untuk analisis GGE Biplot yang dituliskan sebagai matriks **Y**. Yan & Hunt (2002) mengemukakan model biplot untuk data MET sebagai berikut:

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

dimana: y_{ij} = rata-rata produksi dari genotipa ke- i di lokasi ke- j , \bar{y}_j = rata-rata produksi seluruh genotipa di lokasi ke- j ; λ_1 dan λ_2 = nilai singular untuk komponen utama pertama (PC₁) dan komponen utama kedua (PC₂), ξ_{i1} dan ξ_{i2} = skor PC₁ dan PC₂ untuk genotipa ke- i , η_{j1} dan η_{j2} = skor PC₁ dan PC₂ untuk lokasi ke- j , dan ε_{ij} = nilai sisaan dari model yang berhubungan dengan genotipa ke- i dan lokasi ke- j . Nilai singular untuk setiap komponen ini diperoleh dari ‘penguraian nilai singular’ (*singular value decomposition*) matriks **Y**.

Guna memperagakan PC₁ dan PC₂ di kurva biplot, persamaan untuk model di atas dituliskan kembali menjadi:

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \xi_{i1}^* \eta_{j1}^* + \xi_{i2}^* \eta_{j2}^* + \varepsilon_{ij}$$

dimana: $\xi_{in}^* = \frac{\lambda_n^{\frac{1}{2}} \xi_{in}}{\lambda_n^{\frac{1}{2}} \xi_{in}}$ dan $\eta_{jn}^* = \frac{\lambda_n^{\frac{1}{2}} \eta_{jn}}{\lambda_n^{\frac{1}{2}} \eta_{jn}}$, dengan $n = 1, 2$. Persamaan ini dapat mereduksi dimensi data berukuran n menjadi berdimensi 2, tetapi menurunkan informasi yang terkandung dalam biplot. Untuk mengukur besarnya kontribusi PC₁ dan PC₂ terhadap informasi total yang diperoleh, Gabriel (1971) mengemukakan suatu ukuran aproksimasi:

$$\rho_2 = (\lambda_1 + \lambda_2) / \sum \lambda_i$$

dimana: λ_1 = nilai singular atau akar ciri terbesar pertama; λ_2 = akar ciri terbesar kedua; dan λ_i = akar ciri PC₁, PC₂, ..., PC_n.

Jika ρ_2 semakin mendekati nilai 1, berarti biplot memberikan peragaan yang semakin baik mengenai informasi-informasi yang terdapat pada data sebenarnya. Biplot yang mampu memberikan informasi 0,70 dari seluruh informasi sudah dianggap cukup.

Tahap akhir dari analisis biplot adalah peragaan grafis dalam ruang berdimensi dua antara skor PC₁ dan skor PC₂ untuk masing-masing genotipa dan lingkungan. Plot genotipa dan plot lingkungan kemudian ditumpang-tindihkan menjadi suatu kurva biplot.

Interpretasi Biplot

Interpretasi grafis biplot bergantung pada kedekatan antar obyek, panjang vektor sebagai ukuran keragaman, dan sudut antar vektor sebagai ukuran hubungan (korelasi). Dalam penelitian ini, interpretasi suatu biplot diawali dengan menentukan perbedaan mega-environment, dimana genotipa-genotipa yang terletak jauh dari titik asal biplot dihubungkan dengan garis lurus penghubung membentuk suatu *polygon* atau *vertex hull* (kulit terluar), dan genotipa-genotipa ini disebut genotipa vertex (*vertex genotypes*). Kemudian suatu garis tegak lurus terhadap garis koneksi vertex hull digambarkan mulai dari titik asal biplot untuk setiap vertex hull, membagi biplot ke dalam sektor-sektor atau kuadran-kuadran, dimana setiap kuadran mempunyai genotipa vertex. Genotipa vertex untuk setiap kuadran merupakan genotipa dengan hasil tertinggi

untuk lokasi-lokasi yang berada dalam kuadran itu. Lokasi-lokasi yang berada pada kuadran yang sama merupakan suatu gugus lingkungan yang menyusun suatu mega-environment dengan gugus lingkungan lain yang terletak pada kuadran-kuadran berbeda (Yan & Hunt, 2002).

Stabilitas suatu genotipa dinilai berdasarkan jarak proyeksi masing-masing genotipa terhadap ‘sumbu rata-rata lingkungan’, yang mirip dengan ‘indeks lingkungan’ dalam pendekatan regresi menurut Finlay & Wilkinson (1963) dan Eberhart & Russell (1966). Sumbu rata-rata lingkungan ditentukan dengan cara menarik suatu garis lurus melalui titik asal biplot dan suatu ‘rata-rata lingkungan’. Rata-rata lingkungan menggunakan ‘skor rata-rata lingkungan’ PC₁ dan PC₂ dari semua lingkungan. Genotipa-genotipa dengan jarak vektor yang relatif kecil terhadap titik asal biplot dan jarak proyeksi yang relatif kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan merupakan genotipa yang stabil biologis, sedangkan genotipa-genotipa dengan jarak proyeksi yang relatif kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan dan searah dengan rata-rata lingkungan merupakan genotipa yang stabil agronomis.

Adaptasi lokal suatu genotipa dinilai berdasarkan kedudukan suatu lokasi dalam mega-environment. Genotipa vertex merupakan genotipa terbaik pada lokasi-lokasi yang ada dalam mega-environment. Genotipa-genotipa yang ada dalam kuadran merupakan genotipa-genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada lokasi-lokasi yang sama di dalam mega-environment. Namun genotipa vertex merupakan genotipa dengan adaptasi lokal terbaik.

Adaptasi spesifik lokasi suatu genotipa dinilai berdasarkan kedudukan suatu genotipa terhadap ‘sumbu lingkungan spesifik’. Sumbu ini merupakan suatu garis lurus yang ditarik melalui titik asal dan lokasi spesifik. Proyeksi genotipa yang jatuh pada sumbu lingkungan spesifik dan searah dengan lokasi spesifik merupakan genotipa yang beradaptasi spesifik dengan lingkungan spesifik itu. Sedangkan genotipa dengan panjang proyeksi yang relatif kecil terhadap sumbu lingkungan spesifik

merupakan genotipa yang stabil keragaannya pada lokasi spesifik. Semakin dekat suatu genotipa dengan titik asal pada sumbu lingkungan spesifik, maka genotipa itu cenderung stabil biologis pada lingkungan spesifik. Sedangkan semakin jauh titik asal kearah lokasi spesifik pada sumbu lingkungan spesifik, maka genotipa itu cenderung stabil agronomis pada lingkungan spesifik.

Evaluasi kesesuaian lingkungan pengujian dinilai berdasarkan korelasi antara vektor masing-masing lingkungan dengan sumbu rata-rata lingkungan. Vektor-vektor yang berkorelasi adalah vektor dengan sudut paling kecil antar vektor. Lingkungan yang sesuai untuk peningkatan produksi adalah vektor lokasi yang berkorelasi dengan sumbu rata-rata lingkungan, yaitu vektor lokasi dengan sudut yang kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan (Yan *et al.*, 2007).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Ragam

Hasil pengujian kehomogenan ragam galat dan kenormalan sisaan model masing-masing memperlihatkan Statistik uji Bartlett sebesar 50,83 dengan nilai-P 0,363 dan statistik uji Anderson-Darling sebesar 0,394 dengan nilai-P 0,37. Hasil analisis ini mengindikasikan bahwa asumsi kehomogenan

ragam galat dan kenormalan data sesuai model analisis ragam yang digunakan terpenuhi.

Hasil analisis ragam (Tabel 1) memperlihatkan adanya pengaruh genotipa, lingkungan dan interaksi antara genotipa × lingkungan terhadap produksi kedelai. Adanya pengaruh interaksi genotipa × lingkungan mengindikasikan adanya genotipa-genotipa yang menunjukkan keragaan berbeda dari suatu lokasi ke lokasi lainnya, sehingga memerlukan analisis lanjutan untuk menjelaskan pengaruh interaksi tersebut.

Biplot Genotipa dan Lingkungan

Hasil analisis biplot memunculkan enam PC, dimana PC₁ dan PC₂ masing-masing memiliki keragaman (nilai singular) yang cukup besar, yaitu 44,92 dan 26,10 (Tabel 2). PC₁ dan PC₂ masing-masing memberikan kontribusi keragaman sebesar 68,8% dan 23,2%, atau secara kumulatif sebesar 92%. Artinya bahwa PC₁ dan PC₂ telah dapat menjelaskan keragaman data asli sebesar 92%, suatu nilai yang lebih tinggi dari angka toleransi 70%.

Skor PC₁ dan skor PC₂, yang merupakan sumbu-sumbu biplot, memperlihatkan adanya keragaman nilai-nilai skor yang besar, baik dalam PC₁ maupun PC₂ (Tabel 3). Nilai-nilai skor ini selanjutnya digunakan untuk mengkonstruksi kurva biplot.

Tabel 1. Analisis ragam data Produksi kedelai (g tanaman⁻¹)

Sumber	Derajat bebas	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F	Nilai-P
Ulangan (Lingkungan)	14	611,85	43,70	1,70	0,071
Genotipa	6	5604,60	934,10	36,32	0,000
Lingkungan	6	2772,90	462,15	17,97	0,000
Genotipa × Lingkungan	36	3194,01	88,72	3,45	0,000
Galat	84	2160,29	25,72		
Total	146	14.343,66			

Ket.: Nilai-P > 0,05 = tn (tidak nyata); 0,01 < Nilai-P < 0,05 = * (nyata); dan Nilai-P < 0,01 = ** (sangat nyata)

Tabel 2. Analisis keragaman komponen utama Biplot Genotipa dan Lokasi

Komponen Utama	Nilai Singular	Kontribusi Keragaman (%)	Kontribusi Keragaman Kumulatif (%)
PC ₁	44,92	68,8	68,8
PC ₂	26,10	23,2	92,0
PC ₃	12,04	4,9	96,9
PC ₄	7,73	2,0	98,9
PC ₅	5,36	1,0	99,9
PC ₆	0,55	0,1	100,0

Tabel 3. Skor PC₁ dan PC₂ Biplot Genotipa dan Lokasi

Genotipa	PC ₁	PC ₂	Lingkungan	PC ₁	PC ₂
G ₁	3.144	0.818	L ₁	3.680	-1.366
G ₂	-1.954	2.244	L ₂	1.820	2.295
G ₃	-3.152	-2.339	L ₃	1.181	2.643
G ₄	-1.583	2.794	L ₄	2.256	1.125
G ₅	3.351	-1.539	L ₅	2.120	0.769
G ₆	-0.666	-3.751	L ₆	3.407	-0.888
G ₇	0.859	1.773	L ₇	3.588	-0.953

Mega-environment Lokasi-lokasi

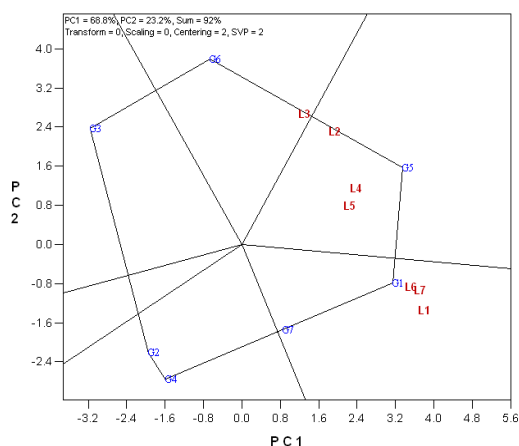
Peragaan biplot memperlihatkan genotipa-genotipa vertex dalam peragaan biplot adalah G₁, G₂, G₃, G₄, G₅ dan G₆, dan masing-masing genotipa ini dihubungkan dengan garis koneksi. Suatu garis lurus dimulai dari titik asal biplot terlihat memotong tegak lurus garis koneksi pada setiap sisi, dan membagi biplot ke dalam enam kuadran atau sektor, dimana setiap sektor mempunyai genotipa vertex. Hasilnya adalah terbentuk enam sektor (Gambar 1). Tiga sektor mengandung lokasi(-lokasi), dan tiga sektor sisanya tidak mengandung lokasi(-lokasi). Sektor-sektor yang mengandung lokasi(-lokasi) masing-masing merupakan mega-environment.

Terdapat tiga mega-environment yang menunjukkan perbedaan, yaitu lingkungan dengan lokasi-lokasi L₁, L₆ dan L₇, sesuai untuk mendukung produksi genotipa-genotipa G₁ dan G₇; lingkungan dengan lokasi-lokasi L₂, L₄ dan L₅, sesuai untuk mendukung produksi genotipa G₅; dan lingkungan dengan lokasi tunggal L₃, sesuai untuk mendukung produksi genotipa G₆. Genotipa G₂, G₄ dan G₃ berada di

luar ketiga lingkungan, sehingga ketiga genotipa ini tergolong tidak dapat berproduksi dengan baik pada ketiga mega-environment. Selain itu, karena L₃ merupakan lokasi spesifik, maka mega-environment yang mengandung hanya lokasi L₃ merupakan suatu lingkungan spesifik.

Stabilitas Genotipa-genotipa

Rata-rata lingkungan PC₁ dan PC₂ masing-masing jatuh pada koordinat 2,579 dan 0,518. Garis linier melalui titik asal biplot dan rata-rata lingkungan menghasilkan sumbu rata-rata lingkungan. Peragaan sumbu rata-rata lingkungan dalam biplot, menghasilkan suatu garis linier yang berintersepsi dengan sumbu PC₂ pada ordinat -1,5, terdapat tanda panah di tengah dan sebuah oval di depan tanda panah itu (Gambar 2). Oval di depan tanda panah merupakan posisi rata-rata lingkungan.

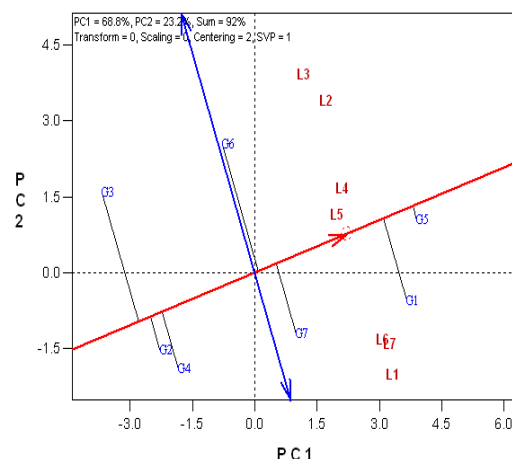


Gambar 1. Peragaan biplot yang menampilkan perbedaan mega-environment

Genotipa-genotipa dengan jarak vektor yang relatif kecil terhadap titik asal biplot dan jarak proyeksi yang relatif kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan merupakan genotipa yang stabil biologis. Penilaian vektor-vektor genotipa di sekitar titik asal yang cenderung stabil (biologis) karena vektor-vektor ini mempunyai interaksi yang kecil (Wibawa *et al.*, 1997). Hasil peragaan biplot memperlihatkan tidak ada genotipa-genotipa yang stabil biologis, karena semua genotipa memiliki jarak yang besar terhadap titik asal.

Di lain pihak, proyeksi masing-masing genotipa pada sumbu rata-rata lingkungan memperlihatkan urutan keragaan masing-masing genotipa itu adalah $G_3 < G_2 < G_4 < G_6 < G_7 < G_1 < G_5$. Terlihat bahwa genotipa G_5 dan G_1 merupakan genotipa-genotipa yang tergolong keragaannya paling baik. Namun instabilitas genotipa G_1 lebih besar pada setiap perubahan lingkungan bila dibandingkan dengan genotipa G_5 yang cenderung lebih stabil. Genotipa G_5 juga memiliki produksi yang lebih tinggi dari genotipa lainnya karena merupakan genotipa dengan proyeksi pada sumbu rata-rata lingkungan yang searah dengan rata-rata lingkungan dan terletak paling jauh dari titik asal. Oleh sebab itu genotipa G_5 , karena memiliki kriteria stabilitas agronomis dan berproduksi paling tinggi, maka genotipa ini lebih layak untuk dikembangkan pada semua lokasi karena memiliki adaptasi paling

luas. Bila merupakan galur harapan, maka genotipa G_5 memenuhi persyaratan untuk dapat dilepas sebagai varietas unggul yang baru.



Gambar 2. Ragaan biplot yang menampilkan stabilitas genotipa-genotipa, dengan garis panah linier sebagai 'sumbu rata-rata lingkungan' dan suatu oval di depan panah sebagai 'rata-rata lingkungan'

Adaptasi Genotipa-genotipa

Penilaian adaptasi genotipa-genotipa dikategorikan atas adaptasi lokal dan adaptasi spesifik lokasi. Penilaian adaptasi lokal berdasarkan kedudukan suatu genotipa dalam mega-environment. Dalam hal ini, genotipa-genotipa yang ada dalam suatu sektor merupakan genotipa-genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada lokasi-lokasi yang sama di dalam mega-environment. Karena genotipa vertex merupakan genotipa terbaik pada lokasi-lokasi yang ada dalam suatu sektor yang sama, maka setiap genotipa vertex juga merupakan genotipa dengan adaptasi lokal terbaik pada masing-masing mega-environment. Genotipa-genotipa ini juga merupakan genotipa terbaik pada masing-masing lokasi yang ada dalam mega-environment.

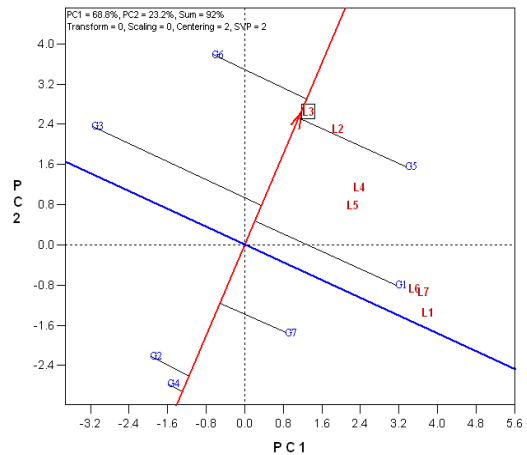
Peragaan biplot memperlihatkan genotipa G_5 tergolong genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada mega-environment yang mengandung lokasi-lokasi L_2 , L_4 dan L_5 ,

genotipa G_1 dan G_7 pada mega-environment yang mengandung lokasi-lokasi L_1 , L_6 dan L_7 , dan genotipa G_6 pada mega-environment yang mengandung lokasi L_3 (Gambar 1). Genotipa G_5 , G_1 dan G_6 merupakan genotipa-genotipa vertex dalam masing-masing mega-environment, sehingga merupakan genotipa terbaik pada lokasi-lokasi yang berada pada masing-masing mega-environment itu. Namun demikian, karena genotipa G_5 , merupakan genotipa yang stabil agronomis, maka genotipa ini tidak dapat digolongkan sebagai genotipa dengan adaptasi lokal. Oleh sebab itu, genotipa G_1 dan G_6 merupakan genotipa-genotipa yang beradaptasi lokal pada setiap lokasi dalam lingkungannya masing-masing. Genotipa G_1 merupakan genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada lokasi L_1 , L_6 dan L_7 , sedangkan G_6 merupakan genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada L_3 .

Adaptasi spesifik lokasi suatu genotipa berkaitan dengan kemampuan suatu genotipa untuk menunjukkan keragaannya pada lingkungan spesifik. Kespesifikan suatu lingkungan berkaitan dengan kekhasan dari lokasi dalam lingkungan itu. Genotipa dengan adaptasi spesifik lokasi adalah genotipa yang menunjukkan keragaan terbaik pada lingkungan spesifik itu.

Hasil peragaan biplot memperlihatkan sumbu lingkungan spesifik merupakan garis linier dengan ‘tanda panah’ yang cenderung vertikal, dengan lokasi L_3 ada dalam suatu persegi (Gambar 3). Proyeksi masing-masing genotipa pada sumbu lingkungan spesifik memperlihatkan genotipa $G_4 < G_2 < G_7 < G_1 < G_3 < G_5 < G_6$, dimana G_6 merupakan genotipa dengan adaptasi spesifik pada lokasi L_3 yang diasumsikan merupakan lingkungan spesifik, diikuti genotipa G_5 . Kedua genotipa ini berada pada sisi dimana lokasi L_3 berada. Namun dengan panjang proyeksi yang lebih pendek dan produksi yang lebih baik dari genotipa G_6 terhadap G_5 , maka stabilitas genotipa G_6 lebih tinggi pada lokasi L_3 . Oleh sebab itu, genotipa G_6 merupakan genotipa yang memiliki adaptasi spesifik lokasi pada lingkungan spesifik bila dibandingkan dengan genotipa G_5 . Walaupun demikian, genotipa G_5 sebagai genotipa yang

stabil agronomis, masih dapat berproduksi dengan baik pada lokasi L_3 .

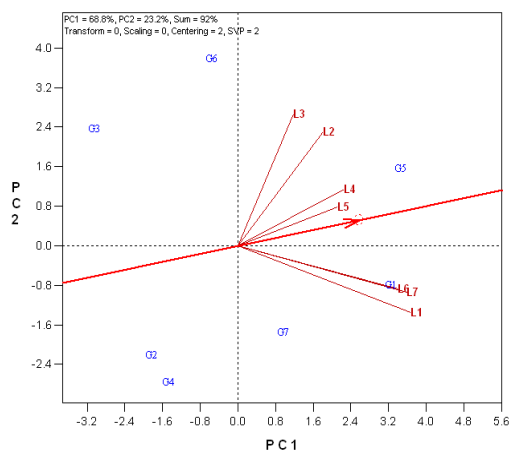


Gambar 3. Ragaan biplot yang menampilkan adaptasi spesifik lokasi genotipa G_6 pada lokasi spesifik L_3

Genotipa G_4 dan G_2 juga merupakan genotipa yang stabil pada lokasi L_3 , namun karena proyeksinya jatuh pada sisi yang berlawanan dengan letak lokasi L_3 , maka kedua genotipa ini memiliki produktivitas yang rendah dan tidak dapat dikategorikan sebagai genotipa yang beradaptasi pada lingkungan spesifik.

Evaluasi Kesesuaian Lingkungan Pengujian

Kesesuaian lingkungan bertalian dengan pemilihan lokasi-lokasi yang merupakan lingkungan yang sesuai untuk peningkatan produksi tanaman. Hasil peragaan biplot menunjukkan bahwa lokasi L_5 dan L_4 merupakan lokasi-lokasi yang memiliki sudut paling kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan (Gambar 4), sehingga kedua lokasi ini merupakan lokasi-lokasi yang berkorelasi dengan sumbu rata-rata lingkungan. Kedua lokasi merupakan lingkungan pengujian yang sesuai untuk meningkatkan produksi tanaman. Ciri utama lokasi-lokasi yang merupakan lingkungan yang sesuai adalah instabilitas genotipa-genotipa dalam lokasi-lokasi itu relatif rendah.



Gambar 4. Ragaan biplot yang menampilkan korelasi antar lokasi, termasuk dengan sumbu rata-rata lokasi

Lokasi L2, walaupun menunjukkan sudut yang besar terhadap sumbu rata-rata lingkungan, namun karena merupakan satu mega-environment dengan L5 dan L4, maka lokasi L2 dapat dianggap cenderung sama dengan kedua lokasi ini. Dalam hal ini, mega-environment yang mengandung ketiga lokasi ini merupakan lingkungan pengujian yang representatif sebagai lingkungan yang sesuai untuk meningkatkan produksi tanaman.

KESIMPULAN

1. Terdapat tiga perbedaan mega-environment, masing-masing adalah: lingkungan dengan lokasi-lokasi L₁, L₆ dan L₇ yang sesuai untuk mendukung produksi genotipa-genotipa G₁ dan G₇; lingkungan dengan lokasi-lokasi L₂, L₄ dan L₅ hanya sesuai untuk mendukung produksi genotipa G₅; dan lingkungan dengan lokasi tunggal L₃ yang hanya sesuai untuk mendukung produksi genotipa G₆.
2. Tidak terdapat satupun genotipa yang masuk dalam kategori genotipa yang stabil biologis.
3. Terdapat hanya satu genotipa, yaitu genotipa G₅, yang tergolong stabil agronomis.
4. Genotipa G₁ merupakan genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada lokasi-lokasi

L₁, L₆ dan L₇, sedangkan genotipa G₆ merupakan genotipa yang memiliki adaptasi lokal pada lokasi L₃.

5. Genotipa L₆ merupakan genotipa yang beradaptasi spesifik pada lingkungan spesifik L₃.
6. Lokasi L₄ dan L₅ merupakan lokasi pengujian yang sesuai untuk meningkatkan produksi tanaman.
7. Mega-environment yang mengandung lokasi L₄ dan L₅ merupakan lingkungan pengujian yang representatif sebagai lingkungan yang sesuai untuk meningkatkan produksi tanaman.

DAFTAR PUSTAKA

- Finlay, K.W. & G.M. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in plant breeding programme. *Aust. J. Agric. Res.* 14:742-57.
- Flores, F., M.T. Moreno & J.I. Cubero. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G × E interaction. *Field Crops Research* 56:271-286.
- Eberhart, S.A. & W.L. Russel. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.* 6:36-40.
- Gabriel, K.R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58:453-467.
- Jambormias, E. 2004. Seleksi Produksi Biji dan Ukuran Biji Kedelai (*Glycine max* L. Merrill) Generasi Seleksi F₅ dan F₆ Persilangan Varietas Slamet × Nakhonsawan. [Tesis]. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.
- Jambormias, E., S.H. Sutjahjo, M. Jusuf & Suharsono. 2007. Keragaman dan keragaman genetik sifat-sifat kuantitatif kedelai (*Glycine max* L. Merrill) pada generasi seleksi F₆ persilangan Varietas Slamet × Nakhonsawan. *Buletin Agronomi* 35(3):168-175.

- GGEbiplot. 2007. GGEbiplot Pattern Analysis Help. Copyright Weikan Yan 2001-2007, Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Ottawa, Canada.
- Kang, M.S. 2002. Genotype-environment interaction: Progress and Prospects. *In*: M.S. Kang (eds.). Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding. CAB International Publishing, Walingford, Oxon, UK, p. 221-243.
- Minitab Inc. 2006. Minitab Reference Manual. Minitab Inc. New York.
- Romagosa, I & P.N. Fox. 1993. Genotype \times environment interaction and adaptation. *In*: M.D. Hayward, N.O. Bosemark & I. Romagosa (eds.). Plant Breeding. Principles and Prospects. Chapman & Hall, London, p. 373-390.
- Wibawa, G.N.A., Erfiani & Aunuddin. 1997. Penggunaan metode AMMI pada uji daya hasil padi. *Forum Statistika dan Komputasi* 2(2):9-17.
- Yan, W. & L.A. Hunt. 2002. Biplot analysis of multi-environment Trial Data. *In*: M.S. Kang (eds.). Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding. CABI Publishing, Walingford, Oxon, UK, p. 289-303.
- Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods & P.L. Cornelius. 2007. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment data. *Crop. Sci.* 47:643-655.