

PENENTUAN NILAI TETUA PADA PENGUJIAN KETURUNAN KELAPA SAWIT (*Elaeis guineensis* Jacq.) DENGAN PENDEKATAN REGRESI

DETERMINATION OF PARENTAL VALUE ON OIL PALM (*Elaeis guineensis* Jacq.) PROGENY TESTS USING REGRESSION APPROACH

Harimurti Buntaran¹, Nasrullah², dan Yurna Yenni

Abstrak Koleksi tetua kelapa sawit yang digunakan dalam program pemuliaan saat ini, baik sebagai *working collection* maupun untuk produksi benih komersial, telah berumur tua dan sebagian besar mati terserang *Ganoderma*. Untuk kelanjutan program pemuliaan, dibutuhkan tetua pengganti yang memiliki nilai genetik yang minimal sama. Tujuan penelitian ini adalah mengevaluasi nilai tetua melalui keragaan keturunannya untuk mendapatkan tetua kelapa sawit yang memiliki kontribusi paling baik pada jumlah tandan (JT) dan bobot tandan buah segar (TBS). Pengamatan produksi dilakukan paling sedikit selama 5 tahun dan paling lama 14 tahun. Sebanyak 82 nomor persilangan dipilih untuk dianalisis berdasarkan leluhur bersamanya (*common ancestor*). Rerata bobot TBS dan jumlah tandan diregresikan ke dalam nilai kontribusi tetua masing-masing nomor persilangan sehingga diperoleh koefisien regresi masing-masing tetua yang menggambarkan nilai tetua. Dengan asumsi bahwa jika dua atau lebih tetua memiliki koefisien regresi yang sama nilainya, maka kedua tetua tersebut memungkinkan untuk saling menggantikan dalam suatu *mating design* guna eksploitasi karakter tertentu. Salah satu hasil penelitian memperoleh tetua LM239T dan MA213D memiliki nilai

yang berbeda tidak nyata untuk karakter bobot TBS, sehingga dapat diasumsikan bahwa keduanya dapat saling menggantikan dalam *mating design* untuk eksploitasi karakter bobot TBS.

Kata kunci : kelapa sawit, nilai tetua, regresi linier berganda

Abstract Nowadays, most of oil palm germplasm collections used in breeding programs, either as *working collection* or for commercial purpose, were too old to be exploited and part of them attacked by *Ganoderma*. For the continuity of the breeding program, some parents were needed to be substituted by others which have at least equal genetic value. The objective of this study was to evaluate the parental value that have the best contribution in terms of bunch number (BN) and fresh fruit bunches (FFB) through progenies of their crosses. Records of data varied from 5 to 14 years. Eighty two crosses were selected as they had a common ancestor. The mean of BN and FFB were regressed on genetic contribution of their parents to obtain regression coefficient. The regression coefficient reflects the parental value. Two parents which had similar regression coefficient could be assumed mutually interchangeable in a mating design. The results showed that parents with code LM239T and MA213D had non-significant differences value of regression coefficient for FFB, and then both were assumed be mutually interchangeable for FFB exploitation.

Keywords : multiple linear regression, oil palm, parental value

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

Yurna Yenni (✉)
Pusat Penelitian Kelapa Sawit
Jl. Brigjen Katamso No. 51 Medan, Indonesia
Email: noena.iopri@gmail.com

¹ Mahasiswa Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

² Staf Pengajar Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

PENDAHULUAN

Pemilihan tetua bernilai baik dalam program pemuliaan kelapa sawit secara umum menggunakan skema *Reciprocal Recurrent Selection* (RRS) yang diadopsi dari program pemuliaan jagung (Comstock *et al.*, 1949), dan nilai tetua dievaluasi melalui keturunannya (Yenni *et al.*, 2012). Skema ini melibatkan dua populasi heterozigot, yang menurut Allard (1960) sebaiknya tidak berkerabat secara genetik. Comstock *et al.* (1949) menyebutkan bahwa tetua yang memiliki keragaan keturunan yang baik dapat dianggap memiliki nilai genetik yang baik. Oleh karena itu, tetua-tetua tersebut dapat digunakan dalam siklus seleksi berikutnya dan/atau untuk produksi benih.

Secara umum, di setiap prosedur pemuliaan kelapa sawit terdapat tahapan inti yang mencakup pembentukan populasi dasar, evaluasi, seleksi, serta rekombinasi (Purba *et al.*, 2004). Pembentukan populasi dasar terdiri dari dura, pisifera, dan tenera dari berbagai sumber. Berdasarkan keragaman yang terdapat pada populasi dasar tersebut, pemulia dapat memilih karakter-karakter yang diinginkan.

Dalam pembentukan populasi dasar diperlukan ketersediaan informasi silsilah yang jelas dari masing-masing individu yang dapat dipertanggungjawabkan kebenarannya. Hal ini penting dalam program pemuliaan agar ketika mengevaluasi tetua melalui keturunannya dapat diperoleh informasi yang benar, sehingga memudahkan dalam seleksi. Dari populasi dasar yang telah dibentuk dilakukan evaluasi melalui pengujian keturunan (*progeny test*) untuk menganalisis dan menentukan nilai daya gabung umum (*general combining ability*, GCA) dan daya gabung khusus (*specific combining ability*, SCA) tetua yang diuji (Purba, *et al.*, 2004).

Daya gabung umum adalah performa rata-rata dari suatu keturunan kombinasi hibrida, sedangkan daya gabung khusus merupakan simpangan pada persilangan-persilangan tertentu dari performa yang diprediksi dari daya gabung umum. Daya gabung umum mengukur terutama efek genetik aditif, sedangkan daya gabung khusus mengukur efek non-aditif dari interaksi gen-gen (Sprague dan Tatum, 1942). Baik daya gabung maupun nilai pemuliaan sama-sama mengacu pada individu atau pasangan sebagai tetua untuk menghasilkan benih.

Analisis kuantitatif dan statistik genetik telah digunakan di berbagai program pemuliaan tanaman (Piepho and Williams, 2006) untuk memilih kombinasi tetua yang diterjemahkan melalui efek heterosis pada keturunannya, juga meningkatkan kemungkinan untuk mendapatkan rekombinasi superior. Pada tanaman menyerbuk silang, seperti kelapa sawit, karena heterosis menentukan genotipe hibrida superior, kombinasi tetua terbaik dipilih untuk mendapatkan ekspresi terbaik dari karakter agronomi yang diinginkan, dan keduanya dapat digunakan sebagai tetua untuk berbagai tujuan pemuliaan (Paini *et al.*, 1996).

Kontribusi genetik tetua yang sedemikian dapat dikatakan *superior*, sebab melalui kontribusi ini suatu individu maupun keturunannya dapat dianggap layak untuk dilibatkan dalam program pemuliaan untuk keperluan eksploitasi karakter atau pun pembentukan varietas unggul.

Program pemuliaan kelapa sawit saat ini terkendala dengan semakin tuanya individu-individu yang dilibatkan sebagai tetua. Sebagian besar bahkan sudah mati karena umur tua maupun karena serangan *Ganoderma* (Yenni, 2009). Dalam kelanjutannya, dibutuhkan tetua pengganti yang memiliki nilai genetik minimal sama dengan tetua yang digantikan untuk karakter tertentu. Hal ini terjadi jika tetua yang dimaksud mati sebelum dilestarikan melalui keturunannya. Penentuan nilai suatu tetua pengganti dapat dilakukan dengan berbagai cara, antara lain dengan metode Griffing (Olfati *et al.*, 2011) dengan analisis dialelnya, analisis *restricted maximum likelihood* (REML) dalam *best linear unbiased prediction* (BLUP) (Bernardo, 2002; Purba, *et al.* 2004; Yenni, 2009; Yenni *et al.*, 2012), analisis varian (Rafii, *et al.*, 2002), dan pendekatan melalui analisis regresi linear (Mackay, 2011).

Pada penelitian ini, analisis untuk mengevaluasi nilai tetua melalui keragaan keturunannya, dan untuk mendapatkan tetua kelapa sawit yang memiliki kontribusi paling baik pada jumlah tandan (JT) dan bobot tandan buah segar (TBS) dilakukan dengan analisis linear regresi berganda (*multi linear regression*, MLR).

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Pusat Penelitian Kelapa Sawit Unit Usaha Marihat, Pematangsiantar dan

Tabel 1. Jumlah persilangan yang diuji dan dipilih berdasarkan *common ancestor*.

Table 1. Tested and selected crosses based on *common ancestor*.

No.	Nomor Percobaan	Jumlah Persilangan
1.	Rambutan (RB01S)	8
2.	Tanah Raja (TR01S)	14
3.	Tanah Raja (TR02S)	12
4.	Sei Silau (SS01S)	18
5.	Sei Silau (SS02S)	17
6.	Sei Dadap (SD01S)	13
Total Persilangan		82

Laboratorium Biometri, Fakultas Pertanian UGM, Yogyakarta pada Agustus 2012 sampai Januari 2013. Kegiatan penelitian mencakup pengumpulan data produksi dari bagian manajemen data Kelti Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman dan analisis data.

Bahan yang digunakan adalah data persilangan dan produksi kelapa sawit Pusat Penelitian Kelapa Sawit pada enam nomor pengujian yang ditanam di areal PT Perkebunan Nusantara III (Persero). Enam nomor percobaan tersebut adalah RB01S, TR01S, TR02S, SS01S, SS02SS, dan SD01S.

Pengujian keturunan dirancang dalam RCBD (*Randomize Complete Block Design*) (Corley and Tinker, 2003), dengan blok sebagai ulangan sebanyak 4-6. Data yang diperoleh disesuaikan dengan ketersediaan material atau juga tingkat korelasi dengan karakter yang diinginkan.

Mating design pada pengujian keturunan ini disusun dengan menggunakan North Carolina II *unbalanced*

design (Cockerham, 1963), dimana masing-masing tetua digunakan untuk menguji 3 (tiga) tetua lain dan sebaliknya. Comstock dan Robinson (1952) menjelaskan dalam desain ini rerata nilai harapan (EMS) tetua jantan dan betina setara dengan nilai GCA-nya, dan nilai persilangan tetua jantan x tetua betina setara dengan nilai SCA-nya. Hallauer *et al.* (1988) menambahkan, oleh karena terdapat dua set tetua dalam desain ini, maka dapat diperoleh dua nilai dugaan GCA yang tidak tergantung satu dengan lainnya.

Penelitian dilakukan dengan memilih sebanyak 82 (delapan puluh dua) nomor persilangan berdasarkan leluhur bersama (*common ancestor*) yang dimiliki. Leluhur bersama diketahui dari data silsilah masing-masing persilangan yang diuji, dengan informasi mengenai silsilah seluruh tetua diperoleh dari Lubis (1985) dan Rosenquist (1986). Melalui informasi silsilah yang didapat dari data persilangan, dihitung nilai kontribusi tetua generasi pertama pada setiap nomor persilangan.

Tabel 2. Moyang-moyang dari 82 persilangan yang digunakan.

Table 2. List of Great grandparents of 82 selected crosses.

No.	Moyang Betina	No.	Moyang Jantan
1	MA 284 D	12	LM 2 T
2	BJ 7 D	13	LM 9 T
3	PA 131 D	14	RS 3 T
4	MA 213 D	15	MA 845 T
5	DA 8 D	16	LM 239 T
6	DS 25 D		
7	DS 29 D		
8	MA 275 D		
9	MA 367 D		
10	TI 221 D		
11	GB 30 D		

Delapan puluh dua nomor persilangan yang dipilih berdasarkan leluhur bersama (*common ancestor*) dalam penelitian ini berasal dari enam nomor percobaan yang meliputi nomor percobaan yang terdapat di Kebun Rambutan, Kebun Tanah Raja, Kebun Sei Silau, dan Kebun Sei Dadap (Tabel 1).

Data produksi tandan yang terdiri dari bobot tandan buah segar (TBS) dan jumlah tandan (JT) dikumpulkan dari masing-masing nomor persilangan yang diuji. Pendugaan nilai tetua dilakukan dengan melakukan regresi produksi tandan (JT dan TBS) ke nilai kontribusi masing-masing tetua. Tetua-tetua dengan koefisien yang tinggi dapat dianggap memiliki nilai yang tinggi pada karakter yang diuji, sehingga dapat dilibatkan sebagai bahan untuk pemuliaan kelapa sawit selanjutnya ataupun produksi benih unggul.

Data produksi yang dikumpulkan dari enam nomor percobaan yang digunakan berbeda karena perbedaan waktu tanam sehingga waktu pertama panen tiap nomor percobaan juga berbeda. Pada RB01S, pengamatan produksi dari tahun ke-4 sampai ke-17 setelah tanam. Sebagai nomor percobaan dengan tahun pengamatan paling lengkap, RB01S dijadikan pembanding pada analisis data. Pada percobaan SD01S, pengamatan produksi dilakukan dari tahun ke-3 sampai ke-7 setelah tanam, sedangkan percobaan SS01S, SS02S, TR01S, dan TR02S memiliki tahun tanam yang sama yaitu tahun 2002, sehingga pengamatan produksinya dilakukan dari tahun ke-4 sampai ke-8 setelah tanam.

Rerata TBS dan JT diregresikan ke nilai kontribusi tetua masing-masing nomor persilangan sehingga diperoleh koefisien regresi masing-masing tetua. Koefisien regresi menggambarkan nilai tetua terhadap sifat keturunannya. Dua tetua dengan koefisien regresi yang nilainya sama diasumsikan bahwa kedua tetua tersebut memungkinkan untuk saling menggantikan dalam suatu *mating design* untuk eksploitasi karakter yang diuji.

Model analisis yang digunakan untuk menduga nilai genotipik tetua dari 82 nomor persilangan yang diuji adalah regresi liner berganda (*multiple linear regression*) (Balding *et al.*, 2007), yaitu:

$$Y_i = \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2} + \dots + \beta_{21} X_{i21}; \text{ dengan:}$$

Y_i = nilai rerata kuadrat terkecil (*Least Square Mean*)
JT atau TBS

$\beta_1 - \beta_{21}$ = koefisien regresi tetua (nilai tetua) dan pengaruh kebun

X_{i1} = kontribusi genetik tetua pada nomor persilangan

Model yang digunakan tidak menyertakan intersep/konstanta karena jika tidak terdapat kontribusi tetua, maka tidak ada produksi yang dihasilkan. Pengaruh lima nomor percobaan disertakan dalam model dengan tujuan menghilangkan efek nomor percobaan. RB01S tidak disertakan dan hanya dijadikan sebagai pembanding bagi nomor percobaan yang lain karena memiliki data terlengkap selama 14 tahun pengamatan. Nilai yang digunakan sebagai Y_i adalah nilai rerata kuadrat terkecil (*least square mean*) yang sudah dibersihkan dari efek blok dalam nomor percobaan. Ketentuan ini diperoleh setelah dilakukan uji coba dengan memasukkan informasi silsilah ke dalam data produksi.

Hubungan kesetaraan dua tetua atau lebih dapat dilihat dari hasil analisis linear berdasarkan masing-masing karakter. Chow (1960) menjelaskan bahwa uji kesetaraan antar koefisien dalam regresi linear, diperoleh dari jumlah kuadrat galat antar perlakuan.

Nilai kontribusi genetik setiap tetua ke keturunan langsungnya adalah setengah karena suatu individu mendapatkan separuh gamet dari tetua betina dan separuhnya lagi dari tetua jantan. Mendasarkan hal ini dihitung kontribusi genetiknya terhadap masing-masing nomor persilangan. Penghitungan sepenuhnya menggunakan perangkat lunak SAS (Littell *et al.*, 2006).

Nilai kontribusi genetik moyang akan 0, jika moyang tersebut bukanlah moyang dari suatu nomor persilangan. Jika suatu persilangan memiliki empat moyang berlainan, maka nilai kontribusi genetik masing-masing moyang terhadap suatu nomor persilangan tersebut adalah $\frac{1}{4}$. Jika suatu persilangan memiliki dua moyang yang sama dan dua moyang yang berbeda, maka moyang yang dihitung hanya tiga, sehingga kontribusi genetik moyang yang sama adalah $\frac{1}{2}$, sedangkan kontribusi genetik dua moyang lainnya adalah $\frac{1}{4}$. Jumlah kontribusi genetik keempat moyang suatu persilangan selalu satu (Hallauer *et al.*, 1988).

Tabel 3. Koefisien regresi 16 tetua untuk karakter jumlah tandan.

Table 3. Regression coefficients of sixteen parents on bunch number.

Tetua	Koefisien Regresi	Peluang F_{hitung}
RS3T	21,88672	<,0001
MA284D	14,19815	<,0001
LM2T	13,67656	<,0001
LM9T	13,26549	<,0001
DA8D	12,52279	<,0001
BJ7D	12,27807	<,0001
LM239T	12,19676	<,0001
MA213D	12,05697	<,0001
MA845T	11,91719	<,0001
DS25D	4,60883	<,0001
DS29D	4,60883	<,0001
MA275D	4,42908	0,0032
MA367D	4,42908	0,0032
PA131D	4,21822	<,0001
GB30D	-0,20366	0,8875
TI221D	-0,20366	0,8875

HASIL DAN PEMBAHASAN

Jumlah Tandan

Hasil regresi jumlah tandan ke nilai kontribusi genetik tetua menunjukkan bahwa tetua yang memiliki kontribusi genetik yang tinggi untuk sifat ini adalah RS3T dengan nilai koefisien regresi 21,887 (Tabel 3).

Tetua RS3T merupakan keturunan silang diri (*selfing*) SP540T yang diketahui memiliki sifat yang baik dan sering digunakan sebagai sumber tepung sari dalam berbagai kegiatan pemuliaan (Purba, 2003; Yenni, 2009). Dengan demikian, keturunan dari tetua RS3T dapat terus dilibatkan sebagai tetua dalam kegiatan pemuliaan atau pun produksi benih terutama untuk eksploitasi karakter jumlah tandan.

Tetua lain yang memiliki koefisien regresi tinggi setelah RS3T adalah MA284D. Tetua MA284D memang merupakan pohon dura yang dikenal baik dalam karakter jumlah tandan (Purba, 2003; Yenni, 2009). Koefisien regresi MA284D merupakan koefisien regresi tertinggi untuk tetua dura. Keturunan dari tetua

ini banyak digunakan dalam program pemuliaan di PPKS saat ini.

Tetua LM2T dan LM9T juga memiliki koefisien regresi yang nilainya tidak jauh berbeda yaitu masing-masing 13,677 dan 13,265. Kedua tetua ini merupakan tetua tenera yang memiliki koefisien regresi tertinggi untuk jumlah tandan setelah RS3T dibandingkan dengan LM239T dan MA845T. Kedua tetua yang berasal dari populasi *Côte d'Ivoire* ini memang memiliki GCA yang cukup baik pada karakter jumlah tandan (Purba, 2003; Yenni, 2009), dan digunakan sebagai tetua jantan varietas komersial PPKS.

Hasil uji koefisien regresi antara LM2T, LM9T, dan MA284D menunjukkan koefisien yang tidak nyata, sehingga diasumsikan jika tetua MA284D tidak lagi dapat digunakan atau mati, maka keturunan dura (hasil *selfing* tenera) dari tetua LM2T dan LM9T dapat dijadikan pengganti bagi MA284D dalam pengujian untuk karakter jumlah tandan.

Hal yang sama terdapat pada nilai koefisien regresi untuk MA845T, MA213D, LM239T, BJ7D, DA8D yang

Tabel 4. Perbandingan nilai koefisien tetua berdasarkan koefisien regresi karakter jumlah tandan.
 Table 4. Comparison of parent coefficient value based on bunch number regression.

Tetua yang dibandingkan	F _{hitung}	Peluang F _{hitung}
BJ7D; LM239T; MA845T; DA8D; MA213D	0,45	0,7170 ^{ns}
LM2T; LM9T; MA284D	2,07	0,1345 ^{ns}
BJ7D; LM239T; MA845T; DA8D; MA213D LM2T; LM9T; MA284D	16,35	0,0001*
DS25D; MA275D; PA131D	0,05	0,9543 ^{ns}

Ket.: (*) nyata pada taraf $\alpha= 5\%$

Remarks: (*) significantly different with $\alpha= 5\%$

tidak memiliki perbedaan yang nyata. Maka diasumsikan keturunan yang berasal dari lima tetua tersebut memungkinkan untuk dapat saling menggantikan dalam suatu *mating design*.

Untuk TI221D dan GB30D memiliki nilai koefisien regresi yang sama yaitu -0,204 dan koefisien regresi ini tidak nyata karena nilai probabilitasnya di atas nilai F_{hitung}-nya. Walaupun koefisien regresi kedua tetua tersebut tidak nyata, tidak menutup kemungkinan

kedua tetua tersebut menghasilkan sifat yang baik jika disilangkan dengan individu tertentu atau memiliki daya gabung khusus dengan individu tertentu. Dalam penentuan nilai tetua, nilai koefisien regresi didapatkan dari kontribusi tetua kepada keturunannya, belum menentukan daya gabung khususnya. Hal ini juga dapat dijelaskan pada penelitian sebelumnya, dari hasil pendugaan dengan metode REML dan *mixed model equation* (Yenni, 2009), salah satu

Tabel 5. Koefisien regresi 16 tetua untuk karakter TBS.
 Table 5. Regression coefficients of sixteen parents on FFB character.

Tetua	Koefisien Regresi	Peluang F _{hitung}
RS3T	321,14421	<,0001
MA284D	193,22112	<,0001
LM2T	189,40309	<,0001
LM9T	187,17362	<,0001
BJ7D	182,29211	<,0001
DA8D	181,20403	<,0001
LM239T	180,99296	<,0001
MA213D	180,14055	<,0001
MA845T	179,28814	<,0001
PA131D	65,04649	<,0001
MA275D	58,50313	<,0001
MA367D	58,50313	<,0001
DS25D	56,63075	<,0001
DS29D	56,63075	<,0001
GB30D	12,91498	0,3408
TI221D	12,91498	0,3408

Tabel 6. Perbandingan nilai koefisien tetua berdasarkan koefisien regresi karakter tandan buah segar (TBS).
Table 6. Comparison of parent coefficient value based on FFB regression.

Tetua yang dibandingkan	F _{hitung}	Peluang F _{hitung}
BJ7D LM239T MA845T DA8D MA213D	0,13	0,9423 ^{ns}
LM2T LM9T MA284D	1,07	0,3477 ^{ns}
BJ7D LM239T MA845T DA8D MA213D LM2T LM9T MA284D	6,79	0,0113*
DS25D MA275 PA131D	0,26	0,7706 ^{ns}

Ket.: (*) nyata pada taraf $\alpha= 5\%$

keturunan kedua tetua ini (BO5462D) yang ditanam di RB01S memiliki GCA yang cukup baik untuk karakter minyak, karena menurut Purba (2003) persentase minyak per mesokarp yang dihasilkan cukup tinggi.

Produksi Tandan Buah Segar

Tandan buah segar (TBS) adalah produk awal dari suatu pertanaman kelapa sawit yang memiliki satuan kg/pohon/tahun. Hasil regresi TBS ke nilai kontribusi genetik tetua menunjukkan bahwa tetua yang memiliki kontribusi genetik yang tinggi untuk sifat ini adalah RS3T dengan nilai koefisien regresi 321,144 (Tabel 5). Dari hasil ini dapat dilihat bahwa RS3T merupakan tetua unggul yang baik pada karakter jumlah tandan dan TBS. Oleh karena itu, keturunan RS3T merupakan material bagi kegiatan pemuliaan maupun produksi benih yang sangat potensial.

Dua tetua dura yang lain yaitu GB30D dan TI221D memiliki nilai koefisien regresi paling kecil dan yang sama yaitu 12,915 dan koefisien regresi ini

tidak nyata karena nilai probabilitasnya di atas 0,05. Penjelasan untuk hal ini sama seperti jumlah tandan.

Dari hasil regresi 82 persilangan tersebut, kontribusi genetik moyang yang terlibat menunjukkan hubungan kesetaraan seperti pada Tabel 7.

Hubungan ini terjadi karena persilangan yang dievaluasi merupakan generasi kedua RRS. Persilangan dibuat di antara pohon terpilih yang jumlahnya tidak banyak. Agar penyelesaiannya unik, hubungan ini digunakan sebagai restriksi dalam analisis regresi. Pada tetua DS29D dan DS25D terdapat hubungan kontribusi yang sama karena kedua tetua tersebut selalu berpasangan ketika disilangkan dan diuji di enam nomor percobaan tersebut. Hal yang sama terjadi pada tetua TI221D dan GB30D, juga MA275D dan MA367D. Pada tetua MA845T terdapat hubungan kontribusi dengan MA213D yaitu nilai MA845T adalah dua kali nilai MA213D dikurangi dengan nilai dari LM239T.

Tabel 7. Hubungan kesetaraan nilai kontribusi genetik tetua yang diuji.

Table 7. Equity relationship among genetic contribution value of tested parents.

No.	Tetua	Hubungan Kesetaraan Nilai dengan Tetua yang Diuji
1.	DS29D	DS25D
2.	MA213D	BJ7D - LM2T - LM9T + DA8D + MA284D
3.	MA845T	2 × BJ7D - 2 × LM2T - 2 × LM9T + 2 × DA8D + 2 × MA284D - LM239T
4.	TI221D	GB30D
5.	MA275D	-DS25D + 0,5 × RS3T - GB30D - 0,5 × PA131D
6.	MA367D	-DS25D + 0,5 × RS3T - GB30D - 0,5 × PA131D

Penentuan Nilai Tetua pada JT dan TBS

Penentuan nilai tetua melalui regresi JT dan TBS ke kontribusi tetua akan menghasilkan koefisien regresi yang digunakan sebagai penduga nilai tetua dalam persilangan. Jika koefisien regresi bernilai tinggi, maka dapat diasumsikan tetua tersebut bersifat *superior* sehingga baik tetua maupun keturunannya dapat digunakan dalam program pemuliaan tanaman. Nilai koefisien regresi tetua yang nilainya berdekatan dengan tetua yang lain dapat diasumsikan tetua-tetua tersebut dapat saling menggantikan dalam *mating design* untuk eksploitasi karakter tersebut.

Istilah "saling menggantikan" pada tetua-tetua yang memiliki nilai genetik yang berbeda tidak nyata pada karakter tertentu dimaksudkan: jika suatu tetua tidak dapat lagi dilibatkan lagi dalam program pemuliaan karena salah satu hal yaitu tidak lagi menghasilkan bunga betina/jantan, atau tidak memiliki stok pollen, atau tanaman tersebut sudah mati, maka dapat digantikan oleh tetua lain yang memiliki nilai genetik yang minimal sama untuk karakter tertentu, dan sebaliknya.

Koefisien regresi tertinggi baik untuk jumlah tandan maupun TBS dapat dikatakan *superior* untuk kedua karakter tersebut, karena memiliki kontribusi yang paling baik ke keturunannya sehingga keturunan dari kedua tetua tersebut memiliki potensi yang tinggi untuk digunakan sebagai bahan pemuliaan ataupun produksi benih.

Beberapa tetua memiliki koefisien regresi yang rendah untuk karakter JT dan TBS, seperti pada GB30D dan TI221D. Hal tersebut terjadi diduga karena 2 hal, yaitu tetua-tetua persilangan yang dipilih, keduanya hanya muncul sekali ketika disilangkan dengan tetua lainnya, sehingga data yang dihasilkan tidak mencukupi untuk dianalisis; atau keduanya memang memiliki nilai genetik yang rendah untuk kedua karakter tersebut. Untuk membuktikannya dibutuhkan uji keturunan dari beberapa persilangan yang berasal dari salah satu atau kedua tetua tersebut yang hasilnya akan menunjukkan daya gabung kedua tetua terhadap karakter yang diujikan.

Keturunan mewarisi gamet dari tetuanya sehingga nilai tetua yang diperoleh pada penelitian ini sesuai dengan konsep yang oleh Falconer (1981) disebut *breeding value*. Tetua dengan nilai tinggi dapat saling disilangkan dalam usaha mengumpulkan gen-gen yang unggul pada suatu individu. Tetua dengan nilai

rendah masih mungkin dimanfaatkan jika persilangannya dengan suatu tetua tertentu menghasilkan keturunan yang baik. Hal inilah yang oleh Sprague dan Tatum (1942) disebut memiliki daya gabung khusus yang tinggi.

Pada penentuan nilai tetua di sini yang digunakan sebagai peubah adalah nilai kontribusi tetua yang bergantung pada macam persilangan dan banyaknya persilangan sehingga hasil yang didapat merupakan daya gabung umum saja. Jika dianalisis lebih lanjut, maka hasil yang didapat memungkinkan untuk menunjukkan bahwa dari tetua-tetua tersebut memiliki daya gabung khusus untuk suatu sifat tertentu walaupun daya gabung umumnya kurang baik. Namun demikian, nilai tetua yang diperoleh dapat digunakan sebagai gambaran kontribusi antar tetua sehingga dapat menjadi referensi dalam penggantian dan pemeliharaan tetua untuk keperluan pemuliaan tanaman.

Seleksi tetua pada program pemuliaan merupakan langkah yang menentukan keberhasilan populasi keturunannya di masa datang. Bertan *et al.* (2007) bahkan menyebutkan pada tahapan ini pemulia harus menginisiasi seleksi untuk ideotipe tertentu yang sesuai permintaan pasar. Daya gabung dua tetua dan keragaan agronomi yang baik akan memastikan keturunannya merupakan galur elit yang berhasil.

KESIMPULAN

Penentuan nilai tetua berdasarkan kontribusi setiap tetua ke keturunannya dapat dihitung dengan menggunakan regresi linear berganda. Koefisien regresi yang dihasilkan dapat disebut sebagai nilai genetik tetua yang dapat dijadikan acuan pemilihan tetua untuk keperluan pemuliaan kelapa sawit.

Koefisien regresi tertinggi untuk jumlah tandan dan TBS dimiliki oleh tetua RS3T dan MA284D yang berarti kontribusi kedua tetua tersebut *superior* untuk kedua karakter tersebut, dan dapat dilibatkan terus dalam program pemuliaan kelapa sawit.

Berdasarkan kontribusi genetiknya, baik untuk jumlah tandan dan TBS, beberapa tetua yang diuji dalam penelitian ini diasumsikan dapat saling menggantikan dalam suatu *mating design* jika terdapat tetua yang tidak lagi dapat menghasilkan bunga betina/jantan, tidak memiliki stok pollen, atau sudah mati.

DAFTAR PUSTAKA

- Allard, R.W. 1960. Principles of plant breeding. John Wiley & Sons, New York.
- Balding, D.J., M. Bishop, and C. Cannings. 2007. Handbook of statistical genetic, 3rd Edition, Jhon Wiley & Sons, Ltd. England.
- Bernardo, R. 2002. Breeding for quantitative traits in plants. Department of Agronomy and Plant Genetics. University of Minnesota.
- Bertan, I., F.I.F. Carvalho, A.C. Oliveira. 2007. Parental selection strategies in plant breeding programs. Review Article J. Crp Sci. Biotech. 10(4): 211-222.
- Chow, G.C. 1960. Tests of equality between sets of coefficients in two linear regressions. *Econometrica*. Vol. 28, 3: 591-605. Cornell University.
- Cockerham, C.C, 1963. Estimation of genetic variances. In statistical genetics and plant breeding. Hanson WD and Robinson HF. Publ. 982. Nat. Acad. Sci. Nat. Res. Council. Washington DC.
- Comstock, R. E., H. F. Robinson, and P. A. Harvey. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agron. J.* 41:360–367.
- Comstock R.E. & H.F. Robinson. 1952. Estimation of average dominance of genes. In: *Heterosis*. Iowa State College Press, Iowa.
- Corley, R.H.V. and P.B. Tinker. 2003. The oil palm, 4th Edition. Blackwell Publishing Company, Oxford. United Kingdom.
- Falconer, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics, 2nd Edition. Longman, Harlow.
- Hallauer, A.R., M. J. Carena, J.B. Miranda Filho. 1988. Quantitative genetics in maize breeding. Handbook of Plant Breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa 50010.
- Littell, R. C., G.A. Milliken, W.W. Stroup, R.D. Wolfinger, and O. Schabenberger. 2006. SAS® for mixed models, 2nd Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Lubis, A.U. 1985. Riwayat dan sumber asal bahan tanaman yang dipergunakan pada pemuliaan kelapa sawit di Indonesia. Pusat Penelitian Marihat. Tidak dipublikasikan.
- Mackay, I. 2011. Statistical methods and design inplant breeding and genomics. Course manual National Institute of Agricultural Botany. Cambridge, UK
- Milliken, G.A. and D.E. Johnson. 1984. Analysis of messy data Volume I: Designed experiments, Belmont, CA: Lifetime Learning Publications.
- Olfati, J.A., H. Samizadeh, and B. Rabiei, 2011. Griffing's methods comparison for general and specific combining ability in cucumber. *J. Biomet Biostat*, 2:4. ISSN:2155-6180 JBMBS.
- Paini, J.N., C.D. Cruz, J.S. Delboni, and C.A. Scapim. 1996. Combining ability and heterosis in intervarietal maize crosses evaluated under Southern Brazil climate conditions (English summary). *Rev. Ceres* 43: 288-300
- Piepho, H.P., and E.R. Williams. 2006. A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure. *Theor Appl Genet* 113:1505–1513.
- Purba, A.R. 2003. Analisis siklus kedua RRS di PPKS. Kelti Pemuliaan. PPKS. Medan. Tidak dipublikasikan.
- Purba, A.R., A. Flori, L. Baudouin, P. Amblard, and S. Hamon. 2004. Estimates of parental best linear unbiased predicted (BLUP) additive genetic values for oil yield in an Indonesian oil palm breeding programme. *Zuriat, Indonesian Journal of Breeding*. 15 (1) : 14-23.
- Rafii, M.Y., N. Rajanaidu, B.S. Jalani, and A. Kushairi. 2002. Performance and heritability estimations on oil palm progenies tested in different environments. *Journal of Oil Palm Research* Vol. 14 No.1 June 2002.
- Rajanaidu, N., Kushairi, A., Rafii, M., Mohd Din A., Maizura, I., and Jalani, B.S. 2000. Oil palm breeding and genetic resources. *Advanced in oil palm research*. Vol 1: 171-237. MPOB. Malaysia.



- Rosenquist, E.A. 1986. The genetic base of oil palm populations. In: Proceeding International Workshop on Oil Palm Germplasm and Utilization. Kuala Lumpur, Malaysia : 27–56.
- Sprague, G.F. and L.A. Tatum. 1942. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. Agron.* 34:923–932.
- White, T.L. and G.R. Hodge. 1989. Predicting breeding values with applications in forest tree improvement. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht.
- Yenni, Y. 2009. Analisis blup untuk penduga keragaan genotipe beberapa persilangan kelapa sawit. Universitas Gadjah Mada. Tesis.
- Yenni, Y., Nasrullah, dan A.R. Purba. 2012. Pendugaan genetik sifat minyak pada beberapa persilangan kelapa sawit menggunakan analisis BLUP. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*, 20(1): 39-44. Pusat Penelitian Kelapa Sawit. ISSN 0853-196X.