

PENERAPAN PEMBOBOTAN KOMPONEN UTAMA UNTUK PEREDUKSIAN PEUBAH PADA *ADDITIVE MAIN EFFECT AND MULTIPLICATIVE INTERACTION*

(Application of Weighted Principal Component for Variable Reduction in Additive Main Effect and Multiplicative Interaction)

Geri Zanuar Fadli¹, Aunuddin², Aji Hamim Wigena²

¹Student of Statistics Department, Bogor Agricultural University

²Lecture of Statistics Department, Bogor Agricultural University

Abstract

Indonesia is the country with the largest level of rice consumption in the world. Therefore, it need to be done an effort to increase the production of rice. One way to increase rice production is land management as well as conducting an intensive new superior varieties which has a high yield. Hybrid rice is a type of rice which has a higher result among superior varieties. Hybrid rice breeding can be done with multi-locations trials that involves two main factors, plant and environmental conditions. AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) is a method of multivariate used in plant breeding research to examine the interaction of genotype \times environment on multi-locations trials. Generally, AMMI analysis is still using a single response. Whereas, the adaptation level of the plant is not only seen from the aspect of its yield. Therefore, this study based on combined response using AMMI analysis. The Data in this study is secondary data multi-locations trials on hybrid rice planting season 2008/2009 which involved four sites and 12 genotype. The measured response are y_1 = yield (ton/ha), y_2 = 1000 grain weight (gram), y_3 = the number of panicles per m², dan y_4 = length of panicle (cm). The merger of response using weighted method by principal component. AMMI analysis with y_{gab} as response produce five stable genotypes in any location, that are IH804, IH805, IH806, Hibrindo, and Ciherang. AMMI is also generating specific genotypes are those that perform good adaptability at certain environment condition. IH802, IH803, and IH809 genotypes in Jember planting season 2, IH808 and Maro genotypes in Ngawi.

Keywords : AMMI, the merger of response, weighted principal component method

PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara dengan tingkat konsumsi beras terbesar di dunia. Tingkat konsumsi beras Indonesia mencapai 139.15 kg perkapita per tahun, Untuk mengimbangi besarnya tingkat konsumsi tersebut diperlukan upaya untuk meningkatkan tingkat produksi beras. Salah satu caranya yaitu dengan pengelolaan lahan secara intensif serta menciptakan varietas unggul baru yang berdaya hasil tinggi. Padi hibrida merupakan jenis padi yang berdaya hasil lebih tinggi diantara varietas unggul lainnya.

Penelitian mengenai padi hibrida sudah banyak dilakukan, salah satunya terkait dengan pemuliaan tanaman. Pemuliaan padi hibrida dapat dilakukan dengan percobaan multilokasi. Percobaan ini melibatkan dua faktor utama yaitu tanaman dan kondisi lingkungan. Percobaan multilokasi diharapkan mampu menjelaskan pengaruh utama (genotipe dan lingkungan) dan pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan, sehingga mampu mengidentifikasi genotipe yang stabil pada berbagai lingkungan berbeda atau beradaptasi pada

suatu lingkungan spesifik (Sa'diyah dan Matjjik 2009).

Analisis AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) merupakan suatu metode peubah ganda yang digunakan dalam pemuliaan tanaman untuk mengkaji interaksi genotipe \times lingkungan pada percobaan multilokasi (Sa'diyah dan Matjjik 2009). Pada umumnya, analisis AMMI masih menggunakan respon tunggal yaitu daya hasil. Sedangkan, tingkat adaptasi tanaman tidak cukup dilihat hanya dari aspek daya hasil saja, melainkan harus memperhatikan beberapa aspek yang terkait pada tanaman secara bersamaan (Sumertajaya 2005). Oleh sebab itu, penelitian ini menggunakan analisis AMMI berdasarkan respon gabungan.

Penelitian mengenai analisis AMMI berdasarkan respon gabungan sebelumnya telah dilakukan oleh Tiara (2010) dengan menggunakan metode *Range Equalization* dan metode pakar, namun hanya menggunakan respon dari komponen daya hasil saja. Pada penelitian ini akan ditambahkan respon dari komponen morfologi tanaman yaitu panjang malai. Metode

penggabungan respon yang digunakan adalah metode pembobotan komponen utama karena metode ini merupakan metode penggabungan respon terbaik (Sumertajaya 2005).

Tujuan penelitian ini adalah mengetahui genotipe padi hibrida yang stabil dan genotipe yang spesifik pada lokasi tertentu dengan pendekatan metode pembobotan komponen utama.

TINJAUAN PUSTAKA

Padi Hibrida

Padi hibrida merupakan hasil persilangan dari dua induk yang berbeda secara genetik. Padi hibrida mampu memberikan hasil yang lebih tinggi daripada padi varietas unggul lainnya dan tanaman padi yang dihasilkan juga mempunyai daya tahan yang tinggi terhadap serangan gulma. Akan tetapi, sifat superior pada padi hibrida ini akan hilang pada turunan berikutnya. Oleh sebab itu, benih yang dihasilkan padi hibrida tidak dapat digunakan sebagai benih untuk musim tanam berikutnya (Satoto 2006).

Penggabungan Respon

Penggabungan respon merupakan salah satu strategi yang digunakan sebagai penyederhanaan analisis untuk melihat daya adaptasi tanaman secara komprehensif. Sumertajaya (2005) mengkaji penerapan metode penggabungan respon dalam analisis AMMI pada data respon ganda. Metode yang digunakan pada penelitian tersebut antara lain metode *Range Equalization*, metode komponen utama pertama, metode pembobotan berdasarkan komponen utama, metode jarak *Hotelling*, metode *Division by Mean*, dan metode pembobotan optimum.

Metode Pembobotan Komponen Utama (WPCA)

Besarnya bobot masing-masing respon akan dilakukan dengan pendekatan komponen utama. Banyaknya komponen utama yang dipilih ditentukan berdasarkan persentase keragaman kumulatif.

Persentase keragaman komponen ke- i adalah

$$\frac{\lambda_i}{\sum_{j=1}^p \lambda_j} \times 100\%$$

Persentase keragaman kumulatif q komponen adalah

$$\frac{\sum_{j=1}^q \lambda_j}{\sum_{j=1}^p \lambda_j} \times 100\%$$

dengan:

λ_j = akar ciri ke - j

p = banyaknya akar ciri

Batas minimal persentase keragaman kumulatif yang digunakan adalah 75%. Penentuan bobot dilakukan untuk tiga komponen berikut:

$$KU_1 = a_{11}z_1 + a_{12}z_2 + \dots + a_{1p}z_p$$

$$KU_2 = a_{21}z_1 + a_{22}z_2 + \dots + a_{2p}z_p$$

$$KU_3 = a_{31}z_1 + a_{32}z_2 + \dots + a_{3p}z_p$$

Bobot untuk peubah ke-i adalah

$$w_i = \sqrt{\frac{a_{1i}^2}{\lambda_1} + \frac{a_{2i}^2}{\lambda_2} + \frac{a_{3i}^2}{\lambda_3}}$$

Respon gabungan (y_{gab}) dengan metode pembobotan komponen utama adalah

$$y_{gab} = w_1z_1 + w_2z_2 + \dots + w_pz_p$$

dengan z_i adalah peubah y_i yang sudah dibakukan. Bobot masing-masing peubah mencerminkan besarnya keragaman peubah asal yang dijelaskan oleh komponen utama yang terpilih (Sumertajaya 2005).

Asumsi Analisis Ragam

Asumsi-asumsi yang mendasari analisis ragam yang perlu diperhatikan agar pengujian menjadi sah adalah :

1. Model bersifat aditif

Asumsi keaditifan model muncul pada rancangan kelompok atau percobaan faktorial, model aditif artinya bahwa setiap perlakuan memiliki efek yang serupa di setiap kelompok. Apabila asumsi keaditifan model tidak terpenuhi akan berpengaruh terhadap keabsahan dan kesensitifan pengujian.

Uji formal yang dapat dilakukan untuk menguji apakah model yang digunakan aditif adalah uji keaditifan Tukey, dimana:

$$JK_{(non\ aditif)} = \frac{Q^2}{\sum_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_..)^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_..)^2}$$

$$Q = \sum_i \sum_j (\bar{Y}_i - \bar{Y}_..)(\bar{Y}_j - \bar{Y}_..) Y_{ij}$$

$$F_{hitung} = \frac{JK_{(non\ aditif)}}{\left(\frac{JK_{(galat)}}{(t-1)(n-1)-1}\right)}$$

$$JK_{(galat)} = \sum_i \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_..)^2 - JK(r)$$

dengan:

t = perlakuan

n = blok

Apabila $F_{hitung} \leq F_{\alpha(1, db\ galat)}$ maka keaditifan model dapat diterima, selainnya tolak keaditifan model (Aunuddin 2005).

2. Galat percobaan memiliki ragam yang homogen

Ragam galat yang tidak homogen dapat mengakibatkan respon yang fluktuatif dari beberapa perlakuan tertentu. Uji formal yang dapat digunakan untuk pengujian kehomogenan ragam galat adalah uji Bartlett.

Hipotesis yang akan diuji adalah:

$$H_0 : \sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_k^2$$

H_1 : Paling sedikit ada satu ragam yang tidak sama.

Apabila nilai- $p \geq \alpha$ maka ragam galat percobaan homogen.

- Galat percobaan menyebar normal
 Asumsi ini berlaku terutama untuk pengujian hipotesis dan tidak diperlukan pada pendugaan komponen ragam. Uji formal yang dapat digunakan yaitu uji Kolmogorov-Smirnov. Apabila nilai- $p \geq \alpha$ maka ragam galat percobaan menyebar normal.

- Galat percobaan saling bebas
 Galat percobaan tidak saling bebas dapat mengakibatkan kesalahan pengujian pada taraf nyata tertentu. Keacakan galat percobaan dapat dilihat dari plot antara nilai dugaan galat percobaan (ε_{ijk}) dengan nilai dugaan respon (\widehat{Y}_{ijk}). Apabila plot tidak membentuk suatu pola, maka galat percobaan saling bebas. (Mattjik dan Sumertajaya 2000).

Analisis Ragam Gabungan

Percobaan multilokasi merupakan serangkaian percobaan di beberapa lingkungan sekaligus dengan menggunakan rancangan dan perlakuan yang sama. Pada umumnya percobaan multilokasi menggunakan rancangan faktorial dengan dua faktor, yaitu faktor lokasi dan faktor genotipe. Faktor lokasi dapat berupa tempat (*site*), tahun, perlakuan agronomi (pemupukan, penyemprotan, dan lainnya) atau kombinasinya. Secara umum, terdapat tiga sumber keragaman, yaitu genotipe, lokasi dan interaksi.

Model linier untuk percobaan multilokasi dengan menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) adalah sebagai berikut:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dengan:

Y_{ijk} : respon dari genotipe ke-i, lokasi ke-j dalam kelompok ke-k

μ : rata-rata umum

α_i : pengaruh genotipe ke-i, $i=1,2,\dots,g$

$\rho_{k(j)}$: pengaruh kelompok ke-k tersarang pada lokasi ke-j, $k=1,2,\dots,r$

β_j : pengaruh lokasi ke-j, $j=1,2,\dots,l$

$(\alpha\beta)_{ij}$: pengaruh interaksi genotipe ke-i pada lingkungan ke-j

ε_{ijk} : pengaruh galat dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k pada lokasi ke-j.

Suatu lokasi dapat dimasukkan dalam analisis ragam gabungan jika ragam galat dari analisis ragam masing-masing lokasi homogen. Hal tersebut dapat dilihat dari nilai koefisien keragaman (KK). Dalam bidang pertanian, masih dikatakan homogen jika KK kurang dari 25% (Mattjik dan Sumertajaya 2000).

Analisis AMMI

Analisis AMMI adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor. Keragaman keseluruhan bagian AMMI diperoleh dari pengaruh utama genotipe, pengaruh utama lingkungan, dan interaksi genotipe dengan lingkungan. Analisis ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama dan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi. Percobaan multilokasi menggunakan analisis AMMI dimodelkan sebagai berikut:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dengan:

Y_{ijk} : respon dari genotipe ke-i, lokasi ke-j dalam kelompok ke-k

μ : rata-rata umum

α_i : pengaruh genotipe ke-i, $i=1,2,\dots,g$

$\rho_{k(j)}$: pengaruh kelompok ke-k tersarang pada lokasi ke-j, $k=1,2,\dots,r$

β_j : pengaruh lokasi ke-j, $j=1,2,\dots,l$

$\sqrt{\lambda_n}$: nilai singular untuk komponen bilinear ke-n, $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_m$

v_{in} : pengaruh ganda genotipe ke-i komponen bilinear ke-n

s_{jn} : pengaruh ganda lokasi ke-j komponen bilinear ke-n

δ_{ij} : simpangan dari pemodelan bilinear

ε_{ijk} : pengaruh galat dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k pada lokasi ke-j

n : banyaknya KUI yang dipertahankan dalam model.

(Mattjik & Sumertajaya 2000).

Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Menurut Gauch (1988) dan Crossa (1990) dalam Mattjik dan Sumertajaya (2000), salah satu metode penentuan banyaknya komponen utama interaksi (KUI) yang dipertahankan dalam model AMMI yaitu Metode keberhasilan total (*postdictive success*). Metode ini berkaitan dengan kemampuan suatu model yang tereduksi untuk menduga data yang digunakan dalam membangun model tersebut. Banyaknya KUI yang digunakan sesuai dengan banyaknya sumbu KUI yang nyata pada uji F analisis ragam AMMI. Tabel analisis ragam AMMI (Tabel 1) merupakan tabel penguraian jumlah kuadrat interaksi menjadi beberapa KUI. Nilai JKKUI didapatkan dari persamaan berikut:

$$JKKUI-m = \lambda_m \times r$$

dengan:

λ_m = akar ciri ke-m

r = blok

Tabel 1 Tabel analisis ragam AMMI

Sumber	db	JK
L	l-1	JKL
B(L)	l(r-1)	JKB(L)
G	g-1	JKG
G*L	(l-1)(g-1)	JK(G*L)
KUI1	g+l-1-2(1)	JKKUI1
KUI2	g+l-1-2(2)	JKKUI2
.....
KUI _m	g+l-1-2(m)	JKKUI-m
Sisaan	Selisih	JKSisaan
Galat	l(g-1)(r-1)	JKGalat
Total	lgr-1	

Keterangan:

L =Lokasi G = Genotipe
 B(L)=Blok(Lokasi) G*L= Genotipe*Lokasi

Interpretasi Model AMMI

Model AMMI dapat diinterpretasikan menggunakan biplot. Biplot AMMI1 (plot rata-rata dengan skor KUI1) merupakan tampilan grafis yang meringkas informasi pengaruh utama genotipe dan lingkungan pada sumbu rata-rata dan pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan pada sumbu KUI1, genotipe yang letaknya satu titik pada sumbu datar berarti mempunyai pengaruh utama yang sama dan jika terletak satu titik pada sumbu tegak berarti mempunyai pengaruh interaksi yang sama. Pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan digambarkan oleh biplot AMMI2 (plot skor KUI1 dengan KUI2).

Untuk menguji kestabilan genotipe, digunakan selang kepercayaan sebaran normal ganda. Semakin stabil suatu genotipe maka titik koordinatnya akan semakin mendekati pusat koordinat ellips. Ellips dibentuk dari titik pusat (0,0) pada Biplot AMMI2 dengan panjang sumbu ellips sebagai berikut:

$$R_1 = \sqrt{\lambda_1} \sqrt{\frac{p(n-1)}{n(n-p)} F_{p,n-p(\alpha)}}$$

dan

$$R_2 = \sqrt{\lambda_2} \sqrt{\frac{p(n-1)}{n(n-p)} F_{p,n-p(\alpha)}}$$

dengan:

- R_1 : jari-jari panjang (pada sumbu KUI1)
- R_2 : jari-jari pendek (pada sumbu KUI2)
- p : banyaknya komponen utama yang digunakan
- n : banyaknya pengamatan (genotipe+lokasi)
- λ_1 : akar ciri dari KUI1
- λ_2 : akar ciri dari KUI2
- $F_{p,n-p(\alpha)}$: nilai tabel sebaran-F dengan db1=p, db2=n-p pada taraf nyata 0.05.

Genotipe yang berada di luar ellips dikategorikan sebagai genotipe yang tidak stabil.

Dari biplot AMMI2 dapat pula diperoleh gambaran genotipe yang spesifik pada lingkungan tertentu yaitu dengan menggambar poligon pada AMMI dengan membuat garis yang menghubungkan lokasi-lokasi terluar dan kemudian menarik garis tegak lurus dari titik pusat koordinat biplot AMMI2 terhadap garis yang menghubungkan dua lokasi berbeda. Semakin dekat jarak antara genotipe dan lokasi atau semakin kecil sudut antara genotipe dan lokasi maka genotipe dapat dikatakan semakin beradaptasi baik pada lokasi tersebut (Hadi dan Sa'diyah 2004).

METODOLOGI

Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder percobaan multilokasi padi hibrida pada musim tanam 2008/2009 dari Balai Pengkajian Teknologi Pertanian (BPTP) Jawa Timur. Penelitian dilakukan di empat lokasi yaitu Malang musim tanam 2 (MLG), Jember musim tanam 1 (JBRMT1), Jember musim tanam 2 (JBRMT2), dan Ngawi musim tanam 1 (NGAWI). Genotipe yang digunakan dalam penelitian ini sebanyak 12 Genotipe, dimana terdapat sembilan galur dan tiga varietas (Tabel 2). Respon yang diukur yaitu y_1 = daya hasil (ton/ha), y_2 = bobot 1000 butir (gram), y_3 = jumlah malai per m², dan y_4 = panjang malai (cm). Rancangan percobaan yang dilakukan pada setiap lingkungan adalah rancangan acak kelompok dengan empat kelompok.

Tabel 2 Kode Genotipe

Kode	Genotipe
G1	IH801
G2	IH802
G3	IH803
G4	IH804
G5	IH805
G6	IH806
G7	IH807
G8	IH808
G9	IH809
G10	Maro
G11	Hibrindo
G12	Ciherang

Metode

Tahapan yang dilakukan dalam penelitian :

1. Menghitung respon gabungan dengan menggunakan metode pembobotan komponen utama dengan melakukan pembakuan masing-masing peubah terlebih dahulu.
2. Analisis statistika deskriptif
 Analisis deskriptif dilakukan untuk melihat pola umum dari rata-rata respon gabungan untuk masing-masing genotipe dan lingkungan tanam.
3. Analisis ragam gabungan

Analisis ragam gabungan digunakan untuk menguji secara sistematis pengaruh genotipe, pengaruh lingkungan, dan pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan. Analisis ragam gabungan diawali dengan pemeriksaan besarnya koefisien keragaman (KK) dan pengujian asumsi terlebih dahulu.

4. Analisis AMMI
 Analisis AMMI dilakukan pada respon gabungan yang diperoleh melalui metode pembobotan komponen utama.
5. Interpretasi AMMI
 Interpretasi AMMI menggunakan biplot AMMI untuk menentukan genotipe stabil dan spesifik lingkungan dengan selang kepercayaan normal ganda dan poligon.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Penggabungan respon

Langkah pertama sebelum melakukan penggabungan respon yaitu memeriksa korelasi antara peubah respon untuk menentukan metode penggabungan respon yang sesuai. Dari Tabel 3 dapat diperoleh informasi bahwa korelasi antar peubah respon relatif rendah.

Tabel 3 Korelasi antar peubah respon

	z_1	z_2	z_3	z_4
z_1	1	0.139	0.208	0.038
z_2	0.139	1	0.222	0.066
z_3	0.208	0.222	1	0.059
z_4	0.038	0.066	0.059	1

Metode pembobotan komponen utama (W-PCA) masih bisa diterapkan meskipun nilai korelasi antar peubah respon relatif rendah, karena menurut penelitian Sumertajaya (2005) metode pembobotan komponen utama merupakan metode penggabungan respon terbaik, baik pada kelompok peubah berkorelasi tinggi ataupun rendah. Metode W-PCA bergantung pada besarnya kontribusi keragaman yang mampu dijelaskan oleh komponen utama. Banyaknya komponen utama yang dipilih berdasarkan persentase keragaman kumulatif. Dalam penelitian ini besarnya persentase kumulatif minimum yang ditetapkan adalah 75%.

Berdasarkan hasil analisis komponen utama, jumlah komponen utama yang dipilih adalah tiga komponen. Besarnya keragaman yang mampu dijelaskan oleh ketiga komponen utama ini adalah sebesar 85,1%. Dari persamaan ketiga komponen utama ini, besarnya bobot setiap peubah dapat dihitung sebagai berikut :

Persamaan komponen utama :

$$KU_1 = 0.387 z_1 + 0.492 z_2 + 0.780 z_3 + 0.004 z_4$$

$$KU_2 = 0.722 z_1 - 0.673 z_2 + 0.068 z_3 - 0.148 z_4$$

$$KU_3 = 0.234 z_1 + 0.026 z_2 - 0.137 z_3 + 0.962 z_4$$

sehingga bobot setiap respon diperoleh:

$$w_1 = \sqrt{\frac{(0.387)^2}{1.2432} + \frac{(0.722)^2}{1.1415} + \frac{(0.234)^2}{1.0195}} = 0.79$$

$$w_2 = \sqrt{\frac{(0.492)^2}{1.2432} + \frac{(-0.673)^2}{1.1415} + \frac{(0.026)^2}{1.0195}} = 0.77$$

$$w_3 = \sqrt{\frac{(0.780)^2}{1.2432} + \frac{(0.068)^2}{1.1415} + \frac{(-0.137)^2}{1.0195}} = 0.72$$

$$w_4 = \sqrt{\frac{(0.004)^2}{1.2432} + \frac{(-0.148)^2}{1.1415} + \frac{(0.962)^2}{1.0195}} = 0.96$$

Respon gabungan dapat dihitung dengan formula sebagai berikut :

$$y_{gab} = 0.79 z_1 + 0.77 z_2 + 0.72 z_3 + 0.96 z_4$$

dengan z_i adalah peubah y_i yang sudah dibakukan. Berdasarkan respon gabungan diatas ternyata aspek morfologi tanaman yang ditambahkan yaitu panjang malai memperoleh bobot terbesar, sedangkan peubah yang lain memperoleh bobot relatif sama.

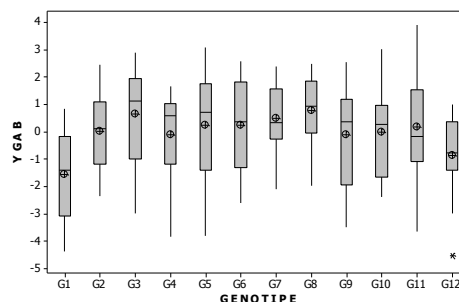
Tabel 4 Korelasi respon gabungan dengan peubah asal

	z_1	z_2	z_3	z_4
y_{gab}	0.500	0.505	0.570	0.574

Hasil korelasi dari respon gabungan dengan keempat peubah asal pada Tabel 4 menunjukkan bahwa tingkat korelasi antara respon gabungan dengan peubah asal relatif cukup tinggi, karena nilai korelasinya lebih besar dari 0.5. Hal ini menunjukkan bahwa respon gabungan mampu menjadi wakil yang baik dalam menjelaskan perilaku seluruh peubah asal.

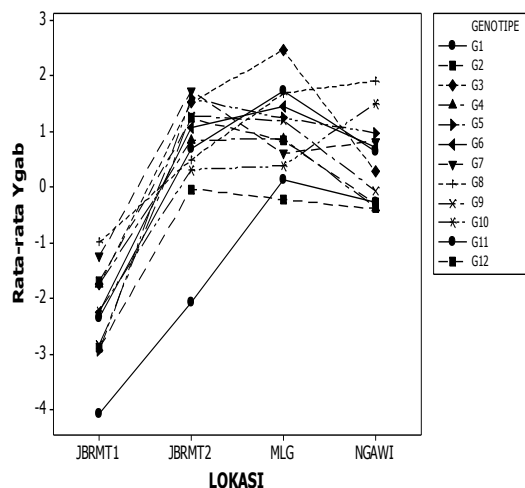
Analisis Deskriptif

Gambar 1 memberikan informasi bahwa G8 dan G3 merupakan genotipe dengan rata-rata respon gabungan tertinggi, sedangkan G1 merupakan genotipe dengan rata-rata respon gabungan paling rendah. G1 dan G9 merupakan genotipe dengan keragaman paling besar sedangkan G12 merupakan genotipe dengan keragaman paling kecil.



Gambar 1 Diagram kotak-garis respon gabungan berdasarkan genotipe

Informasi terkait genotipe dengan rata-rata respon gabungan tertinggi untuk masing-masing lokasi dapat dilihat pada Gambar 2. G8 merupakan genotipe dengan rata-rata respon gabungan tertinggi pada wilayah JBRMT1 dan NGAWI, untuk wilayah JBRMT2 genotipe G7 merupakan genotipe dengan rata-rata respon gabungan tertinggi, dan G3 merupakan genotipe dengan rata-rata respon tertinggi untuk wilayah MLG.



Gambar 2 Plot interaksi genotipe dan lokasi

Perbedaan rata-rata respon gabungan yang dihasilkan oleh genotipe pada setiap lokasi dapat diakibatkan oleh interaksi antara genotipe dengan lokasi. Seperti ditunjukkan oleh Gambar 1 adanya perpotongan antara kurva rata-rata respon gabungan menunjukkan bahwa secara eksploratif terdapat kecenderungan terjadinya interaksi antara genotipe dan lokasi.

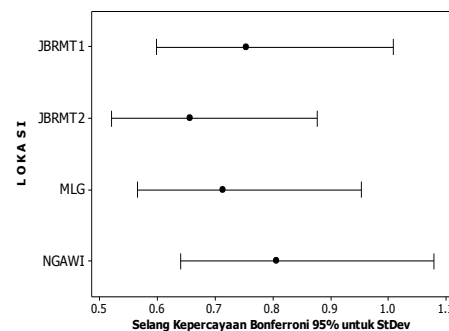
Analisis Ragam Gabungan

Tahapan awal melakukan analisis ragam gabungan adalah melihat besarnya koefisien keragaman setiap respon di empat lokasi. Semua nilai koefisien keragaman setiap respon dari lokasi ternyata kurang dari 25%, sehingga semua lokasi dapat dianalisis bersama-sama menggunakan analisis ragam gabungan. Tahapan selanjutnya dilakukan pengujian asumsi analisis ragam yaitu keaditifan model, kenormalan sisaan, dan kehomogenan ragam.

Pengujian keaditifan model digunakan uji keaditifan Tukey. Uji keaditifan Tukey dilakukan untuk blok dengan genotipe di setiap lokasi menghasilkan empat F-hitung, masing-masing untuk MLG, JBRMT2, JBRMT1, dan NGAWI secara berturut-turut adalah 0.1187, 0.287, 1.232, dan 0.004, sedangkan nilai F-tabel = 4.019. Karena semua nilai F-Hitung \leq F-tabel maka dapat disimpulkan bahwa asumsi keaditifan model terpenuhi pada taraf nyata 0.05.

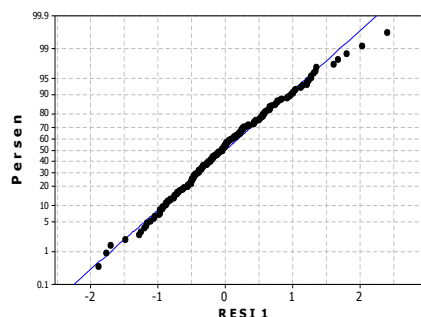
Kehomogenan ragam diuji menggunakan uji Bartlett, dihasilkan nilai-p sebesar 0.546 (Gambar

3). Karena nilai-p \geq taraf nyata 0.05, maka dapat disimpulkan bahwa asumsi kehomogenan ragam terpenuhi.



Gambar 3 Plot uji Bartlett

Hasil pengujian asumsi kenormalan menggunakan uji Kolmogorov-Smirnov menunjukkan bahwa galat percobaan menyebar normal dengan nilai-p sebesar 0.150 (Gambar 4). Karena nilai-p \geq taraf nyata 0.05 maka dapat disimpulkan uji kenormalan sisaan terpenuhi.



Gambar 4 Plot uji Kolmogorov-Smirnov

Setelah semua asumsi terpenuhi dilakukan analisis ragam gabungan. Analisis ragam gabungan dilakukan untuk mengetahui pengaruh utama genotipe, pengaruh utama lokasi, serta pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi. Berdasarkan hasil analisis ragam gabungan pada Tabel 5 dapat diperoleh informasi bahwa pengaruh utama dan interaksi berpengaruh nyata (signifikan) pada taraf nyata 0.05, karena memiliki nilai-p $<$ 0.05. Pengaruh utama genotipe yang signifikan artinya bahwa minimal ada satu genotipe padi hibrida yang memberikan respon berbeda dengan genotipe lain, untuk pengaruh lokasi yang signifikan artinya minimal ada satu lokasi yang memberikan respon berbeda dengan lokasi lain.

Tabel 5 Analisis ragam gabungan

SK	db	JK	F-hit	nilai-p
L	3	327.85	57.19	0.000
B(L)	12	22.93	2.49	0.006
G	11	74.30	8.80	0.000
G*L	33	55.46	2.19	0.001
Galat	132	101.37		
Total	191	581.90		

Berdasarkan sumbangan keragaman yang diberikan dapat diperoleh informasi bahwa pengaruh lokasi memberikan sumbangan keragaman terbesar yaitu sebesar 56.34%, selanjutnya pengaruh genotipe sebesar 12.77% serta pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi sebesar 9.53%. Hasil tersebut menunjukkan bahwa respon gabungan lebih dipengaruhi oleh kondisi lokasi tanam padi hibrida selain genotipe padi hibrida itu sendiri. Pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi berpengaruh nyata artinya respon dari faktor genotipe berubah saat adanya perubahan lokasi. Adanya interaksi antara genotipe dengan lokasi mengakibatkan bahwa terdapat perbedaan rata-rata respon genotipe padi hibrida yang ditanam pada lokasi yang berbeda. Pengaruh interaksi yang signifikan menunjukkan bahwa analisis AMMI dapat digunakan untuk menguraikan pengaruh interaksi tersebut.

Analisis AMMI

Penguraian nilai singular dari matriks dugaan pengaruh interaksi menghasilkan tiga akar ciri bukan nol yaitu 7.183, 4.121, dan 2.556 dengan kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang dapat diterangkan oleh masing-masing komponen adalah 51.81%, 29.72%, dan 18.47%.

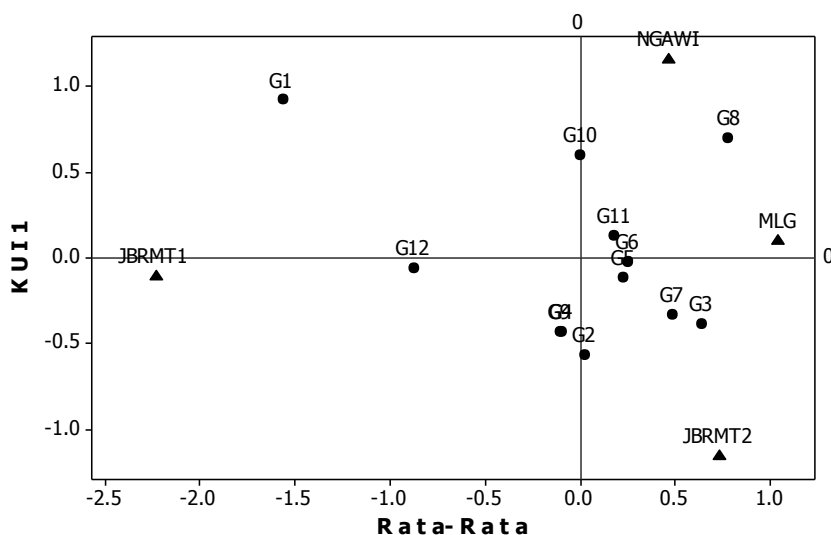
Komponen utama interaksi (KUI) yang dipertahankan berdasarkan metode *postdictive success* menghasilkan dua KUI yang nyatayaitu KUI1 dan KUI2, hal ini dapat dilihat dari nilai-p dari KUI1 dan KUI2 yang lebih kecil dari taraf

nyata 0.05 (Tabel 6). Hal ini berarti bahwa respon gabungan dengan metode W-PCA dapat diterangkan dengan menggunakan model AMMI2, dimana pengaruh interaksi direduksi menjadi dua komponen. Dengan demikian model AMMI2 dapat menerangkan pengaruh interaksi sebesar 81.54%.

Tabel 6 Analisis ragam AMMI2

SK	db	JK	F-hit	nilai-p
L	3	327.85	57.19	0.000
B(L)	12	22.93	2.49	0.006
G	11	74.30	8.80	0.000
G*L	33	55.46	2.19	0.001
KUI1	13	28.73	2.88	0.001
KUI2	11	16.48	1.95	0.038
sisaan	9	10.24		
Galat	132	101.37		
Total	191	581.90		

Biplot AMMI1 pada Gambar 4 memberikan informasi bahwa terdapat tujuh genotipe yang rata-rata respon gabungannya lebih besar dari rata-rata umum, yaitu genotipe G2, G3, G5, G6, G7, G8, dan G11. Sedangkan genotipe G1, G4, G9, dan G12 memiliki rata-rata respon gabungan yang lebih rendah dari rata-rata umum. Genotipe G8 merupakan genotipe dengan rata-rata respon gabungan paling tinggi dan G1 merupakan genotipe dengan rata-rata gabungan paling rendah. Gambar 4 juga menjelaskan bahwa G2 dan G10 memiliki rata-rata respon gabungan yang sama tetapi memiliki pengaruh interaksi yang berbeda.



Gambar 4 Biplot AMMI1

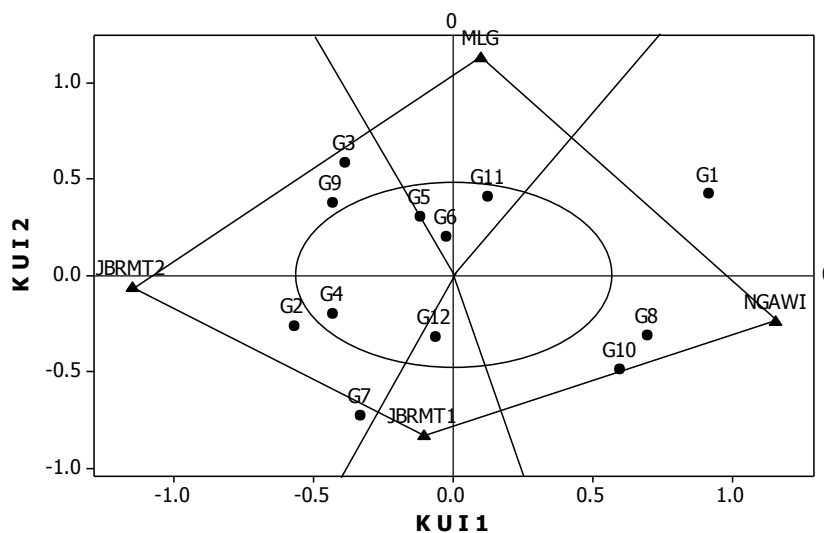
Interaksi positif antara genotipe dengan lingkungan terjadi jika skor KUI1 antara genotipe dan lingkungan memiliki tanda yang sama, sedangkan jika tanda berbeda maka interaksinya negatif. Genotipe G1, G8, G10, G11 berinteraksi positif dengan lokasi Malang dan Ngawi,

sedangkan G2, G3, G4, G5, G6, G7, G9, dan G12 berinteraksi positif dengan lokasi Jember masa tanam 1 dan Jember masa tanam 2. Genotipe G6 dan G12 memiliki interaksi kecil dengan lingkungan karena memiliki nilai KUI yang mendekati nol.

Berdasarkan skor komponen utama interaksi pertama (KUI1) dan komponen interaksi kedua (KUI2) dihasilkan Biplot AMMI2 antara KUI1 dengan KUI2 pada Gambar 5. Besarnya keragaman interaksi yang dapat dijelaskan oleh biplot AMMI2 tersebut adalah sebesar 81.54%. Pendekatan selang kepercayaan normal ganda ellips dari nilai KUI1 dapat digunakan untuk menentukan genotipe yang stabil. Panjang jari-jari mayor ellips yang dihasilkan dengan $\alpha=5\%$ yaitu 0.525, sedangkan panjang jari-jari minornya sebesar 0.475.

Penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Tiara (2010) dihasilkan uji stabilitas AMMI dengan metode *Range Equalization* dan metode pakar sebagai metode penggabungan respon, akan tetapi pada kedua metode tersebut tidak diikutsertakan aspek morfologi tanaman pada respon gabungan. Dari metode *Range Equalization* didapat lima genotipe yang stabil yaitu G1, G5, G7, G11, G12 dan dengan metode pakar didapat empat genotipe stabil yaitu G3, G5, G7, G11.

Pada penelitian ini ditambahkan peubah respon yang mewakili komponen morfologi tanaman yaitu panjang malai dan menggunakan metode W-PCA sebagai metode penggabungan respon. Hasil uji stabilitas AMMI dengan metode W-PCA dapat dilihat pada Gambar 5, sehingga dapat diperoleh informasi bahwa terdapat lima genotipe yang stabil yaitu G4, G5, G6, G11, dan G12 karena berada dalam ellips. Genotipe lain yang berada di luar ellips cenderung untuk berinteraksi dengan lingkungan tertentu. Poligon AMMI digunakan untuk mengetahui genotipe yang dapat beradaptasi baik atau spesifik pada lokasi tertentu. Berdasarkan poligon yang terbentuk, terdapat empat kuadran yang berbeda. Genotipe G7 memiliki sudut yang cukup besar dengan lokasi JBRMT2, hal ini menunjukkan bahwa G7 kurang beradaptasi baik dengan lokasi JBRMT2. Jadi hanya genotipe G3, G7, G9 bersifat spesifik lokasi pada lokasi JBRMT2. Genotipe G8 dan G10 spesifik pada lokasi Ngawi, G1 tidak beradaptasi baik di Ngawi karena G1 memiliki keragaman yang cukup tinggi.



Gambar 5 Biplot AMMI2

SIMPULAN

Berdasarkan analisis AMMI dengan menggunakan metode W-PCA sebagai metode penggabungan respon didapatkan lima genotipe yang stabil di setiap lokasi yaitu IH804, IH805, IH806, Hibrindo, dan Ciherang. AMMI juga menghasilkan genotipe IH802, IH803, dan IH809 yang bersifat spesifik lokasi di Jember musim tanam 2, serta genotipe IH808 dan Maro bersifat spesifik lokasi di Ngawi.

DAFTAR PUSTAKA

- Aunuddin. 2005. *Statistika: Rancangan dan Analisis Data*. Bogor: IPB Press.
- Hadi AF, Sa'diyah H. 2004. Model AMMI Untuk Analisis Interaksi Genotipe \times Lokasi. *Jurnal Ilmu Dasar*, 5: 33-41.
- Mattjik AA, Sumertajaya IM. 2000. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab jilid I*. Bogor: IPB Press.
- Sa'diyah H, Mattjik AA. 2009. Indeks Stabilitas AMMI untuk Penentuan Stabilitas Genotipe pada Percobaan Multilokasi. *Jurnal Ilmu Dasar*, 7:47-57.

Satoto. 2006. *Padi Hibrida*.

http://www.knowledgebank.irri.org/indonesia/PDF%20files/padi%20hibrida_BW.pdf
[4 Agustus 2011].

Sumertajaya IM. 2005. Kajian Pengaruh Inter Block dan Interaksi pada Uji Lokasi Ganda dan Respon Ganda [disertasi]. Bogor: Fakultas MIPA, IPB.

Tiara S. 2010. Identifikasi Interaksi Genotipe × Lingkungan pada Padi Hibrida Berdasarkan Respon Gabungan [Skripsi]. Bogor: Fakultas MIPA, IPB.