

ANALISIS DATA PERCOBAAN LOKASI GANDA (DATA PERCOBAAN TIGA VARIETAS KENTANG PADA EMPAT LOKASI) DENGAN METODE AMMI (ADDITIVE MAIN EFFECTS AND MULTIPLICATIVE INTERACTION)

Sri Indra Maiyanti

Abstrak : Percobaan lokasi ganda sangat berperan dalam seleksi genotip yang bertujuan untuk mendapatkan genotip yang berproduksi tinggi dan stabil pada lingkungan tertentu. Faktor-faktor yang diujikan adalah faktor genotip/varietas tanaman dan lingkungan atau lokasi. Metode AMMI merupakan gabungan dari ANOVA (analisis ragam) pada pengaruh aditif dan analisis komponen utama (AKU) pada pengaruh interaksi. Metode AMMI baik digunakan jika pengaruh utama faktor dan pengaruh interaksi nyata pada uji ANOVA. Penelitian ini menganalisis data percobaan lokasi ganda dengan metode AMMI, yaitu data produksi tiga varietas kentang (V1, V2, V3) yang ditanam pada empat lokasi (L1, L2, L3 dan L4) yang berbeda. Hasil analisis menunjukkan pengaruh utama dan pengaruh interaksi yang nyata. Sedangkan penguraian matriks pengaruh interaksi diperoleh dua nilai singular yang tidak nol yang berarti ada dua komponen utama interaksi (KUI). Dari dua KUI yang ada, hanya komponen utama interaksi 1 (KUI-1) yang nyata, dengan demikian model yang cocok adalah model AMMI-1. Dari biplot AMMI-1 diperoleh kesimpulan bahwa pengaruh utama genotip dan lingkungan berbeda, pengaruh interaksi V1 dengan lokasi menghasilkan produksi kentang yang berbeda, sedangkan pengaruh interaksi genotip V2 dan V3 dengan lokasi memberikan pengaruh hasil kentang yang hampir sama. Interaksi lokasi dengan genotip memberikan hasil kentang yang berbeda.

Kata Kunci : Percobaan multilokasi, metode AMMI, Biplot.

Abstract : Multilocation experiments play a major role in the genotype selection. These are often used to determine the stability of genotypes and to find out which environment is the best location to adapt for each genotype that is the highest yielding in environment and to determine the pattern of response of genotypes across environment. Multilocation experiment is an experiment that include two factors that are genotype and environment. AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction) method is a statistical technique to analyze multilocation experiments. AMMI combine analysis of variance (ANOVA) for additive main effect and multivariate analysis of principal component (PCA) for non additive interaction effect or multiplicative effect. In this research, for example, used a multilocation experiment and analyzed with AMMI. Computer software programs, SAS, used for analyzing data from this and the results illustrated graphically in a plot that called biplot AMMI.

Key Word : Multilocation Experiment, AMMI Method, Biplot

PENDAHULUAN

Percobaan (*Experiment*) lokasi ganda sangat berperan dalam seleksi genotip yang bertujuan untuk mendapatkan genotip yang berproduksi tinggi dan stabil pada lingkungan tertentu. Faktor-faktor yang diujikan pada percobaan ini adalah faktor genotip/ varietas tanaman dan faktor lingkungan. Setiap genotip yang tumbuh pada lingkungan yang berbeda akan memberikan respon (daya hasil) yang berbeda. Perbedaan respon masing-masing genotip terhadap masing-masing lingkungan disebut sebagai interaksi genotip x lingkungan ($GEI = Genotif Environment Interaction$). Pengujian terhadap sejumlah genotip pada lingkungan berbeda dilakukan untuk mengetahui kestabilan suatu genotip atau mengidentifikasi genotip yang paling stabil pada lingkungan tertentu.

Gauch (1988) dalam Mattjik & Sumertajaya (2000) menyarankan penggunaan metode AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) untuk menguji daya hasil dari percobaan lokasi ganda tersebut. AMMI dapat digunakan untuk memperoleh gambaran yang lebih luas dari struktur data dan mampu mengakomodasi tujuan penelitian pada percobaan lokasi ganda, yaitu dapat dilihat pengaruh interaksi antara genotip dan lingkungan. Metode AMMI merupakan gabungan dari pengaruh aditif pada ANOVA (Analisis Ragam) dan pengaruh multiplikasi pada AKU (Analisis Komponen Utama).

Selanjutnya dalam penelitian ini akan digunakan metode AMMI untuk menganalisis data percobaan lokasi ganda. Selain itu, karena pengolahan data menggunakan metode AMMI ini belum tersedia dalam software statistik yang ada maka dibuatkan juga programnya dengan menggunakan SAS (*Statistical Analysis System*).

METODE AMMI

Metode AMMI adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor yang merupakan gabungan dari ANOVA pada pengaruh aditif dan AKU pada pengaruh interaksi. Faktor pertama pada percobaan lokasi ganda adalah genotip dan faktor kedua adalah lingkungan. Lingkungan atau sering disebut lokasi bisa berupa tempat, tahun, perlakuan agronomi (pemupukan, penyemprotan dan lain-lain atau kombinasinya).

Model linier untuk percobaan lokasi ganda dapat dituliskan sebagai berikut:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \tau_j + (\alpha\tau)_{ij} + \theta_{ij} \quad (1)$$

dimana y_{ij} = rata-rata respon (daya hasil) genotip ke- i dalam lingkungan ke- j . μ = rata-rata umum. α_i = pengaruh aditif genotip ke- i , $i=1, \dots, K$. τ_j = pengaruh aditif lingkungan ke- j , $j=1, \dots, N$. $(\alpha\tau)_{ij}$ = pengaruh interaksi genotip ke- i dan lingkungan ke- j . θ_{ij} = residual / error (galat) rata-rata genotip ke- i di lingkungan ke- j (Mattjik & Sumertajaya, 2000).

Pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear. Bentuk multiplikatif dari pengaruh interaksi genotip dengan

lingkungan diperoleh oleh AMMI dengan mengurainya menjadi komponen-komponen utama disebut komponen utama interaksi (KUI). Interaksi yang memungkinkan penyertaan secara sekuensial dimulai dari tidak adanya KUI sampai seluruh KUI masuk kedalam model. Interaksi pada persamaan (1) diuraikan menjadi:

$$(\alpha\tau)_{ij} = \sum_{s=1}^S \sqrt{\lambda_s} a_{is} t_{js} + \delta_{ij} \quad (2)$$

dengan S adalah banyaknya komponen utama interaksi (KUI) yang nyata pada taraf nyata tertentu, sehingga persamaan (1) dengan analisis AMMI menjadi:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \tau_j + \sum_{s=1}^S \sqrt{\lambda_s} a_{is} t_{js} + \delta_{ij} + \theta_{ij} \quad (3)$$

dengan $\sqrt{\lambda_s}$ = nilai singular untuk komponen bilinear ke- s , $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_s > 0$. a_{is} = pengaruh ganda genotip ke- i melalui komponen bilinear ke- s . t_{js} = pengaruh ganda lingkungan ke- j melalui komponen bilinear ke- s . δ_{ij} = galat pemodelan linear. θ_{ij} = residual (galat) rata-rata genotip ke- i di lingkungan ke- j . S = banyaknya KUI yang dipertahankan dalam model (Mattjik & Sumertajaya, 2000).

Galat δ_{ij} tersisa jika tidak semua sumbu KUI nyata, ada paling banyak $\min(K-1, N-1)$ sumbu. Model AMMI juga dinamakan berdasarkan banyaknya sumbu KUI yang nyata, misalnya AMMI-0, AMMI-1, ..., AMMI-S. AMMI-0 adalah model AMMI dimana tidak ada sumbu KUI yang nyata. AMMI-2 adalah model dengan 2 sumbu KUI yang nyata,

sedangkan AMMI-S adalah model AMMI penuh.

Pengaruh ganda genotip dan lingkungan pada interaksi diduga dengan menggunakan matriks pengaruh interaksi $Z_{ge} = \bar{y}_{ge.} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{.e.} + \bar{y}_{...}$, sehingga jumlah kuadrat interaksi, $JK(GE)$ dapat diturunkan sebagai berikut :

$$\begin{aligned} JK(GE) &= r \sum_{g,e} (Z_{ge})^2 \\ &= r \sum (\bar{y}_{ge.} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{.e.} + \bar{y}_{...})^2 \\ &= r \text{ teras } (Z'Z) \end{aligned}$$

dengan r adalah banyaknya ulangan, $\bar{y}_{ge.}$ adalah rata-rata respon tiap genotip x lingkungan, $\bar{y}_{g..}$ adalah rata-rata respon untuk genotip ke- g , $\bar{y}_{.e.}$ adalah rata-rata respon untuk lingkungan ke- e dan $\bar{y}_{...}$ adalah rata-rata seluruh respon.

Jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- n adalah akar ciri ke- n pada pemodelan bilinear tersebut, jika analisis ragam dilakukan terhadap data rata-rata tiap genotip x lingkungan. Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadrat komponen ke- n adalah banyak ulangan kali akar ciri ke- n ($r\lambda_n$). Pengujian masing-masing komponen utama interaksi ke- n dilakukan dengan membandingkan kuadrat tengah masing-masing komponen terhadap kuadrat tengah galat gabungan. Derajat bebas (db) untuk setiap komponen utama interaksi adalah $(a+b-1)-2n$.

Penguraian Nilai Singular (SVD = Singular Value Decomposition)

Penguraian nilai singular untuk matriks pengaruh interaksi Z sebagaimana dikemukakan oleh Greenacre (1984) dalam Siswadi (1999) adalah memodelkan matriks tersebut sebagai $Z=ULA'$, dengan Z adalah matriks data terpusat, berukuran $n \times p$, L adalah matriks diagonal yang berisi akar dari akar ciri positif bukan nol dari matriks $Z'Z$ atau $\text{Diag}(\sqrt{\lambda_n})$ berukuran $m \times m$, selanjutnya disebut nilai singular. A dan U adalah matriks ortonormal ($A'A=U'U=I_r$). Kolom-kolom matriks $A=\{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ adalah vektor-vektor ciri yang bersesuaian dengan akar-akar ciri matriks $Z'Z$. Sedangkan U adalah

$$U = Z A L^{-1} = \left\{ \frac{Za_1}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{Za_2}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{Za_n}{\sqrt{\lambda_n}} \right\}$$

Nilai Komponen AMMI

Secara Umum nilai komponen ke- n untuk genotip ke- g adalah $I_n^k \psi_{gn}$, sedangkan nilai komponen utama untuk lokasi ke- e adalah $I_n^{k-1} \rho_{en}$. Dengan mendefinisikan L^k ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal yang elemen-elemen diagonalnya adalah elemen-elemen matriks L dipangkatkan k , demikian juga dengan matriks L^{1-k} , dan $G=UL$ serta $H=AL^{1-k}$ maka penguraian tersebut dapat ditulis sebagai $Z=GH'$. Dengan demikian skor komponen untuk genotip adalah kolom-kolom matriks G sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks H . Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah $\frac{1}{2}$. Salah satu metode

yang dapat untuk menentukan banyaknya komponen yang digunakan yaitu *Postdictive Succes*. Penentuan banyaknya komponen yang digunakan adalah berdasarkan banyaknya komponen tersebut yang nyata pada uji F analisis ragam (Mattjik & Sumertajaya, 2000).

Biplot AMMI

Biplot membantu analisis AMMI dalam meringkas pola hubungan antar genotip, antar lingkungan, dan antar genotip dengan lingkungan. Suatu genotip dikatakan mempunyai daya adaptasi yang baik pada suatu lingkungan jika genotip tersebut memiliki rata-rata hasil yang tinggi dan nilai komponen utama interaksi genotip dan lingkungan bertanda sama. Biplot pada analisis AMMI berupa biplot AMMI-1 yaitu plot antara nilai rata-rata respon dengan nilai komponen utama pertama dan biplot AMMI-2 yaitu plot antara nilai komponen utama kedua dan komponen utama pertama disebut biplot AMMI-2.

Informasi tentang pengaruh utama genotip, lingkungan dan interaksi dapat diketahui melalui biplot AMMI-1. Pengaruh utama sama jika plot 2 titik genotip dan lingkungan terletak pada satu garis yang sejajar dengan sumbu tegak. Sedangkan pengaruh interaksi sama jika plot titik genotip dan lingkungan terletak pada garis sejajar sumbu datar.

Biplot AMMI-2 menggambarkan pengaruh interaksi antara genotip dan lingkungan. Titik-titik amatan yang mem-

punyai arah yang sama berarti titik-titik amatan tersebut berinteraksi positif (saling menunjang), sedangkan titik-titik yang berbeda arah menunjukkan bahwa titik-titik tersebut beinteraksi negatif. Dari biplot AMMI-2 dapat pula diperoleh gambaran adaptabilitas genotip, atau genotip yang beinteraksi khas dengan lokasi tertentu. Makin dekat jarak lokasi dengan genotip, atau makin kecil sudut diantara keduanya, maka makin kuat interaksinya.

METODE PENELITIAN

Data percobaan lokasi ganda yang digunakan dalam penelitian ini adalah data yang merupakan hasil percobaan dua faktor dalam rancangan acak lengkap atau rancangan acak lengkap faktorial. Data tersebut dapat juga dikatakan sebagai data dari percobaan lokasi ganda, dengan empat lokasi (lingkungan) dan tiga genotip (varietas kentang). Jadi faktor lingkungan adalah 4 lokasi yang berbeda, sedangkan faktor genotip adalah 3 genotip/varietas seperti terlihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Faktor Lingkungan dan Genotip yang diujikan.

Kode	Lingkungan	Kode	Genotip
L1	Lokasi 1	V1	Varietas 1
L2	Lokasi 2	V2	Varietas 2
L3	Lokasi 3	V3	Varietas 3
L4	Lokasi 4		

Langkah-langkah analisis AMMI dalam penelitian ini adalah:

- Menguji asumsi analisis ragam dari data yang digunakan dan memeriksa koefisien keragaman tiap lokasi (dengan SPSS)
- Jika asumsi terpenuhi dan koefisien keragaman tiap lokasi $< 25\%$, lakukan ANOVA gabungan untuk melihat apakah pengaruh interaksi. Jika interaksi nyata dilanjutkan analisis dengan metode AMMI. Jika interaksi tidak nyata cukup dengan ANOVA.
- Membuat program SAS untuk membentuk matriks pengaruh interaksi dan penguraian matriks pengaruh interaksi menjadi komponen-komponen utama interaksi.
- Membuat tabel ANOVA AMMI (menghitung JK interaksi, derajat bebas interaksi dan menentukan KUI-KUI yang nyata dengan metode *postdictive success*).
- Membuat biplot model AMMI yang diperoleh.
- Menginterpretasikan hasil analisis dan menarik kesimpulan

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil Analisis Ragam

Hasil pengujian asumsi menunjukkan bahwa data sudah memenuhi asumsi kenormalan dan asumsi kehomogenan ragam. Koefisien keragaman di tiap lokasi kurang dari 25% (Maiyanti, 2005), atau koefisien keragaman tersebut dapat ditolerir, sehingga semua lokasi dapat dianalisis

secara bersama-sama menggunakan analisis ragam gabungan.

Hasil analisis ragam gabungan dapat dilihat pada tabel 2. Dari tabel 2 dapat dilihat bahwa nilai p-value untuk lokasi dan genotip (varietas) lebih kecil dari 5% sehingga dapat disimpulkan bahwa pengaruh lokasi dan genotip nyata. Begitu juga dengan pengaruh interaksi lokasi x genotip nyata pada taraf 5%. Pengaruh interaksi genotip dan lokasi yang nyata dapat diartikan bahwa jenis genotip tertentu akan tumbuh baik pada lokasi tertentu tetapi tidak begitu halnya jika ditanam pada lokasi yang lain. Jika dilihat dari sumbangan keragaman yang diberikan oleh masing-masing pengaruh terlihat pengaruh lokasi merupakan penyumbang keragaman terbesar, kemudian disusul oleh interaksi genotip dan lokasi, sedangkan genotip memberikan sumbangan keragaman terkecil. Dengan demikian, tingkat atau daya hasil produksi kentang akan sangat tergantung pada kondisi lokasi dimana kentang tersebut ditanam, juga ditentukan oleh jenis genotip apa yang ditanam.

Tabel 2. Analisis Ragam gabungan daya hasil varietas kentang.

Sumber keragaman	db	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F	Sig.
Lokasi	3	1277.55	425.852	67.8	.000
Varietas	2	76.17	38.083	6.06	.007
Interaksi (L*V)	6	105.61	17.602	2.80	.033
Galat	24	150.67	6.278		
Total	35	1610.0			

Program SAS IML untuk Analisis AMMI.

Program SAS IML (*Interactive Matrix Language*) digunakan untuk penguraian nilai singular matriks pengaruh interaksi Z.

```

PROC IML;
RESET PRINT;
X={15.333 13.333 5.667 7.000,
    20.667 21.333 5.333 7.667,
    17.667 21.333 7.000 5.667}; /*Matriks
rata2 genotip dan lokasi*/
RG=X[,+]/4; /*rata-rata genotip*/
RL=X[+, ]/3; /*rata-rata lokasi*/
R=X[+,+]/12; /*rata-rata umum*/
MRG=REPEAT(RG,1,4); /*matriks rata-
rata genotip*/
MRL=REPEAT(RL,3,1); /*matriks rata-
rata lokasi*/
MR=REPEAT(R,3,4); /*matriks rata-
rata umum*/
Z=X-MRG-MRL+MR; /*matriks pengaruh
interaksi genotip*lokasi/
CALL SVD (U,L,A,Z);/*SVD matriks Z*/
L=SQRT(DIAG(L)); /*matriks L1/2*/
MSKG=U*L; /*Matriks skor komponen
genotip, G=U*L1/2 /
MSKL=A*L; /*Matriks skor komponen
lokasi, H=A*L1/2 /
MSKG1=MSKG[ ,1:2]; /*Matriks 2 skor
komponen pertama dari G/
MSKL1=MSKL[ ,1:2]; /*Matriks 2 skor
komponen pertama dari H/

```

Hasil Analisis AMMI

Penguraian matriks pengaruh interaksi Z, menggunakan program SAS IML diatas menghasilkan 2 nilai singulir yang besar dari nol yaitu 5.3576 dan 2.54967 atau nilai akar ciri pertama $\lambda_1 = 28.7046$ dan akar ciri kedua $\lambda_2 = 6.5008$ (Nilai singulir dan skor komponen utama genotip dan lokasi dapat dilihat pada Lampiran 1). Dari nilai singulir tersebut dapat disimpulkan bahwa banyaknya komponen yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI hanya dua yaitu KUI1 dan KUI2. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang dapat diterangkan oleh masing-masing komponen adalah 67.75% dan 32.24%. Berdasarkan nilai tersebut terlihat bahwa dua komponen tersebut memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi yaitu sebesar 99.9%.

Jumlah kuadrat interaksi atau JK(GE) adalah $r \text{ teras } (Z'Z) = r (\lambda_1 + \lambda_2)$
 $= 3(28.7046 + 6.5008) = 105.616$. $K(KUI1) = 3 \times 28.7046 = 86.1138$ dan $JK(KUI2) = 3 \times 6.5008 = 19.5024$.

Derajat bebas KUI-1 adalah $(3+4-1)-2 \times 1 = 4$, sedangkan db untuk KUI2 adalah $(3+4-1)-2 \times 2 = 2$. $KTG(KUI-1) = 86.1138/4 = 21.52845$ dan $KTG(KUI2) = 19.5024/2 = 9.7512$. F-hitung untuk KUI-1 adalah $KTG(KUI-1)/KTG_{model} = 21.5284/6.278 = 3.42918$ dan F-hitung untuk KUI-2 adalah $KTG(KUI2)/KTG_{model} = 9.7512/6.278 = 1.55323$. Nilai F-tabel pada taraf nyata 5% dan 10% untuk KUI-1 berturut turut adalah 2.78 dan 2.22, KUI-2 adalah 3.40 dan 2.54.

Tabel 3. Analisis Ragam AMMI daya hasil kentang

Sumber keragaman	db	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F-Hitung	Sig.
Lokasi	3	1277.56	425.85	67.84**	.000
Varietas	2	76.17	38.083	6.07**	.007
Interaksi (L*V)	6	105.617	17.602	2.80*	.033
KUI-1	4	86.117	21.529	3.43*	
KUI-2	2	19.507	9.7512	1.55tn	
Galat	24	150.67	6.278		
Total	35	1610.000			

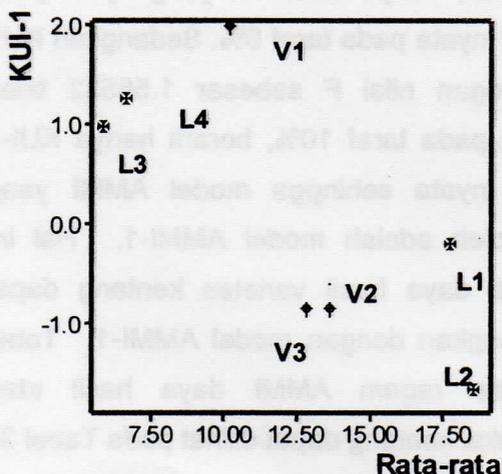
Keterangan : ** sangat nyata pada taraf 1%, * nyata pada taraf 5%, tn tidak nyata pada taraf 10%

Berdasarkan metode *postdictive success*, hanya satu KUI yang nyata yaitu KUI-1 nyata pada taraf 5%. Sedangkan KUI-2 dengan nilai F sebesar 1.55532 tidak nyata pada taraf 10%, berarti hanya KUI-1 yang nyata sehingga model AMMI yang diperoleh adalah model AMMI-1. Hal ini berarti daya hasil varietas kentang dapat diterangkan dengan model AMMI-1. Tabel Analisis ragam AMMI daya hasil atau produksi kentang dapat dilihat pada Tabel 3.

Biplot AMMI-1

Biplot yang digunakan untuk menginterpretasikan hasil metode AMMI adalah biplot AMMI-1 (lihat Gambar 1), karena hanya 1 KUI yang nyata atau model AMMI yang diperoleh adalah model AMMI-1. Dari Gambar 1, tidak terlihat adanya 2 titik genotip yang sejajar sumbu tegak, berarti pengaruh utama semua genotip berbeda atau pengaruh V1, V2 dan V3 terhadap

produksi kentang tidak sama. Demikian juga tidak terlihat 2 titik lokasi yang terletak pada garis yang sejajar dengan sumbu tegak berarti pengaruh utama lokasi (L1-L4) tidak ada yang sama atau semua lokasi memberikan hasil produksi kentang yang berbeda. Titik V2 dan V3 hampir sejajar dengan sumbu datar, berarti pengaruh interaksi V2 dan V3 hampir sama atau interaksi genotip V2 dan V3 dengan lingkungan menghasilkan produksi kentang yang hampir sama. Titik L1, L2, L3 dan L4 tidak ada yang sejajar dengan sumbu datar berarti interaksi keempat lokasi tersebut dengan genotip tidak sama.



Gambar 1. Plot genotip dan Lingkungan (rata-rata vs KUI1)

Genotip yang mempunyai pengaruh daya hasil paling tinggi adalah V2 karena terletak paling kanan pada grafik (diketahui rata-ratanya 13.75, lebih tinggi dari yang lain), sedangkan lokasi yang letaknya paling kanan pada gambar 1 adalah L2, berarti L2 mempunyai daya hasil paling tinggi, disusul dengan L1 sebagai lokasi kedua yang mempunyai daya hasil tinggi. Sedangkan L3

terletak paling kiri dari Gambar 1, berarti L3 mempunyai daya hasil paling rendah daripada lokasi lainnya.

KESIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan pembahasan dapat disimpulkan bahwa model yang cocok untuk data produksi kentang pada kasus diatas adalah model AMMI-1. Pengaruh utama semua genotip dan semua lokasi berbeda. Interaksi Genotip V2 dan V3 dengan lokasi memberikan hasil produksi yang hampir sama. Hasil produksi kentang akan memberikan hasil yang tinggi jika ditanam pada lokasi L2 dan L3 dan hasilnya rendah jika ditanam pada lokasi L3 dan L4. Untuk kasus diatas, disarankan agar menanam masing-masing varietas kentang pada L1 dan L2 agar diperoleh hasil kentang yang tinggi.

Pada penelitian ini hanya digunakan empat lokasi dan tiga genotip, disarankan agar digunakan lokasi dan varietas yang banyak sehingga ada lebih dari satu KUI (komponen utama interaksi) yang nyata atau diperoleh model AMMI2, sehingga bisa dilihat genotip mana yang stabil pada lingkungan tertentu.

DAFTAR PUSTAKA

- Gauch, H.G. 1998. Model selection and validation for yields trials with interaction. *Biometrics* 44:705-715
- Huang, H., Harding, J., Byrne, T., Famula, T. 1995. Estimation of long-term genetic improvement for gerbera using the best linear unbiased prediction (BLUP). *Theory Applied Genetic* 91:790-794.

- Koopmans, L. H.. 2005. Introduction to Contemporary Statistical Methods. PWS Pblsher, Boston. (Terjemahan oleh Bambang sumantri, 1996)
- Maiyanti, S.I. 1998. *Metode AMMI (Additive Main Effects And Multiplicative) untuk Percobaan Lokasi Ganda*. Laporan Penelitian. Tidak dipublikasikan.
- Mattjik,A.A.1998.Aplikasi Analisis Pengaruh utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UAIG) pada Data Simulasi. *Forum Statistika Komputasi*,Vol.1 No.3
- Mattjik,A.A. & M. Sumertajaya, 2000. *Perancangan Percobaan Dengan Aplikasi SAS dan MINITAB* Jilid I. IPB Press, Bogor
- Siswadi, 1999. *Diklat Kuliah Analisis Peubah Ganda*. Program Pasca Sarjana Statistika IPB, Bogor
- Vargas, M., Crossa, J., Van Eeuwijk, F.A., Ramirez, M.E., Sayre, K. 1999. Using partial least square regression, factorial regression, AMMI models for interpreting genotype x environment interaction. *Crop Sci* 39: 955-967

Lampiran

a. Data Percobaan Lokasi Ganda

Lokasi	Ulangan	Varietas Kentang			Rata-rata
		V1	V2	V3	
L1		15	20	22	
		19	24	17	
		12	18	14	
	Rata-rata	15.333	20.667	17.667	17.889
L2		17	24	24	
		10	18	19	
		13	22	21	
	Rata-rata	13.333	21.333	21.333	18.666
L3		5	5	8	
		6	5	5	
		6	6	8	
	Rata-rata	5.667	5.333	7	6
L4		9	8	6	
		6	6	6	
		6	9	5	
	Rata-rata	7	7.667	5.667	6.778
	Rata-rata	10.33325	13.75	12.91675	12.33333

Data bersumber dari latihan soal buku "Pengantar Statistika' Walpole (1982) terjemahan oleh Bambang Sumantri (1995) edisi keenam.

- b. Matriks pengaruh interaksi, Nilai Singulir dan Skor komponen genotip dan lingkungan.
- | | | | |
|---------|---------|---------|---------|
| -0.5559 | -3.3332 | 1.66708 | 2.22208 |
| 1.3613 | 1.2 | -2.0837 | -0.5277 |
| -0.8054 | 2.0833 | 0.4166 | -1.6944 |

Z=matriks pengaruh interaksi

Nilai singulir

3 rows 1 col (numeric)

5.3576702

2.5496731

5.265E-15

MSKG1= skor komponen genotip

1.8899154 -0.000133

-0.945124 -1.129153

-0.944791 1.129153

MSKL1=skor komponen lingkungan

-0.294216 -0.959471

-1.763677 0.3692533

0.882172 1.10707

1.1757218 -0.516852