

PERAGAAN GRAFIS GGE-BIPLLOT UNTUK EVALUASI KERAGAAN GENOTIPE-GENOTIPE DAN PERUBAHAN LINGKUNGAN BERCEKAMAN DI PULAU-PULAU KECIL

Describing of GGE-Biplot Graphics to Evaluate Genotypes Performance and Changes of Environmental Stress in Small Islands

Edizon Jambormias

Program Studi Agroekoteknologi, Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Pattimura, Ambon e-mail: edy_jambormias@yahoo.com

ABSTRACT

Evaluation of stability, local adaptation and specific adaptation of genotypes from a Multi-environment Trials (MET) data become more difficult when there is a genotype-by-environment interaction (GEI). GGE Biplot display offers a better solution to evaluate such a tendency, especially to show mega-environment differences included stress mega-environment; biologically and agronomically stability, local adaptation and environment-specific adaptation and to evaluate the trial environment whether a mega-environment is representative as a suitable environment and possibility of degradation of an optimum environment to stress environment in small islands. Data analysis was initiated by singular value decomposition (SVD) of the genotypes \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 will be showed: 1) there were the different of mega-environments included stress mega-environment, 2) The genotype(s) that agronomically and biologically stable, 3) The genotype(s) showed local adaptation at each mega-environment, 4) The genotype(s) showed specific adaptation to a stress environment, and 5) Environment that was suitable for increasing plant yield so that the mega-environment the contained these environments represented a trial environment, included possibility of degradation of an optimum environment to stress environment.

Keywords: GGE biplot, stability, local adaptation, specific adaptation, MET data

PENDAHULUAN

Pemanasan global menjadi momok yang luar biasa saat ini. Gejala yang timbul sebagai aktivitas utama manusia ini berpotensi menghancurkan kehidupan yang ada di Bumi. Terjadi perubahan ekologis yang luar biasa, termasuk dampaknya pada tanaman pertanian, yang ditandai dengan munculnya lingkungan bercekaman sebagai habitat baru tanaman pertanian. Pada lingkungan bercekaman seperti ini, secara fisiologis, tanaman pertanian mengalami cekaman lingkungan dan mengalami perubahan pola adaptasi, baik biotik maupun abiotik (Mittler 2006, Schulze *et al.* 2002). Cekaman tidak terjadi secara tunggal tetapi dapat melibatkan kombinasi cekaman, dimana kekeringan, salinitas dan peningkatan temperatur merupakan penyebab utama (Mittler 2006).

Pulau-pulau kecil yang cenderung rentan (*vulnerable*) merupakan ekosistem yang tergolong paling besar menerima dampak perubahan iklim akibat pemanasan global. Perubahan adaptasi tanaman berlangsung sangat cepat dan memerlukan metode evaluasi yang tepat untuk menilai stabilitas dan adaptasi tanaman terhadap

lingkungannya. Pulau-pulau kecil pada saat ini, maupun pada situasi perubahan iklim, memiliki keragaman ekologis dengan kondisi lingkungan marginal yang spesifik untuk setiap pulau. Kondisi lingkungan marginal seperti ini lebih banyak didominasi oleh lahan-lahan kering ketika musim panas, banjir dalam periode yang singkat, munculnya tanah-tanah salin akibat intrusi air laut ke darat, dan perubahan virulensi dan epidemi berbagai jenis serangga dan mikroorganisme. Oleh sebab itu, pendekatan perbaikan tanaman khususnya pada pulau-pulau kecil, selain berfokus pada perbaikan genetik, juga harus memperhatikan respons berbagai bahan genetik tanaman terhadap perubahan lingkungan.

Percobaan lingkungan ganda (*multi-environment trials*, MET) merupakan percobaan yang sering digunakan dalam penelitian pemuliaan tanaman untuk mengevaluasi keragaman berbagai genotipe sebelum dilepas sebagai varietas unggul baru yang dilakukan pada lingkungan ganda (Jambormias dan Riry 2009). Dalam hal ini, gugus genotipe (G) dicobakan pada beberapa lingkungan (E) berbeda. Data yang dihasilkan merupakan data percobaan lingkungan ganda (Data MET). Evaluasi menjadi sulit apabila terdapat interaksi antara genotipe \times lingkungan (*genotype-by-environment interaction*, GEI), khususnya di pulau-pulau kecil dengan keragaman lingkungan antar pulau yang besar.

GEI disebabkan oleh respons diferensial genotipe-genotipe terhadap perubahan lingkungan (Kang *et al.* 2002). Dalam konteks ini, GEI dapat didefinisikan sebagai perilaku perubahan keragaman dari genotipe-genotipe pada keadaan lingkungan berbeda (Jambormias dan Riry 2009). GEI terjadi ketika terdapat perbedaan respons varietas atau genotipe pada lingkungan berbeda, dan dapat dideteksi melalui suatu prosedur statistik (Yan dan Kang 2003). Genotipe-genotipe dengan keragaman relatif terbaik pada semua lingkungan dapat diseleksi sebagai genotipe-genotipe yang memiliki adaptasi luas atau 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 (Becker 1981; Romagosa dan Fox 1993). Stabilitas statis atau biologis menyatakan keragaman suatu genotipe yang relatif sama dari suatu lingkungan ke lingkungan lainnya (*homeostatis*) (Jambormias dan Riry 2009). Genotipe-genotipe seperti ini tidak menunjukkan respons terhadap perubahan lingkungan (Yan dan Kang 2003). Namun genotipe yang stabil biologis sering memiliki keragaman rata-rata yang rendah, sedangkan stabilitas dinamis atau agronomis menyatakan keragaman rata-rata suatu genotipe pada semua lingkungan.

Percobaan lingkungan ganda juga dapat mempertelakan adaptasi suatu genotipe pada suatu lingkungan tertentu. Genotipe dengan keragaman terbaik pada suatu lingkungan tertentu diseleksi sebagai genotipe yang memiliki adaptasi lokal (*local adaptation of genotype*). Sedangkan apabila lingkungan itu merupakan suatu lingkungan spesifik (lingkungan marginal atau lingkungan bercekaman), maka genotipe dengan keragaman terbaik pada lingkungan tersebut diseleksi sebagai genotipe yang memiliki adaptasi spesifik terhadap lingkungan bercekaman.

Penilaian GEI dapat juga mempertelakan keunggulan-keunggulan satu atau beberapa genotipe pada gugus bersama beberapa lingkungan yang disebut *mega-environment* (mega-E). Stabilitas, adaptasi lokal atau adaptasi spesifik dapat pula didefinisikan untuk setiap mega-E membentuk suatu agregasi lingkungan-genotipe yang spesifik.

Berbagai metode statistik telah dikembangkan untuk menilai keragaan genotipe-genotipe pada lingkungan berbeda, yang oleh Flores *et al.* (1998) dikategorikan atas metode parametrik univariat, non-parametrik univariat, dan multivariat. Pendekatan multivariat memberikan hasil yang lebih baik dari metode univariat dalam hal penguraian GEI menjadi komponen-komponen genotipe yang menunjukkan interaksi khas dengan komponen-komponen lingkungan. Pendekatan multivariat ini di antaranya UPGMA, LIN, FOXROS, AMMI, PPCC, CA, GREG, SREG atau GGE, SHMM dan COMM (Kang *et al.* 2002 dan Rajender *et al.* 2005). Penggunaan kurva biplot untuk mendeskripsikan bentuk interaksi dengan peragaan Biplot AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) dan Biplot GGE (*genotype main effects and genotype-by-environment interaction*) sedang dalam diskusi akhir-akhir ini (Yan dan Tinker 2005; Samonte *et al.* 2005; Gauch 2006; Yan *et al.* 2007; Gauch *et al.* 2008; dan Yang *et al.* 2009). Namun peragaan Biplot GGE memiliki keunggulan dalam hal pertelaan interaksi genotipe × lingkungan bila dibandingkan dengan peragaan grafis Biplot AMMI (Yan *et al.* 2007), walaupun kreasi selanjutnya terhadap peragaan biplot AMMI sebenarnya juga dapat menjelaskan pertelaan interaksi genotipe × lingkungan sama baiknya dengan Biplot GGE (Gauch *et al.* 2008).

Tulisan ini bertujuan menggunakan peragaan Biplot GGE untuk menentukan mega-E, dengan fokus pada mega-E bercekaman berdasarkan pengetahuan adanya suatu lingkungan bercekaman; mengevaluasi stabilitas biologis dan agronomis genotipe-genotipe; mengevaluasi adaptasi genotipe(-genotipe) pada suatu lingkungan bercekaman; mengevaluasi stabilitas dan adaptasi genotipe(-genotipe) pada mega-E bercekaman; dan evaluasi kesesuaian lingkungan termasuk untuk mendeteksi dini perubahan status lingkungan optimal menjadi lingkungan bercekaman.

MODEL BIPLLOT GGE

Tabulasi silang dua arah dari rata-rata kombinasi genotipe × lingkungan menyusun data MET untuk analisis Biplot GGE yang dituliskan sebagai matriks Y. Yan *et al.* (2000) dan Yan (2002) mengemukakan model biplot untuk data MET sebagai berikut:

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij} \dots\dots\dots (1)$$

dimana: y_{ij} = rata-rata produksi dari genotipe ke- i di lingkungan ke- j , \bar{y}_j = rata-rata produksi seluruh genotipe di lingkungan 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 genotipe ke- i , η_{j1} dan η_{j2} = skor PC₁ dan PC₂ untuk

lingkungan ke- j , dan ε_{ij} = nilai sisaan dari model yang berhubungan dengan genotipe ke- i dan lingkungan ke- j . Nilai singular untuk setiap komponen ini diperoleh dari 'penguraian nilai singular' (*singular value decomposition*) matriks Y .

Guna memeragakan PC_1 dan PC_2 di kurva biplot GGE, persamaan untuk model di atas dituliskan kembali menjadi (Yan *et al.* 2001; Yan dan Hunt 2002):

$$y_{ij} - \bar{y}_j = \xi_{i1}^* \eta_{j1}^* + \xi_{i2}^* \eta_{j2}^* + \varepsilon_{ij} \quad \dots\dots\dots (2)$$

dimana: $\xi_{in}^* = \lambda_{in}^{\frac{1}{2}} \xi_{in}$ dan $\eta_{jn}^* = \lambda_{in}^{\frac{1}{2}} \eta_{jn}$, dengan $n = 1, 2$. Persamaan ini dapat mereduksi dimensi data berukuran n menjadi berdimensi 2, tetapi menurunkan informasi yang terkandung dalam biplot GGE. Untuk mengukur besarnya kontribusi PC_1 dan PC_2 terhadap informasi total yang diperoleh, Gabriel (1971) mengemukakan suatu ukuran aproksimasi:

$$\rho_2 = (\lambda_1 + \lambda_2) / \sum \lambda_i \quad \dots\dots\dots (3)$$

dimana: λ_1 = nilai singular atau akar ciri terbesar pertama; λ_2 = akar ciri terbesar kedua; dan λ_i = akar ciri PC_1, PC_2, \dots, 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 70% dari seluruh informasi sudah dianggap cukup.

Tahap akhir dari analisis biplot GGE adalah peragaan grafis dalam ruang berdimensi dua antara skor PC_1 dan skor PC_2 untuk masing-masing genotipe dan lingkungan. Plot genotipe dan plot lingkungan kemudian ditumpangtindihkan menjadi suatu kurva biplot.

INTERPRETASI GRAFIS BILOT GGE

Peragaan biplot GGE menggunakan korelasi antar vektor untuk memvisualisasi berbagai bentuk keragaan genotipe-genotipe terhadap lingkungan dan genotipe, dan lingkungan-lingkungan terhadap genotipe dan lingkungan (Yan dan Hunt 2002). Lebih umum, peragaan grafis dapat digunakan untuk menentukan perbedaan mega- E di antara lingkungan, evaluasi genotipe yang stabil atau beradaptasi pada lingkungan tertentu, dan evaluasi lingkungan pengujian untuk menilai apakah suatu mega- E representatif sebagai lingkungan yang sesuai (Yan *et al.* 2007). Interpretasi grafik lebih lanjut dikembangkan untuk menyeleksi genotipe-genotipe yang beradaptasi luas atau memiliki stabilitas yang tinggi pada berbagai keadaan lingkungan, beradaptasi lokal pada suatu mega- E , dan beradaptasi spesifik pada suatu lingkungan spesifik seperti lingkungan bercekaman.

Mega- E merupakan gugus lingkungan yang memiliki kesamaan dari aspek kemampuan untuk mendukung produksi beberapa genotipe suatu tanaman secara serempak. Investigasi mega- E baru dilakukan apabila terdapat interaksi saling silang (*crossover genotype × environment interaction*) (Crossa *et al.* 2002). Suatu mega- E ditentukan berdasarkan letak suatu genotipe terluar dalam biplot untuk menyusun sektor-sektor atau kuadran-kuadran yang mengguguskan lingkungan-lingkungan yang mirip sebagai suatu mega- E itu. Pada setiap kuadran terdapat sedikitnya satu

genotipe vertex (*vertex genotype*). Genotipe vertex merupakan genotipe dengan hasil tertinggi untuk gugus lingkungan yang berada dalam kuadran itu. Lingkungan-lingkungan yang berada pada kuadran yang sama merupakan suatu gugus lingkungan identik atau mega-*E* yang berbeda dengan gugus lingkungan lain yang terletak pada kuadran-kuadran berbeda (Yan dan Hunt 2002).

Peragaan biplot GGE untuk mengevaluasi stabilitas agronomis suatu genotipe dinilai berdasarkan jarak proyeksi masing-masing genotipe terhadap suatu 'sumbu rata-rata lingkungan', yang mirip dengan 'indeks lingkungan' dalam pendekatan regresi menurut Finlay dan Wilkinson (1963) dan Eberhart dan Russell (1966). Menurut Sumertajaya *et al.* (1998) genotipe-genotipe yang stabil adalah yang vektornya memiliki jarak relatif kecil terhadap titik asal biplot dan jarak proyeksi yang relatif kecil dan searah terhadap sumbu rata-rata lingkungan. Jarak vektor yang relatif kecil ini dirumuskan sebagai vektor yang berada dalam suatu selang kepercayaan ganda di sekitar titik asal dan jarak proyeksi yang relatif kecil dirumuskan sebagai jarak yang berada dalam selang kepercayaan ganda yang sama disepanjang sumbu rata-rata lingkungan. Vektor genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ganda di sekitar titik asal disebut stabil biologis, dan yang memiliki jarak proyeksi yang relatif kecil dan searah dengan sumbu rata-rata lingkungan merupakan genotipe yang stabil agronomis. Genotipe yang memenuhi kedua kriteria ini tergolong stabil biologis dan agronomis.

Adaptasi lokal suatu genotipe dinilai berdasarkan kedudukan suatu lingkungan dalam mega-*E*. Genotipe vertex merupakan genotipe terbaik pada lingkungan-lingkungan yang ada dalam mega-*E*. Genotipe-genotipe yang ada dalam kuadran merupakan genotipe-genotipe yang memiliki adaptasi lokal pada lingkungan-lingkungan yang sama di dalam mega-*E*. Namun genotipe vertex merupakan genotipe dengan adaptasi lokal terbaik (Jambormias dan Riry 2009).

Adaptasi lingkungan spesifik atau lingkungan bercekaman suatu genotipe dinilai berdasarkan kedudukan suatu genotipe terhadap 'sumbu lingkungan spesifik' itu. Sumbu ini merupakan suatu garis lurus yang ditarik melalui titik asal dan lingkungan bercekaman. Genotipe-genotipe dengan jarak proyeksi yang relatif kecil dan searah dengan 'sumbu lingkungan spesifik' merupakan genotipe-genotipe yang beradaptasi spesifik pada lingkungan spesifik itu.

Kaitannya dengan perubahan iklim, dapat dikembangkan suatu konsep baru berdasarkan letak suatu lingkungan bercekaman dalam suatu mega-*E*. Lingkungan yang sebelumnya tidak digolongkan sebagai lingkungan bercekaman, namun merupakan suatu mega-*E* dengan suatu lingkungan bercekaman, dapat membentuk suatu mega-*E* spesifik yang disebut mega-*E* bercekaman. Adanya informasi seperti ini sangat penting untuk mengevaluasi apakah lingkungan tertentu yang sebelumnya tergolong lingkungan optimum 'telah mengalami degradasi' menjadi suatu lingkungan bercekaman karena adanya pengaruh perubahan iklim, dan apakah suatu genotipe spesifik memperlihatkan adaptasi luas dalam suatu mega-*E*. Adanya faktor musim atau tahun dalam percobaan MET sangat penting untuk mengetahui kemungkinan telah terjadi perubahan lingkungan. Percobaan secara kontinyu pada berbagai lokasi (*site*) dan tahun dengan menggunakan genotipe-genotipe yang

tegar (*robust*) akan sangat membantu dalam mengevaluasi pengaruh perubahan iklim dan adaptasi genotipe-genotipe.

Evaluasi kesesuaian lingkungan 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 lingkungan yang berkorelasi dengan sumbu rata-rata lingkungan, yaitu vektor lingkungan dengan sudut yang kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan (Yan *et al.* 2007). Selain itu, lingkungan-lingkungan yang berkorelasi dengan lingkungan bercekaman perlu mendapat perhatian selanjutnya mengenai kemungkinan adanya degradasi dari kondisi lingkungan optimal menjadi lingkungan bercekaman.

ANALISIS BIPLLOT GGE DATA MET DENGAN SATU LINGKUNGAN BERCEKAMAN: SEBUAH TELADAN

Data tabulasi silang MET (Tabel 1) adalah rata-rata nilai amatan 7 genotipe yang dicobakan pada 7 lingkungan, digunakan untuk mendeskripsi peragaan biplot GGE, dengan tambahan interpretasi mega-*E* spesifik dan kemungkinan degradasi suatu lingkungan optimal menjadi lingkungan bercekaman. Diasumsikan bahwa masing-masing lingkungan mewakili pulau-pulau kecil, dan Lingkungan L_3 merupakan lingkungan bercekaman tertentu. Hasil analisis ragam menunjukkan pengaruh nyata interaksi genotipe \times lingkungan (yang saling silang) dan memenuhi asumsi-asumsi yang melandasi analisis ragam. Analisis menggunakan program GGE Biplot (Yan 2001) *versi Student* (GGE Biplot 2007).

Tabel 1. Data hasil (gram per tanaman) dari 7 genotipe yang ditanam pada 7 lingkungan.

Varietas	Lingkungan						
	<i>E1</i>	<i>E2</i>	<i>E3</i> ^{*)}	<i>E4</i>	<i>E5</i>	<i>E6</i>	<i>E7</i>
G1	41.23	28.83	21.70	24.87	29.80	42.40	39.70
G2	24.87	19.63	10.37	10.80	15.70	26.07	23.23
G3	15.80	30.03	19.87	15.03	13.20	17.50	13.60
G4	26.53	12.33	12.80	16.10	15.70	27.97	24.70
G5	39.57	38.53	26.07	30.53	25.50	40.77	38.60
G6	22.93	28.23	32.77	21.77	26.27	24.30	20.80
G7	41.10	25.30	17.37	17.40	20.03	32.57	29.53

Sumber: Jambormias dan Riry 2009); ^{*)} Asumsi: merupakan suatu lingkungan bercekaman.

Tabel 2. Analisis keragaman komponen utama Biplot Genotipe dan Lingkungan.

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

Hasil analisis biplot memunculkan 6 PC, dimana PC_1 dan PC_2 masing-masing memiliki keragaman (nilai singular) yang cukup besar, yaitu 44,92 dan 26,10 (Tabel 2). PC_1 dan PC_2 masing-masing memberikan kontribusi keragaman sebesar 68,8% dan 23,2%, atau secara kumulatif sebesar 92%. Artinya bahwa PC_1 dan PC_2 telah dapat menjelaskan keragaman data asli sebesar 92%.

Mega-E dan Mega-E Spesifik

Peragaan biplot GGE memperlihatkan genotipe-genotipe vertex adalah genotipe-genotipe G_1 , G_2 , G_3 , G_4 , G_5 dan G_6 , dan masing-masing genotipe ini dihubungkan dengan garis koneksi. Suatu garis lurus dimulai dari titik asal biplot terlihat memotong tegak lurus garis koneksi pada setiap sisi, dan membagi keragaan biplot ke dalam enam kuadran atau sektor, dimana setiap sektor mempunyai genotipe vertex. Hasilnya adalah terbentuk 6 sektor (Gambar 1a). Terdapat sekitar 3 sektor mengandung lingkungan(-lingkungan), dan 3 sektor sisanya tidak mengandung lingkungan(-lingkungan). Sektor-sektor yang mengandung lingkungan(-lingkungan) masing-masing merupakan mega-E.

Terdapat 3 mega-E yang menunjukkan perbedaan, yaitu mega- E_1 dengan lingkungan-lingkungan L_1 , L_6 dan L_7 , sesuai untuk mendukung produksi genotipe-genotipe G_1 dan G_7 ; mega- E_2 dengan lingkungan-lingkungan L_2 , L_4 dan L_5 , sesuai untuk mendukung produksi genotipe G_5 ; dan mega- E_3 dengan lingkungan tunggal L_3 , sesuai untuk mendukung produksi genotipe G_6 . Genotipe G_2 , G_4 dan G_3 berada di luar ke-3 lingkungan, sehingga ke-3 genotipe ini tergolong tidak dapat berproduksi dengan baik pada ke-3 mega-E.

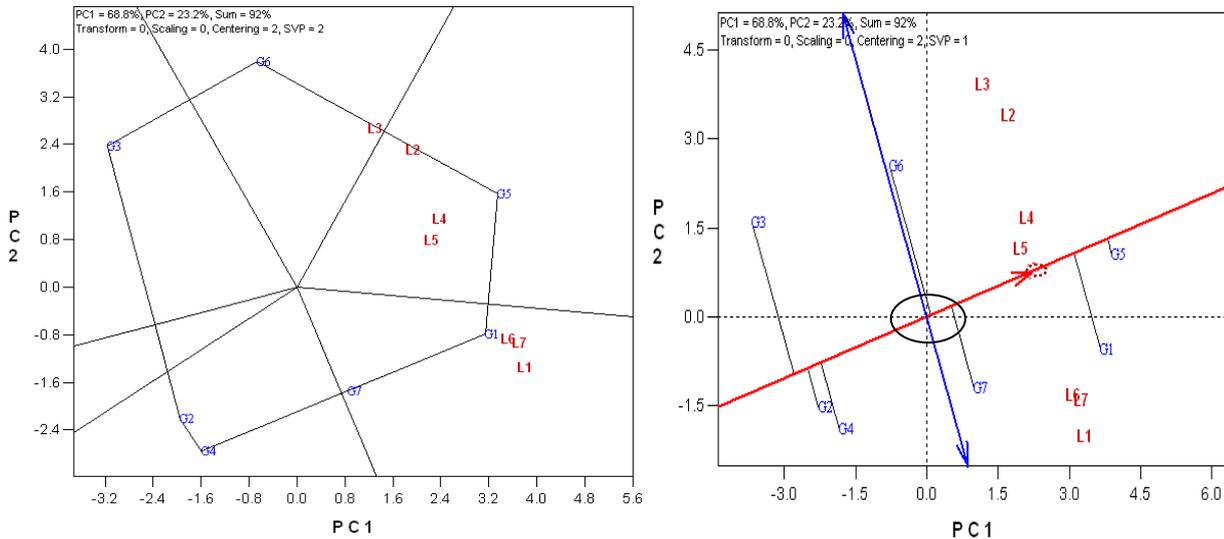
Lingkungan L_3 , yang dalam hal ini merupakan lingkungan spesifik ternyata berada dalam mega- E_3 , maka mega- E_3 yang mengandung hanya lingkungan L_3 ini merupakan suatu mega-E spesifik. Karena hanya genotipe G_6 yang berada dalam mega-E ini, maka genotipe ini merupakan suatu genotipe yang beradaptasi spesifik pada lingkungan bercekaman. Tidak ada lingkungan lainnya berada dalam mega-E ini, sehingga secara statistik lingkungan-lingkungan lainnya merupakan lingkungan optimal.

Stabilitas Genotipe-genotipe

Rata-rata lingkungan PC_1 dan PC_2 masing-masing berada pada koordinat 2,579 dan 0,518. Garis linier melalui titik asal biplot GGE dan rata-rata lingkungan menghasilkan sumbu rata-rata lingkungan. Peragaan sumbu rata-rata lingkungan dalam biplot GGE, menghasilkan suatu garis linier yang memotong sumbu PC_2 pada ordinat -1,5, terdapat tanda panah di tengah dan tanda oval di depan tanda panah itu (Gambar 1b). Oval di depan tanda panah merupakan posisi rata-rata lingkungan.

Genotipe-genotipe dengan jarak vektor yang relatif kecil terhadap titik asal biplot dan jarak proyeksi yang relatif kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan merupakan genotipe yang stabil biologis, atau berada dalam selang kepercayaan ganda (Sumertajaya *et al.* 1998). Penilaian vektor-vektor genotipe 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 genotipe-genotipe yang stabil biologis, karena semua genotipe memiliki jarak yang besar atau berada di luar selang kepercayaan ganda terhadap titik asal.



Gambar 1. Peragaan biplot yang menampilkan (a) perbedaan mega-*E*; (b) stabilitas genotipe-genotipe, dengan garis panah linier sebagai 'sumbu rata-rata lingkungan', oval di depan panah (*dekat L5*) sebagai 'rata-rata lingkungan', dan elips di titik asal sebagai selang kepercayaan ganda.

Pada lain pihak, proyeksi masing-masing genotipe pada sumbu rata-rata lingkungan memperlihatkan urutan keragaan masing-masing genotipe itu adalah $G_3 < G_2 < G_4 < G_6 < G_7 < G_1 < G_5$. Terlihat bahwa genotipe G_5 dan G_1 merupakan genotipe-genotipe yang tergolong keragaannya paling baik. Namun ketidak-stabilan genotipe G_1 lebih besar pada setiap perubahan lingkungan bila dibandingkan dengan genotipe G_5 yang cenderung lebih stabil. Genotipe G_5 juga memiliki produksi yang lebih tinggi dari genotipe lainnya, karena merupakan genotipe dengan proyeksi pada sumbu rata-rata lingkungan yang searah dengan rata-rata lingkungan dan terletak paling jauh dari titik asal. Dengan demikian, genotipe G_5 tergolong memenuhi kriteria sebagai genotipe yang stabil agronomis, sehingga lebih layak untuk dikembangkan pada semua lingkungan, termasuk lingkungan bercekaman. Bila genotipe G_5 merupakan galur harapan, maka genotipe ini memenuhi persyaratan untuk dapat dilepas sebagai varietas unggul yang baru.

Adaptasi Lokal Genotipe-genotipe

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

E. Genotipe-genotipe ini juga merupakan genotipe terbaik pada masing-masing lingkungan yang ada dalam mega-*E*.

Peragaan biplot GGE memperlihatkan genotipe G_5 tergolong genotipe yang memiliki adaptasi lokal pada mega-*E* yang mengandung lingkungan-lingkungan L_2 , L_4 dan L_5 , genotipe G_1 dan G_7 pada mega-*E* yang mengandung lingkungan-lingkungan L_1 , L_6 dan L_7 , dan genotipe G_6 pada mega-*E* yang mengandung lingkungan L_3 (Gambar 1a). Genotipe G_5 , G_1 dan G_6 merupakan genotipe-genotipe vertex dalam masing-masing mega-*E*, sehingga merupakan genotipe terbaik pada lingkungan-lingkungan yang berada pada masing-masing mega-*E* itu. Namun demikian, karena genotipe G_5 , merupakan genotipe yang stabil agronomis, maka genotipe ini tidak dapat digolongkan sebagai genotipe dengan adaptasi lokal. Oleh sebab itu, genotipe G_1 dan G_6 merupakan genotipe-genotipe yang beradaptasi lokal pada setiap lingkungan dalam mega-*E*nya masing-masing. Genotipe G_1 merupakan genotipe yang memiliki adaptasi lokal pada lingkungan L_1 , L_6 dan L_7 , sedangkan G_6 merupakan genotipe yang memiliki adaptasi lokal pada L_3 .

Adaptasi Spesifik pada Lingkungan Bercekaman

Adaptasi spesifik lingkungan suatu genotipe berkaitan dengan kemampuan suatu genotipe untuk menunjukkan keragaannya pada suatu lingkungan spesifik. Suatu lingkungan spesifik berkaitan dengan kekhasan lingkungan itu sebagai suatu lingkungan bercekaman. Genotipe dengan adaptasi spesifik lingkungan bercekaman adalah genotipe yang menunjukkan keragaan terbaik pada lingkungan bercekaman.

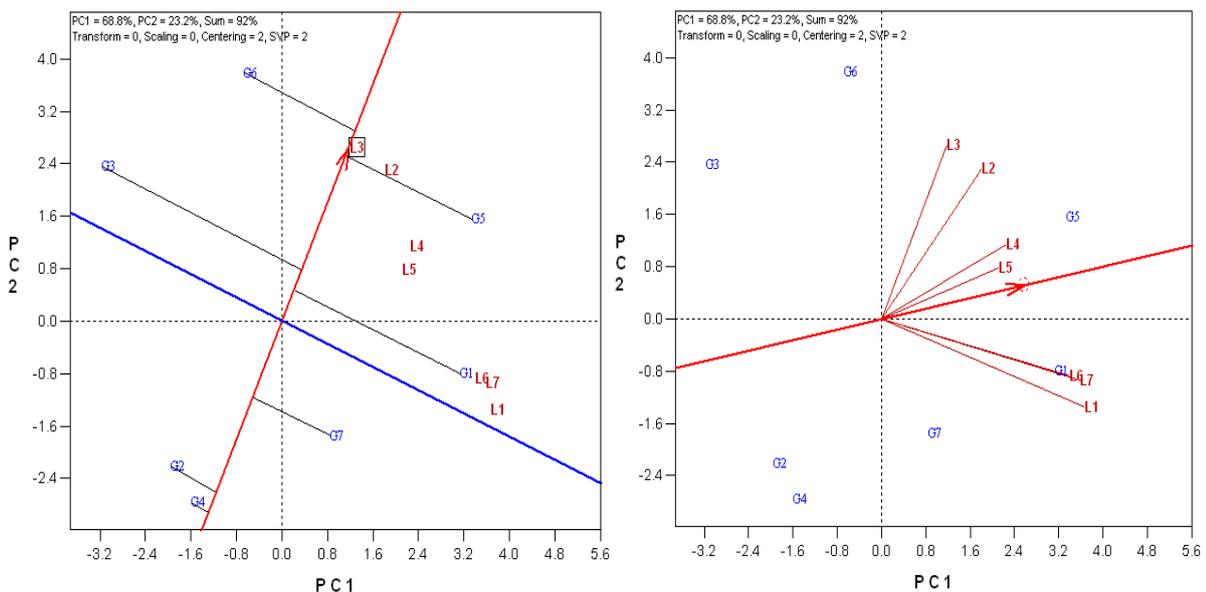
Hasil peragaan biplot GGE memperlihatkan sumbu lingkungan spesifik merupakan garis linier dengan 'tanda panah' yang cenderung vertikal, dengan lingkungan L_3 ada dalam suatu persegi (Gambar 2.a.). Proyeksi masing-masing genotipe pada sumbu lingkungan spesifik memperlihatkan genotipe $G_4 < G_2 < G_7 < G_1 < G_3 < G_5 < G_6$, dimana G_6 merupakan genotipe dengan adaptasi spesifik pada lingkungan L_3 yang diasumsikan merupakan lingkungan spesifik, diikuti genotipe G_5 . Kedua genotipe ini berada pada sisi positif dari titik asal GGE biplot tempat lingkungan L_3 berada. Namun dengan panjang proyeksi yang lebih pendek dan produksi yang lebih baik dari genotipe G_6 terhadap G_5 , maka stabilitas genotipe G_6 lebih tinggi pada lingkungan L_3 . Oleh sebab itu, genotipe G_6 merupakan genotipe yang memiliki adaptasi spesifik pada lingkungan bercekaman bila dibandingkan dengan genotipe G_5 . Walaupun demikian, genotipe G_5 sebagai genotipe yang stabil agronomis, masih dapat memproduksi dengan baik pada lingkungan L_3 . Genotipe G_4 dan G_2 juga merupakan genotipe yang stabil pada lingkungan L_3 , namun karena proyeksinya berada pada sisi yang berlawanan dengan letak lingkungan L_3 , maka kedua genotipe ini memiliki produktivitas yang rendah dan tidak dapat dikategorikan sebagai genotipe yang beradaptasi pada lingkungan spesifik.

Evaluasi Kesesuaian Lingkungan Pengujian

Kesesuaian lingkungan bertalian dengan pemilihan lingkungan yang sesuai untuk mendukung peningkatan produksi tanaman. Hasil peragaan biplot menunjukkan bahwa lingkungan L₅ dan L₄ merupakan lingkungan-lingkungan yang memiliki sudut paling kecil terhadap sumbu rata-rata lingkungan (Gambar 2b), sehingga cenderung berkorelasi dengan 'sumbu rata-rata lingkungan', dan merupakan lingkungan pengujian yang sesuai untuk meningkatkan produksi tanaman. Ciri utama lingkungan yang sesuai adalah instabilitas genotipe-genotipe dalam lingkungan-lingkungan itu relatif rendah.

Peragaan kesesuaian lingkungan setidaknya juga memperhatikan informasi mega-*E*. Lingkungan L₂, walaupun menunjukkan sudut yang besar terhadap sumbu rata-rata lingkungan, namun karena merupakan satu mega-*E* dengan L₅ dan L₄, maka lingkungan L₂ dapat dianggap cenderung sama dengan kedua lingkungan ini. Dalam hal ini, mega-*E* yang mengandung ketiga lingkungan merupakan lingkungan yang representatif untuk meningkatkan produksi tanaman.

Di lain pihak, adanya korelasi antara suatu lingkungan optimum dengan lingkungan spesifik perlu mendapat perhatian serius, karena mengindikasikan kemungkinan adanya degradasi lingkungan optimum menjadi lingkungan bercekaman. Walaupun lingkungan L₂ berada dalam suatu mega-*E* optimum bersama-sama dengan lingkungan L₅ dan L₄, namun peragaan kesesuaian lingkungan yang memperlihatkan adanya korelasi yang erat antara lingkungan L₂ dengan lingkungan L₃ yang merupakan lingkungan bercekaman, mengindikasikan kemungkinan adanya degradasi lingkungan ini menjadi lingkungan bercekaman.



Gambar 2. Ragaan biplot yang menampilkan (a) adaptasi spesifik lingkungan genotipe G₆ pada lingkungan spesifik L₃; (b) korelasi antar lingkungan, termasuk dengan sumbu rata-rata lingkungan.

KESIMPULAN

1. Peragaan GGE Biplot sangat baik dalam mengurai interaksi genotipe \times lingkungan melalui penggugusan lingkungan-lingkungan seperti di pulau-pulau kecil atas beberapa mega-*E*, termasuk suatu mega-*E* bercekaman.
2. Peragaan biplot dapat mendeskripsikan genotipe(-genotipe) atas genotipe yang memiliki stabilitas biologis dan agronomis.
3. Peragaan biplot dapat digunakan dengan sangat baik untuk mendeskripsikan genotipe(-genotipe) atas genotipe-genotipe yang memiliki adaptasi lokal pada suatu mega-*E* dan adaptasi spesifik pada suatu lingkungan bercekaman.
4. Peragaan biplot GGE dapat juga digunakan untuk menilai kesesuaian lingkungan pengujian dan menilai kemungkinan adanya degradasi suatu lingkungan optimum menjadi lingkungan bercekaman.

DAFTAR PUSTAKA

- Becker HC. 1981. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. *Euphytica* 30:835-840.
- Crossa J, Cornelius PL, Yan W. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype \times environment interaction. *Crop Sci* 42:619-633.
- Eberhart SA, Russel WL. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci* 6:36-40.
- Finlay KW, Wilkinson GM. 1963. The analysis of adaptation in plant breeding programme. *Aust J Agric Res* 14:742-57.
- Flores F, Moreno MT, Cubero JI. 1998. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze $G \times E$ interaction. *Field Crops Research* 56:271-286.
- Gabriel KR. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58:453-467.
- Gauch HG. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci* 46:1488-1500.
- Gauch JrHG, Piepho HP, Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. *Crop Sci* 48:866-889.
- GGEbiplot. 2007. GGEbiplot Pattern Analysis Help. Copyright Weikan Yan 2001-2007, Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Ottawa, Canada.
- Jambormias E, Riry J. 2008. Aplikasi GGE-Biplot untuk evaluasi stabilitas dan adaptasi genotipa-genotipa dengan data percobaan lingkungan ganda. *J Budidaya Pertanian* 4:84-93.
- Kang MS. 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.
- Mittler R. 2006. Abiotic stress, the field environment and stress combination. *TRENDS in Plant Science* 11:15-19.

- Rajender P, Crossa J, Vargas M, Bhatia VK. 2009. Biplot graphic display: some concepts. <http://www.iasri.res.in/ebook/EBADAT/6-Other%20Useful%20Techniques/3-SOME%20CONCEPTS%20OF%20BIPLOT%20GRAPHIC%20DISPLAY-9.pdf>. Downloads 20 Desember 2009.
- Romagosa I, Fox PN. 1993. Genotype \times environment interaction and adaptation. *In*: Hayward MD, Bosermark NO, Romagosa I (eds.). *Plant Breeding. Principles and Prospects*. Chapman & Hall, London, p. 373-390.
- Samonte SO, Wilson LT, McClung AM, Medley JC. 2005. Targeting cultivar onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Sci* 45:2414-2424.
- Schulze DE, Beck E, Muler-Hohenstein K. 2002. *Plant Ecology*. Springer-Verlag, Berlin, p. 625.
- Sumertajaya, IM, Aunuddin, Mattjik HAA, Sunarlim B. 1998. Pendekatan model regresi linier untuk menerangkan pengaruh interaksi pada percobaan lingkungan ganda. *Forum Statistika dan Komputasi* 9:27-33.
- Wibawa GNA, Erfiani, Aunuddin, 1997. Penggunaan metode AMMI pada uji daya hasil padi. *Forum Statistika dan Komputasi* 2:9-17.
- Yan W, Cornelius PL, Crossa J, Hunt LA. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci* 41:656-663.
- Yan W, Hunt LA, Sheng Q, Szlavnic Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Sci* 40:597-605.
- Yan W. 2001. GGE Biplot – A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron J* 93:1111-1118.
- Yan W. 2002. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron J* 94:990-996.
- Yan W, Hunt LA, 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, Kang MS. 2003. *GGE Biplot Analysis. A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press, Boca Raton, USA. P. 3, 9.
- Yan W, Tinker NC. 2005. An integrated biplot analyses system for displaying, interpreting, and exploring genotype \times environment interaction. *Crop Sci* 45:1004-1016.
- Yan W, Kang MS, Ma B, Woods S, Cornelius PL. 2007. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment data. *Crop Sci* 47:643–655.
- Yang RC, Crossa J, Cornelius PL, Burgueño J. 2009. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. *Crop Sci* :1564-1576.