

KLASIFIKASI GENOTIPE PADA DATA TIDAK LENGKAP DENGAN PENDEKATAN MODEL AMMI

Ahmad Ansori Mattjik, I Made Sumertajaya, dan Pika Silvianti

Departemen Statistika FMIPA IPB

Ringkasan

Percobaan multilokasi mempunyai peranan penting dalam perkembangbiakan tanaman dan penelitian agronomi. Kajian mengenai interaksi antara genotipe dan lingkungan diperlukan dalam penyeleksian genotipe yang akan dilepas. Metode statistika yang biasa digunakan untuk mengolah data hasil percobaan multilokasi salah satunya adalah AMMI (*Additive Main effect and Multiplicative Interaction*). Metode ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama pada pengaruh interaksinya. Pendekatan AMMI juga sangat baik digunakan untuk uji multilokasi tanpa ulangan. AMMI adalah analisis yang membutuhkan data yang lengkap. Jika ada data yang hilang, maka harus dilakukan pendugaan terhadap data tersebut. Pada kasus data tidak lengkap, diperlukan suatu metode pendugaan data untuk mempermudah analisis. Metode yang dapat digunakan antara lain *connected data* dan algoritma EM-AMMI untuk menduga data yang tak lengkap.

Kata kunci : AMMI, multilokasi, data tidak lengkap

PENDAHULUAN

Percobaan multilokasi merupakan pengulangan percobaan di beberapa lokasi dengan menggunakan rancangan percobaan dan perlakuan yang sama. Metode statistika yang biasa digunakan untuk analisis kestabilan terhadap hasil percobaan multilokasi adalah AMMI (*Additive Main and Multiplicative Interaction*). Metode ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama pada pengaruh interaksinya (Mattjik & Sumertajaya 2002).

Hambatan utama dalam menggunakan analisis AMMI adalah keseimbangan data. Sedangkan pada percobaan multilokasi kejadian data menjadi tidak seimbang peluangnya sangat besar. Agar setiap kombinasi genotipe dan lokasi memiliki jumlah ulangan yang sama, maka harus dilakukan pendugaan terhadap data yang tak lengkap.

G-connected

Data dari klasifikasi silang dua arah dikatakan menjadi *g-connected* jika sel yang terisi dapat disatukan dengan suatu garis tak terputus, terdiri dari bagian horizontal dan vertikal, yang dapat berubah arah hanya pada sel yang terisi (Searle, 1987).

Pendugaan dapat dilakukan dengan menggunakan rumus:

$$\mu_{ij} = \mu_i + \tau_j = \mu_i + \tau_{j'} + \tau_j - \tau_{j'} = \mu_{ij'} + \tau_j - \tau_{j'}$$

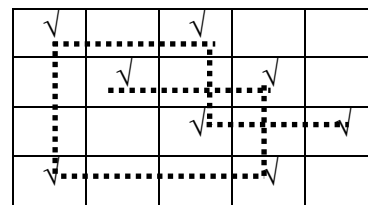
Untuk klasifikasi dua arah selama datanya *g-connected*, semua rata-rata sel dalam *no-interaction model* dapat diduga, dengan BLUE sebagai berikut:

$$c_{jj} \hat{\tau}_j + \sum_{\substack{j'=1 \\ j' \neq j}}^{b-1} c_{jj'} \hat{\tau}_{j'} = r_j, \text{ untuk } j = 1, \dots, b-1$$

$$\text{dengan } c_{jj} = n_{.j} - \sum_i \frac{n_{ij}^2}{n_i}; \quad c_{jj'} = -\sum_i \frac{n_{ij} n_{ij'}}{n_i}$$

$$\text{dan } r_j = y_{.j} - \sum_i n_{ij} \bar{y}_{i..}$$

$$\text{dan } \hat{\mu}_i = \bar{y}_{i..} - \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{b-1} n_{ij} \hat{\tau}_j, \text{ untuk } i = 1, \dots, a$$



Gambar 1. Contoh *g-connected*

ANALISIS AMMI

Pemodelan Analisis AMMI

Pengaruh aditif genotipe dan lokasi masing-masing dilihat dengan menggunakan analisis ragam, kemudian menguraikan pengaruh interaksi menjadi KUI-KUI melalui persamaan :

$$(\alpha\beta)_{ij} = \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij}$$

dengan m menunjukkan banyaknya KUI yang nyata pada taraf 5%, sehingga persamaan model linier percobaan multilokasi dengan analisis AMMI menjadi:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dengan $\sqrt{\lambda_n}$ nilai singular untuk komponen bilinear ke- n ; v_{in} pengaruh ganda genotipe ke- i melalui komponen bilinear ke- n ; s_{jn} pengaruh ganda lokasi ke- j melalui komponen bilinear ke- n ; δ_{ij} sisaan dari pemodelan linier; ε_{ijk} pengaruh sisaan dari genotipe ke- i dalam kelompok ke- k yang dilakukan di lokasi ke- j ; n banyaknya KUI yang dipertahankan dalam model.

Perhitungan Jumlah Kuadrat

Pengaruh aditif genotipe dan lokasi dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam, tetapi berdasarkan pada data rata-rata per genotipe x lokasi. Pengaruh ganda genotipe dan lokasi pada interaksi diduga dengan

$$z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}$$

sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagai berikut:

$$JK(GL) = r \sum_{i,j} z_{ij}^2 = r \sum_{i,j} (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2$$

$$= r \text{ teras}(zz')$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa teras dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut, $\text{tr}({}_n A_n) = \sum_i \lambda_i$, maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- n adalah akar ciri ke- n pada pemodelan bilinear tersebut (λ_n), jika analisis ragam dilakukan terhadap rata-rata per genotipe x lokasi. Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadratnya adalah banyak ulangan kali akar ciri ke- n ($r\lambda_n$). Pengujian masing-masing komponen ini dilakukan dengan membandingkannya terhadap kuadrat tengah galat gabungan.

Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular matriks dugaan pengaruh interaksi digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe x lokasi. Penguraian dilakukan dengan memodelkan matriks tersebut sebagai perkalian matriks :

$$Z = U L A'$$

Dengan Z adalah matriks data terpusat, berukuran $g \times l$; L adalah matriks diagonal akar dari akar ciri positif bukan nol dari $Z'Z$, berukuran $m \times m$. Kolom-kolom matriks A

adalah vektor ciri-vektor ciri dari matriks $Z'Z$, A merupakan matriks ortonormal; dan U berupa matriks ortonormal, dirumuskan sebagai :

$$U = Z A L^{-1}$$

Nilai Komponen AMMI

Pengaruh ganda genotipe ke- i diduga melalui unsur-unsur matriks A pada baris ke- i kolom ke- n , sedangkan penduga dari pengaruh ganda lokasi ke- j adalah elemen matriks U pada baris ke- j kolom ke- n dengan kendala

$$\sum v_{in}^2 = \sum s_{jn}^2 = 1 \quad \text{untuk } n = 1, 2, \dots, m \quad \text{dan}$$

$$\sum_i v_{in} v_{in'} = \sum_j s_{jn} s_{jn'} = 0 \quad \text{untuk } n \neq n'.$$

Unsur-unsur diagonal matriks L merupakan penduga untuk λ_n .

Skor komponen ke- n untuk genotipe ke- i adalah $\lambda_n^k v_{in}^k$ dan untuk lokasi ke- j adalah $\lambda_n^{1-k} s_{jn}^k$.

Penduga untuk interaksi genotipe dengan lokasi diperoleh dari perkalian nilai komponen genotipe dan nilai komponen lokasi. Dengan mendefinisikan L^k ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal yang unsur-unsur diagonalnya berupa elemen-elemen matriks L dipangkatkan k . Demikian juga untuk matriks L^{1-k} dan $G = UL^k$ serta $H = AL^{1-k}$, maka hasil penguraian nilai singular dapat ditulis dalam bentuk :

$$Z = GH'$$

Sehingga dugaan nilai komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks G dan dugaan nilai komponen untuk lokasi adalah kolom-kolom matriks H . Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah $\frac{1}{2}$.

Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Metode yang digunakan untuk menentukan banyaknya Komponen Utama Interaksi (KUI) yang dipertahankan dalam model AMMI (Gauch, 1988 dalam Mattjik 2000) yaitu :

1. Metode Keberhasilan Total (*postdictive success*)

Banyaknya komponen AMMI sesuai dengan banyaknya sumbu KUI yang nyata pada uji-F analisis ragam. Untuk sumbu KUI yang tidak nyata digabungkan dengan sisaan. Metode ini diusulkan oleh Gollob (1986) yang selanjutnya direkomendasikan oleh Gauch (1988). Tabel analisis AMMI (Tabel 1) merupakan perluasan dari tabel penguraian jumlah kuadrat interaksi menjadi beberapa jumlah kuadrat KUI.

Tabel 1. Tabel analisis ragam AMMI

Sumber	Db	JK
Lingkungan	$l-1$	JKL
Blok(Lingk.)	$l(r-1)$	JKB
Genotipe	$g-1$	JKGen
Gen*Lingk.	$(l-1)(g-1)$	JK(L*G)
KUI-1	$g+l-2(1)$	JKKUI-1

KUI-2	g+l-1-2(2)	JKKUI-2
.....		
KUI-m	g+l-1-2(m)	JKKUI-m
Sisaan	Pengurangan	JKSisaan
Galat gab.	l(g-1)(r-1)	JKG
Total	lgr-1	

2. Metode Keberhasilan Ramalan (*predictive success*)

Penentuan banyaknya sumbu komponen utama dilakukan dengan validasi silang yaitu membagi data menjadi dua kelompok, satu kelompok untuk membangun model dan kelompok lain dipakai untuk validasi (menentukan kuadrat selisih). Teknik ini dilakukan berulang-ulang, pada tiap ulangan dibangun model dengan sumbu komponen utama. Banyaknya KUI terbaik adalah model dengan rata-rata akar kuadrat tengah sisaan (*root means square different = RMSPD*) terkecil.

$$RMSPD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^l (\hat{x}_{ij} - x_{ij})^2}{g.l}}$$

Kesesuaian model

Kesesuaian model dilihat dari RMS (*Root Mean Square*) sisaan yaitu rata-rata simpangan yang tidak dapat diterangkan oleh model. RMS sisaan dapat dirumuskan sebagai berikut:

$$RMS_{sisaan} = \sqrt{\frac{JKSisaan}{\text{banyak pengamatan}}}$$

Model yang sesuai adalah model dengan nilai RMS sisaan kurang dari 5 % (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000).

Interpretasi Model AMMI

Pemodelan bilinear diinterpretasikan dengan menggunakan biplot AMMI1 (plot antara pengaruh utama dengan skor KUI1). Jika KUI2 nyata maka dapat dilanjutkan dengan biplot AMMI2 (plot antara KUI1 dan KUI2).

Perbedaan dari pengaruh utama dapat dilihat dari jarak antara titik amatan pada sumbu mendatar pada biplot AMMI1, sedangkan jarak titik amatan pada sumbu tegak menggambarkan adanya perbedaan dari pengaruh interaksi (Zobel *et al.*, 1988 dalam Mattjik 2000). Pengaruh interaksi genotipe dan lokasi digambarkan oleh biplot AMMI2. Untuk mengetahui genotipe yang memiliki respon tertinggi di tiap-tiap lokasi, digunakan poligon dengan cara menghubungkan genotipe-genotipe terjauh dari titik pusat, lalu dibuat garis tegak lurus terhadap sisi poligon untuk membagi poligon menjadi beberapa kuadran. Respon terbesar untuk lokasi di kuadran yang sama diperlihatkan dengan genotip yang menjadi titik sudut poligon (Yan & Hunt, 2002).

Kedekatan jarak antara genotipe dan lokasi dan besar sudut yang terbentuk dari kedua titik tersebut

mencerminkan adanya interaksi yang khas diantara keduanya.

Kestabilan genotipe diuji dengan pendekatan selang kepercayaan sebaran normal ganda yang berbentuk ellips pada skor KUI-nya. Jika koordinat suatu genotipe semakin dekat dengan pusat koordinatnya berarti genotipe tersebut semakin stabil terhadap perubahan lokasi. Ellips dibuat dari titik pusat (0,0), dengan panjang jari-jari ellips dapat diukur sebagai berikut (Johnson & Wincherm, 2002):

$$\pm \sqrt{\lambda_i} \sqrt{\frac{p(n-1)}{n(n-p)}} F_{p,n-p(\alpha)} e_i$$

dengan p banyaknya peubah yang digunakan; n banyaknya pengamatan; λ_i akar ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe; e_i vektor ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe; $F_{p,n-p(\alpha)}$ nilai sebaran F dengan db₁=p dan db₂=n-p pada taraf $\alpha = 5 \%$.

METODE EM-AMMI

EM-AMMI merupakan perluasan dari metode AMMI dengan proses pendugaan data hilang secara iteratif, dimana pada tahap awal menduga model dengan menggunakan data yang ada, kemudian membuat model AMMI lalu menduga data hilang tersebut dan memperbaiki nilai dugaannya. Hal ini dilakukan hingga dicapai keadaan yang konvergen dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya relatif kecil yaitu < 0.00001 (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000).

Ada dua tahap dasar dalam algoritma EM-AMMI yaitu:

1. Tahap E (*Expectation*) yaitu tahap menentukan nilai harapan dari data yang hilang.
2. Tahap M (*Maximization*) yaitu tahapan pembentukan model dari data yang ada.

Jika pada analisis AMMI biasanya skor KUI selalu tetap, maka pada algoritma EM-AMMI skor KUI berubah pada tiap-tiap iterasi. Hal ini disebabkan nilai dugaan mempengaruhi nilai parameter aditif maupun multiplikatifnya.

Mean Absolute Percentage Error (MAPE)

Nilai MAPE ini mengukur rata-rata nilai simpangan dugaan terhadap data aktualnya yang dinyatakan dalam persentase. Nilai MAPE ini dirumuskan sebagai (Makridakis, 1983):

$$MAPE = \frac{\sum_{t=1}^n \left| \frac{(X_t - F_t)}{X_t} \right|}{n} \times 100\%$$

dengan X_t nilai aktual; F_t nilai dugaan; n banyaknya data.

Semakin kecil nilai MAPE maka ketepatan pendugaan menjadi semakin tinggi dan semakin besar nilai MAPE maka ketepatan pendugaan semakin rendah.

DATA DAN METODE

Data yang digunakan dalam tulisan ini adalah data sekunder yang diperoleh dari Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat (Balittro) Bogor. Ada dua faktor yang diteliti yaitu 16 genotipe dan 5 lokasi percobaan. Keenam belas genotipe tersebut selanjutnya disebut genotipe 1, 2, ..., 16, yang merupakan nomor-nomor harapan tanaman jahe. Kelima lokasi selanjutnya disebut lokasi A, B, C, D, dan E. Respon yang diamati adalah produksi minyak atsiri (%) dari genotipe-genotipe jahe. Rancangan lingkungan yang digunakan adalah Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan 3 ulangan. Data yang digunakan dalam tulisan ini merupakan data rata-ran per genotipe x lokasi. Model linier untuk percobaan multilokasi dengan genotipe sebagai perlakuan dan menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) adalah sebagai berikut:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dengan y_{ijk} respon dari genotipe ke- i pada lokasi ke- j dalam kelompok ke- k ; μ nilai rata-rata umum; α_i pengaruh genotipe ke- i ; $\rho_{k(j)}$ pengaruh kelompok ke- k tersarang pada lokasi ke- j ; β_j pengaruh lokasi ke- j ; $(\alpha\beta)_{ij}$ pengaruh interaksi genotipe ke- i di lokasi ke- j ; ε_{ijk} pengaruh sisaan dari genotipe ke- i dalam kelompok ke- k yang dilakukan di lokasi ke- j .

Genotipe maupun lokasi yang dicobakan merupakan pengaruh faktor tetap. Genotipe yang dicobakan merupakan nomor-nomor harapan yang diharapkan memiliki daya hasil yang tinggi.

Sebelum melakukan analisis data, dilakukan simulasi untuk pendugaan data hilang. Tahapan simulasi pendugaan data hilang adalah sebagai berikut:

1. Melakukan penghilangan data dengan mempertahankan pola data agar tetap *connected*.
2. Memberikan nilai dugaan awal pada data hilang menggunakan metode *connected data*.
3. Menduga parameter model awal dari data yang ada.
4. Penyusunan matriks dugaan pengaruh interaksi (matriks Z).
5. Pembentukan model AMMI.
6. Memperbaiki nilai dugaan baru bagi data hilang berdasarkan model AMMI terbaru.

7. Pemeriksaan tingkat perubahan nilai dugaan:
 - Jika tingkat perubahan $> 10^{-5}$ maka ganti nilai dugaan dengan nilai dugaan baru dan ulangi langkah ke-4 sampai ke-7.
 - Jika tingkat perubahan $< 10^{-5}$ maka nilai dugaan baru tersebut merupakan nilai dugaan akhir.
8. Menghitung Nilai MAPE dari dugaan dengan *connected data* dan dugaan akhir dengan EM-AMMI.

Banyaknya persentase data hilang yang disimulasikan yaitu 5%, 10%, 15% dan 20%. Simulasi diulang sebanyak sepuluh kali untuk masing-masing persentase data hilang.

Analisis data diawali dengan pendugaan data hilang menggunakan tahap 1 sampai tahap 7 seperti saat melakukan simulasi. Analisis selanjutnya adalah analisis deskriptif menggunakan plot interaksi.

Setelah itu dilakukan analisis AMMI dengan menguraikan pengaruh interaksi menjadi KUI-KUI. Pemilihan sumbu optimal dilakukan dengan melihat besarnya keragaman yang diterangkan KUI-KUI. Hal ini dilakukan karena tanpa adanya ulangan tidak ada galat yang diperoleh, sehingga KUI-KUI tidak dapat diuji dengan kuadrat tengah galat gabungannya. Model AMMI terbaik yang diperoleh selanjutnya digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi.

Pengklasifikasian stabilitas genotipe berdasarkan biplot AMMI dapat dilakukan sebagai berikut:

- Tarik garis kontur dari lokasi atau genotipe terluar.
- Tarik garis tegak lurus dari titik pusat ke garis kontur yang menghubungkan dua lokasi berbeda.
- Buat daerah selang kepercayaan 95% (ellips) pada titik pusat dan setiap lokasi terluar.
- Genotipe-genotipe yang diklasifikasikan stabil adalah genotipe-genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ganda 95% pada titik pusat.
- Genotipe-genotipe yang spesifik lokasi adalah genotipe-genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ganda 95% pada masing-masing lokasi terluar.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Simulasi Pendugaan Data Hilang

Simulasi untuk pendugaan data hilang dilakukan dengan menggunakan data pada lokasi Sukabumi, Malangbong dan Sumedang. Pada persentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan dengan *connected data* memberikan rata-rata nilai MAPE sebesar 13.79%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 15%, dan 20% didapatkan rata-rata nilai MAPE berturut-turut sebesar 18.18%, 17.39% dan 21.36%. Setelah nilai dugaan diperbaiki dengan EM-AMMI, dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Pada persentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan memberikan rata-rata nilai

MAPE sebesar 15.73%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 15%, dan 20% didapatkan rata-rata nilai MAPE berturut-turut sebesar 17.33%, 17.29% dan 20.75%.

Pada kasus data hilang berupa nilai-nilai ekstrem, hasil pendugaan cenderung memiliki nilai MAPE yang lebih tinggi. Pendugaan dengan *connected data* terhadap 3 data ekstrem yang hilang menghasilkan rata-rata MAPE sebesar 25.31%, sedangkan pada pendugaan 5 data ekstrem menghasilkan rata-rata nilai MAPE sebesar 32.54%. Setelah nilai dugaan diperbaiki dengan EM-AMMI, dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Pendugaan terhadap 3 data ekstrem yang hilang menghasilkan rata-rata MAPE sebesar 25.72%, sedangkan pada pendugaan 5 data ekstrem menghasilkan rata-rata nilai MAPE sebesar 28.59%.

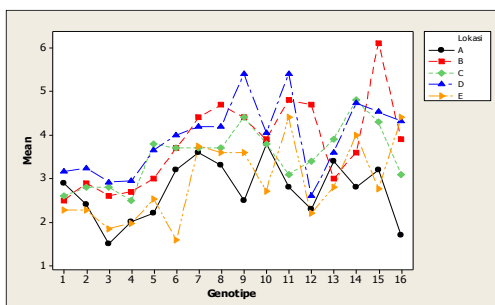
Pendugaan Data Hilang

Ada sebanyak 14 buah data hilang yang diduga dalam tulisan ini. Pendugaan nilai awal untuk model dengan *connected data* dapat dilihat pada ilustrasi berikut:

$$\begin{aligned}\hat{\mu}_{41} &= \hat{\mu}_4 + \hat{\tau}_1 \\ &= 2.572917 + 0.396445 \\ &= 2.969362\end{aligned}$$

Pendugaan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan menggunakan metode EM-AMMI. Nilai dugaan akhir didapatkan pada iterasi ke-2 dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya <0.00001. Data hasil pendugaan tersebut akan digunakan dalam analisis selanjutnya.

Plot Interaksi



Gambar 2 Plot interaksi genotipe dan lokasi

Gambar 2, memperlihatkan adanya interaksi antara faktor genotipe dan faktor lokasi, karena itu perlu dilakukan penelusuran terhadap sifat interaksi antara kedua faktor tersebut.

Analisis AMMI

Penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi diperoleh lima nilai singular yaitu: 3.1496, 2.7248, 1.8505, 1.4237, dan 0.0000. Berdasarkan lima nilai singular tersebut, komponen yang dapat

dipertimbangkan untuk model AMMI ada empat komponen.

Tabel 2. Kontribusi keragaman KUI

KUI Ke-	Nilai Singular	JK	Pro-porsi (%)	Kumu-latif (%)
1	3.15	9.92	43.52	43.52
2	2.72	7.42	32.57	76.09
3	1.85	3.42	15.02	91.11
4	1.42	2.03	8.89	100.00

Oleh karena data yang digunakan tidak memiliki ulangan, maka pengujian terhadap pengaruh utama dan pengaruh interaksinya tidak dapat dilakukan. Hal ini dikarenakan tidak adanya galat yang dapat digunakan untuk menguji apakah pengaruh-pengaruh tersebut nyata atau tidak. Untuk itu, tulisan ini akan lebih banyak membahas mengenai penguraian pengaruh interaksinya dalam bentuk biplot AMMI.

Berdasarkan Tabel 2, besar keragaman interaksi yang dapat diterangkan oleh KUI1, dan KUI2 adalah 76.09%.

Tabel 3. Analisis ragam AMMI2

Sumber	Db	JK	KT
Lokasi	4	18.38	4.60
Genotipe	15	29.09	1.94
Lok*gen	60	22.80	0.38
KUI1	18	9.92	0.55
KUI2	16	7.42	0.46
Sisaan	26	5.45	0.21
Total	79	70.27	

Dilihat dari tingkat kesesuaian model, model AMMI2 memberikan nilai RMS sisaan sebesar 0.26 % (7.82 % terhadap rata-rata umum). Hasil ini menunjukkan bahwa model AMMI2 cukup baik karena nilai RMS sisaannya relatif kecil. Model AMMI yang terbentuk adalah model AMMI2, sedangkan untuk KUI3 dan KUI4 dimasukkan ke dalam sisaan. Model AMMI2 ditulis sebagai berikut:

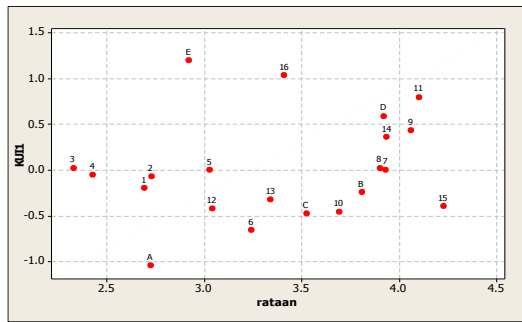
$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^2 \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn}$$

Interpretasi AMMI

Gambar 3 memperlihatkan bahwa genotipe 5 dan 7 memiliki nilai interaksi paling kecil karena nilai KUInya paling mendekati 0. Genotipe 7 dan 14 memiliki pengaruh utama (rata-rata) yang sama tetapi pengaruh interaksinya berbeda-beda karena terletak dalam satu garis vertikal tapi tidak pada garis horizontal.

Genotipe 3, 8, 9, 11, 14 dan 16 berinteraksi positif dengan lokasi E dan D, sedangkan genotipe 1, 2, 4, 5, 6, 7, 10, 12, 13, dan 15 berinteraksi positif dengan lingkungan A, B dan C. Interaksi positif antara genotipe dengan lokasi terjadi jika nilai KUI antara genotipe

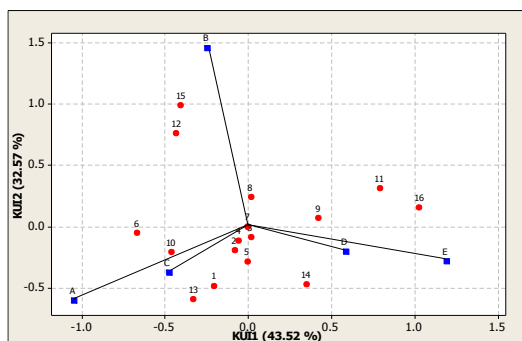
dengan lokasi memiliki tanda yang sama, sebaliknya jika tandanya berbeda maka terjadi interaksi negatif.



Gambar 3. Biplot AMMI1

Untuk menggambarkan struktur interaksi antara genotipe dan lingkungan dibuat biplot AMMI2 yaitu biplot antara skor KUI1 dengan KUI2.

Gambar 4 menunjukkan bahwa lokasi C dan D memiliki keragaman yang relatif kecil, dengan kata lain semua genotipe dapat tumbuh dengan baik pada kedua lokasi tersebut.



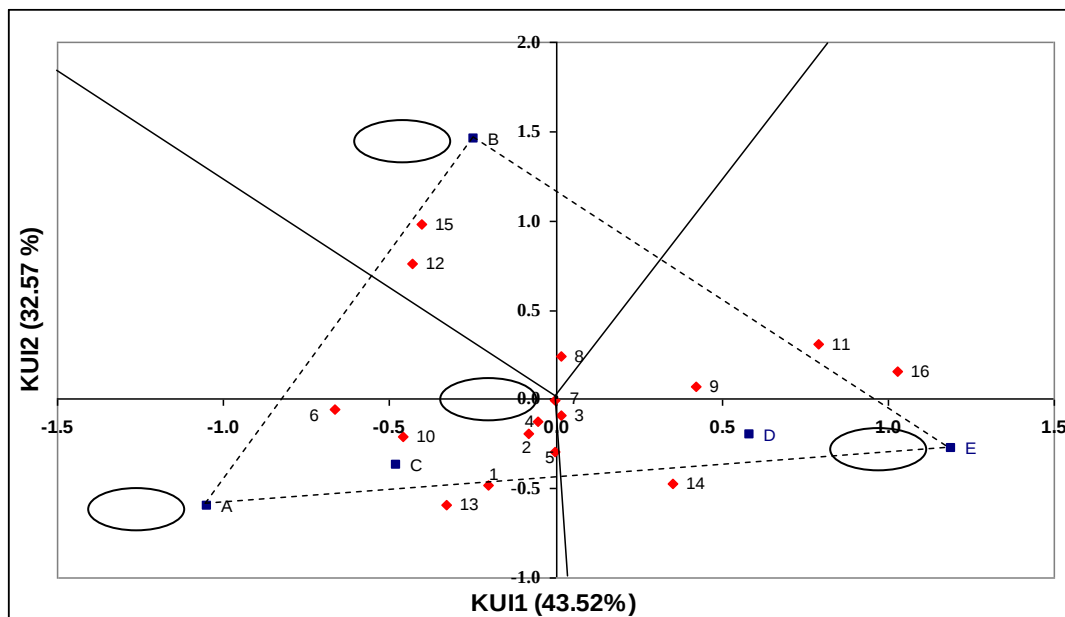
Gambar 4. Biplot AMMI2

Penentuan genotipe yang stabil dilakukan dengan menggunakan daerah kepercayaan normal ganda. Daerah ini berbentuk ellips karena hanya digunakan dua peubah. Genotipe yang berada di dalam ellips adalah genotipe yang stabil.

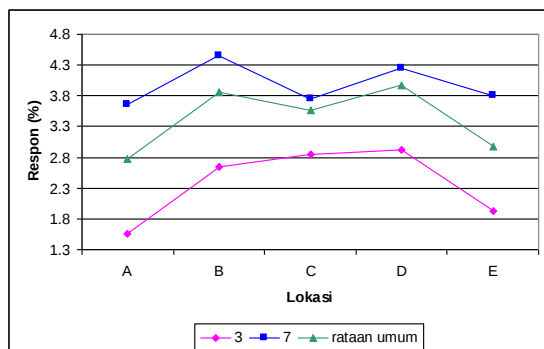
Perhitungan selang kepercayaan normal ganda pada taraf $\alpha = 0.05$ menghasilkan ellips dengan jari-jari panjang 0.1287 dan jari-jari pendek 0.1197.

Gambar 5 memperlihatkan ada dua genotipe yang berada di dalam ellips yaitu genotipe 3 dan 7 yang berarti genotipe-genotipe tersebut stabil. Kedua genotipe ini memiliki pola respon produksi minyak atsiri yang sejajar dengan pola rata-rata umum semua genotipe uji di setiap lokasi (lihat gambar 6). Sedangkan genotipe-genotipe lainnya berada di luar ellips sehingga dapat dikatakan tidak stabil, artinya memiliki keragaman antar lokasi yang relatif besar.

Berdasarkan Gambar 5, dengan memperhatikan poligon yang menghubungkan lokasi-lokasi dengan keragaman terbesar serta kuadran yang terbentuk dari sisi-sisi poligon yang tegak lurus dengan pusat, terdapat genotipe-genotipe yang spesifik pada lokasi tertentu yaitu genotipe 8, 12, 15 spesifik pada lokasi B; genotipe 9, 11, 14, 16 spesifik pada lokasi D dan E; dan genotipe 1, 2, 4, 5, 6, 10 dan 13 spesifik pada lokasi A dan C..



Gambar 5. Biplot AMMI2 dari segi genotipe



Gambar 6. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata umum respon semua genotipe uji

KESIMPULAN

Hasil simulasi pendugaan data hilang menyatakan bahwa pendugaan dengan *connected data* akan menghasilkan nilai MAPE yang lebih kecil jika pendugaan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan menggunakan algoritma EM-AMMI, untuk persentase data hilang antara 10% sampai 20%.

Nilai dugaan data hilang dengan menggunakan metode *connected data* dan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan dengan metode EM-AMMI pada penelitian ini didapat pada iterasi ke-2 dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya kurang dari 0.00001.

Pada penelitian ini produksi minyak atsiri diduga dengan model AMMI2. Besar keragaman interaksi yang dapat digambarkan oleh biplot antara KUI1 dan KUI2 adalah 76.1%.

Dilihat dari kestabilan genotipe, ada 2 genotipe yang stabil karena berada dalam selang kepercayaan normal ganda, yaitu genotipe 3 dan 7. Interaksi khas terjadi pada genotipe 8, 12, 15 yang cocok di tanam pada lokasi B; genotipe 9, 11, 14, 16 spesifik pada lokasi D dan E; dan genotipe 1, 2, 4, 5, 6, 10 dan 13 spesifik pada lokasi A dan C.

DAFTAR PUSTAKA

- Crossa, J. 1990. Statistical Analysis of Multilocation Trials. *Advances In Agronomy*. 44: 55-85.
- Johnson, R. A. and D.W. Winchurn. 2002. *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 5th ed. London: Prentice Hall International, Inc.
- Kang, M.S. 2002. Genotype-Environment Interaction: Progress and Prospects. Di dalam: Kang MS, Editor. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm. 221-243.
- Mattjik, A.A. 2000. Pendugaan Data Hilang dengan Algoritma EM-AMMI pada Percobaan Lokasi Ganda. *Forum Statistika dan Komputasi*, Vol. 5 No. 1.
- Mattjik, A.A., dan I.M. Sumertajaya. 2002. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab*. Bogor: IPB Press.
- Makridakis, S., S.C. Wheelwright, V.E. McGee. 1983. *Forecasting: Methods and Applications*. 2nd ed. Canada: John Wiley & Sons, Inc.
- Montgomery, D.C. 1991. *Design and Analysis of Experiments*. 3rd ed. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Searle, S.R. 1987. *Linear Models for Unbalance Data*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Yan, W., L.A. Hunt. 2002. Biplot Analysis of Multi-environment Trial Data. Di dalam: Kang MS, Editor. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm. 289-303.