



**ANALISIS *GENOTYPE + GENOTYPE BY ENVIRONMENT* (GGE)
BIPLOT PADA *ROW COLUMN INTERACTION MODEL* (RCIM)
DALAM MENGATASI PENCILAN**

TESIS

Oleh

**Upik Susilowati
NIM 16182010108**

**JURUSAN MAGISTER MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS JEMBER
2018**



TESIS

**ANALISIS *GENOTYPE + GENOTYPE BY ENVIRONMENT (GGE)*
BIPLOT PADA ROW COLUMN INTERACTION MODEL (RCIM)
DALAM MENGATASI PENCILAN**

Oleh

**Upik Susilowati
NIM 16182010108**

**JURUSAN MAGISTER MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS JEMBER
2018**

PERSEMBAHAN

Tesis ini saya persembahkan untuk :

1. Allah SWT yang telah memberikan semua kemudahan dan kesempurnaan dalam kehidupan ini;
2. Ayah Buyung Konok dan Ibu Siani, Bapak Suharno dan Ibu Siti Watoniyah, yang telah memberikan doa, cinta, kasih dan semangatnya;
3. Suami Achmad Baichaqi Y yang telah banyak memberikan bantuan dan semangat dengan penuh kesabaran serta Anakku, Muhammad Azril Bima B yang memberikan banyak cinta dan semangatnya;
4. seluruh guru dan dosen sejak taman kanak-kanak hingga perguruan tinggi yang telah memberikan ilmu dan membimbing dengan penuh perhatian dan kesabaran;
5. Almamater Jurusan Matematika FMIPA Universitas Jember, MAN Jember 1, SMP “Plus” Darush Sholah, SDN Blindungan 1, TK Pertiwi.

MOTTO

“Orang yang menuntut ilmu berarti menuntut rahmat. Orang yang menuntut ilmu berarti menjalankan rukun Islam dan pahala yang diberikan sama dengan para Nabi”
(HR. Dailani dari Anas r.a)^{*)}

"Sesuatu yang belum dikerjakan, seringkali tampak mustahil. Kita baru yakin kalau kita telah berhasil melakukannya dengan baik."
(Evelyn Underhill)^{*)}

^{*)} <http://www.maribelajarbk.web.id/2015/03/contoh-motto-terbaru-dalam-tesis.html>

PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Upik Susilowati

NIM : 161820101008

menyatakan dengan sesungguhnya bahwa karya ilmiah yang berjudul “Analisis *Genotype + Genotype By Environment* (GGE) Biplot pada *Row Column Interaction Model* (RCIM) dalam Mengatasi Pencilan” adalah benar-benar hasil karya sendiri, kecuali kutipan yang sudah saya sebutkan sumbernya, belum pernah diajukan dalam institusi manapun dan juga 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, Juli 2018

Yang menyatakan,

Upik Susilowati
NIM 161820101008

TESIS

**ANALISIS *GENOTYPE + GENOTYPE BY ENVIRONMENT (GGE)*
BIPLOT PADA *ROW COLUMN INTERACTION MODEL (RCIM)*
DALAM MENGATASI PENCILAN**

Oleh

**Upik Susilowati
NIM 16182010108**

Pembimbing

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

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

PENGESAHAN

Tesis berjudul “Analisis *Genotype + Genotype By Environment* (GGE) Biplot pada *Row Column Interaction Model* (RCIM) dalam Mengatasi 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

Anggota I,

Anggota II,

Dr. Mohamad Fatekurohman, S.Si., M.Si
NIP. 196906061998031001

Ika Hesti Agustin, S.Si., M.Si
NIP. 198408012008012006

Mengesahkan

Dekan,

Drs. Sujito, Ph.D.
NIP 196102041987111001

RINGKASAN

Analisis Genotype + Genotype By Environment (GGE) Biplot pada Row Column Interaction Model (RCIM) dalam Mengatasi Pencilan; Upik Susilowati; 2018; 33 halaman; Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

Interaksi genotip dengan lingkungan merupakan hal yang perlu diperhatikan dalam pemuliaan tanaman. Oleh karena itu, dengan memanfaatkan adaptasi dan stabilitas hasil panen yang baik dan komponennya dalam genotipe, dimungkinkan untuk mengembangkan atau mengidentifikasi varietas unggul dan beradaptasi dengan baik. Hadi dan Hasan (2017) meneliti bahwa regresi Alaplace lebih tegar terhadap pencilan daripada regresi Gaussian dengan metode RCIM. Model RCIM merupakan perluasan model AMMI adalah model yang sering digunakan untuk analisis interaksi genotip \times lingkungan pada tabel dua arah

Selain karena adanya pencilan, interaksi antara genotip \times lingkungan (genotype by environment interaction, GEI) juga menyebabkan permasalahan dalam mengevaluasi hasil pertanian. GEI disebabkan oleh respons diferensial genotip-genotip terhadap perubahan lingkungan (Kang et al., 2002). Dua analisis statistik yang sering digunakan adalah efek utama aditif dan model multiplikatif interaksi (AMMI) dan efek genotip utama dan model efek interaksi genotip (GGE) (Gauch, 2006). Biplot GGE dapat berguna untuk menampilkan pola data mana yang dapat dimenangkan, untuk mengidentifikasi kultivar hasil panen dan stabil yang tinggi dan lingkungan uji yang diskriminatif dan representatif (Yan et al., 2001). Penambahan pencilan pada data juga akan dilakukan untuk penelitian, sehingga didapatkan grafik biplot yang lebih beragam.

Data yang digunakan adalah data simulasi dan data riil yang berbentuk data tabel dua arah yaitu data interaksi baris/genotipe dan kolom/lingkungan. Data dibangkitkan dengan variabel respon menyebar secara normal yang masing-masing berisi 16 genotipe dan 10 lingkungan.

Nilai MSE pada Regresi Alaplace lebih kecil daripada Regresi Gaussian baik pada data tanpa penambahan *outlier* maupun pada data yang mengalami

penambahan *outlier*, ini dapat diartikan bahwa Regresi Alaplace adalah model yang dapat menangani data yang mengandung *outlier*. Nilai MSE model regresi Alaplace membentuk pola yang konstan meski ditambahkan *outlier*. Semakin banyak komposisi *outlier* dengan cara penempatan secara *Single Environment* maka data yang terbentuk bukan lagi data awal yang mengandung pencilan, tetapi data baru dengan nilai varian serta mean yang berbeda.

Hasil analisis biplot Regresi Alaplace dan Regresi Gaussian pada data dengan penambahan *outlier* menunjukkan bahwa Regresi Alaplace dapat memberikan informasi yang lebih jelas visualisasinya dibandingkan Regresi Gaussian. Nilai keragaman pada biplot regresi Gaussian yang lebih besar daripada regresi Alaplace diakibatkan karena adanya *outlier*.

Tiga analisis interaksi dengan visualisasi GGE biplot yang dilakukan adalah *Which-won-where/what*, visualisasi kinerja rata-rata dan stabilitas dari genotip dan hubungan antara setiap lingkungan. Analisis tersebut dilakukan untuk mengetahui nilai-nilai genotip bagi setiap lingkungan ataupun sebaliknya.

PRAKATA

Puji syukur kehadiran Allah SWT yang telah melimpahkan rahmat serta hidayahNya sehingga tesis yang berjudul ““Analisis *Genotype + Genotype By Environment* (GGE) Biplot pada *Row Column Interaction Model* (RCIM) dalam Mengatasi Pencilan“ dapat terselesaikan. Tesis ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat dalam menyelesaikan pendidikan strata 2 (S2) di Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember. Sholawat serta salam semoga selalu tercurahkan keharibaan beliau nabi Muhammad SAW yang telah menjadi pembawa rahmatan lil’alamin.

Penyusunan tesis ini tidak terlepas dari bantuan berbagai pihak, baik secara langsung maupun tidak langsung. 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 memberikan bimbingan secara intensif dan bantuan untuk penyempurnaan tesis ini;
2. Dr. Mohamad Fatekurohman, S.Si., M.Si dan Ika Hesti Agustin, S.Si., M.Si selaku Dosen Penguji yang telah memberikan kritik dan saran yang membangun untuk penyempurnaan tesis ini;
3. Kakak tersayang Rizal, Restu, Dani dan seluruh keluarganya yang selalu memberi doa serta dukungan baik lahir maupun batin;
4. Adik Unik, Ummi dan Vikral yang telah memberikan dukungan serta motivasi dalam pembuatan tesis ini;
5. Seluruh dosen dan karyawan Jurusan Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam yang telah memberikan ilmu serta fasilitas yang membantu selama proses perkuliahan berlangsung;
6. Sahabat Sella, Eka, Duo Kiki yang selalu senantiasa menemani, memberi dukungan, semangat perjuangan, serta saran dalam proses menyelesaikan tugas akhir;

7. Senior Kurnia dan Dimas yang telah menyisihkan waktu dan pikirannya untuk membantu menyelesaikan tesis ini.
8. serta semua pihak yang tidak dapat disebutkan satu persatu.

Penulis menyadari bahwa dalam menyusun tesis ini masih terdapat kekurangan baik isi maupun susunannya. Penulis mengharapkan saran dan kritik demi penyempurnaan tesis ini. Akhirnya penulis berharap semoga tesis ini dapat memberi manfaat dan sumbangan bagi pembaca.



DAFTAR ISI

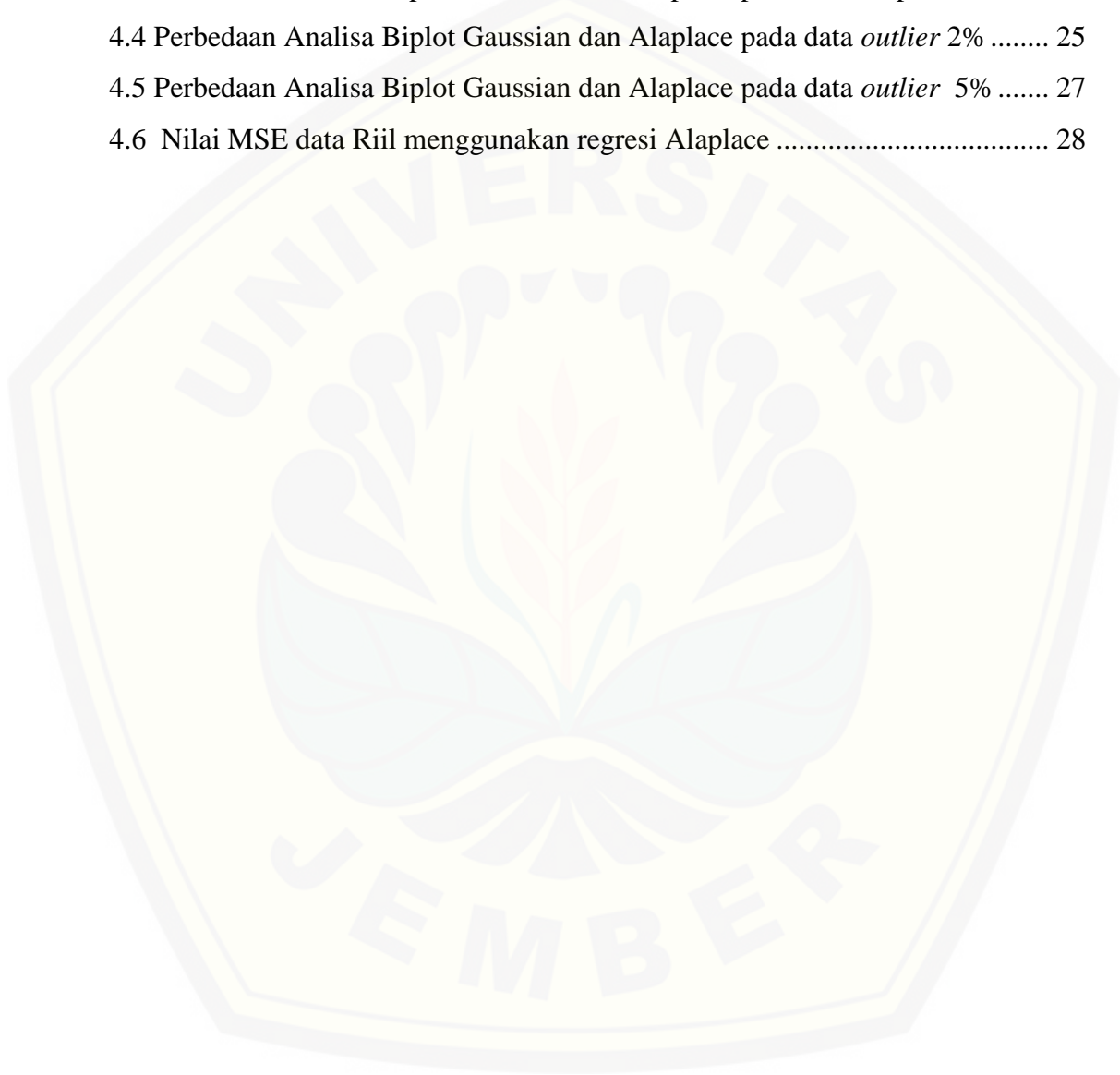
Halaman

PERSEMBAHAN	ii
MOTTO	iii
PERNYATAAN	iv
PENGESAHAN	vi
RINGKASAN	vii
PRAKATA	ix
DAFTAR ISI	xi
DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR GAMBAR	xiv
BAB 1. PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Pencilan (<i>Outliers</i>)	4
2.2 <i>Row Column Interaction Model (RCIM)</i>	5
2.3 Regresi Gaussian	7
2.4 Regresi Asimetrik Laplace (<i>Alaplace</i>)	8
2.5 Analisis GGE Biplot	9
2.5.1 Teknik GGE (<i>Genotip + Genotip by Environment</i>).....	11
2.5.2 Intepretasi Grafik GGE Biplot	13
BAB 3. METODE PENELITIAN	15
3.1 Data dan Skenario Simulasi	15
3.2 Metode Analisis	15
BAB 4. HASIL & PEMBAHASAN	19
4.1 Detesis Data	19

4.2 Analisis Regresi Gaussian dan Alaplace pada data simulasi	19
4.3 Analisis GGE Biplot untuk Interaksi Genotip & Lingkungan pada data simulasi	21
4.4 Analisis Regresi Alaplace pada Data Riil.....	28
4.5 Analisis Interaksi dengan Visualisasi GGE Biplot.....	28
4.5.1 Visualisasi kinerja rata-rata dan stabilitas dari genotip	28
4.5.2 Hubungan antara setiap Lingkungan	29
4.5.3 <i>Which-won-where/what</i>	30
BAB 5. PENUTUP.....	33
5.1 Kesimpulan	33
5.2 Saran.....	33
DAFTAR PUSTAKA	34
LAMPIRAN.....	36

DAFTAR TABEL

	Halaman
4.1 Perbandingan Nilai MSE menggunakan Regresi Gaussian dan Alaplace	19
4.2 Perbandingan Nilai MSE setelah penambahan <i>outlier</i>	20
4.3 Perbedaan Analisa Biplot Gaussian dan Alaplace pada data tanpa <i>outlier</i>	23
4.4 Perbedaan Analisa Biplot Gaussian dan Alaplace pada data <i>outlier</i> 2%	25
4.5 Perbedaan Analisa Biplot Gaussian dan Alaplace pada data <i>outlier</i> 5%	27
4.6 Nilai MSE data Riil menggunakan regresi Alaplace	28



DAFTAR GAMBAR

	Halaman
2.1 Grafik fungsi kerapatan probabilitas dari regresi normal	7
2.2 Plot pemetaan hasil analisis biplot	10
3.1 Diagram Alir Metode Penelitian Data Simulasi.....	17
3.2 Diagram Alir Metode Penelitian Data Riil.....	18
4.1 Nilai MSE Gaussian dan Alaplace pada data Riil dan Simulasi.....	20
4.2 Biplot Data simulasi tanpa tambahan <i>outlier</i> (a) Gaussian (b) Alaplace	22
4.3 Biplot Data Simulasi dengan <i>outlier</i> 2% (a) Gaussian (b) Alaplace.....	24
4.4 Biplot Data Simulasi dengan <i>outlier</i> 5% (a) Gaussian (b) Alaplace.....	26
4.5 Analisis biplot Mean VS Stability	29
4.6 Analisis Biplot <i>Relationship among environments</i>	30
4.7 Analisis biplot <i>Which Won Where/What</i>	31

BAB 1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Interaksi genotip dengan lingkungan merupakan hal yang perlu diperhatikan dalam pemuliaan tanaman. Tanaman dengan genotip yang sama apabila ditanam pada lingkungan yang berbeda maka hasil produksi tanamnya juga akan berbeda tergantung lingkungannya, begitu pula tanaman dengan genotip berbeda apabila ditanam pada lingkungan yang sama maka hasil produksinya juga akan berbeda tergantung pada genotipnya. Oleh karena itu, dengan memanfaatkan adaptasi dan stabilitas hasil panen yang baik dan komponennya dalam genotipe, dimungkinkan untuk mengembangkan atau mengidentifikasi varietas unggul dan beradaptasi dengan baik.

Perkembangan kultivar hasil tinggi dengan kemampuan beradaptasi yang luas adalah tujuan akhir pada bidang pertanian. Evaluasi menjadi sulit apabila terdapat adanya pencilan. 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. Hadi dan Hasan (2017) meneliti bahwa regresi Alaplace lebih tegar terhadap pencilan daripada regresi Gaussian dengan metode RCIM. Model RCIM merupakan perluasan model AMMI adalah model yang sering digunakan untuk analisis interaksi genotip \times lingkungan pada tabel dua arah

Selain karena adanya pencilan, interaksi antara genotip \times lingkungan (genotype by environment interaction, GEI) juga menyebabkan permasalahan dalam mengevaluasi hasil pertanian. GEI disebabkan oleh respons diferensial genotip-genotip terhadap peubah lingkungan (Kang et al., 2002). Dua analisis statistik yang sering digunakan adalah efek utama aditif dan model multiplikatif interaksi (AMMI) dan efek genotip utama dan model efek interaksi genotip (GGE) (Gauch, 2006). Dua analisis statistik ini memiliki relevansi yang lebih luas bagi peneliti pertanian karena mereka mengacu pada matriks data dua arah yang sering muncul dari berbagai jenis percobaan. Teknik *Genotype + Genotype By Environment* (GGE) biplot dapat digunakan untuk membandingkan

penampilan genotip berbeda pada suatu lingkungan, membandingkan penampilan satu genotip di lingkungan berbeda, membandingkan penampilan dua genotip pada semua lingkungan, mengetahui genotip berdaya hasil paling tinggi pada lingkungan berbeda, mengetahui genotip dan lingkungan ideal, membandingkan genotip berdasarkan beberapa sifat, dan mengetahui genotip dengan beberapa sifat yang sesuai (Yan dan Kang, 2002). Model AMMI menggabungkan analisis varians genotip dan efek lingkungan utama dengan analisis komponen utama GEI menjadi pendekatan terpadu (Gauch dan Zobel 1996). Metode GGE biplot merupakan pengembangan lebih lanjut dari metode AMMI. Metode ini menggunakan beberapa fungsi dari metode AMMI secara bersama-sama. Hal tersebut memungkinkan pengujian secara visual dari hubungan antara lingkungan uji, genotip dan GEI.

Model biplot GGE memberikan pengembang yang lebih lengkap dan evaluasi visual terhadap semua aspek data dengan membuat biplot yang sekaligus mewakili kinerja dan stabilitas rata-rata, seperti dan juga mengidentifikasi lingkungan mega (Ding et al., 2007; Kang, 1993; Yan, 2001; Yan dan Kang, 2003). Biplot GGE dapat berguna untuk menampilkan pola data mana yang dapat dimenangkan. untuk mengidentifikasi kultivar hasil panen dan stabil yang tinggi dan lingkungan uji yang diskriminatif dan representatif (Yan et al., 2001).

Oleh karena itu pada penelitian ini, penulis menitik beratkan terhadap interpretasi grafik GGE biplot hasil pengujian genotip dengan metode *Row Column Interaction Model* (RCIM) menggunakan metode regresi Gaussian dan Alaplace. Tampilan biplot yaitu dua dimensi menyajikan visual objek dan variabel dalam satu grafik sehingga ciri-ciri peubah dan obyek pengamatan dapat dianalisis dengan melihat kemiripan karakteristik antar objek maupun keragaman peubah. Penambahan pencilan pada data juga akan dilakukan untuk penelitian, sehingga didapatkan grafik biplot yang lebih beragam.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah pada penelitian ini adalah membandingkan hasil analisis grafik GGE biplot menggunakan metode RCIM dengan dan tanpa

penambahan pencilan pada regresi Gaussian dan Alaplace. Grafik GGE biplot pada penelitian ini difokuskan pada ciri-ciri peubah dan obyek pengamatan serta posisi relatif antar obyek pengamatan dengan peubah sehingga dapat menganalisis penggunaan RCIM (*Row Column Interaction Models*) terhadap pencilan.

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui hasil analisis grafik GGE biplot menggunakan metode RCIM dengan dan tanpa penambahan pencilan pada regresi Gaussian dan Alaplace. Grafik GGE biplot pada penelitian ini difokuskan pada ciri-ciri peubah dan obyek pengamatan serta posisi relatif antar obyek pengamatan dengan peubah sehingga dapat menganalisis penggunaan RCIM (*Row Column Interaction Models*) terhadap pencilan.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah memberikan informasi pengaruh genotip \times lingkungan sehingga dapat digunakan pada kehidupan sehari-hari sehingga didapatkan stabil tidaknya suatu genotip yang merupakan salah satu karakter penting dalam pemuliaan tanaman

BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Pencilan (*Outliers*)

Aunuddin (1989) mendefinisikan pencilan sebagai nilai ekstrim yang menyimpang agak jauh dari kumpulan pengamatan lainnya, yang secara kasar berada pada jarak sejauh tiga atau empat kali simpangan baku dari nilai tengahnya.

Ryan (1997) mengelompokkan pencilan dalam berbagai tipe:

- Pencilan- x , yakni pengamatan yang hanya menyimpang pada sumbu x saja. Pengamatan ini disebut juga sebagai titik *leverage*
- Pencilan- y , yakni pengamatan yang menyimpang hanya karena arah peubah tak bebasnya
- Pencilan- x,y , yaitu pengamatan yang menyimpang pada keduanya yakni pada peubah x dan peubah y

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 kecil yang akan dihasilkan oleh regresi secara keseluruhan.

Menurut Hawkins (1980), pencilan adalah pengamatan yang menyimpang jauh dari pengamatan lain yang menimbulkan kecurigaan bahwa pengamatana itu dihasilkan oleh penelitian yang berbeda. Contoh penggunaan pencilan dalam kehidupan sehari-hari adalah pembelian dari sebuah kartu kredit biasanya berubah saat kartu dicuri. Pengambilan uang dalam skala besar dianggap sebagai pencilan dalam pengambilan uang pada kartu kredit. Suatu pengamatan dianggap pencilan jika pengamatan tersebut bernilai lebih besar dari rata-rata ditambahkan dengan tiga atau empat kali standar deviasi (Kriegel,2010). Secara matematis pengamatan dianggap pencilan jika :

$$y_i \geq \bar{y} + 3.stdev(y_i)$$

$$y_i < \bar{y} - 3.stdev(y_i)$$

Apabila data *outlier* bermasalah, tidak mewakili populasi dan bertentangan dari tujuan analisis, maka secara serius dapat memberikan hasil uji statistik yang berbeda. Pemeriksaan atau identifikasi *outlier* pada data harus dilakukan karena *outlier* memberikan pengaruh pada ragam dan setelah *outlier* teridentifikasi maka dapat diputuskan untuk mempertahankan atau menghapus *outlier* tersebut (Hair et al., 1992).

Menurut Rockie dan Woodruff (1996), jenis *outlier* dibagi menjadi tiga jenis :

1. *Pure Shift Outlier*, yaitu *outlier* yang menggeser rata-rata data yang baik.
2. *Pure Point Mass Outlier*, yaitu *outlier* yang merubah varian data yang baik.
3. *Shift Point Mass Outlier*, yaitu *outlier* yang menggeser rata-rata dan merubah varian suatu data yang baik.

2.2 Row Column Interaction Model (RCIM)

Reduced Rank Vector Generalized Linear Models (RR-VGLM) adalah pengaplikasian dari konsep *reduced rank* ke dalam VGLM. Misalkan data terdiri dari $(\mathbf{x}_i, \mathbf{y}_i)$ untuk $i = 1, \dots, n$ dimana \mathbf{x}_i merupakan vektor variabel penjelas untuk observasi ke- i dan \mathbf{y}_i merupakan variabel respon (memungkinkan dalam bentuk vektor). Umumnya VGLM mirip dengan GLM, namun VGLM menyediakan prediktor linier yang lebih dari satu. VGLM didefinisikan sebagai sebuah model dimana,

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{x}; \mathbf{B}) = f(\mathbf{y}, \eta_1, \dots, \eta_M)$$

Untuk beberapa fungsi $f(\cdot)$, $\mathbf{B} = (\boldsymbol{\beta}_1 \ \boldsymbol{\beta}_2 \ \dots \ \boldsymbol{\beta}_M)$ adalah matriks koefisien regresi yang tidak diketahui dengan ukuran $p \times M$. VGLM dapat menangani sebanyak M prediktor linier tergantung dari model yang dipaskan dimana persamaan salah satu prediktor linier ke- j adalah sebagai berikut :

$$\eta_j(\mathbf{x}) = \boldsymbol{\beta}_j^T \mathbf{x} = \sum_{k=1}^p \beta_{(j)k} x_k, \quad j = 1, \dots, M$$

η_j pada VGLM diaplikasikan secara langsung pada parameter regresi seperti pada GLM, secara umum,

$$\eta_j(\mathbf{x}) = g_j(\theta_j), \quad l = 1, \dots, M$$

g_j merupakan parameter fungsi *link* karena θ_j merupakan banyak parameter dan tidak dibatasi untuk menjadi mean seperti pada GLM.

VGLM menyediakan prediktor linier yang lebih banyak daripada GLM. RR-VGLM pertama kali diperkenalkan oleh Yee dan Hasti pada tahun 2003. Persamaan fungsi model VGLM dengan salah satu prediktor linier ke $-j$ dari banyaknya M prediktor linier dapat dituliskan sebagai berikut :

$$\eta_j = \eta_j(\mathbf{x}) = \beta_j^t \mathbf{x} = \sum_{k=1}^p \beta_{(j)k} x_k \quad \text{dimana } j = 1, \dots, M$$

dimana η_j pada VGLM diaplikasikan secara langsung pada parameter regresi yang digunakan. Sehingga untuk RR-VGLM diberikan fungsi :

$$\eta = B_1^T x_1 + B_2^T x_2 = B_1^T x_1 + AC^T x_2 = B_1^T x_1 Av$$

dimana B_2 mengalami *reduced rank regression* menjadi AC^T dengan $C = (c_1 c_2 \dots c_R)$ berordo $p \times r$, $A = (a_1 a_2 \dots a_R)$ berordo $M \times r$ dan $r \leq \min(M, p)$ yang diketahui sebagai rank.

Row Column Interaction Model (RCIM) merupakan pengembangan konsep bagian RR-VGLM, yang dikenalkan oleh Yee dan Hadi (2014). Model ini dapat menganalisis tabel dua arah dengan matriks responnya bisa dalam bentuk cacahan (*count*). Variabel bebas pada tabel dua arah yaitu nomer baris dan kolom sedangkan variabel terikat adalah angka-angka yang terdapat pada tabel. RCIM didefinisikan sebagai RR-VGLM yang diaplikasikan terhadap Y dengan fungsi :

$$g_1(\theta_1) \equiv \eta_{1ij} = \mu + \alpha_i + \gamma_j + \sum_{r=1}^R c_{ir} a_{jr}$$

dimana c adalah matrik dengan rank $r \leq \min(M, p)$. Dari fungsi tersebut dapat diambil kesimpulan bahwa parameter pertama dari model tersebut memiliki hubungan yang berkaitan dengan matrik respons. Setelah mengalami transformasi yang sesuai, maka parameter tersebut akan sebanding dengan jumlah rata-rata, efek baris dan kolom serta ditambahkan dengan pengaruh interaksi pada AC^T .

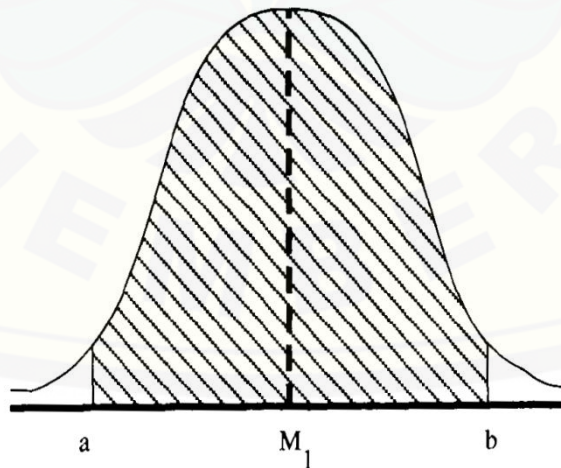
2.3 Regresi Gaussian

Regresi Gaussian adalah regresi probabilitas yang paling banyak digunakan dalam berbagai analisis statistika. Regresi Gaussian pertama kali diperkenalkan oleh Abraham de Moivre dalam artikelnya pada tahun 1733 sebagai pendekatan regresi binomial untuk n besar.

Regresi Gaussian menggunakan variabel acak kontinu. Regresi Gaussian sering disebut Regresi Normal. Regresi Gaussian adalah model regresi kontinu yang paling penting dalam teori probabilitas dan diterapkan dalam berbagai permasalahan. Regresi Gaussian memiliki kurva berbentuk lonceng yang simetris. Dua parameter yang menentukan regresi normal adalah rata-rata / ekspektasi (μ) dan standar deviasi (σ). Fungsi kerapatan probabilitas dari regresi normal diberikan dalam rumus berikut:

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

Dimana μ adalah rata-rata, σ adalah standar deviasi dan $\pi = \frac{22}{7}$. Grafik fungsi kerapatan probabilitas dari regresi normal digambarkan dalam Gambar 2.1.



Gambar 2. 1 Grafik fungsi kerapatan probabilitas dari regresi normal

Grafik fungsi regresi normal tersebut di atas membentang dari minus tak hingga hingga tak hingga. Hanya saja, semakin jauh dengan rata-rata (M_1), nilai probabilitas akan semakin mendekati nol.

Sifat-sifat penting regresi normal adalah sebagai berikut:

- a. Grafiknya selalu berada di atas sumbu x
- b. Bentuknya simetris pada $x = \mu$
- c. Mempunyai satu buah modus, yaitu pada $x = \mu$
- d. Luas grafiknya sama dengan satu unit persegi, dengan rincian
- e. Kira-kira 68% luasnya berada di antara daerah $\mu - \sigma$ dan $\mu + \sigma$
- f. Kira-kira 95% luasnya berada di antara daerah $\mu - 2\sigma$ dan $\mu + 2\sigma$
- g. Kira-kira 99% luasnya berada di antara daerah $\mu - 3\sigma$ dan $\mu + 3\sigma$

2.4 Regresi Asimetrik Laplace (Alaplace)

Regresi Laplace kadang-kadang disebut regresi eksponensial ganda, karena dapat dianggap sebagai dua regresi eksponensial (dengan parameter lokasi tambahan). Seperti dalam kasus regresi simetris lainnya, seperti regresi normal dan regresi logistic, ukuran pemusatan Laplace sama dengan mean, median, dan modus.

Dalam teori probabilitas dan statistik, Regresi asimetrik laplace (ALD) adalah sebuah sebaran probabilitas berkelanjutan yang merupakan sebuah penyederhanaan dari regresi laplace. Seperti regresi laplace yang terdiri dari dua eksponensial regresi yang memiliki skala yang sama yaitu $x = m$, Laplace asimetris sendiri terdiri dari dua eksponensial regresi yang tidak sama skalanya berhadapan dengan $x = m$, disesuaikan untuk menjamin kontinuitas dan normalisasi grafik. Perbedaan dari dua varietas yang diregresikan secara eksponensial dengan cara yang berbeda dan pembobotan parameter yang diregresikan menurut ALD. Ketika dua tingkat parameter tersebut bernilai sama, perbedaan akan diregresikan menurut regresi Laplace.

Sebuah variabel acak memiliki sebuah regresi asimetris Laplace (m, λ, κ) jika fungsi kepadatan probabilitas adalah :

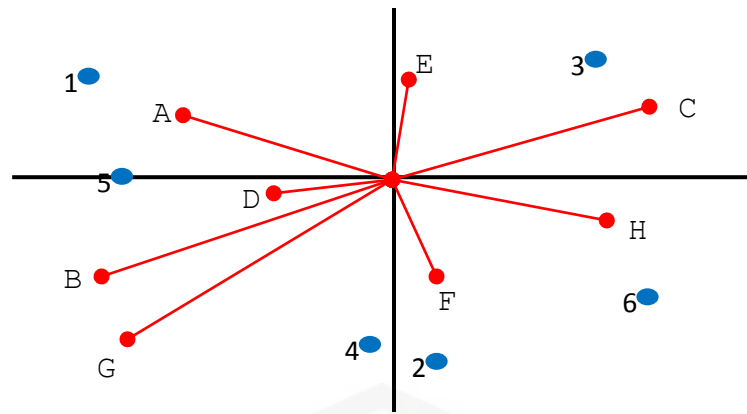
$$f(x; m, \lambda, \kappa) = \frac{\lambda}{\kappa + \frac{1}{\kappa}} \begin{cases} \exp\left(\left(\frac{\lambda}{\kappa}\right)(x - m)\right) & \text{jika } x < m \\ \exp(-\lambda\kappa(x - m)) & \text{jika } x \geq m \end{cases}$$

Dengan m adalah parameter lokasi, $\lambda > 0$ adalah parameter skala dan κ adalah asimetri parameter. Ketika $\kappa = 1$, regresi alaplace menjadi regresi laplace.

2.5 Analisis GGE Biplot

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2011) ada banyak metode yang digunakan untuk mendeteksi posisi relatif beberapa objek dengan beberapa variabel atau peubah secara bersamaan. Salah satu metodenya adalah analisis biplot. Biplot merupakan upaya memberikan peragaan grafik dari matriks data x dalam suatu plot dengan menggabungkan vektor-vektor dalam ruang berdimensi rendah. Biplot pertama kali digunakan oleh Gabriel pada tahun 1971. Gabriel (1971) menjelaskan bahwa biplot adalah metode yang paling sering digunakan dalam analisis multivariat untuk menggambarkan baris dan kolom ke dalam suatu grafik. Tampilan biplot yaitu dua dimensi menyajikan visual objek dan variabel dalam satu grafik sehingga ciri-ciri peubah dan obyek pengamatan dapat dianalisis dengan melihat kemiripan karakteristik antar objek maupun keragaman peubah. Secara umum biplot adalah penguraian matriks tujuan menjadi hasil dari dua matriks yang disebut matriks kanan dan kiri $\mathbf{S} = \mathbf{XY}'$. Elemen dari matriks tujuan \mathbf{S} sama dengan hasil skalar antara pasangan korespondensi dari vektor pada baris X dan Y secara berturut-turut.

Menurut Sartono *et al.* (2003), analisis biplot didasarkan pada *Singular Value Decomposition* (SVD). Biplot dapat dibangun dari suatu matriks data, dengan masing-masing kolom mewakili suatu variabel dan masing-masing baris mewakili objek penelitian. Dengan penyajian seperti ini, ciri-ciri peubah dan objek pengamatan serta posisi relatif antara objek pengamatan dengan peubah dapat dianalisis (Jolliffe, 2002).



Gambar 2.2 Plot pemetaan hasil analisis biplot

Biplot adalah upaya membuat gambar di ruang berdimensi banyak menjadi gambar di ruang dimensi dua. Pereduksian dimensi ini harus dibayar dengan menurunnya besarnya informasi yang terkandung dalam biplot. Biplot yang mampu memberikan informasi sebesar 70% dari seluruh informasi dianggap cukup (Mattjik dan Sumertajaya, 2011). Ilustrasi biplot secara umum dapat dilihat pada gambar 2.2.

Anak panah yang berupa vektor merupakan gambaran dari variabel penelitian sedangkan titik-titik merupakan gambaran dari objek penelitian. Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2011), empat hal yang bisa didapatkan dari tampilan Biplot adalah sebagai berikut.

a. Kedekatan antar objek yang diamati

Dua objek yang posisinya berdekatan memiliki karakteristik yang sama. Sehingga pada biplot dapat diketahui objek-objek yang memiliki karakteristik yang sama. Dari Gambar dapat diketahui bahwa objek 4 dan 2 memiliki karakteristik yang sama karena posisinya yang berdekatan.

b. Keragaman variabel peubah

Pada biplot, vektor pendek diartikan sebagai variabel yang memiliki nilai keragaman yang kecil sedangkan vektor panjang diartikan sebagai variabel yang memiliki nilai keragaman yang besar. Sehingga, dapat diketahui variabel dengan keragaman yang kecil maupun besar. Variabel D memiliki nilai keragaman yang kecil karena digambarkan sebagai vektor pendek. Variabel G memiliki nilai keragaman yang besar karena digambarkan sebagai vektor panjang.

c. Korelasi antar peubah

Hubungan antar variabel juga dapat diketahui dari biplot dimana dua variabel yang memiliki nilai korelasi yang positif akan digambarkan dengan sebuah vektor dengan arah yang sama atau membentuk sudut lancip. Sedangkan untuk vektor dengan arah yang berlawanan atau membentuk sudut tumpul diartikan memiliki nilai korelasi yang kecil. Variabel B dan G memiliki nilai korelasi yang positif karena digambarkan dengan dua vektor yang membentuk sudut lancip. Variabel A dan H memiliki nilai korelasi yang negatif karena digambarkan dengan dua vektor yang membentuk sudut tumpul.

d. Nilai peubah pada suatu objek

Objek yang terletak searah dengan vektor variabel adalah objek yang memiliki nilai di atas rata-rata. Sedangkan untuk objek yang berlawanan dengan vektor variabel adalah objek yang memiliki nilai di bawah rata-rata. Namun, untuk objek yang berada di tengah, memiliki nilai yang dekat dengan rata-rata. Dari arah vektor peubah dan objek akan didapatkan nilai peubah dari masing-masing objek.

2.5.1 Teknik GGE (Genotip + Genotip by Environment)

Teknik GGE (*Genotip + Genotip by Environment*) merupakan teknik analisis GEI yang melibatkan pengaruh genotip (G) dan genotip \times lingkungan (GE). Penggunaan GGE biplot yang paling umum mendasarkan diri pada model regresi lingkungan linear-bilinear (the Sites Regression linearbilinear/SREG) (Samonte et al., 2005; Cornelius et al., 1996).

Teknik GGE biplot dapat digunakan untuk membandingkan penampilan genotip berbeda pada suatu lingkungan, membandingkan penampilan satu genotip di lingkungan berbeda, membandingkan penampilan dua genotip pada semua lingkungan, mengetahui genotip berdaya hasil paling tinggi pada lingkungan berbeda, mengetahui genotip dan lingkungan ideal, membandingkan genotip berdasarkan beberapa sifat, dan mengetahui genotip dengan beberapa sifat yang sesuai (Yan dan Kang, 2002).

Teknik GGE telah banyak digunakan untuk analisis interaksi genotip \times lingkungan. Teknik GGE memiliki beberapa kelebihan dibandingkan dengan AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) yaitu: (1) grafik GGE biplot untuk the which-won-where lebih superior dibandingkan grafik AMMI untuk analisis mega-environment, (2) penampilan GGE biplot untuk rata-rata versus stabilitas lebih superior daripada biplot AMMI dalam menyeleksi genotip karena lebih menjelaskan $G + GE$, dan (3) pada teknik AMMI tidak dilakukan evaluasi lingkungan uji (Yan et al., 2007).

Peragaan biplot GGE untuk mengevaluasi stabilitas agronomis suatu genotip dinilai berdasarkan jarak proyeksi masing-masing genotip terhadap suatu 'sumbu rata-rata lingkungan', yang mirip dengan 'indeks lingkungan' dalam pendekatan regresi menurut Finlay dan Wilkinson (1963) dan Eberhart dan Russell (1966). Menurut Sumertajaya et al. (1998) genotip-genotip yang stabil adalah yang vektornya memiliki jarak relatif kecil terhadap titik asal biplot dan jarak proyeksi yang relatif kecil dan searah terhadap sumbu rata-rata lingkungan. Jarak vektor yang relatif kecil ini dirumuskan sebagai vektor yang berada dalam suatu selang kepercayaan ganda di sekitar titik asal dan jarak proyeksi yang relatif kecil dirumuskan sebagai jarak yang berada dalam selang kepercayaan ganda yang sama disepanjang sumbu rata-rata lingkungan. Vektor genotip yang berada dalam selang kepercayaan ganda di sekitar titik asal disebut stabil biologis, dan yang memiliki jarak proyeksi yang relatif kecil dan searah dengan sumbu rata-rata lingkungan merupakan genotip yang stabil agronomis. Genotip yang memenuhi kedua kriteria ini tergolong stabil biologis dan agronomis.

Vektor eigen PC1 dan PC2 tidak dapat diplotkan secara langsung untuk membuat biplot yang benar sebelum nilai singular dipartisi menjadi vektor eigen genotipe dan lingkungan. Partisi dapat digeneralisasi dengan rumus $g_{il} = \lambda_l^f \xi_{il}$ dan $e_{lj} = \lambda_l^{1-f} \eta_{lj}$ dimana l dapat 1 atau 2, mengacu pada nomor komponen utama, dan f adalah faktor partisi. Dimana λ_1 dan 2 adalah nilai singular dari komponen utama pertama dan kedua yang terbesar, ξ_{il} adalah vektor eigen dari

genotipe l untuk PC1 dan PC2; dan η_{lj} adalah vektor eigen dari lingkungan j untuk PC1 dan PC2. Secara teoritis, faktor partisi (f_l) dapat bernilai antara 0 dan 1. Dalam rentang ini, pilihan f_l tidak berubah hubungan relatif atau interaksi antara genotipe dan lingkungan, meski tampilan biplot akan berbeda. Nilai f_x yang berbeda, bagaimanapun, mempengaruhi visualisasi keterkaitan antar genotipe dan faktor-faktor di antara lingkungan.

2.5.2 Interpretasi Grafik GGE Biplot

Pola poligon efektif untuk menginterpretasikan grafik biplot (Yan dan Kang 2003). Titik sudut poligon adalah genotipe yang memiliki jarak terjauh dari titik asal biplot. Garis tegak lurus dari titik asal biplot terhadap garis yang menghubungkan antar titik-titik sudut akan membagi data menjadi beberapa sektor. Titik sudut di setiap sektor merupakan genotipe dengan produksi tinggi pada lingkungan-lingkungan yang ada pada sektor tersebut. Selain menunjukkan genotipe dengan hasil tertinggi pada lingkungan yang diuji, pola poligon juga dapat mengelompokkan lingkungan yang disebut mega Environment(mega-E) (Yan dan Kang 2003). Mega-E merupakan gugus lingkungan yang memiliki kemampuan yang sama untuk mendukung produktivitas genotipe secara serempak(Jambormias 2011). Genotipe dapat tumbuh dengan baik pada lingkungan yangberada pada mega-E yang sama.

Hasil produksi dan stabilitas suatu genotipe dapat diidentifikasi dengan menggambarkan sumbu rata-rata lingkungan yang disebut dengan AEC pada biplot skala fokus genotipe (Gambar 3). Rata-rata lingkungan ditunjukkan oleh lingkaran kecil pada sumbu x AEC yang dihasilkan dari rata-rata skor KU1 (AXIS1) dan KU2 (AXIS2) lingkungan. Garis yang menghubungkan antara titik asal biplot dengan rata-rata lingkungan merupakan sumbu x dari AEC, sedangkan garis tegak lurus terhadap sumbu x AEC pada titik asal biplot merupakan sumbu y dari AEC.

Peringkat hasil produksi dari genotipe dapat ditentukan berdasarkan jarak antara proyeksi vektor genotipe terhadap sumbu x AEC. Semakin besar jarak antara titik asal biplot dengan proyeksi vektor genotipe terhadap vektor AEC

maka produksinyasemakin tinggi. Letak rata-rata lingkungan menunjukkan arah peringkat produksi yang semakin tinggi dari suatu genotipe. Jika rata-rata berada di sumbu x positif, maka arah peringkat dilihat dari kanan ke kiri. Sedangkan jika rata-rata berada di sumbu x negatif, maka arah peringkat dilihat dari kiri ke kanan. Arah ganda yang ada pada sumbu y AEC menunjukkan keragaman atau ketidakstabilan suatu genotipe. Semakin besar jarak antara titik asal biplot dan proyeksi genotipe terhadap sumbu y AEC maka genotipe tersebut dianggap semakin tidak stabil.

Lingkungan terbaik adalah lingkungan yang representatif dan diskriminatif (Suwanto et al. 2010). Lingkungan yang representatif adalah lingkungan yang mampu mewakili seluruh kondisi lingkungan uji sebagai lokasi tanam paling sesuai untuk genotipe. Sedangkan lingkungan yang diskriminatif adalah lingkungan yang mampu membedakan genotipe dalam batasan pengaruh utama genotipe. Lingkungan yang representatif dapat diidentifikasi dengan AEC pada biplot skala fokus lingkungan. Lingkungan dengan sudut antara vektor dan sumbu x AEC bernilai kecil dianggap lebih representatif dalam mega-E dibandingkan lingkungan dengan sudut yang bernilai besar. Panjang vektor menunjukkan tingkat diskriminatif dari lingkungan. Semakin besar nilai dari panjang vektornya maka lingkungan tersebut dianggap semakin diskriminatif dibandingkan lingkungan yang lain. Nilai dari panjang vektornya kecil menunjukkan bahwa semua genotipe memiliki respons yang sama terhadap lingkungan tersebut (Yan dan Kang 2003).

BAB 3. METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan pada penelitian ini meliputi data dan analisis data dengan menggunakan metode RCIM yang berregresi normal dan diberikan simulasi pencilan kemudian dianalisis menggunakan GGE biplot.

3.1 Data dan Skenario Simulasi

Data yang digunakan pada penelitian ini menggunakan dua buah data yaitu :

a. Data Padi

Data Padi adalah data penelitian tentang ukuran zat besi yang disuntikkan ke dalam padi. Data hasil 16 kultivar yang diuji di 9 lingkungan.

b. Data simulasi

Data simulasi dibangkitkan dengan program R Data tabel ini menggunakan data tabel dua arah dimana data ini berregresi normal. Data diperoleh dengan cara simulasi tabel dua arah yang dibangkitkan secara acak dengan ukuran $n = 16$ genotip (baris) dan $p = 9$ lingkungan (kolom). Interaksi genotip \times lingkungan dijelaskan dengan dua suku multiplikatif.

3.2 Metode Analisis

Metode yang digunakan untuk menganalisis data pada penelitian ini adalah dengan menggunakan RCIM yang selanjutnya akan diinterpretasikan menggunakan GGE Biplot. Untuk mempermudah dalam proses perhitungan digunakan bantuan dari salah satu *software* dalam statistika yaitu R. Untuk menganalisis data menggunakan RCIM dibantu dengan paket yang tersedia pada R yaitu paket VGAM. Paket ini menyediakan fungsi untuk vektor GLM dan model aditif lainnya seperti VGLM dan VGAM. Fungsi yang digunakan dalam penelitian diantaranya.

a. `rcim`, digunakan untuk memodelkan suatu data menjadi bentuk RCIM .

Bentuk dasar yang digunakan pada `rcim` yaitu :

```
rcim(y, family, rank, ... )
```

b. `svd`, digunakan untuk menghitung nilai dari SVD (*singular value decomposition*). Bentuk dasar yang digunakan pada `svd` yaitu :

`svd(x,)`

- c. `residuals`, digunakan untuk menghitung nilai residuals dari suatu model.

Bentuk dasar yang digunakan pada `residuals` yaitu :

`residuals(object)`

- d. `plot`, digunakan untuk memplotkan suatu data. Bentuk dasar yang digunakan pada `plot` yaitu :

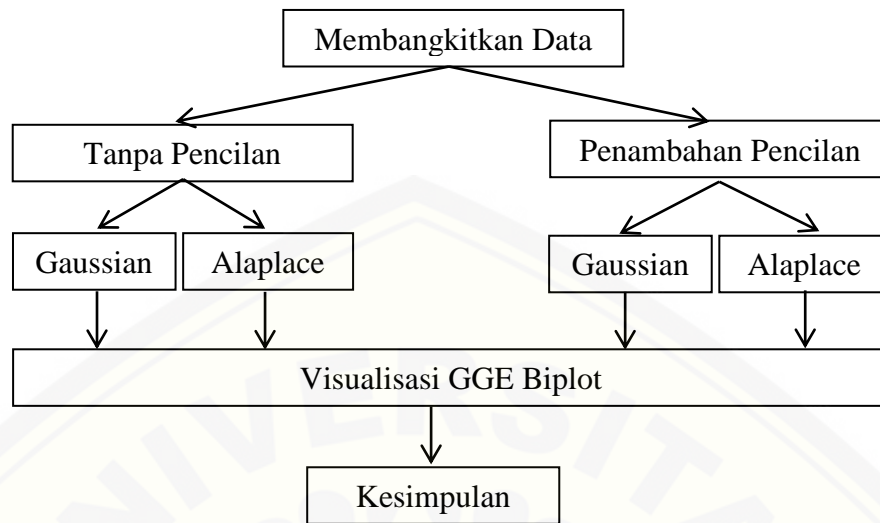
`plot(x, y, ...)`

- e. `GGEbiplotGUI`, digunakan untuk menampilkan visualisasi GGE Biplot dalam bentuk GUI.

Langkah-langkah yang dilakukan di dalam pengolahan data sekunder untuk menganalisis teknik GGE biplot pada data simulasi dengan metode RCIM adalah sebagai berikut.

- Membangkitkan data tabel dua arah berdasarkan pada penelitian Rockie dan Woodruff (1996)
- Memodelkan data menggunakan *Row-Column Interaction Model* dengan fungsi regresi Normal dan Alaplace pada data simulasi. Fungsi yang digunakan adalah fungsi `rcim` dengan `family` yang digunakan pada *software Rstudio* adalah `gaussianff` dan `alaplacel`
- Memodifikasi data tabel dua arah pada poin (a) dengan menambahkan *outlier*. Penambahan *outlier* didasarkan pada penelitian Rockie dan Woodruff (1996) yaitu menggunakan *Pure Shift Outlier*. *Outlier* ini dibangkitkan dari regresi normal $N(\mu_j + k\sigma_j, \sigma_j^2)$ dan ditempatkan dengan metode *single environment* (memilih kolom/baris)
- Memodelkan data menggunakan *Row-Column Interaction Model* dengan fungsi regresi Normal dan Alaplace pada data simulasi yang sudah ditambahkan *outlier* seperti pada langkah (b)
- Analisis GGE Biplot pada saat $\text{Rank} = 0$ dengan memplotkan komponen utama pada matriks interaksi nilai residual dengan metode SVD
- Penarikan kesimpulan penanganan pencilan menggunakan RCIM dan interpretasinya menggunakan GGE Biplot.

Berikut langkah- langkah yang disajikan dalam gambar 3.1 .

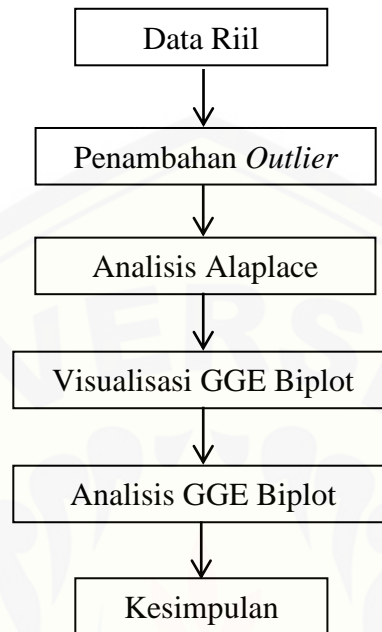


Gambar 3. 1 Diagram Alir Metode Penelitian Data Simulasi

Setelah didapatkan kesimpulan penggunaan regresi Gaussian dan Alaplace pada data simulasi kemudian hasil penelitian selanjutnya diterapkan untuk pemodelan data riil. Berikut adalah langkah-langkah yang dilakukan pada data riil.

- a. Input data riil Fe ke Rstudio
- b. Memodelkan data menggunakan *Row-Column Interaction Model* dengan fungsi regresi Normal atau Alaplace
- c. Analisis GGE Biplot pada saat Rank = 0 dengan memplotkan komponen utama pada matriks interaksi nilai residual dengan metode SVD
- d. Penarikan kesimpulan penanganan pencilan menggunakan RCIM dan intepretasinya menggunakan GGE Biplot.
- e. Memvisualisasi metode statistik dari GGE biplot menjadi beberapa bagian.

Berikut langkah-langkah yang dilakukan pada data riil ditunjukkan dalam gambar 3.2.



Gambar 3.2 Diagram Alir Metode Penelitian Data Riil

BAB 5. PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Peneliti dalam tesis ini telah menganalisa hasil biplot pada dua regresi yaitu Gaussian dan Alaplace dengan metode RCIM pada data tanpa dan dengan penambahan *outlier*. Berdasarkan hasil penelitian menghasilkan beberapa kesimpulan diantaranya :

1. Nilai MSE pada Regresi Alaplace lebih kecil daripada Regresi Gaussian baik pada data tanpa penambahan *outlier* maupun pada data yang mengalami penambahan *outlier*, ini dapat diartikan bahwa Regresi Alaplace adalah model yang dapat menangani data yang mengandung *outlier*.
2. Hasil analisis biplot Regresi Alaplace dan Regresi Gaussian pada data dengan penambahan *outlier* menunjukkan bahwa Regresi Alaplace dapat memberikan informasi yang lebih jelas visualisasinya dibandingkan Regresi Gaussian. Nilai keragaman pada biplot regresi Gaussian yang lebih besar daripada regresi Alaplace diakibatkan karena adanya *outlier* .

5.2 Saran

Saran dari peneliti untuk dilakukan lebih banyak lagi metode regresi lainnya yang dapat menangani *outlier* dan dikembangkan lagi metode analisa lainnya yang didapatkan dari GGE biplot.

DAFTAR PUSTAKA

- Ahadiyah, K. 2017. "Penanganan Pencilan Pada Tabel Dua Arah Dengan Menggunakan RCIM dan Robust Faktor". Tidak Diterbitkan. Tesis. Jember: FMIPA Universitas Jember
- Casella, G. & Berger, R. L. 1990. *Statistical Inference*. California: Brooks/Cole.
- DeLacy, I.H. 1996a. *Analysis of Multi-Environment Trials-a historical perspective*. Wallingford : CAB International
- Eberhart, S.A. , W.L. Russel. 1966. *Stability parameters for comparing varieties*. Crop. Sci. 6:36-40.
- Finlay, K.W., G.N Wilkinson. 1963. *The analysis of adaptation in a plant breeding program*. Aust : J.agric. Res. 13:742-754
- Flores F, Moreno MT, Cubero JI. 1998. *A comparison of univariate and multivariate methods to analyze $G \times E$ interaction*. Field Crops Research 56:271-286.
- Gauch, H.G., Jr., R.W. Zobel. 1996. *AMMI analysis of yield trials*, p. 85–122.
- Gabriel KR. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to p
Gabriel, K. R. 1971. The Biplot Graphic Display of Matrices with Application to Principal Component Analysis. *Biometrics* **58**(3), p. 45
- Hadi, A.F, Hasan, M, Sa'diyah, H. 2017. *Handling Outlier in Two-Ways Table Data: The Robustness of Row-Column Interaction Model*. America: American Scientific Publishers
- Hawkins, D. 1980. *Identification of Outliers*. Chapman and Hall.
- Jolliffe, I. T. 2002. *Principal Component Analysis, Second Edition*. Berlin: Springer-Verlag.
- Kang MS. 2002. *Genotype-environment interaction: Progress and Prospects*. In: M.S. Kang (eds.). *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. CAB International Publishing : Walingford, Oxon, UK, p. 221-243.
- Kriegel, H. P. 2010. "*Outlier Detection Techniques*". Munich : University Munchen.
- Kozubowski, Tomasz J., Podgorski, Krzysztof .2000. "A Multivariate and Asymmetric Generalization of Laplace Distribution" (PDF). *Computational Statistics*. **15**: 531.

- Mattjik, A. A. , Sumertajaya, I. M. 2011. *Sidik Peubah Ganda dengan Menggunakan SAS*. Departemen Statistika IPB: IPB Press.
- Rocke, D. M. , Woodruff, D. L. 1996. Identification of *Outliers* in multivariate data. *Journal of the American Statistical Association*, 91, 1047-1061.
- Samonte SO, Wilson LT, McClung AM, Medley JC. 2005. *Targeting cultivar onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses*. *Crop Sci* 45:2414-2424.
- Sartono.2003. Analisis Peubah Ganda. Bogor : Jurusan Statistika FMIPA IPB.
- Yan, W. 2001. *GGEbiplot —a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data*, 93:1111–1118.
- Yan W, Hunt LA, Sheng Q, Szlavnic Z . 2000. *Cultiver evaluation and mega-environment investigation based on the ggebiplot*. *Crop Sci*, 40:597-605.
- Yan W, Kang MS. 2003. *GGE Biplot Analysis. A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. CRC Press : Boca Raton, USA. P. 3, 9.
- Yang R.-C, Crossa J, Cornelius PL, Burgueo J. 2009. *Biplot analysis of genotype environment interaction: Proceed with caution*. *Crop Sci. Soc. Am.* 49:1564-1576.
- Yee. T. W. , Hastie, T. J. 2003. Reduced-rank vector generalized linear models. *Stat Model* 3: 15-41.
- Yee, T. W. , Hadi, A. F. 2014. Row–column interaction models, with an R implementation. *Computational Statistics*, 29 (6), 1427-1445

LAMPIRAN

A. DATA

A. 1 Data Simulasi

	Env.1	Env.2	Env.3	Env.4	Env.5	Env.6	Env.7	Env.8	Env.9	Env.10
Gen.001	40,759	43,952	40,428	48,072	45,726	39,194	43,246	41,138	35,443	30,094
Gen.002	43,043	48,977	43,075	48,889	52,048	39,810	39,516	38,438	43,610	36,405
Gen.003	38,677	44,741	40,445	42,843	51,987	34,934	41,627	41,377	42,470	36,910
Gen.004	45,608	48,078	43,114	55,245	44,563	45,000	41,547	38,232	35,198	28,254
Gen.005	42,684	47,669	42,569	49,058	50,240	40,034	41,156	39,712	41,178	34,594
Gen.006	40,090	43,359	41,071	46,142	48,285	38,152	47,533	46,044	37,170	33,083
Gen.007	31,844	38,079	37,450	32,339	54,541	27,039	49,435	50,978	42,548	40,722
Gen.008	46,766	50,272	43,891	56,335	46,007	45,658	38,392	35,231	37,691	29,522
Gen.009	42,726	44,735	42,134	50,771	45,699	41,907	47,400	44,801	34,691	30,038
Gen.010	45,166	45,480	42,898	55,477	42,170	45,741	47,847	43,955	31,007	26,038
Gen.011	44,401	46,791	43,144	52,910	46,226	43,528	45,426	42,647	35,959	30,328
Gen.012	45,819	46,491	44,122	55,449	44,602	46,046	49,775	46,254	33,324	28,641
Gen.013	42,571	45,639	41,452	50,673	45,509	41,275	42,298	39,795	35,666	29,624
Gen.014	45,543	49,644	44,141	53,485	48,998	43,723	41,351	39,046	40,135	32,970
Gen.015	43,385	48,716	43,416	49,480	51,691	40,499	41,489	40,220	42,794	36,076
Gen.016	43,857	47,462	42,347	52,106	46,480	42,350	40,586	38,075	37,312	30,440

A. 2 Data Riil Fe Padi

	Env.1	Env.2	Env.3	Env.4	Env.5	Env.6	Env.7	Env.8	Env.9	Env.10
Gen.001	8,921	6,786	6,812	6,173	5,481	7,642	7,202	6,428	7,063	4,185
Gen.002	7,153	5,228	6,928	7,742	7,213	7,002	6,234	6,077	4,526	7,207
Gen.003	9,549	5,824	8,770	9,056	8,654	8,601	8,959	7,097	8,399	5,273
Gen.004	6,724	4,827	3,837	3,580	6,446	5,710	4,222	5,165	5,376	5,282
Gen.005	5,772	6,037	5,887	5,338	5,821	4,868	6,176	5,248	4,562	5,483
Gen.006	7,304	9,108	7,090	8,632	8,871	6,811	5,404	6,422	5,767	5,472
Gen.007	6,485	3,982	7,263	5,320	4,360	6,168	7,232	5,433	3,686	5,662
Gen.008	5,854	2,930	6,402	5,333	4,965	5,681	5,870	4,573	3,768	5,570
Gen.009	8,584	8,775	8,633	7,184	7,283	6,218	6,655	7,444	5,933	7,269
Gen.010	6,674	3,050	6,348	5,778	5,005	6,240	5,774	5,339	5,336	5,778
Gen.011	5,216	2,654	5,259	3,652	3,615	4,510	5,157	3,749	3,529	4,416
Gen.012	7,268	4,880	10,336	4,410	5,322	5,824	6,093	6,769	3,127	6,692
Gen.013	7,212	4,566	5,930	4,366	4,257	4,866	4,774	4,997	2,622	4,748
Gen.014	6,954	4,034	9,117	4,510	3,956	5,103	5,020	4,853	2,870	5,731
Gen.015	8,345	5,746	7,744	5,233	5,376	6,629	5,860	6,118	3,355	7,371
Gen.016	7,318	6,797	9,337	6,339	8,685	5,265	6,367	8,315	5,286	8,947

B. SCRIPT R-STUDIO

```

#memodelkan data ke bentuk Gaussian dan Alaplace
Library(VGAM)
#padi : file data riil
hh<-padi
rownames(hh) <- c("Gen.001", "Gen.002", "Gen.003", "Gen.004",
"Gen.005", "Gen.006", "Gen.007", "Gen.008", "Gen.009",
"Gen.010", "Gen.011", "Gen.012", "Gen.013", "Gen.014", "Gen.015",
"Gen.016")

rcim1=rcim(hh, gaussianff, Svd.arg=TRUE, Rank=0)
resrcim1=residuals(rcim1)

rcim14=rcim(hh, alaplace1(tau=0.5), Svd.arg=TRUE,Alpha=0.5,
Rank=0, trace=TRUE)
resrcim14=residuals(rcim14)

#biplot model
Biplots = function(data, type = "GGE") {
  nx = dim(data)[1]
  px = dim(data)[2]
  svdy1 = svd(data)
  uy1 = svdy1$u # Lingkungan
  vy1 = svdy1$v # Genotipe
  dy1 = svdy1$d # Lamda
  # print(dy1)
  if (type == "GGE") {
    PCGeny1 = uy1
    PCLinky1 = vy1%*(diag(dy1))
    d1 = (max(PCGeny1[, 1]) - min(PCGeny1[, 1]))/
      (max(PCLinky1[, 1]) - min(PCLinky1[, 1]))
    d2 = (max(PCGeny1[, 2]) - min(PCGeny1[, 2]))/
      (max(PCLinky1[, 2]) - min(PCLinky1[, 2]))

    d = max(d1, d2)
    PCGeny1 <- PCGeny1/d
  } else {
    PCGeny1 = uy1%*sqrt(diag(dy1))
    PCLinky1 = vy1%*sqrt(diag(dy1))
  }

  PCdata = rbind(PCGeny1[, c(1,2)], PCLinky1[, c(1,2)])
  PCdata = as.data.frame(PCdata)

  labe1y1 = c(rownames(data), colnames(data))
  colnames(PCdata) = c("PC1", "PC2")

```

```

rownames(PCdata) = labely1
PCdata$tipe =
as.factor(c(rep("lingkungan", nx), rep("genotipe", px)))

pcx = dy1^2/sum(dy1^2) # Lamda

library(ggplot2)
GGE1 = ggplot(PCdata, aes(x=PC1,y=PC2, group="tipe"))

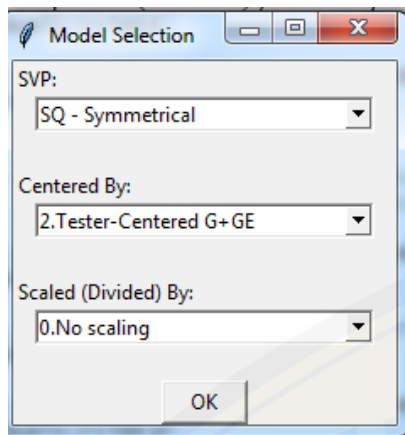
GGE1 + geom_segment(xend = 0, yend = 0, col = "coral3",
                    data = subset(PCdata, tipe == "genotipe")) +
  geom_text(aes(col = tipe, label = labely1),
            show.legend = F, nudge_y = 0.1) +
  geom_vline(xintercept = 0) + geom_hline(yintercept = 0) +
  geom_point() + xlab(paste0("PC1 ", round(pcx[1]*100,2), "%")) +
  ylab(paste0("PC2 ", round(pcx[2]*100,2), "%")) +
  ggtitle(paste0("GGE Biplot dengan Total Keragaman ",
                round((pcx[1]+pcx[2])*100,2), "%"))
}

## manual GGE
y1 = resrcim12
meancolData = colMeans(y1)
for (i in 1:n) {
  for (j in 1:p) {
    y1[i, j] <- y1[i, j] - meancolData[j]
  }
}
Biplots(y1, type = "GGE")

y1 = resrcim14
meancolData = colMeans(y1)
for (i in 1:n) {
  for (j in 1:p) {
    y1[i, j] <- y1[i, j] - meancolData[j]
  }
}
Biplots(y1, type = "GGE")

#analisis biplot
library(GGEBiplotGui)
GGEBiplot(resrcim12)

```

GGEbiplot (resrcim14)

