



**METODE *ROBUST SINGULAR VALUE DECOMPOSITION* (RSVD) UNTUK  
MODEL AMMI DENGAN DATA PENCILAN**

**SKRIPSI**

Oleh

**Elok Nurul Aini  
NIM 101810101037**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER  
2015**



**METODE *ROBUST SINGULAR VALUE DECOMPOSITION* (RSVD) UNTUK  
MODEL AMMI DENGAN DATA PENCILAN**

**SKRIPSI**

diajukan guna melengkapi tugas akhir dan memenuhi salah satu syarat  
untuk menyelesaikan Program Studi Matematika (S1)  
dan mencapai gelar Sarjana Sains

Oleh

**Elok Nurul Aini  
NIM 101810101037**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER  
2015**

## PERSEMBAHAN

Skripsi ini saya persembahkan untuk:

1. Allah SWT yang telah memberikan banyak kenikmatan, kemudahan dan kesempurnaan dalam kehidupan ini;
2. Bapak Lukman Hadi dan Ibu Nurul Yatimah, yang telah memberikan doa, cinta, kasih sayang, semangat dan dukungannya;
3. Dr. Alfian Futuhul Hadi, S.Si., M.Si. selaku Dosen Pembimbing Utama dan Ibu Dian Anggraeni, S.Si., M.Si. selaku Dosen Pembimbing Anggota yang telah memberikan bimbingan dan bantuan dalam penyempurnaan skripsi ini;
4. guru-guru sejak taman kanak-kanak sampai perguruan tinggi, yang telah memberikan ilmu dan membimbing dengan penuh kesabaran;
5. Almamater Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam.

**MOTTO**

Allah akan meninggikan orang-orang yang beriman di antaramu dan orang-orang yang diberi ilmu pengetahuan beberapa derajat.

(Terjemahan QS. Al-Mujadalah: 11)\*)

Ilmu pengetahuan tanpa agama adalah lumpuh, agama tanpa ilmu pengetahuan adalah buta.

( Albert Einstein ) \*\*)

---

\*) Departemen Agama Republik Indonesia. 2005. *Al-Qur'an dan Terjemahannya*. Bandung: CV Jumanatul 'Ali-ART ( J-ART).

\*\*\*) <http://www.duniakata.com/2014/11/45-kata-mutiara-tentang-pentingnya-ilmu.html>.

**PERNYATAAN**

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

nama : Elok Nurul Aini

NIM : 101810101037

menyatakan dengan sesungguhnya bahwa karya ilmiah yang berjudul “Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) untuk Model AMMI dengan Data Pencilan” adalah benar-benar hasil karya sendiri, kecuali kutipan yang sudah saya sebutkan sumbernya, belum pernah diajukan pada institusi mana pun, dan bukan karya jiplakan. Saya bertanggung jawab atas keabsahan dan kebenaran isinya sesuai dengan sikap ilmiah yang harus dijunjung tinggi.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya, tanpa ada tekanan dan paksaan dari pihak manapun serta bersedia mendapat sanksi akademik jika ternyata di kemudian hari pernyataan ini tidak benar.

Jember, Juni 2015

Yang menyatakan,

Elok Nurul Aini  
NIM. 101810101037

**SKRIPSI**

**METODE *ROBUST SINGULAR VALUE DECOMPOSITION* (RSVD) UNTUK  
MODEL AMMI DENGAN DATA PENCILAN**

Oleh

**Elok Nurul Aini  
NIM 101810101037**

Pembimbing:

Dosen Pembimbing Utama : Dr. Alfian Futuhul Hadi, S.Si, M.Si

Dosen Pembimbing Anggota : Dian Anggraeni, S.Si, M.Si

**PENGESAHAN**

Skripsi berjudul “Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) untuk Model AMMI dengan Data Pencilan” telah diuji dan disahkan pada:

hari, tanggal :

tempat : Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas  
Jember.

Tim Penguji:

Ketua,

Sekretaris,

Dr. Alfian Futuhul Hadi, S.Si, M.Si  
NIP. 197407192000121001

Dian Anggraeni, S.Si, M.Si  
NIP. 198202162006042002

Penguji I,

Penguji II,

Prof. Drs. I Made Tirta, M.Sc., Ph.D  
NIP. 195912201985031002

Kosala Dwidja Purnomo, S.Si., M.Si  
NIP 196908281998021001

Mengesahkan

Dekan,

Prof. Drs. Kusno, DEA., Ph.D.  
NIP 196101081986021001

## RINGKASAN

**Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) untuk Model AMMI dengan Data Pencilan;** Elok Nurul Aini, 101810101037; 2015: 34 Halaman; Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Analisis AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) biasa digunakan untuk menganalisis interaksi antara *genotype* dan lingkungan. Analisis AMMI dapat merepresentasikan sebuah penelitian kedalam komponen sistematik yang terdiri dari pengaruh utama (*main effect*) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (*multiplicative interaction*). Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi yang memanfaatkan *Singular Value Decomposition* (SVD) atau penguraian nilai singular pada matriks interaksi. Matriks interaksi rentan terhadap pencilan sehingga dibutuhkan metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) pada penguraian nilai singularnya. Tujuan dari penelitian ini adalah mendapatkan Model AMMI dengan *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD).

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder dari penelitian perbenihan padi di beberapa kabupaten di Pulau Jawa oleh Konsensus Padi Nasional tahun 2008. Pada penelitian ini digunakan 10 varietas padi dan 8 lokasi percobaan dengan hasil pengamatan (Ton/ha). Penelitian ini menggunakan bantuan Program R. Tahapan pertama dalam penelitian ini yaitu memasukkan pencilan pada data awal dengan cara menambahkan nilai maksimum dari masing-masing baris dan kolom dengan lebih dari tiga kali standar deviasi yang bersesuaian. Setelah data awal diberi pencilan, selanjutnya yaitu dilakukan analisis AMMI yang meliputi analisis ragam dan analisis komponen utama. Sehingga didapatkan dua model AMMI yaitu AMMI

SVD dan AMMI RSVD, kemudian dilakukan analisis biplot untuk kedua model tersebut.

Hasil secara keseluruhan menunjukkan bahwa Analisis Ragam (ANOVA) tidak dapat menunjukkan adanya pencilan, sehingga diperlukan analisis lebih lanjut dengan Analisis Komponen Utama. Pada analisis komponen utama interaksi untuk AMMI SVD dihasilkan 3 KUI, sehingga model AMMI bisa dijelaskan dengan Model AMMI3. Sedangkan pada AMMI dengan RSVD menghasilkan 2 KUI, yang berarti model AMMI bisa dijelaskan dengan Model AMMI2. Akar ciri yang dihasilkan dari analisis komponen utama dengan menggunakan SVD memberikan kontribusi keragamannya sebesar 75,97%; 11,88%, 10,11%; 1,15%; 0,63%; 0,23%; 0,03%. Sedangkan pada analisis komponen utama dengan menggunakan RSVD kontribusi keragaman dari akar ciri masing-masing sebesar 49,43%; 42,07%; 4,79%; 2,61%; 0,96%; 0,14%.

Hasil analisis biplot AMMI2 SVD memberikan informasi pengaruh interaksi sebesar 87,85%, sedangkan pada biplot AMMI2 RSVD sebesar 91,50%. Analisis biplot AMMI2 SVD menunjukkan bahwa G2 berinteraksi spesifik dengan L1. G4 dan G7 adalah genotip yang paling stabil. Sedangkan pada analisis biplot AMMI2 RSVD menunjukkan bahwa G2 adalah genotip paling stabil, G4 dan G7 genotip yang relatif stabil. Genotip yang tidak terdapat pencilan kondisi kestabilannya sebagian besar relatif tetap, ditunjukkan oleh genotip yang berinteraksi spesifik dengan lingkungan tertentu, yaitu G1 dengan L8, G3 dengan L2, G5 dengan L6, G8 dengan L7. Hasil analisis biplot menunjukkan bahwa biplot AMMI dengan *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) lebih sesuai untuk data yang mengandung pencilan dibandingkan biplot AMMI dengan *Singular Value Decomposition* (SVD).

## PRAKATA

Puji syukur kehadiran Allah SWT yang telah memberikan rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) untuk Model AMMI dengan Data Pencilan”. Skripsi ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat menyelesaikan pendidikan strata satu (S1) pada Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Penyusunan skripsi ini tidak lepas dari bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Dr. Alfian Futuhul Hadi, S.Si, M.Si selaku Dosen Pembimbing Utama dan Dian Anggraeni, S.Si, M.Si selaku Dosen Pembimbing Anggota yang telah meluangkan waktu, pikiran, dan perhatian dalam penulisan skripsi ini;
2. Prof. Drs. I Made Tirta, M.Sc., Ph.D dan Kosala Dwidja Purnomo, S.Si, M.Si selaku dosen penguji dan saran-saran yang diberikan;
3. seluruh staf pengajar Jurusan Matematika Fakultas MIPA Universitas Jember yang telah memberikan ilmu serta bimbingannya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi ini;
4. Dr. Aan Andang Darajat (Konsensus Padi Nasional) dan Prof. Dr. Ir. A. A. Mattjik (Statistikan IPB) atas data yang telah diberikan;
5. seluruh keluarga dirumah, Bapak Lukman Hadi, Ibu Nurul Yatimah, Imron Zawawi, dan Rifqi Nasih Noval yang telah memberikan kasih sayang, doa dan motivasi;
6. geng kodok ngorek (ila, faiz, anisa) yang telah memberikan semangat;
7. teman-teman seperjuangan (fira, syukma, laily, dewi, muafa, rida, nika) atas bantuan dan motivasinya;

8. teman-teman MATHGIC yang telah memberikan warna baru serta kakak dan adik angkatan Jurusan Matematika, terima kasih atas semangatnya;
9. teman-teman Al-Husna terutama tutus yang sering begadang bersama, serta mendukung dan memberi semangat;
10. serta semua pihak yang tidak dapat disebutkan satu-persatu.

Penulis juga menerima segala kritik dan saran dari semua pihak demi kesempurnaan skripsi ini. Akhirnya penulis berharap, semoga skripsi ini dapat bermanfaat.

Jember, Juni 2015

Penulis

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL .....	i
HALAMAN PERSEMBAHAN .....	ii
HALAMAN MOTTO .....	iii
HALAMAN PERNYATAAN.....	iv
HALAMAN PEMBIMBINGAN.....	v
HALAMAN PENGESAHAN.....	vi
RINGKASAN .....	vii
PRAKATA.....	ix
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR TABEL .....	xiii
DAFTAR GAMBAR.....	xiv
DAFTAR LAMPIRAN .....	xv
<b>BAB 1. PENDAHULUAN .....</b>	<b>1</b>
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	2
1.3 Tujuan.....	2
1.4 Manfaat.....	3
<b>BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA.....</b>	<b>4</b>
2.1 Analisis Ragam ( <i>Analysis of Variance</i> ).....	4
2.2 <i>Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI)</i> .	6
2.3 Penguraian Nilai Singular Biasa.....	8
2.4 Pencilan ( <i>Outlier</i> ).....	9
2.5 Analisis <i>Robust</i> .....	9
2.6 Penguraian Nilai Singular dengan Pencilan.....	9

2.7 Alternating LI Regression .....	11
2.8 Nilai Komponen AMMI.....	12
2.9 Interpretasi Biplot.....	13
<b>BAB 3. METODE PENELITIAN.....</b>	<b>15</b>
3.1 Data Penelitian .....	15
3.2 Langkah-langkah Penelitian dan Analisis Data.....	15
<b>BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN.....</b>	<b>19</b>
4.1 Uji Asumsi Kenormalan Data.....	19
4.2 Analisis Ragam.....	20
4.3 Analisis Komponen Utama Interaksi AMMI.....	21
4.4 Analisis Biplot AMMI .....	22
4.5 Analisis AMMI dengan Data Pencilan pada Beberapa Genotipe .....	26
<b>BAB 5. PENUTUP.....</b>	<b>30</b>
5.1 Kesimpulan.....	30
5.2 Saran .....	31
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	<b>32</b>
<b>LAMPIRAN.....</b>	<b>34</b>

**DAFTAR TABEL**

Tabel 2.1 Analisis Ragam Gabungan.....	5
Tabel 4.1 Analisis Ragam Data Awal .....	20
Tabel 4.2 Analisis Ragam Data dengan Pencilan .....	20
Tabel 4.3 Analisis Komponen Utama dengan SVD.....	21
Tabel 4.4 Analisis Komponen Utama dengan RSVD.....	21
Tabel 4.5 Analisis Keragaman Komponen Utaman dengan SVD .....	22
Tabel 4.6 Analisis Keragaman Komponen Utaman dengan RSVD .....	22
Tabel 4.7 Perbandingan Klasifikasi Kestabilan .....	26
Tabel 4.8 Analisis Komponen Utama dengan SVD.....	27
Tabel 4.9 Analisis Komponen Utama dengan RSVD.....	27
Tabel 4.10 Analisis Keragaman Komponen Utaman dengan SVD .....	27
Tabel 4.11 Analisis Keragaman Komponen Utaman dengan RSVD .....	28
Tabel 4.12 Perbandingan Klasifikasi Kestabilan Genotipe dengan Data Pencilan pada Beberapa Genotipe .....	28

**DAFTAR GAMBAR**

Gambar 3.1 Diagram Alur Metode Penelitian .....	15
Gambar 4.1 QQ-Plot Uji Asumsi Kenormalan .....	19
Gambar 4.2 Biplot AMMI1 dengan SVD .....	23
Gambar 4.3 Biplot AMMI1 dengan RSVD .....	23
Gambar 4.4 Biplot AMMI2 dengan SVD .....	24
Gambar 4.5 Biplot AMMI2 dengan RSVD .....	24
Gambar 4.6 Biplot AMMI2 dengan SVD Data Pencilan pada Beberapa Genotipe .....	29
Gambar 4.7 Biplot AMMI2 dengan RSVD Data Pencilan pada Beberapa Genotipe .....	29

**DAFTAR LAMPIRAN**

Lampiran A. Data Penelitian.....	34
Lampiran B. <i>Syntax</i> Program R dan Hasil Keluaran.....	40
Lampiran B1. <i>Syntax</i> Membangkitkan Data .....	40
Lampiran B2. <i>Syntax</i> Program R dan Hasil Keluaran.....	40
Lampiran B3. <i>Syntax</i> Asumsi Kenormalan .....	41
Lampiran B4. <i>Syntax</i> Analisis Komponen Utama Menggunakan SVD .....	42
Lampiran B5. <i>Syntax</i> Analisis Komponen Utama Menggunakan RSVD.....	44
Lampiran B6. <i>Syntax</i> Biplot AMMI1 .....	46
Lampiran B7. <i>Syntax</i> Biplot AMMI2 .....	46
Lampiran C. Hasil Keluaran Data dengan Pencilan 7,5% .....	47
Lampiran C1. Hasil Analisis dengan SVD .....	47
Lampiran C2. Hasil Analisis dengan RSVD.....	48

## BAB 1. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Interaksi genotipe dengan lingkungan merupakan hal yang perlu diperhatikan dalam pemuliaan tanaman. Tanaman dengan genotipe yang sama apabila ditanam pada lingkungan yang berbeda maka hasil produksi tanamnya juga akan berbeda tergantung lingkungannya, begitu pula tanaman dengan genotipe berbeda apabila ditanam pada lingkungan yang sama maka hasil produksinya juga akan berbeda tergantung pada genotipe-nya. Oleh karena itu dibutuhkan analisis interaksi genotipe dengan lingkungan. Untuk menganalisis interaksi antara genotipe dan lingkungan biasanya digunakan analisis AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*).

Analisis AMMI dapat merepresentasikan sebuah penelitian kedalam komponen sistematis yang terdiri dari pengaruh utama (main effect) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (multiplicative interaction). Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi yang memanfaatkan Singular Value Decomposition (SVD) atau penguraian nilai singular pada matriks interaksi (Mattjik, 1998).

Bentuk multiplikatif yang diperoleh dari penguraian komponen utama interaksi menggunakan SVD rentan terhadap adanya pencilan. Sedangkan dalam upaya memperoleh sifat-sifat unggul genotipe, adanya pencilan biasanya diabaikan padahal pencilan justru bisa menjadi sesuatu yang berharga, karenanya mengabaikan keberadaan pencilan tidaklah bijaksana (Mattjik *et al.*, 2011) . Oleh karena itu diperlukan metode lain untuk memecahkan data yang mengandung pencilan yaitu analisis Robust. Pada dasarnya metode ini menduga nilai eigen dan vektor eigen dengan mengabaikan nilai yang hilang dan melawan pencilan. Keuntungan dari

penggunaan metode Robust adalah tabel data yang mengandung pencilan dan data hilang dapat diperiksa lebih mudah (Hawkins *et al.*, 2001).

Pada penelitian sebelumnya telah digunakan metode Robust untuk penguraian nilai singular pada data yang mengandung pencilan. Metode ini dikenal dengan Metode Robust Singular Value Decomposition (RSVD), biasanya digunakan pada biplot. Badiroh (2014) memetakan minat calon mahasiswa baru dengan fakultas atau program studi di Universitas Jember dengan metode RSVD. Badiroh menunjukkan bahwa biplot RSVD lebih sesuai untuk data yang mengandung pencilan dibandingkan dengan biplot klasik (menggunakan SVD). Analisis Model AMMI pada pengaruh interaksinya yang memanfaatkan SVD kurang efisien jika data yang digunakan mengandung pencilan, oleh karena itu penulis tertarik untuk menggunakan Metode RSVD pada Model AMMI yang mengandung pencilan.

### **1.2 Rumusan Masalah**

Rumusan masalah dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

- a. Bagaimana menerapkan Robust Singular Value Decomposition (RSVD) pada Model AMMI yang mengandung pencilan.
- b. Bagaimana perbandingan Model AMMI SVD dengan Model AMMI RSVD pada data yang mengandung pencilan?

### **1.3 Tujuan**

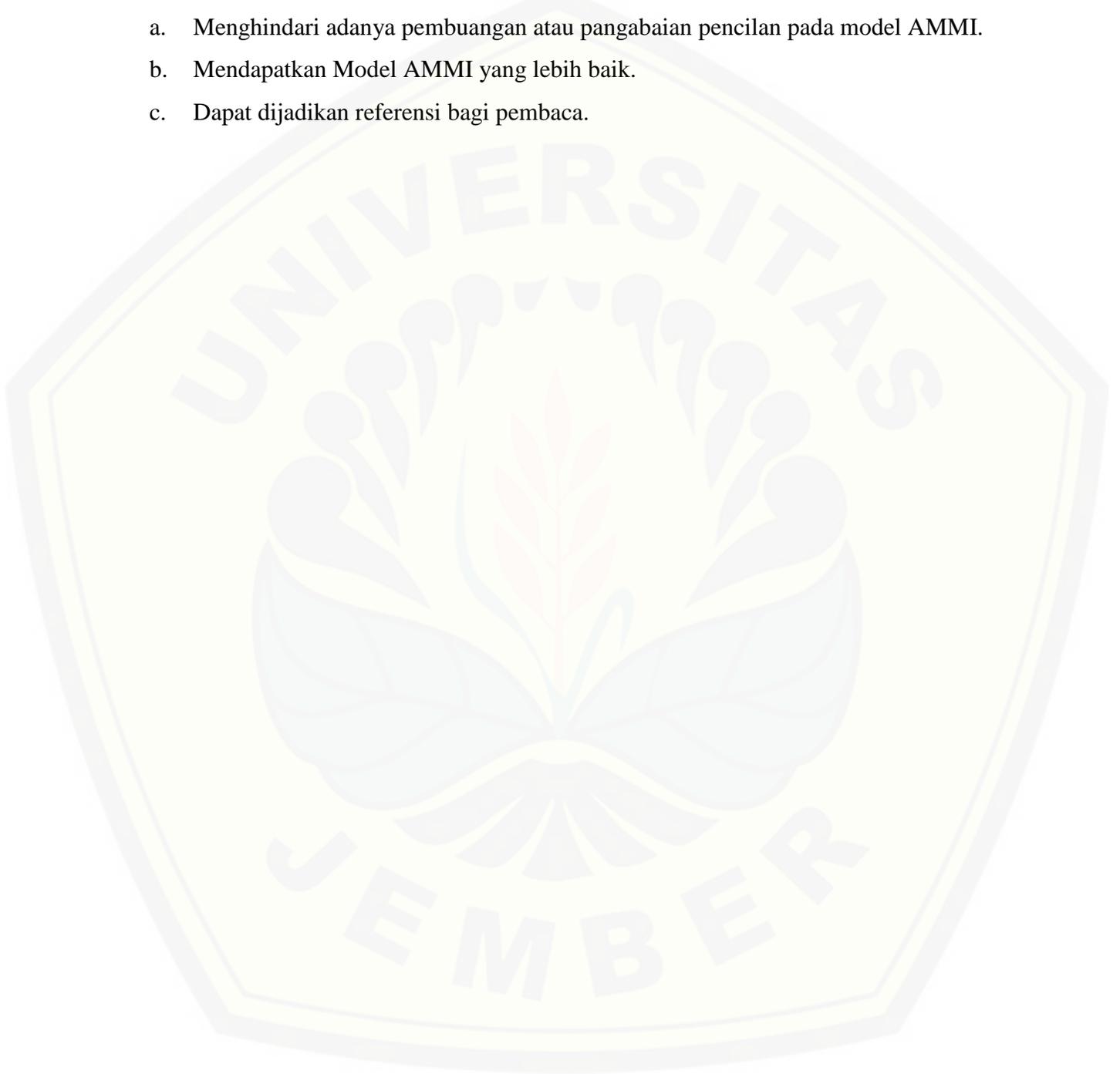
Adapun tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

- a. Mendapatkan Model AMMI dengan Robust Singular Value Decomposition (RSVD).
- b. Mengetahui model AMMI mana yang lebih baik untuk data yang mengandung pencilan.

#### **1.4 Manfaat**

Manfaat yang diharapkan dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

- a. Menghindari adanya pembuangan atau pangabaian pencilan pada model AMMI.
- b. Mendapatkan Model AMMI yang lebih baik.
- c. Dapat dijadikan referensi bagi pembaca.



## BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA

### 2.1 Analisis Ragam (*Analysis of Variance*)

Analisis ragam merupakan suatu metode yang digunakan untuk menguraikan keragaman total ke dalam komponen-komponennya. Komponen-komponen tersebut dianggap saling bebas sehingga dapat ditentukan sebaran dari rasio dua buah komponen keragaman. Kalaupun terdapat dua buah atau lebih komponen keragaman maka pengujian terhadap komponen yang satu tidak akan mempengaruhi pengujian terhadap komponen yang lain (Yitnosumarto, 1993).

Pada percobaan lokasi ganda, rancangan perlakuan yang biasa digunakan adalah rancangan faktorial dua faktor, dengan faktor pertama adalah genotipe dan faktor kedua adalah lingkungan dan Rancangan Acak Kelompok Lengkap atau Rancangan Acak Kelompok (RAK). Analisis ragam ini digunakan untuk menguji secara sistematis nyata atau tidaknya pengaruh genotipe dan pengaruh lingkungan serta pengaruh interaksinya. Asumsi-asumsi yang mendasari analisis ragam adalah galat percobaan menyebar saling bebas mengikuti sebaran normal dengan ragam homogen  $\varepsilon_{ger} \sim N(0, \sigma^2)$  serta pengaruh genotipe dan pengaruh lingkungan bersifat aditif (Mattjik, 1998).

Model linear dari rancangan faktorial RAK adalah sebagai berikut.

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{ge} + \theta_{r|e} + \varepsilon_{ger} \quad (2.1)$$

$g = 1, 2, \dots, a; e = 1, 2, \dots, b; r = 1, 2, \dots, m$

$Y_{ger}$  = nilai pengamatan genotipe ke- $g$ , pada lingkungan ke- $e$  dan ulangan ke- $r$

$\mu$  = rata-rata umum

$\alpha_g$  = pengaruh utama genotipe ke- $g$

$\beta_e$  = pengaruh utama lingkungan ke- $e$

$\gamma_{ge}$  = pengaruh interaksi genotip ke- $g$  dengan lingkungan ke- $e$

$\theta_{r|e}$  = pengaruh ulangan ke- $r$  bersarang dalam lingkungan ke- $e$

$\varepsilon_{ijk}$  = pengaruh galat percobaan pada genotipe ke- $g$ , lingkungan ke- $e$  dan ulangan ke- $r$

(Trustinah & Iswanto, 2013).

Tabel 2.1 Analisis Ragam Gabungan

Sumber Keragaman	Derajat Bebas (DB)	Jumlah Kuadrat (JK)	Kuadrat Tengah (KT)
Genotipe	$(a - 1)$	$JK_1$	$M_1$
Lingkungan	$(b - 1)$	$JK_2$	$M_2$
Ulangan (Lingkungan)	$b(r - 1)$	$JK_3$	$M_3$
Lingkungan $\times$ Genotipe	$(b - 1)(a - 1)$	$JK_4$	$M_4$
Galat	$b(r - 1)(a - 1)$	$JK_5$	$M_5$
Total	$(rab - 1)$	$JK_T$	

(Nur *et al*, 2007)

Jumlah Kuadrat (JK) untuk analisis diatas adalah sebagai berikut:

$$JK_T = JK_1 + JK_2 + JK_3 + JK_4 + JK_5$$

$$\begin{aligned} \sum_g \sum_e \sum_r (Y_{ger} - \bar{Y}_{...})^2 &= bm \sum_g (\bar{Y}_{g..} - \bar{Y}_{...})^2 + am \sum_e (\bar{Y}_{.e.} - \bar{Y}_{...})^2 + ab \sum_r (\bar{Y}_{..r} - \bar{Y}_{...})^2 \\ &+ m \sum_g \sum_e (\bar{Y}_{ge.} + \bar{Y}_{g..} + \bar{Y}_{.e.} + \bar{Y}_{...})^2 + \sum_g \sum_e \sum_r (Y_{ger} - \bar{Y}_{ge.})^2 \end{aligned}$$

Sedangkan Kuadrat tengahnya adalah sebagai berikut:

$$M_1 = JK_1 / (a - 1)$$

$$M_2 = JK_2 / (b - 1)$$

$$M_3 = JK_3 / b(r - 1)$$

$$M_4 = JK_4 / (b - 1)(a - 1)$$

$$M_5 = JK_5 / b(r - 1)(a - 1)$$

## 2.2 Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI)

Analisis AMMI merupakan salah satu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan untuk pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear. Model AMMI merepresentasikan sebuah penelitian kedalam komponen sistematis yang terdiri dari pengaruh utama (*main effect*) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (*multiplicative interaction*). Analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi (Mattjik 1998). Pengaruh interaksi pada model AMMI diuraikan dengan memanfaatkan penguraian nilai singular (*Singular Value Decomposition / SVD*). Respon pada model AMMI diasumsikan menyebar secara normal dengan ragam yang konstan.

Secara umum model AMMI untuk respon  $Y_{ger}$  dari genotipe ke- $g$  dan lingkungan ke- $e$ , sebagai berikut:

$$\begin{aligned} Y_{ger} &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{ge} + \varepsilon_{ger} \\ Y_{ger} &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \varphi_{gj} \rho_{ej} + \delta_{ge} + \varepsilon_{ger} \end{aligned} \quad (2.2)$$

Pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan ( $\gamma_{ge}$ ) pada analisis ini adalah sebagai berikut.

- Menyusun pengaruh interaksi dalam bentuk matriks dimana genotipe (baris)  $\times$  lingkungan (kolom), sehingga matriks ini berorde  $a \times b$ .

$$\boldsymbol{\gamma} = \begin{bmatrix} c_{11} & \dots & c_{1b} \\ \dots & \dots & \dots \\ c_{a1} & \dots & c_{ab} \end{bmatrix}$$

- Melakukan penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi.

$$\begin{aligned} \gamma_{ge} &= \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \varphi_{gj} \rho_{ej} + \delta_{ge} \\ &= \sqrt{\lambda_1} \varphi_{g1} \rho_{e1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{g2} \rho_{e2} + \dots + \sqrt{\lambda_n} \varphi_{gn} \rho_{en} + \delta_{ge} \end{aligned}$$

Sehingga model AMMI secara lengkap dari persamaan (2.2) dapat ditulis sebagai berikut:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sqrt{\lambda_1}\varphi_{g1}\rho_{e1} + \sqrt{\lambda_2}\varphi_{g2}\rho_{e2} + \dots + \sqrt{\lambda_n}\varphi_{gn}\rho_{en} + \delta_{ge} + \varepsilon_{ger} \quad (2.3)$$

dimana:

$\mu$  = rata-rata umum

$\alpha_g$  = pengaruh baris genotipe ke- $g$  ( $g = 1, 2, \dots, a$ )

$\beta_e$  = pengaruh kolom lingkungan ke- $e$  ( $e = 1, 2, \dots, b$ )

$\sqrt{\lambda_n}$  = nilai singular untuk komponen bilinear ke- $n$  ( $\lambda_n$  adalah akar ciri atau nilai eigen dari  $\mathbf{Z}^T\mathbf{Z}$ ,  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_m$ )

$\rho_{en}$  = pengaruh ganda lingkungan ke- $e$  melalui komponen bilinear ke- $n$

$\varphi_{gn}$  = pengaruh ganda genotipe ke- $g$  melalui komponen bilinear ke- $n$ , dengan

kendala:

$$(1) \quad \sum_g \varphi_{gn}^2 = \sum_e \rho_{en}^2 = 1, \text{ untuk } n = 1, 2, \dots, m$$

$$(2) \quad \sum_g \varphi_{gn_1}\varphi_{gn_2} = \sum_e \rho_{en_1}\rho_{en_2} = 0, \text{ untuk } n_1 \neq n_2$$

$\delta_{ge}$  = simpangan dari pemodelan bilinear

$\varepsilon_{ger}$  = pengaruh galat dari genotipe ke- $g$  di lingkungan ke- $e$  dalam ulangan ke- $r$

(Crossa, 1990 dalam Mattjik 1998).

Pada pemodelan ini pengaruh aditif genotipe dan lingkungan serta jumlah kuadrat tengahnya dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam, tetapi berdasarkan pada data rata-rata per genotipe  $\times$  lingkungan. Sedangkan pengaruh ganda genotipe dan lingkungan pada interaksi diduga dengan

$$z_{ge} = \bar{y}_{ge.} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{.e.} + \bar{y}_{...}$$

sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagai berikut:

$$JK(GE) = r \sum_{g,e} z_{ge}^2 = r \sum (\bar{y}_{ge.} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{.e.} + \bar{y}_{...})^2 = r \text{tr}(\mathbf{Z}^T\mathbf{Z})$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa teras ( $tr$ ) dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut

$$tr(\mathbf{A}) = \sum_i \lambda_i.$$

Maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- $n$  adalah akar ciri ke- $n$  pada pemodelan bilinear tersebut ( $\lambda_n$ ), jika analisis ragam dilakukan terhadap data rata-rata per genotipe  $\times$  lingkungan. Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadrat adalah banyaknya ulangan dikalikan akar ciri ke- $n$  ( $r\lambda_n$ ). Pengujian masing-masing komponen ini dilakukan dengan membandingkannya terhadap kuadrat tengah galat gabungan.

Derajat bebas untuk setiap komponen tersebut adalah  $a + b - 1 - 2n$ . Besaran derajat bebas ini diperoleh dari jumlah parameter yang diduga dikurangi dengan banyaknya kendala. Banyaknya parameter yang diduga adalah  $a + b - 1$  sedangkan banyaknya kendala untuk komponen ke- $n$  adalah  $2n$ . Sedangkan kendala yang dipertimbangkan adalah kenormalan dan keortogonalan (Mattjik, 1998).

### 2.3 Penguraian Nilai Singular Biasa

Penguraian Nilai Singular untuk matriks pengaruh interaksi  $\mathbf{Z}$  dilakukan dengan memodelkan matriks tersebut sebagai perkalian matriks sebagai berikut:

$$\mathbf{Z} = \mathbf{U} \mathbf{L} \mathbf{A}^T$$

dengan  $\mathbf{Z}$  adalah matriks data terpusat berukuran  $n \times p$ ,  $\mathbf{L}$  adalah matriks diagonal berukuran  $m \times m$  dengan unsur-unsur diagonalnya adalah akar dari akar ciri positif bukan nol dari  $\mathbf{Z}^T \mathbf{Z}$  yang disebut nilai singular,  $\mathbf{A}$  dan  $\mathbf{U}$  adalah matriks ortonormal ( $\mathbf{A}^T \mathbf{A} = \mathbf{U}^T \mathbf{U} = \mathbf{I}_m$ ). Kolom-kolom matriks  $\mathbf{A} = \{\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \dots, \mathbf{a}_n\}$  adalah vektor ciri-vektor ciri dari  $\mathbf{Z}^T \mathbf{Z}$ , sedangkan  $\mathbf{U}$  diperoleh dengan:

$$\begin{aligned} \mathbf{U} &= \mathbf{Z} \mathbf{A} \mathbf{L}^{-1} \\ &= \frac{\mathbf{Z} \mathbf{a}_1}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{\mathbf{Z} \mathbf{a}_2}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{\mathbf{Z} \mathbf{a}_n}{\sqrt{\lambda_n}} \end{aligned}$$

(Jaya & Hadi, 2008).

## 2.4 Pencilan (*Outliers*)

Pencilan adalah data yang muncul dengan karakteristik unik yang terlihat sangat jauh berbeda dari observasi-observasi lainnya dan muncul dalam bentuk nilai ekstrim baik untuk sebuah variabel tunggal atau variabel kombinasi. Pencilan merupakan nilai yang memiliki probabilitas rendah yang akan dihasilkan oleh distribusi secara keseluruhan. Menurut Kriegel (2010) suatu nilai dianggap pencilan apabila menyimpang lebih dari tiga kali standar deviasi. Pencilan diberikan sebagai berikut:

$$\text{Pencilan} \geq \max_i(y) + 3 \times \text{stdev}(y)$$

## 2.5 Analisis Robust

Salah satu pendekatan *Robust* yang biasa digunakan adalah *Robust Principal Component Analysis* (RPCA). Sebagai ganti mendiagonalisasi matriks  $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$ , metode ini menggunakan beberapa sebaran matriks yang menentang pencilan seperti Minimum Covariance Determinant (MCD). Metode ini tidak terlalu cocok untuk masalah yang menggunakan penguraian nilai singular yang tahan terhadap minoritas *cells* yang terpencil. Galpin and Hawkins (1987) and Choulakian (2001) (dalam Hawkins *et al.*, 2001) memberikan pendekatan lain yang didasarkan pada peubah dari komponen utama. Metode ini menggantikan fungsi objektif dari varian dengan jumlah mutlak deviasi sehingga membentuk formula program linier atau kuadratik untuk masing-masing pasangan nilai dan vektor eigen kanan. Pendekatan Galphin-Hawkins tidak secara langsung menuju pada pencarian vektor eigen kiri. Untuk memecahkan masalah model penyusunan data simetris dengan tabel pencilan, diusulkan metode *Robust* yang dikenal dengan *Alternating  $L_1$  Regression* untuk penguraian nilai singular.

## 2.6 Penguraian Nilai Singular dengan Pencilan

Misalkan  $\mathbf{X}^*$  adalah matriks data asal berukuran  $n \times p$ , dengan  $n$  menggambarkan objek penelitian dan  $p$  menggambarkan peubah.  $\mathbf{X}^*$  merupakan matriks yang didalamnya terdapat data pencilan. Pembangkitan nilai eigen dan vektor eigen bergantung pada jenis data asal dimana jika data yang digunakan memiliki ragam yang relatif sama maka digunakan matriks koragam sedangkan jika data yang digunakan tidak memiliki ragam yang relatif sama maka digunakan matriks korelasi.

Pada metode SVD dengan pencilan, vektor eigen dapat dibangkitkan dari matriks koragam. Misalkan  $\mathbf{X}$  adalah matriks data yang terpusatkan terhadap median, maka persamaannya akan menjadi

$${}_n\mathbf{X}_p = {}_n\mathbf{X}_p^* - ({}_n\mathbf{1}_1 \text{ median}_{1 \leq j \leq p} \mathbf{X}^*.j) \quad (2.4)$$

dimana  ${}_n\mathbf{1}_1$  adalah vektor yang semua unsurnya bernilai 1 dan  $\mathbf{X}^*.j = (x_{1j}^*, x_{2j}^*, \dots, x_{nj}^*)'$  adalah vektor kolom ke- $j$  dari matriks  $\mathbf{X}^*$  untuk  $j=1,2,\dots,p$ . Matriks koragam  $\mathbf{S}$  dari matriks  $\mathbf{X}$  adalah:

$${}_p\mathbf{S}_p = \frac{1}{n-1} \mathbf{X}^T \mathbf{X}$$

Tingkat kesamaan atau kesesuaian antara dua objek dapat diukur menggunakan pengukuran jarak. Untuk mengetahui bagaimana mencari jarak, terdapat fungsi jarak yang dikenal sebagai fungsi jarak *Minkowski*. Norma vektor ke- $p$  pada suatu vektor  $\mathbf{v} = (v_1, \dots, v_m)$  didefinisikan sebagai berikut:

$$\|\mathbf{v}\|_p = (\sum_{i=1}^m |v_i|^p)^{1/p}, \text{ untuk } p \geq 1 \quad (2.5)$$

Jarak *Minkowski* antara dua vektor  $\mathbf{v} = (v_1, \dots, v_m)$  dan  $\mathbf{u} = (u_1, \dots, u_m)$  didefinisikan sebagai berikut:

$$\|\mathbf{v} - \mathbf{u}\|_p = (\sum_{i=1}^m |v_i - u_i|^p)^{1/p} \quad (2.6)$$

Ruang vektor yang berhubungan dengan fungsi tersebut dikenal sebagai ruang *Minkowski* dan dinotasikan dengan  $\mathbf{L}_p$ . Untuk  $p = 1$  maka persamaan (2.6) didefinisikan sebagai berikut:

$$\|\mathbf{v} - \mathbf{u}\|_1 = \sum_{i=1}^m |v_i - u_i| \quad (2.7)$$

dan persamaan diatas dikenal sebagai norma  $\mathbf{L}_1$ .

Untuk  $p = 2$  maka persamaan (2.6) didefinisikan sebagai berikut:

$$\|\mathbf{v} - \mathbf{u}\|_2 = (\sum_{i=1}^m |v_i - u_i|^2)^{1/2} \quad (2.8)$$

yang kemudian dikenal dengan sebagai norma  $\mathbf{L}_2$ .

Kesesuaian antara matriks  $\tilde{\mathbf{Y}}$  yang merupakan pendekatan terbaik bagi matriks data  $\mathbf{X}$  menggunakan norma  $\mathbf{L}_1$  adalah meminimalkan fungsi:

$$\min \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p |x_{ij} - \tilde{y}_{ij}| \quad (2.9)$$

dengan  $\tilde{y}_{ij} = \sqrt{\lambda_1} u_{i1} a_{ij} + \sqrt{\lambda_2} u_{i1} a_{ij}$ . Prosedur untuk mendapatkan nilai eigen, vektor eigen kiri dan kanan secara iteratif pada persamaan diatas disebut metode penguraian nilai singular dengan pencilan pada  $\mathbf{L}_1$  dan implementasi dari norma ini disebut sebagai *alternating  $\mathbf{L}_1$  regression*. Metode ini digunakan untuk menduga nilai eigen, vektor eigen kiri dan kanan sehingga hasil dugaannya tahan terhadap pencilan (Warsito, 2009).

## 2.7 Alternating $\mathbf{L}_1$ Regression

Berikut adalah algoritma dari *Alternating  $\mathbf{L}_1$  Regression*.

1. Dimulai dengan menentukan dugaan awal untuk vektor eigen kiri  $\mathbf{a}_1$ .
2. Untuk masing-masing kolom  $j$ , dengan  $j = 1, 2, \dots, p$ , tentukan koefisien regresi  $\mathbf{L}_1$  yaitu  $c_j$  yang diperoleh dari  $\min \sum_{i=1}^n |x_{ij} - c_j a_{i1}|$ .
3. Hitung hasil dugaan vektor eigen kanan  $\mathbf{b}_1 = c/\|c\|$  dimana  $\|\cdot\|$  adalah norma *Euclidean*.
4. Gunakan dugaan dari vektor eigen kanan untuk memperhalus dugaan vektor eigen kiri. Untuk masing-masing baris  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, n$ ), tentukan koefisien regresi  $\mathbf{L}_1$  yaitu  $d_i$  yang diperoleh dari  $\min \sum_{j=1}^p |x_{ij} - d_i b_{j1}|$ .
5. Hitung hasil dugaan vektor eigen kiri  $\mathbf{a}_1 = d/\|d\|$ .
6. Iterasikan untuk kekonvergenan.

Proses ini menghasilkan pasangan vektor eigen pertama yaitu vektor eigen kiri dan vektor eigen kanan. Setelah nilai vektor eigen konvergen, maka nilai eigen  $\lambda_1$  pada  $\mathbf{L}_1$  dapat diperoleh dengan meminimumkan fungsi berikut

$$\min \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^p |x_{ij} - \lambda_1 a_{i1} b_{j1}|$$

Untuk yang kedua dan selanjutnya pada penguraian nilai singular (SVD), hanya mengganti  $\mathbf{X}$  dengan matriks turunan yang diperoleh dari mengurangi keadaan awal, yang didefinisikan sebagai:

$$\mathbf{X} \leftarrow \mathbf{X}^* - \lambda_k \mathbf{a}_k \mathbf{b}_k^t$$

dimana:  $\mathbf{X}$  = matriks data baru

$\mathbf{X}^*$  = matriks data dengan pencilan

$\lambda_k$  = nilai eigen penurunan ke- $k$

$\mathbf{a}_k$  = vektor eigen penurunan kiri ke- $k$

$\mathbf{b}_k^t$  = vektor eigen penurunan kanan ke- $k$  yang telah di *transpose*

(Hawkins *et al.*, 2001).

## 2.8 Nilai Komponen AMMI

Secara umum nilai komponen ke- $n$  untuk genotipe ke- $g$  adalah  $l_n^k \varphi_{gn}$ , sedangkan nilai komponen utama untuk lingkungan ke- $e$  adalah  $l_n^{1-k} \rho_{en}$ . Dengan mendefinisikan  $\mathbf{L}^k$  ( $0 \leq k \leq 1$ ) sebagai matriks diagonal yang elemen-elemen diagonalnya adalah elemen-elemen matriks  $\mathbf{L}$  dipangkatkan  $k$ , demikian juga dengan matriks  $\mathbf{L}^{1-k}$ , dan  $\mathbf{G} = \mathbf{UL}^k$  serta  $\mathbf{H}^T = \mathbf{L}^{1-k} \mathbf{A}^T$  maka penguraian nilai singular tersebut dapat ditulis

$$\mathbf{Z} = \mathbf{GH}^T$$

Dengan demikian skor komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks  $\mathbf{G}$  sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks  $\mathbf{H}$ . Nilai  $k$  yang digunakan pada analisis AMMI adalah  $\frac{1}{2}$  (Hadi & Sa'diyah, 2004).

Besarnya kontribusi keragaman masing-masing komponen utama dalam menjelaskan keragaman data asal dapat dijelaskan dengan salah satu teorema dalam aljabar matriks yaitu bahwa teras suatu matriks akan sama dengan jumlah dari akar ciri-akar ciri matriks tersebut. Sehingga dalam kasus ini dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\text{teras}(A) = \sum_i^p \lambda_i$$

Besarnya kontribusi keragaman relatif yang mampu dijelaskan oleh komponen utama ke- $i$  adalah sebesar:

$$\frac{\lambda_i}{\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_p}$$

Atau dapat juga dinyatakan dalam besaran persen sebagai berikut:

$$\frac{\lambda_i}{\sum_i^p \lambda_i} \times 100\%$$

Sedangkan besarnya keragaman kumulatif untuk  $q$  buah komponen utama dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\frac{\sum_j^q \lambda_j}{\sum_i^p \lambda_i} \times 100\%$$

(Mattjik & Sumertajaya, 2011)

## 2.9 Interpretasi Biplot

Analisis biplot merupakan suatu upaya untuk memberikan gambaran secara grafis dari suatu matriks dalam suatu plot ruang dimensi dua. Analisis biplot didasarkan pada penguraian nilai singular (*Singular Value Decomposition*) dari suatu matriks. Biplot merupakan suatu metode yang digunakan untuk merepresentasikan model AMMI.

Biplot pada analisis AMMI biasanya berupa biplot antara nilai komponen utama pertama dengan rata-rata respon (Biplot AMMI1). Biplot antara komponen

utama kedua dan nilai komponen pertama (Biplot AMMI2) bisa ditambahkan jika komponen kedua ini nyata.

Interpretasi biplot AMMI1 adalah bagi titik-titik yang sejenis. Jarak titik-titik amatan berdasarkan sumbu datar (rata-rata respon) menunjukkan perbedaan pengaruh utama amatan-amatan tersebut. Sedangkan jarak titik-titik amatan berdasarkan sumbu tegak (Komponen Utama Interaksi 1 /KUI 1) menunjukkan perbedaan pengaruh interaksinya atau perbedaan kesensitifannya terhadap lingkungan. Biplot AMMI1 menunjukkan bahwa genotipe dikatakan mempunyai daya adaptasi baik pada suatu lingkungan jika genotipe dan lingkungan bertanda sama (berinteraksi positif).

Biplot AMMI2 menggambarkan pengaruh interaksi antara genotipe dan lingkungan. Titik-titik amatan yang mempunyai arah yang sama berarti titik-titik amatan tersebut berinteraksi positif (saling menunjang), sedangkan titik-titik yang berbeda arah menunjukkan bahwa titik-titik tersebut berinteraksi negatif (Hadi & Sa'diyah, 2004).

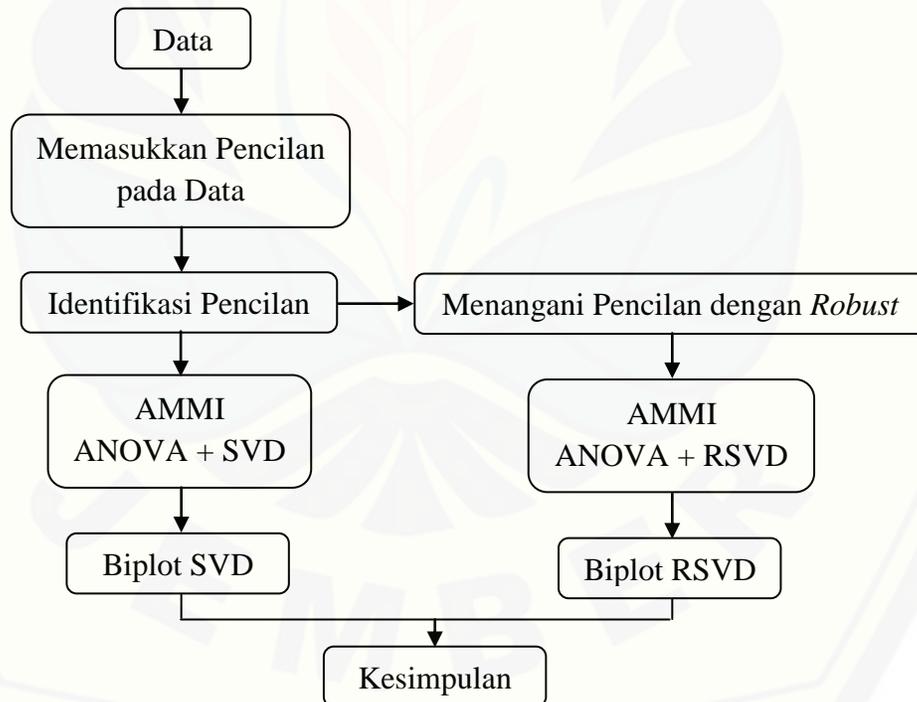
### BAB 3. METODE PENELITIAN

#### 3.1 Data Penelitian

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder dari penelitian perbenihan padi di beberapa kabupaten di Pulau Jawa oleh Konsensus Padi Nasional tahun 2008. Penelitian ini menggunakan 10 varietas padi dan 8 lokasi percobaan dengan hasil (Ton/ha). Untuk kepentingan perlindungan varietas padi, maka nama varietas dan lokasi percobaan dirahasiakan. Data dapat dilihat pada Lampiran A.

#### 3.2 Langkah-Langkah Penelitian dan Analisis Data

Skema dari penelitian ini adalah sebagai berikut:



Gambar 3.1 Diagram Alur Metode Penelitian

Adapun langkah-langkah dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

a. Menginputkan Data

Data yang digunakan adalah data yang menyebar normal, oleh karena itu perlu dilakukan modifikasi data sehingga terdapat data pencilan.

b. Memasukkan Pencilan pada Data

Pemberian pencilan pada data dilakukan dengan langkah-langkah sebagai berikut.

- 1) Menyusun data dalam bentuk tabel dimana genotip sebagai baris dan lingkungan dengan ulangan sebagai kolom.
- 2) Mencari nilai rata-rata genotip dari setiap lingkungan.
- 3) Mencari nilai maksimum dari masing-masing baris dan kolom.
- 4) Menghitung standar deviasi dari masing-masing baris dan kolom.
- 5) Menurut Kriegel (2010) suatu nilai dianggap pencilan apabila menyimpang lebih dari tiga kali standar deviasi. Langkah selanjutnya yaitu menambahkan nilai maksimum dari masing-masing baris dan kolom dengan lebih dari tiga kali standar deviasi yang bersesuaian. Misalkan  $y$  adalah vektor data, maka pencilan diberikan sebagai berikut:

$$Pencilan \geq \max(y) + 3 \times stdev(y)$$

yang merupakan pencilan dari data rata-rata genotip per lingkungan.

- 6) Pencilan ditambahkan secara proporsional pada setiap ulangan.
- 7) Jika semua data bernilai sama maka standar deviasinya adalah nol, sehingga pencilan adalah setiap data yang berbeda dari data yang awal, baik lebih besar maupun lebih kecil.

c. Identifikasi Pencilan

Tahap ini bertujuan untuk memastikan adanya pencilan pada data, sehingga analisis *Robust* dapat digunakan. Pengujian adanya pencilan menggunakan *package car*.

d. Menangani Pencilan dengan Metode *Robust*

Untuk menangani pencilan pada data menggunakan metode *Robust* untuk penguraian nilai singularnya. Pada tahap ini akan diperoleh nilai singular, vektor singular kiri dan vektor singular kanan. Metode *Robust* pada tahap ini menggunakan bantuan *package* RobRSVD.

e. Analisis Model AMMI

Analisis Model AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama pada matriks pengaruh interaksinya. Analisis AMMI dari penguraian pengaruh interaksi menjadi KUI-KUI (Komponen Utama Interaksi). Pada analisis AMMI ini dibagi menjadi dua yaitu Model AMMI dengan SVD dan Model AMMI dengan RSVD.

f. Interpretasi Biplot

Biplot yang digunakan yaitu biplot yang menggunakan SVD dan RSVD pada biplot AMMI1 dan biplot AMMI2.

g. Penarikan kesimpulan model terbaik.

Model terbaik dipilih berdasarkan kebaikan biplot yang dihasilkan oleh biplot AMMI2.

Data yang diperoleh diolah dan dianalisis dengan menggunakan program R. Untuk melakukan Analisis AMMI, pada penelitian ini menggunakan fungsi-fungsi sebagai berikut.

a. `boxplot`, digunakan untuk melihat sebaran data. Pada penelitian ini digunakan untuk mengidentifikasi pencilan. Fungsi `boxplot` sebagai berikut:

```
boxplot(x, ...)
```

b. Fungsi AMMI memerlukan input vektor kode genotip (faktor), vektor kode lingkungan (faktor), vektor kode blok (faktor), vektor hasil (numerik), dan PC. PC adalah banyaknya komponen utama yang harus dipertimbangkan.

- c. `mean`, digunakan untuk mencari rata-rata dari suatu data (objek). Fungsi `mean` dapat ditulis sebagai berikut:

```
Mean (x, ...)
```

- d. `tapply`, untuk menghitung statistik deskriptif, seperti rata-rata genotip, rata-rata lingkungan dan rata-rata genotip  $\times$  lingkungan, yang semuanya tercakup dalam hasil akhir. Fungsi `tapply` yang digunakan sebagai berikut:

```
tapply(y, x, stat = "mean")
```

dimana `y` = variabel, `x` = faktor, `stat` = metode

- e. `factor`, digunakan untuk mengkodekan vektor sebagai faktor. Fungsi `factor` yang digunakan sebagai berikut:

```
factor (x, ...)
```

- f. `anova`, digunakan untuk mengkalkulasi tabel analisis ragam (Analysis of Variance). Fungsinya sebagai berikut:

```
anova(object, ...)
```

- g. `svd`, digunakan untuk menghitung penguraian nilai singular dari suatu matriks. Fungsi `svd` sebagai berikut:

```
svd(x, ...)
```

- h. `RobRSVD`, digunakan untuk menghitung penguraian nilai singular dari suatu matriks dengan metode *Robust*. Fungsinya sebagai berikut:

```
RobRSVD(data, ...)
```

- i. `plot`, digunakan untuk membuat plot dari suatu data. Fungsinya sebagai berikut:

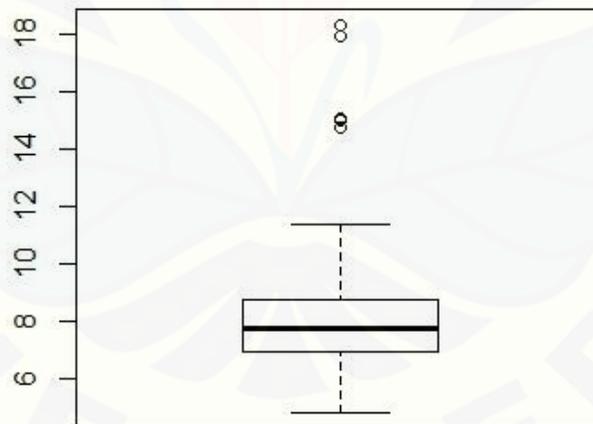
```
plot(x, y, ...)
```

## BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) merupakan salah satu metode statistika yang digunakan untuk mengatasi permasalahan data pencilan pada analisis biplot. Model AMMI yang memanfaatkan *Singular Value Decomposition* (SVD) pada penguraian matriks pengaruh interaksinya rentan terhadap adanya pencilan. Pada penelitian ini akan digunakan metode RSVD untuk penguraian matriks pengaruh interaksi AMMI dengan menggunakan data yang mengandung pencilan dan akan ditampilkan analisis biplotnya.

### 4.1 Identifikasi Pencilan

Identifikasi pencilan pada data dilakukan dengan mengamati *boxplot*, dengan *syntax* pada Lampiran B2.



Gambar 4.1 Boxplot Data dengan Pencilan

Gambar 4.1 menunjukkan bahwa pada *boxplot* terdapat titik-titik yang keluar dari batas atas. Titik-titik tersebut merupakan *outliers*.

## 4.2 Analisis Ragam

Analisis data padi menggunakan model AMMI diawali dengan analisis ragam terhadap respon yang diamati. Analisis ragam model AMMI diperoleh dengan menggunakan program R, dengan *syntax* pada Lampiran B3. Hasil analisis ragam dapat dilihat pada Tabel 4.1 dan Tabel 4.2 berikut.

Tabel 4.1 Analisis Ragam Data Awal (Distribusi Normal)

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
Lingkungan	7	133,418	19,0597	46,6479	0
Genotipe	9	34,087	3,7874	9,2697	0
Blok (Lingkungan)	16	25,475	1,5922	3,8968	0
Lingkungan × Genotipe	63	148,900	2,3635	5,7846	0
Error	144	58,836	0,4086		
Total	239	400,716			

Tabel 4.2 Analisis Ragam Data dengan Pencilan

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
Lingkungan	7	215,94	30,8490	75,5020	0
Genotipe	9	135,28	15,0309	36,7878	0
Blok (Lingkungan)	16	25,47	1,5922	3,8968	0
Lingkungan × Genotipe	63	386,20	6,1302	15,0033	0
Error	144	58,84	0,4086		
Total	239	821,73			

Dari Tabel 4.1 dan Tabel 4.2 dapat dilihat bahwa *p-value* untuk pengaruh utama genotipe dan lingkungan kurang dari  $\alpha = 0,05$  yang berarti pengaruh utama genotipe maupun pengaruh utama lingkungan sangat nyata. Hal ini menunjukkan bahwa paling sedikit ada satu genotipe yang memberikan respon berbeda dari genotipe yang lain dan juga menunjukkan bahwa paling sedikit ada satu lingkungan

yang memberikan respon berbeda dari lingkungan yang lain. Jika dilihat dari kontribusi keragaman yang diberikan oleh masing-masing pengaruh berdasarkan jumlah kuadratnya, baik pada Tabel 4.1 maupun Tabel 4.2, pengaruh interaksi genotipe  $\times$  lingkungan menyumbang keragaman terbesar. Kemudian diikuti oleh keragaman pengaruh lingkungan. Sedangkan genotipe memberikan kontribusi keragaman terkecil. Hal ini menunjukkan bahwa tingkat daya hasil tanaman padi tergantung pada interaksi genotipe  $\times$  lingkungan.

Pengaruh penambahan pencilan pada data yaitu Jumlah Kuadrat (JK), Kuadrat Tengah (KT), dan F-hitung dari komponen genotipe, lingkungan, dan interaksi genotipe  $\times$  lingkungan meningkat, dan Jumlah Kuadrat Total (JKT) juga meningkat. Dari *p-value* Tabel 4.1 dan 4.2 terlihat bahwa pencilan dalam interaksi tidak terdeteksi oleh kesimpulan analisis ragam tentang signifikansi faktor genotipe, lingkungan dan interaksi genotipe  $\times$  lingkungan, oleh karena itu dibutuhkan analisis lebih lanjut yang dapat mengidentifikasi adanya pencilan. Jika dilihat dari *p-value* untuk interaksi antara genotipe dengan lingkungan yang kurang dari  $\alpha = 0,05$  maka pengaruh interaksi tersebut sangat nyata, sehingga dapat dilakukan analisis AMMI.

#### 4.3 Analisis Komponen Utama AMMI

Analisis komponen utama menggunakan SVD dan RSVD masing-masing dapat diperoleh dengan *syntax* pada Lampiran B4 dan Lampiran B5. Analisis Komponen Utama pada matriks pengaruh interaksi akan menghasilkan Komponen Utama Interaksi (KUI). Hasil yang diperoleh yaitu Model AMMI menggunakan SVD menghasilkan 3 KUI yang nyata pada taraf  $\alpha = 0,05$ . Sedangkan pada Model AMMI menggunakan RSVD menghasilkan 2 KUI. Hal ini menunjukkan bahwa hasil tanaman padi dapat diterangkan dengan menggunakan model AMMI3 untuk SVD dan model AMMI2 untuk RSVD. Analisis KUI dapat dilihat pada Tabel 4.3 dan Tabel 4.4 berikut.

Tabel 4.3 Analisis Komponen Utama dengan SVD

KUI	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
KUI 1	15	293,39733	19,55982	47,87204	<0,0001
KUI 2	13	45,87507	3,52885	8,63675	<0,0001
KUI 3	11	39,04340	3,54940	8,68704	<0,0001

Tabel 4.4 Analisis Komponen Utama dengan RSVD

KUI	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
KUI 1	15	45,87507	3,05834	7,48518	<0,0001
KUI 2	13	39,04340	3,00334	7,35057	<0,0001

Tabel 4.3 dan Tabel 4.4 menunjukkan bahwa terdapat pencilan mengubah penjelasan interaksi melalui KUI (Komponen Utama Interaksi).

Penguraian matriks pengaruh interaksi menggunakan SVD menghasilkan 7 Komponen Utama Interaksi (KUI). Sedangkan dengan menggunakan RSVD menghasilkan 6 KUI. Akar ciri masing-masing KUI dan kontribusi keragaman yang diberikan oleh masing-masing komponen dapat dilihat pada Tabel 4.5 dan Tabel 4.6 berikut.

Tabel 4.5 Analisis Keragaman Komponen Utama dengan SVD

Komponen Utama	Akar Ciri	Kontribusi Keragaman (%)	Kontribusi Keragaman Kumulatif (%)
KUI 1	97,79911	75,97	75,97
KUI 2	15,29169	11,88	87,85
KUI 3	13,01447	10,11	97,96
KUI 4	1,48294	1,15	99,11
KUI 5	0,80579	0,63	99,74
KUI 6	0,29589	0,23	99,97
KUI 7	0,04327	0,03	100

Tabel 4.6 Analisis Keragaman Komponen Utama dengan RSVD

Komponen Utama	Akar Ciri	Kontribusi Keragaman (%)	Kontribusi Keragaman Kumulatif (%)
KUI 1	15,29169	49,43	49,43
KUI 2	13,01447	42,07	91,50
KUI 3	1,48294	4,79	96,29
KUI 4	0,80579	2,61	98,90
KUI 5	0,29589	0,96	99,86
KUI 6	0,04327	0,14	100

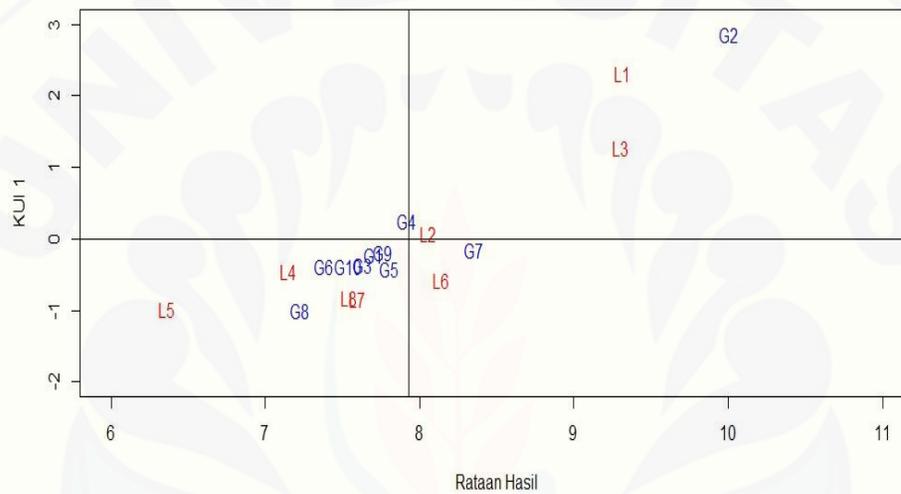
Dari analisis ragam Tabel 4.2 diketahui bahwa kuadrat tengah pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan sebesar 6,1302. Kontribusi keragaman KUI 1 dan KUI 2 dengan SVD sebesar 87,85% dari kuadrat tengah interaksi genotipe dengan lingkungan. Sedangkan kontribusi keragaman KUI 1 dan KUI 2 dengan RSVD sebesar 91,50% dari kuadrat tengah interaksi genotipe dengan lingkungan.

#### 4.4 Analisis Biplot AMMI

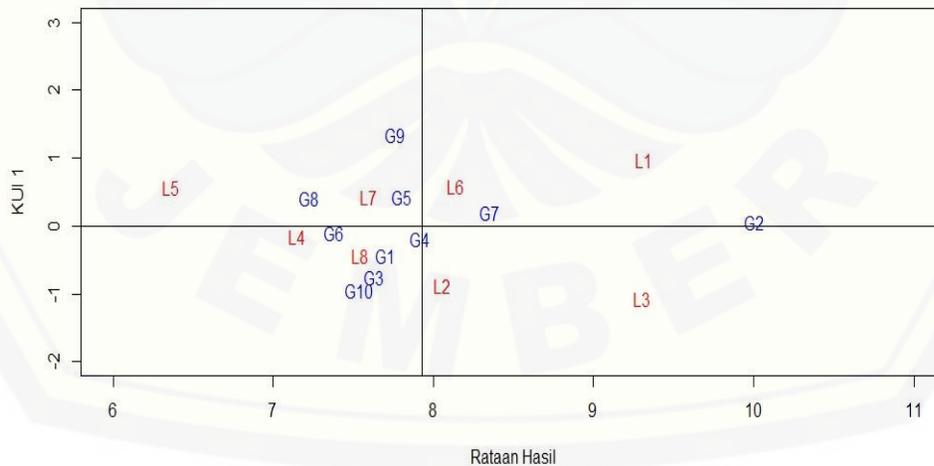
*Syntax* biplot AMMI1 dan AMMI2 masing-masing dapat dilihat pada Lampiran B6 dan B7. Biplot antara KUI 1 dengan rata-rata hasil disebut sebagai biplot AMMI1 merupakan tampilan grafis yang meringkas informasi pengaruh utama genotipe dan lingkungan yaitu pada sumbu rata-rata dan pengaruh interaksi genotipe 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, dalam Novianti 2010).

Biplot AMMI1 (Gambar 4.2 dan Gambar 4.3) menunjukkan bahwa G8 memiliki rata-rata hasil padi yang paling rendah dan G2 memiliki rata-rata hasil yang

paling tinggi. Pada Gambar 4.2 terlihat bahwa G3, G5, G6, dan G10 mempunyai pengaruh interaksi yang sama, namun hasil panen berbeda. G1 dan G9 mempunyai rata-rata hasil padi dan interaksi yang sama. Sedangkan pada Gambar 4.3 terlihat bahwa G5 dan G8 mempunyai hasil panen yang berbeda tetapi mempunyai pengaruh interaksi yang sama, begitu pula dengan G6 dan G4. Dari Gambar 4.1 dan Gambar 4.2 terlihat bahwa penambahan penciran tidak mengubah rata-rata hasil, hanya mengubah arah interaksi.

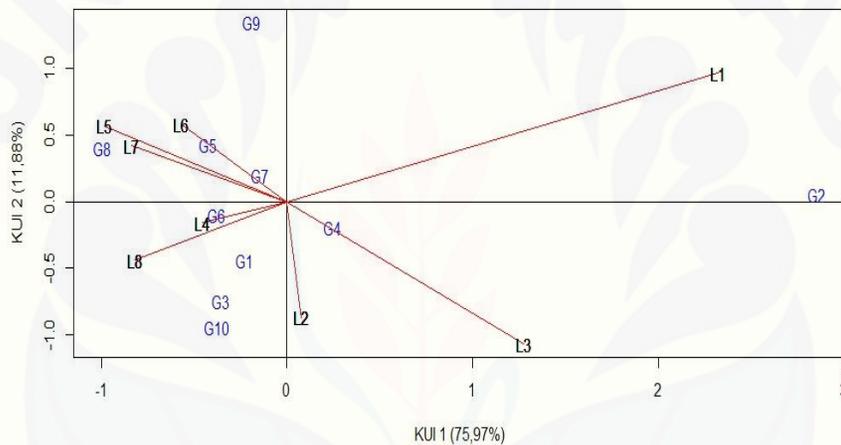


Gambar 4.2 Biplot AMMI1 dengan SVD

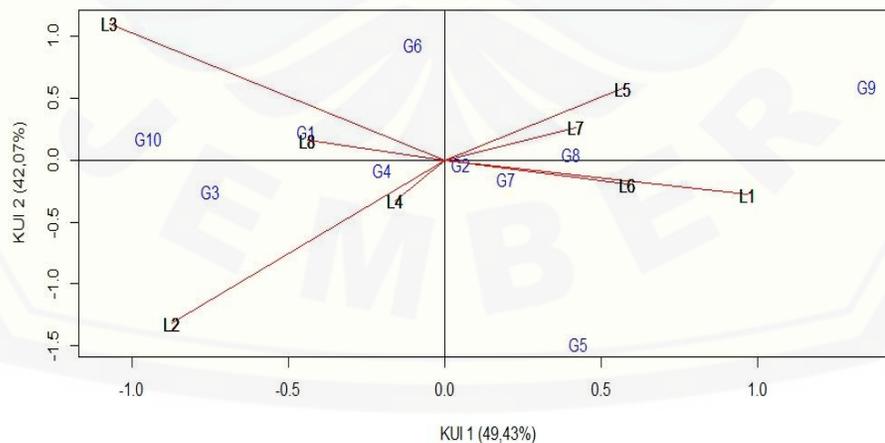


Gambar 4.3 Biplot AMMI1 dengan RSVD

Biplot AMMI2 merupakan plot antara KUI 1 dan KUI 2. Gambar 4.4 menunjukkan hasil plot ini dapat menggambarkan keragaman interaksi sebesar 87,85%, masing-masing KUI 1 sebesar 75,97% dan KUI 2 sebesar 11,88%. Menurut Kasno *et al* (2007), galur atau genotipe yang stabil berada disekitar titik pusat dan genotipe spesifik berada disekitar lengan yang beradaptasi baik pada lingkungan yang ditunjuk oleh lengan tersebut, atau berinteraksi positif dengan lingkungan yang bersangkutan. Interaksi negatif ditunjukkan oleh kebalikan lengan. Makin dekat jarak lingkungan dengan genotipe, atau semakin kecil sudut diantara keduanya maka makin kuat interaksinya.



Gambar 4.4 Biplot AMMI2 dengan SVD



Gambar 4.5 Biplot AMMI2 dengan RSVD

Dari biplot AMMI2 (Gambar 4.4) terlihat bahwa G4 dan G7 paling dekat dengan titik pusat, sehingga kedua genotipe tersebut stabil untuk semua lingkungan. Sedangkan G2 ditarik jauh oleh L1, karena G2 merupakan pencilan pada L1. Genotipe-genotipe yang berinteraksi spesifik dengan lingkungan tertentu yaitu, G5 dan G7 dengan L6, G6 dengan L4, G4 dengan L3, dan G8 dengan L7, G1 dengan L8. Jika dilihat dari sisi lingkungan, maka lingkungan yang memiliki keragaman terbesar adalah L1 yang menunjukkan bahwa lingkungan tersebut berinteraksi spesifik dengan genotipe tertentu yaitu hanya berinteraksi dengan G2. Sedangkan L4 memiliki keragaman yang relatif kecil, hal ini berarti semua genotipe dapat tumbuh dengan baik jika ditanam pada lingkungan tersebut.

Biplot AMMI2 (Gambar 4.5) menggambarkan keragaman interaksi sebesar 91,50%, masing-masing 49,43% untuk KUI 1 dan 42,07% untuk KUI 2. Dari biplot AMMI2 (Gambar 4.5) terlihat bahwa G2 adalah genotipe paling stabil untuk semua lingkungan, diikuti dengan G4 dan G7 yang relatif stabil. Beberapa genotipe yang berinteraksi positif dengan lingkungan yaitu G1 dan G10 dengan L8, G8 dengan L7. Lingkungan yang paling stabil dari Gambar 4.4 adalah L4, ini berarti bahwa hampir semua genotipe dapat beradaptasi dengan baik pada lingkungan tersebut.

Tabel 4.7 Perbandingan Klasifikasi Kestabilan

	Pencilan	SVD	RSVD
G1	Tidak	L8	L8
G2	Ya	L1	Stabil
G3	Tidak	L2	L2
G4	Tidak	Stabil	Stabil
G5	Tidak	L6	L6
G6	Tidak	L8	L3
G7	Tidak	Stabil	Stabil
G8	Tidak	L7	L7
G9	Tidak	L6	L7
G10	Tidak	L2	L8

G2 berinteraksi spesifik dengan L1 pada AMMI yang menggunakan SVD, setelah digunakan metode RSVD G2 menjadil genotipe yang paling stabil. Hal ini menunjukkan bahwa metode RSVD lebih tepat untuk data yang mengandung pencilan. Sedangkan genotipe yang tidak terdapat pencilan kondisi kestabilannya sebagian besar relatif tetap.

#### 4.5 Analisis AMMI dengan Data Pencilan pada Beberapa Genotipe

Pada subbab 4.5 ini pencilan yang diberikan sebesar 7,5%, dari yang awalnya hanya 2,5%. Analisis ragam dapat dilihat pada Lampiran C. Analisis Komponen Utama menggunakan SVD menghasilkan 4 KUI yang nyata pada taraf  $\alpha = 0,05$ . Sedangkan yang menggunakan RSVD menghasilkan 3 KUI. Analisis Komponen Utamanya dapat dilihat pada Tabel 4.8 dan Tabel 4.9 berikut:

Tabel 4.8 Analisis Komponen Utama dengan SVD

KUI	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
KUI 1	15	436,083776	29,072252	71,153411	<0,0001
KUI 2	13	179,347852	13,795989	33,765243	<0,0001
KUI 3	11	39,178540	3,561685	8,717112	<0,0001
KUI 4	9	10,202538	1,133615	2,774487	0,005

Tabel 4.9 Analisis Komponen Utama dengan RSVD

KUI	DB	JK	KT	F-hitung	<i>p-value</i>
KUI 1	15	179,3479	11,9565	71,153411	<0,0001
KUI 2	13	39,1785	3,0137	33,765243	<0,0001
KUI 3	11	1,0202	0,9275	8,717112	0,0139

Penguraian matriks pengaruh interaksi menggunakan SVD menghasilkan 7 Komponen Utama Interaksi (KUI). Sedangkan dengan menggunakan RSVD menghasilkan 6 KUI. Akar ciri masing-masing KUI dan kontribusi keragaman yang

diberikan oleh masing-masing komponen dapat dilihat pada Tabel 4.10 dan Tabel 4.11 berikut.

Tabel 4.10 Analisis Keragaman Komponen Utama dengan SVD

Komponen Utama	Akar Ciri	Kontribusi Keragaman (%)	Kontribusi Keragaman Kumulatif (%)
KUI 1	145,3613	65,08	65,08
KUI 2	59,78262	26,77	91,85
KUI 3	13,05951	5,85	97,70
KUI 4	3,400846	1,52	99,22
KUI 5	1,066093	0,48	99,70
KUI 6	0,387432	0,17	99,87
KUI 7	0,300449	0,13	100

Tabel 4.11 Analisis Keragaman Komponen Utama dengan RSVD

Komponen Utama	Akar Ciri	Kontribusi Keragaman (%)	Kontribusi Keragaman Kumulatif (%)
KUI 1	59,78262	76,65	76,65
KUI 2	13,05951	16,74	93,39
KUI 3	3,400846	4,36	97,75
KUI 4	1,066093	1,37	99,12
KUI 5	0,387432	0,50	99,62
KUI 6	0,300449	0,38	100

Dari analisis ragam Lampiran C diketahui bahwa kuadrat tengah pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan sebesar 10,636. Kontribusi keragaman KUI 1 dan KUI 2 dengan SVD sebesar 91,85% dari kuadrat tengah interaksi genotipe dengan lingkungan. Sedangkan kontribusi keragaman KUI 1 dan KUI 2 dengan RSVD sebesar 93,39% dari kuadrat tengah interaksi genotipe dengan lingkungan.

Dari Tabel 4.5 (pencilan 2,5%) dan Tabel 4.10 (pencilan 7,5%) diketahui bahwa kontribusi keragaman KUI 1 dan KUI 2 dengan SVD dari 87,85% menjadi 91,85%. Sedangkan dengan RSVD kontribusi keragamannya dari 91,85% menjadi 93,39%. Terdapat indikasi bahwa semakin banyak pencilan RSVD tetap memberikan hasil yang lebih baik dalam menjelaskan matriks interaksi, tetapi makin menurun efektifitasnya.

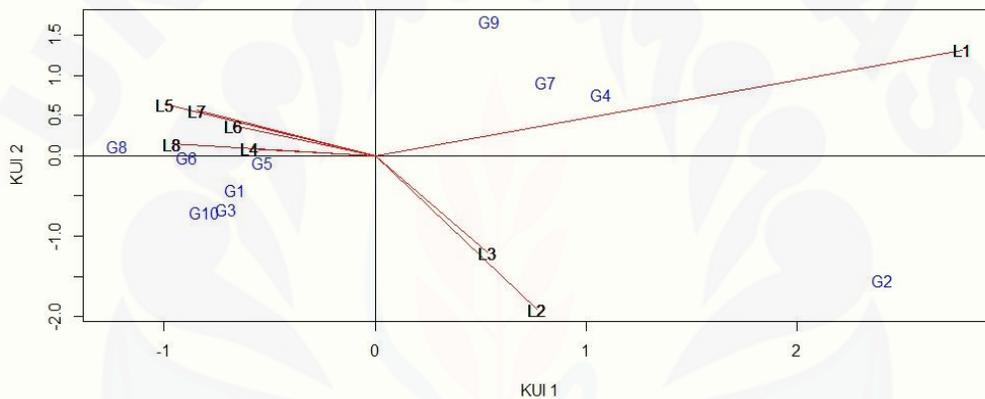
Hasil Biplot AMMI2 yang mengandung pencilan 7,5% disajikan pada Gambar 4.6 untuk AMMI SVD dan Gambar 4.7 untuk AMMI RSVD. Pada Biplot Gambar 4.6, menggambarkan keragaman interaksi sebesar 91,85%, sedangkan pada Biplot Gambar 4.7 sebesar 93,39%. Hal ini menunjukkan bahwa untuk data yang mengandung pencilan Biplot dengan RSVD lebih baik daripada Biplot dengan SVD.

Tabel 4.12 Perbandingan Klasifikasi Kestabilan Genotipe dengan Data Pencilan pada Beberapa Genotipe

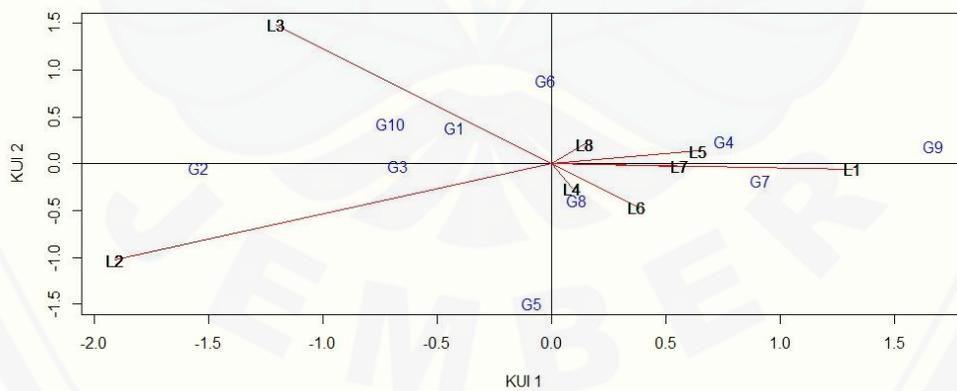
	Pencilan	SVD	RSVD
G1	Tidak	L4, L8	L3, L4, L8
G2	Ya	L2, L3	L2, L4, L8
G3	Tidak	L4, L8	L2, L4, L8
G4	Ya	L1	L5, L4, L8
G5	Tidak	Stabil	L2, L4, L8
G6	Tidak	L4, L8	L4, L8
G7	Ya	L1	L1, L7, L4, L8
G8	Tidak	L4, L8	Stabil
G9	Ya	L1	L1, L7, L5, L4, L8
G10	Tidak	L4, L8	L3, L4, L8

Dari Tabel 4.7 dapat dilihat bahwa genotipe yang mengandung pencilan adalah G2, G4, G7 dan G9. Menggunakan SVD diperoleh genotipe yang paling stabil

adalah G5, untuk genotipe yang berinteraksi dengan lingkungan spesifik yaitu G1, G3, G6, G8 dan G10 dengan L4 dan L8; G2 dengan L2 dan L3; G4, G7 dan G9 dengan L1. Sedangkan pada Gambar 4.7 yang menggunakan RSVD, genotipe yang paling stabil adalah G8 dan lingkungan yang paling stabil adalah L4 dan L8, sehingga semua genotipe mampu tumbuh dengan baik pada lingkungan tersebut. Genotipe yang berinteraksi dengan lingkungan spesifik adalah G2, G3 dan G5 dengan L2; G1 dan G10 dengan L3; G7 dan G9 dengan L1; G4 dengan L5. Dari penjelasan tersebut dapat dibuat tabel perbandingan kestabilan genotipe dan lingkungan.



Gambar 4.6 Biplot AMMI2 dengan SVD Data Pencilan pada Beberapa Genotipe



Gambar 4.7 Biplot AMMI2 dengan RSVD Data Pencilan pada Beberapa Genotipe

## BAB 5. PENUTUP

### 5.1 Kesimpulan

Adapun kesimpulan yang dapat diambil dari hasil dan pembahasan analisis kedua model AMMI sebagai berikut.

- a. Analisis Ragam (ANOVA) pada data awal (berdistribusi normal) dan data dengan pencilan menunjukkan bahwa penambahan pencilan pada matriks pengaruh interaksi menyebabkan komponen interaksi genotipe dengan lingkungan meningkat, sehingga jumlah kuadrat totalnya juga meningkat. Akan tetapi kesimpulan ANOVA tentang signifikansi faktor genotipe, lingkungan, dan interaksi genotipe dengan lingkungan tidak mendeteksi adanya pencilan. Oleh karena itu, dibutuhkan analisis lain yang dapat mendeteksi adanya pencilan.
- b. Adanya pencilan mengubah penjelasan interaksi melalui Komponen Utama Interaksi (KUI). Analisis komponen utama dengan pencilan memiliki KUI lebih banyak, setelah dilakukan metode *robust* KUI akan tereduksi menjadi lebih sedikit.
- c. Hasil analisis biplot AMMI dengan *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) lebih sesuai untuk data yang mengandung pencilan dibandingkan analisis biplot AMMI dengan *Singular Value Decomposition* (SVD). Pencilan yang hanya ada pada satu genotipe biplot AMMI2 SVD memberikan informasi pengaruh interaksi sebesar 87,85%, dan biplot AMMI2 RSVD sebesar 91,50%. Sedangkan pencilan pada beberapa genotipe biplot AMMI2 SVD memberikan informasi pengaruh interaksi sebesar 91,85%, dan biplot AMMI2 RSVD sebesar 93,39%.
- d. Analisis biplot AMMI2 SVD menunjukkan bahwa G2 berinteraksi spesifik dengan L1. G4 dan G7 adalah genotip yang paling stabil. Sedangkan pada

analisis biplot AMMI2 RSVD menunjukkan bahwa G2 adalah genotip paling stabil, G4 dan G7 genotip yang relatif stabil.

### 5.2 Saran

Terdapat indikasi bahwa semakin banyak pencilan RSVD tetap memberikan hasil yang lebih baik dalam menjelaskan matriks interaksi, tetapi makin menurun efektifitasnya. Saran untuk penelitian selanjutnya yaitu perlu *setting* simulasi pencilan yang lebih detail untuk memeriksa sampai berapa pencilan RSVD tetap memberikan hasil yang lebih baik.

**DAFTAR PUSTAKA**

- Badiroh, U. 2014. "Pemetaan Minat Calon Mahasiswa Baru Universitas Jember Tahun 2013 Menggunakan Analisis Biplot *Robust Singular Value Decomposition (RSVD)*". Tidak Diterbitkan. Skripsi. Jember: Program Studi Matematika FMIPA Universitas Jember.
- Hadi, A. F., dan Sa'diyah, H. 2004. Model Ammi untuk Analisis Interaksi Genotipa  $\times$  Lokasi (AMMI Model for Genotype  $\times$  Environmental Interaction Analysis). *Jurnal ILMU DASAR*, Vol. 5(1) : 33-41.
- Hawkins, D. M., Liu, Li., Dan Young, S. S. 2001. *Robust Singular Value Decomposition*. National Institute Of Statistical Science: Technical Report Number 122.
- Jaya, I. G. N. M, dan Hadi, A. F. 2008. Analisis AMMI untuk Stabilitas Hasil Jagung. *BIAStatistika*, Vol. 2(2) : 1-13.
- Kasno, Trustina, Purnomo, dan Swasono. 2007. Interaksi Genotipe dengan Lingkungan dan Implikasinya dalam Pemilihan Galur Harapan Kacang Tanah. *Majalah penelitian pertanian tanaman pangan*, Vol. 26 (3): 163-167.
- Kriegel, Kroeger, Zimek. 2010. *Outlier Detection Techniques*. Munich : University Munchen.
- Mattjik, A. A. 1998. Aplikasi Analisis Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UAIG) pada Data Simulasi. ISSN 0853 – 8115. *Forum Statistika dan Komputasi*, Vol. 3(1): 20-26.
- Mattjik, A. A, dan Sumertajaya, I. M. 2011. *Sidik Peubah Ganda dengan Menggunakan SAS*. Edisi Pertama. Bogor: IPB Press.
- Mattjik, Sumertajaya, Hadi, dan Wijaya. 2011. *Pemodelan Additive Main-effect & Multiplicative Interaction (AMMI) : Kini dan yang akan Datang*. Edisi Pertama. Bogor: IPB Press.

- Novianti, Mattjik, dan Sumertajaya. 2010. Pendugaan Kestabilan Genotipe pada Model AMMI Menggunakan Metode Resampling Bootstrap. *Forum Statistika dan Komputasi*, Vol. **15** (1): 28-35.
- Nur, Isnaeni, Iriany, dan Takdir. 2007. Stabilitas Komponen Hasil sebagai Indikator Stabilitas Hasil Genotipe Jagung Hibrida. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*, Vol. **26** (2).
- Trustinah dan Iswanto, R. 2013. Pengaruh Interaksi Genotipe dan Lingkungan terhadap Hasil Kacang Hijau. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan*, Vol. **32** (1).
- Warsito. 2009. *Biplot Dengan Dekomposisi Nilai Singular Biasa Dan Kekar Untuk Pemetaan Provinsi Berdasarkan Prestasi Mahasiswa IPB*. Tidak Diterbitkan. Tesis. Bogor: Program Pasca Sarjana Institut Pertanian Bogor.
- Yitnosumarto, S. 1993. *Percobaan Perancangan, Analisis, dan Interpretasinya*. Jakarta: Gramedia Pustaka Utama.

## DAFTAR LAMPIRAN

## Lampiran A. Data Penelitian

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotipe	Data Awal	Data Simulasi
1	L1	1	G1	7,701	7,701
<b>2</b>	<b>L1</b>	<b>1</b>	<b>G2</b>	<b>10,706</b>	<b>17,937</b>
3	L1	1	G3	7,946	7,946
4	L1	1	G4	9,824	9,824
5	L1	1	G5	9,239	9,239
6	L1	1	G6	7,580	7,580
7	L1	1	G7	9,546	9,546
8	L1	1	G8	6,291	6,291
9	L1	1	G9	9,908	9,908
10	L1	1	G10	6,307	6,307
11	L1	2	G1	7,520	7,520
<b>12</b>	<b>L1</b>	<b>2</b>	<b>G2</b>	<b>10,715</b>	<b>17,946</b>
13	L1	2	G3	6,871	6,871
14	L1	2	G4	9,920	9,920
15	L1	2	G5	9,228	9,228
16	L1	2	G6	7,561	7,561
17	L1	2	G7	9,969	9,969
18	L1	2	G8	6,854	6,854
19	L1	2	G9	9,749	9,749
20	L1	2	G10	7,844	7,844
21	L1	3	G1	8,792	8,792
<b>22</b>	<b>L1</b>	<b>3</b>	<b>G2</b>	<b>11,076</b>	<b>18,307</b>
23	L1	3	G3	7,780	7,780
24	L1	3	G4	9,577	9,577
25	L1	3	G5	8,541	8,541
26	L1	3	G6	7,399	7,399
27	L1	3	G7	9,467	9,467
28	L1	3	G8	6,954	6,954
29	L1	3	G9	9,857	9,857
30	L1	3	G10	7,071	7,071
31	L2	1	G1	7,942	7,942
32	L2	1	G2	9,734	9,734
33	L2	1	G3	8,724	8,724
34	L2	1	G4	7,852	7,852

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
35	L2	1	G5	8,989	8,989
36	L2	1	G6	5,597	5,597
37	L2	1	G7	9,302	9,302
38	L2	1	G8	7,482	7,482
39	L2	1	G9	5,759	5,759
40	L2	1	G10	8,203	8,203
41	L2	2	G1	7,732	7,732
42	L2	2	G2	11,383	11,383
43	L2	2	G3	8,804	8,804
44	L2	2	G4	7,702	7,702
45	L2	2	G5	9,580	9,580
46	L2	2	G6	7,436	7,436
47	L2	2	G7	7,037	7,037
48	L2	2	G8	6,592	6,592
49	L2	2	G9	5,926	5,926
50	L2	2	G10	8,838	8,838
51	L2	3	G1	8,318	8,318
52	L2	3	G2	10,204	10,204
53	L2	3	G3	8,901	8,901
54	L2	3	G4	8,428	8,428
55	L2	3	G5	9,544	9,544
56	L2	3	G6	5,494	5,494
57	L2	3	G7	9,446	9,446
58	L2	3	G8	7,184	7,184
59	L2	3	G9	5,955	5,955
60	L2	3	G10	7,624	7,624
61	L3	1	G1	9,427	9,427
<b>62</b>	<b>L3</b>	<b>1</b>	<b>G2</b>	<b>10,140</b>	<b>14,983</b>
63	L3	1	G3	8,734	8,734
64	L3	1	G4	9,368	9,368
65	L3	1	G5	5,746	5,746
66	L3	1	G6	9,162	9,162
67	L3	1	G7	8,355	8,355
68	L3	1	G8	7,644	7,644
69	L3	1	G9	7,455	7,455
70	L3	1	G10	9,446	9,446
71	L3	2	G1	8,895	8,895
<b>72</b>	<b>L3</b>	<b>2</b>	<b>G2</b>	<b>9,885</b>	<b>14,728</b>

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
73	L3	2	G3	8,471	8,471
74	L3	2	G4	9,347	9,347
75	L3	2	G5	6,058	6,058
76	L3	2	G6	8,717	8,717
77	L3	2	G7	8,864	8,864
78	L3	2	G8	6,294	6,294
79	L3	2	G9	7,518	7,518
80	L3	2	G10	9,014	9,014
81	L3	3	G1	10,406	10,406
<b>82</b>	<b>L3</b>	<b>3</b>	<b>G2</b>	<b>10,228</b>	<b>15,071</b>
83	L3	3	G3	9,980	9,980
84	L3	3	G4	10,235	10,235
85	L3	3	G5	7,896	7,896
86	L3	3	G6	10,436	10,436
87	L3	3	G7	10,135	10,135
88	L3	3	G8	6,847	6,847
89	L3	3	G9	9,346	9,346
90	L3	3	G10	10,396	10,396
91	L4	1	G1	7,519	7,519
92	L4	1	G2	7,885	7,885
93	L4	1	G3	8,088	8,088
94	L4	1	G4	8,034	8,034
95	L4	1	G5	8,956	8,956
96	L4	1	G6	7,310	7,310
97	L4	1	G7	7,765	7,765
98	L4	1	G8	6,955	6,955
99	L4	1	G9	8,960	8,960
100	L4	1	G10	8,420	8,420
101	L4	2	G1	6,640	6,640
102	L4	2	G2	7,248	7,248
102	L4	2	G3	7,508	7,508
104	L4	2	G4	7,267	7,267
105	L4	2	G5	7,078	7,078
106	L4	2	G6	6,277	6,277
107	L4	2	G7	7,687	7,687
108	L4	2	G8	6,112	6,112
109	L4	2	G9	6,778	6,778
110	L4	2	G10	7,307	7,307

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
111	L4	3	G1	6,046	6,046
112	L4	3	G2	8,186	8,186
113	L4	3	G3	6,174	6,174
114	L4	3	G4	7,018	7,018
115	L4	3	G5	6,987	6,987
116	L4	3	G6	5,771	5,771
117	L4	3	G7	7,347	7,347
118	L4	3	G8	6,061	6,061
119	L4	3	G9	5,056	5,056
120	L4	3	G10	6,021	6,021
121	L5	1	G1	5,914	5,914
122	L5	1	G2	5,509	5,509
123	L5	1	G3	6,469	6,469
124	L5	1	G4	6,019	6,019
125	L5	1	G5	4,928	4,928
126	L5	1	G6	6,984	6,984
127	L5	1	G7	6,082	6,082
128	L5	1	G8	6,961	6,961
129	L5	1	G9	8,298	8,298
130	L5	1	G10	5,159	5,159
131	L5	2	G1	6,736	6,736
132	L5	2	G2	5,420	5,420
133	L5	2	G3	5,485	5,485
134	L5	2	G4	4,821	4,821
135	L5	2	G5	6,042	6,042
136	L5	2	G6	6,792	6,792
137	L5	2	G7	7,438	7,438
138	L5	2	G8	7,742	7,742
139	L5	2	G9	7,587	7,587
140	L5	2	G10	6,332	6,332
141	L5	3	G1	6,487	6,487
142	L5	3	G2	6,367	6,367
143	L5	3	G3	6,468	6,468
144	L5	3	G4	5,103	5,103
145	L5	3	G5	6,608	6,608
146	L5	3	G6	5,291	5,291
147	L5	3	G7	8,049	8,049
148	L5	3	G8	6,562	6,562

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
149	L5	3	G9	6,830	6,830
150	L5	3	G10	6,295	6,295
151	L6	1	G1	9,207	9,207
152	L6	1	G2	8,813	8,813
153	L6	1	G3	8,626	8,626
154	L6	1	G4	9,050	9,050
155	L6	1	G5	9,245	9,245
156	L6	1	G6	6,629	6,629
157	L6	1	G7	9,321	9,321
158	L6	1	G8	8,202	8,202
159	L6	1	G9	8,985	8,985
160	L6	1	G10	7,375	7,375
161	L6	2	G1	8,428	8,428
162	L6	2	G2	8,812	8,812
163	L6	2	G3	7,475	7,475
164	L6	2	G4	6,704	6,704
165	L6	2	G5	9,267	9,267
166	L6	2	G6	8,846	8,846
167	L6	2	G7	7,769	7,769
168	L6	2	G8	7,945	7,945
169	L6	2	G9	8,106	8,106
170	L6	2	G10	7,275	7,275
171	L6	3	G1	6,589	6,589
172	L6	3	G2	8,173	8,173
173	L6	3	G3	6,342	6,342
174	L6	3	G4	7,881	7,881
175	L6	3	G5	8,622	8,622
176	L6	3	G6	8,391	8,391
177	L6	3	G7	8,683	8,683
178	L6	3	G8	8,050	8,050
179	L6	3	G9	8,721	8,721
180	L6	3	G10	6,673	6,673
181	L7	1	G1	6,478	6,478
182	L7	1	G2	7,725	7,725
183	L7	1	G3	7,141	7,141
184	L7	1	G4	7,104	7,104
185	L7	1	G5	8,002	8,002
186	L7	1	G6	6,375	6,375

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
187	L7	1	G7	7,830	7,830
188	L7	1	G8	8,747	8,747
189	L7	1	G9	8,781	8,781
190	L7	1	G10	8,245	8,245
191	L7	2	G1	7,739	7,739
192	L7	2	G2	6,804	6,804
193	L7	2	G3	7,823	7,823
194	L7	2	G4	7,285	7,285
195	L7	2	G5	7,055	7,055
196	L7	2	G6	7,178	7,178
197	L7	2	G7	8,302	8,302
198	L7	2	G8	7,706	7,706
199	L7	2	G9	7,773	7,773
200	L7	2	G10	6,074	6,074
201	L7	3	G1	7,267	7,267
202	L7	3	G2	7,354	7,354
203	L7	3	G3	6,319	6,319
204	L7	3	G4	8,300	8,300
205	L7	3	G5	7,517	7,517
206	L7	3	G6	8,745	8,745
207	L7	3	G7	8,204	8,204
208	L7	3	G8	7,789	7,789
209	L7	3	G9	8,364	8,364
210	L7	3	G10	7,737	7,737
211	L8	1	G1	7,624	7,624
212	L8	1	G2	6,852	6,852
213	L8	1	G3	7,874	7,874
214	L8	1	G4	7,137	7,137
215	L8	1	G5	6,932	6,932
216	L8	1	G6	7,931	7,931
217	L8	1	G7	7,994	7,994
218	L8	1	G8	7,027	7,027
219	L8	1	G9	7,363	7,363
220	L8	1	G10	7,969	7,969
221	L8	2	G1	7,495	7,495
222	L8	2	G2	7,064	7,064
223	L8	2	G3	8,194	8,194
224	L8	2	G4	8,063	8,063

No.	Lingkungan	Ulangan	Genotip	Data Awal	Data Simulasi
225	L8	2	G5	7,698	7,698
226	L8	2	G6	7,945	7,945
227	L8	2	G7	7,886	7,886
228	L8	2	G8	7,256	7,256
229	L8	2	G9	6,079	6,079
230	L8	2	G10	7,649	7,649
231	L8	3	G1	7,969	7,969
232	L8	3	G2	7,688	7,688
233	L8	3	G3	6,960	6,960
234	L8	3	G4	8,015	8,015
235	L8	3	G5	7,539	7,539
236	L8	3	G6	7,269	7,269
237	L8	3	G7	7,960	7,960
238	L8	3	G8	8,140	8,140
239	L8	3	G9	7,158	7,158
240	L8	3	G10	7,543	7,543

## Lampiran B. *Syntax* Program R dan Hasil Keluaran

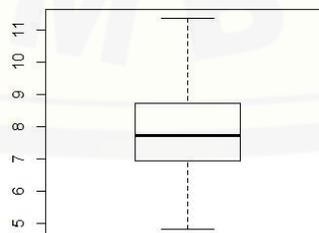
### Lampiran B1. *Syntax* Membangkitkan Data

```
data(data2)
PC=7 # banyaknya komponen utama
N<-nrow(data2) # banyaknya data
envir<-data2[1:N,1] # lingkungan
block<-data2[1:N,2] # ulangan
variety<-data2[1:N,3] # genotipe
yield<-data2[1:N,4] # data awal
yield.out<-data2[1:N,5] # data dengan pencilan 2,5%
```

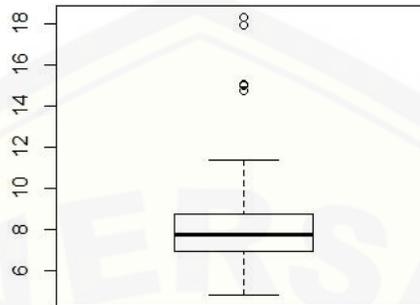
### Lampiran B2. *Syntax* Identifikasi Pencilan

```
library(car)
boxplot(yield, main="Boxplot Data Awal")
```

**Boxplot Data Awal**



```
boxplot(yield.out, main="Boxplot Data dengan Pencilan")
Boxplot Data dengan Pencilan
```



### Lampiran B3. Syntax Analisis Ragam (ANOVA)

```
variety<-factor(variety)
envir<-factor(envir)
block<-factor(block)

## ANOVA data awal
add.anova<-anova(lm(yield ~ envir + block%in%envir + variety +
variety:envir))
add.anova
Analysis of Variance Table

Response: yield
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
envir    7 133.418  19.0597  46.6479 < 2.2e-16 ***
variety   9  34.087   3.7874   9.2697 5.050e-11 ***
envir:block 16  25.475   1.5922   3.8968 4.769e-06 ***
envir:variety 63 148.900   2.3635   5.7846 < 2.2e-16 ***
Residuals 144  58.836   0.4086
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## ANOVA data dengan pencilan
add.anova2<-anova(lm(yield.out ~ envir + block%in%envir +
variety + variety:envir))
add.anova2
Analysis of Variance Table

Response: yield.out
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
envir    7 215.94 30.8490 75.5020 < 2.2e-16 ***
variety   9 135.28 15.0309 36.7878 < 2.2e-16 ***
envir:block 16  25.47   1.5922   3.8968 4.769e-06 ***
envir:variety 63 386.20   6.1302 15.0033 < 2.2e-16 ***
Residuals 144  58.84   0.4086
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

**Lampiran B4. Syntax Analisis Komponen Utama Menggunakan SVD**

```

## Statistika Deskriptif
overall.mean<-mean(yield.out)
envir.mean<-tapply(yield.out,envir,mean)
var.mean<-tapply(yield.out,variety,mean)
int.mean<-tapply(yield.out,list(variety,envir),mean)
envir.num<-length(envir.mean)
var.num<-length(var.mean)

## Mengkalkulasi Pengaruh ANOVA
numdata<-length(int.mean)
envir.tab<-
matrix(c(as.vector(manova(int.mean~1)$coefficients)),var.num,envir.num,byrow=TRUE)
variety.tab<-
t(matrix(c(as.vector(manova(t(int.mean)~1)$coefficients)),envir.num,var.num,byrow=TRUE))
variety.eff<-variety.tab-mean(int.mean)
envir.eff<-envir.tab-mean(int.mean)
int.eff<-int.mean-(mean(int.mean)+envir.eff+variety.eff)

## Penguraian Nilai Singular
z<-svd(int.eff)
U<-z$u      # matriks yang memuat vektor singular kiri
             (Lingkungan)
L<-diag(z$d) # matriks yang memuat nilai singular
A<-z$v      # matriks yang memuat vektor singular kanan
             (Genotipe)

L1<-sqrt(L)
D<-L1[1:PC,1:PC]
U1<-U[,1:PC]
A1<-A[,1:PC]
G<-U1%*%D
H<-A1%*%D
G1<-G[,1:2]
H1<-H[,1:2]

Ecolnumb<-c(1:PC)
Ecolnames<-paste("PC",Ecolnumb,sep="")
dimnames(H)<-list(dimnames(int.mean)[[2]],Ecolnames)
colnames(G)<-Ecolnames

## Uji Signifikan Komponen Utama
singular<-z$d
eigen<-singular^2
PCval<-eigen[1:PC]

```

```

numblock<-length(levels(block))
SS<-PCval*numblock
DF<-var.num+envir.num-1-2*Ecolnumb
MS<-SS/DF
F<-MS/add.anova$Mean[5]
probab<-pf(F,DF,add.anova$Df[5],lower.tail=FALSE)
PercSS<-SS/add.anova$Sum[4]
rowlab<-c(Ecolnames)
mult.anova<-data.frame("Effect"=rowlab,      "SS"=SS,      "DF"=DF,
"MS"=MS,"F"=F,"Prob."=probab)

list("Interaction_means"=int.mean,
"Interaction_effect"=int.eff,  "Multiplicative_Interaction" =
mult.anova,"Akar_ciri"=eigen,      "Environment_scores"=H1,
"Variety_scores"=G1)

```

\$Interaction_means								
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
G1	8.004333	7.997333	9.576000	6.735000	6.379000	8.074667	7.161333	7.696000
G10	7.074000	8.221667	9.618667	7.249333	5.928667	7.107667	7.352000	7.720333
G2	18.062333	10.440333	14.927333	7.773000	5.765333	8.599333	7.294333	7.201333
G3	7.532333	8.809667	9.061667	7.256667	6.140667	7.481000	7.094333	7.676000
G4	9.773667	7.994000	9.650000	7.439667	5.314333	7.878333	7.563000	7.738333
G5	9.002667	9.371000	6.566667	7.673667	5.859333	9.044667	7.524667	7.389667
G6	7.513333	6.175667	9.438333	6.452667	6.355667	7.955333	7.432667	7.715000
G7	9.660667	8.595000	9.118000	7.599667	7.189667	8.591000	8.112000	7.946667
G8	6.699667	7.086000	6.928333	6.376000	7.088333	8.065667	8.080667	7.474333
G9	9.838000	5.880000	8.106333	6.931333	7.571667	8.604000	8.306000	6.866667

\$Interaction_effect								
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
G1	-1.08285417	0.1691792	0.5057792	-0.18478750	0.24864583	0.16341250	-0.20185417	0.38247917
G10	-1.84427083	0.5624292	0.7173625	0.49846250	-0.03277083	-0.63467083	0.15772917	0.57572917
G2	6.67018750	0.3072208	3.5521542	-1.45174583	-2.66997917	-1.61687917	-2.37381250	-2.41714583
G3	-1.48343750	1.0529292	0.0628625	0.40829583	0.08172917	-0.35883750	-0.19743750	0.43389583
G4	0.47052083	-0.0501125	0.3638208	0.30392083	-1.03197917	-0.24887917	-0.01614583	0.20885417
G5	-0.18560417	1.4417625	-2.6046375	0.65279583	-0.37210417	1.03232917	0.06039583	-0.02493750
G6	-1.25072917	-1.3293625	0.6912375	-0.14399583	0.54843750	0.36720417	0.39260417	0.72460417
G7	-0.07514583	0.1182208	-0.6008458	0.03125417	0.41068750	0.03112083	0.10018750	-0.01547917
G8	-1.90943750	-0.2640708	-1.6638042	-0.06570417	1.43606250	0.63249583	1.19556250	0.63889583
G9	0.69077083	-2.0081958	-1.0239292	-0.04849583	1.38127083	0.63270417	0.88277083	-0.50689583

\$Multiplicative_Interaction							
Effect	SS	DF	MS	F	Prob.		
1	PC1	293.3973301	15	19.55982201	47.8720421	3.002794e-48	
2	PC2	45.8750679	13	3.52885138	8.6367515	8.088891e-13	
3	PC3	39.0434007	11	3.54940006	8.6870437	1.101273e-11	
4	PC4	4.4488257	9	0.49431397	1.2098177	2.933548e-01	
5	PC5	2.4173830	7	0.34534043	0.8452097	5.517130e-01	
6	PC6	0.8876564	5	0.17753129	0.4345022	8.239168e-01	
7	PC7	0.1298065	3	0.04326884	0.1058991	9.565228e-01	

```

$Akar_ciri
[1] 9.779911e+01 1.529169e+01 1.301447e+01 1.482942e+00 8.057943e-01 2.958855e-01 4.326884e-02
[8] 3.725165e-29

```

\$Environment_scores		
	[,1]	[,2]
[1,]	2.32063109	0.9683674
[2,]	0.07611856	-0.8712929
[3,]	1.27317207	-1.0727110
[4,]	-0.45628449	-0.1596332
[5,]	-0.98503571	0.5709471
[6,]	-0.57340034	0.5836370
[7,]	-0.83563647	0.4207968
[8,]	-0.81956470	-0.4401112

```

$Variety_scores
      [,1]      [,2]
[1,] -0.2280418 -0.44112410
[2,] -0.3800684 -0.94648912
[3,]  2.8524784  0.05361465
[4,] -0.3573540 -0.74757066
[5,]  0.2441203 -0.19758923
[6,] -0.4237308  0.42970105
[7,] -0.3772366 -0.10169394
[8,] -0.1454140  0.19572798
[9,] -0.9949547  0.40590707
[10,] -0.1897985  1.34951631

```

### Lampiran B5. Syntax Analisis Komponen Utama Menggunakan RSVD

```

## Penguraian Nilai Singular dengan RSVD
library(RobRSVD)
RobRSVD(int.eff)

$s
[1] 9.889343

$v
      [,1]
[1,]  0.7379423
[2,]  0.0242051
[3,]  0.4048586
[4,] -0.1450948
[5,] -0.3132335
[6,] -0.1823368
[7,] -0.2657258
[8,] -0.2606151

$u
      [,1]
[1,] -0.07251547
[2,] -0.12085872
[3,]  0.90706547
[4,] -0.11363573
[5,]  0.07762831
[6,] -0.13474303
[7,] -0.11995826
[8,] -0.04624048
[9,] -0.31638768
[10,] -0.06035441

c<-RobRSVD(int.eff)
l<-c$s
a<-c$u
b<-c$v
bt<-t(b)
X<-int.eff-(l*a%*%bt)
z<-svd(X)
U<-z$u          # matriks yang memuat vektor singular kiri
                 # (lingkungan)
L<-diag(z$d)    # vektor yang memuat nilai singular
A<-z$v          # matriks yang memuat vektor singular kanan
                 # (Genotip)

L1<-sqrt(L)
D<-L1[1:PC,1:PC]
U1<-U[,1:PC]
A1<-A[,1:PC]
G<-U1%*%D

```

```

H<-A1%*%D
G1<-G[,1:2]
H1<-H[,1:2]

Ecolnumb<-c(1:PC)
Ecolnames<-paste("PC",Ecolnumb,sep="")
dimnames(H)<-list(dimnames(int.mean)[[2]],Ecolnames)
colnames(G)<-Ecolnames

## Uji Signifikan Komponen Utama
singular<-z$d
eigen<-singular^2
PCval<-eigen[1:PC]
numblock<-length(levels(block))
SS<-PCval*numblock
DF<-var.num+envir.num-1-2*Ecolnumb
MS<-SS/DF
F<-MS/add.anova$Mean[5]
probab<-pf(F,DF,add.anova$Df[5],lower.tail=FALSE)
PercSS<-SS/add.anova$Sum[4]
rowlab<-c(Ecolnames)
mult.anova<-
data.frame("Effect"=rowlab,"SS"=SS,"DF"=DF,"MS"=MS,"F"=F,"Prob
."=probab)

#This part displays results
list("New_interaction_effect"=X,"Akar_ciri"=eigen,"Multiplicat
ive_Interaction" = mult.anova, "Environment_scores"=H1,
"Variety_scores"=G1)

$New_interaction_effect
      L1      L2      L3      L4      L5      L6      L7      L8
G1 -0.55365335  0.18653738  0.79611558 -0.28883942  0.02401655  0.03265327 -0.392414186  0.19558418
G10 -0.96227240  0.59135942  1.20125491  0.32504321 -0.40715173 -0.85260216 -0.159869810  0.26423856
G2  0.05063748  0.09009429 -0.07954163 -0.15020419  0.13981389  0.01873291  0.009822478 -0.07935523
G3 -0.65415070  1.08013044  0.51783563  0.24524075 -0.27027728 -0.56374440 -0.496055535  0.14102111
G4 -0.09599227 -0.06869458  0.05301372  0.41530913 -0.79151198 -0.10890052  0.187849974  0.40892653
G5  0.79771870  1.47401628 -2.06515528  0.45945404 -0.78949413  0.78936178 -0.293689077 -0.37221231
G6 -0.37530208 -1.30064779  1.17152466 -0.31612306  0.17684593  0.15089655  0.077371466  0.41543433
G7  0.26230633  0.12928953 -0.41570884 -0.03509597  0.26744956 -0.05225958 -0.021325710 -0.13465532
G8  0.39948523 -0.18833632 -0.39705568 -0.51968655  0.45599663  0.06198849  0.364142094 -0.17653389
G9  1.13122307 -1.99374865 -0.78228305 -0.13509793  1.19431256  0.52387366  0.724168305 -0.66244796

$Akar_ciri
[1] 1.529169e+01 1.301447e+01 1.482942e+00 8.057943e-01 2.958855e-01 4.326884e-02 3.810696e-29
[8] 4.854137e-30

$Multiplicative_Interaction
  Effect      SS DF      MS      F      Prob.
1  PC1 4.587507e+01 15 3.058338e+00 7.485185e+00 4.362515e-12
2  PC2 3.904340e+01 13 3.003339e+00 7.350575e+00 6.329849e-11
3  PC3 4.448826e+00 11 4.044387e-01 9.898509e-01 4.584665e-01
4  PC4 2.417383e+00 9 2.685981e-01 6.573853e-01 7.461337e-01
5  PC5 8.876564e-01 7 1.268081e-01 3.103587e-01 9.483599e-01
6  PC6 1.298065e-01 5 2.596131e-02 6.353947e-02 9.972368e-01
7  PC7 1.143209e-28 3 3.810696e-29 9.326557e-29 1.000000e+00

```

```

$Environment_scores
      [,1]      [,2]
[1,]  0.9683674 -0.2777633
[2,] -0.8712929 -1.3150609
[3,] -1.0727110  1.1068639
[4,] -0.1596332 -0.3259606
[5,]  0.5709471  0.5797450
[6,]  0.5836370 -0.1936308
[7,]  0.4207968  0.2647128
[8,] -0.4401112  0.1610940

$Variety_scores
      [,1]      [,2]
[1,] -0.44112410  0.22703718
[2,] -0.94648912  0.17812005
[3,]  0.05361465 -0.02893377
[4,] -0.74757066 -0.24992863
[5,] -0.19758923 -0.07813638
[6,]  0.42970105 -1.48129675
[7,] -0.10169394  0.93557795
[8,]  0.19572798 -0.15349491
[9,]  0.40590707  0.05181777
[10,] 1.34951631  0.59923749

```

### Lampiran B6. Syntax Biplot AMMI1

```

plot(envir.mean,H[,1], "n", col="red", xlab="Rataan
Hasil", ylab="KUI 1", ylim=c(-2,3), xlim=c(6,11), main = "Biplot
AMMI1")

text(envir.mean,H[,1], labels=row.names(envir.mean), adj=c(0.5,0
.5), col="red")

      points(var.mean,G[,1], "n", col="blue")

text(var.mean,G[,1], labels=row.names(var.mean), adj=c(0.5,0.5),
col="blue")

      abline(h=0)
      abline(v=overall.mean)

```

### Lampiran B7. Syntax Biplot AMMI2

```

cc=rbind(H1,G1)
plot(1, type = "n", xlim = range(cc[,1]),
      ylim = range(cc[,2]), xlab = "KUI 1", ylab = "KUI 2",
      main = "Biplot AMMI2")
abline(h = 0)
abline(v = 0)
points(G[,1], G[,2], type = "n", col = "blue")
text(G[,1], G[, 2], labels = row.names(var.mean),
      adj = c(0.5, 0.5), col = "blue")
for (i in 1:8) {
  x2 <- H1[,1]

```

```

y2 <- H1[,2]
x21 <- c(0, x2[i])
y21 <- c(0, y2[i])
points(x21, y21, type = "l", col = "red")
text(H1[,1], H1[,2], labels = row.names(envir.mean))
}

```

### Lampiran C. Hasil Keluaran Data dengan Pencilan 7,5%

#### Analysis of Variance Table

Response: yield.out

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
envir	7	423.41	60.488	148.0416	< 2.2e-16 ***
variety	9	240.17	26.685	65.3110	< 2.2e-16 ***
envir:block	16	25.47	1.592	3.8968	4.769e-06 ***
envir:variety	63	670.07	10.636	26.0315	< 2.2e-16 ***
Residuals	144	58.84	0.409		

---  
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

#### \$Interaction\_means

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
G1	8.004333	7.997333	9.576000	6.735000	6.379000	8.074667	7.161333	7.696000
G10	7.074000	8.221667	9.618667	7.249333	5.928667	7.107667	7.352000	7.720333
G2	18.063333	16.021333	14.927333	7.773000	5.765333	8.599333	7.294333	7.201333
G3	7.532333	8.809667	9.061667	7.256667	6.140667	7.481000	7.094333	7.676000
G4	15.352667	7.994000	9.650000	7.439667	5.314333	7.878333	7.563000	7.738333
G5	9.002667	9.371000	6.566667	7.673667	5.859333	9.044667	7.524667	7.389667
G6	7.513333	6.175667	9.438333	6.452667	6.355667	7.955333	7.432667	7.715000
G7	15.285667	8.595000	9.118000	7.599667	7.189667	8.591000	8.112000	7.946667
G8	6.699667	7.086000	6.928333	6.376000	7.088333	8.065667	8.080667	7.474333
G9	14.738000	5.880000	8.106333	6.931333	7.571667	8.604000	8.306000	6.866667

#### \$Interaction\_effect

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8
G1	-2.422279	-0.1178458	0.77685417	0.0862875	0.5197208	0.4344875	0.06922083	0.6535542
G10	-3.183696	0.2754042	0.98843750	0.7695375	0.2383042	-0.3635958	0.42880417	0.8468042
G2	4.634013	4.9034458	3.12547917	-1.8784208	-3.0966542	-2.0435542	-2.80048750	-2.8438208
G3	-2.822862	0.7659042	0.33393750	0.6793708	0.3528042	-0.0877625	0.07363750	0.7049708
G4	4.012721	-1.0345125	-0.06247917	-0.1223792	-1.4582792	-0.6751792	-0.44244583	-0.2174458
G5	-1.525029	1.1547375	-2.33356250	0.9238708	-0.1010292	1.3034042	0.33147083	0.2461375
G6	-2.590154	-1.6163875	0.96231250	0.1270792	0.8195125	0.6382792	0.66367917	0.9956792
G7	3.507304	-0.8719292	-1.03289583	-0.4007958	-0.0213625	-0.4009292	-0.33186250	-0.4475292
G8	-3.248863	-0.5510958	-1.39272917	0.2053708	1.7071375	0.9035708	1.46663750	0.9099708
G9	3.638846	-2.9077208	-1.36535417	-0.3899208	1.0398458	0.2912792	0.54134583	-0.8483208

### Lampiran C1. Hasil Analisis dengan SVD

#### \$Multiplicative\_Interaction

Effect	SS	DF	MS	F	Prob.
1 PC1	436.0837759	15	29.0722517	71.1534113	9.975136e-59
2 PC2	179.3478525	13	13.7959887	33.7652434	2.957467e-37
3 PC3	39.1785405	11	3.5616855	8.7171120	1.006150e-11
4 PC4	10.2025380	9	1.1336153	2.7744875	5.024794e-03
5 PC5	3.1982782	7	0.4568969	1.1182406	3.548393e-01
6 PC6	1.1622954	5	0.2324591	0.5689362	7.236943e-01
7 PC7	0.9013471	3	0.3004490	0.7353395	5.325668e-01

#### \$Akar\_ciri

```

[1] 1.453613e+02 5.978262e+01 1.305951e+01 3.400846e+00 1.066093e+00 3.874318e-01 3.004490e-01
[8] 3.774969e-29

```

#### \$Environment\_scores

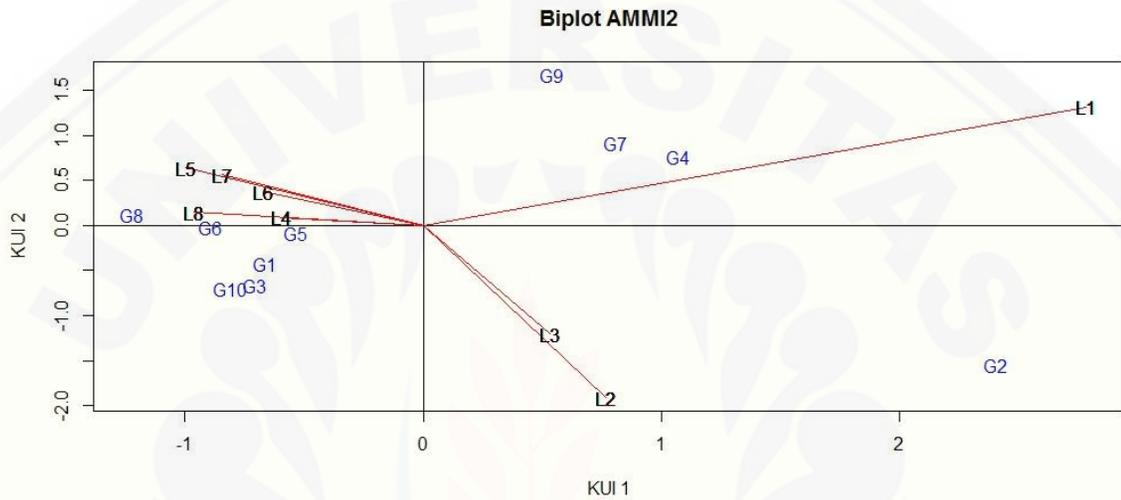
```

[,1] [,2]
[1,] 2.7816874 1.31484274
[2,] 0.7646109 -1.91316337
[3,] 0.5321425 -1.20569662
[4,] -0.5976005 0.08977015
[5,] -0.9966242 0.64019181
[6,] -0.6726092 0.37079069
[7,] -0.8456109 0.55963660
[8,] -0.9659960 0.14362800

```

```

$Variety_scores
      [,1]      [,2]
[1,] -0.6607484 -0.42187830
[2,] -0.8089279 -0.70568289
[3,]  2.4054326 -1.54437567
[4,] -0.7075671 -0.67030883
[5,]  1.0701785  0.75749141
[6,] -0.5347434 -0.08774054
[7,] -0.8936076 -0.02410026
[8,]  0.8114488  0.91526258
[9,] -1.2234734  0.11118200
[10,] 0.5420079  1.67015051
    
```



**Lampiran C2. Hasil Analisis dengan RSVD**

```

$New_interaction_effect
      L1      L2      L3      L4      L5      L6      L7      L8
G1  -0.58428378  0.3873695  1.1284665 -0.30857603 -0.13879697 -0.009937947 -0.48951521  0.01527391
G10 -0.93351127  0.8939192  1.4189025  0.28612180 -0.56789296 -0.907688212 -0.25523412  0.06538307
G2  -2.05714902  3.0642259  1.8454461 -0.44093318 -0.69934183 -0.425637995 -0.76642738 -0.52018264
G3  -0.85463202  1.3069177  0.7104641  0.25652840 -0.35237433 -0.563678664 -0.52468898  0.02146387
G4  1.03581887 -1.8527826 -0.6319667  0.51715999 -0.39171340  0.044632753  0.46250879  0.81634226
G5  -0.03754013  1.5636081 -2.0490028  0.60430791 -0.63396740  0.943730804 -0.12071406 -0.27042249
G6  -0.10441714 -0.9331254  1.4378391 -0.40694116 -0.07107847  0.037230436 -0.09196521  0.13245782
G7  1.25010721 -1.4923718 -1.4647023  0.08412637  0.78734703  0.144858803  0.35430750  0.33632712
G8  0.15445794  0.3843852 -0.7416669 -0.52577743  0.48779433  0.080651351  0.43205504 -0.27189951
G9  2.13114935 -3.3221460 -1.6537796 -0.06601667  1.58002400  0.655838670  0.99967363 -0.32474341
    
```

```

$Akar_ciri
[1] 5.978262e+01 1.305951e+01 3.400846e+00 1.066093e+00 3.874318e-01 3.004490e-01 3.821274e-29
[8] 1.510718e-30
    
```

```

$Multiplicative_Interaction
Effect      SS DF      MS      F      Prob.
1  PC1 1.793479e+02 15 1.195652e+01 2.926321e+01 2.701807e-36
2  PC2 3.917854e+01 13 3.013734e+00 7.376018e+00 5.794637e-11
3  PC3 1.020254e+01 11 9.275035e-01 2.270035e+00 1.391243e-02
4  PC4 3.198278e+00 9 3.553642e-01 8.697427e-01 5.538459e-01
5  PC5 1.162295e+00 7 1.660422e-01 4.063830e-01 8.971575e-01
6  PC6 9.013471e-01 5 1.802694e-01 4.412037e-01 8.191042e-01
7  PC7 1.146382e-28 3 3.821274e-29 9.352447e-29 1.000000e+00
    
```

```

$Environment_scores
      [,1]      [,2]
[1,]  1.31484274 -0.05751604
[2,] -1.91316337 -1.02601073
[3,] -1.20569662  1.48845805
[4,]  0.08977015 -0.26208979
[5,]  0.64019181  0.13500501
[6,]  0.37079069 -0.45940476
[7,]  0.55963660 -0.02718181
[8,]  0.14362800  0.20874008

$Variety_scores
      [,1]      [,2]
[1,] -0.42187830  0.38713638
[2,] -0.70568289  0.42460130
[3,] -1.54437567 -0.04145254
[4,] -0.67030883 -0.01974858
[5,]  0.75749141  0.23511134
[6,] -0.08774054 -1.48947777
[7,] -0.02410026  0.88927845
[8,]  0.91526258 -0.17781505
[9,]  0.11118200 -0.38992354
[10,] 1.67015051  0.18229000
    
```

