

Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) Nilai Pemuliaan Sifat-Sifat Kuantitatif Kacang Hijau (*Vigna radiata* L. Wilczek) Berbasis Sebaran Peluang

Firstnoeleyn Elizabeth Maukary¹, Edizon Jambormias^{2,*}, Jane K.J. Laisina²

¹ Program Studi Ilmu Pertanian, Program Pascasarjana Universitas Pattimura, Jl. Ir. M. Putuhena Kampus Poka Ambon 97233

² Program Studi Pemuliaan Tanaman, Jurusan Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian Universitas Pattimura Jalan Ir. M. Putuhena Kampus Poka, Ambon 97233, Indonesia

*Korespondensi: edizon.jambormias@lecturer.unpatti.ac.id

ABSTRAK

Kacang hijau merupakan komoditas pangan penting ketiga di Indonesia setelah kedelai dan kacang tanah. Prediksi nilai pemuliaan akurat menjadi tantangan dalam pemuliaan kacang hijau, khususnya untuk sifat-sifat kuantitatif yang dipengaruhi interaksi genotipe dan lingkungan. Penelitian ini bertujuan untuk memprediksi nilai pemuliaan Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) berdasarkan sebaran peluang data. Sebanyak tujuh galur lokal dan lima varietas unggul nasional diuji menggunakan rancangan acak tak lengkap bersekat. Uji asumsi kenormalan dan kehomogenan ragam menggunakan uji Anderson-Darling dan uji Levene terhadap sisaan model sebaran normal. Bila terjadi pelanggaran asumsi, data dianalisis selanjutnya dengan model linier campuran terampat melalui fungsi penghubung log terhadap beberapa famili sebaran eksponensial: normal, gamma, geometrik, dan eksponensial. Sebaran terbaik ditentukan berdasarkan nilai kriteria Akaike Information Criterion (AIC), Bayesian Information Criterion (BIC), dan corrected AIC (AICc). Hasil penelitian menunjukkan bahwa terjadi pelanggaran asumsi, dan sebaran gamma memberikan BLUP terbaik terhadap data yang tidak normal dan tak homogen. Temuan ini menunjukkan bahwa pendekatan sebaran peluang memperkuat validitas dan efisiensi prediksi nilai pemuliaan BLUP dalam pemuliaan tanaman kacang hijau.

Kata kunci: kacang hijau, BLUP, GLMM, sebaran gamma, nilai pemuliaan.

Best Linear Unbiased Prediction for Quantitative Traits in Mung Bean (*Vigna radiata* L. Wilczek) Through Data Transformation Techniques

ABSTRACT

Mung bean is the third most important food legume in Indonesia after soybean and groundnut. Accurate prediction of breeding values remains a major challenge in mung bean breeding, particularly for quantitative traits influenced by genotype–environment interactions. This study aimed to predict breeding values using the Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) approach based on data probability distributions. Seven local lines and five national superior varieties were evaluated using an incomplete split-plot randomized design. The assumptions of normality and homogeneity of variance were tested using the Anderson–Darling and Levene’s tests on the residuals of the normal distribution model. When assumption violations occurred, the data were subsequently analyzed using a restricted mixed linear model with a log-link function across several exponential family distributions: normal, gamma, geometric, and exponential. The best-fitting distribution was determined based on the Akaike Information Criterion (AIC), Bayesian Information Criterion (BIC), and corrected AIC (AICc) values. The results indicated that the assumptions were violated, and the gamma distribution provided the best BLUP estimation for non-normal and heterogeneous data. These findings suggest that incorporating probability distribution approaches enhances the validity and efficiency of BLUP-based breeding value prediction in mung bean improvement programs.

Keywords: mungbean, BLUP, GLMM, gamma distribution, breeding value.

PENDAHULUAN

Kacang hijau (*Vigna radiata* L. Wilczek) merupakan tanaman pangan semusim anggota suku *Leguminosae* yang strategis sebagai sumber protein nabati^[1]. Produksinya di Indonesia tergolong rendah dan belum memenuhi kebutuhan nasional yang meningkat^[2]. Salah satu solusi peningkatan produktivitas adalah melalui program pemuliaan berbasis seleksi nilai pemuliaan^[3].

Nilai pemuliaan menunjukkan potensi genetik aditif suatu individu untuk diturunkan kepada keturunannya^[5]. Estimasi nilai pemuliaan yang akurat sangat penting dalam pemuliaan tanaman moder^[6]. *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) merupakan pendekatan yang telah terbukti efektif dalam memprediksi nilai pemuliaan, bahkan pada data tidak seimbang dan kompleks^[6].

Namun, data fenotipe seringkali tidak memenuhi asumsi kenormalan dan kehomogenan ragam, terutama dalam populasi bersegregasi^[7]. Transformasi data konvensional seperti log atau Box-Cox seringkali menghasilkan bias karena mengubah skala interpretatif data^[8]. Sebagai solusi, *Generalized Linear Mixed Model* (GLMM) memungkinkan penggunaan sebaran peluang non-normal melalui fungsi penghubung log^[9]. Penelitian ini bertujuan untuk menguji efektivitas sebaran peluang dalam memperoleh BLUP nilai pemuliaan sifat-sifat kuantitatif kacang hijau. Pemilihan sebaran terbaik dilakukan melalui perbandingan nilai AIC, BIC, dan AICc.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Desa Wayame, Kecamatan Teluk Ambon, Kota Ambon, berlangsung dari Bulan November 2024 – Januari 2025. Bahan percobaan terdiri atas tujuh galur lokal segregat transgresif dan lima varietas unggul nasional nasional yaitu Vima1, Vima2, Vima3, Vima4 dan Vima5. Penanaman dilakukan dengan delapan ulangan menggunakan rancangan acak tak lengkap bersekat (*augmented incomplete randomized design*).

Prosedur penelitian meliputi persiapan lahan, penanaman, pemeliharaan tanaman, dan pengamatan peubah penelitian.

Pengamatan dilakukan terhadap 16 sifat kuantitatif: umur berbunga (hst), umur panen fisiologis (hst), tinggi tanaman (cm), jumlah daun, jumlah polong per tanaman, jumlah polong bernas, panjang polong (cm), berat segar akar (g), berat kering akar (g), panjang akar (cm), jumlah polong hampa, jumlah biji per polong, bobot biji per polong (g), bobot 100 biji (g), jumlah biji per tanaman, dan bobot biji per tanaman (g).

Analisis Data

Analisis data diawali dengan pengujian asumsi kenormalan menggunakan Uji Anderson-Darling dari sisaan model. Jika $P[AD > A^2] < \alpha$, maka dapat diputuskan bahwa galat-galat tidak menyebar normal. Untuk setiap peubah nilai AD dapat dihitung menurut persamaan:

$$A^2 = -n - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [(2i-1)(\ln F(Y_i) + \ln(1 - F(Y_{n+1-i})))]$$

dimana: n = jumlah perlakuan, Y_i = data yang telah diurut, F = Fungsi distribusi kumulatif dari distribusi normal teoritis.

Nilai A^2 akan dibandingkan dengan nilai kritis. Jika A^2 lebih besar dari nilai kritis, maka data tidak berdistribusi normal., dan kehomogenan

ragam menggunakan Uji Levene atau Uji Bartlett Program Minitab 22. Uji Bartlett digunakan apabila asumsi kenormalan data terpenuhi, sedangkan Uji Levene digunakan bila asumsi kenormalan tak terpenuhi^[10]. Pengujian menggunakan taraf nyata $\alpha = 0.05$.

Uji Levene dapat dihitung dengan menggunakan persamaan:

$$w = \frac{(n - k) \sum_{i=1}^k n_i (\bar{Z}_i - \bar{Z}_{..})^2}{(k - 1) \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (Z_{ij} - \bar{Z}_i)^2}$$

dimana:

n = jumlah perlakuan

k = banyak kelompok

$Z_{ij} = |Y_{ij} - \bar{Y}_i|$

$\bar{Y}_i$ = rata-rata dari kelompok ke- i

$\bar{Z}_i$ = rata-rata kelompok dari Z_i

$\bar{Z}_{..}$ = rata-rata menyeluruh dari Z_{ij}

Jika sisaan model tidak menyebar normal dan ragam tak homogen, maka diperlukan pemilihan model sebaran peluang yang sesuai untuk mendapatkan nilai BLUP dengan analisis menggunakan model linear campuran terampat. Komponen ragam dan BLUP model diprediksi menggunakan PROC GLIMMIX SAS (dengan *link function* log) dengan sebaran peluang log normal, gamma, eksponensial, dan geometrik. Penentuan sebaran peluang terbaik dilakukan berdasarkan evaluasi terhadap nilai *Akaike Information Criterion* (AIC), *Bayesian Information Criterion* (BIC), dan *corrected Akaike Information Criterion* (AICc). Ketiga kriteria ini digunakan untuk menilai keseimbangan antara tingkat kecocokan model terhadap data (*goodness of fit*) dan kompleksitas model. Metode AIC ditemukan oleh Akaike pada tahun 1974 dan metode BIC ditemukan oleh Schwarz pada tahun 1978. Sedangkan, metode AICc ditemukan oleh Hurvich dan Tsai pada tahun 1989. Formula yang digunakan untuk menghitung nilai AIC, AICc, dan BIC adalah sebagai berikut.

$$AIC = -2\ell(\hat{\theta}) + 2(p + 1)$$

$$AICc = -2\ell(\hat{\theta}) + \frac{2n(p+1)}{n-p-2}$$

$$BIC = -2\ell(\hat{\theta}) + \ln(n)(p + 1)$$

dimana $\ell(\hat{\theta})$ adalah nilai fungsi *log-likelihood* untuk estimator parameter, p adalah banyaknya parameter yang diestimasi, dan n adalah banyaknya contoh. Berdasarkan persamaan model dengan nilai AIC, BIC, dan AICc yang paling rendah dianggap sebagai model terbaik, keluaran analisis adalah komponen ragam dan solusi persamaan model linear bagi BLUP. Besaran korelasi antara nilai pemuliaan sebenarnya dan nilai pemuliaan BLUP dihitung sesuai persamaan:

$$r_{AA} = \sqrt{1 - (PEV_A / \sigma_A^2)}$$

dimana σ_A^2 = ragam aditif berdasarkan pendugaan model linear campuran terampat atau tertransformasi, dan PEV = ragam galat prediksi (*prediction error variance*) $\sigma_A^2 = (1 - h^2)$ (Korsgaard *et al.*, 2002).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil pengujian kenormalan dan kehomogenan ragam menunjukkan bahwa sebagian besar sifat tidak memenuhi asumsi dasar model linier umum. Data bersifat tidak normal (nilai $p < .005$ untuk semua karakter) dan tidak homogen (uji Levene $p < .05$) untuk karakter tinggi tanaman, jumlah polong, berat segar akar, panjang akar, jumlah polong hampa, jumlah biji per tanaman, bobot biji per tanaman, umur berbunga, dan umur panen (Tabel 1).

Tabel 1. Pengujian Asumsi Ragam dan Kenormalan Data (Minitab Inc. 2022)

Sifat Kuantitatif	Kenormalan ⁽¹⁾	Kehomogenan Ragam (Levene) ⁽²⁾
Tinggi tanaman (cm)	<0.005	0.000
Jumlah daun	<0.005	0.557
Jumlah polong	<0.005	0.002
Jumlah polong bernas	<0.005	0.054
Panjang polong (cm)	<0.005	0.202
Berat segar akar (g)	<0.005	0.001

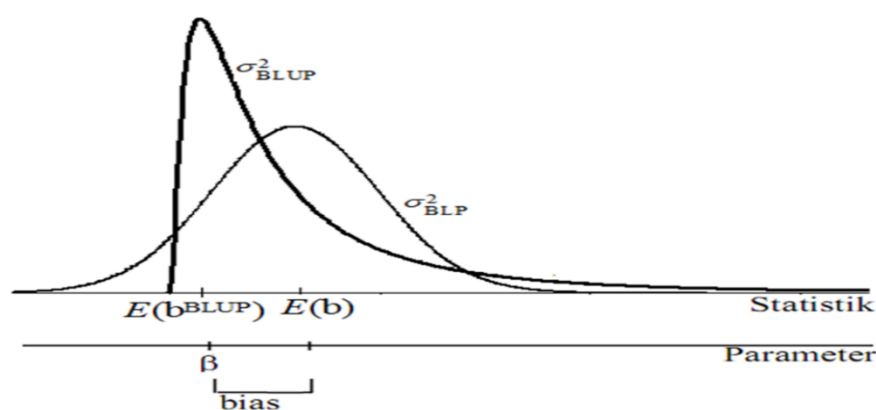
Berat kering akar (g)	<0.005	0.209
Panjang akar (cm)	<0.005	0.001
Jumlah polong hampa	<0.005	0.000
Jumlah biji per tanaman	<0.005	0.000
Bobot biji per polong (g)	<0.005	0.211
Bobot 100 biji (g)	<0.005	0.068
Jumlah biji per tanaman	<0.005	0.895
Bobot biji per tanaman (g)	<0.005	0.024
Umur Berbunga (hst)	<0.005	0.000
Umur Panen (hst)	<0.005	0.000

1) Nilai peluang statistik uji Anderson-Darling untuk uji kenormalan (Minitab Inc. 2022); 2) Nilai peluang statistik uji Levene untuk uji kehomogenan ragam (Minitab Inc. 2022). Nilai $P < 0.05$ untuk salah satu atau kedua statistik uji menunjukkan terjadinya pelanggaran asumsi

Terjadinya pelanggaran asumsi kenormalan dan kehomogenan ragam secara hipotetik mengindikasikan bahwa analisis klasik model linear umum yang menghasilkan *best linear prediction* (BLP) dapat menghasilkan statistik dugaan yang berbias dari parameter populasi untuk semua karakter kuantitatif. Oleh sebab itu, diperlukan analisis model linear campuran terampat yang menghasilkan *best linear unbiased prediction* (BLUP) dari sebaran peluang yang sesuai sehingga statistik BLP sifat-sifat kuantitatif yang tidak menyebar normal, menghasilkan statistik

BLUP yang tidak berbias dari parameter populasi (Gambar 1).

Hasil analisis model linear campuran terampat dengan sebaran peluang normal, gamma, eksponensial dan geometrik memperlihatkan rata-rata nilai AIC, BIC dan AICC Sebaran Gamma lebih kecil dari model sebaran lainnya (Tabel 2). Hasil ini mengindikasikan bahwa model linear campuran terampat dengan Sebaran Gamma menghasilkan BLUP karakter-karakter kuantitatif tanaman kacang hijau yang merupakan suatu nilai pemuliaan untuk karakter-karakter kuantitatif itu.



Gambar 1. Gambaran hipotetik *best linear prediction* model linear umum dengan statistik dugaan yang berbias dari parameter populasi bila dibandingkan dengan *best linear unbiased prediction* model linear campuran terampat

Tabel 2. Rata-rata Nilai AIC, BIC dan AICC sebaran data sifat-sifat kuantitatif tanaman kacang hijau

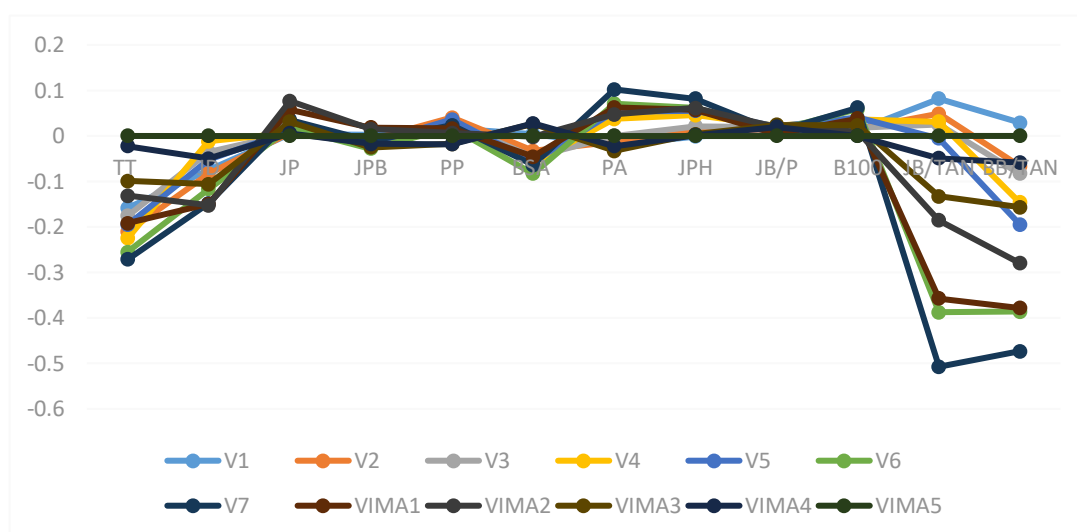
Distribusi	AIC ⁽¹⁾	BIC ⁽²⁾	AICC ⁽³⁾
Normal	764.44	852.07	770.35
Gamma	230	320	233
Exponensial	357	439	357
Geometrik	644	731	649

Ket : (1) Akaike Information Criterion (2) Bayesian information criterion (3) Akaike Information Criterion corrected

Sebaran Gamma merupakan pilihan yang sesuai untuk data kontinu positif yang tidak menyebar normal, terutama jika terjadi sebaran asimetris dan tidak mengandung nilai nol atau negatif^[12].

Dari ke-16 karakter kuantitatif, terdapat tiga karakter yang menonjol nilai pemuliaan sifat kuantitatifnya, yaitu jumlah polong bernas, bobot 100 biji, dan jumlah biji per tanaman. Visualisasi grafis

menggambarkan sebaran nilai pemuliaan untuk jumlah polong bernas, bobot 100 biji, dan jumlah biji per tanaman. Hasilnya memperlihatkan Galur lokal V4, V5 dan V6 menunjukkan nilai pemuliaan tertinggi untuk sebagian besar sifat, yang menandakan keragaan yang tinggi dua galur ini bila dibandingkan dengan varietas unggul nasional (Gambar 2).



Gambar 2. Nilai Pemuliaan (BLUP) untuk Sifat-Sifat Kuantitatif Kacang Hijau pada 7 Galur dan 5 Varietas pada Kondisi Cekaman Kekeringan

Keterangan : TT : tinggi tanaman; JD: jumlah daun; JP: jumlah polong; JPB: jumlah polong bernas; PP: panjang polong; BSA: Berat segar akar; PA: panjang akar; JPH : jumlah polong hampa; JB/P : jumlah biji per polong; B100: bobot 100 biji; JB/Tan : jumlah biji per tanaman; BB/Tan : bobot biji per tanaman

Analisis nilai pemuliaan (Best Linear Unbiased Prediction/BLUP) pada tujuh galur harapan dan lima varietas pembanding kacang hijau (*Vigna radiata* L.) di bawah kondisi cekaman kekeringan (Gambar 2) menunjukkan adanya variasi genetik yang cukup luas pada berbagai sifat kuantitatif.^{[13][6]} Pendekatan BLUP digunakan karena mampu memperkirakan nilai genetik sejati dari setiap genotipe dengan meminimalkan pengaruh lingkungan dan interaksi genotipe $\times$ lingkungan^{[9][14]}. Dengan demikian, interpretasi terhadap nilai BLUP mencerminkan keunggulan genetik relatif setiap genotipe terhadap rata-rata populasi^[5].

Berdasarkan grafik nilai pemuliaan, terlihat bahwa sebagian besar karakter vegetatif seperti tinggi tanaman (TT) dan jumlah daun (JD) memiliki nilai BLUP negatif pada sebagian besar galur, yang mengindikasikan adanya penurunan pertumbuhan akibat cekaman kekeringan^{[5][15]}. Hal ini menunjukkan bahwa cekaman air membatasi aktivitas fotosintesis, pembelahan sel, dan ekspansi jaringan tanaman^{[16][17]}. Meskipun demikian, beberapa genotipe seperti galur V4 dan varietas VIMA3 menunjukkan nilai BLUP mendekati nol atau sedikit positif pada karakter tersebut, menandakan bahwa genotipe tersebut memiliki kemampuan adaptasi morfologi yang relatif lebih baik di bawah kekeringan^[18].

Karakter hasil dan komponennya, seperti jumlah polong bernas (JPB), bobot biji per tanaman (BSA), dan bobot 100 biji (B100), menunjukkan nilai BLUP positif pada beberapa genotipe, terutama galur V6 dan varietas VIMA4^{[19][1]}. Nilai positif pada karakter ini mengindikasikan adanya potensi genetik yang tinggi dalam mempertahankan atau meningkatkan hasil meskipun berada pada kondisi stres air^[20]. Hal ini sejalan dengan pernyataan bahwa genotipe toleran kekeringan biasanya mampu menjaga keseimbangan air daun, mempertahankan laju fotosintesis, dan meningkatkan efisiensi

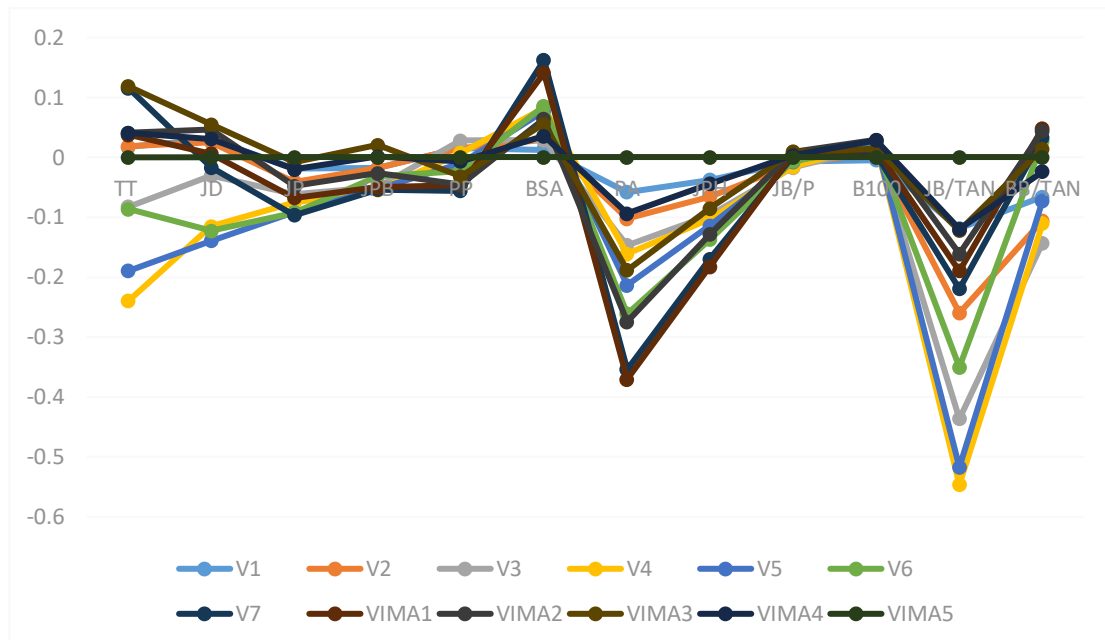
translokasi asimilat menuju organ reproduktif^{[21][13]}.

Sebaliknya, genotipe seperti V2 dan V7 menunjukkan nilai BLUP negatif pada sebagian besar karakter, yang mencerminkan rendahnya efisiensi penggunaan air dan penurunan produktivitas akibat kekeringan^{[16][18]}. Perbedaan nilai BLUP antar galur menunjukkan adanya keragaman genetik yang dapat dimanfaatkan untuk program pemuliaan, terutama dalam seleksi terhadap sifat toleransi kekeringan^{[13][19]}. Keberadaan keragaman genetik yang luas merupakan prasyarat penting untuk meningkatkan ketahanan terhadap stres abiotik melalui pemuliaan tanaman^[22].

Nilai BLUP yang positif dan stabil pada beberapa galur dan varietas juga mengindikasikan adanya interaksi genetik yang menguntungkan dengan lingkungan^[14]. Hal ini penting karena stabilitas genetik terhadap cekaman air merupakan salah satu kriteria utama dalam seleksi varietas unggul^[23]. Varietas pembanding pada umumnya menunjukkan nilai BLUP yang lebih stabil dibandingkan galur harapan, menunjukkan bahwa varietas tersebut telah melewati proses seleksi adaptif yang panjang terhadap kondisi lingkungan kering^[20]. Namun, keberadaan beberapa galur dengan nilai BLUP tinggi untuk karakter hasil memperlihatkan potensi untuk dijadikan tetua persilangan dalam program pemuliaan lanjutan^[5].

Secara keseluruhan, hasil ini menunjukkan bahwa penggunaan analisis BLUP sangat efektif dalam mengevaluasi potensi genetik kacang hijau di bawah kondisi cekaman kekeringan^[6]. BLUP tidak hanya memberikan estimasi yang lebih akurat terhadap nilai genetik murni, tetapi juga meningkatkan efisiensi seleksi genotipe unggul^[9]. Oleh karena itu, galur-galur dengan nilai BLUP positif yang konsisten, seperti V4, V5, dan V6, layak dipertimbangkan sebagai kandidat toleran kekeringan untuk uji lanjut multi-lokasi atau dijadikan tetua dalam

program pemuliaan kacang hijau toleran cekaman air^[19].



Gambar 3. Nilai Pemuliaan (BLUP) untuk Sifat-Sifat Kuantitatif Kacang Hijau pada 7 Galur dan 5 Varietas pada Kondisi Optimal

Keterangan : TT : tinggi tanaman; JD: jumlah daun; JP: jumlah polong; JPB: jumlah polong berna; PP: panjang polong; BSA: Berat segar akar; PA: panjang akar; JPH : jumlah polong hampa; JB/P : jumlah bini per polong; B100: bobot 100 biji; JB/Tan : jumlah biji per tanaman; BBTan : bobot biji per tanaman

Analisis nilai pemuliaan (BLUP) menunjukkan adanya keragaman genetik nyata antar genotipe kacang hijau pada kondisi optimal (Gambar 3). Perbedaan nilai BLUP mengindikasikan bahwa masing-masing genotipe memiliki potensi genetik berbeda dalam mengekspresikan karakter hasil dan pertumbuhan^[24]. Sejalan dengan pandangan Resende (2016), BLUP memberikan estimasi potensi genetik sejati yang telah dikoreksi dari pengaruh lingkungan^[25]. Secara umum, nilai BLUP berkisar antara -0,6 hingga 0,2, yang menunjukkan adanya perbedaan kontribusi genetik antar genotipe terhadap tiap karakter yang diamati.

Beberapa genotipe seperti V7, VIMA3, dan VIMA4 memperlihatkan nilai BLUP positif pada sebagian besar karakter,

yang menandakan adanya potensi genetik yang stabil serta performa unggul pada lingkungan tanpa cekaman^{[26][27]}. Sebaliknya, genotipe V2 dan V4 menunjukkan fluktuasi tajam, terutama berupa penurunan signifikan pada karakter bobot 100 biji (B100) dan bobot biji per tanaman (BB/TAN), yang mengindikasikan sensitivitas tinggi terhadap variasi lingkungan meskipun dalam kondisi optimum^[28]. Karakter seperti jumlah polong per tanaman (PA), jumlah biji per polong (JB/P), dan bobot biji per tanaman (BSA) memperlihatkan kisaran nilai BLUP yang relatif sempit di antara genotipe, menandakan pengaruh lingkungan yang lebih kecil terhadap ekspresi sifat tersebut^[29]. Pola ini menunjukkan bahwa pada kondisi pertumbuhan optimum, perbedaan hasil lebih banyak dipengaruhi oleh komponen genetik

dibandingkan interaksi genotipe $\times$ lingkungan^{[30][31]}. Secara keseluruhan, genotipe VIMA3 dan V7 dapat dikategorikan memiliki nilai pemuliaan tinggi dan stabilitas genetik yang baik pada kondisi optimum, sehingga berpotensi sebagai kandidat unggul untuk lingkungan dengan ketersediaan air mencukupi^[25].

KESIMPULAN

Data kuantitatif dalam penelitian ini tidak memenuhi asumsi kenormalan sebaran dan kehomogenan ragam. Hasil analisis menggunakan model linier terampat menunjukkan bahwa Sebaran Gamma merupakan model yang paling sesuai (fit) karena memiliki nilai AIC dan BIC lebih rendah dibandingkan dengan sebaran lainnya, termasuk Sebaran Normal. Oleh karena itu, analisis model linier campuran terampat dengan Sebaran Gamma dapat digunakan secara efektif untuk mengestimasi nilai pemuliaan (BLUP) sifat-sifat kuantitatif pada kondisi data yang tidak seimbang dan menyebar secara non-normal.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] M. S. Islam, M. A. Rahman, and M. J. Uddin, "Phenotypic diversity in agro-morphological traits of greengram (*Vigna radiata* L. Wilczek) genotypes," *Plant Science Today*, vol. 8, no. 4, pp. 887–896, 2021, doi: 10.14719/pst.2021.8.4.1325.
- [2] P. Sari, H. Widodo, and D. Lestari, "Performance of mung bean (*Vigna radiata* L. Wilczek) potential genotypes in Indonesia," *Indonesian Journal of Agricultural Research*, vol. 31, no. 1, pp. 10–21, 2023.
- [3] R. Dewi, N. Yuliana, and M. Hidayat, "Genetic variability and correlation analysis of yield and its components in mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek)," *Journal of Agricultural Biotechnology and Sustainability*, vol. 14, no. 3, pp. 45–53, 2022.
- [4] M. Rizwan, N. Ahmad, and S. Khan, "Estimating genetic parameters and broad-sense heritability in mungbean breeding populations," *Journal of Crop Science and Biotechnology*, vol. 24, no. 6, pp. 563–572, 2021, doi: 10.1007/s12892-021-00076-9.
- [5] U. C. Jha, V. Kumar, and N. P. Singh, "Genomic selection for improving yield and resilience in mungbean (*Vigna radiata* L.)," *Frontiers in Plant Science*, vol. 12, p. 715903, 2021, doi: 10.3389/fpls.2021.715903.
- [6] M. A. Shah, A. Khan, and M. Rehman, "Application of BLUP in estimation of genetic values in field crops under unbalanced data," *Euphytica*, vol. 218, no. 4, p. 87, 2022, doi: 10.1007/s10681-022-02919-5.
- [7] Y. Zhang, X. Li, J. Wang, and H. Chen, "Assessing the impact of non-normality in phenotypic data on genetic parameter estimation in plant breeding," *Theoretical and Applied Genetics*, vol. 134, no. 7, pp. 2145–2156, 2021, doi: 10.1007/s00122-021-03819-3.
- [8] X. Li, Y. Zhang, and P. Zhao, "Bias in transformed data: Implications for statistical inference in quantitative genetics," *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics*, vol. 25, no. 4, pp. 675–692, 2020, doi: 10.1007/s13253-020-00425-9.

-
- [9] S. Kim, D. Lee, and T. Park, "Application of generalized linear mixed models in plant breeding: Handling non-normal data with log-link functions," *Crop Science*, vol. 62, no. 5, pp. 2024–2038, 2022, doi: 10.1002/csc2.20789.
- [10] A. I. Khuri, *Advanced Statistical Methods in Data Analysis*. Boca Raton, FL: CRC Press, 2010, doi: 10.1201/9781420010122.
- [11] I. R. Korsgaard, A. H. Andersen, J. Jensen, P. Madsen, and D. Sorensen, "A useful relationship between different definitions of the prediction error variance," *Genetics Selection Evolution*, vol. 34, no. 3, pp. 307–311, 2002, doi: 10.1186/1297-9686-34-3-307.
- [12] J. M. Hilbe, *Modeling Count Data*. Cambridge: Cambridge University Press, 2014.
- [13] S. Kumar, P. Singh, and R. Devi, "Genetic variability and drought tolerance assessment in mung bean (*Vigna radiata* L.) under water deficit conditions," *Legume Research*, vol. 45, no. 8, pp. 1023–1031, 2022, doi: 10.18805/LR-6302.
- [14] M. Rizwan, M. Aslam, and A. Hussain, "Estimating genetic parameters using BLUP for yield traits in mung bean under drought stress," *Journal of Crop Improvement*, vol. 35, no. 5, pp. 598–612, 2021, doi: 10.1080/15427528.2021.1895269.
- [15] P. Singh, R. Kumar, and R. S. Meena, "Physiological and yield responses of mung bean genotypes under drought stress," *Agronomy*, vol. 11, no. 4, p. 735, 2021, doi: 10.3390/agronomy11040735.
- [16] M. A. Ali, M. M. Haque, and M. S. Hossain, "Drought-induced changes in photosynthesis and plant growth of mung bean genotypes," *Journal of Agronomy and Crop Science*, vol. 209, no. 2, pp. 187–198, 2023, doi: 10.1111/jac.12652.
- [17] H. T. Nguyen, T. D. Tran, and T. N. Bui, "Cellular and physiological responses of mung bean to water deficit stress," *Plant Physiology Reports*, vol. 25, no. 3, pp. 389–398, 2020, doi: 10.1007/s40502-020-00561-8.
- [18] M. A. Rahman, M. J. Hasan, and M. J. Alam, "Morpho-physiological adaptation of mung bean genotypes under drought stress," *Bangladesh Journal of Botany*, vol. 51, no. 1, pp. 93–102, 2022, doi: 10.3329/bjb.v51i1.59521.
- [19] S. Rani, P. Verma, and S. K. Singh, "Genetic evaluation of mung bean genotypes for yield and drought tolerance using BLUP approach," *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, vol. 82, no. 3, pp. 512–519, 2022.
- [20] K. Nahar, M. Hasanuzzaman, and M. Fujita, "Physiological mechanisms of drought tolerance in legumes: An overview," in *Plant Stress Physiology*, vol. 12, no. 2, pp. 101–118, 2020.
- [21] P. Sinha, R. Yadav, and B. Singh, "Physiological and biochemical mechanisms conferring drought tolerance in mung bean (*Vigna radiata* L.)," *Plant Physiology Reports*, vol. 28, no. 1, pp. 74–86, 2023, doi: 10.1007/s40502-023-00712-3.
- [22] R. Chandna, R. Sharma, and V. Kumar, "Exploring genetic variability for abiotic stress tolerance in pulses: Implications for breeding," *Frontiers in Plant Science*, vol. 12, p. 667248, 2021, doi: 10.3389/fpls.2021.667248.
- [23] M. A. Hossain, M. S. Rahman, and M. E. Haque, "Stability analysis and identification of drought-tolerant mung bean genotypes," *Legume Research*, vol. 45, no. 10, pp. 1256–1264, 2022, doi: 10.18805/LR-6409.

- [24] A. Gaurav, R. Kumar, S. Singh, and M. Yadav, "Estimation of genetic parameters and selection of high yielding mungbean genotypes using BLUP analysis," *Legume Research*, vol. 47, no. 3, pp. 489–496, 2024, doi: 10.18805/LR-4837.
- [25] M. D. V. Resende, *Software Selegen-REML/BLUP: Mixed Models in Genetic and Breeding*. Colombo: Embrapa Florestas, 2016.
- [26] P. Supreetha, P. Latha, and B. S. Rani, "BLUP-based genetic evaluation of mungbean genotypes for yield and physiological traits," *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, vol. 12, no. 5, pp. 237–246, 2023, doi: 10.20546/ijcmas.2023.1205.031.
- [27] R. Jain, J. Patel, and P. Koli, "Evaluation of mungbean genotypes under irrigated conditions using BLUP-based selection," *Journal of Food Legumes*, vol. 37, no. 1, pp. 21–28, 2024.
- [28] K. Mukesh, D. Sharma, and N. Kumar, "Assessment of genetic variability and stability of mungbean genotypes under normal conditions," *Plant Archives*, vol. 24, no. 2, pp. 913–920, 2024.
- [29] V. Bansod, P. Suryavanshi, and V. Patil, "Genetic variability studies in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]," *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, vol. 10, no. 4, pp. 158–165, 2021, doi: 10.20546/ijcmas.2021.1004.017.
- [30] K. Navya, K. Sandhya, and D. S. Rao, "Analysis of variability and heritability in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] under irrigated conditions," *International Journal of Agriculture Sciences*, vol. 15, no. 6, pp. 432–438, 2023.
- [31] P. Nalajala, K. H. Reddy, and G. Anuradha, "Genotype $\times$ environment interaction and stability analysis in mungbean for seed yield and its components," *Legume Research*, vol. 46, no. 5, pp. 1034–1041, 2023, doi: 10.