

PEMETAAN *QUANTITATIVE TRAIT LOCI* UNTUK SIFAT BERSKALA KATEGORIK

Farit Mochamad Afendi¹⁾

ABSTRACT

QUANTITATIVE TRAIT LOCI MAPPING FOR CATEGORICAL TRAIT

Genes or regions on chromosome underlying a quantitative trait are called quantitative trait loci (QTL). Characterizing genes controlling quantitative trait on their position in chromosome and their effect on trait is through a process called QTL mapping. In estimating the QTL position and its effect, QTL mapping utilizes the association between QTL and DNA markers. However, many important traits are obtained in categorical scale, such as resistance from certain disease. From a theoretical point of view, QTL mapping method assuming continuous trait could not be applied to categorical trait. This research was focusing on the assessment of the performance of maximum likelihood (ML) and regression (REG) approach employed in QTL mapping for binary trait by means of simulation study. The simulation study to evaluate the performance of ML and REG approach was conducted by taking into account several factors that may affecting the performance of both approaches. The factors are (1) marker density, (2) QTL effect, (3) sample size, and (4) shape of phenotypic distribution. From simulation study, it was obtained that the two approaches showing comparable performance. Hence, QTL analysis could be performed using these two approaches due to their similar performance.

Keywords: QTL mapping, binary trait

ABSTRAK

Gen atau suatu segmen di kromosom yang mendasari sifat kuantitatif dinamakan dengan lokus sifat kuantitatif (*quantitative trait loci*/QTL). Penelusuran gen yang mengatur sifat kuantitatif dalam hal posisinya di kromosom serta besar pengaruhnya dilakukan melalui proses yang dinamakan pemetaan QTL. Dalam menduga posisi QTL dan besar pengaruhnya, pemetaan QTL pada dasarnya memanfaatkan hubungan antara QTL dan penanda DNA. Di sisi lain, banyak sifat penting lain yang diamati dengan skala kategorik seperti ketahanan terhadap suatu penyakit. Secara teori, metode pemetaan QTL dengan anggapan sifat kontinu tidak dapat diterapkan pada sifat kategorik. Penelitian ini bertujuan menilai performa metode kemungkinan maksimum (ML) dan regresi (REG) yang diterapkan pada pemetaan QTL sifat biner. Kajian simulasi untuk mengevaluasi performa metode ML dan REG dilakukan dengan memperhatikan beberapa faktor yang mungkin mempengaruhi performa kedua sifat ini. Faktor-faktor tersebut adalah (1) kepadatan penanda, (2) besar pengaruh QTL, (3) ukuran contoh, dan (4) bentuk sebaran fenotipe. Dari hasil

simulasi diperoleh kesimpulan umum bahwa kedua pendekatan, yaitu pendekatan metode kemungkinan maksimum dan pendekatan metode regresi memiliki performa yang serupa dalam kaitannya dengan pengaruh berbagai faktor yang dicobakan dalam simulasi, baik dari sisi dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, dan posisi QTL, serta kuasa atau kemampuan di dalam mendeteksi QTL. Dengan demikian, praktisi yang akan melakukan analisis QTL untuk sifat biner dapat menggunakan kedua metode karena memiliki performa yang sama.

Kata Kunci: pemetaan QTL, sifat biner

PENDAHULUAN

Lokus yang menentukan sifat kuantitatif dinamakan sebagai lokus sifat kuantitatif (*quantitative trait loci*/QTL). Banyak sifat semacam ini yang penting, baik secara ekonomi maupun biologi, seperti produksi susu, daging, atau hasil tanaman. Oleh karena itu, pengetahuan mengenai lokus ini dalam hal posisinya di kromosom dan besar pengaruhnya terhadap sifat melalui suatu proses yang dinamakan pemetaan QTL amatlah diperlukan. Tidak seperti sifat Mendelian, pewarisan sifat kuantitatif tidak mengikuti pola segregasi Mendel. Selain itu, lingkungan juga

¹⁾ Departemen Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680. Telp. 0251-624535. E-mail: statistika@ipb.ac.id

mempengaruhi sifat ini sehingga pemeriksaan terhadap QTL menjadi kompleks.

Pada dasarnya, gagasan dalam penentuan lokasi QTL adalah melalui evaluasi hubungan antara sifat yang diteliti dan marka DNA. Apabila terdapat hubungan antara keduanya, dapat diduga lokasi QTL dengan dengan marka DNA tersebut. Metode statistika yang digunakan di dalam evaluasi ini telah dirumuskan sejak lama, tepatnya mulai 1923 ketika Sax (1923) mengevaluasi hubungan antara bobot biji sebagai sifat kuantitatif dengan warna biji. Metode yang diajukan Sax selanjutnya dinamakan analisis marka tunggal (*single marker analysis*) karena memanfaatkan hubungan antara sifat kuantitatif dengan satu marka tertentu. Pengembangan metode statistika berikutnya dipelopori oleh Lander and Botstein (1989) melalui metode yang dikenal dengan pemetaan selang (*interval mapping*). Metode ini dikembangkan untuk mengatasi kelemahan metode Sax yang tidak dapat menentukan dengan akurat posisi QTL pada peta genetik. Gagasan metode ini adalah pencarian QTL pada selang-selang yang diapit oleh dua marka DNA yang berdekatan.

Metode yang dijelaskan di atas dikembangkan untuk sifat-sifat kuantitatif, yaitu sifat yang nilai-nilainya diperoleh melalui pengukuran. Dalam konteks statistika, sifat semacam ini tergolong peubah yang numerik. Hanya saja sifat yang penting dapat juga diperoleh melalui pengkategorian, seperti ketahanan terhadap suatu penyakit yang diamati dalam bentuk tahan atau tidak tahan. Sifat semacam ini dalam statistika tergolong peubah yang kategorik. Secara teori, metode yang digunakan untuk analisis peubah numerik tidak dapat diterapkan untuk peubah kategorik sehingga analisis QTL untuk sifat yang kategorik tidak dapat menggunakan metode analisis QTL untuk sifat kuantitatif. Pengembangan metode analisis QTL untuk sifat kategorik perlu dikembangkan.

Metode analisis QTL pada sifat kuantitatif umumnya dibagi menjadi dua kelompok, yaitu metode berbasis metode kemungkinan maksimum dan metode berbasis regresi. Pada penelitian ini, kedua metode analisis QTL untuk sifat kategorik ini akan dikembangkan dengan fokus sifat yang diteliti adalah sifat biner.

Beberapa faktor yang perlu diperhatikan dalam kaitannya dengan analisis yang dijadikan dasar dalam membandingkan metode kemungkinan maksimum dan metode regresi adalah pengaruh QTL, bentuk sebaran kategori sifat, ukuran contoh, dan kepadatan marka.

Penelitian ini bertujuan menentukan metode yang lebih baik antara metode kemungkinan maksimum dan metode regresi untuk analisis QTL sifat biner dan untuk mengembangkan program SAS yang digunakan dalam kedua metode analisis QTL. SAS dipilih karena merupakan salah satu program statistika yang telah dikenal luas. Selain itu, SAS juga menyediakan sarana pembuatan program untuk keperluan analisis yang khusus. Penelitian ini dapat memberi manfaat bagi pemulia yang bekerja dengan sifat kategorik khususnya biner. Selain itu, program SAS yang dikembangkan dapat lebih mempermudah analisis yang dilakukan.

METODE

Pada bagian ini akan diulas sekilas mengenai metode kemungkinan maksimum dan metode regresi yang digunakan untuk analisis QTL sifat kategorik. Untuk mempermudah pembahasan, populasi yang digunakan diasumsikan populasi silang balik yang akan dijelaskan di awal.

Populasi Silang balik

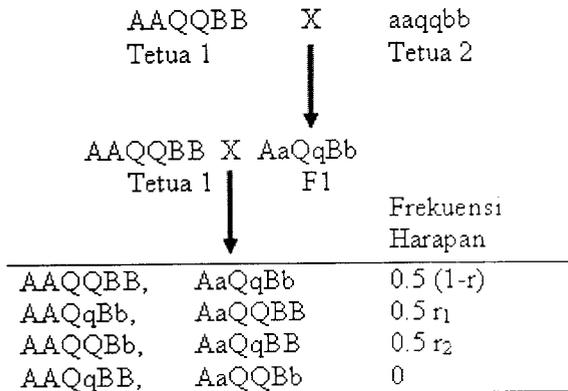
Populasi silang balik merupakan populasi yang dibangkitkan dari persilangan generasi pertama atau F1 (heterozigot) dengan generasi tetuanya (homozigot) (Gambar 1). Gagasan dari pemetaan selang dapat ditelusuri melalui segregasi yang disajikan pada Tabel 1 (Liu 1998). Sebagaimana dijelaskan sebelumnya, genotipe QTL tidak dapat diamati, namun peluangnya dapat ditentukan melalui genotipe marka DNA yang mengapitnya (Tabel 1).

Pada uraian di atas, r merupakan jarak antar kedua marker, sedangkan r_1 dan r_2 masing-masing adalah jarak antara marker A dan QTL Q, dan jarak antara QTL Q dan marker B (Gambar 2).

Pemodelan QTL untuk Sifat Biner

Berkaitan dengan sifat biner, diasumsikan bahwa ada suatu sebaran kontinu, katakanlah U , yang

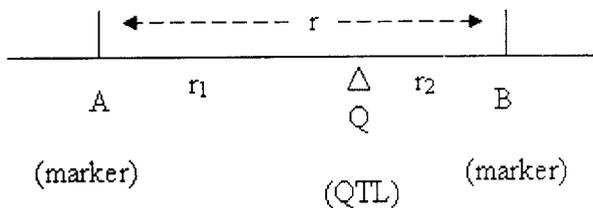
melandasi sifat biner, sebut saja Y , yang dinamakan dengan liabilitas (*liability*) (Xu dan Atchley 1996).



Gambar 1 Ilustrasi populasi silang balik untuk QTL dengan dua marka DNA yang mengapit

Tabel 1 Pola segregasi untuk populasi silang balik pada pemetaan selang

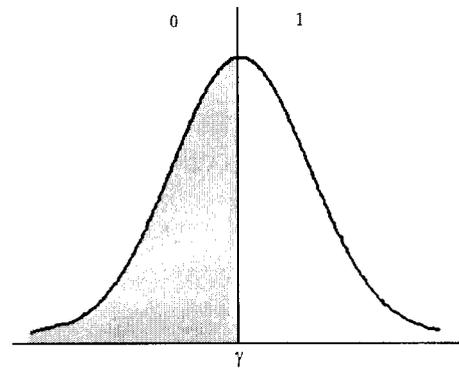
Genotipe marka	Frekuensi teramati	Frekuensi	Genotipe QTL		Nilai harapan (g)
			QQ	Qq	
Frekuensi bersama					
AABB	n_1	$0.5(1-r)$	$0.5(1-r)$	0	
AABb	n_2	$0.5r$	$0.5r_2$	$0.5r_1$	
AaBB	n_3	$0.5r$	$0.5r_1$	$0.5r_2$	
AaBb	n_4	$0.5(1-r)$	0	$0.5(1-r)$	
Frekuensi bersyarat					
AABB	n_1	$0.5(1-r)$	1	0	μ_1
AABb	n_2	$0.5r$	$r_2/r = 1-p$	$r_1/r = p$	$(1-p)\mu_1 + p\mu_2$
AaBB	n_3	$0.5r$	$r_1/r = p$	$r_2/r = 1-p$	$p\mu_1 + (1-p)\mu_2$
AaBb	n_4	$0.5(1-r)$	0	1	μ_2
Purata		0.25	μ_1	μ_2	$0.5(\mu_1 + \mu_2)$



Gambar 2 Ilustrasi konsep pemetaan interval

Antara liabilitas dan sifat biner ini diasumsikan terdapat nilai ambang (γ) pada liabilitas. Apabila nilai U kurang dari nilai ini berarti Y bernilai 0 dan sebaliknya Y bernilai 1. Nilai 0 dan 1 ini merupakan kode dari kategori biner, katakanlah 0 berarti tidak

tahan penyakit sedangkan 1 merupakan kode untuk kategori yang tahan penyakit. Untuk lebih jelasnya mengenai nilai ambang ini perhatikan Gambar 3.



Gambar 3 Liabilitas dan model nilai ambang untuk sifat biner

Hubungan ini dapat diungkapkan menjadi:

$$y_i = \begin{cases} 1; & \text{if } u_i \geq \gamma \\ 0; & \text{if } u_i < \gamma \end{cases}$$

Pendekatan Metode Kemungkinan Maksimum

Dengan menggunakan model liabilitas, pemetaan QTL pada populasi silang balik dapat dituliskan dalam model berikut:

$$u_i = \mu + bx_i^* + \varepsilon_i \quad i = 1, 2, \dots, n$$

dengan u_i adalah nilai liabilitas untuk individu ke- i , μ adalah rata-rata, b adalah pengaruh dari QTL Q , x_i^* bernilai 1 (0) untuk QQ homozigot (Qq heterozigot), merupakan genotipe dari Q , ε_i adalah pengaruh lingkungan dan diasumsikan menyebar normal $N(0, \sigma^2)$. Oleh karena liabilitas tidak dapat diamati, nilai μ dan ragam ε dapat ditetapkan pada nilai sembarang (untuk mudahnya ditetapkan $\mu = 0$ dan $\sigma^2 = 1$).

Berdasarkan peluang bersyarat u_i dengan syarat x_i^* , peluang bersyarat y_i dengan syarat x_i^* diperoleh:

$$P(y_i|x_i^*) = \int_{\gamma}^{\infty} f(u_i|x_i^*) d(u_i|x_i^*)$$

$$= 1 - \int_{-\infty}^{\gamma} f(u_i|x_i^*) d(u_i|x_i^*) = 1 - \Phi(\gamma - bx_i^*) = \Phi(bx_i^* - \gamma)$$

dengan $\Phi(\xi)$ adalah fungsi peluang kumulatif untuk normal baku dan ξ adalah argumennya. Analisis yang

melibatkan $\Phi(\xi)$ adalah analisis probit. Hanya saja, model logistik lebih disukai karena tidak melibatkan integrasi numerik. Model logistik sebagai pendekatan bagi $\Phi(\xi)$ adalah

$$\psi(\xi) = \frac{\exp(\xi)}{1 + \exp(\xi)}$$

Hubungan antara probit dan logistik adalah $\Phi(\xi) \approx \psi(d\xi)$, dengan $d = \pi/\sqrt{3}$. Dengan demikian,

$$P(y_i = 1 | x_i^*) \approx \frac{\exp\{d(bx_i^* - \gamma)\}}{1 + \exp\{d(bx_i^* - \gamma)\}}$$

Oleh karena genotipe QTL x_i^* dapat berupa homozigot (1) atau heterozigot (0) untuk suatu individu, fungsi kemungkinan yang terbentuk merupakan campuran dari dua komponen dengan proporsi ekuivalen dengan peluang bersyarat genotipe QTL dengan syarat dua marka yang mengapit, yaitu sebesar q_{i1} and q_{i2} , setiap untuk genotipe QTL QQ dan Qq (Tabel 1). Untuk contoh sebanyak n_i fungsi kemungkinan dapat dirumuskan

$$L = \prod_{i=1}^n \left[\sum_{j=1}^2 q_{ij} p_{ij}^{y_i} (1 - p_{ij})^{1-y_i} \right]$$

dengan p_{i1} dan p_{i2} adalah peluang bersyarat $y_i=1$ masing-masing untuk syarat genotipe QTL $x_i^*=1$ dan $x_i^*=0$. Log dari fungsi kemungkinan adalah

$$l = \sum_{i=1}^n \log \left(\sum_{j=1}^2 q_{ij} p_{ij}^{y_i} (1 - p_{ij})^{1-y_i} \right).$$

Pendekatan Metode Regresi

Dengan menggunakan model liabilitas, model regresi untuk analisis QTL pada populasi silang balik adalah

$$u_i = \mu + b\pi_i + \varepsilon_i \quad i = 1, 2, \dots, n$$

dengan u_i , μ , b , and ε_i senada dengan pendekatan metode kemungkinan maksimum di atas, dan π_i adalah nilai harapan bersyarat bagi genotipe QTL

dengan syarat genotipe kedua marka yang mengapit. Fungsi kemungkinannya adalah

$$L = \prod_{i=1}^n p_i^{y_i} (1 - p_i)^{1-y_i}$$

p_i adalah peluang bersyarat $y_i = 1$ dengan syarat π_i . Log dari fungsi kemungkinannya adalah

$$l = \sum_{i=1}^n [y_i \log p_i + (1 - y_i) \log (1 - p_i)].$$

Heritabilitas

Berkaitan dengan pewarisan sifat, terdapat satu konsep yang dinamakan heritabilitas (disimbolkan dengan h^2) yang merupakan proporsi keragaman fenotipe yang disebabkan oleh pengaruh genetik. Pada sifat kategorik, ragam liabilitas berperan sebagai ragam fenotipe, dan dapat dituliskan $\sigma_u^2 = \sigma_b^2 + \sigma_e^2$. Di sini, σ_u^2 , σ_b^2 , σ_e^2 masing-masing adalah ragam liabilitas, ragam QTL, dan ragam lingkungan. Dari definisi genotipe QTL (1 untuk QQ dan 0 untuk Qq) ragam liabilitas adalah $\sigma_u^2 = b^2/4 + 1$ karena ragam lingkungan ditetapkan sebesar 1. Jadi, heritabilitas diperoleh sebesar $h^2 = b^2/(b^2 + 4)$.

Skenario Simulasi

Untuk membandingkan performa kedua metode, digunakan kajian simulasi dengan memperhatikan beberapa faktor yang disebutkan pada bagian permasalahan. Pada simulasi yang dilakukan, populasi silang balik dibangkitkan dengan ukuran contoh sebanyak n . Sebuah QTL yang pengaruhnya terhadap sifat adalah sebesar b diletakkan pada posisi 25cM dari ujung kromosom yang memiliki panjang 100 cM yang terdiri atas beberapa marka dengan jarak satu sama lain (d) sama besar. Nilai b dipilih sedemikian sehingga heritabilitas h^2 bernilai tertentu. Penjelasan skenario pada simulasi yang dilakukan adalah sebagai berikut:

a. Evaluasi pengaruh QTL

Untuk evaluasi pengaruh QTL, empat level pengaruh QTL dicobakan, yaitu $b = 0.4588$, 0.6667, 1.0000, dan 1.6330, yang masing-masing berkaitan dengan nilai heritabilitas $h^2 = 0.05$,

0.10, 0.20, dan 0.40. Pada konfigurasi ini, nisbah dari dua kategori sifat biner adalah 1:1 dan $n = 200$ serta $d = 10$ cm.

b. Evaluasi bentuk sebaran fenotipe

Pada simulasi ini, pengaruh dari bentuk sebaran fenotipe akan dievaluasi pada $n = 200$, $b = 0.6667$, dan $d = 10$ cm. Pada evaluasi ini, dua nisbah dari dua kategori biner yang dicobakan adalah 1:1 dan 7:3.

c. Evaluasi ukuran contoh (banyaknya individu)

Untuk evaluasi ukuran contoh, simulasi dilakukan dengan mencobakan empat level ukuran contoh, yaitu $n = 100, 200, 300$, dan 500 . Pada evaluasi ini, ditentukan $b = 0.6667$, $d = 10$ cm, dan nisbah dari dua kategori biner adalah 1:1

d. Evaluasi kepadatan marka

Simulasi untuk mengevaluasi pengaruh kepadatan marka dilakukan pada nilai $b = 0.6667$, $n = 200$, dan nisbah dari dua kategori biner adalah 1:1. Di sini ditetapkan tiga nilai d yang dicobakan, yaitu $d = 5, 10$, dan 20 cm.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil

Dari simulasi yang dilakukan, pada evaluasi kepadatan marka diperoleh dugaan bagi nilai ambang dan pengaruh QTL menggunakan pendekatan metode regresi menghasilkan nilai yang hampir sama dengan yang dihasilkan pendekatan metode kemungkinan maksimum (Tabel 2). Dugaan posisi QTL yang diperoleh keduanya juga mengindikasikan hasil yang serupa. Secara umum, hasil simulasi menunjukkan

kepadatan marka mempengaruhi performa kedua metode dalam hal pendugaan pengaruh QTL, posisi QTL, dan kuasa. Di sini, marka yang semakin padat menghasilkan dugaan bagi pengaruh QTL dan posisi QTL yang semakin dekat dengan nilai yang sebenarnya. Selain itu, kuasa keduanya juga semakin besar untuk marka yang semakin padat.

Pada evaluasi pengaruh dari bentuk sebaran fenotipe, performa pendekatan metode regresi menunjukkan hasil yang serupa dengan pendekatan metode kemungkinan maksimum (Tabel 3). Pada simulasi ini diperoleh sebaran fenotipe yang menjulur menjadikan kuasa kedua metode semakin kecil khususnya pada pendekatan metode regresi jika dibandingkan sebaran fenotipe yang setangkep.

Penelusuran pengaruh ukuran contoh (banyaknya individu) pada performa kedua metode menghasilkan kesimpulan bahwa keduanya memiliki performa yang serupa (Tabel 4). Pengaruh dari ukuran contoh ini terhadap performa kedua metode adalah dalam hal dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, posisi QTL, dan kuasa kedua metode. Di sini, QTL semakin mudah untuk dideteksi untuk ukuran contoh yang semakin besar. Selain itu, dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, dan posisi QTL semakin akurat untuk ukuran contoh yang semakin besar.

Pada evaluasi pengaruh QTL, pendekatan metode regresi menghasilkan performa yang juga serupa dengan pendekatan metode kemungkinan maksimum (Tabel 5). Dengan semakin besarnya pengaruh QTL, maka QTL semakin mudah dideteksi. Selain itu, dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, dan posisi QTL juga semakin akurat.

Tabel 2 Perbandingan performa metode kemungkinan dan regresi pada berbagai nilai kepadatan marka (d)

d (cM)	Parameter		Pendugaan dengan metode kemungkinan maksimum				Pendugaan dengan metode regresi				
	Nama	Nilai	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	
20	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3098	0.2697	40.5	33.43 (20.46)	0.3014	0.2857	46.0	33.36 (20.19)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6148	0.4842			0.6081	0.4909		
10	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3115	0.2785	50.0	30.66 (23.15)	0.3058	0.2651	48.0	30.65 (23.13)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6175	0.4802			0.6149	0.4811		
5	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3374	0.2486	54.5	26.42 (19.56)	0.3164	0.2380	52.0	26.08 (19.17)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6499	0.4259			0.6556	0.4089		

^a STD merupakan simpangan baku bagi dugaan parameter yang diperoleh dari 200 ulangan di dalam simulasi.

^b Merupakan kuasa statistika yang dihitung dari proporsi di antara 200 ulangan dengan nilai statistik uji tertinggi melebihi titik kritis pengujian.

^c Posisi QTL yang sebenarnya adalah 25 cM. Simpangan baku dari dugaan posisi QTL (diperoleh dari 200 ulangan) disajikan di dalam tanda kurung.

Tabel 3 Perbandingan performa metode kemungkinan dan regresi pada berbagai bentuk sebaran fenotipe

Sebaran fenotipe	Parameter		Pendugaan dengan metode kemungkinan maksimum				Pendugaan dengan metode regresi				
	Nama	Nilai	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	
Simetrik (1:1)	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3254	0.1648	85.5	26.64 (15.92)	0.3361	0.1416	84.5	26.49 (11.17)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6277	0.2741			0.6740	0.2214		
Menjulang (7:3)	Nilai ambang	γ	0.8578	0.8273	0.1715	80.0	26.35 (11.57)	0.8149	0.1155	75.0	26.88 (11.05)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6827	0.2699			0.6767	0.1920		

^a STD merupakan simpangan baku bagi dugaan parameter yang diperoleh dari 200 ulangan di dalam simulasi.
^b Merupakan kuasa statistika yang dihitung dari proporsi di antara 200 ulangan dengan nilai statistik uji tertinggi melebihi titik kritis pengujian.
^c Posisi QTL yang sebenarnya adalah 25 cM. Simpangan baku dari dugaan posisi QTL (diperoleh dari 200 ulangan) disajikan di dalam tanda kurung.

Tabel 4 Perbandingan performa metode kemungkinan dan regresi pada berbagai nilai ukuran contoh (n)

Ukuran contoh	Parameter		Pendugaan dengan metode kemungkinan maksimum				Pendugaan dengan metode regresi				
	Nama	Nilai	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	
100	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3062	0.2445	46.5	27.86 (22.32)	0.2975	0.2530	47.0	27.84 (22.31)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6040	0.4482			0.6036	0.4481		
200	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3353	0.1258	86.0	26.27 (11.21)	0.3222	0.1177	86.0	26.24 (11.22)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6574	0.1695			0.6573	0.1689		
300	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3215	0.0933	94.5	25.28 (5.56)	0.3289	0.1021	94.5	25.28 (5.57)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6507	0.1488			0.6500	0.1486		
500	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3162	0.0768	100.0	25.13 (1.90)	0.3167	0.0769	100.0	25.13 (1.95)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6330	0.1138			0.6329	0.1139		

^a STD merupakan simpangan baku bagi dugaan parameter yang diperoleh dari 200 ulangan di dalam simulasi.
^b Merupakan kuasa statistika yang dihitung dari proporsi di antara 200 ulangan dengan nilai statistik uji tertinggi melebihi titik kritis pengujian.
^c Posisi QTL yang sebenarnya adalah 25 cM. Simpangan baku dari dugaan posisi QTL (diperoleh dari 200 ulangan) disajikan di dalam tanda kurung.

Tabel 5 Perbandingan performa metode kemungkinan dan regresi pada berbagai nilai pengaruh QTL (b)

Heritability (h ²)	Parameter		Pendugaan dengan metode kemungkinan maksimum				Pendugaan dengan metode regresi				
	Nama	Nilai	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	Rataan	STD ^a	Kuasa (%) ^b	Posisi ^c	
0.05	Nilai ambang	γ	0.2294	0.2046	0.1814	38.0	29.70 (23.68)	0.1985	0.1805	38.0	29.72 (23.70)
	Pengaruh QTL	b	0.4588	0.4032	0.3223			0.4030	0.3218		
0.10	Nilai ambang	γ	0.3334	0.3207	0.1353	77.0	26.47 (9.86)	0.3140	0.1305	77.0	26.50 (9.86)
	Pengaruh QTL	b	0.6667	0.6346	0.2047			0.6346	0.2047		
0.20	Nilai ambang	γ	0.5000	0.4776	0.1322	100.0	24.87 (2.27)	0.4708	0.1307	100.0	24.87 (2.31)
	Pengaruh QTL	b	1.0000	0.9480	0.1827			0.9474	0.1818		
0.40	Nilai ambang	γ	0.8165	0.7813	0.1632	100.0	24.75 (1.38)	0.7809	0.1498	100.0	24.76 (1.61)
	Pengaruh QTL	b	1.6330	1.5629	0.2436			1.5633	0.2439		

^a STD merupakan simpangan baku bagi dugaan parameter yang diperoleh dari 200 ulangan di dalam simulasi.
^b Merupakan kuasa statistika yang dihitung dari proporsi di antara 200 ulangan dengan nilai statistik uji tertinggi melebihi titik kritis pengujian.
^c Posisi QTL yang sebenarnya adalah 25 cM. Simpangan baku dari dugaan posisi QTL (diperoleh dari 200 ulangan) disajikan di dalam tanda kurung.

Pembahasan

Dari hasil simulasi diperoleh kesimpulan umum bahwa kedua pendekatan, yaitu pendekatan metode kemungkinan maksimum dan pendekatan metode regresi memiliki performa yang serupa dalam kaitannya dengan pengaruh berbagai faktor yang diteliti dalam simulasi, baik dari sisi dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, dan posisi QTL, serta kemampuan di dalam mendeteksi QTL.

Hasil simulasi tersebut menarik bila dibandingkan dengan asumsi kedua metode ditelusuri kembali. Sebagaimana dijelaskan di atas, genotipe QTL tidak dapat diamati atau ditentukan secara pasti. Namun berdasarkan informasi mengenai genotipe kedua marka DNA yang mengapit (ketika mengevaluasi ada tidaknya QTL pada selang yang diapit kedua marka DNA ini), peluang bagi genotipe QTL dapat ditentukan. Dengan demikian, fungsi peluang dari y dengan syarat x (yang merupakan genotipe QTL) sebenarnya adalah campuran dari dua komponen (tiga bila populasinya adalah F2). Prinsip ini digunakan secara patuh oleh metode kemungkinan maksimum. Di sisi lain, metode regresi mencoba menyederhanakan fungsi peluang campuran ini dengan cara menghitung nilai harapannya. Penyederhanaan di dalam metode regresi ini salah satu tujuannya adalah mempercepat komputasi yang dirasakan cukup lama apabila metode kemungkinan maksimum yang digunakan. Selain itu, penggunaan metode regresi menjadikan analisis QTL dapat langsung menggunakan program statistika standar yang menyediakan analisis regresi. Dari sini dapat dibayangkan seharusnya metode kemungkinan maksimum memiliki performa yang lebih bagus dibandingkan metode regresi. Namun, untuk kasus sifat biner sebagaimana diperoleh ketika simulasi, kedua metode memiliki performa yang sepadan. Dengan demikian, bagi praktisi yang akan melakukan analisis QTL untuk sifat

biner dapat menggunakan kedua metode karena memiliki performa yang sama.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Dari hasil simulasi diperoleh kesimpulan umum bahwa kedua pendekatan, yaitu pendekatan metode kemungkinan maksimum dan pendekatan metode regresi memiliki performa yang serupa dalam kaitannya dengan pengaruh berbagai faktor yang dicobakan

dalam simulasi, baik dari sisi dugaan bagi nilai ambang, pengaruh QTL, dan posisi QTL, serta kuasa atau kemampuan di dalam mendeteksi QTL. Dengan demikian, bagi praktisi yang akan melakukan analisis QTL untuk sifat biner dapat menggunakan kedua metode karena memiliki performa yang sama.

Saran

Penelitian ini dilakukan untuk populasi silang balik dan sifat biner. Untuk kajian selanjutnya, dapat dicobakan pada populasi selain silang balik atau untuk sifat ordinal.

DAFTAR PUSTAKA

- Lander ES, Botstein D. 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps, *Genetics* 121:185-199.
- Liu BH. 1998. *Statistical Genomics*. New York: CRC Pr.
- Sax K. 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics* 8:552-560.
- Xu S, Atchley WR. 1996. Mapping quantitative trait loci for complex binary disease using line crosses, *Genetics* 143:1417-1424.