



PENDAHULUAN

Latar Belakang

Jahe (*Zingiber officinale* Rosc.) merupakan salah satu jenis tanaman obat yang mempunyai banyak kegunaan baik sebagai bahan obat ataupun makanan. Jahe besar sering digunakan dalam industri makanan dan minuman penghangat. Jahe putih kecil, jahe kapur dan jahe merah sering dimanfaatkan minyak atsirinya untuk bahan baku obat-obatan. Sekalipun jahe telah lama dikenal dan diusahakan oleh masyarakat sebagai salah satu komoditi ekspor nasional, sampai saat ini penggunaan, peredaran dan perdagangan benihnya tidak berlabel sehingga mutunya tidak terjamin. Hal ini karena belum adanya standar benih tanaman obat bermutu yang berasal dari varietas tanaman obat yang sudah dilepas. Padahal keberhasilan agribisnis jahe sangat ditentukan oleh penggunaan benih sehat dan bermutu.

Untuk mendapatkan varietas unggul yang berdaya hasil dan bermutu tinggi, maka pada nomor-nomor harapan jahe perlu dievaluasi kestabilannya di beberapa lokasi dengan kondisi agroekologi yang berbeda.

Metode statistika yang biasa digunakan untuk analisis kestabilan terhadap hasil percobaan multilokasi adalah AMMI (*Additive Main effect and Multiplicative Interaction*). Metode ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama pada pengaruh interaksinya (Mattjik & Sumertajaya, 2002).

Hambatan utama dalam menggunakan analisis AMMI adalah keseimbangan data. Sedangkan pada percobaan multilokasi kejadian data menjadi tidak seimbang peluangnya sangat besar. Agar setiap kombinasi genotipe dan lokasi memiliki jumlah ulangan yang sama, maka harus dilakukan pendugaan terhadap data yang tak lengkap.

Beberapa penelitian mengenai pendugaan data hilang pada analisis AMMI telah banyak dilakukan, diantaranya penelitian mengenai “Pengkajian Interaksi Genotipe dan Lingkungan dengan Metode AMMI dan Penggunaan Algoritma EM-AMMI dalam Pendugaan Data Hilang”, yang dilakukan oleh Agung L. Notoesoediro mahasiswa Departemen Statistika Fakultas MIPA IPB. Penelitian ini dilakukan pada 12 genotipe padi di 15 lokasi dengan empat ulangan. Banyaknya data hilang yang disimulasikan

yaitu 5%, 10%, 20% dan 30%. Pada persentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan memberikan rata-rata nilai MAPE sebesar 9.723%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 20% dan 30% didapatkan nilai MAPE berturut-turut sebesar 9.961%, 9.936%, dan 10.335%. Untuk pendugaan 5 data ekstrem yang hilang maka MAPE yang dihasilkan sebesar 37.899%, sedangkan pada pendugaan 10 data ekstrem menghasilkan nilai MAPE sebesar 34.332%.

Penelitian lain mengenai pendugaan data hilang pada analisis AMMI dilakukan oleh Yudistira Chandra Kala, mahasiswa Departemen Statistika Fakultas MIPA IPB, dengan judul “Pengkajian Interaksi Genotipe-Lingkungan Dengan Analisis AMMI dan Penggunaan *Connected Data* untuk Pendugaan Data Tak Lengkap”. Penelitian ini menggunakan 19 buah galur padi yang ditanam pada 19 lokasi dengan tiga ulangan. Metode *connected data* digunakan untuk menentukan nilai dugaan awal, selanjutnya digunakan metode EM untuk memperbaiki nilai dugaan berdasarkan model rancangan percobaan dua faktor dengan interaksi. Hasil penelitian ini menunjukkan nilai dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Model AMMI yang terbentuk adalah AMMI7 dan hasil analisis kestabilan menunjukkan hanya ada satu genotipe yang stabil.

Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk:

1. Menduga data pada kondisi data tak lengkap.
2. Mengidentifikasi genotipe jahe yang stabil dan berdaya hasil tinggi di berbagai lokasi percobaan, serta menentukan lokasi yang sesuai untuk genotipe jahe tertentu.

TINJAUAN PUSTAKA

Tanaman Jahe (*Zingiber officinale* Rosc.)

Jahe adalah tanaman herba berumur tahunan yang termasuk kelas tanaman berkeping satu. Batang jahe merupakan batang semu berbentuk bulat, tegak, tidak bercabang, yang tersusun dari helaian daun. Bentuk daunnya pipih memanjang berbentuk langsing membulat dengan ujung lancip. Pada umumnya jahe diperbanyak secara vegetatif dengan potongan atau setek rimpang. Perbanyakan tanaman jahe dapat dilakukan

dengan rimpangnya atau memisahkan sebagian anakan dari rimpangnya. Rimpang jahe mengandung oleoresin, polifenol, dan minyak atsiri yang berguna bagi industri kesehatan dan kosmetika. Hasil analisa mutu menunjukkan kadar minyak atsiri Jahe Putih Besar sekitar (1.5 - 2.9)%, Jahe Merah (3.2-3.6)% dan Jahe Putih Kecil (1.7-3.8)% (Bermawie *et al.*, 1997).

Percobaan Multilokasi

Percobaan multilokasi merupakan serangkaian percobaan yang serupa di beberapa lokasi yang mempunyai rancangan percobaan dan perlakuan yang sama. Model linier untuk percobaan multilokasi dengan genotipe sebagai perlakuan dan menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) adalah sebagai berikut:

$$y_{ijk} = \bar{y} + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \hat{Q}_{ijk}$$

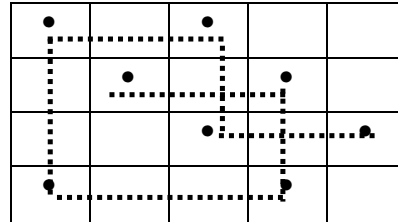
- y_{ijk} = respon dari genotipe ke-i pada lokasi ke-j dalam kelompok ke- k
 - \bar{y} = nilai rata-rata umum
 - α_i = pengaruh genotipe ke-i, $i=1,2,\dots,g$
 - $\rho_{k(j)}$ = pengaruh kelompok ke-k tersarang pada lokasi ke-j, $k=1,2,\dots,r$
 - β_j = pengaruh lokasi ke-j, $j=1,2,\dots,l$
 - $(\alpha\beta)_{ij}$ = pengaruh interaksi genotipe ke-i di lokasi ke-j
 - \hat{Q}_{ijk} = pengaruh sisaan dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k yang dilakukan di lokasi ke-j
- Genotipe maupun lokasi yang dicobakan merupakan pengaruh faktor tetap.

Connected Data

Secara umum *connected data* adalah data dimana untuk setiap faktor pengaruh utama, seluruh perbedaan diantara level-level faktornya dapat diduga. Data dari semua selisih $\mu_i - \mu_{i'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ (untuk $i \bullet i'$ dan $j \bullet j'$) yang terindikasi memberikan kesempatan untuk menduga setiap kontras antara μ_s dan τ_s (Searle, 1987).

G-connected

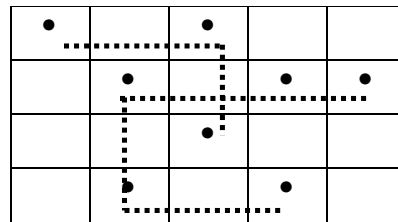
Data dari klasifikasi silang dua arah dikatakan menjadi *g-connected* jika sel yang terisi dapat disatukan dengan suatu garis tak terputus, terdiri dari bagian horizontal dan vertikal, yang dapat berubah arah hanya pada sel yang terisi (Searle, 1987).



Gambar 1. Contoh *g-connected*

Pemisahan Disconnected Data

Konsekuensi utama dari data yang tidak *connected* adalah data terpisah menjadi dua atau lebih *disconnected sets* dari *connected data* yang harus dianalisis secara terpisah (Searle, 1987).



Gambar 2. Contoh *disconnected sets*

No-Interaction Model

Model *no-interaction* yang digunakan untuk data dengan beberapa sel yang kosong persis sama dengan yang digunakan pada data dimana semua selnya terisi.

$$E(y_{ijk}) = \mu_i + \tau_j; \text{ untuk } j = 1, \dots, b-1 \left. \begin{array}{l} i = 1, \dots, a \\ \text{dan} \\ k = 1, \dots, n_{ij} \end{array} \right\}$$

$$E(y_{ijk}) = \mu_i; \text{ untuk } j = b$$

Nilai $n_{ij}=0$ menandakan bahwa sel i,j kosong.

Pendugaan pada No-Interaction Model

Menurut Searle (1987) pada klasifikasi dua arah dengan *no-interaction model* data yang *g-connected* menjamin bahwa semua selisih untuk $\mu_i - \mu_{i'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ (untuk $i \bullet i'$ dan $j \bullet j'$) dapat

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
 1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

diduga. Oleh karena itu pada *no-interaction model* semua kontras diantara μ_i s dan diantara τ_j s dapat diduga.

Untuk sel yang terisi, pendugaan bukan masalah. Tetapi misalkan sel i, j kosong, pendugaan dapat dilakukan jika datanya *connected* serta beberapa sel i, j' pada baris yang sama atau i', j pada kolom yang sama telah terisi. Oleh karena

$$\mu_{ij} = \mu_i + \tau_j = \mu_i + \tau_{j'} + \tau_j - \tau_{j'} = \mu_{ij'} + \tau_j - \tau_{j'}$$

serta kedua $\mu_{ij'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ dapat diduga, maka μ_{ij} dapat diduga.

Untuk klasifikasi dua arah selama datanya *g-connected*, semua rata-rata sel dalam *no-interaction model* dapat diduga, dengan BLUE sebagai berikut:

$$c_{jj} \hat{\tau}_j + \sum_{\substack{j'=1 \\ j' \neq j}}^{b-1} c_{jj'} \hat{\tau}_{j'} = r_j, \text{ untuk } j=1, \dots, b-1$$

dengan $c_{jj} = n_j - \sum_i \frac{n_{ij}^2}{n_i}$; $c_{jj'} = -\sum_i \frac{n_{ij} n_{ij'}}{n_i}$

dan $r_j = y_{.j} - \sum_i n_{ij} \bar{y}_{i.}$;

dan $\hat{\mu}_i = \bar{y}_{i.} - \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{b-1} n_{ij} \hat{\tau}_j$, untuk $i=1, \dots, a$

With-Interaction Model

Model *with-interaction* adalah sebagai berikut (Searle, 1987):

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \rho_k + \epsilon_{ijk}$$

dimana μ adalah rata-rata umum, α_i adalah pengaruh utama genotipe ke- i , β_j adalah pengaruh utama lingkungan ke- j , dan $(\alpha\beta)_{ij}$ merupakan pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan, ρ_k pengaruh aditif kelompok sedangkan ϵ_{ijk} merupakan pengaruh galat dari genotipe ke- i , lingkungan ke- j , dan kelompok ke- k .

Persamaan di atas jika ditulis dalam bentuk matriks rancangan menjadi :

$$Y = X \beta + e$$

Menurut Searle (1987) metode yang biasa digunakan untuk menduga $\hat{\beta}$ adalah metode kuadrat terkecil, yang meminimumkan jumlah kuadrat dari $y - E(y) = y - X\beta$.

Nilai dugaan dari metode kuadrat terkecil adalah:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1}(X'Y)$$

$(X'X)$ akan memiliki invers jika matriks X non singular atau matriks X memiliki *full column rank*.

Sebagai ilustrasi berikut data rancangan dua faktor dengan kelompok sebanyak dua.

		Faktor 1	
		1	2
Faktor 2	1	Y_{111}	Y_{211}
		Y_{112}	Y_{212}
	2	Y_{121}	Y_{221}
		Y_{122}	Y_{222}

Gambar 3. Rancangan dua faktor

$$\beta = \begin{bmatrix} \mu \\ \alpha_1 \\ \alpha_2 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \\ (\alpha\beta)_{11} \\ (\alpha\beta)_{12} \\ (\alpha\beta)_{21} \\ (\alpha\beta)_{22} \\ \rho_1 \\ \rho_2 \end{bmatrix}, y = \begin{bmatrix} y_{111} \\ y_{112} \\ y_{121} \\ y_{122} \\ y_{211} \\ y_{212} \\ y_{221} \\ y_{222} \end{bmatrix}, \epsilon = \begin{bmatrix} \epsilon_{111} \\ \epsilon_{112} \\ \epsilon_{121} \\ \epsilon_{122} \\ \epsilon_{211} \\ \epsilon_{212} \\ \epsilon_{221} \\ \epsilon_{222} \end{bmatrix}$$

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Interaksi Genotipe-Lingkungan

Interaksi genotipe-lingkungan adalah keragaman yang disebabkan oleh efek

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
 1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumpukan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

gabungan dari genotipe dan lingkungan (Dickerson, 1962 dalam Kang 2002).

Interaksi genotipe-lingkungan dapat dikelompokkan menjadi dua kategori: interaksi *crossover* dan *non-crossover*. Perbedaan respon dari kultivar-kultivar pada lingkungan yang berbeda merujuk pada interaksi *crossover* dimana posisi kultivar berubah dari satu lingkungan ke lingkungan lain. Ciri utama dari interaksi *crossover* adalah perpotongan garis yang dapat dilihat pada grafik. Interaksi *non-crossover* menggambarkan perubahan pada ukuran dari penampilan genotipe (kuantitatif), tapi urutan posisi genotipe terhadap lingkungan tetap tidak berubah, artinya genotipe yang unggul di suatu lingkungan dapat mempertahankan keunggulannya di lingkungan lain.

Konsep Kestabilan

Ada dua konsep tentang kestabilan, yaitu *static* dan *dynamic*. Konsep kestabilan *static* ini juga dikenal sebagai konsep kestabilan *biological* (Becker, 1981 dalam Kang 2002), dimana konsep ini sesuai dengan konsep kestabilan tipe 1 dan tipe 3 yang diusulkan oleh Lin *et al.* (1986). Kestabilan *dynamic* juga dikenal sebagai konsep kestabilan *agronomic* (Becker, 1981 dalam Kang 2002), dimana konsep ini sesuai dengan konsep kestabilan tipe 2 yang diusulkan oleh Lin *et al.* (1986).

Lin *et al.* (1986 dalam Kang 2002) mendefinisikan empat tipe konsep tentang kestabilan. Tipe 1, suatu genotipe dikatakan stabil jika responnya dari satu lingkungan ke lingkungan lain mempunyai ragam yang kecil. Tipe 2, suatu genotipe dikatakan stabil jika responnya terhadap bermacam lingkungan sejajar dengan rata-rata umum respon dari semua genotip uji di setiap lingkungan. Tipe 3, suatu genotipe dikatakan stabil jika kuadrat tengah simpangan dari model regresi respon genotipe terhadap indeks lingkungan kecil. Kestabilan tipe 4 diusulkan atas dasar keragaman *non-genetic* yaitu *predictable* dan *non-predictable*: komponen *predictable* berhubungan dengan lokasi dan komponen *non-predictable* berhubungan dengan tahun.

Analisis AMMI

Analisis AMMI merupakan gabungan dari sidik ragam pada pengaruh aditif dengan analisis komponen utama pada

pengaruh multiplikatif. Pengaruh multiplikatif diperoleh dari penguraian interaksi genotipe dengan lokasi menjadi komponen utama interaksi (KUI). Interpretasi analisis AMMI menggunakan biplot.

Tiga tujuan utama analisis AMMI adalah (Crossa, 1990):

1. Sebagai analisis pendahuluan untuk mencari model yang tepat.
2. Menjelaskan interaksi perlakuan dengan lokasi.
3. Meningkatkan keakuratan dugaan respon interaksi genotipe dengan lokasi.

Pada analisis ragam model AMMI komponen genotipe lingkungan (interaksi) diuraikan menjadi m buah KUI dan komponen sisaan.

Pemodelan Analisis AMMI

Langkah awal untuk memulai analisis AMMI adalah melihat pengaruh aditif genotipe dan lokasi masing-masing menggunakan sidik ragam dan kemudian dibuat bentuk multiplikatif interaksi genotipe x lokasi dengan menggunakan analisis komponen utama. Bentuk multiplikatif diperoleh dari penguraian interaksi genotipe dengan lokasi menjadi komponen utama interaksi (KUI). Penguraian pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi mengikuti persamaan sebagai:

$$(\alpha\beta)_{ij} = \sqrt{\lambda_1} v_{i1} s_{j1} + \dots + \sqrt{\lambda_m} v_{im} s_{jm} + \delta_{ij}$$

$$= \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij}$$

dengan:
m = banyaknya KUI yang nyata pada taraf 5%,

sehingga persamaan model linier percobaan multilokasi dengan analisis AMMI menjadi:

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

- dengan:
- y_{ijk} = respon dari genotipe ke-i pada lokasi ke-j dalam kelompok ke-k
 - i = nilai 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, $\hat{\epsilon}_1 \geq \hat{\epsilon}_2 \geq \dots \geq \hat{\epsilon}_n$
- V_{in} = pengaruh ganda genotipe ke-i melalui komponen bilinear ke-n
- S_{jn} = pengaruh ganda lokasi ke-j melalui komponen bilinear ke-n
- \hat{Q}_{ij} = sisaan dari pemodelan linier
- \hat{Q}_{ijk} = pengaruh sisaan dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k yang dilakukan di lokasi ke-j
- n = banyaknya KUI yang dipertahankan dalam model

Perhitungan Jumlah Kuadrat

Pengaruh aditif genotipe dan lokasi dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam, tetapi berdasarkan pada data rata-rata per genotipe x lokasi. Pengaruh ganda genotipe dan lokasi pada interaksi diduga dengan

$$z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}$$

sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} JK(GL) &= r \sum_{i,j} z_{ij}^2 = r \sum (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2 \\ &= r \text{ teras}(zz') \end{aligned}$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa teras dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut, $tr({}_n A_n) = \sum_i \lambda_i$, maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke-n adalah akar ciri ke-n pada pemodelan bilinear tersebut (λ_n), jika analisis ragam dilakukan terhadap rata-rata per genotipe x lokasi. Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadratnya adalah banyak ulangan kali akar ciri ke-n ($r\lambda_n$). Pengujian masing-masing komponen ini dilakukan dengan membandingkannya terhadap kuadrat tengah galat gabungan.

Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular matriks dugaan pengaruh interaksi digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe x lokasi. Penguraian dilakukan dengan memodelkan matriks tersebut sebagai perkalian matriks :

$$Z = U L A'$$

Dengan Z adalah matriks data terpusat, berukuran $g \times l$; L adalah matriks diagonal akar dari akar ciri positif bukan nol dari ZZ', berukuran $m \times m$. Kolom-kolom matriks A adalah vektor ciri-vektor ciri dari matriks ZZ', A merupakan matriks ortonormal; dan U berupa matriks ortonormal, dirumuskan sebagai :

$$U = Z A L^{-1}$$

Nilai Komponen AMMI

Pengaruh ganda genotipe ke-i diduga melalui unsur-unsur matriks A pada baris ke-i kolom ke-n, sedangkan penduga dari pengaruh ganda lokasi ke-j adalah elemen matriks U pada baris ke-j kolom ke-n dengan kendala $\sum v_{in}^2 = \sum s_{jn}^2 = 1$ untuk $n=1, 2, \dots, m$ dan $\sum_i v_{in} v_{in'} = \sum_j s_{jn} s_{jn'} = 0$ untuk $n \neq n'$. Unsur-unsur diagonal matriks L merupakan penduga untuk $\hat{\epsilon}_n$.

Skor komponen ke-n untuk genotipe ke-i adalah $\hat{\epsilon}_n^k v_{in}$ dan untuk lokasi ke-j adalah $\hat{\epsilon}_n^{1-k} s_{jn}$. Penduga untuk interaksi genotipe dengan lokasi diperoleh dari perkalian nilai komponen genotipe dan nilai komponen lokasi. Dengan mendefinisikan L^k ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal yang unsur-unsur diagonalnya berupa elemen-elemen matriks L dipangkatkan k. Demikian juga untuk matriks L^{1-k} dan $G = UL^k$ serta $H = AL^{1-k}$, maka hasil penguraian nilai singular dapat ditulis dalam bentuk :

$$Z = GH'$$

Sehingga dugaan nilai komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks G dan dugaan nilai komponen untuk lokasi adalah kolom-kolom matriks H. Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah $\frac{1}{2}$.

Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Metode yang digunakan untuk menentukan banyaknya Komponen Utama Interaksi (KUI) yang dipertahankan dalam model AMMI (Gauch, 1988 dalam Mattjik 2000) yaitu :

1. Metode Keberhasilan Total (*postdictive success*)



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model tereduksi untuk menduga data yang digunakan dalam membangun model tersebut.

Sedangkan banyaknya komponen AMMI sesuai dengan banyaknya sumbu KUI yang nyata pada uji-F analisis ragam. Untuk sumbu KUI yang tidak nyata digabungkan dengan sisaan. Metode ini diusulkan oleh Gollob (1986) yang selanjutnya direkomendasikan oleh Gauch (1988). Tabel analisis AMMI (Tabel 1) merupakan perluasan dari tabel penguraian jumlah kuadrat interaksi menjadi beberapa jumlah kuadrat KUI.

Tabel 1. Tabel analisis ragam AMMI

Sumber	Db	JK
Lingkungan	l-1	JKL
Blok(Lingk.)	l(r-1)	JKB
Genotipe	g-1	JKGen
Gen*Lingk.	(l-1)(g-1)	JK(L*G)
KUI-1	g+l-1-2(1)	JKKUI-1
KUI-2	g+l-1-2(2)	JKKUI-2
.....
KUI-m	g+l-1-2(m)	JKKUI-m
Sisaan	Pengurangan	JKSisaan
Galat gab.	l(g-1)(r-1)	JKG
Total	lgr-1	

2. Metode Keberhasilan Ramalan (*predictive success*)

Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model dugaan untuk memprediksi data lain yang sejenis tetapi tidak digunakan dalam membangun model tersebut (data validasi).

Penentuan banyaknya sumbu komponen utama dilakukan dengan validasi silang yaitu membagi data menjadi dua kelompok, satu kelompok untuk membangun model dan kelompok lain dipakai untuk validasi (menentukan kuadrat selisih). Teknik ini dilakukan berulang-ulang, pada tiap ulangan dibangun model dengan sumbu komponen utama. Banyaknya KUI terbaik adalah model dengan rataan akar kuadrat tengah sisaan (*root means square different= RMSPD*) terkecil.

$$RMSPD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^l (\hat{x}_{ij} - x_{ij})^2}{g.l}}$$

Kesesuaian model

Kesesuaian model dilihat dari RMS (Root Mean Square) sisaan yaitu rata-rata simpangan yang tidak dapat diterangkan oleh model. RMS sisaan dapat dirumuskan sebagai berikut (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000):

$$RMS_{sisaan} = \sqrt{\frac{JKSisaan}{banyak\ pengamatan}}$$

Koefisien keragaman dapat dihitung menggunakan rumus berikut:

$$KK = \frac{RMS_{sisaan}}{rataan\ umum} \times 100\%$$

Interpretasi Model AMMI

Pemodelan bilinear diinterpretasikan dengan menggunakan biplot AMMI1 (plot antara pengaruh utama dengan skor KUI1). Jika KUI2 nyata maka dapat dilanjutkan dengan biplot AMMI2 (plot antara KUI1 dan KUI2).

Perbedaan dari pengaruh utama dapat dilihat dari jarak antara titik amatan pada sumbu mendatar pada biplot AMMI1, sedangkan jarak titik amatan pada sumbu tegak menggambarkan adanya perbedaan dari pengaruh interaksi (Zobel *et al.*, 1988 dalam Mattjik 2000). Pengaruh interaksi genotipe dan lokasi digambarkan oleh biplot AMMI2. Untuk mengetahui genotipe yang memiliki respon tertinggi di tiap-tiap lokasi, digunakan poligon dengan cara menghubungkan genotipe-genotipe terjauh dari titik pusat, lalu dibuat garis tegak lurus terhadap sisi poligon untuk membagi poligon menjadi beberapa kuadran. Respon terbesar untuk lokasi di kuadran yang sama diperlihatkan dengan genotip yang menjadi titik sudut poligon (Yan & Hunt, 2002).

Kedekatan jarak antara genotipe dan lokasi dan besar sudut yang terbentuk dari kedua titik tersebut mencerminkan adanya interaksi yang khas diantara keduanya.

Kestabilan genotipe diuji dengan pendekatan selang kepercayaan sebaran normal ganda yang berbentuk ellips pada skor KUI-nya. Jika koordinat suatu genotipe semakin dekat dengan pusat koordinatnya berarti genotipe tersebut semakin stabil terhadap perubahan lokasi. Ellips dibuat dari titik pusat (0,0), dengan panjang jari-jari ellips dapat diukur sebagai berikut (Johnson & Winchern, 2002):

$$\pm \sqrt{\lambda_i} \sqrt{\frac{p(n-1)}{n(n-p)} F_{p,n-p}(\alpha)} e_i$$

dengan :

- p = banyaknya peubah yang digunakan
- n = banyaknya pengamatan
- λ_i = akar ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe
- e_i = vektor ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe
- $F_{p,n-p}(\alpha)$ = nilai sebaran F dengan db₁=p dan db₂=n-p pada taraf $\alpha=5\%$

Metode EM-AMMI

EM-AMMI merupakan perluasan dari metode AMMI dengan proses pendugaan data hilang secara iteratif, dimana pada tahap awal menduga model dengan menggunakan data yang ada, kemudian membuat model AMMI lalu menduga data hilang tersebut dan memperbaiki nilai dugaannya. Hal ini dilakukan hingga dicapai keadaan yang konvergen dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya relatif kecil yaitu < 0.00001 (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000).

Ada dua tahap dasar dalam algoritma EM-AMMI yaitu:

1. Tahap E (*Expectation*) yaitu tahap menentukan nilai harapan dari data yang hilang.
2. Tahap M (*Maximization*) yaitu tahapan pembentukan model dari data yang ada.

Jika pada analisis AMMI biasanya skor KUI selalu tetap, maka pada algoritma EM-AMMI skor KUI berubah pada tiap-tiap iterasi. Hal ini disebabkan nilai dugaan mempengaruhi nilai parameter aditif maupun multiplikatifnya. Algoritma EM-AMMI dapat dilihat pada Lampiran 3.

Mean Absolute Percentage Error (MAPE)

Nilai MAPE ini mengukur rata-rata nilai simpangan dugaan terhadap data aktualnya yang dinyatakan dalam persentase. Nilai MAPE ini dirumuskan sebagai (Makridakis, 1983):

$$MAPE = \frac{\sum_{t=1}^n \left| \frac{(X_t - F_t)}{X_t} \right|}{n} \times 100\%$$

dengan:

- X_t : nilai aktual
- F_t : nilai dugaan
- n : banyaknya data

Semakin kecil nilai MAPE maka ketepatan pendugaan menjadi semakin tinggi dan semakin besar nilai MAPE maka ketepatan pendugaan semakin rendah.

BAHAN DAN METODE

Bahan Penelitian

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder tentang produksi minyak atsiri tanaman jahe dari Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat (Balitro) Bogor. Genotipe jahe yang diuji sebanyak 16 buah (Tabel 2) ditanam di 5 lokasi (Tabel 3). Karakteristik masing-masing lokasi dapat dilihat pada Tabel 4. Rancangan yang digunakan adalah Rancangan Acak Kelompok dengan 3 ulangan. Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data rata-rata per genotipe x lokasi.

Tabel 2. Kode genotipe

Kode	Genotipe
1	Jahe putih besar a
2	Jahe putih besar c
3	Jahe putih besar d
4	Jahe putih besar e
5	Jahe putih besar f
6	Jahe merah a
7	Jahe merah b
8	Jahe putih kecil a
9	Jahe putih kecil c
10	Jahe putih kecil d
11	Jahe putih kecil e
12	Jahe putih kecil f
13	Jahe putih kecil g
14	Jahe putih kecil h
15	Jahe putih kecil i
16	Jahe putih kecil j

Tabel 3. Kode lokasi

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.