



**INFERENSI TITIK-TITIK PADA BILOT AMMI MENGGUNAKAN  
*RESAMPLING BOOTSTRAP***

**SKRIPSI**

Oleh  
**Permata Atsna'ul Laili**  
**NIM 081810101054**

**JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS JEMBER  
2013**



**INFERENSI TITIK-TITIK PADA BIPLLOT AMMI MENGGUNAKAN  
*RESAMPLING BOOTSTRAP***

**SKRIPSI**

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

Oleh  
**Permata Atsna'ul Laili**  
**NIM 081810101054**

**JURUSAN MATEMATIKA**  
**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**  
**UNIVERSITAS JEMBER**  
**2013**

## **PERSEMBAHAN**

Skripsi ini saya persembahkan untuk:

1. Ibunda Sitti Habibah dan Ayahanda Bagus Qomaruzzaman Ratu Edi tercinta yang tak pernah berhenti memberikan do'a , motivasi, dan restunya kepada ananda dengan kesabaran dalam mengajarkan ilmu kehidupan kepada ananda selama ini;
2. adik tercinta Achmad Firdaus Sulthoni, Furqoni Nurul Ummah dan Fathimatuzzahrah yang selalu memberikan do'a, semangat dan warna dalam hidup ini;
3. sahabat tercinta Ana Fauziah, Prasanti Mia Purnama, dan Nindy Erin Rosalin, yang telah memberikan motivasi selama ini;
4. Almamater Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Jember.

## MOTTO

“Sesungguhnya sesudah kesulitan itu ada kemudahan. Maka apabila kamu telah selesai (dari sesuatu urusan), kerjakanlah dengan sungguh-sungguh (urusan yang lain) dan hanya kepada Tuhanmulah hendaknya kamu berharap”

(Q.S. Al-Insyirah: 6 – 8)<sup>1)</sup>

---

<sup>1)</sup> M.ushaf Al-Qur'anul Karim. 1990. *Al-Qur'an Dan Terjemahnya*. Jakarta

## PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

nama : Permata Atsna'ul laili

NIM : 081810101054

menyatakan dengan sesungguhnya bahwa karya ilmiah yang berjudul “Inferensi Titik-titik Pada Biplot AMMI Menggunakan *Resampling Bootstrap*” 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, Januari 2013

Yang menyatakan,

Permata Atsna'ul Laili

NIM. 081810101054

**SKRIPSI**

**INFERENSI TITIK-TITIK PADA BILOT AMMI MENGGUNAKAN  
*RESAMPLING BOOTSTRAP***

Oleh

Permata Atsna'ul Laili  
081810101054

Pembimbing:

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

Dosen Pembimbing Anggota : Yuliani Setia Dewi, S. Si., M. Si.

## PENGESAHAN

Skripsi berjudul “Inferensi Titik-titik Pada Biplot AMMI Menggunakan *Resampling Bootstrap*” 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

Yuliani Setia Dewi, S. Si., M. Si.  
NIP 19740716 2000032001

Penguji I,

Penguji II,

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

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

Mengesahkan

Dekan,

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

## RINGKASAN

**Inferensi Titik-titik Pada Biplot AMMPI Menggunakan *Resampling Bootstrap***;  
Permata Atsna'ul Laili, 081810101054; 2013: 36 halaman; Jurusan Matematika  
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam.

Program Pemuliaan tanaman pangan yang ada di Indonesia menjadi sangat penting dibutuhkan karena besarnya sumber daya pertanian dan merupakan salah satu upaya untuk meningkatkan produktivitas serta kualitasnya. Demi menjamin tersedianya pangan yang berkualitas perlu dilakukan berbagai penelitian tentang daya adaptasi berbagai genotipe suatu tanaman pada berbagai kondisi yang tersedia yang sering dikenal dengan percobaan lokasi ganda. Salah satu metode analisis data statistik yang dapat diterapkan dalam bidang pertanian adalah analisis *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI) yang dalam perkembangannya dapat digunakan untuk mengkaji *GEI* (*Genotypes Environmental Interaction*) pada suatu percobaan lokasi ganda.

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan genotipe-genotipe yang stabil dengan model AMMI namun menggunakan pendekatan metode *resampling bootstrap*. Metode ini dilakukan dengan *me-resampling* ulangan percobaan pada kasus tanaman pangan padi fungsional sehingga mendapatkan varietas unggul berdaya hasil tinggi dan dapat diterima konsumen. Penelitian dilakukan dengan tiga tahapan untuk mendapatkan hasil tersebut, yaitu dengan menerapkan analisis AMMI, melakukan pendekatan metode *resampling bootstrap* dan menghasilkan inferensi titik-titik dalam bentuk plot daerah kepercayaan *ellips*. Data yang dipakai merupakan variabel pengamatan kandungan *Fe*, *Zn*, dan pengamatan *Yield* dari tanaman padi.

Setelah diperoleh sebaran titik-titik inferensi dari masing-masing genotipe kemudian penentuan kestabilan dilakukan berdasarkan konsep jarak dari sumbu (0,0) juga menurut daerah kepercayaan *ellipsnya*. Genotipe yang stabil dari variabel



pengamatan *Yield* adalah G9 varietas CIHERANG dan genotipe yang tidak stabil adalah G2 (BP9454F-27-3-2-B), pada variabel pengamatan kandungan *Fe* genotipe yang stabil adalah G9 varietas CIHERANG dan genotipe yang tidak stabil G2 (BP9454F-27-3-2-B), untuk tanaman padi dengan kandungan *Zn* didapatkan genotipe yang stabil G5 (BP9458F-21-1-4-B) dan yang tidak stabil G3 (BP9474C-1-1-B).

Keseluruhan penentuan kestabilan genotipe juga didasarkan pada besarnya keragaman Biplot AMMI<sub>2</sub> tiap-tiap variabel pengamatan. Langkah selanjutnya dengan membandingkan dari konsep ISA dan memperhatikan daerah kepercayaan inferensi titik-titik genotipe tersebut. Pada daerah kepercayaan tersebut besarnya keragaman ditentukan dari batas atas dalam hal ini berupa *ellips* luar sedangkan penentuan kestabilan genotipe dilihat dari batas bawah atau *ellips* dalam yang mendekati ke titik-titik pusat (0,0).

Pada penelitian ini, Biplot AMMI menunjukkan keragaman variabel pengamatan *Yield* sebesar 78,3%, *Fe* sebesar 64,3% dan keragaman terbesar adalah variabel pengamatan kandungan *Zn* sebesar 80,0%. Keragaman yang semakin besar dari Biplot AMMI menunjukkan semakin banyaknya perbedaan dalam penentuan kestabilan genotipenya. Hal ini semakin memperkuat dugaan penelitian sebelumnya dari Novianti (2010) dimana upaya inferensi titik-titik Biplot ini akan baik bila digunakan pada keragaman Biplot AMMI<sub>2</sub> yang kecil, sehingga hasilnya tidak akan jauh berbeda dengan Biplot AMMI<sub>2</sub> dan konsep jarak ISA.

## PRAKATA

Alhamdulillah, puji syukur kehadirat Allah SWT, atas segala rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “Inferensi Titik-titik Pada Biplot AMMI Menggunakan *Resampling Bootstrap*”. 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 Yuliani Setia Dewi, 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 P, S. Si., M. Si. selaku dosen penguji atas 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. Haeruddin yang telah membantu dalam pengkonstruksian program;
5. teman-teman angkatan 2008 Jurusan Matematika yang tidak bisa disebutkan satu persatu terima kasih atas kebersamaan dan motivasinya;
6. teman-teman semua angkatan di Jurusan Matematika dan semua pihak yang tidak dapat disebutkan satu per satu.

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

Jember, Januari 2013

Penulis

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>HALAMAN JUDUL .....</b>	<b>ii</b>
<b>HALAMAN PERSEMBAHAN .....</b>	<b>iii</b>
<b>HALAMAN MOTTO .....</b>	<b>iv</b>
<b>HALAMAN PERNYATAAN.....</b>	<b>v</b>
<b>HALAMAN PEMBIMBINGAN.....</b>	<b>vi</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN.....</b>	<b>vii</b>
<b>RINGKASAN .....</b>	<b>viii</b>
<b>PRAKATA .....</b>	<b>x</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>xi</b>
<b>DAFTAR TABEL .....</b>	<b>xiii</b>
<b>DAFTAR GAMBAR.....</b>	<b>xvi</b>
<b>BAB 1. PENDAHULUAN .....</b>	<b>1</b>
<b>1.1 Latar Belakang.....</b>	<b>1</b>
<b>1.2 Perumusan Masalah .....</b>	<b>3</b>
<b>1.3 Tujuan dan manfaat .....</b>	<b>3</b>
<b>BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA.....</b>	<b>4</b>
<b>2.1 Interaksi Genotipe dan Lingkungan .....</b>	<b>4</b>
<b>2.2 Model AMMI.....</b>	<b>5</b>
2.2.1 Penguraian Bilinier Pengaruh Interaksi .....	5
2.2.2 Perhitungan Jumlah Kuadrat dan Derajat Bebas .....	7
2.2.3 Penguraian Nilai Singular (SVD) .....	8
2.2.4 Nilai Komponen AMMI .....	8
2.2.5 Penentuan Banyaknya Komponen AMMI.....	9

2.3 Deskripsi Biplot AMMI.....	10
2.4 Analisis Indeks Kestabilan AMMI.....	11
2.5 Metode <i>Resampling Bootstrap</i> .....	11
<b>BAB 3. METODE PENELITIAN.....</b>	<b>14</b>
3.1 Data Percobaan .....	13
3.2 Kerangka Teoritis .....	15
3.3 Metodologi Penelitian .....	17
<b>BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN.....</b>	<b>20</b>
4.1 Daerah Kepercayaan Biplot AMMI.....	20
4.2 Identifikasi Inferensi Titik-titik Biplot AMMI	
Menggunakan Metode <i>Resampling Bootstrap</i> .....	25
4.3 Daerah Kepercayaan Inferensi Titik-titik Biplot AMMI.....	28
4.4 Pembahasan.....	31
<b>BAB 5. PENUTUP.....</b>	<b>35</b>
5.1 Kesimpulan.....	35
5.2 Saran .....	35
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	<b>36</b>
<b>LAMPIRAN</b>	
<b>A. Skrip Program R untuk analisis AMMI (datapadiammi.R)</b>	
<b>B. Skrip Program R untuk analisis AMMI menggunakan metode</b>	
<b>    resampling bootstrap (datapadi.R )</b>	
<b>C. Plot titik-titik Inferensi data pengamatan <i>Yield</i> terhadap</b>	
<b>    tanaman padi</b>	
C.1 Tabel ANOVA	
<b>D. Plot titik-titik Inferensi data pengamatan kandungan <i>Fe</i> terhadap</b>	
<b>    tanaman padi</b>	
D.1 Tabel ANOVA	
<b>E. Plot titik-titik Inferensi data pengamatan kandungan <i>Zn</i> terhadap</b>	
<b>    tanaman padi</b>	

E.1 Tabel ANOVA

**F. LAMPIRAN PAKET dalam *software R***

## DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 2.1 Struktur Analisis Ragam Untuk Model AMMI. ....	7
Tabel 3.1 Kode Genotipe Padi . ....	14
Tabel 3.2 Kode Lokasi Data Percobaan . ....	15
Tabel 4.1 ANOVA Data respon pengamatan <i>Yield</i> .....	20
Tabel 4.2 ANOVA Data respon pengamatan <i>Fe</i> . ....	20
Tabel 4.3 ANOVA Data respon pengamatan <i>Zn</i> . ....	21
Tabel 4.4 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan <i>Yield</i> .....	24
Tabel 4.5 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan kandungan <i>Fe</i> .....	24
Tabel 4.6 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan kandungan <i>Zn</i> .....	25
Tabel 4.7 Ragam koragam dan korelasi skor <b>KUI<sub>1</sub></b> dan <b>KUI<sub>2</sub></b> variabel pengamatan <i>Yield</i> .....	26
Tabel 4.8 Ragam koragam dan korelasi skor <b>KUI<sub>1</sub></b> dan <b>KUI<sub>2</sub></b> variabel pengamatan <i>Fe</i> .....	27
Tabel 4.9 Ragam koragam dan korelasi skor <b>KUI<sub>1</sub></b> dan <b>KUI<sub>2</sub></b> variabel pengamatan <i>Zn</i> .....	27
Tabel 4.10 Daerah kepercayaan <i>ellips</i> skor <b>KUI<sub>1</sub><sup>*</sup></b> dan <b>KUI<sub>2</sub><sup>*</sup></b> data set pengamatan <i>Yield</i> .....	30
Tabel 4.11 Daerah kepercayaan <i>ellips</i> skor <b>KUI<sub>1</sub><sup>*</sup></b> dan <b>KUI<sub>2</sub><sup>*</sup></b> data set pengamatan <i>Fe</i> .....	31
Tabel 4.12 Daerah kepercayaan <i>ellips</i> skor <b>KUI<sub>1</sub><sup>*</sup></b> dan <b>KUI<sub>2</sub><sup>*</sup></b> data set	

pengamatan  $Zn$ ..... 31

## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 3.1 Kerangka Pikiran .....	16
Gambar 4.1 (a) Biplot AMMI <sub>2</sub> variabel pengamatan <i>Yield</i> , (b) Biplot AMMI <sub>2</sub> variabel pengamatan <i>Fe</i> , (c) Biplot AMMI <sub>2</sub> variabel pengamatan <i>Zn</i> .....	23
Gambar 4.2 (a) G2 (BP9454F-27-3-2-B) genotipe yang tidak stabil dan (b) G9 (CIHERANG) genotipe yang stabil .....	28
Gambar 4.3 (a) G2 (BP9454F-27-3-2-B) genotipe yang tidak stabil dan (b) G9 (CIHERANG) genotipe yang stabil .....	29
Gambar 4.4 (a) G3 (BP9474C-1-1-B) genotipe yang tidak stabil dan (b) G5 (BP9458F-21-1-4-B) genotipe yang stabil .....	30







## BAB 1. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Program Pemuliaan tanaman pangan yang ada di Indonesia menjadi sangat penting dibutuhkan karena besarnya sumber daya pertanian dan bentuk salah satu upaya untuk meningkatkan produktivitas serta kualitasnya. Tujuan lainnya adalah untuk mendapatkan varietas unggul berdaya hasil tinggi dan dapat diterima konsumen. Demi menjamin tersedianya pangan yang berkualitas perlu dilakukan berbagai penelitian tentang daya adaptasi berbagai genotipe suatu tanaman pada berbagai kondisi yang tersedia yang sering dikenal dengan percobaan lokasi ganda.

Model AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) merupakan model yang dapat menjelaskan dan menginterpretasikan respon genotipe terhadap variasi lingkungan. Pendekatan model AMMI merupakan gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikasi pada analisis komponen utama (Mattjik & Sumertajaya 2006).

Berkembangnya model AMMI saat ini sangat efektif menjelaskan interaksi genotipe dengan lingkungan. Penguraian pengaruh interaksi dilakukan dengan model bilinear, sehingga pemetaan genotipe dan lingkungan terlihat dengan jelas menggunakan biplot.

Biplot AMMI merupakan alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari interaksi genotipe  $\times$  lingkungan (IGL) dalam model AMMI. Analisis ini bertujuan memvisualisasikan skor komponen utama interaksi pertama ( $KUI_1$ ) dan komponen utama interaksi kedua ( $KUI_2$ ) ke dalam grafik berdimensi dua. Biplot AMMI hanyalah suatu analisis eksplorasi dan tidak menyediakan pengujian hipotesis.

Dalam penentuan kestabilan genotipe suatu pemuliaan tanaman, beberapa konsep telah dilakukan diantaranya adalah mengintroduksi indeks stabilitas dari biplot AMMI dimana Indeks dibangun berdasarkan konsep jarak, sehingga semakin besar indeks suatu genotipe, maka semakin jauh jarak genotipe dari pusat sumbu koordinat, artinya semakin tidak stabil genotipe tersebut (Sa'diyah, 2011).

Pada model AMMI, plot  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  hanya berupa suatu titik dari setiap genotipe dan menyatakan keragaman dari genotipe tersebut. Sehingga diperlukan adanya pendekatan metode lain guna menambah keyakinan peneliti akan sebaran titik-titik dugaannya. Proses aproksimasi yang digunakan adalah metode *Bootstrap* yaitu *me-resampling* data dengan pengembalian. Metode ini juga dianggap lebih akurat dan terpercaya untuk memilih varietas dalam program pengembangan genetika.

Metode *Bootstrap* diciptakan oleh Bradley Efron pada tahun 1979. Metode ini berfungsi untuk mengestimasi berbagai kuantitas statistik, menentukan interval kepercayaan (daerah kepercayaan), dan untuk menentukan fungsi densitas non parametrik (Ruwaidah, 2002).

Lavoranti (2007) mengenalkan metode *resampling bootstrap* yaitu untuk menguraikan matriks IGL dalam model AMMI. Metode tersebut akan menghasilkan daerah kepercayaan bootstrap dari skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  yang akan membangun koefisien stabilitas *bootstrap* berdasarkan jarak kuadrat Mahalanobis. Selain itu, pendekatan metode *resampling bootstrap* yang digunakan untuk model AMMI hanya berdasarkan pada pengaruh interaksi, sehingga selang kepercayaan dan indeks kestabilan yang diperoleh tidak mempertimbangkan pengaruh aditif model.

Penelitian model AMMI dengan metode *resampling bootstrap* lainnya dikemukakan oleh Novianti (2010) yang menggunakan metode tersebut untuk menentukan daerah kepercayaan dan kestabilan pada model AMMI. Daerah kepercayaan tersebut diasumsikan menyebar berdasarkan data *circular normal*, sehingga Biplot  $AMMI_2$  yang dihasilkan berbentuk lingkaran dengan titik sebaran genotipe didalamnya.

Pada penelitian kali ini metode *resampling bootstrap* digunakan untuk mendapatkan inferensi dari skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$ . Sehingga klasifikasi kestabilan genotipe tersebut didasarkan pada Biplot AMMI<sub>2</sub> dengan pendekatan daerah kepercayaan *bivariate normal* yang konturnya berbentuk *ellips* pada skor komponen utama interaksinya.

## 1.2 Perumusan Masalah

Pada indeks kestabilan AMMI, indeks dibangun berdasarkan konsep jarak. Semakin dekat jarak genotipe terhadap titik pusat koordinat (0,0) maka semakin stabil genotipe tersebut. Pendekatan metode *resampling bootstrap* yang dilakukan akan menghasilkan sebaran titik-titik inferensi atau titik dugaan komponen utama dalam bentuk *ellips* dengan jari-jari  $r_{\text{dalam}}$  dan  $r_{\text{luar}}$ .

Permasalahan pada penulisan tugas akhir ini adalah bagaimana menginferensi tiap-tiap titik Biplot AMMI dengan metode *resampling bootstrap* untuk membangun daerah kepercayaan guna menentukan kestabilan genotipe pada model AMMI.

## 1.3 Tujuan dan Manfaat

Tujuan dan manfaat dari penulisan tugas akhir ini adalah menginferensi titik-titik Biplot model AMMI dengan menggunakan metode *resampling bootstrap* untuk membangun daerah kepercayaan guna menentukan kestabilan genotipe dengan studi kasus tanaman padi.

## **BAB 2. TINJAUAN PUSTAKA**

### **2.1 Interaksi Genotipe dan Lingkungan**

Percobaan lokasi ganda (*multilocation*) memainkan peranan penting dalam pengembangbiakan tanaman (*plant breeding*) dan penelitian-penelitian agronomi. Data yang diperoleh dari percobaan ini sedikitnya mempunyai tiga tujuan utama dalam bidang pertanian, yaitu keakuratan pendugaan dan peramalan hasil berdasarkan data percobaan yang terbatas, menentukan stabilitas hasil dan pola respon genotipe atau perlakuan agronomi terhadap lingkungan dan seleksi genotipe atau perlakuan agronomi terbaik untuk dikembangkan pada masa yang akan datang atau lokasi yang baru.

Analisis statistika yang biasa diterapkan pada percobaan uji daya hasil adalah analisis ragam (ANOVA), dan analisis komponen utama (AKU). Penilaian terhadap kedua analisis ini dianggap kurang memadai dalam menganalisis keefektifan struktur data yang kompleks. Analisis ragam merupakan suatu model aditif yang hanya menerangkan keefektifan pengaruh utama. Anova mampu menguji interaksi tetapi tidak mampu menentukan pola genotip atau lingkungan untuk meningkatkan interaksi. Sedangkan pada analisis komponen utama hanya efektif menjelaskan pengaruh interaksi tanpa menerangkan pengaruh utamanya.

Dengan demikian untuk memperoleh gambaran secara lebih luas dari struktur data faktorial diperlukan pendekatan lain yaitu model Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UAIG) atau *Additive Main Effects Multiplicative Interaction* (AMMI), yang merupakan gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikasi pada analisis komponen utama.

## 2.2 Model AMMI

Model AMMI mempresentasikan komponen statistik yang terdiri dari pengaruh utama (*main effect*) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (*multiplicative interactions*), disamping komponen acak sisaan atau galat.

Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi yang memanfaatkan penguraian nilai singular (SVD = *Singular Value Decomposition*) pada matriks interaksi (Mattjik & Sumertajaya 2006).

### 2.2.1 Penguraian Bilinear Pengaruh Interaksi

Langkah-langkah pemodelan AMMI bagi pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan ( $\gamma_{ge}$ ) pada analisis ini adalah sebagai berikut (Mattjik & Sumertajaya 2006):

1. Langkah pertama menyusun pengaruh interaksi dalam bentuk matriks dengan genotipe (baris) x lingkungan (kolom), sehingga matriks ini berorde  $a \times b$ .

$$\mathbf{Y} = \begin{bmatrix} \gamma_{11} & \cdots & \gamma_{1b} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \gamma_{a1} & \cdots & \gamma_{ab} \end{bmatrix} \quad (2.1)$$

2. Langkah selanjutnya dilakukan penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan dengan menggunakan Analisis Komponen Utama (AKU).

$$\begin{aligned} \gamma_{ge} &= \sum_{r=1}^n \sqrt{\lambda_r} \varphi_{gr} \rho_{er} + (\alpha\beta)_{ge} \\ &= \sqrt{\lambda_1} \varphi_{g1} \rho_{e1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{g2} \rho_{e2} + \dots + \sqrt{\lambda_n} \varphi_{gn} \rho_{en} + (\alpha\beta)_{ge} \end{aligned} \quad (2.2)$$

Sehingga Model AMMI secara lengkap dapat dituliskan sebagai berikut:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{r=1}^n \sqrt{\lambda_r} \varphi_{gr} \rho_{er} + (\alpha\beta)_{ge} + \varepsilon_{er}$$

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

dengan:  $g = 1, 2, \dots, a$ ;  $e = 1, 2, \dots, b$ ;  $r = 1, 2, \dots, n$

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

$\mu$  = komponen aditif dari pengaruh utama genotipe dan lingkungan

$\alpha_g$  = pengaruh utama genotype ke- $g$  terhadap respons yang diamati

$\beta_e$  = pengaruh utama lokasi ke- $e$  terhadap respons yang diamati

$\sqrt{\lambda_n}$  = nilai singular untuk komponen bilinier ke- $n$  ( $\lambda_n$  adalah nilai eigen)

$$\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$$

$\varphi_{gn}$  = pengaruh ganda genotype ke- $g$  melalui komponen bilinier ke- $n$

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

Pada model AMMI diatas memiliki beberapa kendala:

$$(1). \sum_{g=1}^a \varphi_{gn}^2 = \sum_{e=1}^b \rho_{en}^2 = 1, \text{ untuk } n = 1, 2, \dots, m; \text{ dan}$$

$$(2). \sum_{g=1}^a \varphi_{gn} \varphi_{gn'} = \sum_{e=1}^b \rho_{en} \rho_{en'} = 0, \text{ untuk } n \neq n' ;$$

$\delta_{ge}$  = residu dari pemodelan bilinier

$\varepsilon_{ger}$  = pengaruh acak galat faktor tetap genotype ke- $g$ , faktor tetap lokasi ke- $e$ , ulangan ke- $r$ .

Asumsi yang mendasari sebagai berikut:

$$1) \sum_{g=i}^a \alpha_g = 0,$$

$$3) \beta_e \overset{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma_\beta^2)$$

$$2) \delta_{ij} \overset{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma_\delta^2),$$

$$4) \varepsilon_{egr} \overset{\text{iid}}{\sim} N(0, \sigma_\varepsilon^2)$$



### 2.2.2 Perhitungan Jumlah Kuadrat dan Derajat Bebas

Pada model AMMI pengaruh aditif genotipe dan lingkungan serta jumlah kuadrat dan kuadrat tengahnya dihitung berdasarkan pada data rata-ran per genotipe  $\times$  lokasi.

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:

$$JK(GE) = r \sum_{g,e} z_{ge}^2 = r \sum_{g,e} (\bar{y}_{ge} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{..e} + \bar{y}_{...})^2 = r \text{ teras}(\mathbf{z}\mathbf{z}') \quad (2.4)$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa teras dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut:

$$\text{tr}(A) = \sum_i \lambda_i \quad (2.5)$$

Maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- $n$  adalah akar ciri ke- $n$  pada model bilinear tersebut ( $\lambda_n$ ), jika analisis ragam dilakukan terhadap data rata-ran per genotipe  $\times$  lingkungan, maka jumlah kuadrat komponen utama interaksi ke- $n$  adalah akar ciri ke- $n$  pada model linier tersebut ( $\lambda_n$ ).

Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadratnya adalah banyaknya ulangan  $r$  kali akar ciri ke- $n$  ( $JK KU_n = r\lambda_n$ ). Pengujian masing-masing komponen ini dilakukan dengan membandingkannya terhadap kuadrat tengah galat gabungan.

Tabel 2.1 Struktur Analisis Ragam Untuk Model AMMI

Sumber Keragaman	Derajat Bebas	Jumlah Kuadrat	Kuadrat tengah
Genotipe	$a-1$	JK(Genotipe)	KT(Genotipe)
Lingkungan	$b-1$	JK(Lingkungan)	KT(Lingkungan)
Interaksi (IGL)	$(a-1)(b-1)$	JK(Interaksi)	KT(Interaksi)
KUI <sub>1</sub>	$a+b-1-2(1)$	JKKUI <sub>1</sub>	KTKKUI <sub>1</sub>
KUI <sub>2</sub>	$a+b-1-2(2)$	JKKUI <sub>2</sub>	KTKUI <sub>2</sub>
...	...	...	...
KUI <sub>t</sub>	$a+b-1-2(t)$	JKKUI <sub>t</sub>	KTKUI <sub>t</sub>
Residu	$(a-2)(b-2)$	JK(Residu)	
Galat Gabungan	$b(a-1)(r-1)$	JK(galat)	
Total	$abr-1$		

Derajat bebas untuk setiap komponen AMMI adalah  $a+b-1-2t$ . Besaran derajat bebas ini diturunkan berdasarkan jumlah parameter yang diduga dikurangi dengan jumlah kendala. Banyaknya parameter yang diduga adalah  $a+b-1$ , sedangkan banyak kendala untuk komponen ke- $t$  adalah  $2t$ . Kendala yang dipertimbangkan adalah kenormalan dan keortogonalan (Mattjik & Sumertajaya, 2006).

### 2.2.3 Penguraian Nilai Singular (SVD)

Nilai Singular (SVD) merupakan pendekatan kuadrat terkecil dengan reduksi dimensi (pangkat matriks) data yang terbaik dan menyediakan penyajian secara grafis yang dikenal secara luas dengan nama Biplot.

Penguraian nilai singular untuk matriks pengaruh interaksi  $Z$  adalah memodelkan matriks tersebut sebagai berikut:

$$\mathbf{Z} = \mathbf{U} \mathbf{L} \mathbf{A}' \quad (2.6)$$

dengan :

$\mathbf{Z}$  = matriks data terpusat berukuran  $n \times p$

$\mathbf{L}$  = matriks diagonal akar dari akar positif ( $D(\sqrt{\lambda_n})$ ) bukan nol dari  $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$  berukuran  $m \times m$ , selanjutnya disebut nilai singular

$\mathbf{A}$  = matriks ortonormal dengan kolom-kolom matriks  $\mathbf{A}=\{a_1, a_2, \dots, a_n\}$  adalah vector-vektor ciri  $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$

$\mathbf{U}$  = matriks ortonormal yang diperoleh dari perkalian matriks-matriks

$$\mathbf{U} = \mathbf{Z} \mathbf{A} \mathbf{L}^{-1} = \left\{ \frac{z_{a_1}}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{z_{a_2}}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{z_{a_n}}{\sqrt{\lambda_n}} \right\}$$

### 2.2.4 Nilai Komponen AMMI

Secara umum nilai komponen ke- $n$  untuk genotype ke- $g$  adalah  $l_n^k \Psi_{gn}$  sedangkan nilai komponen untuk lokasi 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  $L^k$  demikian juga matriks  $L^{1-k}$ , dan  $G=UL^k$  serta  $H=AL^{1-k}$  maka penguraian nilai singular dapat ditulis:

$$\mathbf{Z} = \mathbf{GH}' \quad (2.7)$$

Sehingga skor komponen untuk faktor genotipe adalah kolom-kolom matriks  $G$  sedangkan skor komponen untuk faktor lingkungan adalah kolom-kolom matriks  $H$ . Nilai  $k$  yang digunakan pada analisis AMMI adalah  $\frac{1}{2}$ .

#### 2.2.5 Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Jika beberapa kolom pertama matriks  $G$  dan  $H$  telah dapat menghasilkan penduga  $Z$  dengan baik maka banyak kolom matriks  $G$  dan  $H$  dapat dikurangi.

Gauch (1988) dan Crossa (1990) dalam Mattjik & Sumertajaya (2006) mengemukakan dua metode penentuan banyaknya sumbu komponen utama yang sudah cukup untuk penduga, yaitu *Postdictive Success* dan *Predictive Success*.

*Postdictive success* berhubungan dengan kemampuan suatu model yang tereduksi untuk menduga data yang digunakan dalam membangun model tersebut. Salah satu penentuan banyaknya komponen berdasarkan *Postdictive success* adalah berdasarkan banyaknya sumbu tersebut yang nyata pada uji F analisis ragam.

*Predictive success* berhubungan dengan kemampuan suatu model dugaan untuk memprediksi data lain yang sejenis tetapi tidak digunakan dalam membangun model tersebut (data validasi). Penentuan banyak sumbu komponen utama berdasarkan *predictive success* ini dilakukan dengan validasi silang, yaitu membagi data menjadi dua kelompok, satu kelompok untuk membangun model dan kelompok lain digunakan untuk validasi (menentukan jumlah kuadrat sisaan). Hal ini dilakukan berulang-ulang, pada setiap ulangan dibangun model dengan berbagai sumbu komponen utama.

### 2.3 Deskripsi Biplot AMMI

Alat yang digunakan untuk menginterpretasikan hasil dari model AMMI adalah biplot. Biplot pada analisis AMMI biasanya berupa biplot antara nilai komponen utama pertama dengan rata-rata respon (Biplot AMMI<sub>1</sub>) dan biplot antara nilai komponen utama kedua dan nilai komponen utama pertama (Biplot AMMI<sub>2</sub>).

Pada Biplot AMMI<sub>1</sub> besarnya perbedaan pengaruh utama digambarkan oleh jarak titik amatan pada sumbu mendatar, sedangkan perbedaan pengaruh interaksinya digambarkan oleh jarak titik amatan pada sumbu tegak.

Klasifikasi kestabilan genotipe didasarkan pada Biplot AMMI<sub>2</sub> dengan pendekatan selang kepercayaan normal ganda yang berbentuk *ellips* pada skor komponen utama interaksinya. Semakin stabil suatu genotipe maka titik koordinatnya akan semakin mendekati pusat koordinasi *ellips*. Selang kepercayaan *ellips* adalah selang kepercayaan pada biplot dengan pusat (0,0) untuk identifikasi genotipe stabil. Jika letak suatu genotipe pada biplot berada di luar area *ellips*, maka genotipe tersebut dikategorikan sebagai genotipe yang tidak stabil, begitu juga sebaliknya. Berikut ini persamaan untuk mendapatkan jari-jari *ellips* berikut:

$$r_i = \pm \lambda_i \sqrt{\left(\frac{p(n-1)}{n(n-p)} F_{(p,n-p(\alpha))}\right)} \quad (2.8)$$

dengan:

$r_i$  = panjang jari-jari;  $i = 1$  untuk jari-jari panjang;  $i = 2$  untuk jari-jari pendek

$n$  = banyaknya pengamatan

$p$  = banyaknya peubah

$\lambda_i$  = nilai singular

$F_{(p,n-p(\alpha))}$  = nilai sebaran F dengan  $db_1 = p$  dan  $db_2 = n-p$  pada taraf nyata 5%

(Sa'diyah, 2011).

## 2.4 Analisis Indeks Kestabilan AMMI

Kestabilan dibedakan menjadi dua, yaitu kestabilan statis dan kestabilan dinamis. Suatu genotipe dikatakan stabil statis jika respon genotipe tersebut stabil antar lingkungan dan tidak ada keragaman respon antar lingkungan. Konsep kestabilan ini sering disebut konsep kestabilan biologi. Sedangkan genotipe yang dikatakan stabil dinamis adalah genotipe yang merespon kondisi lingkungan paralel dengan rata-rata respon seluruh genotipe yang diuji. Konsep kestabilan ini sering disebut konsep kestabilan agronomis (Becker 1981 dalam Kang 2002).

Indeks stabilitas diperlukan untuk mempermudah melihat tingkat stabilitas suatu genotipe terhadap lingkungan. Indeks dibangun berdasarkan konsep jarak, sehingga semakin besar indeks suatu genotipe, maka semakin jauh jarak genotipe dari pusat sumbu koordinat, artinya semakin tidak stabil genotipe tersebut.

Indeks stabilitas genotipe ditentukan oleh skor KUI yang dihasilkan dari model AMMI<sub>2</sub>, sehingga hanya menggunakan skor KUI<sub>1</sub> dan KUI<sub>2</sub>, indeks tersebut didefinisikan sebagai berikut:

$$ISA = \sqrt{\left( \left[ \frac{\lambda_1^{1/2}}{\lambda_2^{1/2}} (Skor KUI_1) \right]^2 + [Skor KUI_2]^2 \right)} \quad (2.9)$$

Indeks yang didasarkan pada dua nilai KUI terbesar tersebut baik digunakan jika persentase keragaman genotipe dan lingkungan yang dapat dijelaskan oleh biplot AMMI<sub>2</sub> besar. (Sa'diyah, 2011)

## 2.5 Metode Resampling Bootstrap

Metode *bootstrap* pertama kali diperkenalkan oleh Efron pada tahun 1979. Metode ini berfungsi untuk mengestimasi berbagai kuantitas statistik, menentukan daerah kepercayaan, dan untuk menentukan fungsi densitas non parametrik. Pendekatan *bootstrap* dasar adalah memperlakukan sampel sebagai populasi dan

menerapkan *sampling* untuk membangkitkan dugaan empiris bagi distribusi sampling statistik (Ruwaidah, 2002).

Misal  $x_1, x_2, \dots, x_n$  sebagai sampel acak berukuran  $n$  dari populasi dengan fungsi distribusi kontinu  $F$  yang tidak diketahui atau berdistribusi identik dan saling bebas (IID) sedangkan  $\hat{\theta} = s(x)$  merupakan parameter yang akan diestimasi. Untuk menduga ketepatan parameter  $\hat{\theta}$  dapat diperoleh dari fungsi sebaran empiris dari  $\hat{F}$ . Secara empiris sebaran ini menyatakan peluang untuk masing-masing pengamatan dari vektor acak  $X_i$  adalah  $1/n$ , untuk  $i = 1, 2, 3, \dots, n$ . Sampel *bootstrap* merupakan pengambilan sampel acak sebanyak  $n$  kali dari  $\hat{F}$ , yaitu  $X^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$ ,

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

$X^*$  bukan suatu data asli, tetapi data hasil resampling dari  $X$ .

Satu himpunan data *bootstrap* memiliki satu nilai dugaan  $\hat{\theta}$ , yaitu  $\hat{\theta}^* = s(x^*)$ . Nilai  $s(x^*)$  merupakan hasil dari penggunaan fungsi yang sama dari  $s(\cdot)$  pada  $x^*$  seperti yang digunakan untuk  $x$ . Misalkan  $s(x)$  merupakan rata-rata sampel  $\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$ , maka  $s(x^*)$  adalah rata-rata sampel data *bootstrap*  $\bar{x}^* = \frac{\sum_{i=1}^n x_i^*}{n}$ .

Penduga *bootstrap*  $se_F(\hat{\theta})$  merupakan galat baku dari  $\hat{\theta}$ , yaitu penduga yang menggunakan fungsi sebaran empiris  $\hat{F}$  dari distribusi  $F$  yang tak diketahui. Penduga *bootstrap*  $se_F(\hat{\theta})$  dinotasikan dengan  $se_F(\hat{\theta}^*)$ , yaitu penduga galat baku dari  $\hat{\theta}$  untuk himpunan data berukuran  $n$  yang diambil secara acak dari sebaran  $\hat{F}$  (Efron dalam Novianti 2010).

Langkah pendugaan *bootstrap* dimulai dengan menarik beberapa sampel *bootstrap* yang saling bebas, menghitung penduga dari ulangan *bootstrap* dan menduga galat baku dari  $\hat{\theta}$  menggunakan galat baku empiris dari ulangan *bootstrap*.

Pendugaan galat baku  $se_F(\hat{\theta})$  menggunakan simpangan baku sampel sebanyak  $B^*$  ulangan dan dihitung sebagai berikut:

$$\widehat{se}_B = \left\{ \frac{\sum_{b=1}^{B^*} [\hat{\theta}^*(b) - \hat{\theta}^*(\cdot)]^2}{B^* - 1} \right\}^{1/2} \quad (2.10)$$

dimana

$$\hat{\theta}^*(\cdot) = \frac{\sum_b^B \hat{\theta}^*(b)}{B} \quad (2.11)$$

Galat baku bootstrap digunakan untuk menyatakan pendekatan selang kepercayaan terhadap parameter  $\theta$ . Misalkan suatu penduga  $\hat{\theta}$  dan penduga galat baku  $\widehat{se}$ , maka selang kepercayaan  $(100 - \alpha) \%$  untuk  $\theta$  adalah

$$\hat{\theta} \pm z^{(\alpha)} \widehat{se} = \hat{\theta} \pm z^{(\alpha)} \left\{ \frac{\sum_{b=1}^B [\hat{\theta}^*(b) - \hat{\theta}^*(\cdot)]^2}{B-1} \right\}^{1/2} \quad (2.12)$$

dengan  $z^{(\alpha)}$  merupakan sebaran normal baku dengan peluang  $(100 - \alpha) \%$ . Persamaan diatas disebut penduga selang atau selang kepercayaan untuk  $\theta$ .

Bootstrap digunakan bukan untuk menghasilkan satu penduga titik terbaik, tetapi untuk menduga keakuratan penduga parameter. Bootstrap diselesaikan dengan menentukan sampel bootstrap yang digunakan untuk menduga galat baku. Bootstrap tidak membutuhkan rumus analitik yang rumit untuk pendugaan dan dapat digunakan selama masih ada metode komputasi untuk mendapatkan penduga. Hal ini berarti bahwa hanya dibutuhkan penggabungan perhitungan iterasi menggunakan komputer untuk mendapatkan penduga parameter.

## BAB 3. METODE PENELITIAN

### 3.1 Data Percobaan

Penelitian ini menggunakan data sekunder dari hasil penelitian Konsorsium Padi Nasional (Balai Besar Padi Badan Litbang Pertanian Kementerian Republik Indonesia) yaitu penelitian mengenai interaksi antara genotipe dengan lingkungan pada galur harapan padi sawah. Rancangan percobaan dilakukan dengan menggunakan Rancangan Acak Kelompok lengkap dengan data pengamatan yang diukur adalah kandungan *Fe* (besi) dan *Zn* (seng), serta besaran *yield* produksi padi (Ton/Ha) pada data pengamatan yang terdiri dari 10 galur padi yang ditanam di 10 lingkungan dengan 3 ulangan. Adapun genotipe-genotipe yang dicobakan pada Tabel 3.1 sedangkan lokasi percobaan disajikan pada Tabel 3.2.

Tabel 3.1 Kode Genotipe Padi

Kode	Genotipe
G1	BP9452F-12-1-B
G2	BP9454F-27-3-2-B
G3	BP9474C-1-1-B
G4	BP9454F-20-3-B
G5	BP9458F-21-1-4-B
G6	BP9454F-20-1-B
G7	BP9458F-36-8-B
G8	BP9458F-19-1-3-B
G9	CIHERANG



G10 IR68144-3B-2-2-3

Tabel 3.2 Kode Lokasi Data Percobaan

Kode	Genotipe
L1	Kuningan 06
L2	Sukamandi 06
L3	Temanggung 06
L4	Taman Bogo 08
L5	Banten 08
L6	Bandung08
L7	Kuningan 08
L8	Banjarnegara 08
L9	Pinrang 08
L10	Sukamandi 08

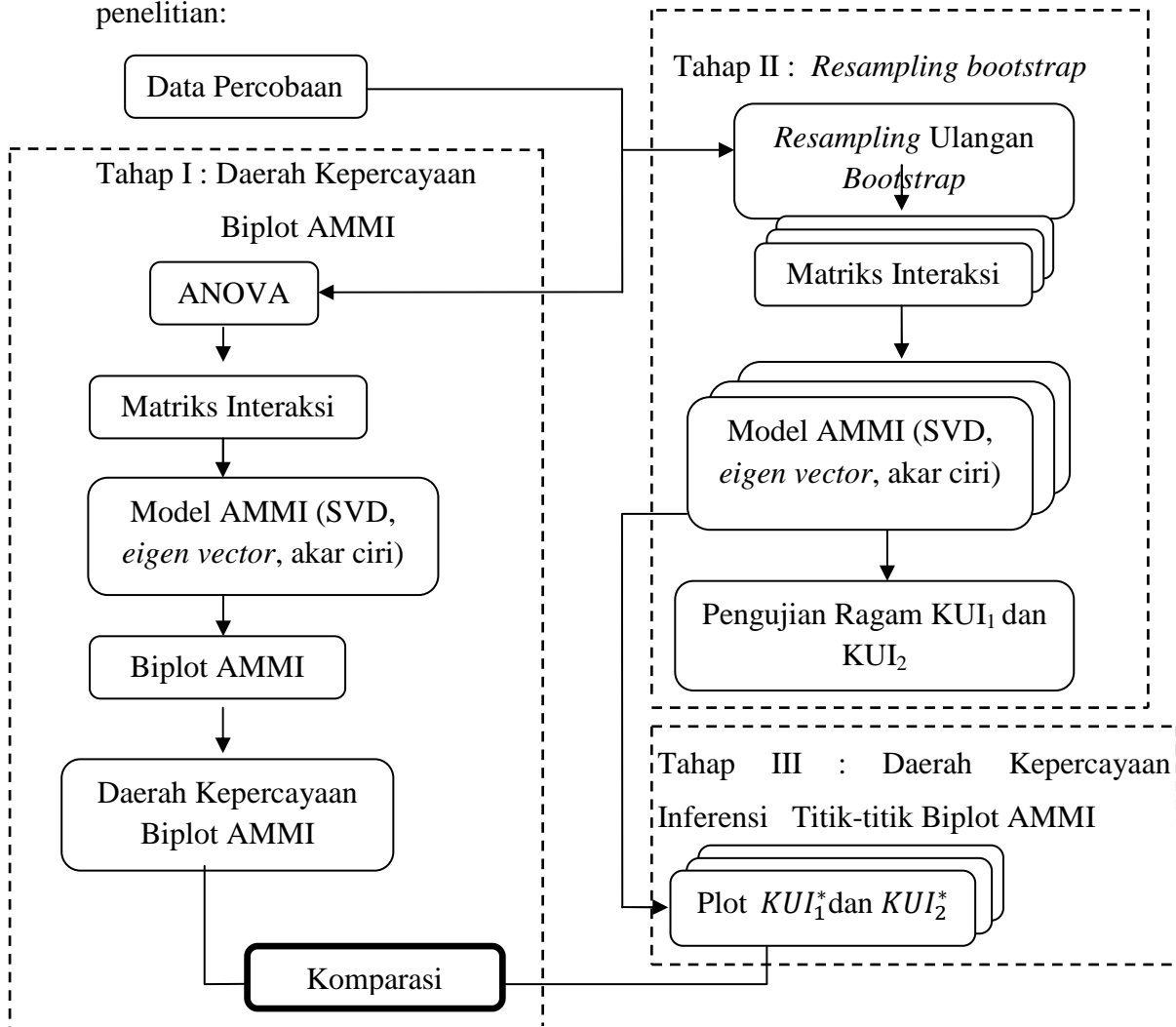
### 3.2 Kerangka Teoritis

Salah satu metode analisis data statistik yang dapat diterapkan dalam bidang pertanian adalah analisis *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI) yang dalam perkembangannya dapat digunakan untuk mengkaji *Genotypes Environmental Interaction* (GEI) pada suatu percobaan lokasi ganda (*multilocation*).

Analisis AMMI adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear ganda (Mattjik & Sumertajaya, 2006). Untuk menjelaskan interaksi genotipe dengan lokasi. AMMI dengan biplotnya dapat meringkas pola hubungan antar genotipe, antar lokasi, dan antara interaksi genotipe dan lokasi.

Dalam hal ini biplot AMMI divisualisasikan kedalam plot dimensi dua dengan daerah kepercayaan *ellips* guna menentukan kestabilan dari genotipe-genotipe tersebut. Klasifikasi kestabilan genotipe ini dilakukan berdasarkan konsep jarak dari sumbu (0,0) dan daerah kepercayaan *ellips*.

Pada biplot AMMI, plot titik-titik genotipe yang muncul hanya berupa satu titik sehingga dibutuhkan upaya untuk mendapatkan titik-titik inferensinya. Pendekatan yang dilakukan yaitu dengan metode *resampling bootstrap* guna mendapatkan sebaran titik-titik inferensi atau titik dugaan dari masing-masing genotipe. Sebaran dari titik-titik dugaan ini akan menghasilkan daerah kepercayaan titik-titik inferensinya guna menentukan kestabilan dari masing-masing genotipe. Berikut ini merupakan gambar kerangka pikiran dalam melakukan prosedur penelitian:



### Gambar 3.1 Kerangka Pikiran

### 3.3 Metodologi Penelitian

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah analisis model AMMI dengan pendekatan *resampling bootstrap*. Adapun *software* yang digunakan adalah *R versi 2.14.1* dengan mendesain skrip program model AMMI maupun proses *resampling bootstrap* pada *Window Console R-Gui* serta didukung beberapa paket (terdapat dalam lampiran) dalam *software R versi 2.14.1*. Oleh karena itu dibutuhkan beberapa tahapan dalam menganalisis data tersebut.

Penelitian ini terdiri dari III tahap analisis data. Pada tahap I adalah melakukan analisis AMMI, selanjutnya pada tahap II melakukan analisis AMMI menggunakan pendekatan *resampling bootstrap*, tahap terakhir yaitu plot titik-titik inferensi masing-masing genotipe. Ketiga tahapan ini perlu dilakukan untuk mendapatkan hasil komparasi yang diinginkan, dimana plot daerah kepercayaan AMMI akan diinferensi dengan pendekatan *resampling bootstrap* sehingga akan didapatkan daerah kepercayaan inferensi titik-titik Biplot AMMI<sub>2</sub>. Masing-masing daerah kepercayaan tersebut akan memperlihatkan kestabilan dari semua genotipe sesuai tujuan dari penelitian.

#### Tahap I

##### Daerah Kepercayaan Biplot AMMI

1. Menginterpretasikan data percobaan ke dalam tabel ANOVA kemudian mengubah ke dalam bentuk matriks interaksi
2. Menguraikan nilai SVD
3. Menginterpretasikan model melalui biplot AMMI<sub>2</sub>
4. Menentukan daerah kepercayaan biplot AMMI<sub>2</sub>
5. Menentukan genotipe yang stabil dengan daerah kepercayaan normal ganda pada langkah 4 yang berbentuk *ellips*.

## Tahap II

### Proses *Resampling Bootstrap*

1. Data 3 ulangan dari setiap pengamatan variabel *Fe*, *Zn*, dan *yield* percobaan padi diambil 3 sampel secara acak dengan pengembalian. Kemudian ketiga data sampel dirata-ratakan, sehingga diperoleh hasil rata-rata sampel untuk varietas ke-*g* dan lingkungan ke-*e*  $\bar{Y}_{ge}^*$ ;  $g = 1, 2, \dots, a$  dan  $e = 1, 2, \dots, b$ .
2. Data sampel dari langkah 1 kemudian dianalisis menggunakan analisis AMMI untuk menduga parameter komponen aditif dan matriks interaksi, sehingga diperoleh skor KUI. Dua skor KUI terbesar,  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  ditentukan untuk setiap genotipe ( $\theta_g^* = [KUI_{1g}^*, KUI_{2g}^*]$ ) dan lingkungan ( $\theta_e^* = [KUI_{1e}^*, KUI_{2e}^*]$ ).
3. Pengujian Kehomogenan ragam skor KUI.

## Tahap III

### Daerah Kepercayaan Inferensi Titik-titik Biplot AMMI

1. Langkah 1 dan 2 dari tahap II dilakukan sebanyak  $B^* = 1000$  kali sehingga diperoleh  $\theta_{gl}^*$  dan  $\theta_{el}^*$ ;  $l = 1, 2, \dots, B^*$ . Kemudian setiap elemen  $\theta^*$  digambarkan pada grafik dimensi dua dan dihitung jarak  $d^*$  dari titik pusat (0,0).

$$d_i^* = \sqrt{(KUI_{1i}^*)^2 + (KUI_{2i}^*)^2}, i = 1, 2, \dots, B^*$$

2. Dari 1000 jarak  $d^*$  dihitung batas atas ( $r_{luar}^*$ ) dan batas bawah ( $r_{dalam}^*$ ) selang kepercayaan ( $\alpha = 95\%$ )

$$r_{luar}^* = \bar{d}_i^* + z_{\alpha/2} \sigma_r \text{ dan } r_{dalam}^* = \bar{d}_i^* - z_{\alpha/2} \sigma_r$$

3. Membuat daerah kepercayaan dengan plot grafik untuk masing-masing genotipe dari hasil dugaan parameter menurut langkah (2). Untuk  $r_{luar}^*$  merupakan *ellips* luar dengan jari-jari sebesar batas atas dan  $r_{dalam}^*$  merupakan *ellips* dalam dengan jari-jari sebesar batas bawah.

4. Menentukan ringkasan hasil stabilitas genotipe berdasarkan langkah (3).

## BAB 4. HASIL DAN PEMBAHASAN

### 4.1 Daerah Kepercayaan Biplot AMMI

Tahapan dalam prosedur analisis AMMI mencakup penguraian SVD, identifikasi Biplot AMMI, dan daerah kepercayaan *ellips* serta pemilihan genotipe stabil. Analisis AMMI dapat menjelaskan interaksi genotipe dengan lokasi. Dalam menyajikan pola sebaran titik-titik genotipe dengan kedudukan relatifnya pada lokasi maka hasil penguraian nilai singular diplotkan antara satu komponen genotipe dengan komponen lokasi secara simultan. Penyajian dalam bentuk plot yang demikian disebut biplot.

Biplot AMMI<sub>2</sub> meringkas pola hubungan antar genotipe, antar lingkungan, dan antara genotipe dan lingkungan, sehingga analisis AMMI dapat meningkatkan keakuratan dugaan respon interaksi genotipe dengan lingkungan. Berikut merupakan hasil analisis ragam (ANOVA) dari masing-masing data pengamatan sebelum akhirnya dilanjutkan dengan analisis AMMI.

Tabel 4.1 ANOVA variabel pengamatan *Yield*

Sumber Keragaman	DB	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F Hitung	Nilai P
Genotipe	9	30,319	3,3688	14,9815	0,000
Lokasi	9	281,642	31,2936	60,2485	0,000
Interaksi	81	132,528	1,6361	7,2763	0,000
Residu	180	40,475	0,2249		

Tabel 4.2 ANOVA variabel pengamatan *Fe*

Sumber Keragaman	DB	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F Hitung	Nilai P
Genotipe	9	83,14	9,238	6,6881	0,000

Lokasi	9	373,05	41,450	10,7602	0,000
Interaksi	81	251,45	3,104	2,2475	0,000
Residu	180	248,62	1,381		

Tabel 4.3 ANOVA variabel pengamatan Zn

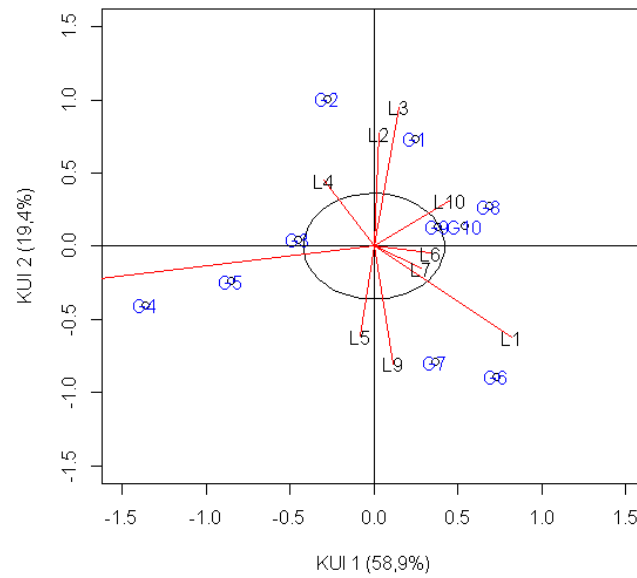
Sumber Keragaman	DB	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F Hitung	Nilai P
Genotipe	9	1126,27	125,141	16,7875	0,000
Lokasi	9	1913,32	212,591	1,6618	0,000
Interaksi	81	2996,80	36,997	4,9631	0,000
Residu	180	1341,80	7,454		

Hasil ANOVA diatas menunjukkan bahwa pengaruh genotipe dan lingkungan berbeda nyata pada  $\alpha = 5\%$ . Pengaruh utama genotipe yang berbeda nyata menunjukkan bahwa paling sedikit pada lingkungan yang sama ada satu genotipe tanaman padi yang memberikan respon berbeda dengan genotipe tanaman padi lain. Pengaruh utama lingkungan yang berbeda nyata menunjukkan bahwa secara umum lingkungan mempengaruhi daya hasil tanaman padi dan pengaruh lingkungan memberikan sumbangan terbesar yang artinya bahwa tingkat daya hasil tanaman padi sangat bergantung pada lingkungan dimana jenis genotipe ditanam.

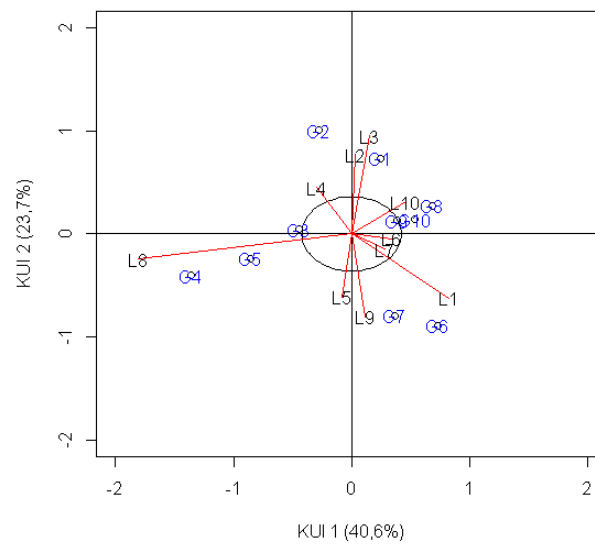
Faktor genotipe dan lingkungan dikatakan berinteraksi apabila pengaruh faktor genotipe berubah pada saat perubahan taraf faktor lingkungan berubah, begitu pula sebaliknya. Hasil ANOVA menunjukkan pengaruh interaksi yang nyata pada  $\alpha = 5\%$  dengan makna bahwa paling sedikit ada satu genotipe memberikan respon yang berbeda pada lingkungan yang berbeda. Hal ini menunjukkan dengan adanya pengaruh interaksi yang nyata, maka analisis dapat dilanjutkan dengan prosedur AMMI.

Pada Biplot AMMI<sub>2</sub> dari analisis AMMI dapat digunakan untuk melihat genotipe-genotipe stabil pada seluruh lokasi percobaan. Oleh karena itu dibutuhkan daerah kepercayaan *ellips* pada biplot dengantitik pusat (0,0) sebagai ukuran dalam menentukan genotipe yang stabil. Genotipe yang letaknya diluar area *ellips* dikategorikan sebagai genotipe yang tidak stabil begitu pula sebaliknya. Struktur

interaksi antara genotipe dan lingkungan masing-masing variabel pengamatan dapat dilihat dari Biplot AMMI<sub>2</sub> pada Gambar 4.1, yaitu plot antara KUI<sub>1</sub> dan KUI<sub>2</sub>.

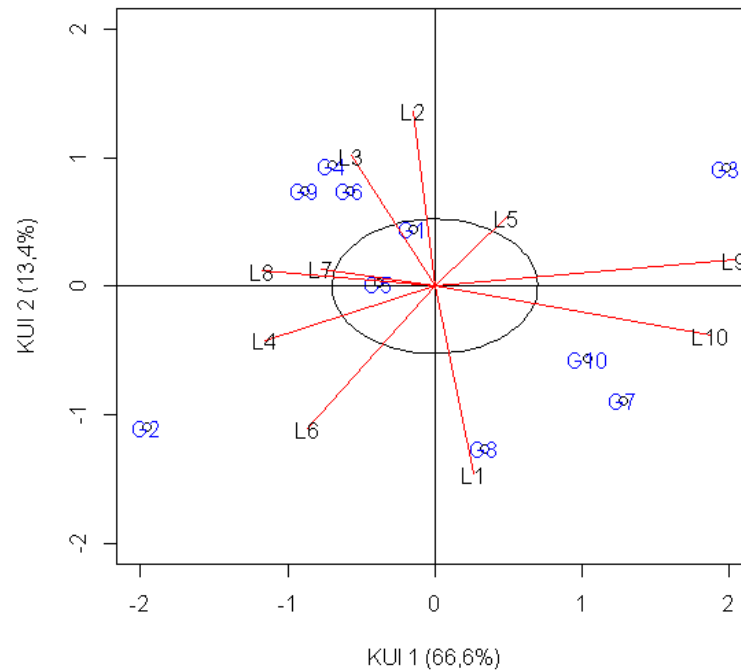


(a)



(b)





(c)

Gambar 4.1 (a)Biplot AMMI<sub>2</sub> variabel pengamatan *Yield*, (b)Biplot AMMI<sub>2</sub> variabel pengamatan *Fe*, (c)Biplot AMMI<sub>2</sub>variabel pengamatan *Zn*

Hasil plot Gambar 4.1(a) menggambarkan keragaman interkasi dari variabel pengamatan *Yield* sebesar 78,3%, masing-masing 58,9% untuk KUI<sub>1</sub> dan 19,4% untuk KUI<sub>2</sub>. Untuk hasil plot Gambar 4.1 (b) juga menggambarkan keragaman interkasi dari variabel pengamatan *Fe* sebesar 64,3%, masing-masing 40,6% untuk KUI<sub>1</sub> dan 23,7% untuk KUI<sub>2</sub>. Pada variabel *Zn* plot Gambar 4.2 (c) keragaman interaksinya sebesar 80,0%, masing-masing 66,6% untuk KUI<sub>1</sub> dan 13,4% untuk KUI<sub>2</sub>. Keseluruhan variabel pengamatan menunjukkan keragaman interaksi yang relatif besar melebihi 50%.

Genotipe yang letaknya berada didaerah kepercayaan *ellips* dan memiliki jarak yang cukup dekat dengan titik pusat (0,0) merupakan genotipe yang stabil, misalnya

untuk variabel pengamatan *Yield* genotipe yang stabil yaitu G9 dan genotipe yang paling tidak stabil adalah G2. Hal ini berlaku pula pada variabel pengamatan *Fe* dan *Zn*, genotipe yang paling stabil untuk variabel pengamatan *Fe* yaitu G9 dan G3, untuk variabel pengamatan *Zn* yaitu G1 dan G5. Namun, untuk genotipe yang tidak stabil pada variabel pengamatan *Fe* yaitu G4 dan G2, pada variabel pengamatan *Zn* yaitu G3.

Berdasarkan persamaan (2.9) konsep kestabilan juga ditunjukkan dari Indeks Stabilitas AMMI yang melihat posisi relatif genotipe terhadap titik pusat biplot AMMI<sub>2</sub>. Tabel 4.4 sampai 4.6 merupakan hasil perhitungan ISA dari masing-masing variabel pengamatan.

Tabel 4.4 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan *Yield*

Genotipe	ISA	Rank
G1	0,3566061	4
G2	1,4577589	10
G3	0,4731007	7
G4	0,2633933	2
G5	0,3259504	3
G6	0,4663290	6
G7	0,7091819	9
G8	0,3953397	5
G9	0,1952512	1*
G10	0,6554702	8

Keterangan : \*) genotipe stabil

Tabel 4.5 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan *Fe*

Genotipe	ISA	Rank
G1	0,6742879	4
G2	0,9064590	8
G3	0,4510570	2
G4	1,4040741	10

G5	0,8771712	7
G6	1,0557409	9
G7	0,7721257	6
G8	0,7260926	5
G9	0,3972479	1*
G10	0,5511255	3

Keterangan : \*) genotipe stabil

Tabel 4.6 Indeks Stabilitas AMMI (ISA) variabel pengamatan  $Z_n$

Genotipe	ISA	Rank
G1	0,3645407	1*
G2	2,1205774	10
G3	2,1000968	9
G4	0,9909581	4
G5	0,3822427	2*
G6	0,8014177	3
G7	1,4495321	8
G8	1,0056054	5
G9	1,0457211	6
G10	1,1179424	7

Keterangan : \*) genotipe stabil

#### 4.2 Identifikasi Distribusi Titik-titik Biplot AMMI Menggunakan Metode

##### *Resampling Bootstrap*

Pada model AMMI, plot antara  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  untuk melihat kestabilan genotipe hanya berupa suatu titik dari setiap genotipe dan menyatakan keragaman dari genotipe tersebut. Sedangkan penggunaan pendekatan metode *resampling bootstrap* untuk menampilkan plot  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  berupa titik-titik dugaan atau titik-titik inferensi dalam menentukan kestabilan genotipe.

Keragaman dari skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  didapatkan melalui simulasi data hasil ulangan untuk memperoleh matriks interaksi dengan metode *resampling bootstrap* yang dilakukan pada data asli. Proses *resampling* yang dilakukan adalah pada data

asli yang memiliki 3 data ulangan dilakukan pengambilan 3 data baru dengan pemulihan untuk setiap genotipe di setiap lokasi, sehingga terdapat  $3^3 = 27$  kombinasi data yang mungkin terjadi. Dalam hal ini penelitian dilakukan pada 10 genotipe di 10 lingkungan dengan perlakuan 3 kali ulangan maka akan diperoleh  $27^{10 \times 10}$  matriks interaksi.

Proses *resampling* ini dilakukan dengan iterasi sebanyak 1000 kali sehingga didapatkan 1000 matriks interaksi baru sebagai hasil dari proses *resampling*. Kemudian dengan menerapkan proses AMMI kedalam 1000 matriks tersebut akan didapatkan skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  dari setiap iterasi pada kombinasi data baru yang terbentuk. Pada setiap titik skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  dihitung jarak relatif  $d^*$  terhadap titik pusat (0,0) dan daerah kepercayaan *ellips*.

Analisis komponen utama menghasilkan komponen utama yang saling ortogonal dan saling bebas sehingga koefisien-koefisiennya bersifat ortogonal dan skor komponennya tidak saling berkorelasi. Langkah selanjutnya hasil – hasil komponen utama dari masing-masing genotipe diuji dengan uji statistika.

Pengujian yang dapat digunakan untuk pengujian kehomogenan ragam adalah dengan menghitung uji statistika sebaran F dengan hipotesis:

$$H_0: \sigma_{KUI1}^2 = \sigma_{KUI2}^2 \text{ (ragam dari perlakuan sama)}$$

$$H_1: \text{paling sedikit satu dari ragam perlakuan tidak sama}$$

Hasil ragam skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  serta korelasinya disajikan pada tabel 4.7 sampai 4.9.

Tabel 4.7 Ragam koragam dan korelasi skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  variabel pengamatan *Yield*

Genotipe	$\sigma_{KUI1}$	$\sigma_{KUI2}$	$\sigma_{KUI1,KUI2}$	korelasi
G1	0,4232	0,4977	0,0023	0,0111
G2	1,2587	0,7256	0,0089	0,0097
G3	0,6577	0,5715	0,0281	0,0747
G4	0,5717	0,5977	0,0062	0,0182
G5	0,5724	0,5918	0,0040	0,0118
G6	0,4318	0,5092	0,0154	0,0702

G7	0,5807	0,5634	-0,0106	-0,0324
G8	0,6732	0,6123	0,0013	0,0031
G9	0,4326	0,4649	0,0061	0,0308
G10	0,4844	0,5589	0,0143	0,0529

Tabel 4.8 Ragam koragam dan korelasi skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  variabel pengamatan  $Fe$ 

Genotype	$\sigma_{KUI1}$	$\sigma_{KUI2}$	$\sigma_{KUI1,KUI2}$	korelasi
G1	0,5767	0,7838	0,0442	0,0977
G2	0,9771	0,9503	-0,0411	-0,0442
G3	0,6992	0,6659	0,0397	0,0854
G4	1,1284	0,6809	0,1143	0,1488
G5	1,0041	0,5964	0,0254	0,0425
G6	0,5234	0,7752	-0,0237	-0,0584
G7	0,5618	0,6762	0,0189	0,04992
G8	0,5028	0,4783	0,0152	0,0635
G9	0,5258	0,5840	0,0313	0,1021
G10	0,4541	0,5304	-0,0099	-0,0411

Tabel 4.9 Ragam koragam dan korelasi skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  variabel pengamatan  $Zn$ 

Genotype	$\sigma_{KUI1}$	$\sigma_{KUI2}$	$\sigma_{KUI1,KUI2}$	korelasi
G1	0,8622	1,1126	0,0347	0,0362
G2	1,9872	1,5152	0,3367	0,1118
G3	2,6446	1,3447	-0,2541	-0,0714
G4	1,1753	1,2798	-0,0420	-0,0279
G5	0,7145	0,8207	-0,0272	-0,0465
G6	0,8254	0,9507	-0,0336	-0,0429
G7	0,9722	1,1186	-0,0628	-0,0577
G8	0,7484	1,0565	-0,0115	-0,0146
G9	1,1019	1,0494	-0,0087	-0,0075
G10	0,9428	1,1108	0,0343	0,0327

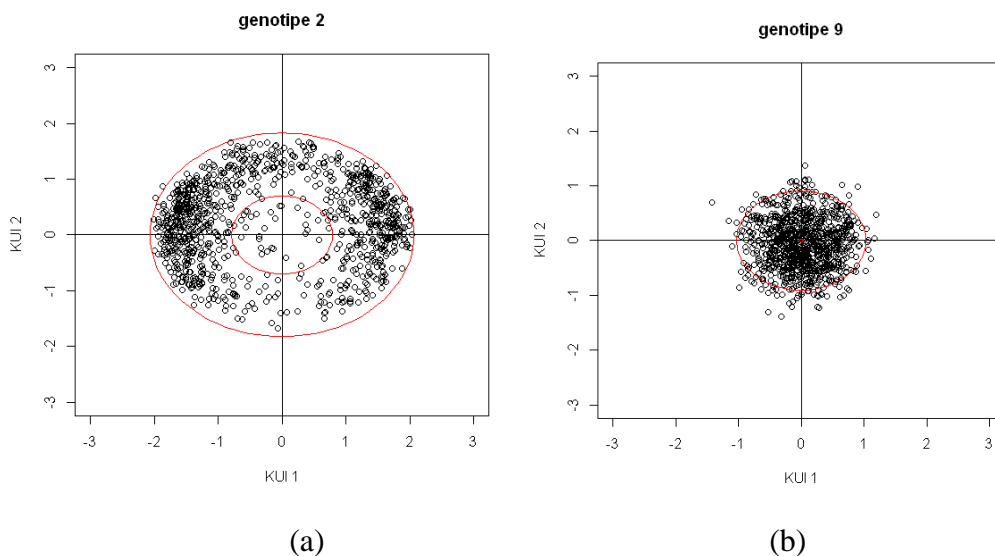
Jika hasil uji terima  $H_0$  maka dapat disimpulkan bahwa ragam  $KUI_1^*$  dan ragam  $KUI_2^*$  sama sehingga sebaran titik-titik inferensinya mengikuti distribusi *bivariate normal* yang konturnya berupa *circular*. Hal ini berlaku sebaliknya jika tolak  $H_0$  maka dapat disimpulkan bahwa ragam  $KUI_1^*$  dan ragam  $KUI_2^*$  tidak sama

sehingga sebaran titik-titik inferensinya mengikuti distribusi *bivariate normal* yang konturnya berupa *ellips*.

### 4.3 Daerah Kepercayaan Inferensi Titik-titik Biplot AMMI

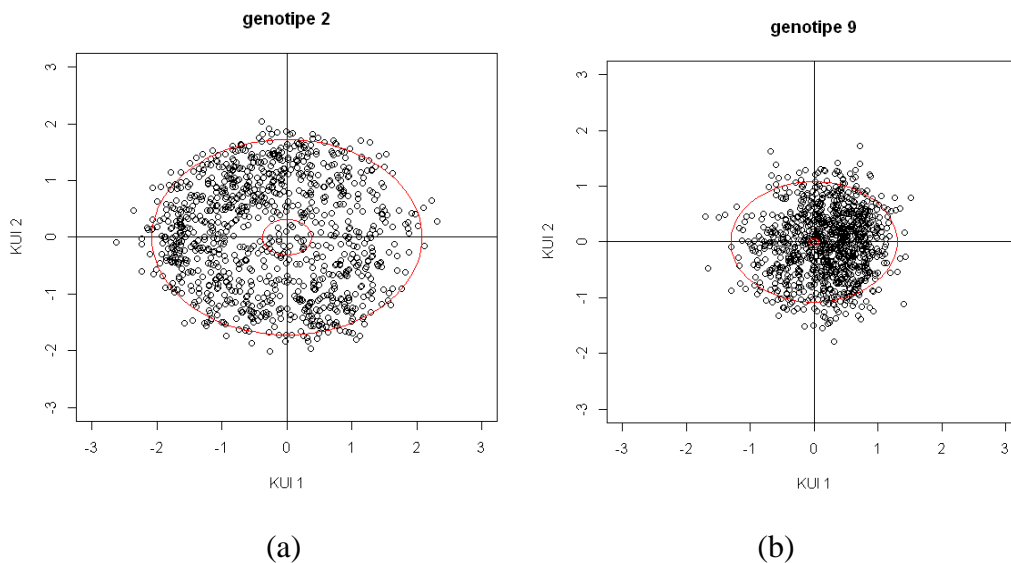
Pendekatan untuk menentukan titik-titik inferensi salah satunya dengan metode *resampling bootstrap*, sehingga berdasarkan persamaan (2.12) maka masing-masing genotipe memiliki daerah kepercayaan titik-titik inferensi dan menghasilkan batas atas ( $r_{luar}^*$ ) dan batas bawah ( $r_{dalam}^*$ ) sebagai jari-jari *ellips*. Sehingga dalam menentukan kestabilan dapat dilihat dari sebaran titik-titik inferensi yang lebih banyak jauh dari sumbu (0,0) atau sebaliknya mendekati sumbu (0,0).

Pada variabel pengamatan *Yield* tanaman padi didapatkan G2 merupakan genotipe yang cenderung tidak stabil dengan sebaran titik yang tidak mengumpul mendekati sumbu pusat (0,0). Daerah kepercayaan *ellips* membentuk lubang atau rogga yang cukup besar artinya titik-titik inferensi tersebut juga memiliki keragaman yang besar sedangkan G9 merupakan genotipe yang cukup stabil karena sebaran titik-titik dan daerah kepercayaan *ellips* yang mendekati ke sumbu pusat (0,0) berarti memiliki keragaman yang kecil.



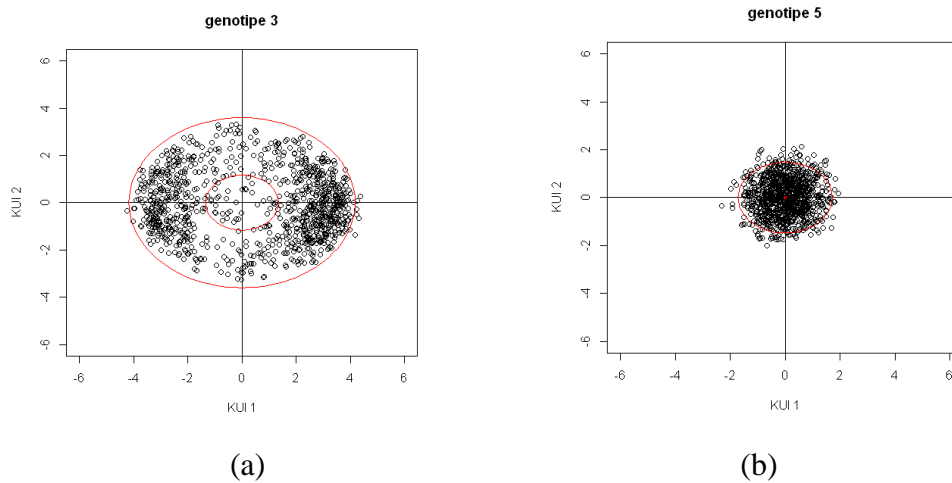
Gambar 4.2 (a) G2 genotipe yang tidak stabil dan (b) G9 genotipe yang stabil

Pengklasifikasian kestabilan genotipe juga berlaku pada dua data set pengamatan lainnya. Pada variabel pengamatan  $Fe$ , G2 merupakan genotipe yang tidak stabil ditunjukkan dengan adanya rongga ditengah plot daerah kepercayaan *ellips* nya dan sebaran titiknya yang cenderung menjauh dari sumbu pusat (0,0) dan genotipe yang stabil yaitu G9 dengan sebaran titik dan daerah kepercayaan *ellips* yang mendekati ke sumbu pusat (0,0).



Gambar 4.3 (a) G2 genotipe yang tidak stabil dan (b) G9 genotipe yang stabil

Untuk variabel pengamatan  $Zn$  tanaman padi juga diperoleh genotipe yang stabil dan tidak stabil, yaitu G3 sebagai genotipe yang tidak stabil dengan daerah kepercayaan *ellips* yang cukup lebar. Sedangkan G5 sebagai genotipe stabil dengan keragaman sebaran titiknya yang kecil ditunjukkan dari daerah kepercayaannya. Hasil ini didapatkan sesuai karakteristik umum dari kestabilan genotipe.



Gambar 4.4 (a) G3 genotipe yang tidak stabil dan (b) G5 genotipe yang stabil

Berikut ini juga disajikan rata-rata jarak  $r^*$  *ellips* serta batas atas dan batas bawah jarak  $r^*$  dari masing-masing variabel pengamatan.

Tabel 4.10 Daerah kepercayaan *ellips* skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  variabel pengamatan *Yield*

Genotipe	Rataan	Simpangan Baku	$KUI_1$		$KUI_2$	
			<i>Ellips</i> luar1	<i>Ellips</i> dalam1	<i>Ellips</i> luar2	<i>Ellips</i> dalam2
G1	0,5595	0,2846	1,1175	0,0016	0,9868	0,0014
G2	1,4298	0,3257	2,0683	0,7914	1,8265	0,6988
G3	0,7725	0,3380	1,4351	0,1098	1,2673	0,0970
G4	0,6824	0,3463	1,3612	0,0036	1,2020	0,0032
G5	0,6994	0,3292	1,3448	0,0540	1,1876	0,0477
G6	0,5494	0,2903	1,1185	-0,0197	0,9878	-0,0174
G7	0,7271	0,2688	1,2541	0,2001	1,1075	0,1767
G8	0,7837	0,3783	1,5252	0,0422	1,3469	0,0372
G9	0,5278	0,2654	1,0482	0,0074	0,9256	0,0066
G10	0,6245	0,3264	1,2644	-0,0153	1,1166	-0,0135



Tabel 4.11 Daerah kepercayaan *ellips* skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  variabel pengamatan *Fe*

Genotipe	Rataan	Simpangan Baku	KUI <sub>1</sub>		KUI <sub>2</sub>	
			<i>Ellips</i> luar1	<i>Ellips</i> dalam1	<i>Ellips</i> luar2	<i>Ellips</i> dalam2
G1	0,8845	0,4290	1,7253	1,4334	0,0436	0,0362
G2	1,3114	0,4659	2,2247	1,8483	0,3982	0,3308
G3	0,8984	0,4294	1,7401	1,4457	0,0566	0,0470
G4	1,4012	0,6229	2,6223	2,1786	0,1801	0,1497
G5	1,1358	0,5533	2,2204	1,8447	0,0512	0,0425
G6	0,9812	0,3798	1,7257	1,4337	0,2368	0,1967
G7	0,8978	0,3847	1,652	1,3724	0,1437	0,1193
G8	0,7349	0,2959	1,3149	1,0924	0,1549	0,1287
G9	0,7285	0,3559	1,4261	1,1848	0,0309	0,0256
G10	0,6937	0,2719	1,2268	1,0192	0,1607	0,1335

Tabel 4.12 Daerah kepercayaan *ellips* skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  variabel pengamatan *Zn*

Genotipe	Rataan	Simpangan Baku	KUI <sub>1</sub>		KUI <sub>2</sub>	
			<i>Ellips</i> luar1	<i>Ellips</i> dalam1	<i>Ellips</i> luar2	<i>Ellips</i> dalam2
G1	1,0934	0,7927	2,6471	2,2686	-0,4602	-0,3944
G2	2,3063	0,7775	3,8303	3,2827	0,7822	0,6704
G3	2,7950	0,6952	4,1577	3,5633	1,4322	1,2274
G4	1,3876	0,8041	2,9638	2,5401	-0,1885	-0,1615
G5	0,9023	0,4559	1,7959	1,5391	0,0086	0,0074
G6	1,0081	0,5168	2,0212	1,7322	-0,0049	-0,0042
G7	1,2712	0,5119	2,2746	1,9494	0,2678	0,2295
G8	1,0758	0,5468	2,1477	1,8406	0,0040	0,0034
G9	1,2648	0,6635	2,5653	2,1986	-0,0357	-0,0306
G10	1,1891	0,5493	2,2659	1,9419	0,1123	0,0962

#### 4.4 Pembahasan

Pada masing-masing variabel pengamatan telah disajikan bahwa genotipe yang berada dalam *ellips* merupakan genotipe yang stabil, namun perlu dilakukan upaya pendugaan titik-titik Biplot untuk memberikan keyakinan terhadap kategori genotipe-

genotipe yang stabil maupun yang tidak stabil dengan menggunakan metode *resampling bootstrap*.

Berdasarkan hasil Biplot AMMI<sub>2</sub>, pada variabel pengamatan *Yield* tanaman padi memiliki keragaman sebesar 78,3% dengan genotipe yang stabil yaitu G9 ditunjukkan pula melalui urutan pertama ISA dan pada tabel 4.7, G9 daerah kepercayaannya memiliki *ellips* luar yang tidak terlalu besar diikuti *ellips* dalam yang cukup dekat dengan titik pusat (0,0). Hal ini berlaku sebaliknya dengan genotipe yang tidak stabil G2 menempati urutan terakhir dalam ISA juga pada daerah kepercayaannya memiliki *ellips* luar terbesar dan *ellips* dalam yang menjauh dari titik pusat (0,0).

Pada variabel pengamatan kandungan *Fe* memiliki keragaman terkecil dibanding variabel pengamatan lainnya yaitu 64,3%. Genotipe stabil yang diberikan Biplot AMMI<sub>2</sub> menunjukkan G9 sebagai genotipe yang stabil dan G2 merupakan genotipe yang tidak stabil. Dalam hal ini, bila dilihat dari Biplot AMMI<sub>2</sub> genotipe yang dikategorikan stabil berada dalam daerah kepercayaan *ellips*nya, sehingga G9 dan G3 merupakan genotipe yang stabil ditunjukkan pula dari urutan pada ISA yang menempati urutan ke-1 dan ke-2. Berdasarkan tabel 4.11 daerah kepercayaannya memiliki *ellips* luar terkecil dan *ellips* dalam yang lebih dekat ke titik pusat (0,0) adalah G9 maka genotipe tersebut merupakan genotipe yang lebih stabil dibanding G3. Kemudian untuk genotipe yang tidak stabil diperoleh G2 dan G4 memiliki jarak terjauh dari titik pusat dengan menempati urutan ISA ke-9 dan ke-10, bila dilihat dari tabel 4.11 daerah kepercayaan yang dimiliki terdapat perbedaan dalam besarnya *ellips* luar dan *ellips* dalam.

Besarnya *ellips* luar antara G2 dan G4 memiliki pencaran titik-titik inferensi yang lebih luas pada G4 tetapi menjadi berbeda pada besaran *ellips* dalamnya dengan G2 cenderung menjauh dari titik pusat (0,0) dibanding G4, sehingga yang lebih meyakinkan sebagai genotipe yang tidak stabil yaitu G2.

Variabel pengamatan yang terakhir yaitu  $Zn$  dengan nilai keragaman terbesar 80% dibanding variabel pengamatan yang lain. Keragaman yang cukup besar ini memberi pengaruh yang besar pula dalam menentukan inferensi titik-titiknya. Pada Biplot AMMI<sub>2</sub>, genotipe yang stabil yaitu G1 dan G5 karena berada dalam daerah kepercayaan *ellips* dan G2 merupakan genotipe yang tidak stabil karena titiknya yang menjauh dari titik pusat (0,0).

Dalam urutan ISA, G3 dan G5 menempati urutan dua teratas dibanding genotipe lainnya, berlaku pula pada G2 yang menempati urutan terakhir. Jika dibandingkan dengan tabel 4.12 daerah kepercayaan *ellips*nya tidak cukup konsisten dengan hasil Biplot AMMI<sub>2</sub> maupun dengan tabel 4.9 ISA, misalnya untuk genotipe yang stabil yaitu G1 dan G5 memiliki perbedaan dalam besar *ellips* luar dan *ellips* dalamnya. Untuk *ellips* luar, G1 memiliki pencaran inferensi titik-titiknya lebih besar dibanding G5 namun pada *ellips* dalamnya G1 memiliki jarak yang lebih dekat dengan titik pusat (0,0) dibanding G5 sehingga pada dasarnya kedua genotipe ini stabil, namun karena *ellips* luar G5 lebih kecil dari G1 yang berarti keragamannya juga lebih kecil sehingga G5 merupakan genotipe yang lebih stabil.

Hal ini berlaku pula pada genotipe yang tidak stabil yaitu G3 dan G2 dengan menempati urutan dua terbawah pada ISA dan memiliki daerah kepercayaan *ellips* luar dan dalam yang cukup besar dibanding genotipe lainnya. Penentuan G3 sebagai genotipe didasarkan pada daerah kepercayaan *ellips* luar dan dalam nya yang memiliki pencaran paling besar, ketidak konsistenan antara ISA dengan daerah kepercayaan inferensi titik-titik ini disebabkan oleh besarnya keragaman variabel pengamatan  $Zn$  sehingga berdampak pula pada genotipe-genotipe lainnya dalam variabel tersebut.

Keragaman yang semakin besar dari Biplot AMMI menunjukkan semakin banyaknya perbedaan dalam penentuan kestabilan genotipenya. Hal ini semakin memperkuat dugaan penelitian sebelumnya dari Novianti (2010) dimana upaya

inferensi titik-titik Biplot ini akan baik bila digunakan pada keragaman Biplot AMMI<sub>2</sub> yang kecil, sehingga hasilnya tidak akan jauh berbeda dengan Biplot AMMI<sub>2</sub> dan konsep jarak ISA.

## BAB 5. PENUTUP

### 5.1 Kesimpulan

1. Pendekatan metode *resampling bootstrap* dilakukan dengan me-*resampling* ulangan percobaan lokasi ganda (*multi location*) pada kasus tanaman pangan padi fungsional sehingga dapat menentukan sebaran titik inferensi atau titik dugaan  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$ .
2. Penentuan kestabilan genotipe titik-titik inferensi Biplot dari variabel pengamatan *Yield*, *Fe*, dan *Zn* tanaman pangan padi yang diperoleh melalui pendekatan metode *resampling bootstrap* tidak jauh berbeda dengan plot  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  pada model AMMI .

### 5.2 Saran

Dalam upaya inferensi titik-titik Biplot dengan metode *resampling bootstrap* perlu diperhatikan besarnya persen (%) keragaman Biplotnya, sehingga membutuhkan penelitian lebih lanjut untuk mengkaji pengaruh keragaman tersebut.

## DAFTAR PUSTAKA

- Kang MS. 2002. Genotipe-Environment Interaction: Progress and Prospects. Di dalam : Kang MS, editor. *Quantitative Genetics. Genomic and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm .221-243.
- Lavoranti OJ, Dias CTDS, Kraznowski WJ. 2007. Phenotype stability via ammi model with bootstrap re-sampling. *Boletim de Pesquisa florestal*. 2:45-52. [http://www.lce.esalq.usp.br/tadeu/Osmir\\_Tadeu\\_Wojtek.pdf](http://www.lce.esalq.usp.br/tadeu/Osmir_Tadeu_Wojtek.pdf) [14 Juni 2012].
- Mattjik AA, Sumertajaya IM. 2006. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab Jilid 1, Edisi 2*. Bogor: IPB Press.
- Novianti P, Mattjik AA, Sumertajaya IM. 2010. Pendugaan Kestabilan Genotipe Pada Model AMMI Menggunakan Metode Resampling Bootstrap. *Forum Statistika dan Komputasi*. p: 28-35. Vol. 15 No. 1.
- Ruwaidah , S. 2002. *Inferensi mean dari statistik-L dengan metode bootstrap*. Undergraduate thesis, Semarang: FMIPA UNDIP.
- Sa'diyah, H. 2011. Indeks Stabilitas AMMI untuk Penentuan Stabilitas Genotipe pada Percobaan Multilokasi. *JMAP*. Vol. 10 N0.2 2011.
- Tirta, I. M., 2005. *Buku Panduan Program Statistika R*. Jember: UPT Penerbitan Universitas Jember.

## A. Skrip Program R untuk analisis AMMI (datapadiammi.R)

```
data<-read.table(file="G:/padi.txt",
  col.names=c("Lokasi","Ulangan","Entry","Variabel"))

library(ellipse)
library(agricolae)

####MENGUBAH DATA KE BENTUK MATRIKS####
genotipe<-10
lokasi<-10
ulangan<-3
datapadi<-array(data[,4],c(genotipe,lokasi,ulangan))

###RATA-RATA HASIL ULANGAN ###
rataanhasil <- matrix(0,genotipe,lokasi)
i<- 0
for(i in 1:genotipe)
{
  j<-0
  for(j in 1:lokasi)
  {
    rataanhasil[i,j] <- mean(datapadi[i,j,])
  }
}

###RATA-RATA HASIL GENOTIPE DAN LINGKUNGAN###
rataanbaris <- rowMeans(rataanhasil)
rataankolom<-colMeans(rataanhasil)
rataanumum<-mean(rataanhasil)

#####MENGHITUNG MATRIKS INTERAKSI#####
interaksi<-matrix(0,genotipe,lokasi)
i<-0
for (i in 1:genotipe)
{
  j=0
  for (j in 1:lokasi)
  {
    interaksi[i,j]<-rataanhasil[i,j]-rataanbaris[i]-
      rataankolom[j]+rataanumum
  }
}

#####PENGURAIAN NILAI SINGULAR (SVD)#####
akarciri<-svd(interaksi)$d
vektorcirigen<-svd(interaksi)$u
```

```

vektorciriling<-svd(interaksi)$v
akar<-sqrt(akarciri)
L<-diag(akar)
KUIGEN<-vektorcirigen%*%L
KUILING<-vektorciriling%*%L
KUI<-rbind(KUIGEN,KUILING)
KUI2<-KUI[,1:2]

###BIPLOT SELANG KEPERCAYAAN AMMI###
gntp<-paste(c("G"), 1:genotipe, sep=" ")
lgkg<-paste(c("L"), 1:lokasi, sep=" ")
gab<-c(gntp,lgkg)

varkovKU<-matrix(0,2,2)
varkovKU[1,1]<-var(KUI2[,1])
varkovKU[1,2]<-cov(KUI2[,1],KUI2[,2])
varkovKU[2,1]<-varkovKU[1,2]
varkovKU[2,2]<-var(KUI2[,2])
jum<-genotipe+lokasi
rasiodbKU<-(2*(jum-1))/(jum*(jum-2))
akarcirivarKU<-svd(varkovKU)$d
vektorcirivarKU<-svd(varkovKU)$u

###BIPLOT AMMI2###
par(mfrow=c(1,1))
plot(ellipse(varkovKU,centre=c(0,0),t=sqrt(rasiodbKU*(qf(0.95,2,(jum
-2))))),xlab='KUI 1',ylab='KUI 2',xlim=range(KUI2[,1]),
      ylim=range(KUI2[,2]),main="Biplot AMMI-2 dan selang kepercayaan
      KUI",type='l')
points(KUIGEN[,1],KUIGEN[,2], type='p')
text(KUIGEN[,1],KUIGEN[,2],labels=gntp,col="blue")
abline(h=0)
abline(v=0)

for (i in 1:lokasi)
{
x21<-c(0,KUILING[i,1])
y21<-c(0,KUILING[i,2])
points(x21, y21, type='l', col="red", xlab='KUI 1', ylab='KUI 2')
text(KUILING[i,1],KUILING[i,2],labels=lgkg[i])
}

###tabel ANOVA###
attach(datafe)
REP<-3

```



```
MSError<-0
model<-AMMI(Lokasi,Entry,Ulangan,Fe,MSError,xlim=c
(-2,2),ylim=c(-2,2),main= 'Padi')
```

B. Skrip Program R untuk analisis AMMI menggunakan metode *resampling bootstrap* (datapadi.R)

```
####MENGUBAH DATA KE BENTUK MATRIKS####
genotipe<-10
lokasi<-10
ulangan<-3
iterasi<-1000
padi<-array(datapadi[,4],c(genotipe,lokasi,ulangan))

#####MATRIKS ITERASI KUI HASIL ITERASI#####
butsgen1<-matrix(0,genotipe,iterasi)
butsgen2<-matrix(0,genotipe,iterasi)
butsenv1<-matrix(0,lokasi,iterasi)
butsenv2<-matrix(0,lokasi,iterasi)

akarciriboosts<-matrix(0,iterasi,genotipe)
akarboosts<-matrix(0,iterasi,genotipe)

####HASIL ITERASI####
I<-0
for (I in 1:iterasi)
{
    databaruboosts<-array(0,c(genotipe,lokasi,ulangan))

###DATA HASIL RESAMPLING ULANGAN###
    x<-0
    for(x in 1:genotipe)
    {
        y<-0
        for(y in 1:lokasi)
        {
            z<-0
            for(z in 1:ulangan)
            {
                acak<-sample(1:ulangan,T)
                databaruboosts[x,y,z]<-padi[x,y,acak]
            }
        }
    }

###RATA-RATA HASIL ULANGAN ###
    rataanboosts <- matrix(0,genotipe,lokasi)
    baris <- 0
    for(baris in 1:genotipe)
    {
        kolom<-0
        for(kolom in 1:lokasi)
```

```

        {
rataanboots[baris,kolom]<- mean(databaruboots[baris,kolom,])
        }
    }

###RATA-RATA BARIS MATRIKS DATA RATAAN###
rataanbarisboots <- rowMeans(rataanboots)
rataankolomboots<-colMeans(rataanboots)
rataanumumboots<-mean(rataanboots)

#####MATRIKS INTERAKSI#####
interaksiboots<-matrix(0,genotipe,lokasi)
gen<-0
for (gen in 1:genotipe)
{
    env=0
    for (env in 1:lokasi)
    {
interaksiboots[gen,env]<-rataanboots[gen,env]-
rataanbarisboots[gen]-rataankolomboots[env]+rataanumumboots
    }
}

#####PENGURAIAN NILAI SINGULAR (SVD)#####
akarciriboots[I,]<-svd(interaksiboots)$d
vektorcirigenboots<-svd(interaksiboots)$u
vektorcirilingboots<-svd(interaksiboots)$v

#####PENENTUAN KUI1 DAN KUI2 GENOTIPE#####
akarboots[I,]<-sqrt(akarciriboots[I,])
Lboots<-diag(akarboots[I,])
L2boots<-Lboots[1:2,1:2]
Uboots<-vektorcirigenboots[,1:2]
Gboots<-Uboots%*%L2boots
gb<-0
for(gb in 1:genotipe)
{
    butsgen1[gb,I]<-Gboots[gb,1]
    butsgen2[gb,I]<-Gboots[gb,2]
}

#####PENENTUAN KUI1 DAN KUI2 LINGKUNGAN#####
Vboots<-vektorcirilingboots[,1:2]
Hboots<-Vboots%*%L2boots
lb<-0

```

```

        for(lb in 1:lokasi)
        {
            butsend1[lb,I]<-Hboots[lb,1]
            butsend2[lb,I]<-Hboots[lb,2]
        }
    }
    bootstrap1<-rbind(butsgen1,butsenv1)
    bootstrap2<-rbind(butsgen2,butsenv2)

#*****RATA-RATA KOMPONEN UTAMA*****#
#****RATA-RATA KUI1 DAN KUI2 GENOTIPE****#
jum<-genotipe+lokasi
meanrowboot1 <- c(rep(0,jum))
rowb1 <- 0
for(rowb1 in 1:jum)
{
    meanrowboot1[rowb1] <- mean(bootstrap1[rowb1,])
}
rataanbarisboot1<-matrix(meanrowboot1,jum,1)

meanrowboot2 <- c(rep(0,jum))
rowb2 <- 0
for(rowb2 in 1:jum)
{
    meanrowboot2[rowb2] <- mean(bootstrap2[rowb2,])
}
rataanbarisboot2<-matrix(meanrowboot2,jum,1)

#****RATA-RATA KOMPONEN UTAMA GENOTIPE DAN LINGKUNGAN HASIL
RESAMPLING****#
komputamagaboots<-cbind(rataanbarisboot1,rataanbarisboot2)

Sgab1<-mean(akarboots[,1])
Sgab2<-mean(akarboots[,2])
bobot_i<-akarboots[,2]/akarboots[,1]
bobot<-Sgab2/Sgab1

library(plotrix)
gen<-1
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))

```

```

}
ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
varjarak<-var(jarak)
stdjarak<-sd(jarak)
rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
elipsluar1<-rbootsluar
elipsluar2<-bobot*rbootsluar
elipsdalam1<-rbootsdalam
elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 1')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
  draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-2
  komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
  jarak<-c(1:iterasi)
  for ( i in 1:iterasi)
  {
    jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
  }
  ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
  varjarak<-var(jarak)
  stdjarak<-sd(jarak)
  rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
  rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
  elipsluar1<-rbootsluar
  elipsluar2<-bobot*rbootsluar
  elipsdalam1<-rbootsdalam
  elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI2', main= 'genotipe 2')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")

```

```
    draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")
```

```
gen<-3
```

```
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
    ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
    varjarak<-var(jarak)
    stdjarak<-sd(jarak)
    rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
    rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
    elipsluar1<-rbootsluar
    elipsluar2<-bobot*rbootsluar
    elipsdalam1<-rbootsdalam
    elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam
```

```
plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI2', main= 'genotipe 3')
    abline(h=0)
    abline(v=0)
    draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
    draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")
```

```
gen<-4
```

```
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
    ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
    varjarak<-var(jarak)
    stdjarak<-sd(jarak)
    rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
    rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
    elipsluar1<-rbootsluar
    elipsluar2<-bobot*rbootsluar
```

```

    elipsdalam1<-rbootsdalam
    elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI2', main= 'genotipe 4')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
  draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-5
  komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
  jarak<-c(1:iterasi)
  for ( i in 1:iterasi)
  {
    jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
  }
  ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
  varjarak<-var(jarak)
  stdjarak<-sd(jarak)
  rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
  rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
  elipsluar1<-rbootsluar
  elipsluar2<-bobot*rbootsluar
  elipsdalam1<-rbootsdalam
  elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 5')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
  draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-6
  komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
  jarak<-c(1:iterasi)
  for ( i in 1:iterasi)
  {

```

```

        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
varjarak<-var(jarak)
stdjarak<-sd(jarak)
rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
elipsluar1<-rbootsluar
elipsluar2<-bobot*rbootsluar
elipsdalam1<-rbootsdalam
elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 6')
    abline(h=0)
    abline(v=0)
    draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
    draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-7
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
varjarak<-var(jarak)
stdjarak<-sd(jarak)
rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
elipsluar1<-rbootsluar
elipsluar2<-bobot*rbootsluar
elipsdalam1<-rbootsdalam
elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 7')
    abline(h=0)
    abline(v=0)

```



```

    draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
    draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-8
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
    ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
    varjarak<-var(jarak)
    stdjarak<-sd(jarak)
    rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
    rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
    elipsluar1<-rbootsluar
    elipsluar2<-bobot*rbootsluar
    elipsdalam1<-rbootsdalam
    elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 8')
    abline(h=0)
    abline(v=0)
    draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
    draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

gen<-9
    komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
    jarak<-c(1:iterasi)
    for ( i in 1:iterasi)
    {
        jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
    }
    ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
    varjarak<-var(jarak)
    stdjarak<-sd(jarak)
    rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
    rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak

```

```

elipsluar1<-rbootsluar
elipsluar2<-bobot*rbootsluar
elipsdalam1<-rbootsdalam
elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

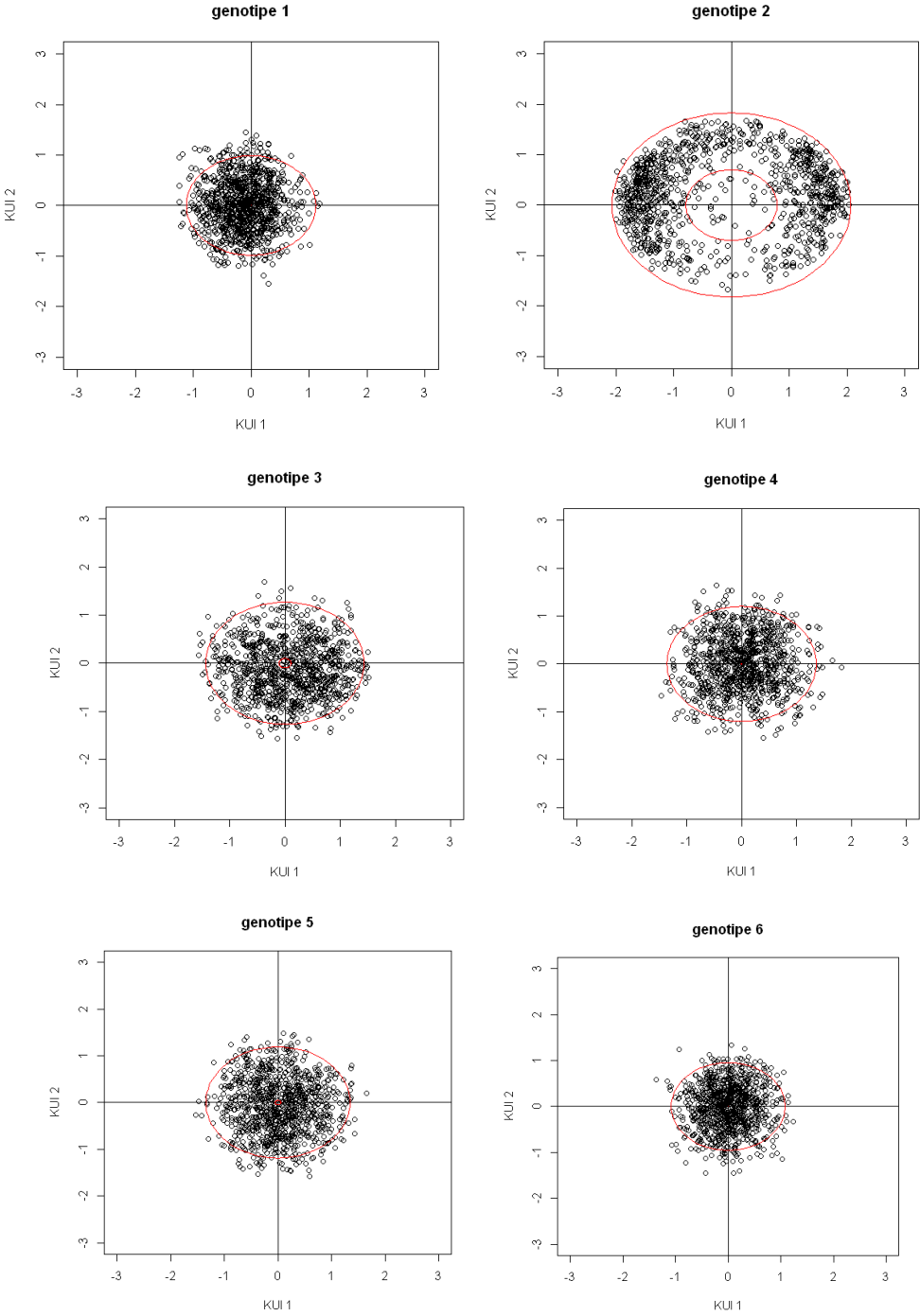
plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 9')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
  draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

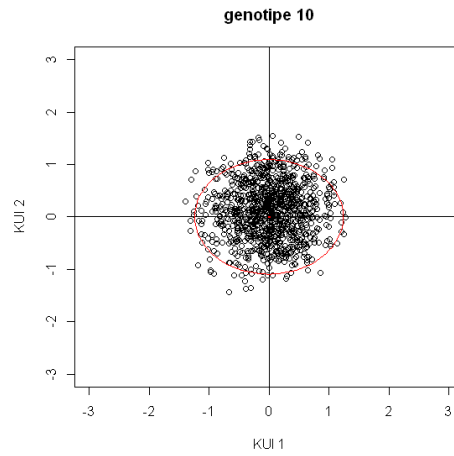
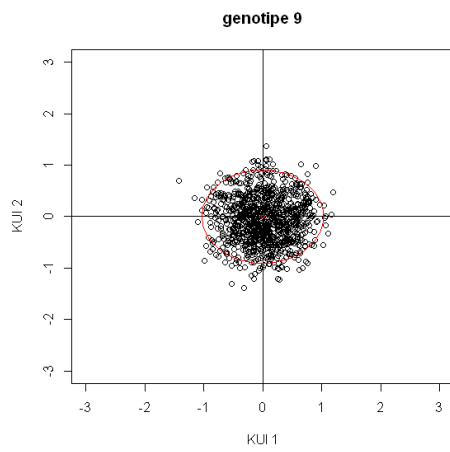
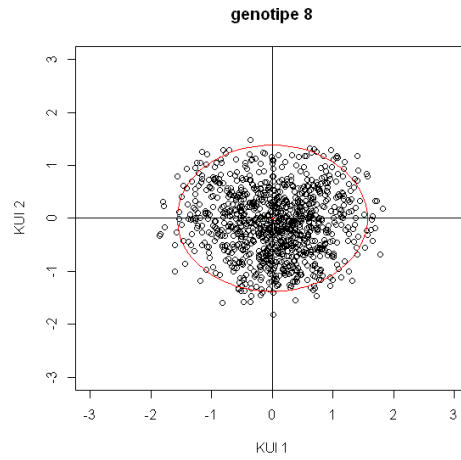
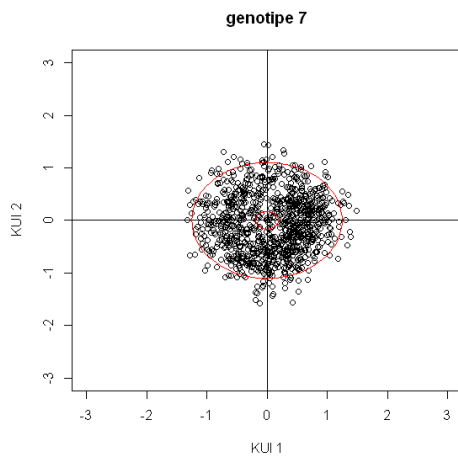
gen<-10
  komputamagab<-cbind(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,])
  jarak<-c(1:iterasi)
  for ( i in 1:iterasi)
  {
    jarak[i]<-
sqrt(((komputamagab[i,1])^2)+((bobot_i[i]*komputamagab[i,2])^2))
  }
  ratajarak<-(sum(jarak))/iterasi
  varjarak<-var(jarak)
  stdjarak<-sd(jarak)
  rbootsluar<-ratajarak+1.96*stdjarak
  rbootsdalam<-ratajarak-1.96*stdjarak
  elipsluar1<-rbootsluar
  elipsluar2<-bobot*rbootsluar
  elipsdalam1<-rbootsdalam
  elipsdalam2<-bobot*rbootsdalam

plot(butsgen1[gen,],butsgen2[gen,],xlim=range(-3,3),ylim=range(-
3,3),xlab='KUI1',ylab='KUI 2', main= 'genotipe 10')
  abline(h=0)
  abline(v=0)
  draw.ellipse(0,0,elipsluar1,elipsluar2,angle=0,
segment=c(0,360),border="red")
  draw.ellipse(0,0,max(0,elipsdalam1),max(0,elipsdalam2),angle=0
, segment=c(0,360),border="red")

```

C. Plot Inferensi titik-titik inferensi data pengamatan *Yield* terhadap tanaman padi





## C.1 Tabel ANOVA

ANALYSIS AMMI: Hasil  
Class level information

ENV: L1 L2 L3 L4 L5 L6 L7 L8 L9 L10  
GEN: A B C D E F G H I J  
REP: 1 2 3

Number of observations: 300

model Y: Hasil ~ ENV + REP%in%ENV + GEN + ENV:GEN  
Random effect REP%in%ENV

Analysis of Variance Table

Response: Y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
ENV	9	281.642	31.2936	60.2485	1.582e-12	***
REP(ENV)	20	10.388	0.5194	2.3099	0.001972	**
GEN	9	30.319	3.3688	14.9815	< 2.2e-16	***
ENV:GEN	81	132.528	1.6361	7.2763	< 2.2e-16	***
Residuals	180	40.475	0.2249			

---

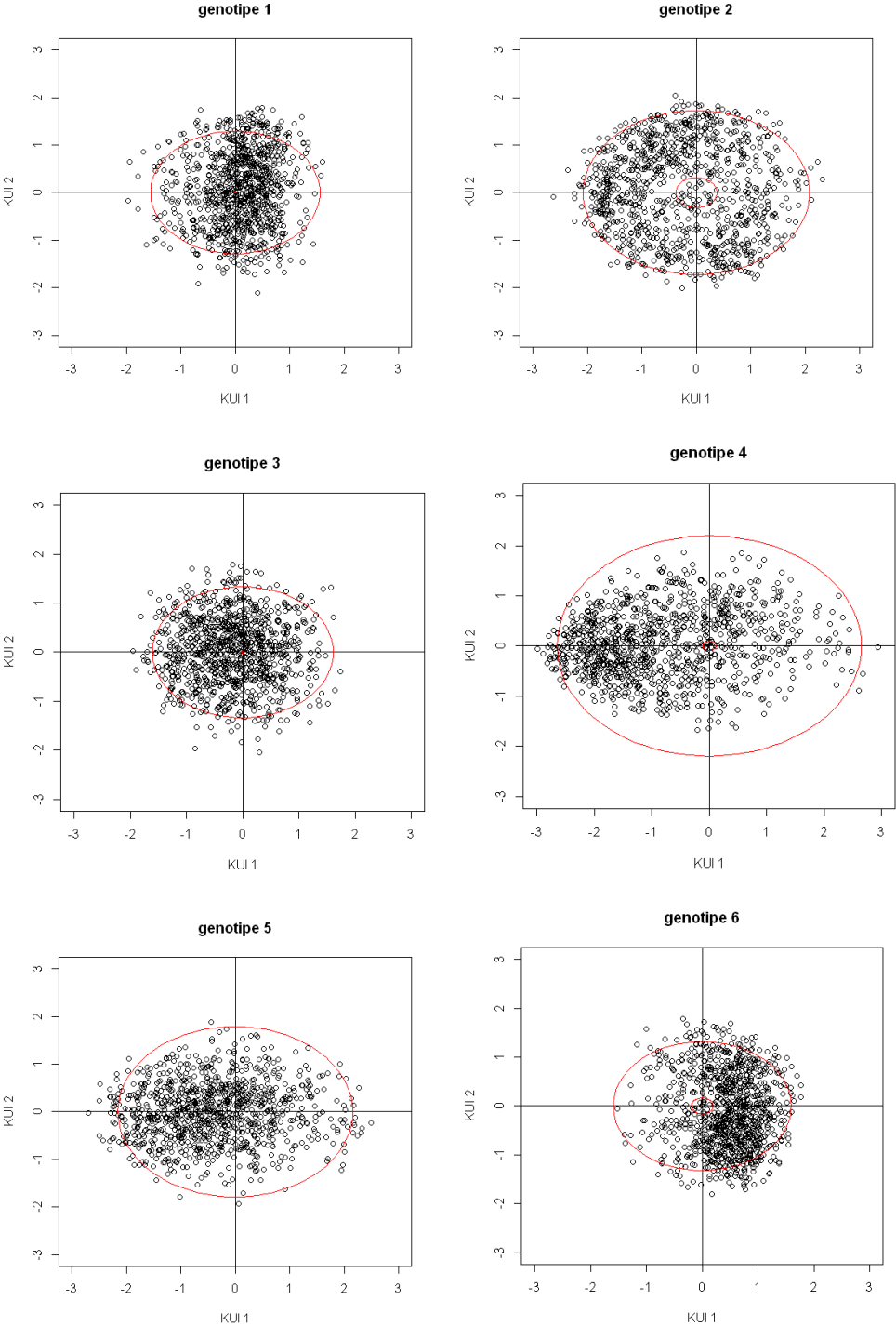
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

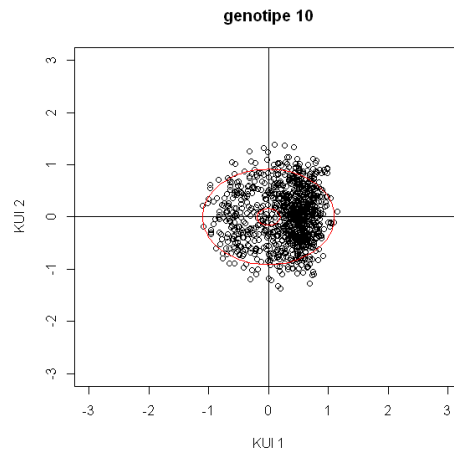
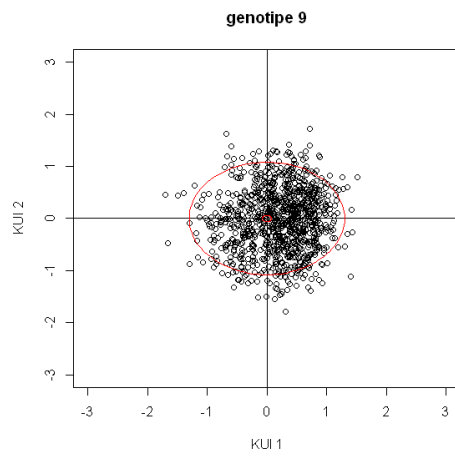
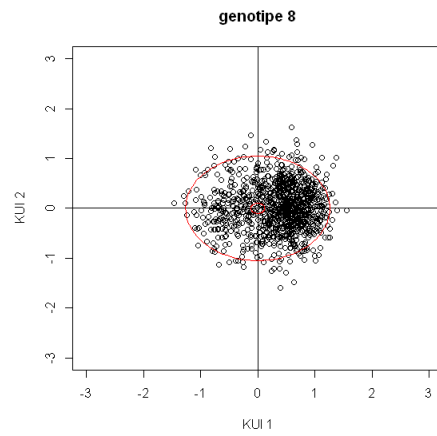
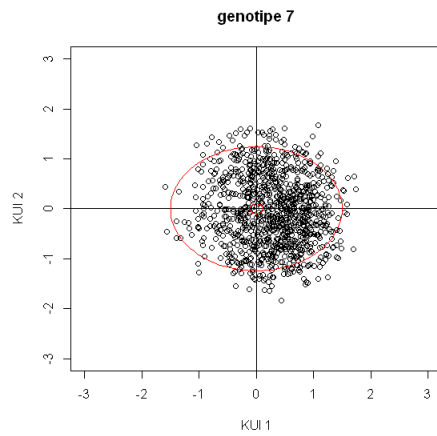
Coeff var	Mean Hasil
9.552703	4.963987

Analysis

	percent	acum	Df	Sum.Sq	Mean.Sq	F.value	Pr.F
PC1	58.9	58.9	17	78.027469	4.589851	20.41	0.0000
PC2	19.4	78.3	15	25.672884	1.711526	7.61	0.0000
PC3	10.7	89.0	13	14.153050	1.088696	4.84	0.0000
PC4	6.4	95.4	11	8.424079	0.765825	3.41	0.0003
PC5	2.3	97.7	9	3.006666	0.334074	1.49	0.1545
PC6	1.4	99.1	7	1.859301	0.265614	1.18	0.3164
PC7	0.9	100.0	5	1.184809	0.236962	1.05	0.3899
PC8	0.1	100.1	3	0.138240	0.046080	0.20	0.8963
PC9	0.0	100.1	1	0.061217	0.061217	0.27	0.6040

D. Plot titik-titik inferensi data pengamatan kandungan *Fe* terhadap tanaman padi





## D.1 Tabel ANOVA

ANALYSIS AMMI: Fe  
Class level information

ENV: L1 L2 L3 L4 L5 L6 L7 L8 L9 L10  
GEN: A B C D E F G H I J  
REP: 1 2 3

Number of observations: 300

model Y: Fe ~ ENV + REP%in%ENV + GEN + ENV:GEN  
Random effect REP%in%ENV

Analysis of Variance Table

Response: Y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
ENV	9	373.05	41.450	10.7602	6.544e-06	***
REP(ENV)	20	77.04	3.852	2.7890	0.0001622	***
GEN	9	83.14	9.238	6.6881	3.043e-08	***
ENV:GEN	81	251.45	3.104	2.2475	3.973e-06	***
Residuals	180	248.62	1.381			

---

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

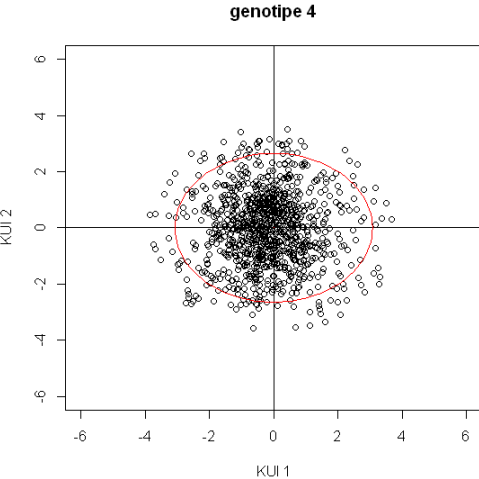
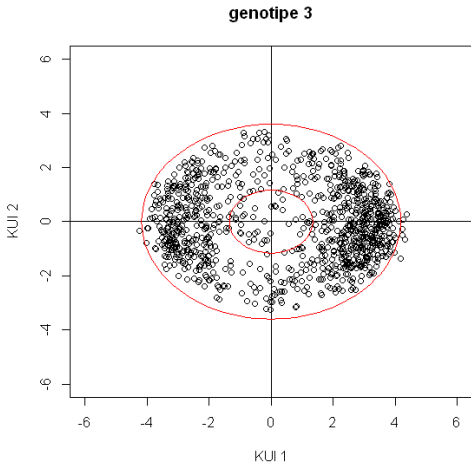
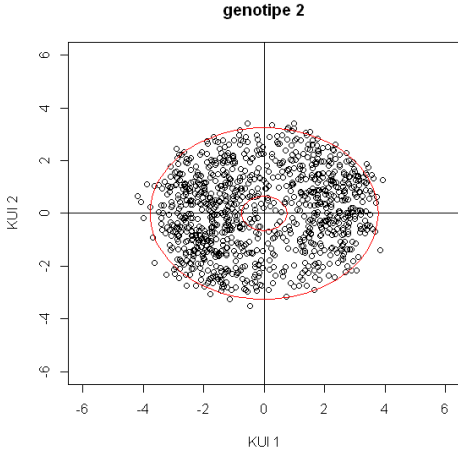
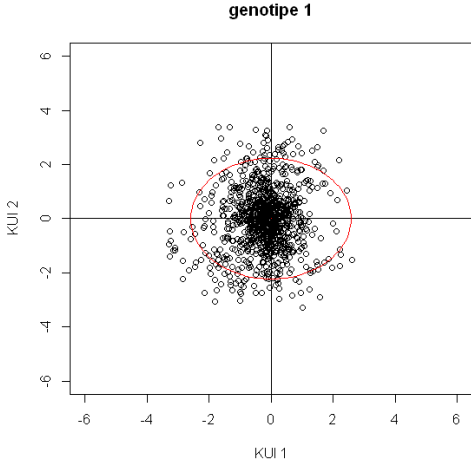
Coeff var	Mean Fe
19.07647	6.160726

#### Analysis

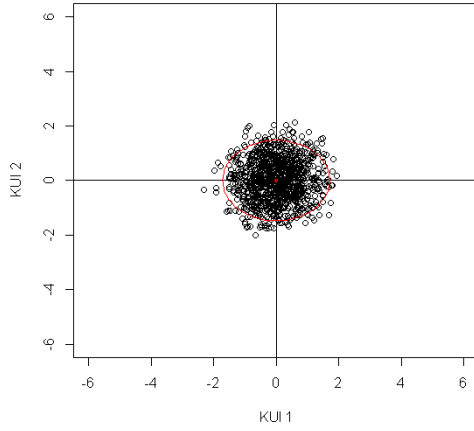
	percent	acum	Df	Sum.Sq	Mean.Sq	F.value	Pr.F
PC1	40.6	40.6	17	102.204154	6.012009	4.35	0.0000
PC2	23.7	64.3	15	59.521785	3.968119	2.87	0.0005
PC3	15.4	79.7	13	38.777334	2.982872	2.16	0.0129
PC4	13.8	93.5	11	34.690213	3.153656	2.28	0.0125
PC5	3.0	96.5	9	7.573290	0.841477	0.61	0.7876
PC6	2.2	98.7	7	5.479202	0.782743	0.57	0.7797
PC7	0.9	99.6	5	2.235231	0.447046	0.32	0.9005
PC8	0.3	99.9	3	0.721144	0.240381	0.17	0.9165
PC9	0.1	100.0	1	0.248549	0.248549	0.18	0.6719



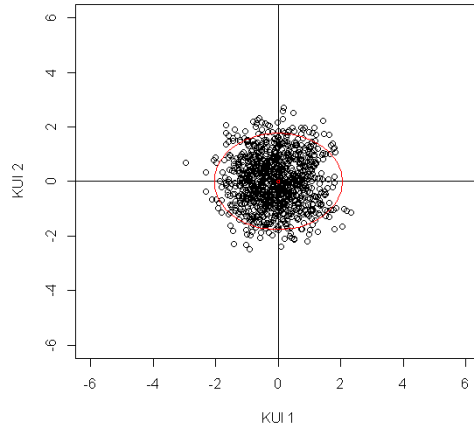
E. Plot Inferensi titik-titik inferensi data pengamatan kandungan  $Zn$  terhadap tanaman padi



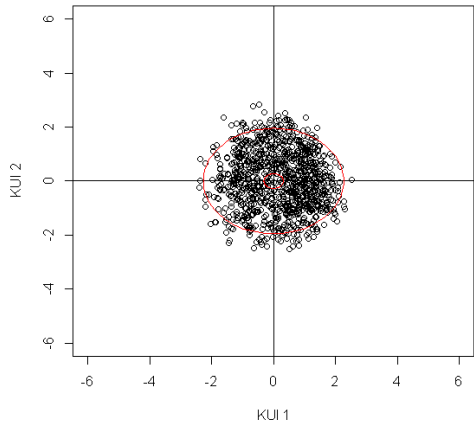
**genotype 5**



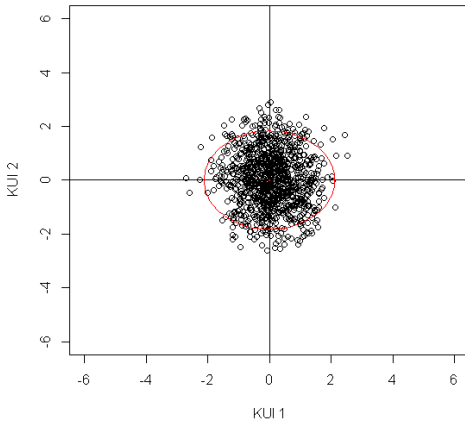
**genotype 6**



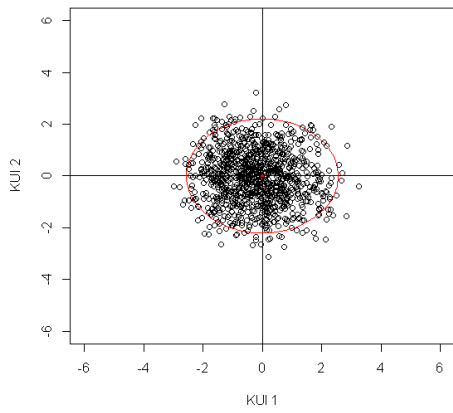
**genotype 7**



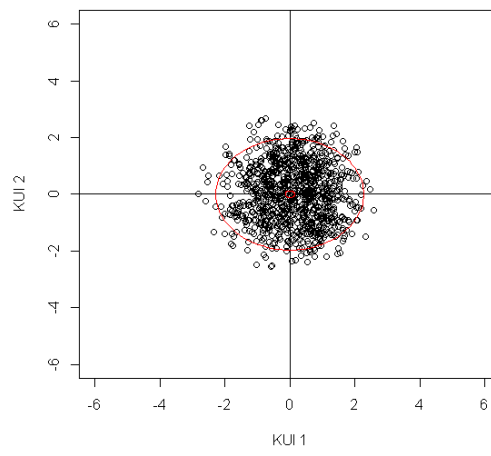
**genotype 8**



**genotype 9**



**genotype 10**



## E.1 Tabel ANOVA

ANALYSIS AMMI: Zn  
Class level information

ENV: L1 L2 L3 L4 L5 L6 L7 L8 L9 L10  
GEN: A B C D E F G H I J  
REP: 1 2 3

Number of observations: 300

model Y: Zn ~ ENV + REP%in%ENV + GEN + ENV:GEN  
Random effect REP%in%ENV

Analysis of Variance Table

Response: Y

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
ENV	9	1913.32	212.591	17.1614	1.461e-07	***
REP(ENV)	20	247.76	12.388	1.6618	0.04342	*
GEN	9	1126.27	125.141	16.7875	< 2.2e-16	***
ENV:GEN	81	2996.80	36.997	4.9631	< 2.2e-16	***
Residuals	180	1341.80	7.454			

---

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

Coeff var	Mean Zn
10.57275	25.82375

Analysis

	percent	acum	Df	Sum.Sq	Mean.Sq	F.value	Pr.F
PC1	66.6	66.6	17	1996.973541	117.469032	15.76	0.0000
PC2	13.4	80.0	15	402.607393	26.840493	3.60	0.0000
PC3	10.5	90.5	13	313.179822	24.090756	3.23	0.0002
PC4	4.7	95.2	11	141.611629	12.873784	1.73	0.0700
PC5	2.7	97.9	9	82.019439	9.113271	1.22	0.2852
PC6	1.3	99.2	7	39.669525	5.667075	0.76	0.6216
PC7	0.6	99.8	5	17.666273	3.533255	0.47	0.7983
PC8	0.1	99.9	3	2.889505	0.963168	0.13	0.9422
PC9	0.0	99.9	1	0.180016	0.180016	0.02	0.8877

## F. LAMPIRAN PAKET dalam *software R*

Package "ellipse"

Make an ellipse

### *Description*

A generic function returning an ellipse or other outline of a confidence region for two parameters.

### *Usage*

```
ellipse(x, ...)  
## Default S3 method:  
ellipse(x, scale = c(1, 1), centre = c(0, 0), level = 0.95,  
        t = sqrt(qchisq(level, 2)), which = c(1, 2), npoints =  
        100, ...)
```

### Arguments

- |        |  |
|--------|--|
| x      | An object. In the default method the parameter x should be a correlation between -1 and 1 or a square positive definite matrix at least $2 \times 2$ in size. It will be treated as the correlation or covariance of a multivariate normal distribution. |
| ...    | Descendant methods may require additional parameters.  |
| scale  | If x is a correlation matrix, then the standard deviations of each parameter can be given in the scale parameter. This defaults to c(1, 1), so no rescaling will be done.  |
| centre | The centre of the ellipse will be at this position.  |
| level  | The confidence level of a pairwise confidence region. The default is 0.95, for a 95% region. This is used to control the size of the ellipse being plotted. A vector of levels may be used.  |

`t` The size of the ellipse may also be controlled by specifying the value of a `t` statistic on its boundary. This defaults to the appropriate value for the confidence region.

`which` This parameter selects which pair of variables from the matrix will be plotted. The default is the first 2.

`npoints` The number of points used in the ellipse. Default is 100.

### Details

The default method uses the  $(\cos(\theta + d/2), \cos(\theta - d/2))$  parametrization of an ellipse, where  $\cos(d)$  is the correlation of the parameters.

### Value

An `npoints` x 2 matrix is returned with columns named according to the row names of the matrix `x` (default `'x'` and `'y'`), suitable for plotting.

Package "plotrix"  
`draw.ellipse`

### Description

Draws ellipses on an existing plot.

### Usage

```
draw.ellipse(x, y, a = 1, b = 1, angle = 0, segment = c(0, 360),  
arc.only = TRUE, deg = TRUE, nv = 100, border = NULL,  
col = NA, lty = 1, lwd = 1, ...)
```

### Arguments

`x` A vector or a matrix (if `y` is missing).

`y` A vector, can be missing.

`a, b` Vectors, radii of the ellipses along the two axes in user units.

<code>angle</code>	Angle of rotation in degrees (if <code>deg=TRUE</code> ) or in radians (if <code>deg=FALSE</code> ).
<code>segment</code>	Start and endpoints of arc in degrees (if <code>deg=TRUE</code> ) or in radians (if <code>deg=FALSE</code> ).
<code>arc.only</code>	Logical, if <code>segment</code> the full ellipse is not drawn, radii from the ends of the arc are drawn to form a sector
<code>deg</code>	Logical, if angles are given in degrees ( <code>TRUE</code> ) or radians.
<code>nv</code>	Number of vertices to draw the ellipses.
<code>border</code>	Color to use for drawing the circumference.
<code>col</code>	Color to use for filling the circle.
<code>lty</code>	Line type for the circumference.
<code>lwd</code>	Line width for the circumference.
<code>...</code>	Additional arguments passed to <a href="#">polygon</a> .

#### Value

Draw ellipses as a side effect. Returns `NULL` invisibly.