

PENGARUH RASIO INDUK: PEJANTAN TERHADAP TAKSIRAN HERITABILITAS MENGGUNAKAN ANIMAL MODEL REML DAN ANOVA

Agus Susanto*, Dattadewi Purwantini, Setya Agus Santosa dan Dewi Puspita Candrasari

Fakultas Peternakan, Universitas Jenderal Soedirman

*Korespondensi email: agus.susanto0508@unsoed.ac.id

Abstrak. Tujuan penelitian ini adalah membandingkan ketepatan hasil taksiran heritabilitas yang dilakukan menggunakan metode Restricted Maximum Likelihood Animal Model dan menggunakan analisis variansi (ANOVA) pada data dengan rasio betina:jantan yang berbeda. Penelitian dilakukan menggunakan simulasi stokastik komputer. Data individu ternak disimulasikan menggunakan mixed model animal model. Model ternak terdiri dari pengaruh tetap tunggal nilai tengah dan pengaruh acak nilai pemuliaan dan galat. Faktor acak nilai pemuliaan dan galat (residual) disimulasikan secara acak dari distribusi normal $NP \sim N(0, A\sigma_a^2)$ dan $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. Skenario rasio induk:pejantan yang disimulasikan adalah 20, 100 dan 500 individu dengan variansi aditif dan galat masing-masing 100, 233.3333 unit² dan nilai heritabilitas 0,3 dan nilai tengah fenotipik 3.000 unit. Pendugaan heritabilitas menggunakan metode REML dilakukan menggunakan program DMU dan pendugaan heritabilitas menggunakan ANOVA dilakukan menggunakan program R menggunakan model pejantan. Akurasi taksiran heritabilitas ditentukan menggunakan jumlah kuadrat deviasi nilai heritabilitas taksiran terhadap nilai heritabilitas yang disimulasikan (SSSE). General linear test digunakan untuk menguji pengaruh faktor rasio induk:pejantan dan metode penaksiran. Nilai rata-rata taksiran heritabilitas untuk rasio induk:pejantan 20, 100 dan 500 menggunakan metode ANOVA adalah 0,248, 0,249 dan 0,231 sedangkan nilai taksiran menggunakan metode REML-nya adalah 0,196, 0,199 dan 0,253. Nilai rata-rata heritabilitas tersimulasi untuk rasio induk:pejantan 20, 100 dan 500 adalah 0,295335, 0,298860 dan 0,294666. Nilai SSSE untuk rasio induk:pejantan 20, 100 dan 500 untuk metode ANOVA adalah 9,098665, 2,715 dan 2,16467 sedangkan metode REML menghasilkan nilai SSSE yaitu 4,710105, 2,615989 dan 0,5537548. Kesimpulan penelitian: (1) penggunaan metode dalam penaksiran komponen variansi dan heritabilitas tergantung dari struktur dan ketersediaan data pedigree-nya, (2) rasio induk:pejantan meningkatkan akurasi prediksi, dan (3) metode REML lebih baik digunakan pada jumlah data besar dengan struktur data dengan pedigree relatif lengkap.

Kata kunci: estimasi komponen variansi, parameter genetik, peragam saudara tiri, data silsilah

Abstract. The purpose of this study was to compare the accuracy of heritability estimation using Restricted Maximum Likelihood Animal Model and analysis of variance (ANOVA) on data with different female:male ratios. The research was conducted using a computer stochastic simulation. Individual data was simulated using a mixed model animal model. The animal model consisted of single fixed effect of the general mean and random effects of breeding value and residual. The random effect of breeding values and residual were simulated randomly from the normal distribution $NP \sim N(0, A\sigma_a^2)$ dan $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. The simulated female:male ratio scenarios were 20, 100 and 500 with genetic additive and residual variances of 100, 233.3333 units² and heritability of 0.3 and phenotypic mean of 3,000 units, respectively. Heritability estimation using the REML method was carried out using the DMU program and heritability estimation using ANOVA was carried out using the R program using the sire model. The accuracy of the heritability estimation was determined using the sum of the squares deviation of the estimated heritability value on the simulated value (SSSE). The general linear test was used to test the effect of the female:male ratio factor and the estimation method. The average heritability estimates for the female:male ratio of 20, 100 and 500 using the ANOVA method were 0.248, 0.249 and 0.231, respectively, while the estimated heritabilities using the REML method were 0.196, 0.199 and 0.253, respectively. The average simulated heritability for female:male ratios of 20, 100 and 500 were 0.295335, 0.298860, and 0.294666, respectively. The SSSE values for the female: male ratio of 20, 100 and 500 for the ANOVA method were 9.098665, 2.715 and 2.16467, respectively, while the REML method yielded SSSE values of 4.710105, 2.615989 and 0.5537548, respectively. The conclusions of the study: (1) the use of the method in estimating the components of variance and heritability depending on the structure and availability of the pedigree data, (2) the

female:male ratio increases accuracy of the prediction, and (3) the REML method is better used on large data with relatively complete pedigree structure.

Keywords: variance components estimation, genetic parameters, half-sibs covariace, pedigree data

PENDAHULUAN

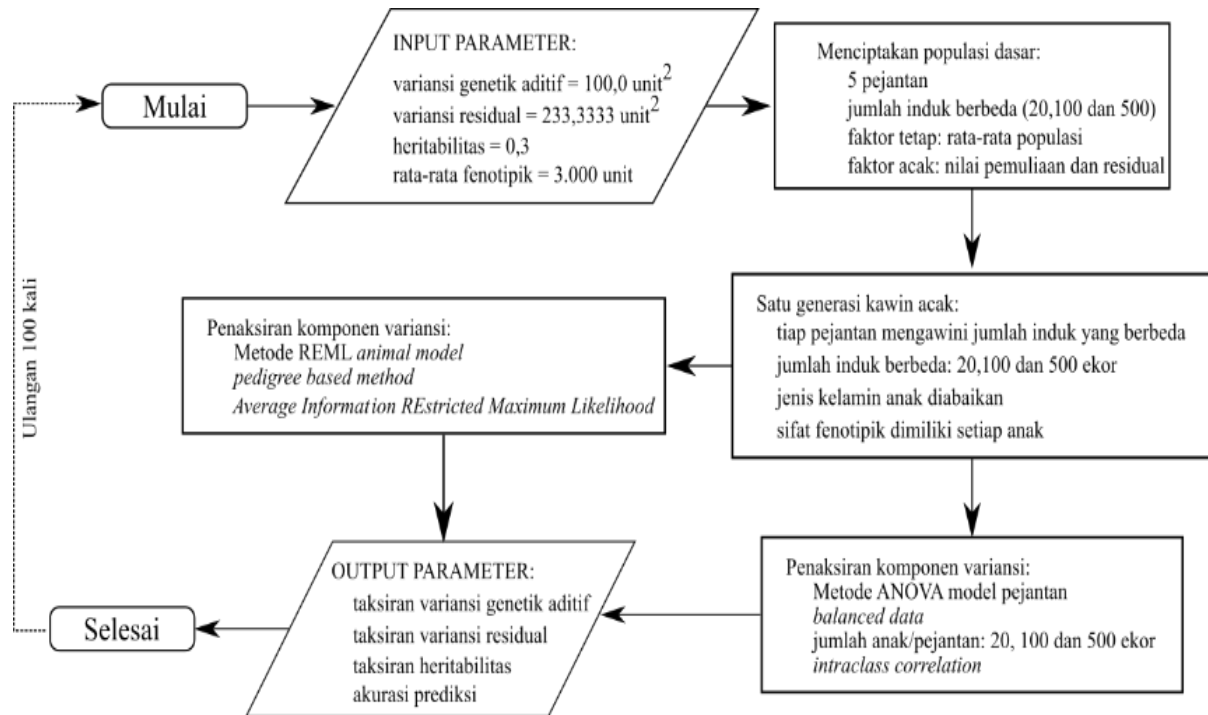
Penaksiran parameter genetik dalam merupakan tahapan yang penting karena keberhasilan sebuah program pemuliaan ternak tergantung dari besarnya nilai taksiran heritabilitas suatu sifat dan akurasi hasil taksirannya. Selain itu taksiran heritabilitas juga diperlukan dalam penaksiran nilai pemuliaan ternak dalam populasi. Berbagai metode penaksiran komponen variansi telah dikenal hingga kini mulai dari metode yang berbasis analisis variansi, *minimum norm quadratic unbiased estimation* (MINQUE) dan *minimum variance quadratic unbiased estimation* (MIVQUE), *Maximum Likelihood* (ML) *estimation* serta *Restricted Maximum Likelihood* (REML) *estimation* Hofer (1998). Metode penaksiran komponen variansi pada bidang pemuliaan ternak menggunakan metode REML banyak dilaporkan di literature misalnya Garnsworthy et al. (2012), McLaren et al. (2016) dan Susanto et al. (2018).

Penaksiran heritabilitas menggunakan ANOVA berdasarkan kovariansi kerabat tiri dilaporkan oleh Purwantini et al. (2017), Kubangun et al. (2014) dan Krisnamurti et al. (2019). Metode penaksiran menggunakan metode REML umumnya dilakukan pada data fenotipik dengan jumlah besar yang dilengkapi dengan data *pedigree* yang relatif lengkap sedangkan penaksiran komponen variansi menggunakan ANOVA digunakan pada data fenotipik dengan jumlah kecil dan data *pedigree* yang terbatas. Tujuan penelitian ini adalah membandingkan ketepatan hasil taksiran heritabilitas yang dilakukan menggunakan metode *Restricted Maximum Likelihood Animal Model* dan menggunakan analisis variansi (ANOVA) berdasarkan kovariansi kerabat tiri pada jumlah data yang berbeda.

MATERI DAN METODE

Penelitian dilakukan melalui simulasi komputer stokastik menggunakan model ternak dengan faktor tetap tunggal (rata-rata populasi) dan faktor acak yang meliputi nilai pemuliaan individu dan nilai galat (*residual*) ($y_{i,j} = \mu + a_i + e_{i,j}$). Faktor tetap rata-rata populasi, ragam genetik aditif (nilai pemuliaan; NP) dan ragam galat (*residual*) yang digunakan dalam simulasi berturut-turut adalah 3000 unit, 100 dan 233,3333 unit² sehingga parameter heritabilitas yang ditetapkan dalam simulasi adalah 0,3. Lima ternak jantan populasi dasar (*base population*) disimulasikan sedangkan populasi dasar induk disimulasikan dengan jumlah berbeda yaitu 20, 100 dan 500 induk. Perkawinan acak antara jantan dan betina dari *base population* terjadi sekali dengan skenario yang berbeda yaitu setiap pejantan mengawini jumlah betina 20, 100 dan 500 ekor. Setiap induk disimulasikan memiliki seekor anak dengan jenis kelamin anak diabaikan dan sifat fenotipik disimulasikan tersedia pada semua anak. Simulasi komputer diulang 100 kali. Diagram alur simulasi disajikan pada Gambar 1. Program R (R Core Team 2020) digunakan untuk simulasi data dan pendugaan komponen variansi faktor acak

menggunakan ANOVA sedangkan penaksiran komponen variansi menggunakan metode REML dilakukan menggunakan program DMU Madsen and Jensen (2013).



Gambar 1. Diagram alur simulasi

Tabel ANOVA untuk penaksiran komponen variansi untuk data seimbang (*balanced data*) disajikan dalam Tabel 1 sedangkan persamaan model campuran (*mixed model equation*) dalam penaksiran komponen variansi menggunakan metode REML disajikan pada Persamaan 1.

Tabel 1. Analisis Variansi

Sumber keragaman	DB	JK	KT	Komponen ragam
Antar pejantan	s-1	JKs	KTs	$\sigma_w^2 + k\sigma_s^2$
Residual	s(d-1)	JKd	KTd	σ_w^2
Total	sd-1			

Keterangan: k adalah jumlah anak per pejantan (20, 100 dan 500 ekor)

Korelasi dalam kelas pada struktur data kerabat tiri dihitung menggunakan rumus $t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2}$ dan nilai taksiran heritabilitasnya adalah $h^2 = 4t$ Falconer and Mackay (1996).

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad \text{Persamaan 1}$$

Pendugaan komponen variansi menggunakan metode REML pada DMU dilakukan berdasarkan *Average Information REstricted Maximum Likelihood (AI-REML)* Jensen et al. (1997). Proses maksimisasi *likelihood* pendugaan komponen variansi menggunakan nilai *default* dari program DMU. Akurasi penaksiran nilai heritabilitas ditentukan menggunakan rumus:

$$Acc = \sum_{i=1}^{100} (\hat{h}_i^2 - h^2)$$

$Acc = akurasi\ prediksi$

$\hat{h}_i^2 = nilai\ estimasi\ heritabilitas\ ke\ i\ (i = 1,2, \dots, 100)$

$h^2 = heritabilitas\ tersimulasi$

General linear test dilakukan untuk menguji pengaruh faktor rasio induk:pejantan dan metode penaksiran komponen variansi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Lama waktu komputer untuk simulasi untuk jumlah induk per pejantan 20, 100 dan 500 ekor berturut-turut adalah 10,28, 11,13 dan 29,23 menit. Hasil ini wajar karena simulasi yang dibuat tidak menciptakan data yang besar dan perkawinan acak antar pejantan dan induk dari populasi dasar (*base population*) hanya terjadi sekali. Rata-rata komponen variansi dan heritabilitas hasil simulasi dengan 100 ulangan disajikan pada Tabel 2. Nilai komponen variansi dan heritabilitas tersebut jelas sekali tidak jauh berbeda dibandingkan dengan nilai parameter yang ditetapkan dalam simulasi yaitu variansi aditif (NP), galat, residual dan heritabilitas berturut-turut sebesar 100, 233,3333, 333,3333 unit² dan 0,3. Hal ini menunjukkan bahwa angka acak yang digunakan dalam program R untuk mensimulasi komponen variansi memiliki distribusi normal yang baik (RND~N(0,1)). Selain itu, hal ini juga menunjukkan bahwa simulasi dengan struktur populasi kerabat tiri dengan jumlah pejantan dan induk serta jumlah ulangan yang ditetapkan menghasilkan data yang bagus.

Tabel 2. Statistik parameter teramati hasil simulasi

Jumlah induk per pejantan	NP	Galat	Fenotipik	Heritabilitas
 unit ²			
20	97,69752	233,6478	329,8390	0,295335
100	99,37076	232,8743	333,2135	0,298860
500	97,70795	233,5623	331,8954	0,294666

Hasil taksiran komponen variansi dan heritabilitas menggunakan metoda ANOVA dan REML dengan rasio induk:pejantan berbeda disajikan pada Tabel 3. Nampak dari Tabel 3 bahwa penaksiran komponen variansi menggunakan metode ANOVA menghasilkan taksiran nilai negatif pada data dengan jumlah induk per pejantan relatif kecil yaitu 20 dan 100 ekor. Hal ini diduga berhubungan dengan nilai heritabilitas sedang yang ditetapkan dalam simulasi yaitu 0,3 sehingga peragam/kovariansi anggota kerabat tiri relatif kecil sehingga menghasilkan taksiran variansi antar pejantan juga kecil. Nilai variansi antar pejantan dalam struktur data kerabat tiri sama dengan nilai peragam/kovariansi anggota keluarga kerabat tirinya Falconer and Mackay (1996). Pada struktur data kerabat tiri dengan ragam antar pejantan yang lebih besar (jumlah induk per pejantan 500) dihasilkan taksiran heritabilitas minimum positif. Bertambahnya jumlah induk per pejantan tidak meningkatkan nilai taksiran heritabilitas tetapi menurunkan sebaran nilai taksirannya seperti yang ditunjukkan oleh

nilai simpang baku taksiran heritabilitasnya yang menurun dari 0,310 menjadi 0,147. Metode ANOVA memiliki properti hasil taksiran yang tak bias pada struktur data yang seimbang (*balanced data*) dan ketakbiasan hasil taksirannya akan hilang pada struktur data yang tak seimbang (*unbalanced data*) Swallow and Monahan (1984).

Pada penaksiran komponen variansi menggunakan metode REML, taksiran minimumnya 0 karena metode REML ini memaksa *parameter space* hasil taksirannya selalu positif (Hofer,1998) sehingga metode REML disebut *biased* Harville (1977). Bertambahnya jumlah induk per pejantan juga menurunkan sebaran (simpang baku) hasil taksiran heritabilitas pada metode REML. Namun demikian penurunan sebaran nilai taksiran heritabilitas pada metode REML lebih nyata dibandingkan metode ANOVA. Secara umum jumlah betina yang dikawinkan dengan setiap pejantan akan menghasilkan nilai taksiran heritabilitas yang mendekati nilai sesungguhnya. Rata-rata taksiran nilai heritabilitas pada jumlah induk per pajantan 20, 100 dan 500 pada kedua metode berturut-turut adalah 0,22174, 0,22440 dan 0,24227. Jika dilihat masing-masing metode penaksiran, metode ANOVA menghasilkan taksiran nilai heritabilitas sedikit lebih rendah pada jumlah betina per pejantan 500 ekor.

Hasil tes menggunakan *general linear model* menunjukkan bahwa faktor jumlah induk per pejantan memiliki pengaruh yang tidak nyata ($P > 0,05$) sedangkan faktor metode penaksiran memiliki pengaruh yang sangat nyata ($P < 0,01$). Namun demikian perlu dicermati peluang untuk menghasilkan taksiran nilai heritabilitas yang negatif dari metode ANOVA khususnya pada jumlah data yang relatif kecil. Nilai taksiran heritabilitas yang negatif menjadi keluar konteks bahwa secara nilai heritabilitas berkisar antara 0 – 1 Falconer and Mackay (1996). Penggunaan metode penaksiran nilai komponen variansi dan heritabilitas tergantung dari struktur data dan kelengkapan data *pedigree* yang tersedia. Metode REML disarankan digunakan untuk data dengan jumlah yang relatif besar dan dilengkapi dengan data *pedigree* yang relatif lengkap. Metode ANOVA dan REML keduanya menggunakan asumsi bahwa data fenotipik tersebar secara normal.

Tabel 3. Statistik taksiran heritabilitas

No	Metode	Rasio induk:pejantan	Jumlah sampel	Min.	Max.	Mean	SD
1	ANOVA	20	100	-0,2046	1,0926	0,248	0,310
2	ANOVA	100	100	-0,0251	0,8928	0,249	0,171
3	ANOVA	500	100	0,0169	0,7563	0,231	0,147
4	REML	20	100	0,0000	0,802	0,196	0,200
5	REML	100	100	0,0000	0,5355	0,199	0,129
6	REML	500	100	0,0761	0,3818	0,253	0,0558

Keterangan:

Min.: minimum

Max.: maksimum

SD: simpang baku

Ketepatan hasil taksiran nilai heritabilitas berdasarkan metode dan jumlah induk per pejantan yang berbeda disajikan pada Tabel 4. Nampak pada jelas bahwa penambahan jumlah induk per pejantan menaikkan akurasi prediksi dan peningkatan akurasi prediksinya lebih nyata pada metode REML.

Tabel 4. Akurasi prediksi taksiran nilai heritabilitas

No	Metode	Rasio induk:pejantan	Akurasi prediksi
1	ANOVA	20	9,098665
2	ANOVA	100	2,715
3	ANOVA	500	2,16467
4	REML	20	4,710105
5	REML	100	2,615989
6	REML	500	0,5537548

KESIMPULAN

Dapat disimpulkan bahwa: (1) penggunaan metode dalam penaksiran komponen variansi dan heritabilitas tergantung dari struktur data dan ketersediaan data pedigree-nya, jumlah induk per pejantan meningkatkan akurasi prediksi, dan (3) metode REML lebih baik digunakan pada jumlah data yang besar dengan struktur data yang memiliki informasi *pedigree* lengkap.

DAFTAR PUSTAKA

- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. , 1996. Introduction to Quantitative Genetics (4th ed.). Burnt Mill, England, England: Longman.
- Garnsworthy, P. C., Craigon, J., Hernandez-Medrano, J. H., and Saunders, N. , 2012. Variation among individual dairy cows in methane measurements made on farm during milking. *Journal of Dairy Science*, 95(6), 3181–3189. <http://doi.org/10.3168/JDS.2011-4606>
- Harville, D. A. , 1977. Maximum Likelihood Approaches to Variance Component Estimation and to Related Problems, 72(358), 320–338. Retrieved from <http://www.jstor.org/stable/2286796>
- Hofer, A. , 1998. Variance component estimation in animal breeding - a review. *J.Anim.Breed.Genet.*, 115, 247–265.
- Jensen, J., Mantysaari, E. A., Madsen, P., and Thompson, R. , 1997. Residual maximum likelihood estimation of (co) variance components in multivariate mixed linear models using average information. *Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics*, 49, 215–236. Retrieved from <https://repository.rothamsted.ac.uk/item/8794x/residual-maximum-likelihood-estimation-of-co-variance-components-in-multivariate-mixed-linear-models-using-average-information>
- Krisnamurti, E., Purwanti, D., and Saleh, D. M. , 2019. Penaksiran Heritabilitas Karakteristik Produksi dan Reproduksi Sapi Perah Friesen Holstein di BBPTU-HPT Baturraden. *TERNAK TROPIKA Journal of Tropical Animal Production*, 20(1), 8–15. <http://doi.org/10.21776/ub.jtapro.2019.020.01.2>
- Kubangun, N. S., Lumatauw, S., and Santoso, B. , 2014. Estimasi nilai heritabilitas, rinitabilitas, korelasi genetik produksi susu dan kadar lemak Sapi Perah Fries Holland pada laktasi pertama dan kedua di Balai Besar Pembibitan Ternak Unggul – Hijauan Pakan Ternak Baturraden Estimation. *CASSOWARY*, 2018(2), 81–88.
- Madsen, P., and Jensen, J. , 2013. A User’s Guide to DMU: A Package for Analysing Multivariate Mixed Models (Vol. 6 (5.2)). Dept. of Molecular Biology and Genetics, University of Aarhus, Denmark.
- McLaren, A., Mucha, S., Mrode, R., Coffey, M., and Conington, J. , 2016. Genetic parameters of linear conformation type traits and their relationship with milk yield throughout lactation in mixed-breed dairy goats. *Journal of Dairy Science*, 99(7), 5516–5525. <http://doi.org/10.3168/jds.2015-10269>
- Purwantini, D., Santosa, S. A., and Trioko, A. , 2017. Prosiding Seminar Teknologi dan Agribisnis Peternakan V: Teknologi dan Agribisnis Peternakan untuk Mendukung Ketahanan Pangan,

Fakultas Peternakan Universitas Jenderal Soedirman. In Prosiding Seminar Nasional Teknologi dan Agribisnis Peternakan V (pp. 289–295). Retrieved from <http://jnp.fapet.unsoed.ac.id/index.php/psv/article/view/104>

R Core Team. , 2020. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Vienna, Austria. Retrieved from <https://www.r-project.org/>

Susanto, A., Suyadi, Nurgiartiningsih, V. M. A., and Hakim, L. , 2018. (Co)variance components and genetics parameter estimation for linear traits in Holstein cattle in Indonesia: Traits related to foot/leg and udder. *Archives Animal Breeding*, 61(4), 491–496. <http://doi.org/10.5194/aab-61-491-2018>

Swallow, W. H., and Monahan, J. F. , 1984. Monte Carlo Comparison of ANOVA, MIVQUE, REML, and ML Estimators of Variance Components. *Technometrics*, 26(1), 47–57.