

# JURNAL BUDIDAYA PERTANIAN

Volume 9, Nomor 2, Desember 2013

<b>Modifikasi Rancangan Bersekat dan Pendugaan Parameter Genetik Pada Generasi Awal Tanaman Menyerbuk Sendiri</b> E. JAMBORMIAS, S.H. SUTJAHJO, A.A. MATTJIK, Y. WAHYU, dan D. WIRNAS	52
<b>Survei Sebaran Penyakit Kuning Lada dan Patogen yang Berasosiasi</b> SURYANTI, B. HADISUTRISNO, MULYADI dan J. WIDADA	60
<b>Peranan Unsur Cuaca Terhadap Perkembangan Penyakit Kanker Batang Duku di Jambi</b> S. HANDOKO, B. HADISUTRISNO, A. WIBOBO dan J. WIDADA	64
<b>Diversifikasi Konsumsi Pangan Pada Tingkat Rumah Tangga di Provinsi Daerah Istimewa Yogyakarta (Indeks Entropi didekati dengan Pangsa Pangan)</b> ISMIAH, S. HARTONO, D.H. DARWANTO, dan J.H. MULYO	72
<b>Pengaruh Pupuk Kandang dan Pupuk NPK terhadap pH dan K-tersedia Tanah serta Serapan-K, Pertumbuhan, dan Hasil Padi Sawah (<i>Oryza sativa</i> L)</b> E. KAYA	79
<b>Analisis Dampak Penimbunan Limbah Ela Sagu Terhadap Kualitas Air Sungai di Sekitar Lokasi Pengolahan Sagu di Desa Waisamu Kecamatan Kairatu Kabupaten Seram Bagian Barat</b> M. LEATEMIA, Ch. SILAHOY, dan A. JACOB	86
<b>Fungsi Tanaman dalam Desain Lanskap Taman Makam Pahlawan PD II – Australia di Kota Ambon</b> H.N. TAIHUTTU	92
<b>Studi Kerusakan Akibat Serangan Hama Utama pada Tanaman Kacang Tunggak (<i>Vigna unguiculata</i>)</b> E.D. MASAUNA, H.L.J. TANASALE, dan H. HETHARIE	95
<b>Kajian Pemanfaatan Ela Sagu Sebagai Pupuk Organik (Elakom-P) Pada Tanaman Jagung di Agroekosistem Lahan Kering di Maluku</b> J.B. ALFONS	99

## MODIFIKASI RANCANGAN BERSEKAT DAN PENDUGAAN PARAMETER GENETIK PADA GENERASI AWAL TANAMAN MENYERBUK SENDIRI

*Modification of Augmented Design and Estimation of Genetic Parameter in Early Generation of Self-Pollinated Crops*

Edizon Jambormias<sup>1,\*</sup>, Surjono Hadi Sutjahjo<sup>2</sup>, Ahmad Ansori Mattjik<sup>3</sup>, Yudiwanti Wahyu<sup>2</sup>,  
Desta Wirnas<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Agroteknologi, Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Pattimura,  
Jl. Ir. M. Putuhena, Kampus Poka, Ambon 97233

<sup>2</sup>Departemen Agronomi dan Hortikultura Institut Pertanian Bogor

<sup>3</sup>Departemen Statistika Institut Pertanian Bogor

<sup>\*)</sup> email: edy\_jambormias@yahoo.com

### ABSTRACT

Jambormias, E., S.H. Sutjahjo, A.A. Mattjik, Y. Wahyu, & D. Wirnas. 2013. Modification of Augmented Design and Estimation of Genetic Parameter in Early Generation of Self-Pollinated Crops. Jurnal Budidaya Pertanian 9: 52-59.

The early generation population of self-pollinated crops consists of the families which are homogeneous and heterogeneous. Analysis based on information from relatives of earlier generations can produce expected values of genetic parameter and the variance of quantitative traits. Modification of augmented design through the use of random check genotypes and sub sampling analysis can reveal the behavior of genetic deviation in the early generation. BLUP, i.e. the best linear unbiased predictions of mixed linear models are more accurate than the best linear predictor of the fixed effects linear model that is commonly used in the data analysis of plant breeding experiments. Systematic disturbing of environmental factors and non-additive genetic factors can be handled through the use of the generalized linear mixed model and transformed linear mixed models to generate BLUP. The high accuracy is due to the prediction of phenotypic, genotypic and breeding value carried out in accordance with the fitting probability distribution model of the responses' variables.

**Key words:** Prediction and link function, information from relatives, non-normal probability models, breeding value, additive and genotypic variance

### PENDAHULUAN

Seleksi memainkan peranan penting dalam program pemuliaan tanaman. Keberhasilan seleksi bergantung pada seberapa baik pemulia mampu mengungkap sebagian besar faktor genetik temurun yang menguasai pewarisan sifat-sifat kuantitatif dan menerjemahkannya ke dalam suatu nilai bersama (*merit value*) yang merepresentasikan keunggulan menyeluruh suatu bahan genetik. Program seleksi semakin efektif apabila pemulia mampu memperoleh keunggulan ini pada generasi awal. Indeks seleksi merupakan pendekatan yang umum digunakan untuk memperoleh nilai bersama ini. Matriks peragam genotipe aditif memainkan peranan penting dalam penyusunan indeks seleksi sehingga mampu mengoptimalkan penggunaan nilai pemuliaan (*breeding value*) dalam seleksi. Seleksi dilakukan terhadap nilai fenotipe tetapi indeks seleksi merupakan nilai pemuliaan bersama sifat berganda (Smith, 1936; Hazel, 1943; Kempthorne & Nordskog, 1959; Itoh & Yamada, 1988; Cerón-Rojas *et al.*, 2008).

Indeks seleksi semakin akurat apabila seleksi dilakukan terhadap nilai pemuliaan. Nilai inimumnya

merupakan prediksi linear terbaik (*best linear prediction*, BLP) dari model linear umum (*general linear model*, GLM). Namun analisis GLM dilakukan di bawah asumsi yang ketat, yaitu sisaan model menyebar normal, ragam homogen dan bebas. Pengaruh aksi gen non aditif berkontribusi besar terhadap ketakhomogenan ragam pada populasi generasi awal sehingga BLP cenderung berbias. Suatu kelas pemodelan yang dikenal sebagai model linear campuran (*mixed linear model*, MLM) dapat menghasilkan penduga tak bias linear terbaik (*best linear unbiased prediction*, BLUP) sehingga dapat menangani nilai fenotipe dengan ketakhomogenan ragam. BLUP dapat dihasilkan pula dari kelas pemodelan non normal, yaitu model campuran linear terampat (*generalized linear mixed model*, GLMM) untuk gugus sebaran famili eksponensial, seperti sebaran normal, log normal, eksponensial, gamma, non-sentral, invers-normal, beta, binom, binom negatif, geometrik, poisson, dan multinom. Di luar famili sebaran eksponensial, BLUP masih dapat dibangkitkan dari kelas pemodelan linear campuran tertransformasi (*transformed linear mixed models*, TLMM) (McCulloch & Searle, 2001; Cordeiro & de Andrade, 2009; Myers *et al.*, 2010; Gbur *et al.*, 2012).

Pengaruh sistematis merupakan faktor-faktor sumber keheterogenan yang tidak dikehendaki dan mempengaruhi pertumbuhan dan produksi tanaman di generasi awal. Pengaruh-pengaruh sistematis ini dapat menyebabkan ketaknormalan dan ketakhomogenan ragam sifat-sifat kuantitatif. Faktor genetik yang menghasilkan pengaruh sistematis sebagian besar berasal dari heterozigositas dan keunggulan hibrida, terjadinya aksi gen dominansi atau overdominansi, dan pautan digenik dan interaksi berurutan seperti terjadinya epistasis (Yadav *et al.*, 1998; Kuczyńska *et al.*, 2007; Jambormias *et al.*, 2011). Sebagian keragaman sistematis juga muncul dari keheterogenan lapangan percobaan dan pengaruh keterbauran (*confounding*) akibat kompetisi inter tanaman dengan tanaman tetangganya. Keragaman sistematis lingkungan ini turut mempengaruhi penampilan akhir fenotipe sifat-sifat kuantitatif tanaman. Adanya pengaruh sistematis yang tidak dapat dikendalikan berimbas pada nilai fenotipe yang heterogen dan tidak menyebar normal.

Sebagian besar bahan genetik dalam percobaan generasi awal tidak dapat diulang, sehingga memerlukan penggunaan rancangan tanpa ulangan yang dapat mengendalikan pengaruh sistematis, baik yang berasal dari faktor genetik maupun lingkungan. Rancangan bersekat (*augmented design*) merupakan rancangan tak lengkap tanpa ulangan yang dapat digunakan mengendalikan faktor sistematis pada generasi awal ini. Galat percobaan pada rancangan ini dibangkitkan dari penggunaan beberapa taraf faktor yang dapat diulang (Federer, 1956), misalnya galur-galur sebagai pembanding. Percobaan seperti ini menghasilkan gugus data yang memiliki banyak keterbatasan (*restriction*) dalam analisis seperti data tak setimbang (*unbalance data*). Analisis kuadrat terkecil pada data seperti ini dapat menghasilkan BLP yang cenderung berbias (Khuri, 2008). Selain itu, analisis anak contoh (*sampling analysis*) sering diabaikan, walaupun keragaman non aditif dari famili-famili generasi awal dapat diungkap dari dalam anak contoh ini. Selain itu, kompetisi antar barisan individu dalam penelitian seleksi yang dapat menyebabkan keterbauran tidak dapat ditangani melalui penggunaan rancangan bersekat tanpa anak contoh. Oleh sebab itu, perlu dilakukan modifikasi rancangan bersekat untuk menangani pengaruh sistematis dan mengembangkan analisis sebaran tak normal yang dapat menduga parameter genetik pada kondisi pengaruh sistematis dalam percobaan generasi awal tanaman menyerbuk sendiri.

### Modifikasi Rancangan Bersekat untuk Pengendalian Pengaruh Sistematis pada Generasi Awal Tanaman Menyerbuk Sendiri

Unsur-unsur utama rancangan percobaan adalah adanya perlakuan (*treatment*), ulangan (*replication*), pengacakan (*randomization*), dan pengendalian lokal (*local control*) (Steel *et al.*, 1997). Pada percobaan generasi awal, salah satu unsur percobaan yang penting yaitu ulangan tidak tersedia. Unsur ini berperan untuk menghasilkan ragam galat yang berperilaku acak. Zuriat

hasil persilangan terdiri atas individu-individu yang berbeda secara genetik sehingga tidak dapat diguguskan sebagai suatu perlakuan. Namun demikian, analisis kekerabatan memungkinkan individu-individu yang berasal dari induk yang sama diguguskan sebagai famili-famili pada generasi awal. Famili-famili ini dapat dianggap sebagai perlakuan-perlakuan yang berbeda dalam rancangan percobaan. Suatu famili dapat merupakan gugus suatu genotipe yang terdiri atas individu tanaman homogen, tetapi dapat pula merupakan campuran beberapa individu heterogen yang berasal dari hasil segregasi induknya yang masih heterozigot. Oleh sebab itu, sebagai perlakuan dalam rancangan percobaan, famili heterogen menyumbang ragam tak homogen dan ketaknormalan.

Rancangan bersekat (*augmented design*) merupakan suatu rancangan yang dapat mengatasi permasalahan percobaan dengan sebagian besar perlakuan bahan genetiknya tidak dapat diulang. Rancangan ini menggunakan beberapa genotipe pembanding (*check genotype*), yaitu galur murni yang dapat diulang, untuk memperoleh galat percobaan yang bersifat acak. Galat acak ini menghasilkan galat baku beda untuk membandingkan seluruh bahan genetik yang digunakan dalam percobaan (Federer, 1956, 1961; Federer & Ragharvarao, 1975). Genotipe pembanding juga dapat digunakan untuk memulihkan kembali informasi (*recovery of information*) yang hilang karena ketiadaan ulangan, yaitu dengan mengeliminir pengaruh lingkungan, bila rancangan lingkungannya adalah rancangan acak lengkap berblok atau rancangan bujur sangkar latin (Federer, 1994). Wolfinger *et al.* (1997) menyediakan analisis data pemulihan kembali informasi yang hilang ini dengan menggunakan program SAS. Pemulihan kembali informasi ini merupakan suatu bentuk penyuaian data (*dataadjust*) untuk mengeliminasi pengaruh buruk lingkungan dari dalam data famili zuriat hasil persilangan (Jambormias *et al.*, 2009). Ukuran genotipe pembanding untuk menerapkan rancangan bersekat adalah yang menghasilkan sedikitnya derajat bebas galat sebesar 12 (CropStat Inc., 2007).

Model linear umum rancangan bersekat dengan rancangan acak tak lengkap berblok sebagai rancangan lingkungan adalah:

$$y_{jik} = \mu + \beta_j + G_{i'} + C_{i''} + (GC)_{i'j''} + \varepsilon_{ij}$$

untuk  $i = 1, 2, \dots, t$  genotipe,  $j = 1, 2, \dots, k$  blok, dimana  $\mu$  = nilai tengah umum,  $G_{i'}$  = pengaruh genotipe generasi awal ke- $i'$  (yang tidak dapat diulang dalam blok berbeda, untuk  $i = 1, 2, \dots, g$ ),  $C_{i''}$  = pengaruh genotipe pembanding ke- $i''$  (yang diulang dalam blok berbeda, untuk  $i'' = g+1, g+2, \dots, c$ ),  $(GC)_{i'j''}$  = pengaruh perbedaan G vs C, dan  $\varepsilon_{ij}$  = galat percobaan. Perlu diperhatikan bahwa struktur  $G_{i'} + C_{i''} + (GC)_{i'j''} = \tau_i$  = pengaruh perlakuan ke- $i$ , untuk  $i = 1, 2, \dots, t$ , untuk  $t = g + c$ .

Metode seleksi silsilah merupakan suatu metode seleksi dimana famili-famili ditanam dalam barisan-barisan tanaman untuk dievaluasi keragaannya. Penanaman famili-famili dalam barisan tanaman seperti ini memungkinkan penerapan rancangan bersekat, dimana satu barisan famili merupakan satu satuan percobaan. Genotipe pembanding ditanam secara acak dan diulang

pada setiap blok. Pendekatan seperti ini digunakan Yadav *et al.* (1998) untuk memprediksi segregasi transgresif melalui perbandingan populasi rata-rata generasi, serta zuriat generasi F<sub>2</sub> dan F<sub>3</sub> pada tanaman gandum.

Analisis percobaan metode seleksi silsilah dengan model rancangan bersekat menghilangkan sedikitnya dua informasi penting. Pertama, pengaruh perbedaan dalam famili yang terkandung pada informasi dalam contoh tidak dapat dieksplorasi lebih lanjut karena telah dirata-ratakan untuk menyesuaikan data dengan model rancangan. Setidaknya terdapat sumber keragaman dalam famili dan dalam perbandingan yang hilang bersama dengan informasi penting yang terkandung di dalamnya. Eksplorasi sumber keragaman dalam famili dapat memberikan inferensi mengenai keragaman genetik lain yang bukan aditif dan besarnya simpangan non genetik yang bukan berasal dari galat percobaan. Kedua, timbulnya pengaruh sistematis pada sisaan model yang muncul sebagai akibat dari penanaman barisan genotipe perbandingan di antara barisan-barisan famili. Penanaman seperti ini menyebabkan genotipe perbandingan mengalami keterbauran sebagai akibat dari kompetisi antar barisan tetangga (*interneighbor competition*) dengan famili-famili yang masih heterogen. Keterbauran merupakan pengaruh sistematis yang hadir karena adanya kompetisi antar tanaman untuk memperoleh input cahaya dan hara dalam lingkungan yang sama. Famili-famili yang masih beragam dalam suatu barisan tanaman dapat menyebabkan munculnya keragaman pada barisan famili seragam dan genotipe perbandingan tetangganya. Ragam galat yang diharapkan berperilaku acak dan menyebar normal menjadi tak homogen dan menyebar tak normal. Akibatnya, sumber pengaruh sistematis tidak dapat diketahui berasal dari pengaruh lingkungan atau pengaruh aksi gen non aditif.

Keterbatasan rancangan bersekat ini dapat dimodifikasi lebih lanjut untuk memulihkan informasi dalam contoh yang hilang dan mengisolasi pengaruh sistematis. Modifikasi dilakukan melalui penambahan informasi dalam contoh atau informasi dalam genotipe ke dalam model, dan penambahan faktor baru yang dapat menghasilkan ragam galat berperilaku acak (bebas keterbauran). Modifikasi pertama, yaitu pemulihan informasi dalam genotipe, dilakukan dengan cara memasukkan informasi dalam genotipe ini ke dalam model sebagai suatu faktor tersendiri. Taraf-teraf faktor genotipe dengan sendirinya terdiri atas beberapa taraf faktor dalam genotipe, atau faktor dalam genotipe disebut tersarang (*nested*) dalam faktor genotipe. Faktor genotipe dibedakan atas dua sub faktor, yaitu sub faktor genotipe tak dapat diulang (sub faktor famili) dan sub faktor genotipe dapat diulang (genotipe perbandingan). Demikian pula faktor dalam genotipe dibedakan atas sub faktor dalam famili dan sub faktor dalam perbandingan. Sub faktor dalam famili tersarang dalam sub faktor famili, dan sub faktor dalam perbandingan tersarang dalam sub faktor perbandingan. Keragaman sistematis dari famili-famili heterogen dengan sendirinya diisolasi dalam sub faktor dalam famili, sedangkan sub faktor dalam perbandingan berperilaku acak. Sub faktor ini dapat

dipertahankan untuk menghasilkan ragam dalam anak contoh, atau digabungkan ke dalam galat percobaan untuk menghasilkan ragam galat percobaan yang kecil. Penurunan ragam galat percobaan ini diperoleh melalui sumbangan derajat bebas dalam perbandingan ke dalam derajat bebas galat. Namun sebagaimana telah dijelaskan sebelumnya, karena genotipe perbandingan ditanam dalam barisan-barisan yang sama seperti barisan-barisan famili, maka genotipe perbandingan ini mengalami keterbauran. Keadaan ini merugikan untuk menghasilkan galat acak, namun menguntungkan untuk mengevaluasi terjadi tidaknya keterbauran dalam famili.

Modifikasi kedua dilakukan untuk memperoleh galat acak yang bebas keterbauran. Galur perbandingan yang dapat diulang dapat dimodifikasi lebih lanjut untuk mengevaluasi keterbauran ini. Selain ditanam di antara famili-famili, galur-galur perbandingan juga ditanam dalam suatu plot dengan lingkungan dan kompetisi yang seragam. Suatu plot tidak terdiri atas satu barisan tanaman, tetapi atas beberapa barisan tanaman dari genotipe perbandingan yang sama. Barisan tanaman terluar dalam plot ini menjadi barisan penyanggah (*row border*) terhadap heterogenitas tetangganya. Plot ini dapat berada di antara barisan-barisan famili dalam setiap blok, atau dalam satu blok yang baru tanpa bertetangga dengan famili-famili. Pilihan pertama merupakan yang terbaik dari aspek analisis data, namun kurang praktis pada kondisi ukuran famili-famili yang besar, yang dapat menambah pekerjaan fisik koleksi data. Pilihan pertama dapat digunakan, bila famili-famili dan blok berukuran kecil. Galur-galur perbandingan yang ditanam bertetangga dengan famili-famili yang dievaluasi selanjutnya disebut genotipe pengendali (*controlling genotype*), sedangkan dalam plot yang seragam tetap disebut sebagai genotipe perbandingan (*checking genotype*). Sub faktor pengendali dan dalam pengendali masing-masing adalah sub faktor genotipe perbandingan dan dalam perbandingan yang telah dijelaskan sebelumnya, sedangkan sub faktor genotipe perbandingan dan dalam perbandingan hasil modifikasi merupakan sub faktor yang baru. Sumber keragaman dalam perbandingan, boleh dimasukkan ke dalam galat percobaan seperti penjelasan sebelumnya karena telah berperilaku acak (bebas keterbauran). Beberapa modifikasi rancangan bersekat yang melibatkan galur-galur dan famili seperti ini juga telah dilakukan dalam kajian evaluasi generasi awal (Schaalje, 1987; Bhagyalkhsmi & Somarajan, 1999).

Model linear umum hasil modifikasi ini, yaitu dengan barisan famili, barisan genotipe pengendali dan plot perbandingan dapat diturunkan dari model umum berikut:

$$y_{ijk} = \mu + \beta_k + \tau_i + \delta_{j(i)} + \varepsilon_{ijk}$$

untuk  $i = 1, 2, \dots, f$  famili tak berulang,  $(f + 1), (f + 2), \dots, c$  varietas pengendali,  $(c + 1), (c + 2), \dots, h$  varietas perbandingan;  $j = 1, 2, \dots, \leq s_i$  contoh acak (dapat berukuran tak sama), dan  $k = 1, 2, \dots, r$ ; dimana:  $\mu$  = nilai tengah umum,  $\beta_k$  = pengaruh blok ke- $k$ ,  $\tau_i$  = pengaruh genotipe ke- $i$ ,  $\delta_{j(i)}$  = pengaruh dalam contoh ke- $j$ , dan  $\varepsilon_{ijk}$  = galat percobaan. Model linear umum ini dapat

berbentuk sequensial, terdiri atas sub komponen informasi famili, pengendali dan pembanding, sehingga pengaruh genotipe ke- $i$  terdiri atas informasi antar famili ( $\varphi_{i'(k)}$ ), antar pengendali ( $\chi_{i''}$ ) dan antar pembanding ( $\eta_{i'''}$ ); dan pengaruh dalam genotipe ke- $j(i)$  terdiri atas informasi dalam famili ( $\omega_{j(i'(k))}$ ), dalam pengendali ( $\varpi_{j(i'')}$ ) dan dalam pembanding ( $\gamma_{j(i''')}$ ), masing-masing sesuai persamaan: (1)  $y_{j'(k)} = \mu + \varphi_{i'(k)} + \omega_{j(i'(k))}$  untuk informasi famili, (2)  $y_{i''jk} = \mu + \beta_{k+} \chi_{i''} + \varpi_{j(i'')}$  untuk informasi pengendali, dan (3)  $y_{i'''jk} = \mu + \eta_{i'''} + \gamma_{j(i''')}$  untuk informasi pembanding.

Model gabungan bagi ketiga persamaan sequensial di atas adalah:

$$y_{ijk} = \mu + \beta_{k+} \varphi_{i'(k)} + \chi_{i''} + \eta_{i'''} + \varphi_{i'(k)} \chi_{i''} + \omega_{j(i'(k))} + \varpi_{j(i'')} + \gamma_{j(i''')} + \varepsilon_{ijk}$$

untuk  $i' = 1, 2, \dots, f$  famili,  $i'' = i''' = 1, 2, \dots, c = h$  varietas. Pengaruh  $\varphi_{i'(k)} \chi_{i''}$  kadang-kadang tidak mempunyai makna, kecuali dalam melengkapi jumlah kuadrat bagi  $\tau_i$  tanpa mengganggu sumber keragaman dalam genotipe dan galat percobaan, sehingga boleh tidak diperhatikan selanjutnya, kecuali dalam verifikasi perhitungan manual. Demikian pula informasi dalam pembanding diasumsikan bersifat acak sehingga dalam tulisan ini, dapat digabungkan ke dalam galat percobaan. Oleh sebab itu, model linear bagi populasi bersegregasi generasi awal dapat dinyatakan sebagai:

$$y_{ijk} = \mu + \beta_{k+} \varphi_{i'(k)} + \chi_{i''} + \eta_{i'''} + \omega_{j(i'(k))} + \varpi_{j(i'')} + \varepsilon_{ijk}$$

Rancangan bagi model ini dapat disebut sebagai rancangan acak tak lengkap berblok bersekat tersarang 1-tahap (1-stage nested augmented randomized incomplete block design), atau rancangan blok bersekat tersarang 1-tahap (1-stage nested augmented block design).

### Analisis Keterbauran dan Pendugaan Parameter Genetik: Prediksi Linear Terbaik

Model dugaan bagi rancangan bersekat termodifikasi ini dapat digunakan untuk analisis keterbauran dan tujuan pendugaan parameter genetik. Keterbauran terjadi apabila informasi dalam pengendali menunjukkan pengaruh nyata. Penguraian harapan kuadrat tengah  $[E(KT)]$  analisis ragam rancangan blok bersekat tersarang 1-tahap (Tabel 1) juga menghasilkan komponen ragam dalam pengendali ( $\sigma_{WC}^2$ ) dan ragam dalam pembanding ( $\sigma_{WH}^2$ ). Dua komponen ragam ini dapat digunakan untuk menduga ragam keterbauran sesuai persamaan:  $\sigma_{Baur}^2 = \sigma_{WC}^2 - \sigma_{WH}^2$ .

Parameter nilai-nilai dan ragam-ragam genetik dapat dibangkitkan dari model rancangan blok bersekat tersarang. Nilai genetik terdiri atas nilai genetik aditif ( $A_i$ ), simpangan genetik ( $\bar{A}_i$ ) dan simpangan acak lingkungan ( $E_i$ ), masing-masing dirumuskan sebagai:  $A_i = \mu + \varphi_{i'(k)}$ ,  $\bar{A}_i = \mu + \omega_{j(i'(k))}$ ,  $E_i = \mu + (y_{ijk} - \hat{y}_{ijk})$ , sedangkan nilai genotipe ( $G_i$ ) dan fenotipe ( $P_i$ ) dinyatakan sebagai:  $G_i = \mu + \varphi_{i'(k)} + \omega_{j(i'(k))}$ , dan  $P_i = \mu + \varphi_{i'(k)} + \omega_{j(i'(k))} + (y_{ijk} - \hat{y}_{ijk})$ . Perolehan nilai genetik aditif, genotipe dan fenotipe memungkinkan pendugaan parameter genetik penting lainnya seperti analisis hubungan antar sifat dan peubah ganda dapat dilakukan pada taraf fenotipe, genotipe,

aditif dan lingkungan. Analisis model linear bagi nilai fenotipe yang dibakukan menghasilkan nilai genetik aditif sebagai nilai pemuliaan. Nilai-nilai ini merupakan nilai BLP.

Harapan kuadrat tengah analisis ragam rancangan blok bersekat tersarang (Tabel 1), juga dapat diuraikan untuk pendugaan ragam-ragam genetik (Tabel 2). Penguraian  $E(KT)$  menghasilkan  $\sigma_e^2$ ,  $\sigma_{WF}^2$ , dan  $\sigma_F^2$ , masing-masing digunakan sebagai penduga ragam lingkungan, dalam famili dan antar famili. Namun terdapat komponen ragam keterbauran ( $\sigma_{Baur}^2$ ) yang juga terdapat dalam famili dan merupakan komponen lingkungan, sehingga ragam dalam famili perlu disuai (*adjusted*) lebih dulu terhadap ragam keterbauran sesuai persamaan  $\sigma_{WF(suai)}^2 = \sigma_{WF}^2 - \sigma_{Baur}^2$ . Demikian pula ragam lingkungan berdasarkan rata-rata (*mean basis*) dapat mengambil bentuk  $\sigma_E^2 = 1/s_i (\sigma_{Baur}^2 + \sigma_e^2)$  atau berdasarkan plot (*plot basis*) menjadi  $\sigma_E^2 = \sigma_{Baur}^2 + \sigma_e^2$ .

Ragam-ragam genotipe dapat diduga untuk setiap lokus bersegregasi pada generasi awal, dengan asumsi tidak ada seleksi, frekuensi alel konstan pada  $p = q = 1/2$  (untuk populasi zuriat persilangan), dan bergantung pada koefisien inbreeding di setiap generasi.  $\sigma_F^2$  dan  $\sigma_{WF(suai)}^2$  masing-masing mengandung ragam aditif ( $\sigma_A^2$ ) dan simpangan dominan ( $\sigma_D^2$ ), dimana bahan genetik pada Generasi  $F_3$  cocok (*fit*) digunakan dalam analisis genetik dengan akurasi pendugaan yang tinggi (Bos & Caligari, 2008; Hallauer *et al.*, 2010). Pada generasi awal, khususnya pada populasi  $F_3$ , ragam aditif dan simpangan dominan merupakan komponen ragam genetik yang menyusun ragam antar famili dan dalam famili, masing-masing sesuai persamaan:  $\sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$  dan  $\sigma_{WF(suai)}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2$ , sehingga  $\sigma_G^2 = \frac{3}{2}\sigma_A^2 + \frac{3}{4}\sigma_D^2$ . Pendugaan ragam aditif dapat dilakukan melalui penyelesaian persamaan linear  $\sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$  dan  $\sigma_{WF(suai)}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2$ . Pada generasi tak hingga, atau populasi galur, diperoleh  $\sigma_F^2 = 2\sigma_A^2 = 2\sigma_G^2$  dan  $\sigma_D^2 = 0$ . Perolehan ragam genetik memungkinkan pendugaan heritabilitas dalam arti luas dan sempit. Analisis peragam sesuai pendekatan ini juga dapat menghasilkan matriks ragam-peragam sesuai penguraian komponen ragam, yang juga dapat digunakan dalam analisis hubungan genetik antar sifat (Rumalatu & Jambormias, 1998) serta penyusunan indeks seleksi bersama nilai fenotipe dan nilai pemuliaan (Hazel, 1943; Smith, 1936).

Adanya keterbauran mengindikasikan bahwa pembandingan antar famili dan galur terbaik sebaiknya menggunakan informasi genotipe pembanding bila dibandingkan dengan genotipe pengendali. Namun bila tidak terdapat keterbauran, maka gabungan informasi genotipe pembanding dan pengendali lebih meningkatkan presisi pendugaan dengan ukuran contoh yang besar, khususnya dalam menentukan batas seleksi (*selection threshold*) seperti dalam metode seleksi sifat berganda taraf penyisihan bebas (*independent culling levels*) dan seleksi ekstrim (*extreme selections*). Adanya keterbauran juga mengindikasikan nilai fenotipe generasi awal masih rentan terhadap adanya perubahan,

khususnya *fitness* dari masing-masing individu dalam famili. Misalnya bila terdapat korelasi genotipik yang tinggi antara tinggi tanaman dengan hasil biji, namun kompetisi karena jarak tanam yang rapat menyebabkan beberapa tanaman dengan postur tinggi memiliki hasil biji yang rendah. Penggunaan indeks seleksi bersama Smith-Hazel (Smith, 1936; Hazel, 1945) berhasil mengatasi kendala ini sehingga menurunkan kemungkinan kekeliruan seleksi untuk memperoleh hasil biji yang tinggi. Namun analisis pendahuluan lainnya yang tidak mendasarkan inferensinya pada hubungan antar sifat, cenderung menghasilkan BLP yang berbias terhadap parameter. Statistisi telah mengembangkan prosedur untuk menghasilkan BLUP dengan akurasi yang lebih baik dari BLP.

**BLUP dan Pemulihan Informasi Rancangan Bersekat**

MLM merupakan suatu metode analisis yang menggunakan iterasi persamaan kemungkinan maksimum (*maximum likelihood*, ML) dalam pendugaan nilai harapan dan ragam suatu atau beberapa pengaruh acak (Khuri, 2010). Pendugaan suatu pengaruh acak menghasilkan BLUP (Searle *et al.*, 1992; Mc Culloh & Searle, 2001). Ide dasar BLUP adalah pendugaan

pengaruh dalam model linear melalui pembobotan pengaruh acak dengan suatu pembobot nisbah dari hasil penguraian harapan kuadrat tengah, yang dalam hal ini adalah heritabilitas (Galwey, 2006, Piepho *et al.*, 2008). Jika heritabilitas tinggi, nilai BLUP cenderung mendekati nilai fenotipik. Sebaliknya bila heritabilitas rendah, nilai BLUP cenderung menyusut (*shrink*) terhadap nilai tengah keseluruhan (*overall mean*). Pembobotan heritabilitas memungkinkan BLUP efektif mengantisipasi heteroskedastisitas (Gbur *et al.*, 2012) dan dapat memaksimalkan korelasi antara nilai amatan dengan nilai prediksi (Searle *et al.*, 1992).

Pengembangan berbagai metode BLUP memungkinkan perbandingan bahan genetik dari populasi-populasi berbeda dievaluasi dalam lingkungan-lingkungan berbeda. Perbandingan ini berasal dari kemampuan MLM memanfaatkan informasi kekerabatan dalam sistem pemuliaan silsilah (*pedigree breeding system*), walaupun tanpa menggunakan rancangan persilangan (Piepho *et al.*, 2008). BLUP pada awalnya dikembangkan dalam pemuliaan ternak untuk menduga nilai pemuliaan (Mrode & Thompson, 2005) dan sekarang banyak digunakan di berbagai bidang penelitian.

Tabel 1. Analisis ragam rancangan acak tak lengkap berblok bersekat tersarang 1-tahap bagi analisis kekerabatan pada tanaman menyerbuk sendiri

Sumber	Derajat Bebas	Kuadrat Tengah (KT)	Harapan KT [E(KT)]
Blok	$\nu_R$	$M_R$	
Antar Pengendali	$\nu_C$	$M_C$	
Antar Famili	$\nu_F$	$M_F$	$\sigma_e^2 + \sigma_{WF}^2 + \bar{s}_i \sigma_F^2$
Antar Pembanding	$\nu_H$	$M_H$	
Dalam Pengendali	$\nu_{WC}$	$M_{WC}$	$\sigma_e^2 + \sigma_{WC}^2$
Dalam Famili	$\nu_{WF}$	$M_{WF}$	$\sigma_e^2 + \sigma_{WF}^2$
Dalam Pembanding	$\nu_{WH}$	$M_{WH}$	$\sigma_e^2 + \sigma_{WH}^2$
Sisa	$\nu_e$	$M_e$	$\sigma_e^2$

Tabel 2. Komponen ragam genotipe serta penguraian ragam genotipe atas ragam famili dan dalam famili pada generasi awal tanaman menyerbuk sendiri, dengan asumsi  $p=q=1/2$  dan  $F = 1-(1/2)^{t-2}$  (kompilasi dari Bos dan Caligari, 2008; Hallauer *et al.*, 2010)

Gene-rasi (t)	F	Komponen Ragam		
		Genotipe	Antar Famili	Dalam Famili
F <sub>1</sub>	-1	0	0	0
F <sub>2</sub>	0	$\sigma_A^2 + \sigma_D^2$	0	$\sigma_A^2 + \sigma_D^2$
F <sub>3</sub>	1/2	$\frac{3}{2}\sigma_A^2 + \frac{3}{4}\sigma_D^2$	$\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$	$\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2$
F <sub>4</sub>	3/4	$\frac{7}{4}\sigma_A^2 + \frac{7}{16}\sigma_D^2$	$\frac{3}{2}\sigma_A^2 + \frac{3}{16}\sigma_D^2$	$\frac{1}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
F <sub>t</sub>	$1 - \left(\frac{1}{2}\right)^{t-2}$	$(1+F)\sigma_A^2 + \left(\frac{F(1-2^{t-2})}{2^{t-2}} + 1\right)\sigma_D^2$	$2F\sigma_A^2 + \frac{F}{2^{t-2}}\sigma_D^2$	$(1-F)(\sigma_A^2 + \sigma_D^2)$
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
F <sub>∞</sub>	1	$2\sigma_A^2$	$2\sigma_A^2$	0

Ket.: F = koefisien inbreeding,  $\sigma_A^2$  = ragam aditif, dan  $\sigma_D^2$  = ragam dominan

BLUP untuk seleksi fenotipe juga dapat digunakan dalam pemuliaan tanaman dan pengujian varietas (Piepho *et al.*, 2008). Selain itu, karena BLUP dihasilkan dari MLM, maka BLUP dapat juga digunakan untuk pemulihan informasi nilai fenotipe yang hilang karena adanya gangguan sistematik seperti pengaruh blok pada rancangan bersekat (Schaalje, 1987; Wolfinger *et al.*, 1997; Bhagyalakshmi & Somarajan, 1999). BLUP juga dapat menghasilkan nilai pemuliaan (Satoh, 1998; Bauer *et al.*, 2006). MLM sesuai digunakan untuk perbaikan inferensia program pemuliaan dengan menggunakan rancangan bersekat berblok (Santos *et al.*, 2002).

### Penanganan Gangguan Sistematik pada Generasi Awal

Transformasi data (*data transformation*) merupakan suatu pendekatan yang umum digunakan untuk menangani gangguan sistematik dalam data. Namun transformasi data menghasilkan skala peubah respons yang berbeda dari skala nilai fenotipe. Inferensia tidak dilakukan terhadap skala nilai fenotipe, namun dalam skala transformasi. McCullagh & Nelder (1987) mengembangkan suatu kelas pemodelan untuk menangani data yang menyebar bukan normal, tak homogen, dan tak setimbang tanpa memerlukan transformasi, yang dikenal sebagai model linear terampat (*generalized linear models*, GzLM). Model ini dapat dipandang sebagai suatu bentuk model regresi dari suatu peubah respons (*response variables*)  $y$  yang menyebar menurut suatu sebaran tertentu dari famili sebaran eksponensial (Myers *et al.*, 2010). Beberapa sebaran itu adalah sebaran normal, log normal, eksponensial, gamma, non-sentral, invers-normal, beta, binom, binom negatif, geometrik, poisson, dan multinom (Gbur *et al.*, 2012). Oleh sebab itu, GzLM mampu menangani permasalahan sebaran peubah respons, baik yang menyebar normal maupun tak normal (Khuri, 2010; Myers *et al.*, 2010, Gbur *et al.*, 2012).

GzLM hanya mencakup anggota famili sebaran eksponensial, tetapi tidak meliputi sebagian besar sebaran penting lainnya seperti sebaran Weibull. Cordeiro dan de Andrade (2009) mengembangkan suatu kelas pemodelan baru lainnya melalui perluasan transformasi Box-Cox (*Box-Cox models*, BCM) ke dalam GzLM yang disebutnya sebagai model linear terampat tertransformasi (*transformed generalized linear models*, TGzLM). Kelas pemodelan ini tergolong sangat tegar (*robust*) untuk menangani heteroskedastisitas dan fungsi non-linear. Walaupun demikian, baik GzLM maupun TGzLM tidak dapat digunakan untuk memperoleh BLUP karena penggunaannya terbatas pada pengaruh faktor tetap. BLUP bagi kedua model ini dihasilkan dari perluasan dan penyederhanaan model dengan pendekatan MLM, masing-masing menghasilkan kelas pemodelan baru yang disebut model campuran linear terampat (GLMM) dan model linear campuran tertransformasi (TLMM). Secara teknis, model terakhir ini menggunakan nilai fenotipe transformasi Box-Cox

dengan analisis MLM yang sudah umum diketahui, sehingga tidak diuraikan lebih lanjut.

Persamaan regresi bagi GLMM untuk satu faktor tetap dan satu faktor acak dalam bentuk yang sederhana dapat dituliskan sebagai (Gbur *et al.*, 2012):

$$y_{ijk} = \beta_0 + \sum_{k=1}^p \beta_k x_{kj} + \sum_{i=1}^q z_{ij} u_i + \varepsilon_{ijk}$$

dimana  $\beta_0$  = nilai tengah keseluruhan (*overall mean*),  $\beta_k$  = koefisien pengaruh tetap faktor ke- $k$ ,  $x_{kj}$  = peubah penjelas (*explanatory variable*) ke- $k$  dan pengamatan ke- $j$ ,  $u_i$  = pengaruh acak faktor ke- $i$ ,  $z_{ij}$  = peubah indikator biner untuk pengaruh acak faktor ke- $i$  dan pengamatan ke- $j$ , dan  $\varepsilon_{ijk}$  = pengaruh sisa. Sebagai suatu model regresi, model dugaan persamaan di atas juga dapat ditulis dalam bentuk persamaan matriks (Myers *et al.*, 2010):

$$E(\mathbf{y}|\mathbf{u}) = g^{-1}(\theta) = g^{-1}(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}),$$

atau secara singkat ditulis sebagai:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}$$

dengan matriks ragam-peragam  $\mathbf{S} = \mathbf{A}^{1/2}(\theta)\mathbf{R}\mathbf{A}^{1/2}(\theta)$  dimana  $\mathbf{y}$  = vektor peubah respons berdimensi  $1 \times p$ ,  $\mathbf{X}$  = matriks rancangan peubah bebas pengaruh tetap ke- $k$  berdimensi  $n \times (p + 1)$ ,  $\boldsymbol{\beta}$  = vektor koefisien regresi pengaruh tetap,  $\mathbf{Z}$  = matriks peubah indikator biner untuk pengaruh acak ke- $i$  berdimensi  $n \times k$ ,  $\mathbf{u}$  = vektor koefisien regresi pengaruh acak peubah indikator biner.  $\theta$  adalah prediktor linear yang diberikan oleh  $\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{A}(\theta)$  = matriks diagonal yang mengandung fungsi ragam yang berasosiasi dengan asumsi sebaran peluang peubah respons dan dievaluasi pada prediktor linear, dan  $\mathbf{R}$  adalah matriks korelasi yang bertalian dengan matriks  $\mathbf{A}(\theta)$ . Setiap GzLM dan GLMM mempunyai tiga komponen, yaitu suatu **sebaran peubah respons** (kadang-kadang disebut struktur galat), suatu **prediktor linear**, dan suatu **fungsi penghubung** (*link function*)  $g$  yang menghubungkan prediktor linear dengan rerata alami dari peubah respons. Iterasi dengan suatu teknik optimasi (umumnya *dual quasi Newton* atau *dual quasi Newton-Raphson*) berlangsung melalui fungsi penghubung hingga terdapat konvergensi antara prediktor linear dengan rerata alami peubah respons. Metode pendugaan parameter dalam proses iterasi ini menggunakan salah satu metode ML, misalnya *quasi-maximum likelihood* pada GLMM.

Secara ringkas pula, perluasan bagi populasi bersegregasi dengan model rancangan blok bersekat tersarang 1-tahap menghasilkan model:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}(\mathbf{G})_i \mathbf{u}_i + \mathbf{Z}(\mathbf{W})_{ij} \mathbf{u}_{ij} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

atau dalam model sekuensial:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}(\mathbf{G})_{i'} \mathbf{u}_{i'} + \mathbf{Z}(\mathbf{G})_{i''} \mathbf{u}_{i''} + \mathbf{Z}(\mathbf{G})_{i'''} \mathbf{u}_{i'''} + \mathbf{Z}(\mathbf{W})_{i'j} \mathbf{u}_{i'j} + \mathbf{Z}(\mathbf{W})_{i''j} \mathbf{u}_{i''j} + \mathbf{Z}(\mathbf{W})_{i'''j} \mathbf{u}_{i'''j} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

dimana  $\boldsymbol{\beta}$  = vektor pengaruh acak blok ke- $k$ ,  $u_i$  = vektor pengaruh acak genotipe ke- $i$ ,  $u_{ij}$  = vektor peubah indikator biner untuk pengaruh acak dalam genotipe ke- $i$  dan pengamatan ke- $j$ , untuk  $i'$ ,  $i''$  dan  $i'''$  masing-masing berkaitan dengan informasi sekuensial sub faktor famili ke- $i'$ , pengendali ke- $i''$  dan pembanding ke- $i'''$ , dan  $\boldsymbol{\varepsilon}$  = pengaruh sisa; dan  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}(\mathbf{G})$  dan  $\mathbf{Z}(\mathbf{W})$  masing-masing

adalah matriks rancangan untuk vektor pengaruh  $X$ ,  $u_i$  dan  $u_{ij}$ .

GLMM walaupun sangat efektif, namun pendugaan parameter berbasis iterasi metode ML pada populasi berukuran besar dengan program komputer seperti SAS memerlukan waktu yang sangat lama, sehingga lebih tepat digunakan pada data berukuran kecil sampai sedang, misalnya dengan ukuran famili  $\leq 100$  dan ukuran contoh famili  $\leq 30$ . Penyederhanaan kelas pemodelan TGzLM yang dikemukakan Cordeiro & de Andrade (2009) sebagai MLM, yaitu kelas pemodelan TLMM, menghasilkan BLUP yang sama baiknya dengan GLMM. Namun demikian, karena TLMM dihasilkan dari transformasi Box-Cox, sehingga memerlukan transformasi balik.

Program SAS menyediakan prosedur PROC GLIMMIX dan PROC MIXED masing-masing untuk analisis GLMM dan TLMM. Littell *et al.* (2006) memberikan teladan untuk memperoleh BLUP dengan kedua prosedur SAS ini, baik pada skala penghubung maupun skala asal. GLMM dan TLMM menghasilkan BLUE bagi faktor tetap dan BLUP bagi faktor acak. BLUP model ini memiliki kemampuan yang lebih baik untuk meningkatkan validitas, akurasi dan presisi dari prediksi nilai genetik, khususnya bila sifat kuantitatif merupakan peubah respons yang menyebar tak normal dan rancangan percobaan tak setimbang (*unbalance design*). Model ini dapat digunakan untuk menguraikan informasi famili dan dalam famili pada populasi bersegregasi sehingga BLUP nilai aditif (pemuliaan), simpangan genetik dan nilai fenotipe GLMM dan TLMM memiliki akurasi dan presisi yang lebih baik dari BLUP MLM dan model BLP GLM.

### KESIMPULAN

Kesimpulan dari ulasan ini adalah: 1) Populasi generasi awal tanaman menyerbuk sendiri umumnya telah terdiri atas famili-famili, khususnya setelah generasi F2. Famili-famili ini umumnya heterogen bila berasal dari hasil kawin sendiri individu yang heterozigot, dan homogen bila berasal dari hasil kawin sendiri individu yang homogen. Akibatnya, antar famili generasi awal cenderung heterogen dan menyebar tak normal; 2) Generasi awal tanaman menyerbuk sendiri dapat disusun atas informasi antar famili dan dalam famili. Analisis berbasis informasi kekerabatan pada generasi awal seperti ini dapat menghasilkan parameter genetik nilai harapan dan ragam bagi sifat-sifat kuantitatif; 3) Rancangan bersekat merupakan rancangan tanpa ulangan untuk sebagian besar perlakuan dalam suatu percobaan. Famili-famili generasi awal tidak dapat diulang. Oleh sebab itu rancangan ini dapat digunakan untuk mengendalikan pengaruh lingkungan pada keadaan famili-famili generasi awal tidak dapat ditanam dalam blok-blok berbeda untuk pengendalian lokal (*local control*); 4) Modifikasi rancangan bersekat melalui penggunaan genotipe pembanding yang berperilaku acak dan analisis anak contoh berbasis informasi kekerabatan

dapat mengeksplorasi simpangan genetik non aditif dan pengaruh keterbauran pada populasi generasi awal tanaman menyerbuk sendiri; 5) BLUP merupakan nilai prediksi tak bias linear terbaik dari suatu model linear campuran yang memiliki akurasi prediksi lebih baik dari model linear dengan pengaruh tetap yang umumnya digunakan dalam analisis data percobaan pemuliaan tanaman; dan 6) Gangguan sistematik dari faktor lingkungan dan genetik non aditif yang sering terjadi pada percobaan yang melibatkan bahan genetik generasi awal dapat ditanggulangi melalui penggunaan model linear campuran terampat dan model campuran linear tertransformasi. Model ini dapat menghasilkan BLUP dari suatu peubah respons yang menyebar tak normal. BLUP model ini memiliki akurasi tinggi karena prediksi nilai fenotipe, genotipe dan pemuliaan dilakukan sesuai dengan model sebaran peluang suatu peubah respons.

### DAFTAR PUSTAKA

- Bauer, A.M., T.C. Reetz, & J. Léon. 2006. Estimation of breeding value of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. *Crop Sci.* **46**: 2685-2691.
- Bhagyalakshmi, K.V., & K.G. Somarajan. 1999. A modified augmented design for early selection stage in sugarcane and its limitation. *Sugar Tech.* **1**: 63-68.
- Bos, I., & P. Caligari. 2008. Selection Methods in Plant Breeding. 2<sup>nd</sup> ed. Springer. New York. p. 37, 179-180, 217-223, 254-256.
- Cerón-Rojas, J.J., F. Castillo-González, J. Sahagún-Castellanos, A. Santacruz-Verela, I. Benitez-Riquelme, & J. Crossa. 2008. A molecular selection index method based on eigenanalysis. *Genetics* **180**:547-557.
- Cordeiro, G.M. & M.G. de Andrade. 2009. Transformed generalized linear models. *J. Stat. Plann. Inference* **139**: 2970-2987.
- CropStat Inc. 2007. Help Topics CropStat 7.2. International Rice Research Institute, DAPO Metro, Manila.
- Federer, W.T. 1956. Augmented designs. *Hawaiian Planters Record* **55**: 191-208.
- Federer, W.T. 1961. Augmented design with one-way elimination of heterogeneity. *Biometrics* **17**: 447-473.
- Federer, W.T., & D. Raghavarao, 1975. On augmented design. *Biometrics* **31**: 29-35.
- Federer, W.T. 1994. Augmented experiment designs with recovery of interblock and intervariety information. <http://ecommons.library.cornell.edu/bitstream/1813/31854/1/BU-1266-M.pdf>
- Galwey, N.W. 2006. Introduction to Mixed Modeling. Beyond Regression and Analysis of Variance. John Wiley & Sons Ltd., Chichester. p154-162.
- Gbur, E.E., W.W. Stroup, K.S. McCarter, S. Durham, L.J. Young, M. Christman, M. West, & M. Kramer. 2012. Analysis of Generalized Linear Mixed Models in The Agricultural and Natural

- Resources Sciences. American Society of Agronomy, Soil Science Society of America, Crop Science Society of America, Inc., Madison. p59-196.
- Hallauer, A.R., M.J. Carena, & J.B. Miranda Filho. 2010. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer, New York. p. 54.
- Hazel, I.N. 1943. The genetic basis for constructing a selection indexes. *Genetics* 28:476-490.
- Itoh, Y., & Y. Yamada. 1988. Linear selection indeces for non-linear profit functions. *Theor. Appl. Genet.* 75: 731-735.
- Jambormias, E. & J. Riry. 2009. Penyesuaian data dan penggunaan informasi kekerabatan untuk mendeteksi segregan transgresif sifat kuantitatif pada tanaman menyerbuk sendiri (suatu pendekatan dalam seleksi). *Jurnal Budidaya Pertanian* 5: 11-18.
- Jambormias, E., S.H. Sutjahjo, M. Jusuf, & Suharsono. 2011. Using information from relatives and path analysis to select for yield and seed size in soybean (*Glycine max* L. Merrill). *SABRAO J. Breed. Genet.* 43: 44-58.
- Kempthorne, O., & A.W. Nordskog. 1959. Restricted selection indeces. *Biometrics* 15: 10-19.
- Khuri, A.I. 2010. *Linear Model Methodology*. CRC, Boca Raton. p. 349-421, 473-506.
- Kuczyńska, A., M. Surma, & T. Adamski. 2007. Methods to predict transgressive segregation in barley. *J. Appl. Genet.* 48:321-328.
- Littell, R.C., G.A. Miliken, W.W. Stroup, R.D. Wolfinger, & O. Schabenberger. 2006. *SAS for Mixed Models*. 2<sup>nd</sup> Ed. SAS Institute Inc. New York, p. 549-553.
- McCullagh, P., & J.A. Nelder. 1989. *Generalized Linear Models*. Chapman and Hall, London. p. 21-44.
- McCulloch, C.E., & S.R. Searle. 2001. *Generalized, Linear and Mixed Models*. John Wiley & Sons. Inc., New York. p254-256.
- Mrode, R.A. & R. Thompson, 2005. *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. 2<sup>nd</sup> Ed. Walingword UK: CABI Publishing. p. 39.
- Myers, R.H., D.C. Montgomery, G.G. Vining, & T.J. Robinson. 2010. *Generalized Linear Models with Applications in Engineering and the Sciences*. 2<sup>nd</sup> Ed. A John Wiley and Sons, Inc. New Jersey. p. 202-264, 319-382.
- Piepho, H.P., J. Möhring, A.E. Melchinger, & A. Bücshe, 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161: 209-228.
- Rumalatu, F.J. & E. Jambormias. 1998. Analisis regresi genotipe dan peranannya dalam penentuan indikator seleksi sifat bernilai ekonomis. *GOTI* 4: 70-75.
- Santos, A., E. Bearzoti, D.F. Ferreira, & J.L. da Silva Filho. 2002. Simulation of mixed models in Augmented Block Design. *Scientia Agricola* 59: 483-489.
- Satoh, 1998. A simple method of computing restricted best linear unbiased prediction of breeding values. *Genet. Sel. Evol.* 30: 89-101.
- Schaalje, G.B., D.R. Lynch, & G.C. Kosub. 1987. Field evaluation of a modified augmented design for early stage selection involving a large number of test lines without replication. *Potato Research* 30: 35-45.
- Searle, S.R., G. Casella, & C.E. McCulloch. 1992. *Variance Components*. Wiley, New York. p269-275.
- Smith, H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7: 240-250.
- Steel, R.G.D., J.H. Torrie, & D.A. Dickey. 1997. *Principles and Procedures of Statistics. A Biometrical Approach*. 3<sup>th</sup> ed. McGraw-Hill Companies Inc., New York.
- Wolfinger, R.D., W.T. Federer, & O. Cordero-Brana, 1997. Recovering information in augmented designs, using SAS PROC GLM and PROC MIXED. *Agron J.* 89: 856-859.
- Yadav, B., C.S. Tyagi, & D. Singh. 1998. Genetics of transgressive segregation for yield and yield components in wheat. *Ann. Appl. Biol.* 133: 227-235.