

Merakit Sifat Ketegaran Terhadap Ketaknormalan Data dan Pengamatan Pencilan Pada Model AMMI

Alfian Futuhul Hadi

Mahasiswa Program Doktor Statistika. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.

Dosen Jurusan Matematika Universitas Jember

email: afhadi@unej.ac.id or afhadi@gmail.com

A. A. Mattjik

Gurubesar Biometrika. Departemen Stastistika. Institut Pertanian Bogor.

email: mattjik@ipb.ac.id

Abstract. AMMI (Additive Main Effect Multiplicative Interaction) model for interactions in two-way table provide the major mean for studying stability and adaptability through genotype \times environment interaction (GEI), which modeled by full interaction model. Eligibility of AMMI model depends on that assumption of normally independent distributed error with a constant variance. Nowadays, AMMI models have been developed for any condition of MET data with some violence of the normality and homogeneity assumption. We can mention in this class of modelling as M-AMMI for mixed AMMI models and G-AMMI for generalized AMMI models. The G-AMMI was handling non-normality i.e categorical response variables using an algorithm of alternating regression. Modeling count data in study of incidence on a plant for example, the appropriateness of AMMI model here is being doubtful. GAMMI log-link model will be applied to the Poisson data distribution. GAMMI log-link models give us good information of the interaction by its log-odd ratio. While in handling the non-homogeneity in mix-models sense, one may use a model called factor analytic multiplicative. The development of AMMI models is also to handle any outlier that might be found coincides with non-homogeneity condition of the data. In this paper, we will present both of handling non-normality and outling observation in AMMI model by using an algorithm of alternating regression.

Keywords: AMMI, G-AMMI, M-AMMI, Factor Analytic, Multiplicative Models, Alternating Regression, Robust approach, Biplot.

Pendahuluan

Statistika telah lama berkontribusi pada penelitian pemuliaan tanaman, terutama dalam pendekatan biometrika dalam genetika kuantitatif. Lebih jauh, model AMMI telah lama digunakan secara luas untuk menganalisis Interaksi Genotipe \times Lingkungan (IGL) dalam percobaan multi-lingkungan. Hal ini terutama didukung oleh kenyataan bahwa pendekatan model AMMI mampu menjelaskan interaksi dengan baik melalui model interaksi lengkap atau dikenal sebagai suku multiplikatif/bilinier (Sumertajaya, 1998). Groenen & Koning, (2004a) menunjukkan penggunaan biplot pada model AMMI sebagai cara baru memvisualisasi interaksi pada model aditif (ANOVA model). Struktur interaksi diuraikan dari matriks sisaan komponen aditif dengan memanfaatkan sifat matematis penguraian nilai singular (*singular value decomposition*, SVD). SVD merupakan pendekatan kuadrat terkecil dengan reduksi dimensi (pangkat matriks) data yang terbaik dan menyediakan penyajian secara grafis. Model AMMI dibangun dengan landasan teori pemodelan pada distribusi data Normal (gaussian) yang mapan, teknik komputasi yang sederhana, dan telah secara luas digunakan.

Data yang berdistribusi selain normal (*non-normal*) cenderung tidak homogen, dan bila dimodelkan dengan AMMI, ketakhomogenan ragam dapat berakibat buruk dalam pendugaan. Ketika tidak ada alasan untuk memaksa pemodelan tetap pada skala pengamatan, maka transformasi terhadap peubah respon dapat