

PENDUGAAN KESTABILAN GENOTIPE PADA MODEL AMMI MENGUNAKAN METODE RESAMPLING BOOTSTRAP (*Genotype Stability Estimation of AMMI Model by Bootstrap Resampling*)

Pepi Novianti¹⁾, Ahmad Ansori Mattjik²⁾, dan I Made Sumertajaya²⁾

¹⁾ Jurusan Matematika FMIPA Universitas Bengkulu

²⁾ Departemen Statistika FMIPA-Institut Pertanian Bogor

E-mail : ¹⁾ pie_novianti@yahoo.com

Abstract

Additive Main Effects Multiplicative Interaction (AMMI) is a widely known analysis used in understanding genotype and environment interaction (GEI) in plant breeding research. The interpretation of AMMI based on biplot visualizes the first two component of principle components analysis. Biplot of AMMI is only an exploration analysis and it does not provide the hypothesis testing, so it can conduct different interpretation by plant breeding researchers. The aim of this research is to find a systematic approach through bootstrap resampling method. Bootstrap resampling method in AMMI model produces confidence region of the first two interaction principle component (IPC_1 and IPC_2) for genotype and environment respectively. Bootstrap confidence region of IPC_1 and IPC_2 estimated the stability of genotype, thus making AMMI analysis more precise and reliable for characterization and selection of genetic environment.

Keywords: AMMI, genotype and environment interaction, bootstrap, biplot

PENDAHULUAN

Analisis yang banyak digunakan untuk mengkaji interaksi antara genotipe dan lingkungan dalam pemuliaan tanaman adalah analisis *Additive Main Effects Multiplicative Interaction* (AMMI). Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi (Mattjik & Sumertajaya 2006). Struktur interaksi pada model AMMI diuraikan dari matriks sisaan komponen aditif dengan memanfaatkan sifat matematis penguraian nilai singular (SVD). SVD merupakan pendekatan kuadrat terkecil dengan reduksi dimensi (pangkat matriks) data yang terbaik dan menyediakan penyajian secara grafis yang dikenal secara luas dengan nama Biplot.

Biplot AMMI merupakan alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari interaksi genotipe \times lingkungan (IGL) dalam model AMMI. Analisis ini bertujuan memvisualisasikan hubungan antara rata-rata, skor komponen utama interaksi pertama (KUI_1) dan komponen utama interaksi kedua (KUI_2) ke dalam grafik berdimensi dua. Grafik antara rata-rata dan KUI_1 disebut biplot $AMMI_1$, sedangkan grafik antar KUI_1 dan KUI_2 disebut biplot $AMMI_2$. Biplot AMMI hanyalah suatu analisis eksplorasi dan tidak menyediakan pengujian hipotesis. Skor KUI_1 dan KUI_2 yang

kecil menyatakan rendahnya keragaman respon pada suatu genotipe, sehingga genotipe tersebut dapat dikatakan stabil. Semakin besar keragaman suatu genotipe, maka semakin tidak stabil genotipe tersebut. Ukuran keragaman pada biplot $AMMI_2$ merupakan jarak relatif suatu genotipe terhadap titik pusat (0,0), sehingga dapat mengakibatkan perbedaan interpretasi dari gambar biplot.

Beberapa konsep kestabilan genotipe secara inferensia dalam pemuliaan tanaman telah diperkenalkan, diantaranya adalah pengujian subhipotesis oleh Yulianti (2009) dan Metode resampling bootstrap oleh Lavoranti *et al.* (2007). Pengujian subhipotesis digunakan untuk menguji sumbangan faktor genotipe pada pengaruh IGL, tetapi Pengujian subhipotesis AMMI dinilai kurang efisien dalam menentukan nilai statistik uji kemungkinan maksimum dan sensitif terhadap hasil pengelompokkan. Metode resampling bootstrap digunakan untuk menduga daerah kepercayaan dan indeks kestabilan berdasarkan pada pengaruh interaksi, sehingga selang kepercayaan dan yang diperoleh tidak mempertimbangkan pengaruh aditif model. Selain itu, konsep resampling yang digunakan mempengaruhi struktur genotipe dan lingkungan pada saat menghasilkan skor komponen utama interaksi.

Skor komponen utama interaksi merupakan hasil analisis komponen utama matriks IGL yang merupakan matriks sisaan pengaruh aditifnya,

sehingga akan lebih akurat jika pengaruh aditif juga dipertimbangkan untuk pendugaan daerah kepercayaan dan kestabilan suatu genotipe. Oleh karena itu akan digunakan metode resampling Bootstrap untuk menentukan daerah kepercayaan dan kestabilan pada model AMMI dengan melakukan proses resampling pada data respon. Penelitian ini bertujuan melakukan pendugaan skor komponen utama dan daerah kepercayaan interaksi 1 (KUI_1) dan komponen utama interaksi 2 (KUI_2), serta kestabilan genotipe.

TINJAUAN PUSTAKA

Additive Main Effect Multiplication Interaction (AMMI)

Additive Main Effect Multiplicative Interaction (AMMI) adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear. AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama dengan pemodelan bilinear pada pengaruh interaksi (Mattjik & Sumertajaya 2006).

Model aditif untuk a genotipe dan b lokasi pada model AMMI adalah:

$$Y_{ge} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{k=1}^m \sqrt{\lambda_k} \varphi_{gk} \rho_{ek} + \varepsilon_{ge}$$

dengan Y_{ge} adalah respon untuk genotipe ke- g pada lokasi ke- e , $g = 1, 2, \dots, a$, $e = 1, 2, \dots, b$, μ adalah rataan umum, α_g adalah pengaruh genotip ke- g , β_e adalah pengaruh lokasi ke- e , dan ε_{ge} adalah galat acak. Syarat untuk sifat multiplikatif interaksi harus memenuhi kendala $\lambda_1 > \dots > \lambda_m > 0$, $\sum_{k=1}^m \varphi_{gk} = \sum_{k=1}^m \rho_{ek} = 1$ dan $\sum_{g=1}^a \varphi_{gk} \varphi_{gk'} = \sum_{e=1}^b \rho_{ek} \rho_{ek'} = 0$, $k \neq k'$ (Cornelius 1993).

Pengaruh komponen aditif dianalisis menggunakan ANOVA untuk rancangan percobaan faktorial dengan dua faktor. Apabila interaksi antara GE berpengaruh nyata, maka dikatakan bahwa genotipe dan lingkungan berinteraksi. Interaksi antara genotipe dan lingkungan dapat diketahui dengan menggunakan penguraian nilai singular untuk matriks interaksi \mathbf{Z} .

Penguraian matriks \mathbf{Z} dilakukan dengan teknik SVD dan menggunakan konsep analisis komponen utama (AKU), sehingga analisis model AMMI dapat disajikan dalam grafik berdimensi dua atau disebut dengan biplot AMMI. Penguraian nilai singular untuk matriks pengaruh interaksi \mathbf{Z} adalah memodelkan matriks tersebut menjadi :

$$\mathbf{Z} = \mathbf{U}\mathbf{L}\mathbf{A}' = \mathbf{U}\mathbf{L}^{\alpha}\mathbf{L}^{1-\alpha}\mathbf{A}' = \mathbf{G}\mathbf{H}'$$

sehingga skor komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks \mathbf{G} sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks \mathbf{H} .

Pengaruh IGL digambarkan melalui Biplot AMMI₂. Kedekatan jarak antara genotipe dan

lingkungan dan besar sudut yang terbentuk dari kedua titik tersebut mencerminkan adanya interaksi yang khas di antara keduanya. Menurut Jaya (2008), indeks stabilitas genotipe ditentukan oleh skor KUI yang dihasilkan dari model AMMI₂, sehingga hanya menggunakan skor KUI_1 dan KUI_2 . Indeks tersebut didefinisikan sebagai berikut:

$$ISA = \sqrt{\left(\frac{\lambda_1^{1/2}}{\lambda_2^{1/2}} [SkorKUI1]\right)^2 + (SkorKUI2)^2}$$

Resampling Bootstrap

Bootstrap merupakan bagian dari metode untuk penarikan contoh berulang dari himpunan data asli sehingga disebut prosedur resampling. Ide pokok bootstrap resampling sederhana, namun dilakukan berulang-ulang sehingga rumit dalam hal perhitungan. Saat ini penerapan metode bootstrap banyak digunakan diberbagai disiplin ilmu dikarenakan semakin berkembangnya teknologi komputer (Chernick 2008).

Definisi formal untuk resampling bootstrap diilustrasikan sebagai berikut: Misalkan suatu vektor acak berdistribusi identik dan saling bebas (IID) dengan n sampel $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ dan penduga parameternya adalah $\hat{\theta} = s(x)$, prosedur untuk menduga ketepatan dari $\hat{\theta}$ diperoleh dari fungsi sebaran empiris \hat{F} . Secara empiris sebaran ini menyatakan peluang untuk masing-masing pengamatan dari vektor acak X_i adalah $1/n$, untuk $i = 1, 2, \dots, n$. Contoh bootstrap merupakan pengambilan contoh acak sebanyak n kali dari \hat{F} , yaitu $x^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$,

$$\hat{F} \rightarrow (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$$

x^* bukan suatu data asli, tetapi menyatakan data hasil resampling dari x .

Satu set himpunan data bootstrap memiliki satu nilai dugaan $\hat{\theta}$, yaitu

$$\hat{\theta}^* = s(x^*)$$

Nilai $s(x^*)$ merupakan hasil dari penggunaan fungsi yang sama dari $s(\cdot)$ pada x^* seperti yang digunakan pada x . Misalkan $s(x)$ merupakan rataan contoh $\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$, maka $s(x^*)$ adalah rataan contoh data bootstrap $\bar{x}^* = \frac{\sum_{i=1}^n x_i^*}{n}$. Penduga bootstrap $se_F(\hat{\theta})$ merupakan statistik galat baku dari $\hat{\theta}$, yaitu penduga yang menggunakan fungsi sebaran empiris \hat{F} dari distribusi F yang tak diketahui. Penduga bootstrap $se_F(\hat{\theta})$ dinotasikan dengan penduga bootstrap $se_{\hat{F}}(\hat{\theta}^*)$, yaitu penduga galat baku dari $\hat{\theta}$ untuk set data berukuran n yang diambil secara acak dari \hat{F} (Efron 1993).

Bootstrap tidak membutuhkan rumus analitik untuk pendugaan. Bootstrap dapat digunakan

selama masih terdapat metode komputasi untuk mendapatkan penduga. Hal ini berarti bahwa hanya dibutuhkan penggabungan perhitungan menggunakan iterasi untuk mendapatkan penduga parameter.

Circular Normal Distribution

Himpunan data yang merupakan hasil pengamatan berdasarkan suatu arah (*direction*) disebut data dengan petunjuk arah (*directional data*). Arah dalam ruang dimensi dua dapat dinyatakan sebagai ukuran sudut antara titik awal dan titik pengamatan. Titik pengamatan dianggap mengelilingi suatu lingkaran dengan titik pusat (0,0) dan dihubungkan oleh suatu vektor. Dikarenakan pengamatan digambarkan melingkar, maka arah dalam ruang dimensi dua disebut juga sebagai data lingkaran.

Data lingkaran (*circular data*) dinyatakan sebagai sudut atau posisi titik yang mengelilingi suatu lingkaran. Posisi titik terhadap pusat lingkaran diukur dengan menggunakan sifat sistem koordinat kartesius (X,Y) dengan titik pusat (0,0). Beberapa titik pengamatan p dapat dinyatakan sebagai koordinat segitiga sebagai (X,Y) atau sebagai (r,θ) dalam koordinat polar, dimana r merupakan jarak titik pusat ke titik pengamatan dan θ merupakan arah perpindahan (Jammalamadaka & SenGupta 1963). Hubungan koordinat kartesius (X,Y) dan koordinat polar (r,θ) dapat dinyatakan dalam persamaan berikut:

$$\begin{aligned} x &= r \cos \theta \\ y &= r \sin \theta \end{aligned}$$

Bentuk umum fungsi kepekatan peluang dari suatu distribusi normal peubah ganda adalah:

$$\begin{aligned} f(x,y) &= \frac{1}{2\pi\sigma_x\sigma_y\sqrt{1-\rho^2}} \exp \\ &\quad - \frac{1}{2(1-\rho^2)} \left[\left(\frac{x-\bar{x}}{\sigma_x} \right)^2 \right. \\ &\quad \left. - 2\rho \left(\frac{x-\bar{x}}{\sigma_x} \right) \left(\frac{y-\bar{y}}{\sigma_y} \right) + \left(\frac{y-\bar{y}}{\sigma_y} \right)^2 \right] \end{aligned}$$

untuk $-\infty < x < \infty$ dan $-\infty < y < \infty$ dimana $-1 < \rho < 1$ adalah koefisien korelasi antara x dan y, $\sigma_x > 0$ adalah simpangan baku dari x dan $\sigma_y > 0$ adalah simpangan baku dari y. Suatu kasus khusus pada *Circular Normal Distribution*, yaitu $\sigma_x = \sigma_y = \sigma$ dan $\rho = 0$, maka fungsi kepekatan peluangnya adalah:

$$f(x,y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{1}{2} \left[\left(\frac{x-\mu_x}{\sigma} \right)^2 + \left(\frac{y-\mu_y}{\sigma} \right)^2 \right]}$$

untuk $-\infty < x < \infty$ dan $-\infty < y < \infty$ Misalkan (x,y) adalah posisi titik pada ruang dimensi dua dengan titik pusat $(\mu_x, \mu_y) = (0,0)$, maka fungsi kepekatan peluang $f(x,y)$ dapat diubah ke bentuk sistem koordinat

polar (r,θ) dengan titik pusat $(x_0, y_0) = (0,0)$. Oleh karena itu, (x,y) mempunyai koordinat polar

$$r = \sqrt{x^2 + y^2}$$

dan

$$\theta = \tan^{-1} \left(\frac{y}{x} \right)$$

sehingga fungsi kepekatan peluang $f(x,y)$ menjadi:

$$f(r) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{1}{2} \left(\frac{r}{\sigma} \right)^2} \text{ untuk } -\infty < r < \infty$$

θ tidak mempengaruhi kepekatan peluang karena $f(x,y)$ hanya tergantung pada jarak titik (x,y) dari titik pusat (0,0) (Matthews 2000).

METODOLOGI PENELITIAN

Data

Penelitian ini menggunakan data sekunder yang diperoleh dari hasil penelitian Konsorsium Padi Nasional Tahun 2008, yaitu penelitian interaksi antara genotipe dengan lingkungan pada galur harapan padi sawah. Respon yg diukur adalah hasil produksi padi (Ton/Ha) dari 14 galur padi yang ditanam di 20 lingkungan. Galur padi pada penelitian ini diberi lambang $G_g, g = 1,2, \dots, 14$ dan lingkungan diberi lambang $L_e, e = 1,2, \dots, 20$. Adapun desain rancangan yang digunakan dalam penelitian tersebut adalah Rancangan Acak Kelompok Lengkap.

Metode

Penelitian terdiri dari 2 tahapan analisis data. Pada tahapan 1 adalah melakukan analisis AMMI yang mencakup analisis ragam, penguraian SVD, pembuatan biplot dan selang kepercayaan ellips serta pemilihan genotipe stabil. Selanjutnya pada tahapan 2 melakukan analisis AMMI menggunakan metode resampling bootstrap. Langkah analisisnya sebagai berikut:

1. Dari 3 ulangan hasil pengamatan padi setiap galur di setiap lingkungan diambil 3 sampel secara acak dan dengan pemulihan, kemudian dirata-ratakan dan diperoleh \bar{Y}_{ge}^* ; $g = 1,2, \dots, a$ dan $e = 1,2, \dots, b$.
2. Data contoh yang diperoleh dari langkah 1 dianalisis menggunakan model AMMI untuk menduga parameter komponen aditif dan matriks interaksi, sehingga diperoleh skor KUI. Dua skor KUI terbesar, KUI_1 dan KUI_2 ditentukan untuk setiap genotipe ($\theta_g^* = [KUI_{1g}^*, KUI_{2g}^*]$) dan lingkungan ($\theta_e^* = [KUI_{1e}^*, KUI_{2e}^*]$).
3. Langkah 1 dan 2 dilakukan sebanyak $B^* = 1000$ kali sehingga diperoleh θ_{gl}^* dan θ_{el}^* ; $l = 1,2, \dots, B^*$. Setiap elemen θ^* digambarkan pada grafik dimensi dua dan dihitung jarak r^* dari titik pusat (0,0).

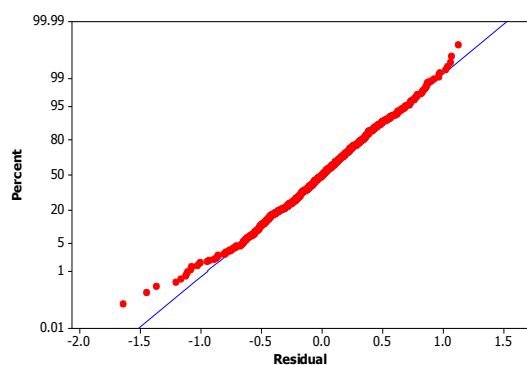
- $$r_i^* = \sqrt{(KUI_{1i}^*)^2 + (KUI_{2i}^*)^2}, i = 1, 2, \dots, B^*$$
4. Dari 1000 jarak r^* dihitung batas atas (r_{luar}^*) dan batas bawah (r_{dalam}^*) selang kepercayaan $\alpha\%$

$$r_{luar}^* = \bar{r}^* + z_{\alpha/2} \sigma_r \text{ dan}$$

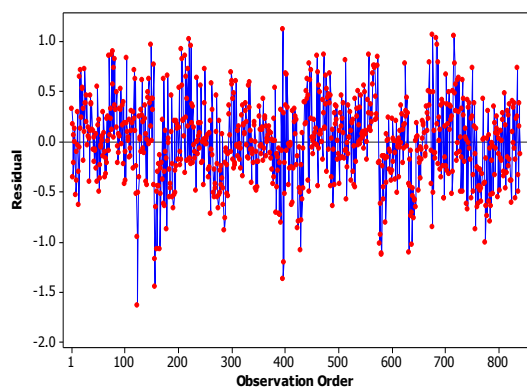
$$r_{dalam}^* = \bar{r}^* - z_{\alpha/2} \sigma_r$$
 5. Dugaan skor KUI_1^* dan KUI_2^* masing-masing genotipe diplotkan ke dalam grafik dua dimensi. Pada grafik pencarian di buat dua lingkaran, yaitu lingkaran luar dan lingkaran dalam. Lingkaran luar merupakan lingkaran dengan jari-jari sebesar batas atas r^* dan lingkaran dalam merupakan lingkaran dengan jari-jari sebesar batas bawah r^* .

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil pengujian asumsi analisis ragam terhadap data menunjukkan bahwa kenormalan dan kehomogenan galat terpenuhi. Gambar 1(a) menampilkan peluang sebaran galat membentuk pola titik-titik yang relatif linier dan tidak mengindikasikan adanya penyimpangan asumsi kenormalan. Kehomogenan ragam galat terlihat pada Gambar 1(b) yang menunjukkan sebaran galat berada disekitar garis 0 dan tidak membentuk suatu pola tertentu.



(a)



(b)

Gambar 1 Peluang kenormalan galat (a) dan Sebaran galat terhadap urutan pengamatan (b).

Analisis ragam dilakukan berdasarkan rancangan faktorial dengan pengelompokan. Hasil analisis ragam pada Tabel 1 menunjukkan tidak adanya pengaruh kelompok pada hasil padi dengan nilai $-p > 5\%$. Pengaruh genotipe dan lingkungan berbeda nyata dengan $\alpha < 0,000$ yang berarti bahwa paling sedikit pada lingkungan yang sama ada satu genotipe tanaman padi yang memberikan hasil yang berbeda dengan genotipe lain dan secara umum lingkungan mempengaruhi daya hasil tanaman padi. Pengaruh lokasi memberikan sumbangan terbesar dan pengaruh genotipe memberikan sumbangan terkecil yang berarti bahwa tingkat daya hasil tanaman padi sangat bergantung pada lingkungan tempat jenis genotipe ditanam selain genotipe itu sendiri.

Pengaruh interaksi berbeda nyata pada $\alpha < 0,000$, sehingga faktor genotipe dan lingkungan dikatakan berinteraksi. Faktor genotipe dan lingkungan berinteraksi apabila pengaruh faktor genotipe berubah pada saat perubahan faktor lingkungan dan begitu pula sebaliknya. Pengaruh interaksi yang nyata mengakibatkan perlu dilakukannya analisis AMMI untuk mengetahui interaksi antara genotipe dan lingkungan serta kestabilan dari suatu genotipe.

Tabel 1 Analisis ragam hasil produksi padi

Sumber Keragaman	db	JK	KT	F	p-value
Kelompok	2	0,71	0,35	1,42	0,239
Genotipe	13	102,59	7,89	31,46	<0,000
Lokasi	19	1541,17	81,11	323,41	<0,000
Interaksi	247	200,90	0,81	3,24	<0,000
Galat	558	139,94	0,25		
Total	839	1984,63			

Kestabilan Genotipe pada Model Ammi

Interaksi genotipe \times lingkungan merupakan keragaman yang disebabkan oleh efek gabungan dari genotipe dan lingkungan (Dickerson 1962 dalam Kang 2002). Interaksi genotipe \times lingkungan berakibat adanya perbedaan rata-rata hasil panen tanaman padi dari genotipe yang ditanam pada lingkungan yang berbeda. Interaksi genotipe \times lingkungan berhubungan dengan daya adaptasi dan kestabilan dari suatu genotipe. Genotipe yang berinteraksi dengan lingkungan kurang memiliki daya adaptasi terhadap lingkungan dan dikatakan cenderung tidak stabil, sedangkan genotipe yang tidak berinteraksi dengan lingkungan memiliki daya adaptasi yang tinggi dan dikatakan cenderung stabil. Interaksi genotipe \times lingkungan dapat diuraikan menjadi komponen utama interaksi dan kestabilan genotipe dapat dilihat dari keragaman komponen utamanya.

Penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi dari data hasil genotipe padi terlihat pada Tabel 2. Nilai singular memperlihatkan bahwa

banyaknya komponen yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah komponen ke-1 sampai komponen ke-13, namun hanya 7 komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata terhadap model. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh sembilan komponen adalah 23.11%, 21.34%, 17.50%, 9.92%, 7.48%, 6.04% dan 4.32%.

Tabel 2 Hasil penguraian bilinear matriks pengaruh interaksi

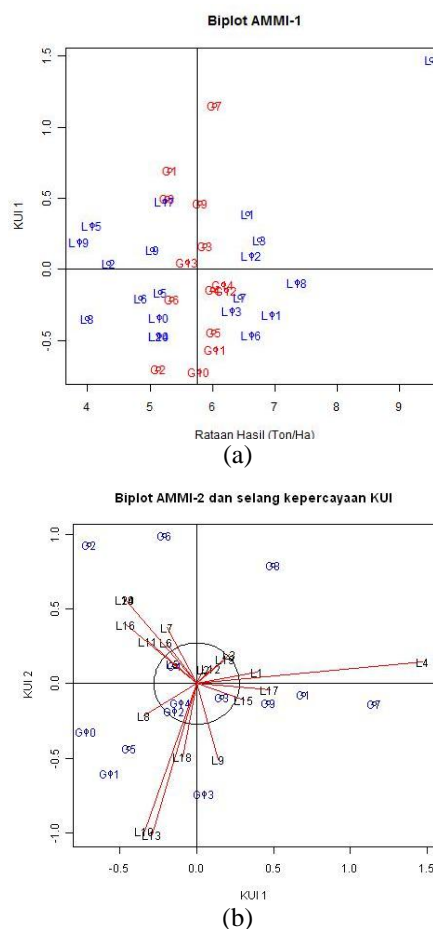
KUI	JK	p-value	Akar ciri	Kontribusi Keragaman
KUI_1	46.43	< 0.00	3.93	23.11%
KUI_2	42.99	< 0.00	3.78	21.34%
KUI_3	35.16	< 0.00	3.42	17.50%
KUI_4	19.94	< 0.00	2.57	9.92%
KUI_5	15.02	< 0.00	2.23	7.48%
KUI_6	12.14	0.00	2.01	6.04%
KUI_7	8.67	0.01	1.70	4.32%
KUI_8	6.38	0.09	1.45	3.18%
KUI_9	5.65	0.10	1.37	2.81%
KUI_{10}	3.97	0.26	1.15	1.98%
KUI_{11}	2.34	0.59	0.88	1.17%
KUI_{12}	1.68	0.66	0.75	0.84%
KUI_{13}	0.48	0.96	0.40	0.22%
KUI_{14}	0.00	1.00	0.00	0%

Biplot antara KUI_1 dengan rata-rata hasil sebagai biplot $AMMI_1$ merupakan tampilan grafis yang meringkas informasi pengaruh utama genotipe dan lingkungan yaitu pada sumbu rata-rata dan pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan pada sumbu KUI_1 . Genotipe yang letaknya satu titik pada sumbu datar berarti mempunyai pengaruh utama yang sama dan jika terletak pada satu titik pada sumbu utama tegak berarti mempunyai pengaruh interaksi yang sama (Sumertajaya 2005).

Biplot $AMMI_1$ ditunjukkan pada Gambar 2(a). Biplot $AMMI_1$ memperlihatkan bahwa G2 memiliki rata-rata hasil padi yang paling rendah dan G12 memiliki rata-rata hasil yang paling tinggi. G1, G6 dan G8 mempunyai rata-rata hasil panen yang sama, namun mempunyai interaksi berbeda pada L9. G4, G12 dan G14 mempunyai rata-rata hasil dan keragaman KUI_1 yang sama.

Gambar 2(b) merupakan biplot $AMMI_2$ dengan daerah kestabilan elipsnya. Hasil plot ini dapat menggambarkan keragaman interaksi sebesar 44.45%, masing-masing 23.11% untuk KUI_1 dan 21.34% untuk KUI_2 . Berdasarkan selang kepercayaan komponen utama interaksinya, genotipe yang dikategorikan stabil adalah G3, G4, G12 dan G14. Genotipe yang paling tidak stabil adalah G2 dan G7 dengan keragaman yang paling besar. G6, G8, G13, G11 dan G10 memiliki keragaman yang relatif besar, sehingga dapat dikategorikan bahwa genotipe tersebut tidak

stabil. Lingkungan yang memiliki keragaman paling besar adalah L4, L10 dan L13.



Gambar 2 Biplot $AMMI_1$ (plot KUI_1 terhadap rata-rata hasil padi) (a) dan Biplot $AMMI_2$ (Plot KUI_1 terhadap KUI_2).

Indeks kestabilan AMMI data set 2 dapat dilihat pada Tabel 3. ISA terkecil dimiliki oleh G14 diikuti oleh G3, G4 dan G12. Ini berarti bahwa keempat genotipe tersebut memiliki ragam paling kecil. G7, G2, G6 dan G8 merupakan genotipe dengan nilai ISA terbesar, sehingga keragaman hasil padi dari genotipe tersebut juga besar.

Kestabilan Genotipe pada Model AMMI dengan Metode Resampling Bootstrap

Biplot antara KUI_1 dan KUI_2 untuk melihat kestabilan genotipe pada model AMMI hanya berupa suatu titik dari setiap genotipe yang menyatakan keragaman dari genotipe tersebut. Pengklasifikasian genotipe stabil yang berdasarkan satu titik dapat menimbulkan keragu-raguan bagi peneliti. Oleh karena itu dapat dilakukan pendekatan metode resampling bootstrap untuk meningkatkan keyakinan dalam menentukan kestabilan suatu genotipe.

Tabel 3 Indeks kestabilan AMMI genotipe padi

Genotipe	ISA	Rank
G1	0,7162	7
G2	1,1732	13
G3	0,1901	2
G4	0,1905	3
G5	0,6261	6
G6	1,0138	12
G7	1,1845	14
G8	0,9411	11
G9	0,4901	5
G10	0,8014	9
G11	0,8329	10
G12	0,2335	4
G13	0,7383	8
G14	0,1688	1

Untuk memperoleh keragaman dari skor KUI_1 dan KUI_2 dilakukan simulasi data hasil ulangan untuk memperoleh matriks interaksi. Simulasi dilakukan dengan metode resampling bootstrap. Resampling bootstrap dilakukan pada data asli, yaitu dengan cara mengambil 3 data baru dari 3 data ulangan dengan pemulihan untuk setiap genotipe di setiap lingkungan. Untuk setiap genotipe di setiap lingkungan terdapat $3^3 = 27$ kombinasi data yang mungkin terjadi. Dari 14 genotipe di 20 lingkungan dengan 3 kali ulangan diperoleh $27^{14 \times 20}$ kombinasi.

Resampling bootstrap dilakukan dengan iterasi sebanyak 1000 kali. Di setiap iterasi diperoleh skor KUI_1^* dan KUI_2^* dari kombinasi data baru yang terbentuk. Setiap titik skor KUI_1^* dan KUI_2^* dihitung jarak relatif r^* terhadap titik pusat (0,0) dan selang kepercayaannya.

Komponen utama yang dihasilkan pada analisis komponen utama saling ortogonal dan saling bebas, artinya koefisien-koefisiennya bersifat ortogonal dan skor komponennya tidak saling berkorelasi (Jolliffe 2002). Sifat kebebasan dari skor komponen dapat memenuhi asumsi $\rho = 0$, sedangkan untuk kesamaan ragam komponen utama interaksi dilakukan pengujian kesamaan dua ragam populasi. Hasil ragam skor KUI_1^* dan KUI_2^* serta korelasinya disajikan pada Tabel 4.

Pengujian kesamaan ragam antara KUI_1^* dan KUI_2^* menyatakan bahwa ragam KUI_1^* dan ragam KUI_2^* sama. Skor KUI_1^* dan KUI_2^* hasil resampling diasumsikan memiliki distribusi normal, sehingga

$$f(KUI_1^*, KUI_2^*) = \frac{1}{2\pi\sigma_{KUI_1^*}\sigma_{KUI_2^*}\sqrt{1-\rho^2}} \exp\left[-\frac{1}{2(1-\rho^2)}\left[\left(\frac{KUI_1^* - \overline{KUI_1^*}}{\sigma_{KUI_1^*}}\right)^2 - 2\rho\left(\frac{KUI_1^* - \overline{KUI_1^*}}{\sigma_{KUI_1^*}}\right)\right]\right]$$

$$\left[\left(\frac{KUI_2^* - \overline{KUI_2^*}}{\sigma_{KUI_2^*}}\right) + \left(\frac{KUI_2^* - \overline{KUI_2^*}}{\sigma_{KUI_2^*}}\right)^2\right]$$

Untuk $-\infty < KUI_1^* < \infty$ dan $-\infty < KUI_2^* < \infty$ karena $\sigma_{KUI_1^*}^2 = \sigma_{KUI_2^*}^2$ dan $\rho = 0$, maka

$$f(r^*) = \frac{1}{2\pi\sigma_{KUI_1^*}^2} e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{r^*}{\sigma_{KUI_1^*}}\right)^2} \text{ untuk } -\infty < r^* < \infty$$

dimana $r_i^* = \sqrt{(KUI_{1i}^*)^2 + (KUI_{2i}^*)^2}$. Selang kepercayaan untuk r_i^* adalah

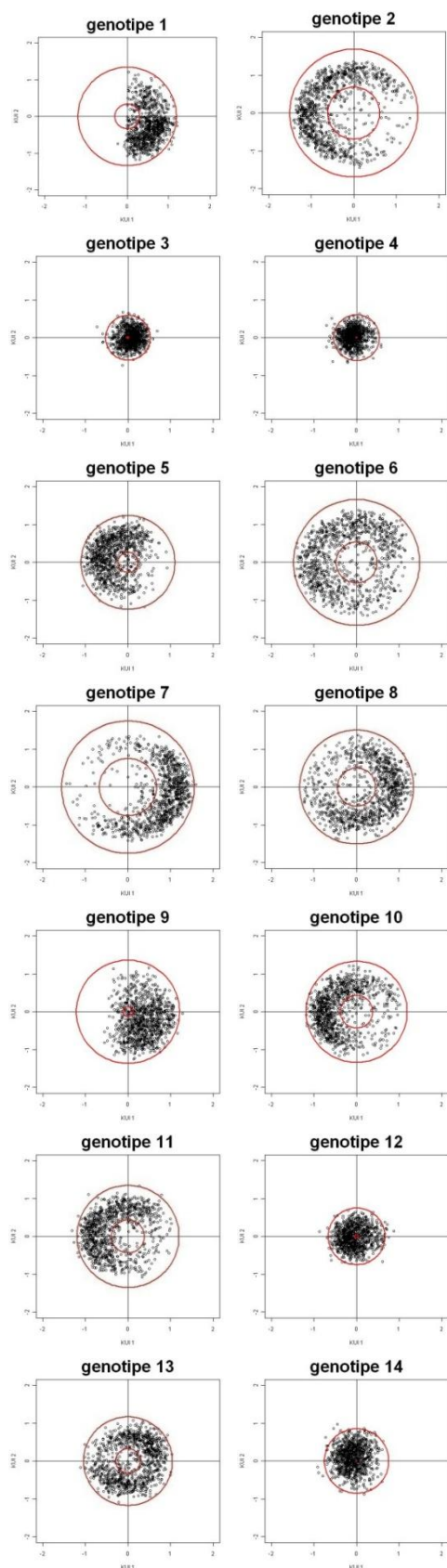
$$r^* = \bar{r}^* \pm z\alpha/2\sigma_r$$

Dengan menggunakan batas atas r^* sebagai jari-jari lingkaran luar dan batas bawah r^* sebagai jari-jari lingkaran dalam diperoleh daerah kepercayaan KUI_1^* dan KUI_2^* seperti pada Gambar 3.

Tabel 4 Ragam peragam dan korelasi skor KUI_1^* dan KUI_2^*

Genotipe	σ_{KUI1}	σ_{KUI2}	$\sigma_{KUI1,KUI2}$	korelasi
G1	0.0740	0.2197	0.0148	0.1162
G2	0.3711	0.5421	0.1012	0.2257
G3	0.0340	0.0466	0.0041	0.1019
G4	0.0385	0.0481	0.0025	0.0596
G5	0.1504	0.2341	0.0266	0.1417
G6	0.4272	0.5222	0.0825	0.1746
G7	0.3313	0.4570	0.1002	0.2574
G8	0.3496	0.4074	0.0776	0.2056
G9	0.1215	0.2231	-0.0003	-0.0019
G10	0.2391	0.2934	0.0647	0.2443
G11	0.2474	0.2826	0.0583	0.2203
G12	0.0803	0.0801	0.0063	0.0788
G13	0.1965	0.2591	0.0515	0.2284
G14	0.0657	0.0981	0.0058	0.0722

Dari Gambar 3 terlihat pencaran skor KUI_1^* dan KUI_2^* berada di antara lingkaran luar dan lingkaran dalam. Semakin besar skor KUI_1^* dan KUI_2^* suatu genotipe, maka semakin besar lingkarannya. Hal ini mengindikasikan semakin tidak stabilnya genotipe tersebut. Tiga genotipe yang paling tidak stabil pada penelitian ini adalah G2, G6 dan G7. ISA dari ketiga genotipe tersebut juga berada pada 3 urutan terakhir, yaitu urutan ke-13, 12 dan 14.



Gambar 3 Daerah kepercayaan 95% skor KUI_1^* dan KUI_2^* genotipe padi menggunakan metode resampling bootstrap.

Genotipe yang stabil diperlihatkan pada G3, G4, G12 dan G14, dimana pencaran KUI_1^* dan KUI_2^* memiliki lingkaran luar terkecil dan lingkaran dalam mendekati titik pusat (0,0). Pada plot G3, G4, G12 dan G14 skor KUI_1^* dan KUI_2^* cenderung mengumpul dan mempunyai rata-rata di sekitar titik pusat (0,0). G3 dan G4 relatif lebih stabil dibandingkan G12 dan G14, hal ini terlihat dari ukuran lingkaran luar G12 dan G14 yang lebih besar dari ukuran luar lingkaran G3 dan G4. Dilihat dari ISA AMMI, genotipe yang paling stabil adalah G14 dengan nilai indeks terkecil, tetapi hasil resampling bootstrap G14 memiliki keragaman yang lebih besar dibandingkan dengan G3, G4 dan G12. Besarnya keragaman skor inilah yang mengakibatkan besarnya batas atas jarak r^* untuk G14. Rata-rata jarak r^* serta batas atas dan batas bawahnya dapat disajikan pada Tabel 5.

Tabel 5 Daerah kepercayaan lingkaran skor KUI_1^* dan KUI_2^* genotipe padi

Geno tipe	Rataan	Simpangan Baku	Batas Atas	Batas Bawah
G1	0,7503	0,2221	1,1855	0,3150
G2	1,0513	0,2325	1,5070	0,5956
G3	0,2678	0,1315	0,5255	0,0100
G4	0,2748	0,1314	0,5323	0,0173
G5	0,6840	0,2217	1,1185	0,2495
G6	0,9709	0,2569	1,4743	0,4675
G7	1,1252	0,2203	1,5571	0,6934
G8	0,8887	0,2142	1,3085	0,4689
G9	0,6495	0,2822	1,2026	0,0964
G10	0,7916	0,2013	1,1862	0,3971
G11	0,7980	0,2189	1,2270	0,3690
G12	0,3549	0,1722	0,6925	0,0172
G13	0,6686	0,1984	1,0576	0,2796
G14	0,3695	0,1821	0,7266	0,0124

KESIMPULAN

Daerah kepercayaan rata-rata skor KUI_1^* dan KUI_2^* untuk metode resampling bootstrap dipengaruhi dan sangat sensitif terhadap posisi titik skor KUI_1 dan KUI_2 , sehingga jarak posisi skor KUI_1^* dan KUI_2^* akan lebih baik digunakan untuk menentukan kestabilan genotipe dibandingkan dengan menggunakan daerah kepercayaan skor KUI_1^* dan KUI_2^* . Analisis AMMI menggunakan resampling bootstrap cocok untuk mendeteksi kestabilan pada percobaan multilokasi apabila ragam genotipe pada biplot kecil.

Hasil kestabilan analisis AMMI menggunakan resampling bootstrap pada penelitian ini hampir sama dengan hasil kestabilan analisis AMMI biasa, yaitu G3 (B10531E-KN-14-3-0-L-R-B376-1), G4 (OBS 1735/PSJ), G12 (CIHERANG) dan G14 (CIMELATI).

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Direktorat Pendidikan Tinggi yang mendanai Hibah Penelitian Pascasarjana “Pengembangan Model Aditif untuk Seleksi Daya Adaptasi Tanaman” No.1/13.24.4/SPK/PD/2010.

DAFTAR PUSTAKA

- Chernick MR. 2008. *Bootstrap Methods: A Guide for Practitioners and Researches*, 2nd ed. New Jersey: John Wiley & Son, Inc.
- Efron B, Tibshirani R. 1993. *An Introduction to the Bootstrap*. New York: Chapman & Hall.
- Jammalamadaka SR, SenGupta A. 1963. *Topics in Circular Statistics (Series on multivariate analysis ; vol. 5)*. Singapore: World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd.
- Jaya IGNM. 2008. Analisis Interaksi Genotipe x Lingkungan Menggunakan Model Persamaan Struktural [tesis]. Bogor: Sekolah Pasca Sarjana. Institut Pertanian Bogor.
- Kang MS. 2002. Genotipe-Environment Interaction: Progress and Prospects. Di dalam : Kang MS, editor. *Quantitative Genetics, Genomic and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm .221-243.
- Lavoranti OJ, Dias CTS, Kraznowski, WJ.. 2007. Phenotypic stability via AMMI model with Bootstrap re-sampling. *Boletim de Pesquisa Florestal*. 2:45-52. http://www.lce.esalq.usp.br/tadeu/Osmir_Tadeu_Wojtek.pdf [5 februari 2010].
- Mathews P. 2000. The Circular Normal Distribution. Ohio: Mathew Malnar and Bailey, Inc. <http://www.mmbstatistical.com/ToT/distofr.pdf>. [18 Mei 2010].
- Mattjik AA, Sumertajaya IM. 2006. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab Jilid I. Edisi 2*. Bogor: IPB Press.
- Sumertajaya IM. 2005. Kajian Pengaruh Inter Blok dan Interaksi Pada Uji Lokasi Ganda Dan Respon Ganda [disertasi]. Bogor: Sekolah Pasca Sarjana. Institut Pertanian Bogor.
- Yuliyanti R. 2009. Identifikasi genotipe yang memberikan kontribusi terhadap interaksi genotipe x lingkungan pada model AMMI [stesis]. Bogor: Sekolah Pasca Sarjana. Institut Pertanian Bogor.