

PENERAPAN MODEL LINIER CAMPURAN UNTUK ANALISIS DATA PADA PROGRAM PEMULIAAN KELAPA SAWIT

Triningsih*, Heri Adriwan Siregar, dan Yurna Yenni

Abstrak - Program pemuliaan kelapa sawit untuk menghasilkan varietas unggul membutuhkan analisis statistik yang efektif. Model Linier Campuran atau *Mixed Linear Model* (MLM) merupakan pendekatan yang populer untuk menganalisis data pemuliaan. Tulisan ini membahas pentingnya analisis model linier campuran dalam pemuliaan kelapa sawit dan bagaimana metode ini dapat mengatasi kendala dalam pengujian pemuliaan di lapangan. MLM memungkinkan pemodelan efek tetap dan efek acak, mengakomodasi data yang tidak seimbang, serta mengintegrasikan informasi kekerabatan. Selain itu, model ini dapat menangani data yang berkorelasi dan memberikan estimasi yang lebih akurat dan efisien. Implementasi model linier campuran pada *resolvable design* dan analisis GxE memberikan hasil yang kuat dan dapat diandalkan dalam seleksi varietas kelapa sawit unggul. Dengan menggunakan metode *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP), data pemuliaan kelapa sawit dapat diolah dengan baik untuk menduga parameter genetik dan memprediksi nilai pemuliaan meskipun data yang digunakan “berantakan”. Penerapan analisis model linier campuran dalam pemuliaan kelapa sawit dapat menjadi alat bantu untuk meningkatkan efisiensi dan keberhasilan percobaan pemuliaan kelapa sawit dalam menghasilkan varietas unggul yang berkelanjutan.

Kata kunci: BLUP, efek tetap, efek acak, kelapa sawit, model linier campuran

PENDAHULUAN

Kelapa sawit merupakan salah satu tanaman industri yang sangat penting, dikarenakan oleh kemampuannya untuk menghasilkan minyak nabati yang banyak dibutuhkan berbagai sektor industri (Kementerian Perdagangan Republik Indonesia, 2013). Perkebunan kelapa sawit di Indonesia merupakan yang terluas di dunia dengan luas penanaman sekitar 14,98 juta hektar dan produksi nasional 45,58 juta ton pada 2022 (BPS, 2023) yang menempatkan Indonesia sebagai pengeksport utama minyak nabati. Permintaan minyak kelapa sawit diperkirakan akan terus mengalami peningkatan (Khatiwada et al., 2018) sehingga membuat pelaku usaha kelapa sawit terus berupaya untuk memenuhi permintaan tersebut, salah satunya melalui penyediaan varietas unggul.

Varietas unggul kelapa sawit dirakit melalui program pemuliaan yang berfokus pada peningkatan hibrida

dengan cara mengumpulkan secara bertahap gen-gen menguntungkan (fiksasi gen) sekaligus menjaga keragaman genetik (Okoye et al., 2016), kemudian mengeksploitasi efek heterosisnya (keunggulan hasil) (Suprianto et al., 2019). Salah satu skema seleksi yang digunakan adalah *Reciprocal Recurrent Selection* (RRS) dengan tujuan untuk memperbaiki dua populasi yang berbeda agar dapat bergabung dengan baik satu sama lain (Ithnin dan Kushairi, 2020). Setiawan (2017) menyatakan siklus perbaikan sifat tanaman kelapa sawit melalui persilangan konvensional memakan waktu 15-20 tahun dalam satu siklus. Siklus seleksi yang lama disebabkan oleh pengumpulan data fenotipe pada pengujian keturunan, dimana pengujian tersebut membutuhkan area yang luas (Purba et al., 2001). Tanaman kelapa sawit juga rentan terhadap perubahan lingkungan, cuaca, suhu, dan serangan hama penyakit selama siklus hidupnya (Alam dan Begum, 2015) yang dapat menyebabkan data pengamatan tidak lengkap.

Berbagai kendala yang disebutkan sebelumnya menjadi faktor-faktor yang perlu dipertimbangkan untuk menganalisis data percobaan kelapa sawit. Karakteristik khusus dari setiap tahap dalam proses pemuliaan perlu strategi pemodelan statistik yang berbeda (Balzarini, 2000). Searle et al. (2009)

Penulis yang tidak disertai dengan catatan kaki instansi adalah peneliti pada Pusat Penelitian Kelapa Sawit

Tri Ningsih* (✉)
Pusat Penelitian Kelapa Sawit
Jl. Brigjen Katamso No. 51 Medan 20158, Indonesia

Email: triningsih271@gmail.com

menyatakan analisis model linier campuran telah menjadi alat yang populer untuk menganalisis data pemuliaan pada beberapa dekade terakhir. Analisis model campuran menggunakan estimasi linier tak bias terbaik (BLUE) untuk efek tetap dan prediksi linier tak bias terbaik (BLUP) untuk efek acak (Henderson, 1985), model ini telah terbukti menjadi kerangka kerja yang efektif untuk menganalisis data fenotipik dan SNP pada program pemuliaan (Bernardo, 2020). Purba et al. (2001) telah berhasil melakukan analisis model campuran dengan metode REML dan BLUP untuk set data agronomi dan *pedigree* yang tidak seimbang pada kelapa sawit. Analisis percobaan kelapa sawit dengan model campuran *Alpha design* juga telah dilakukan oleh Verdooren (2019) pada persilangan *connected diallel* yang tidak lengkap.

Analisis model campuran memberikan dua keuntungan utama yaitu menangani data yang tidak seimbang dan dapat menggabungkan informasi kekerabatan (Bernardo, 2020). Oleh karena itu, dengan model campuran, masalah yang timbul dari data yang seimbang dan tidak seimbang, data yang berkorelasi, plot yang hilang, jumlah sampel dan ragam yang tidak sama dapat ditangani (Iguodala et al., 2016). Secara umum, tulisan ini memberikan pandangan tentang kerangka kerja dan pentingnya model linier campuran untuk menganalisis data percobaan pemuliaan kelapa sawit, serta sejauh mana perkembangan metode statistik ini sudah diterapkan pada percobaan pemuliaan kelapa sawit.

MODEL LINIER CAMPURAN

Model linier adalah sebuah model yang menggambarkan hubungan antara dua atau lebih variabel (Van den berg, 2022). Model linier campuran merupakan perluasan dari model linier dengan menambahkan efek acak (Searle et al., 2009). Brown (2021) menyebutkan model efek campuran disebut “campuran” karena model ini secara simultan memodelkan efek tetap dan efek acak.

Pada awalnya, model linier campuran digunakan secara luas pada program pemuliaan hewan dan masih terbatas pada pemuliaan tanaman (Smith dan Cullis, 2018). Namun, sejak 2000-an, analisis model linier campuran sudah banyak digunakan dan menjadi hal yang biasa dalam program pemuliaan tanaman (Bernardo, 2020). Model tersebut telah digunakan untuk berbagai tujuan seperti prediksi performa

hibrida, pemodelan genotipe dengan interaksi lingkungan dan lain-lain (Pathy dan Mohanraj, 2021).

Efek Tetap dan Efek Acak

Sebagaimana telah disebutkan sebelumnya, model campuran memiliki efek tetap dan efek acak dalam satu rancangan. Perbedaan antara tetap dan acak berlaku untuk komponen model yang tidak diketahui, efek tetap adalah variabel yang diketahui akan tetap sama selama pengambilan sampel berulang, sedangkan efek acak tidak (Isik et al., 2017).

Efek tetap memodelkan tren rata-rata, sedangkan efek acak memodelkan sejauh mana tren ini bervariasi pada tingkatan faktor (Brown, 2021). Hal yang sama diungkapkan oleh Jiang and Nguyen (2021), jika seseorang tertarik untuk membandingkan rata-rata antara tingkat variabel, variabel tersebut dianggap sebagai efek tetap. Sebaliknya, perbandingan rata-rata di antara tingkat variabel efek acak umumnya tidak menarik, akan tetapi ketertarikan terletak pada penghitungan ragamnya.

Upaya untuk menentukan apakah serangkaian efek bersifat tetap atau acak, konteks data, cara pengumpulan data, dan lingkungan tempat data tersebut diperoleh merupakan faktor penentu. Jika efek memiliki distribusi peluang maka efeknya akan dianggap sebagai efek acak; jika tidak, maka dianggap sebagai konstanta tetap sehingga efeknya dianggap sebagai efek tetap. Efek acak berguna untuk membuat kesimpulan tentang ragam dari variabel acak (McCulloch dan Searle, 2001) dan biasanya digunakan dalam percobaan genetik untuk memperkirakan komponen genetik dan lingkungan dari ragam dan heritabilitas (Soh et al., 2017).

Sebagian besar percobaan pemuliaan memiliki beberapa aspek model campuran. Efek genetik diasumsikan sebagai acak karena kedua tetua berkontribusi secara acak sebesar setengah dari susunan genetiknya sehingga pasangan alel yang diwariskan kepada keturunannya berbeda pada setiap keturunannya (Balzarini 2000). Beberapa penentuan efek tetap dan efek acak disebutkan di berbagai percobaan pemuliaan. Pada percobaan multilokasi, jika lingkungan merupakan sampel dari banyak lokasi, maka efek lingkungan dianggap sebagai efek acak dan genotipe merupakan efek tetap sehingga penilaian terhadap rata-rata hasil suatu genotipe di

lingkungan tersebut dianggap sebagai prediksi bukan estimasi (Searle et al., 2009). Pada percobaan uji coba varietas jagung tahan kekeringan di Ghana menggunakan *mother and baby design* pada beberapa tahun, lokasi, dan petani yang berbeda-beda, efek tetapnya adalah varietas, sedangkan efek acak adalah tahun, lokasi dan petani (Buah et al., 2013).

Pendugaan Komponen Ragam

Pendugaan komponen ragam dapat dilakukan menggunakan beberapa metode, antara lain metode ANOVA, Metode *Maximum likelihood* (ML), *Restricted Maximum Likelihood* (REML). Menurut Salinas Ruiz et al. (2023), metode estimasi standar yang digunakan pada model campuran adalah metode kemungkinan maksimum (*Maximum Likelihood* selanjutnya disingkat ML) dan metode kemungkinan maksimum terbatas (*Restricted Maximum Likelihood* selanjutnya disingkat REML). Selanjutnya pada tulisan ini akan dibahas mengenai penggunaan pendugaan komponen ragam ML dan REML.

Held and Bove (2020) menjelaskan fungsi *likelihood* adalah konsep dasar yang digunakan dalam estimasi kemungkinan maksimum untuk mengukur peluang mendapatkan satu set data observasi tertentu dan menggambarkan seberapa besar kemungkinan data yang diamati. Likelihood memberikan dasar untuk melakukan inferensi tentang nilai-nilai parameter dalam model statistik, memungkinkan peneliti untuk membuat perkiraan yang lebih baik tentang sejauh mana model sesuai dengan data yang diamati (Etz, 2018). Amalia et al. (2021) menyatakan fungsi likelihood $L(\theta)$ didefinisikan sebagai fungsi kepadatan probabilitas gabungan: $L(\theta) = f(x_1, \dots, x_n, \theta)$ dengan θ merupakan sekumpulan parameter dari sampel variabel acak independen dan berdistribusi identik X_1, X_2, \dots, X_n .

Tujuan estimasi ML adalah memaksimalkan peluang pengamatan data yang diberikan ((McCulloch dan Searle, 2001). Dalam estimasi ML, fungsi *likelihood* dimaksimalkan dengan mempertimbangkan efek tetap dan efek acak, namun dalam mengestimasi komponen ragam, ML cenderung bias karena memasukkan efek tetap yang mempunyai beberapa variasi yang seharusnya dikaitkan dengan efek acak (Searle et al., 2009).

Metode REML sangat berguna untuk mengestimasi komponen ragam dengan mengestimasi komponen pertama adalah parameter tetap, sedangkan yang kedua adalah parameter acak, selanjutnya setiap komponen dimaksimalkan secara terpisah (Salinas Ruiz et al., 2023). Estimasi REML ideal untuk analisis set data pemuliaan yang kompleks dan memperhitungkan derajat bebas yang digunakan dalam mengestimasi efek tetap (Isik et al, 2017). Estimasi REML juga mengatasi masalah bias pada estimasi ML dengan mengeluarkan efek tetap pada fungsi *likelihood* (McCulloch dan Searle, 2001). Penduga REML lebih baik dibanding ML karena cenderung menghasilkan *mean square error* lebih kecil (Nusrang dan Annas, 2018). Isik et al. (2017) menambahkan REML didasarkan pada maksimalisasi fungsi *likelihood* (peluang mengamati data dengan satu set parameter) yang berarti estimasi ragam dan peragam yang dipilih oleh REML adalah yang paling mungkin memberikan data yang diamati.

Model Statistik

Model linier campuran atau dikenal dengan komponen ragam merupakan perluasan dari model linier yaitu dengan menambahkan efek acak. Bentuk umum model linier campuran oleh Henderson (1985) sebagai berikut:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon \quad E \begin{bmatrix} u \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} u \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \sigma^2 \quad (1)$$

dimana X adalah matriks desain dari efek tetap yang teramati, β adalah vektor parameter pengaruh efek tetap yang tidak diketahui, Z adalah matriks desain efek acak yang teramati, u adalah vektor efek acak yang tidak diketahui, dan ε adalah vektor galat acak yang tidak diketahui dan tidak lagi bersifat bebas. Sehingga nilai tengah dan matriks ragam-peragam y adalah $E(y) = X\beta$ dan $\text{var}(y) = ZGZ' + R$.

Penduga efek tetap $\hat{\beta}$ dan \hat{u} sebagai penduga β dan u, maka kedua turunan parsial di atas akan menghasilkan persamaan sebagai berikut:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (2)$$

Bila matriks G dan R diketahui, maka penduga bagi β dan u adalah sebagai berikut :

$$\begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X' \\ Z' \end{bmatrix} R^{-1}y \quad (3)$$

Dari persamaan matriks di atas, penduga efek β dapat dinyatakan sebagai

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad (4)$$

Penduga efek tetap $\hat{\beta}$ adalah penduga GLS (generalized least squares) dan $X\hat{\beta}$ adalah BLUE (*best linier unbiased estimator*) untuk $X\beta$. Bila y mempunyai sebaran normal, maka $\hat{\beta}$ adalah MLE (*maximum likelihood estimator*). Penduga efek acak \hat{u} pada model linier campuran dapat dinyatakan sebagai

$$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) \text{ yang merupakan BLUP dari } u$$

(Christensen, 2019). Hal ini seperti yang dikemukakan oleh Mackay et al. (2019), ketika efek genotipe dianggap tetap maka menjadi bagian dari β dalam model campuran. Namun, ketika genotipe dianggap acak, efek genotipe menjadi bagian dari u dan diprediksi dengan BLUP.

Purba et al. (2001) mendeskripsikan persamaan model linier campuran pada percobaan pemuliaan kelapa sawit pada n pengamatan percobaan dari p persilangan yang berasal dari tetua P_A dari A dan tetua P_B dari B yang telah diuji pada uji keturunan t sebagai berikut :

$$y_{AB} = X\beta + Z_1a_{(A)} + Z_2a_{(B)} + Zd + e \quad (5)$$

dimana,

$y_{AB} = n \times 1$ vektor dari karakter yang diamati

$\beta = t \times 1$ vektor dari pengaruh percobaan (efek tetap),

$a_{(A)} = P_A \times 1$ vektor dari efek genetik aditif dari tetua A (efek acak), dengan $\text{Var}[a_{(A)}] = V_{A(A)} \times A_1$

$a_{(B)} = P_B \times 1$ vektor efek genetik aditif dari tetua B (efek acak), dengan $\text{Var}[a_{(b)}] = V_{A(B)} \times A_2$

$d = p \times 1$ vektor efek genetik dominasi (efek acak),

dengan $\text{Var}(d) = V_D \times D$

$e = n \times 1$ vektor dari efek residu dengan Var

$$(e) = V_R \times I_n,$$

$X(n \times t)$, $Z_1(n \times P_A)$, $Z_2(n \times P_B)$ dan $Z(n \times p)$

adalah matriks kejadian yang menghubungkan efek-efek di atas dengan y , $A_1(P_A \times P_A)$ dan $A_2(P_B \times P_B)$

adalah matriks coefficient of parentage antara tetua di kedua kelompok, D adalah matriks $p \times p$ yang berlaku pada persilangan antara baris dengan persilangan $A \times B$ dan kolom berdasarkan persilangan $A' \times B'$ sama dengan $f_{AA'} \times f_{BB'}$.

Henderson (1985) menjelaskan efek tetap β diestimasi dan semua efek acak diprediksi dengan persamaan model campuran. Efek tetap dapat diestimasi dengan Estimasi Linier Tidak Bias Terbaik (BLUE), sedangkan efek acak diprediksi dengan BLUP.

KEKUATAN ANALISIS MODEL LINIER CAMPURAN

Kekurangan analisis menggunakan ANOVA dan regresi berganda dapat ditangani dengan menggunakan model linier campuran (Brown, 2021). Model linier campuran sangat berguna ketika berhadapan dengan data yang berkorelasi atau berkelompok dan hierarki atau bersarang pada pengukuran data yang berulang-ulang (West et al., 2022). Seperti diketahui, percobaan kelapa sawit memerlukan waktu 8-10 tahun pengamatan sifat (karakter) yang berulang-ulang untuk mengetahui persilangan yang terbaik.

Model yang kuat dan akurat diperlukan dalam mengevaluasi percobaan yang kompleks (seperti percobaan multilokasi atau percobaan multi-tahun) sehingga penggunaan model campuran semakin populer dalam program pemuliaan tanaman (Nardino et al., 2016). Hal ini terutama disebabkan oleh adanya efek lokal/tahun yang dianggap sebagai faktor acak dalam banyak kasus, sehingga hasil inferensinya lebih bersifat umum (Piepho et al., 2008). Penambahan efek acak sebagai bagian dari model menyebabkan penyusutan estimasi terhadap rata-rata keseluruhan (Hossain et al., 2017) dan dapat mengakomodasi struktur peragam (Salinas Ruiz et al., 2023) sehingga menghasilkan kesimpulan yang lebih kuat dan dapat dipercaya.

Analisis model campuran juga dapat menangani data yang tidak seimbang atau tidak

lengkap, yaitu tidak semua subjek memiliki jumlah pengamatan yang sama. Model ini memungkinkan fleksibilitas dalam menangani data yang tidak seimbang dengan mengestimasi nilai yang hilang melalui estimasi kemungkinan maksimum (Iguodala et al., 2016).

Metode analisis linear campuran berbasis REML/BLUP memiliki kelebihan jarang terpengaruh oleh sifat non-aditif dan oleh ketidakseimbangan percobaan, berbeda dengan model berbasis ANOVA (Hu, 2015). Soh et al. (2017) menambahkan bahwa metode BLUP berguna dalam analisis data yang "berantakan", faktor-faktor yang berantakan dijadikan sebagai efek tetap dan dihilangkan untuk memberikan estimasi yang lebih baik dari efek acak (perlakuan). Penerapan model BLUP ini dapat dimanfaatkan dengan baik dalam pemuliaan kelapa sawit tidak hanya untuk menangani data yang berantakan, tetapi juga memanfaatkan informasi kekerabatan, memperhitungkan tren genetik atau lingkungan, dan juga menggabungkan fungsi nilai genetik secara keseluruhan untuk seleksi beberapa sifat (Soh, 1994). Metodologi BLUP juga memungkinkan estimasi variasi genetik dari data yang dihasilkan program pemuliaan rutin bahkan tanpa memerlukan desain persilangan dan sangat berguna dalam persilangan hibrida antar populasi (Bernardo 2020).

IMPLEMENTASI PADA PROGRAM PEMULIAAN KELAPA SAWIT

Implementasi dari model linier campuran bergantung pada tujuan, desain, struktur data dan genetik yang digunakan dalam percobaan (Christensen, 2019). Di bawah ini akan dibahas beberapa implementasi model linier campuran di berbagai percobaan pemuliaan kelapa sawit.

Resolvable Design

Rancangan kelompok tidak lengkap seimbang yang terdiri dari blok-blok kecil yang tidak lengkap di dalam setiap ulangan lengkap disebut *resolvable design* (Agrawal et al., 2018). Pada rancangan ini, perlakuan dan ulangan merupakan faktor tetap dan blok yang tidak lengkap di dalam

ulangan dianggap acak sehingga memungkinkan pemulihan informasi antar blok yang memberikan estimasi lebih baik dari perbedaan perlakuan (Soh et al., 2017). Beberapa contoh dari *resolvable design* antara lain *alpha lattice design*, *row-column lattice design*, *augmented design* (Hoefler, 2020), namun yang paling umum digunakan pada percobaan pemuliaan kelapa sawit adalah *alpha design*.

Percobaan *alpha design* merupakan alternatif bagi pemuliaan kelapa sawit dalam pengujian genotipe/varietas untuk mengurangi luasan area pengujian (Verdooren, 2019). Pada rancangan ini, tidak semua progeni kelapa sawit muncul dalam setiap blok, namun lengkap di setiap ulangan sehingga semua progeni seimbang pada setiap ulangan (Sitepu et al., 2019). Dalam uji pemuliaan kelapa sawit, *alpha design* sangat berguna untuk membuat skema persilangan diallel parsial terhubung atau diallel tidak lengkap antara induk betina dura dan induk jantan pisifera guna menghasilkan hibrida tenera yang diinginkan (Verdooren and Rasch, 2023).

Putri et al. (2009) telah melakukan analisis penelitian pada jumlah perlakuan yang besar menggunakan rancangan *alpha design* pada lima puluh progeni hasil persilangan antara 24 tetua dura dan 24 tetua pisifera dengan suatu *crossing scheme* yang terhubung (*connected*). Pada penelitian tersebut dihasilkan pemilihan calon tetua tetua dura untuk karakter jumlah tandan dan rasio mesokarp per buah dari daya gabung umumnya. Verdooren (2019) mengkaji rancangan *alpha design* pada pemuliaan kelapa sawit menggunakan rancangan persilangan diallel tidak lengkap yang terkoneksi menggunakan 5 dura dan 5 pisifera (Tabel 1), menghasilkan 10 tenera (Tabel 2). Percobaan tersebut berhasil menentukan daya gabung umum dan khusus masing-masing tetua yang digunakan sekaligus mengungkapkan bahwa *alpha design* pada rancangan *diallel* yang terhubung dan tidak lengkap mudah dilakukan menggunakan dura sebagai perlakuan dan pisifera sebagai blok yang tidak lengkap, sedangkan pada rancangan lingkungannya, rancangan ini memberikan solusi mudah pada jumlah tanaman tenera dengan ukuran blok yang kecil.

Tabel. 1. Rancangan persilangan diallel tidak lengkap pada 10 tenera yang berasal dari 5 dura dan 5 pisifera

		pisifera				
		P1	P2	P3	P4	P5
dura	D1	T1	-	-	-	T10
	D2	T2	T3	-	-	-
	D3	-	T4	T5	-	-
	D4	-	-	T6	T7	-
	D5	-	-	-	T8	T9

Tabel. 2. Rancangan acak 10 persilangan tenera dalam blok tidak lengkap

Ulangan 1	Blok 1	9	4	1	6	2
	Blok 2	5	7	8	10	3
Ulangan 2	Blok 3	5	4	3	8	1
	Blok 4	6	2	7	9	10
Ulangan 3	Blok 5	10	4	9	6	3
	Blok 6	7	8	1	5	2
Ulangan 3	Blok 7	9	1	3	5	7
	Blok 8	10	4	8	6	2

Analisis GXE

Model linier campuran semakin umum digunakan dalam analisis data biologi, termasuk data ekologi yang biasanya rumit dan membutuhkan struktur model yang kompleks (Harrison, 2018). Analisis model linier campuran pada percobaan G x E telah dilakukan oleh Rafii et al. (2012) yang menguji karakter 38 persilangan D x P pada 4 lokasi percobaan, hasilnya interaksi genotipe dengan lingkungan dapat ditemui pada karakter produksi minyak yang memiliki komponen ragam lebih besar daripada ragam genotipenya. Gomes Junior et al. (2016) juga mengidentifikasi genotipe unggul dari 42 progeni hasil persilangan interspesifik *Elaeis oleifera* x *Elaeis guineensis* yang ditanam pada tiga percobaan berbeda di daerah endemik penyakit busuk tunas. Metode analisis REML digunakan pada penelitian ini untuk mengestimasi parameter genetik komponen tandan, hasilnya diperoleh nilai heritabilitas yang tinggi

pada tandan buah segar (0,88), jumlah tandan (0,92) dan berat rata-rata tandan (0,94).

Analisis Data Tidak Seimbang

Tisne et al. (2015) telah melakukan evaluasi fenotipik pada 26 percobaan yang memiliki persilangan 30782 A x B yang telah ditanam di 350 hektar di Aek Loba pada 1995 dan 2000 dalam sebuah penelitian yang berlangsung selama 11 tahun. Dari penelitian tersebut, analisis model campuran linier digunakan untuk memperhitungkan nilai non-genetik yaitu percobaan dan blok, nilai genetik berupa daya gabung umum dan khususnya. Analisis statistik menggunakan REML dilakukan terhadap 24 keturunan kelapa sawit (DxP) yang berasal dari 10 induk oleh Swaray et al. (2020) di Malaysia untuk estimasi komponen varian dan koefisien korelasinya, percobaan tersebut dilakukan pada umur tanaman 11

tahun di mana beberapa data hilang dan distribusi yang tidak merata pada pohon keturunan. Sitepu et al. (2022) juga melakukan analisis data tidak seimbang menggunakan metode REML pada data 21 progeni hasil persilangan dura dan tenera terbaik menggunakan rancangan persilangan *North Carolina II*, hasil pendugaan komponen ragam tersebut digunakan untuk mengetahui nilai pemuliaannya.

BLUP

Salah satu penggunaan metode REML adalah melalui pendekatan BLUP yang pertama kali digunakan pada 1970 untuk pemuliaan ternak, BLUP mulai berkembang pada pemuliaan tanaman diikuti dengan pemanfaatan informasi dari kerabat untuk memprediksi performa persilangan (Bernardo, 2020). Metode analisis model campuran dengan *Best Linier Unbiased Prediction* (BLUP) adalah pendekatan statistik yang memungkinkan estimasi parameter genetik dan prediksi nilai pemuliaan untuk mengevaluasi kemungkinan pengurangan waktu seleksi generasi dalam program pemuliaan (Xu, 2022).

Soh (1994) memelopori penggunaan BLUP pada pemuliaan kelapa sawit untuk memperoleh nilai pemuliaan yang digunakan dalam menentukan peringkat sembilan pisifera pada data tidak seimbang dari tiga percobaan uji keturunan D x P. Penelitian tersebut menunjukkan empat pisifera dari kelompok genetik AVROS memiliki nilai pemuliaan yang lebih tinggi untuk TBS (Tandan Buah segar), jumlah tandan dan persen minyak per tandan, sementara lima pisifera dari kelompok Dumpy-AVROS lebih unggul dalam nilai pemuliaan untuk rata-rata berat tandan dan pertambahan tinggi tanaman.

Purba et al. (2001) menggunakan metode BLUP untuk menentukan tetua yang direkombinasikan ke siklus berikutnya pada persilangan 154 Deli Dura dan 135 tetua Pisifera yang ditanam pada 26 percobaan, data yang digunakan “berantakan” karena jumlah induk dan kombinasi persilangan, ulangan, dan ukuran petak tidak seimbang. Hasilnya menunjukkan bahwa koefisien BLUP antara performa hibrida yang diprediksi dan yang diamati bervariasi; hasil minyak (55%-64%), jumlah tandan (49%-71%), rendemen minyak industri (48%-64%), dan pertambahan tinggi (42%-56%). Selanjutnya Yenni et al (2012) juga melakukan analisis BLUP untuk menduga nilai genetik

tetua 20 dura dan 17 tenera/pisifera melalui pengujian keturunan dan untuk menduga keragaan minyak pada beberapa persilangan umur 6 sampai 14 tahun. Hasil penelitian tersebut menunjukkan koefisien BLUP antara prediksi dan observasi sebesar 89% yang menunjukkan cukup baik untuk seleksi tetua berdasarkan karakter minyak.

KESIMPULAN

Model linier campuran memiliki fleksibilitas dalam menganalisis data dengan struktur yang kompleks, memungkinkan estimasi yang lebih akurat, penanganan yang lebih baik untuk desain yang tidak seimbang dan data yang “berantakan”, serta meningkatkan kekuatan statistik. Dengan menggunakan analisis model linier campuran, program pemuliaan kelapa sawit dapat mengoptimalkan pemilihan varietas unggul dengan lebih efisien dan akurat. Model ini membantu peneliti dalam memahami faktor-faktor genetik dan lingkungan yang mempengaruhi performa genotipe, sehingga dapat mendukung pengembangan kelapa sawit yang lebih produktif dan berkelanjutan.

DAFTAR PUSTAKA

- Agrawal, B., Banerjee, S., & Awad, R. (2018). Some Constructions of α -Resolvable Balanced Incomplete Block Designs. *Statistics and applications*, 16(2), 65-76.
- Alam, A. F., Er, A. C., & Begum, H. (2015). Malaysian oil palm industry: Prospect and problem. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 13(2), 143-148.
- Amalia, A. N., Tiro, M. A., & Aswi, A. (2021). Perbandingan Metode Momen, Maximum Likelihood dan Bayes dalam Menduga Parameter Distribusi Pareto. *VARIANSI: Journal of Statistics and Its Application on Teaching and Research*, 3(3), 115-125.
- Balzarini, M. G. (2000). *Biometrical models for predicting future performance in plant breeding*. Louisiana State University and Agricultural & Mechanical College.
- Bernardo, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something

- new, something borrowed, something BLUE. *Heredity*, 125(6), 375-385.
- BPS (Badan Pusat Statistik). (2023). Statistik Indonesia 2023.
- Brown, V. A. (2021). An introduction to linier mixed-effects modeling in R. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*, 4(1), 2515245920960351.
- Buah, S. S. J., Kombiok, J. M., Kanton, R. A. L., Denwar, N. N., Haruna, A., Wiredu, A. N., & Abdulai, M. S. (2013). Participatory evaluation of drought tolerant maize varieties in the Guinea Savanna of Ghana using mother and baby trial design. *Journal of Science and Technology (Ghana)*, 33(2), 12-23.
- Christensen, R. (2019). Advanced linear modeling. Springer International Publishing. Etz, A. (2018). Introduction to the concept of likelihood and its applications. *Advances in Methods and Practices in Psychological Science*, 1(1), 60-69.
- Gomes Junior, R. A., Lopes, R., Cunha, R. N. V. D., Pina, A. J. D. A., Quaresma, C. E., Santos, R. R., & Resende, M. D. V. D. (2016). Bunch yield of interspecific hybrids of American oil palm with oil palm in the juvenile phase. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 86-94.
- Harrison, X. A., Donaldson, L., Correa-Cano, M. E., Evans, J., Fisher, D. N., Goodwin, C. E., & Inger, R. (2018). A brief introduction to mixed effects modelling and multi-model inference in ecology. *PeerJ*, 6, e4794.
- Held, L., & Bové, D. S. (2020). Likelihood and Bayesian Inference. *Statistics for Biology and Health*. Springer, Berlin, Heidelberg.
- Henderson, C. R. (1985). Best linier unbiased prediction of nonadditive genetic merits in noninbred populations. *J Anim Sci* 60:111–117.
- Hoefler, R., González-Barrios, P., Bhatta, M., Nunes, J. A., Berro, I., Nalin, R. S., ... & Gutierrez, L. (2020). Do spatial designs outperform classic experimental designs?. *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics*, 25(4), 523-552.
- Hossain, S., Thomson, T., & Ahmed, E. (2017). Shrinkage estimation in linier mixed models for longitudinal data. *Metrika*, 81, 569-586.
- Hu, X. (2015). A comprehensive comparison between ANOVA and BLUP to valuate location-specific genotype effects for rape cultivar trials with random locations. *Field Crops Research*, 179, 144-149.
- Iguodala, E. A., Thomas, E. J., Edokpayi, A., & Titilola, O. (2016). A Mixed Model Analysis of a Fertilizer Experiment on Oil Palm in Nigeria. *Agricultural Sciences*, 7(8), 521-530.
- Isik, F., Holland, J., Maltecca, C., & Maltecca, C. (2017). A Review of Linier Mixed Models. *Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding*, 49-86.
- Ithnin, M., & Kushairi, A. (Eds.). (2020). *The oil palm genome*. Springer Nature.
- Jiang, J., & Nguyen, T. (2021). Linear and Generalized Linear Mixed Models and Their Applications. *Springer Series in Statistics*. doi:10.1007/978-1-0716-1282-8
- Khatiwada, D., Palmén, C., & Silveira, S. (2018). Evaluating the palm oil demand in Indonesia: production trends, yields, and emerging issues. *Biofuels*.
- Kementrian Perdagangan Republik Indonesia. (2013). Market Brief Kelapa Sawit dan Olahannya. *ITPC Hamburg. Hamburg. Diakses dari <http://djpen.kemendag.go.id> pada tanggal, 10 juni 2023.*
- Mackay, I., Piepho, H. P., & Garcia, A. A. F. (2019). Statistical methods for plant breeding. *Handbook of Statistical Genomics: Two Volume Set*, 501-20.
- McCulloch, C. E., & Searle, S. R. (2001). *Generalized, linier, and mixed models*. John Wiley & Sons.
- Nardino, M., Baretta, D., Carvalho, I. R., Olivoto, T., Follmann, D. N., Szareski, V. J., ... & de Souza, V. Q. (2016). Restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction (REML/BLUP) for analyzing the agronomic performance of corn. *African Journal of Agricultural Research*, 11(48), 4864-4872.
- Nusrang, M., & Annas, S. (2018). Performa Restricted Maximum Likelihood and Maximum Likelihood Estimators on Small Area Estimation. In *Journal*

- of Physics: Conference Series (Vol. 1028, No. 1, p. 012234). IOP Publishing.
- Okoye, M. N., Uguru, M. I., Bakoumé, C., Singh, R., & Okwuagwu, C. O. (2016). Assessment of genetic diversity of NIFOR oil palm main breeding parent genotypes using microsatellite markers. *American Journal of Plant Sciences*, 7(01), 218.
- Pathy, T. L., & Mohanraj, K. (2021). Estimating best linier unbiased predictions (BLUP) for yield and quality traits in sugarcane. *Sugar Tech*, 23(6), 1295-1305.
- Purba, A. R., Flori, A., Baudouin, L., & Hamon, S. (2001). Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis*, Jacq.) agronomic performances using the best linier unbiased predictor (BLUP). *Theoretical and Applied Genetics*, 102, 787-792.
- Putri, L. A. P., Aswidinnoor, H., & Asmono, D. (2009). Keragaan genetik dan pendugaan heritabilitas pada komponen hasil dan kandungan β -karoten progeni kelapa sawit. *Jurnal Agronomi Indonesia (Indonesian Journal of Agronomy)*, 37(2).
- Rafii, M. Y., Jalani, B. S., Rajanaidu, N., Kushairi, A., Puteh, A., & Latif, M. A. (2012). Stability analysis of oil yield in oil palm (*Elaeis guineensis*) progenies in different environments. *Genetics and Molecular Research*.
- Salinas Ruiz, J., Montesinos López, O. A., Hernández Ramírez, G., & Crossa Hiriart, J. (2023). Generalized Linear Mixed Models with Applications in Agriculture and Biology.
- Setiawan, K. (2017). Pemuliaan kelapa sawit untuk produksi benih unggul: Tanaman pendek, kompak, dan minyak tak jenuh tinggi.
- Searle, S. R., Casella, G., & McCulloch, C. E. (2009). *Variance components*. John Wiley & Sons.
- Smith, A.B., and B.R. Cullis. (2018). Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. *Euphytica* 214 : 143 .
<https://doi.org/10.1007/s10681-018-2220-5>.
- Sitepu, B., Laksono, N. D., Setiawati, U., Nur, F., Rahmaningsih, M., Anwar, Y., ... & Purba, A. R. (2019). *Field Trials in Oil Palm: A Manual* (Vol. 10). CABI.
- Sitepu, A., & Yenni, Y. (2022). Pemilihan Tetua Berdasarkan Nilai Pemuliaan Komponen Tandan Progeni Dura x Tenera. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*, 30(1), 15-26.
- Soh, A. C. (1994). Ranking parents by best linier unbiased prediction (BLUP) breeding values in oil palm. *Euphytica*, 76, 13-21.
- Soh, A. C., Wong, G., Hor, T. Y., Tan, C. C., & Chew, P. S. (2003). Oil palm genetic improvement. *Plant Breeding Reviews*, 22, 165-220.
- Soh, A. C., Mayes, S., & Roberts, J. A. (Eds.). (2017). *Oil palm breeding: genetics and genomics*. CRC Press.
- Suprianto, Edi., Supena, N., Yenni, Y., Siregar, H., & Sujadi. (2019). Mengenal Lebih Dekat Varietas Kelapa Sawit PPKS. Pusat Penelitian Kelapa Sawit, Medan.
- Swaray, S., Rafii, M. Y., Amiruddin, M. D., Ismail, M. F., Jamian, S., Marjuni, M., ... & Mohamad, M. M. (2020, December). Study on yield variability in oil palm progenies and their genetic origins. In *Biology and Life Sciences Forum* (Vol. 4, No. 1, p. 68). MDPI.
- Tisné, S., Denis, M., Cros, D., Pomiès, V., Riou, V., Syahputra, I., & Cochard, B. (2015). Mixed model approach for IBD-based QTL mapping in a complex oil palm pedigree. *BMC genomics*, 16(1), 1-12.
- Van den Berg, S. M. (2022). Analysing data using linier models. Diakses pada 11 Juli 2023.
- Verdooren, L. R. (2019). Use of Alpha-Designs in Oil Palm Breeding Trials. *American Journal of Theoretical and Applied Statistics*, 8(4), 136-143.
- Verdooren, L. R., & Rasch, D. (2023). Useful Block Designs in Biostatistics.
- West, B. T., Welch, K. B., & Galecki, A. T. (2022). *Linier mixed models: a practical guide using statistical software*. Crc Press.

Xu, S. (2022). Selection Index and the Best Linear Unbiased Prediction. In *Quantitative Genetics* (pp. 265-282). Cham: Springer International Publishing.

Yenni, Y., Nasrullah., & R. Purba. (2012). Pendugaan genetik sifat minyak pada beberapa persilangan kelapa sawit menggunakan BLUP. Pusat Penelitian Kelapa Sawit, Medan.