

Dugaan Nilai Daya Gabung dan Keragaan Progeni DxT Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.)

(Prediction of Combining Ability and DxT Progeny Keragaannce of Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.))

Sobir¹, Annisa Fadhilah Sitepu*, dan Willy Bayuardi Suwarno¹

Abstrak *Best linear unbiased prediction* (BLUP) adalah metode yang dirancang untuk menduga nilai genetik dari data yang tidak seimbang. Analisis BLUP yang memanfaatkan informasi kekerabatan dapat mengurangi bias akibat ketidakseimbangan data. Penelitian ini bertujuan untuk estimasi parameter genetik dan daya gabung umum tetua melalui pengujian progeni dan validasi model prediksi persilangan-persilangan yang tidak diuji (*untested crosses*). Progeni ditanam tahun 2008 dalam rancangan kelompok lengkap teracak dengan 5 ulangan. Pengamatan dilakukan pada 10 karakter pada tahun 2015 - 2017. Hasil analisis ragam menunjukkan karakter mesokarp/buah dan inti/buah lebih dikendalikan oleh tetua tenera. Berdasarkan pendugaan nilai daya gabung tetua dura, BJ5686D dan BJ5678D dapat digunakan untuk merakit varietas dengan karakter unggul produktivitas dan rendemen yang baik. Tetua tenera AP141T dapat digunakan untuk merakit varietas unggul yang memiliki kandungan *oil related trait* yang baik. Tetua BJ5819T dan BJ5817T dapat digunakan untuk menghasilkan varietas dengan laju pertumbuhan meninggi yang lambat dan *oil related trait* tinggi. Daya gabung khusus tidak nyata untuk semua karakter. Hasil *2-fold cross-validation* menunjukkan ketepatan untuk jumlah tandan, tandan buah segar, hasil CPO, panjang rachis, inti/buah, minyak/mesokarp kering, dan

minyak/tandan sebesar 0,52 – 0,88. Informasi ini dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan berikutnya.

Kata kunci: *cross validation*, pengujian progeni, seleksi

Abstract *Best linear unbiased prediction* (BLUP) is a method designed to predict genetic values from imbalanced data. BLUP analysis that utilizes kinship information can reduce bias due to data imbalance. This study aimed to estimate genetic parameters and general combining ability of parents through progeny testing and validation of prediction models for untested crosses. A progeny testing was planted in 2008 in a randomized complete block design with 5 replications. Observations were made on 10 characteristics observed in 2015 - 2017. The results showed that mesocarp/fruit and kernel/fruit characteristics were more controlled by tenera parents. Based on the estimation of the general combining ability of dura parents, BJ5686D and BJ5678D can be used to produce varieties with superior characteristics of productivity and oil yield. Tenera parent, AP141T can be used to produce superior varieties with good oil-related traits. The BJ5819T and BJ5817T parents can be used to produce varieties with slow height increment and high oil-related traits. Special combining abilities were not significant for all characteristics. The results of the 2-fold cross-validation showed that the accuracy for number of bunch, fresh fruit bunches, CPO production, rachis length, core/fruit, dry oil/mesocarp, and oil/bunches was 0.52 – 0.88. This information can be utilized in subsequent breeding programs.

Keywords: *cross validation*, progeny testing, selection

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

Annisa Fadhilah Sitepu* (✉)

Pusat Penelitian Kelapa Sawit
Jl. Brigjen Katamso No. 51 Medan 20158 Indonesia

Email: annisafadhillahsitepu@gmail.com

¹Departemen Agronomi dan Hortikultura Program Studi Bioteknologi, Sekolah Pascasarjana IPB

PENDAHULUAN

Pemilihan tetua merupakan tahapan penting dalam perakitan varietas kelapa sawit karena akan menentukan keberhasilan diperolehnya genotipe unggul. RRS (*Reciprocal Recurrent Selection*) merupakan metode seleksi dengan memanfaatkan fenomena heterosis (Yenni & Purba, 2005). Dalam skema RRS, pengujian progeni dilakukan untuk mengetahui nilai heterosis dari kombinasi beberapa tetua. Heterosis merupakan fenomena biologis yang berperan terhadap peningkatan keragaan tanaman yang melebihi rerata kedua tetuanya (Wu *et al.*, 2021). Heterosis mungkin terjadi karena kombinasi gen-gen yang bertanggung jawab terhadap penyandian i karakter tertentu saling komplementer dan alel-alel tersebut memiliki aksi gen dominan sehingga keragaan progeni melebihi nilai tengah tetuanya (Poehlman dan Sleper, 1995). Cros *et al.* (2015) melaporkan heterosis pada tandan buah segar merupakan hasil dari pengaruh interaksi multiplikatif antara pengaruh aditif dengan karakter jumlah tandan yang berkorelasi negatif dengan karakter berat tandan sehingga diasumsikan kedua karakter ini memiliki pengaruh aditif lengkap.

Selain nilai heterosis, informasi daya gabung juga sangat penting untuk mengidentifikasi tetua-tetua terbaik yang dapat menghasilkan hibrida unggul pada tanaman menyerbuk silang (Begna, 2021). Salah satu metode yang dapat digunakan untuk mengeksplorasi nilai daya gabung adalah menggunakan rancangan persilangan North Carolina II (NCII). Pada rancangan ini, masing-masing individu kelompok tetua jantan disilangkan dengan masing-masing individu kelompok tetua ibu atau sebaliknya (Begna & Yali, 2022). Rancangan ini sangat sesuai untuk tanaman yang memiliki banyak bunga sehingga bunga-bunga tersebut dapat digunakan baik sebagai tetua betina atau tetua jantan (Nduwumuremyi *et al.*, 2013).

Genotipe dengan daya gabung yang tinggi merupakan tetua yang berpotensi untuk digunakan sebagai pohon betina/jantan (Soh *et al.*, 2017). Daya gabung dibagi menjadi dua yakni daya gabung umum (DGU) dan daya gabung khusus (DGK). Nilai DGU digunakan untuk mengetahui kemampuan rerata dari suatu tetua dengan kombinasi tertentu, sedangkan DGK digunakan untuk mengetahui kemampuan rerata suatu tetua dengan tetua tertentu (Henderson, 1975). Daya gabung umum yang disandikan oleh keturunan

suatu persilangan merupakan hasil dari pengaruh gen aditif sedangkan daya gabung khusus merupakan penyandian hasil gen aditif, dominan dan epistasis (Begna, 2021).

Data tidak seimbang sering dijumpai pada program pemuliaan kelapa sawit. Selain itu, pengujian progeni membutuhkan areal yang luas sehingga tidak semua persilangan diuji pada satu areal, menyebabkan rancangan persilangan yang tidak lengkap. Pendugaan nilai daya gabung menggunakan data tidak lengkap menyebabkan bias dan dapat mengurangi ketepatan dugaan. BLUP (*best linear unbiased prediction*) merupakan metode yang umum digunakan dalam pemuliaan ternak untuk mengatasi data tidak seimbang (Robinson, 1991). BLUP menduga nilai pemuliaan dari pengaruh acak pada model statistik yang berasosiasi dengan data fenotip yang dikoreksi pengaruh tetap (Piepho *et al.*, 2008). Selain itu, metode ini dapat memanfaatkan informasi kekerabatan untuk meningkatkan ketepatan dugaan i pada karakter dengan heritabilitas rendah (Sood *et al.*, 2020). BLUP telah digunakan dalam seleksi kelapa sawit. Purba *et al.* (2001) menggunakan metode BLUP untuk menduga keragaan hibrida kelapa sawit yang tidak diuji (*untested hybrid*). Cedillo *et al.* (2018) menunjukkan bahwa persilangan yang terpilih berdasarkan ranking BLUP memiliki kemajuan genetik 43% lebih tinggi dibandingkan rata-rata pengujian. Penelitian ini bertujuan untuk menduga daya gabung tetua melalui pengujian progeni dan mempelajari ketepatan model pendugaan persilangan-persilangan yang tidak diuji (*untested crosses*).

BAHAN DAN METODE

Bahan I Genetik dan Rancangan Percobaan

Bahan yang digunakan berasal dari percobaan DS04S terdiri atas 21 progeni hasil persilangan 7 dura dan 11 tenera menggunakan rancangan persilangan *Incomplete North Carolina II* yang dikelompokkan ke dalam 2 rancangan yaitu PS2 dan PS6. Tetua ibu yang digunakan merupakan hasil rekombinasi dura terbaik siklus RRS ke-2. Tetua jantan PS2 merupakan hasil rekombinasi La Me dengan SP540, sedangkan tetua jantan PS6 merupakan keturunan populasi Binga. Pengujian progeni ditanam dalam rancangan kelompok lengkap teracak (RKLT) dengan lima ulangan dan masing-masing plot terdiri dari 12 tanaman.

Tabel 1. Identitas tetua dura (D), tetua tenera (T), dan 21 progeni DxT yang diuji
 Table 1. Identity of dura parents (D), tenera parents (T), and 21 DxT progeny

D\T	AP135T	AP139T	AP141T	AP142T	BJ5817T	BJ5819T	BJ5820T	BJ5821T	BJ5823T	BJ5824T	BJ5825T
BJ5626D				BJ07/05				BJ20/05		BJ40/05	
BJ5633D	BJ67/05								BJ62/05	BJ71/05	
BJ5634D								BJ19/05	BJ 39/05		BJ64/05
BJ5636D		BJ05/05	BJ14/05						BJ 41/05	BJ60/05	
BJ5674D					BJ44/05						BJ73/05
BJ5678D		BJ04/05				BJ24/05			BJ 53/05		
BJ5686D			BJ87/05				BJ54/05	BJ58/05			

Pengambilan Data

Bahan genetik yang diuji ditanam di Kebun Dolok Sinumbah, Afdeling III, PTP Nusantara IV tahun 2008. Data yang digunakan merupakan hasil pengamatan pada fase dewasa umur 7-9 tahun dalam periode 2015 – 2017.

Pengamatan dilakukan terhadap 11 karakter kuantitatif kelapa sawit, yang meliputi dua karakter vegetatif, satu karakter fisiologis, empat karakter komponen tandan, dan empat karakter hasil. Karakter vegetatif meliputi laju pertumbuhan meninggi dan panjang rachis. Karakter fisiologis yang diamati adalah indeks tandan. Karakter komponen tandan terdiri dari mesokarp/buah, inti/buah, minyak/mesokarp kering, dan minyak/tandan. Karakter hasil meliputi jumlah tandan, rerata berat tandan, hasil tandan buah segar, dan hasil CPO.

Analisis Karakter Vegetatif

Karakter vegetatif yang diamati berupa laju pertumbuhan meninggi (HI) yang diperoleh mengikuti cara Noh *et al.* (2014),

$$HI = \frac{\text{tinggi tanaman umur } t}{t - 2}$$

dengan t adalah umur tanaman. Tinggi tanaman diukur dari permukaan tanah hingga rudimeter pelepah ke 17. Panjang rachis (RL) dihitung dari duri manis sampai ujung anak daun.

Analisis Karakter Fisiologis

Indeks tandan (BI) dihitung mengikuti cara (Fadila, *et al.* 2016)

$$BI = \frac{BDM}{BDM + VDM}$$

dengan BDM adalah berat kering tandan yang diperoleh dari $BDM = 0.52 \times TBS \times \text{kerapatan tanam}$ /1000 dan VDM adalah hasil bahan kering yang diperoleh dari

$$VDM = (FDW + TDW) \times \text{kerapatan} \frac{\text{tanam}}{1000}$$

dengan FDW adalah berat kering pelepah dan TDW adalah berat kering batang.

Analisis Komponen Tandan

Analisis mutu tandan dilakukan di Laboratorium Analisis Tandan PPKS. Karakter yang diamati yaitu rasio mesokarp per buah (M/B) dan rasio inti per buah (I/B). Analisis kandungan minyak dilakukan menggunakan metode Soxhlet. Variabel yang diamati berupa minyak per tandan (Mi/T) diperoleh dari perkalian antara persentase buah/tandan (B/T), persentase mesokarp/buah (M/B), dan persentase minyak per mesokarp (Mi/M); *industrial extraction rate* (IER) yang diperoleh dari perkalian antara faktor koreksi (0,855) dengan rasio buah per tandan (B/T), mesokarp per buah (M/B), dan rasio minyak per mesokarp (Mi/M).

Analisis Komponen Hasil

Tandan yang dianalisis minimal sudah membrondol 2-6 buah. Pengamatan dilakukan sebanyak 4 kali, dan dalam 1 tahun dilakukan 2 kali analisis tandan dengan jarak antara pengambilan tandan analisis minimal 5-6 bulan untuk analisis. Karakter komponen hasil yang diamati terdiri dari tandan buah segar (TBS) yang diperoleh dari perkalian antara jumlah tandan (JT) dan rata-rata berat tandan (RBT), serta potensi hasil CPO yang diperoleh dari perkalian antara TBS terkoreksi (95% x kerapatan tanam) dengan IER.

Analisis Ragam dan Pendugaan Parameter Genetik

Percobaan ini terdiri dari dua faktor, yaitu tetua betina dan tetua jantan menggunakan rancangan persilangan North Carolina II (NCII). Model linier NCII (Awata *et al.* 2018) yaitu:

$$Y_{ijk} = \mu + f_i + m_j + mf_{ij} + r_k + e_{ijk}$$

Dengan

μ : rata-rata populasi pengujian

m_j : pengaruh tetua betina ke- j

f_i : pengaruh tetua jantan ke- j

mf_{ij} : interaksi pengaruh tetua betina- i ketika disilangkan dengan tetua jantan- j

r_k : pengaruh ulangan ke- k

e_{ijk} : pengaruh galat percobaan

Pendugaan Nilai Daya Gabung

p persilangan dihasilkan dari p_A tetua Kelompok A dan p_B tetua Kelompok B. Jika tidak ada epistasis, model linier campuran yang digunakan mengacu pada Bernardo (1996) yaitu

$$y_{AB} = X\beta + Z_1g_A + Z_2g_B + Z_d + e$$

dengan y_{AB} = vektor $n \times 1$ karakter yang diamati, dengan n sebanyak masing-masing 1.260 pengamatan; β = vektor $t \times 1$ pengaruh tetap, dengan t merupakan umur tanaman; g_A = vektor $f \times 1$ pengaruh DGU tetua Kelompok A sebanyak 7 tetua, dengan f merupakan tetua betina; g_B = vektor $m \times 1$ pengaruh DGU tetua Kelompok B, dengan m merupakan tetua jantan sebanyak 11 tetua; d = vektor $p \times 1$ pengaruh DGK tetua A x tetua B, dengan p sebanyak 21 persilangan; e = vektor $n \times 1$ pengaruh galat; X, Z_1, Z_2, Z_d = insiden matrik yang menghubungkan pengaruh-pengaruh tersebut dengan y . Pada analisis BLUP ragam DGU tetua A, DGU tetua B, dan DGK merupakan pengaruh acak.

Estimasi nilai β , DGU tetua Kelompok A, DGU tetua Kelompok B, dan nilai DGK tetua A x tetua B dihitung menurut (Henderson, 1975; Bernardo, 2010) dengan persamaan :

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{g}_A \\ \hat{g}_B \\ \hat{d} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_A & X'R^{-1}Z_B & X'R^{-1}Z_d \\ Z_A'R^{-1}X & Z_A'R^{-1}Z_A + V_1 & Z_A'R^{-1}Z_B & Z_A'R^{-1}Z_d \\ Z_B'R^{-1}X & Z_B'R^{-1}Z_A & Z_B'R^{-1}Z_B + V_2 & Z_B'R^{-1}Z_d \\ Z_d'R^{-1}X & Z_d'R^{-1}Z_A & Z_d'R^{-1}Z_B & Z_d'R^{-1}Z_d + V_3 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_A'R^{-1}y \\ Z_B'R^{-1}y \\ Z_d'R^{-1}y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_A'R^{-1}y \\ Z_B'R^{-1}y \\ Z_d'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

dengan $V_1 = G_1^{-1}[V_R/V_{GCA(A)}]$; $V_2 = G_2^{-1}[V_R/V_{GCA(B)}]$;

$V_3 = D^{-1}[V_R/V_{SCA}]$; komponen varian dalam struktur diagonal; $R = \sigma^2 I_\varepsilon$ I_ε merupakan matrik identitas $n \times n$. Tetua Kelompok A merupakan individu-individu yang berasal dari generasi pertama seleksi Deli yang tidak diketahui tetua asalnya, maka coancestrynya diberi nilai $(\frac{1}{2})cov$ atau $f_{AB} = (\frac{1}{2})cov$. Komponen ragam dihitung berdasarkan Bernardo (2010) dengan rumus:

$$V_R = \frac{y'R^{-1}y - (solution\ vector)'(right-hand\ side\ vector)}{(number\ of\ observation\ in\ y) - rank(X)}$$

$$V_A = \frac{\hat{u}'A^{-1}\hat{u} + \hat{V}_R tr(A^{-1}C_{22})}{n}$$

$$V_{GCA(A)} = \frac{\hat{g}_1'G_1^{-1}\hat{g}_1 + \hat{V}_R tr(G_1^{-1}C_{22})}{f}$$

$$V_{GCA(B)} = \frac{\hat{g}_2'G_2^{-1}\hat{g}_2 + \hat{V}_R tr(G_2^{-1}C_{33})}{m}$$

$$V_{SCA} = \frac{\hat{d}'D^{-1}\hat{d} + \hat{V}_R tr(D^{-1}C_{44})}{n}$$

dengan $C_{22} C_{33} C_{44}$ merupakan sub-matrik dari inverse matrik koefisien

Dugaan Keragaan *Untested Cross*

Keragaan ($fxm - p$) = *m untested cross* diduga i berdasarkan keragaan *p tested cross* menggunakan model yang dikembangkan Bernardo, (1994). Jika y_P = vektor $p \times 1$ rata-rata keragaan *tested cross* terkoreksi:

$$y_P = (Z'R^{-1}Z)^{-1}Z'R^{-1}(y - X_\beta)$$

Keragaan *m untested cross* dapat diduga sebagai:

$$y_M = C_{MP}C_{PP}^{-1}y_P$$

dengan y_M = vektor $m \times 1$ dugaan keragaan *untested cross*; C_{MP} = matrik $m \times p$ kovarian genetik antara *untested cross* dengan *tested cross*; C_{PP} = matrik $p \times p$ varian-kovarian fenotipik antar *tested cross*.

Validasi Model Dugaan

Penilaian ketepatan model dugaan BLUP mengacu pada publikasi Purba *et al.* (2001), dengan membandingkan keragaan *tested hybrid* dan estimator-nya ketika menggunakan hibrida lain sebagai prediktor. Selanjutnya, dilakukan korelasi antara nilai dugaan dan nilai observasi. Ketepatan model dugaan juga dilakukan menggunakan metode *2-fold Cross Validation*. Data secara acak dibagi kedalam dua kelompok sebagai data training dan data validasi.

Analisis Data

Analisis ragam dilakukan untuk mempelajari pengaruh progeni, daya gabung umum, dan daya gabung khusus menggunakan *software SAS On Demand for Academic* (<https://welcome.oda.sas.com/>), sedangkan analisis BLUP untuk menduga nilai daya gabung dan validasi model dugaan dilakukan dengan menggunakan *software Rstudio* versi 4.3.2 dengan package *lme4gs* dan *pedigreemm*.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis Ragam dan Pendugaan Parameter Genetik

Hasil analisis ragam menunjukkan progeni berpengaruh nyata pada seluruh karakter yang diamati kecuali indeks tandan. Tetua dura (*female*) dan tetua tenera (*male*) berpengaruh nyata pada jumlah tandan, rerata berat tandan, minyak/mesokarp kering, minyak/tandan, dan laju pertumbuhan meninggi. Pada penelitian ini karakter mesokarp/buah dan inti/buah hanya berbeda nyata pada tetua tenera. Peran masing-masing tetua akan dijelaskan lebih lanjut dalam analisis daya gabung.

Hasil pendugaan parameter genetik menunjukkan ragam aditif tetua dura rerata bobot tandan, tandan buah segar, laju pertumbuhan meninggi, panjang rachis dan minyak/tandan lebih tinggi dibandingkan tetua tenera. Ragam aditif tetua tenera lebih tinggi pada jumlah tandan, hasil CPO, mesokarp per buah, inti per buah, minyak per mesokarp kering, dan indeks tandan. Pada penelitian ini tetua betina mempengaruhi pewarisan karakter yang berkaitan dengan ukuran dan berat tandan, sedangkan tetua jantan mempengaruhi pewarisan jumlah tandan dan hasil minyak. Hal serupa juga dilaporkan oleh (Soh & Chow, 1993) yang menggunakan bahan origin Dumpy-Avros.

Interaksi *FxM* pada seluruh karakter yang diamati tidak nyata, dan ragam dominan pada seluruh karakter yang diamati sangat kecil ($<0,1$). Besaran ragam dominan mempengaruhi daya gabung khusus tetua yang diuji, oleh karena itu pengaruh DGK pada penelitian ini dapat diabaikan. Hasil ini sejalan dengan penelitian Purba *et al.* (2001) yang menunjukkan bahwa tetua dura dan tenera yang digunakan memiliki basis genetik terbatas, sehingga ragam dominan pada populasi yang diuji $<10\%$. Disamping itu, penelitian ini telah mencapai RRS siklus ke-3, dengan tetua yang digunakan telah mengalami seleksi secara intensif untuk menghasilkan progeni-progeni dengan produktivitas tinggi. Oleh karena itu keragaman non-aditif tidak muncul pada progeni yang diuji. Musa *et al.* (2004), menyatakan penggunaan tetua yang sama selama beberapa generasi dapat menurunkan keragaman genetik.

Tabel 2. Sumber keragaman pengaruh progeni dan tetua pada karakter hasil

Tabel 2. Sources of variation in the influence of progeny and parents on production trait

Sumber Keragaman	Db	JT	TBS	RBT	CPO	BI
Ulangan	4	11,13 *	1175,97	2,22 *	1,92	0,005 *
Progeni	20	7,06 *	1116,16 *	2,22 *	2,34 *	0,002
Female (F)	6	7,14 *	1404,72 *	3,18 *	1,83 *	0,001
Male (M)	10	7,90 *	1161,71 *	1,67 *	1,83 *	0,003
F x M	4	1,06	194,51	0,39	0,31	0,000
Galat	80	2,32	509,25	0,87	0,78	0,002
KK (%)		11,21	10,90	5,90	11,72	7,400
$\sigma_{A(f)}^2$		0,68	101,63	0,48	0	0
$\sigma_{A(m)}^2$		0,89	64,55	0,11	0,21	0
σ_D^2		0,00	0,00	0,00	0	0
σ_P^2		4,16	688,44	1,50	1,17	0,002
$h_{plot\ basis}^2$		0,38	0,24	0,40	0,34	0,057
$h_{mean\ basis}^2$		0,75	0,61	0,77	0,72	0,23

Keterangan: *berpengaruh nyata $p < 0.05$, JT (jumlah tandan), TBS (tandan buah segar), RBT (rerata berat tandan), CPO (hasil CPO), BI (indeks tandan).

Abbreviation: *significant at $p < 0.5$, JT (bunch number), TBS (fresh fruit bunch), RBT (average bunch weight), CPO (production of CPO), BI (bunch index).

Seleksi akan lebih efektif jika karakter yang diuji memiliki nilai heritabilitas yang tinggi. Pendugaan heritabilitas berdasarkan *plot* lebih rendah dibandingkan heritabilitas berdasarkan rerata. Pada heritabilitas berdasarkan rerata, komponen ragam galat dibagi dengan jumlah ulangan, sehingga nilai ragam fenotipe menjadi lebih kecil dari berdasarkan plot. Pendekatan *entry-mean basis* dapat memberikan hasil yang lebih baik untuk pendugaan heritabilitas karena pendugaan ragam genotipe yang lebih terperinci (Schmidt *et al.*, 2019).

Pada penelitian ini, komponen tandan memiliki nilai heritabilitas *plot basis* relatif tinggi (0,71-0,82),

sedangkan komponen hasil dan vegetatif memiliki heritabilitas moderat (0,25-0,65). Heritabilitas hasil, komponen tandan, dan vegetatif telah banyak diteliti dan menunjukkan hasil yang sama (Constantin *et al.*, 2017; Gomes Junior *et al.*, 2021; Tupaz-Vera *et al.*, 2023). Pada penelitian ini karakter indeks tandan memiliki heritabilitas yang sangat rendah (0,057). Hasil ini sangat berbeda dengan Fadila *et al.* (2016) yang melaporkan heritabilitas indeks tandan pada berbagai sumber daya genetik berkisar antara 9-72%. Perbedaan ini terjadi karena penelitian ini menggunakan progeni hasil persilangan antara tetua-tetua yang telah mengalami seleksi sehingga keragamannya rendah.

Tabel 3. Sumber keragaman pengaruh progeni dan tetua pada komponen tandan
 Tabel 3. Sources of variation in the influence of progeny and parents on bunch trait

Sumber												
Keragaman	db	MB		IB		ODM		MiT		LPM		PR
Ulangan	4	1,92		0,40		0,26		0,93		73,86	**	1482,34 *
Progeni	20	9,42	**	3,82	**	5,18	**	12,62	**	64,40	**	1059,17 *
Female (F)	6	1,30		0,53		2,46	**	6,74	**	77,17	**	783,54
Male (M)	10	11,59	**	6,20	**	5,85	**	10,73	**	54,08	**	509,78
F x M	4	1,87		0,15		0,16		0,28		12,19		180,70
Galat	80	1,94		0,44		0,38		0,99		7,22		455,33
KK (%)		1,66		10,19		0,78		3,23		4,90		3,97
$\sigma_{A(f)}^2$		0,09		0,07		0,64		2,40		8,29		239,11
$\sigma_{A(m)}^2$		4,63		1,12		1,05		1,84		7,68		17,07
σ_D^2		0,00		0,00		0,00		0,00		3,02		0,00
σ_P^2		6,64		1,61		2,05		5,18		29,00		736,33
$h_{plot\ basis}^2$		0,71		0,74		0,82		0,82		0,65		0,35
$h_{mean\ basi}^2$		0,93		0,93		0,96		0,96		0,90		0,73

Keterangan: ** berpengaruh nyata $p < 0.01$, MB (mesokarp/buah), IB (inti/buah), ODM (minyak/mesokarp kering), MiT (minyak/tandan), LPM (laju pertumbuhan meninggi), PR (panjang rachis).

Abbreviation: **significant at $p < 0.01$, MB (mesocarp to fruit), IB (kernel to fruit), ODM (oil to dry mesocarp), MiT (oil to bunch), LPM (height increment), PR (rachis length).

Pendugaan Nilai Daya Gabung

BJ5686D merupakan tetua betina yang memiliki nilai daya gabung umum terbaik pada jumlah tandan, tandan buah segar, dan hasil CPO. Tetua ini dapat digunakan untuk membentuk hibrida yang memiliki ukuran tandan dan hasil CPO yang tinggi. Tetua BJ5678D memiliki daya gabung umum yang baik pada rerata berat tandan, mesokarp/buah, dan minyak/mesokarp. Tetua ini dapat digunakan untuk menghasilkan hibrida yang memiliki berat tandan dan *oil related trait* yang baik. Tetua BJ5633D memiliki daya gabung umum yang baik pada laju pertumbuhan meninggi dan indeks tandan, sedangkan tetua BJ5626D memiliki penggabungan umum yang baik pada panjang rachis. BJ5633D dan BJ566D dapat

dimanfaatkan pada siklus pemuliaan berikutnya untuk menghasilkan hibrida yang memiliki karakter kompak. Tetua dura yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari persilangan antara tetua-tetua terbaik RRS siklus ke-2 yang dikenal memiliki daya gabung terbaik pada tandan buah segar, mesokarp/buah dan minyak/tandan.

AP141T memiliki daya gabung umum yang baik pada rerata berat tandan, inti/buah, dan minyak/mesokarp kering. AP141T merupakan keturunan origin Binga yang memiliki keunggulan ketebalan mesokarp, kandungan minyak/mesokarp kering, dan minyak/tandan (Yenni *et al.*, 2002). Hal serupa juga dilaporkan oleh Lim *et al.* (2003) yang mengatakan bahwa progeni DxP keturunan Binga

memiliki kandungan minyak/tandan yang lebih banyak karena rendahnya serat dalam mesokarp/buah. Tetua

AP141T sangat baik digunakan untuk menghasilkan varietas dengan oil related trait yang baik.

Tabel 4. Daya gabung umum tetua dura dan tenera pada r hasil dan vegetatif, dan komponen tandan

Tabel 4. General combining ability of dura and tenera parents on production, vegetative, and bunch trait

Tetua	JT	TBS	RBT	CPO	LPM	PR	MB	IB	ODM	MiT
<i>Female</i>										
BJ5626D	-0,044	-5,454	-0,437	-0,288	-1,379	-15,990	-0,116	0,124	-0,558	-0,601
BJ5633D	-0,087	-2,052	-0,170	-0,326	-2,634	-6,779	-0,065	0,053	-0,704	-1,489
BJ5634D	-0,324	-3,970	-0,054	-0,138	-0,562	0,104	-0,123	0,152	0,485	0,483
BJ5636D	-0,390	-8,190	-0,111	-0,324	-1,562	-4,258	-0,030	-0,053	0,346	0,130
BJ5674D	0,167	3,721	-0,070	0,269	0,498	-0,786	0,137	-0,123	0,313	0,815
BJ5678D	-0,304	2,400	0,855	0,293	1,436	7,030	0,138	-0,147	0,115	1,191
BJ5686D	0,837	10,181	-0,146	0,330	3,153	16,073	0,002	0,042	-0,070	-0,782
<i>Male</i>										
BJ5820T	0,137	2,496	-0,181	0,182	-1,382	-0,263	-0,982	-0,266	0,090	0,377
BJ5821T	0,667	5,337	-0,258	0,527	0,567	-0,918	0,664	-0,558	0,604	1,434
BJ5817T	0,409	3,858	-0,180	0,466	-0,940	-0,830	3,258	-1,838	0,483	1,479
BJ5819T	-0,254	-0,473	-0,176	0,188	0,120	0,102	2,071	-0,996	1,019	1,877
BJ5823T	0,390	5,213	-0,037	0,065	-1,582	-1,740	-0,954	0,300	-0,798	-1,110
BJ5824T	-0,214	1,893	0,084	-0,229	-0,949	-2,988	-0,631	-0,231	-1,266	-1,408
BJ5825T	0,960	7,428	-0,224	0,186	0,615	-1,846	-1,129	0,904	-0,426	-0,856
AP135T	-0,630	-8,549	0,263	-0,467	0,057	2,417	-0,747	0,587	-0,379	-0,514
AP142T	-0,894	-10,446	0,335	-0,455	2,751	3,707	-0,399	0,991	1,005	0,087
AP139T	-0,729	-9,157	0,339	-0,383	0,889	3,319	-0,187	0,825	0,293	-0,556
AP141T	-0,929	-10,149	0,438	-0,438	3,044	4,420	-0,495	0,998	1,084	-0,034

Keterangan: JT (jumlah tandan), RBT (rerata berat tandan), TBS (tandan buah segar), CPO (hasil CPO), LPM (laju pertumbuhan meninggi), PR (panjang rachis), MB (mesokarp/buah), IB (inti/buah), ODM (minyak/mesokarp kering), MiT (minyak/tandan).

Abbreviation: JT (bunch number), TBS (fresh fruit bunch), RBT (average bunch weight), CPO (production of CPO), LPM (height increment), PR (rachis lenght), MB (mesocarp to fruit), IB (kernel to fruit), ODM (oil to dry mesocarp), MiT (oil to bunch).

BJ5825T memiliki daya gabung umum yang baik pada jumlah tandan dan tandan buah segar. BJ5823T memiliki daya gabung umum yang baik pada laju pertumbuhan meninggi dan indeks tandan. BJ5825T dan BJ5823T berasal dari rekombinasi origin

LM2TxLM5T yang disilangkan dengan RS3T. Kedua tetua ini dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan berikutnya untuk perakitan varietas kompak yang memiliki jumlah tandan yang tinggi. BJ5819T memiliki daya gabung yang baik pada



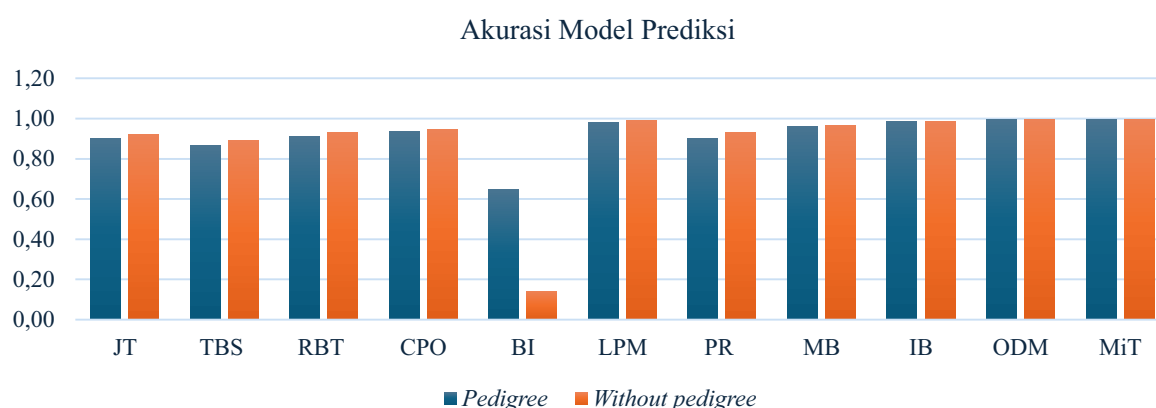
minyak/mesokarp kering dan minyak/tandan. BJ5817T memiliki daya gabung umum yang baik pada mesokarp/buah dan laju pertumbuhan meninggi. BJ5819T dan BJ5817T berasal dari rekombinasi origin LM13TxLM19T dengan RS3T. Populasi RS3T memiliki keunggulan pada jumlah tandan dan tandan buah segar (Buntaran *et al.*, 2014). Kedua tetua ini dapat digunakan untuk menghasilkan hibrida yang memiliki laju pertumbuhan meninggi yang lambar dan *oil related trait* tinggi.

Ketepatan Dugaan Keragaan Hibrida

Simulasi dugaan *untested cross* dilakukan melalui tiga model yaitu dugaan tanpa *cross-validation*, dengan data pedigree (pedigree-BLUP) (model A), dugaan tanpa data pedigree (model B), dan 2-fold *cross-validation* dengan data pedigree (model C). Dugaan keragaan progeni pada model A dan B menggunakan 21 progeni yang diuji, sedangkan pada model C, data dibagi 2 secara acak, yaitu sekitar 50% sebagai data latih (*training set*) dan sekitar 50% sebagai data uji (*testing/validation set*). Nilai dugaan diperoleh dari penjumlahan nilai rerata umum, nilai DGU tetua dura dan DGU tetua tenera.

Ketepatan dugaan dinyatakan oleh nilai koefisien korelasi. Model A memiliki ketepatan dugaan lebih tinggi dari model B. Data pedigree dapat membantu memberikan informasi dari kerabat dalam menduga nilai genetik. Penggunaan data *pedigree* mampu meningkatkan ketepatan 5-15% (Bradford *et al.*, 2019; Chu *et al.*, 2019; Daetwyler *et al.*, 2012). Ketepatan model A tertinggi terdapat pada minyak/mesokarp kering dan terendah pada indeks tandan.

Model 2-fold *cross validation* (Model C) merupakan simulasi dalam menduga *untested cross*. Ketepatan dugaan 2-fold pada jumlah tandan, tandan buah segar, hasil CPO, panjang rachis, inti/buah, minyak/mesokarp kering, dan minyak/tandan tergolong tinggi (>0.50), yang menunjukkan bahwa model yang digunakan cukup baik dan dapat digunakan dalam menduga keragaan *untested cross*. Ketepatan dugaan umumnya lebih tinggi pada karakter yang memiliki heritabilitas tinggi. Heritabilitas tinggi menggambarkan keragaman karakter lebih banyak disebabkan oleh faktor genetik. Model dugaan yang mempertimbangkan informasi genetik cenderung lebih tepat dalam menduga karakter-karakter dengan heritabilitas tinggi. Hal serupa juga ditemukan Zhang *et al.* (2017) pada percobaan multi-lokasi, dengan nilai heritabilitas mempengaruhi ketepatan dugaan setiap lokasi.



Gambar 1. Ketepatan dugaan model A (dengan *pedigree*) dan B (tanpa *pedigree*), tanpa *cross-validation*
 Figure 1. Prediction accuracy of models A (with *pedigree*) and B (without *pedigree*), without *cross-validation*

Pada penelitian ini ketepatan dugaan mesokarp/buah rendah (0,21) walaupun memiliki heritabilitas yang tinggi (0,93), karena diduga mesokarp/buah populasi *training* tidak representatif. Habyarimana (2016) melaporkan ketepatan dugaan

menurun jika populasi pada training set tidak representatif. Selain itu, Zhang *et al.* (2017) melaporkan adanya perbedaan ketepatan dugaan karakter yang diamati pada dua lokasi, dengan kata lain lokasi pengujian juga mempengaruhi ketepatan

dugaan karakter yang diamati. Ketepatan dugaan dapat ditingkatkan dengan menambah jumlah ulangan, individu yang diamati, atau menggunakan

marka molekuler kedalam model dugaan (Alemu *et al.*, 2024; Guarini *et al.*, 2018; Hernández-Bautista *et al.*, 2020).

Tabel 6. Ketepatan dugaan pada 2-fold cross validation
Table 6. Prediction accuracy in 2-fold cross validation

Karakter	Fold 1	Fold 2	Rerata
JT	0,47	0,57	0,52
TBS	0,60	0,61	0,61
RBT	0,41	0,33	0,37
CPO	0,70	0,60	0,65
LPM	0,41	0,36	0,39
PR	0,82	0,71	0,77
MB	0,50	-0,08	0,21
IB	0,81	0,94	0,88
ODM	0,86	0,59	0,73
MiT	0,90	0,45	0,68

Keterangan: JT (jumlah tandan), RBT (rerata berat tandan), TBS (tandan buah segar), CPO (hasil CPO), LPM (laju pertumbuhan meninggi), PR (panjang rachis), MB (mesokarp/buah), IB (inti/buah), ODM (minyak/mesokarp kering), MiT (minyak/tandan).

Abbreviation: JT (bunch number), TBS (fresh fruit bunch), RBT (average bunch weight), CPO (production of CPO), LPM (height increment), PR (rachis length), MB (mesocarp to fruit), IB (kernel to fruit), ODM (oil to dry mesocarp), MiT (oil to bunch).

KESIMPULAN

1. Ragam aditif tetua betina lebih tinggi dari tetua jantan pada karakter yang berkaitan dengan ukuran dan berat buah, sedangkan tetua tenera memiliki ragam aditif yang lebih tinggi pada jumlah tandan dan hasil minyak.
2. BJ5686D, BJ5678D, BJ5633D, BJ5626D, AP141T, BJ5825T, BJ5823T, BJ5819T, BJ5817T terpilih sebagai tetua yang memiliki daya gabung umum yang baik pada karakter-karakter yang diamati. Keragaman non-aditif tidak muncul pada progeni yang diuji sehingga daya gabung khusus dapat diabaikan.
3. Ketepatan dugaan Model C menggambarkan simulasi dugaan keragaan *untested cross*. Ketepatan dugaan cukup tinggi pada jumlah

tandan, hasil tandan buah segar, hasil CPO, panjang rachis, inti/buah, minyak/mesokarp kering, dan minyak/tandan (>0,50).

DAFTAR PUSTAKA

- Alemu, A., Åstrand, J., Montesinos-López, O. A., Isidro y Sánchez, J., Fernández-González, J., Tadesse, W., Vetukuri, R. R., Carlsson, A. S., Ceplitis, A., Crossa, J., Ortiz, R., & Chawade, A. 2024. Genomic selection in plant breeding: Key factors shaping two decades of progress. *Molecular Plant*, 17(4), 552–578. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.03.007>
- Begna, T. 2021. Combining ability and heterosis in plant improvement. *Open Journal of Plant Science*, 6, 108–117.

- <https://doi.org/10.17352/ojps.000043>
- Begna, T., & Yali, W. (2022). Common mating design for Hybrid development. *International Research Journal of Plant and Crop Sciences*, 7(1), 211–220. www.advancedscholarsjournals.org
- Bernaro, R. 1994. Prediction of maize single-cross performance using RLFPs and Information from Related Hybrids. *Crop Sci.* 34:20-25
- Bernardo R. 1996. Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. *Crop Sci.* 36:50–6
- Bernardo, R. 2010. Breeding for Quantitative Traits in Plants 2nd Edition. Stemma Press, Minnesota.
- Bradford, H. L., Masuda, Y., Cole, J. B., Misztal, I., & VanRaden, P. M. 2019. Modeling pedigree accuracy and uncertain parentage in single-step genomic evaluations of simulated and US Holstein datasets. *Journal of Dairy Science*, 102(3), 2308–2318. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15419>
- Buntaran, H., Nasrullah, & Yenni, Y. 2014. Penentuan Nilai Tetua Pada Pengujian Keturunan Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.) Dengan Pendekatan Regresi. *J. Pen. Kelapa Sawit*, 22(1), 1–10.
- Cedillo, OD, CF Barrera, JO Cedillo, JO Carrera, MDV de Resende, CD Cruz. 2018. Estimates of parameters, prediction and selection of an oil palm population in Ecuador. *Revista Facultad Nacional de Agronomía*. 71. 8477-8487. 10.15446/rfna.v71n2.71928.
- Chu, T. T., Bastiaansen, J. W. M., Berg, P., & Komen, H. 2019. Optimized grouping to increase accuracy of prediction of breeding values based on group records in genomic selection breeding programs. *Genetics Selection Evolution*, 51(1), 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0509-z>
- Constantin, M., Ridwani, S., Syukur, M., & Suwarno, A. W. B. 2017. Performance, Heritability and Genetic Advance for Oil Yield and some Economical Characters in Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacquin) of Cameroon. *Jurnal Agronomi Indonesia (Indonesian Journal of Agronomy)*, 45(2), 212. <https://doi.org/10.24831/jai.v45i2.14110>
- Cros, D., M. Denis, J. M. Bouvet, & L. Sánchez. 2015. Long-Term Genomic Selection for Heterosis Without Dominance in Multiplicative Traits: Case Study of Bunch Production in Oil Palm. *BMC Genomics*, 16(1), 1–17. DOI: 10.1186/s12864-015-1866-9
- Daetwyler, H. D., Swan, A. A., Van Der Werf, J. H., & Hayes, B. J. 2012. Accuracy of pedigree and genomic predictions of carcass and novel meat quality traits in multi-breed sheep data assessed by cross-validation. *Genetics Selection Evolution*, 44(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-33>
- Fadila, A. M., Norziha, A., Din, M. A., Rajanaidu, N., & Kushairi, A. 2016. Evaluation of bunch index in MPOB oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) germplasm collection. *Journal of Oil Palm Research*, 28(4), 442–451. <https://doi.org/10.21894/jopr.2016.2804.05>
- Gomes Junior, R. A., de Freitas, A. F., da Cunha, R. N. V., de Abreu Pina, A. J., Campos, H. O. B., & Lopes, R. 2021. Selection gains for the palm oil production from progenies of American oil palm with oil palm. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 56. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.PAB2021.V56.02321>
- Guarini, A. R., Lourenco, D. A. L., Brito, L. F., Sargolzaei, M., Baes, C. F., Miglior, F., Misztal, I., & Schenkel, F. S. 2018. Comparison of genomic predictions for lowly heritable traits using multi-step and single-step genomic best linear unbiased predictor in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 101(9), 8076–8086. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-14193>
- Habyarimana E. 2016. Genomic prediction for yield improvement and safeguarding of genetic diversity in CIMMYT spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Australian Journal of Crop Science*, 10(1), 127–136.
- Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased prediction of performance and breeding value. Cornell University and The University of Illinois.
- Hernández-Bautista, A., Lobato-Ortiz, R., Jesús García-Zavala, J., Cruz-Izquierdo, S., Chávez-Servia, J. L., Rocandio-Rodríguez, M., Moreno-Ramírez, Y. D. R., Hernandez-Leal, E., Hernández-Rodríguez, M., & Reyes-Lopez, D.

2020. Prediction accuracy of genomic selection models for earliness in tomato. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 80(4), 505–514. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392020000400505>
- Lim, C., Teo, K., Rao, V., & Chia, C. 2003. Performances of Some Pisifera S of Binga, Ekona, Urt and Angolan Origins : Part 1 - Breeding Background and Fruit Bunch Traits. *Journal of Oil Palm Research*, 15(1), 21–31.
- Musa B. B., G. B. Saleh, & S. G. Loong. 2004. Genetic Variability and Broad-Sense Heritability in Two Deli-AVROS DxP Breeding Populations of The Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *SABRAO. Journal of Breeding and Genetics* 36: 13-22.
- Nduwumuremyi, A., Tongoona, P., & Habimana, S. (2013). Mating Designs: Helpful Tool for Quantitative Plant Breeding Analysis. *J. Plant Breed. Genet*, 01(03), 117–129. <http://www.escijournals.net/JDBG>
- Nduwumuremyi, A., Tongoona, P., & Habimana, S. 2013. Mating Designs: Helpful Tool for Quantitative Plant Breeding Analysis. *J. Plant Breed. Genet*, 01(03), 117–129. <http://www.escijournals.net/JDBG>
- Piepho HP, Möhring J, Melchinger AE, Büchse A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161:209–228
- Purba, AR. A. Flori, L Baudouin, S. Hamon. 2001. Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). *Theoretical and Applied Genetics*. 102. 787-792. [10.1007/s001220051711](https://doi.org/10.1007/s001220051711)
- Robinson, G. K. 1991. That BLUP is a Good Thing: The Estimation of Random Effects. *Statistical Science*, 6(1), 15–32. <http://www.jstor.org/stable/2245695>
- Poehlman, J. M., & D. A Sleper. 1995. *Breeding Field Crops*. Fourth Edition. Iowa State University Press.
- Schmidt P, J Hartung, J Bennewitz, HP Piepho. 2019. Heritability in Plant Breeding on a Genotype-Difference Basis. *Genetics* (212): 991–1008
- Soh, A.C., S. Mayes, and J.A. Roberts. 2017. *Oil Palm Breeding: Genetics and Genomics*. CRC Press.
- Soh, A., & CS, Cow. 1993. Index Selection Utilizing Plot and Family Information in Oil Palm. *Journal of Oil Palm Research*, 5(1), 27–37.
- Sood, S., Bhardwaj, V., Kaushik, S. K., & Sharma, S. (2020). Prediction based on estimated breeding values using genealogy for tuber yield and late blight resistance in auto-tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.). *Heliyon*, 6(11), e05624. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05624>
- Tupaz-Vera, A., Ayala-Diaz, I., Barrera, C. F., & Romero, H. M. 2023. Genetic gains for obtaining improved progenies of oil palm in Colombia. *Euphytica*, 219(3), 1–12. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-03137-2>
- Wu, X., Liu, Y., Zhang, Y., & Gu, R. 2021. Advances in Research on the Mechanism of Heterosis in Plants. *Frontiers in Plant Science*, 12(September), 1–14. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.745726>
- Yenni, Y., Budiman, L. F., & Asmono, D. 2002. Diversitas Genetik Plasma Nutfah Kelapa Sawit Tenera Origin Binga. *J. Pen. Kelapa Sawit*, 10(I), 23–30.
- Yenni, Y. & Purba, A.R., 2005. Keragaan Material DxP Simalungun Hasil Siklus Kedua Program Pemuliaan Kelapa Sawit PPKS. *Jurnal Penelitian Kelapa Sawit*. 13(3):119-126.
- Zhang, A., Wang, H., Beyene, Y., Semagn, K., Liu, Y., Cao, S., Cui, Z., Ruan, Y., Burgueño, J., Vicente, F. S., Olsen, M., Prasanna, B. M., Crossa, J., Yu, H., & Zhang, X. 2017. Effect of trait heritability, training population size and marker density on genomic prediction accuracy estimation in 22 bi-parental tropical maize populations. *Frontiers in Plant Science*, 8(November), 1–12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01916>