

APLIKASI ANALISIS PENGARUH UTAMA ADITIF DENGAN INTERAKSI GANDA (UAIG) PADA DATA SIMULASI¹

A. Ansori Mattjik²

RINGKASAN

Model UIAG merupakan suatu metode alternatif yang mampu menggabungkan kehandalan analisis ragam (ANOVA) dengan analisis komponen utama untuk pengaruh interaksi. Disamping itu, model UIAG sangat baik digunakan sebagai alat untuk eksplorasi model yang tepat untuk gugus data tertentu. Dari hasil analisis data terhadap 6 gugus data (gugus data asal dan 5 gugus data simulasi) terlihat bahwa model UIAG yang diperoleh tidak konsisten untuk keenam gugus data. Namun demikian model UIAG cukup handal dalam menerangkan pengaruh interaksi, secara rata-rata model UIAG mampu menerangkan 95% keragaman pengaruh interaksi.

PENDAHULUAN

Percobaan lokasi ganda (*multilocation*) memainkan peranan penting dalam pengembangbiakan tanaman (*plant breeding*) dan penelitian-penelitian agronomi. Data yang diperoleh dari percobaan lokasi ganda ini mempunyai tiga tujuan utama dalam bidang pertanian yaitu: (a) Keakuratan pendugaan dan peramalan hasil berdasarkan data percobaan yang terbatas, (b) Menentukan kestabilan hasil dan pola dari respon genotif atau perlakuan agronomi terhadap lingkungan, dan (c) Seleksi genotif atau perlakuan agronomi terbaik untuk dikembangkan pada masa yang akan datang atau lokasi yang baru.

Faktor-faktor yang sering dilibatkan dalam percobaan lokasi ganda secara garis besarnya dapat dibedakan menjadi dua yaitu genotif dan lokasi. Faktor lokasi sudah mencakup tempat (*site*), tahun, perlakuan agronomi (pemupukan, penyemprotan dan lainnya) atau kombinasinya. Secara umum, tiga sumber keragaman (lokasi, genotipa dan interaksi)

merupakan hal penting dalam bidang pertanian (Kempton, 1984; Freman, 1985).

Analisis statistik yang biasa diterapkan pada percobaan uji daya hasil adalah analisis ragam (ANOVA), dan analisis komponen utama (AKU). Analisis ini kurang memadai dalam menganalisis keefektifan struktur data yang kompleks (Gollob, 1968; Mandel, 1971; Bradu dan Grabiell, 1978; Kempton, 1984).

Analisis ragam merupakan suatu model aditif yang hanya menerangkan keefektifan pengaruh utama (Snedecor dan Cochran, 1980). Anova mampu menguji interaksi tetapi tidak mampu menentukan pola genotif 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 maka diperlukan pendekatan lain. Pendekatan tersebut dikenal dengan nama Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UIAG) atau AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*). Model ini merupakan gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikasi pada analisis komponen utama (Gauch dan Zobel 1990).

1. Merupakan topik lanjutan dari topik Analisis Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda yang dimuat pada majalah forum Statistika dan Komputasi Vol. 1 No. 2, Agustus 1996
2. Staf pengajar Fakultas Matematika dan IPA, Institut Pertanian Bogor.

TINJAUAN PUSTAKA

Beberapa landasan teori yang digunakan dalam penelitian ini meliputi analisis ragam (Anova) yang mendasari model UIAG.

Analisis Ragam

Analisis ragam merupakan proses aritmetika untuk membagi jumlah kuadrat total menjadi beberapa komponen yang berhubungan dengan sumber keragaman yang diketahui (Stell dan Torrie, 1993).

Pada percobaan lokasi ganda, rancangan perlakuan yang biasa digunakan adalah rancangan faktorial dua faktor, dengan faktor pertama adalah genotipe dan faktor kedua adalah lingkungan dan rancangan lingkungan acak kelompok lengkap. Model linear dari rancangan faktorial RAK adalah

$$Y_{grt} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{gr} + \theta_{rt} + \varepsilon_{grt}$$

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

Analisis ragam digunakan untuk menguji secara sistematis nyata atau tidaknya pengaruh genotipe dan pengaruh lingkungan serta pengaruh interaksinya.

Asumsi-asumsi yang mendasari analisis ragam adalah galat percobaan menyebar saling bebas mengikuti sebaran normal dengan ragam homogen ($\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$), serta pengaruh genotipe dan pengaruh lokasi bersifat aditif.

Model UIAG atau AMMI (Additive Main Effect Multiplicative interaction)

Analisis UIAG adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear ganda. Model UIAG ini dikembangkan oleh Zobel et al (1988).

Analisis ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi (Zobel et al, 1988 dan Crossa, 1990).

Pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi (γ_{gr}) pada analisis ini adalah sebagai berikut:

a) Langkah pertama menyusun pengaruh interaksi dalam bentuk matrik dimana genotipe (baris) x lokasi (kolom), sehingga matrik ini berorde $a \times b$.

$$\gamma = \begin{bmatrix} \gamma_{11} & \dots & \gamma_{1b} \\ \dots & \dots & \dots \\ \gamma_{a1} & \dots & \gamma_{ab} \end{bmatrix}$$

Langkah selanjutnya dilakukan penguraian bilinear terhadap matrik pengaruh interaksi

$$\begin{aligned} \gamma_{gr} &= \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \varphi_{gj} \rho_{rj} + \delta_{gr} \\ &= \sqrt{\lambda_1} \varphi_{g1} \rho_{r1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{g2} \rho_{r2} + \dots + \sqrt{\lambda_n} \varphi_{gn} \rho_{rn} + \delta_{gr} \end{aligned}$$

sehingga model UIAG secara lengkap dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} Y_{grt} &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \varphi_{gj} \rho_{rj} + \delta_{gr} + \varepsilon_{grt} \\ &= \mu + \alpha_g + \beta_e + \sqrt{\lambda_1} \varphi_{g1} \rho_{r1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{g2} \rho_{r2} + \dots + \sqrt{\lambda_n} \varphi_{gn} \rho_{rn} + \delta_{gr} + \varepsilon_{grt} \end{aligned}$$

keterangan: $g = 1, 2, \dots, a; e = 1, 2, \dots, b; n = 1, 2, \dots, m$

dengan $\sqrt{\lambda_n}$ nilai singular untuk komponen bilinear ke-n (λ_n adalah akar dari $Z'Z$) $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$, φ_{gn} pengaruh ganda genotif ke-g melalui komponen bilinear ke-n, ρ_{en} pengaruh ganda lokasi ke-e melalui komponen bilinear ke-n, dengan kendala:

$$(1). \sum_g \psi_{gn}^2 = \sum_e \rho_{en}^2 = 1, \text{ untuk } n=1, \dots, m;$$

$$(2). \sum_g \psi_{gn} \psi_{g'n} = \sum_e \rho_{en} \rho_{e'n} = 0; n \neq n';$$

δ_{gr} simpangan dari pemodelan bilinear (Crossa, 1990).

Pada pemodelan ini pengaruh aditif galur dan lingkungan serta jumlah kuadrat dan kuadrat tengahnya dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam, tetapi berdasarkan pada data rata-rata per galur x lokasi. Pengaruh ganda galur dan lingkungan pada interaksi diduga dengan penguraian nilai singular terhadap matriks dugaan pengaruh interaksi $Z = \{z_{ij}\}$ dengan $z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}$. Jumlah kuadrat untuk komponen ke-n adalah akar ciri ke-n pada pemodelan bilinear tersebut (λ_n), jika

analisis ragam dilakukan terhadap data rataan per galur x lingkungan. 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 (Gauch, 1988).

Derajat bebas untuk setiap komponen tersebut adalah $a+b-1-2n$ (Gauch, 1988). 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- n adalah $2n$. Sedangkan kendala yang dipertimbangkan adalah kenormalan dan keortogonalan.

Nilai Komponen AMMI

Secara umum nilai komponen ke- n untuk genotif ke- g adalah $l_n^k \psi_{gn}$ sedangkan nilai komponen untuk lokasi ke- e adalah $l_n^{1+k} \rho_{en}$. Dengan mendefinisikan L^k ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal yang elemen-elemen diagonalnya adalah elemen-elemen matriks L dipangkatkan k demikian juga dengan matriks L^{1+k} , dan $G=UL^1$ serta $H=AL^{1+k}$ maka penguraian nilai singular tersebut dapat ditulis:

$$Z = GH'$$

dengan demikian skor komponen untuk galur adalah kolom-kolom matriks G sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks H . Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah %.

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) 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. Metode ini diusulkan oleh Gollob (1968) dan pada masa berikutnya direkomendasikan oleh Gauch (1988).

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 *be*—*predictive success* ini dilakukan dengan α & ~ 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. Banyaknya komponen utama yang terbaik adalah yang rataan akar kuadrat tengah sisa ($RMSPD=Root Mean Square Predictive Different$) dari data validasi paling kecil.

Manfaat Analisis AMMI

Gauch (1988) mengemukakan tiga tujuan penggunaan analisis AMMI. Pertama analisis AMMI dapat digunakan sebagai analisis pendahuluan untuk mencari model yang lebih tepat. Jika tidak ada satupun komponen yang nyata maka pemodelan cukup dengan pengaruh aditif saja. Sebaliknya jika hanya pengaruh ganda saja yang nyata maka pemodelan sepenuhnya ganda, berarti analisis yang tepat adalah analisis komponen utama saja. Sedangkan jika semua komponen interaksi nyata berarti pengaruh interaksi benar-benar sangat kompleks, tidak memungkinkan dilakukannya pereduksian tanpa kehilangan informasi penting.

Kegunaan kedua dari analisis AMMI adalah untuk menjelaskan interaksi galur x lokasi. AMMI dengan biplotnya meringkas pola hubungan antargalur, antarlokasi, dan antara galur dan lokasi.

Kegunaan ketiga adalah meningkatkan keakuratan dugaan respon interaksi galur x lokasi. Hal ini terlaksana jika hanya sedikit komponen AMMI saja yang nyata dan tidak mencakup seluruh jumlah kuadrat interaksi. Dengan sedikitnya komponen yang nyata sama artinya dengan menyatakan bahwa jumlah kuadrat sisanya hanya galat (*noise*) saja. Dengan menghilangkan galat ini berarti lebih memperakurat dugaan respon per galur x lokasi.

Metode Procrustes

Dua figur dalam ruang dimensi r dan masing-masing mewakili n titik dikatakan kongruen jika keduanya dibedakan oleh suatu transformasi yang kekar (Lord dan Wilson dalam Goodall, 1991).

Dua figur, X dan X^* , dikatakan mempunyai bentuk yang sama jika keduanya dihubungkan oleh suatu transformasi kesamaan sehingga :

$$X^* = \beta X \Gamma + I_N \tau$$

dimana $|\Gamma| = 1$, $\tau(r \times 1)$ dan $\beta \geq 0$ adalah skalar. (τ , β , Γ) merupakan komponen translasi, skala dan rotasi transformasi kesamaan dari X ke X^* .

Dari definisi diatas dapat diketahui bahwa suatu konfigurasi titik tidak akan berubah bentuknya jika konfigurasi tersebut dirotasi, ditranslasi atau diubah skalanya.

Metode Procrustes Biasa (Ordinary Procrustes Method) bertujuan untuk membandingkan dua konfigurasi titik yang mewakili n unit pengamatan yang sama. Pada prinsipnya, untuk melihat kesamaan bentuk dan ukuran dari dua konfigurasi, salah satu konfigurasi dibuat tetap, sementara konfigurasi lainnya ditransformasi sehingga cocok dengan konfigurasi yang pertama (Digby, 1987).

Menurut Digby (1987) ada tiga tipe transformasi yang diperlukan : translasi, rotasi sumbu koordinat dan penskalaan yang dilakukan jika kedua konfigurasi mempunyai skala yang tidak sama.

Translasi adalah perpindahan paralel dari setiap titik pengamatan ke suatu titik asal yang baru. Secara aljabar, translasi ini dapat dinyatakan sebagai berikut :

$$X^* = XH$$

dengan H matriks translasi, X adalah matriks data dan X^* adalah matriks data setelah ditranslasi.

Rotasi adalah perputaran, titik ataupun sumbu koordinat. Pada metode Procrustes ini, rotasi yang diperbolehkan adalah rotasi sumbu koordinat. Pada dasarnya, rotasi ini adalah penggunaan suatu matriks ortogonal sebagai matriks transformasi. Matriks ortogonal adalah matriks yang :

1. Jumlah kuadrat masing-masing kolom (baris) sama dengan satu.

2. Produk skalar setiap pasang kolom (baris) sama dengan nol.

Jadi, jika suatu gugus pengamatan X ingin dirotasikan dengan suatu matriks rotasi Γ ,

$$X^* = X \Gamma$$

maka matriks Γ tersebut haruslah memenuhi kedua sifat tersebut di atas, atau secara aljabar linear dapat dituliskan sebagai :

$$\Gamma^T \Gamma = I \text{ dan } \Gamma \Gamma^T = I$$

Pada metode Procrustes, jenis perpindahan yang dipilih adalah perpindahan yang dapat meminimumkan jumlah kuadrat jarak antara titik-titik pada konfigurasi yang dipindahkan terhadap titik-titik yang sesuai pada konfigurasi yang dibuat tetap (Digby, 1987).

R^2 adalah salah satu ukuran yang digunakan untuk menggambarkan kesamaan bentuk kedua konfigurasi yang dibandingkan. Nilai ini menunjukkan berapa persen pengamatan pada kedua konfigurasi yang dapat dianggap sama. Jika R^2 bernilai 75 %, berarti sekitar 75 % objek pada kedua konfigurasi dapat dianggap sama. Jika nilai ini sama dengan 1 (100 %), berarti kedua konfigurasi mempunyai bentuk yang sama. Perbedaan yang terdapat sebelum teknik Procrustes diterapkan hanya disebabkan karena rotasi, translasi atau penskalaan.

BAHAN DAN METODE

Bahan

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data produksi soybean (*Glycine max (L.) Merr.*) (kg per hektar). Banyaknya gugus data yang dianalisis sebanyak 6 gugus yang terdiri dari gugus data asal dan 5 gugus data hasil simulasi komputer (Minitab 9.2) dimana parameter pembangkitnya diduga dari data asal. Data asal diambil dari Cornell University, Departement of Agronomy mimeos (Wright, et al.) dalam Zobel et al (1988). Struktur data yang dibangkitkan adalah faktorial 7×10 (7 genotif dan 10 kondisi lingkungan) dengan 4 ulangan.

Genotif soybean yang diambil dalam penelitian ini antara lain Evans (EVAN), Wilkin (WILK), Chippewa 64 (CHIP), Hodgson (HODG), Corsoy (CORS), SRF 200 (S200), dan Wells (WELL). Sedangkan lokasi-lokasi yang diambil adalah Chazy (C), Canton (N), Lockport(L), Geneseo (G), Romulus (R), Aurora (A), Ithaca (I),

Valatie (V) dan Riverhead (D). Koding angka dibelakang koding lokasi adalah tahun dilakukannya percobaan, misal A77 berarti percobaan dilakukan di lokasi Aurora pada tahun 1977.

Metode Analisis

Beberapa tahapan analisis yang dilakukan dalam penelitian ini meliputi analisis ragam dengan pendekatan ANOVA klasik, kemudian dilanjutkan dengan memodelkan pengaruh interaksi dengan metode UIAG. Selanjutnya untuk menilai kebaikan dari model UIAG didekati dengan menggunakan analisis procrustes terhadap nilai dugaan hasil terhadap data data aktual.

Semua tahapan analisis di atas diolah dengan menggunakan paket program SAS procedure IML (Interactive Matix Language).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Dari hasil analisis terhadap gugus data asal dan gugus data simulasi dapat dipilah menjadi beberapa tahapan hasil analisis sebagai berikut analisis ragam (ANOVA), analisis UIAG, dan perbandingan nilai dugaan produksi dengan model UIAG terhadap data asal.

0.0001. Hasil ini menunjukkan bahwa tingkat produksi kedelai sangat dipengaruhi oleh faktor genotif dan lokasi. Jika dilihat dari sumbangan keragaman yang diberikan oleh masing-masing pengaruh terlihat pengaruh lokasi merupakan penyumbang keragaman produksi terbesar, kemudian disusul oleh interaksi genotif dan lokasi sedangkan pengaruh genotif memberikan sumbangan keragaman terkecil. Dengan demikian tingkat produksi kedelai akan sangat bergantung pada kondisi lokasi dimana kedelai tersebut ditanam, juga ditentukan oleh jenis genotif apa yang ditanam.

Dari Tabel 1, menunjukkan bahwa interaksi antara jenis genotip dan lokasi tanam berpengaruh nyata terhadap produksi. Hasil tersebut berarti jenis genotip tertentu akan tumbuh baik pada lokasi tertentu tetapi tidak begitu halnya jika ditanam pada lokasi yang lain.

Analisis AMMI

Penguraian biliner terhadap matriks pengaruh interaksi dari data produksi kedelai diperoleh nilai singular sebagai berikut: 2917.88, 1166.70, 592.15, 430.41, 288.05, 102.35, dan 0.00. Dari nilai singular tersebut terlihat bahwa banyaknya komponen yang dapat dipertimbangkan untuk model UIAG adalah komponen ke-1 sampai

Tabel 1. Hasil analisis ragam model AMMI2 untuk produksi kedelai

Sumber keragaman	Db	Jumlah kuadrat	Kuadrat tengah	F-hitung	p
Genotif	6	7148631.30	1191438.60	11.76	0.0001
Lokasi	9	176355794.30	19595088.30	193.48	0.0001
Interaksi (G*L)	54	39753000.10	736166.70	7.27	0.0001
IAKU1	14	32757552.52	2339825.18	23.10	0.0000
IAKU2	12	4693986.57	391165.55	3.86	0.0001
Simpangan	28	2301461.01	82195.04	0.81	1.0000
Galat	210	21268266.20	101277.50		
Total Terkoreksi	279	244525692.00			

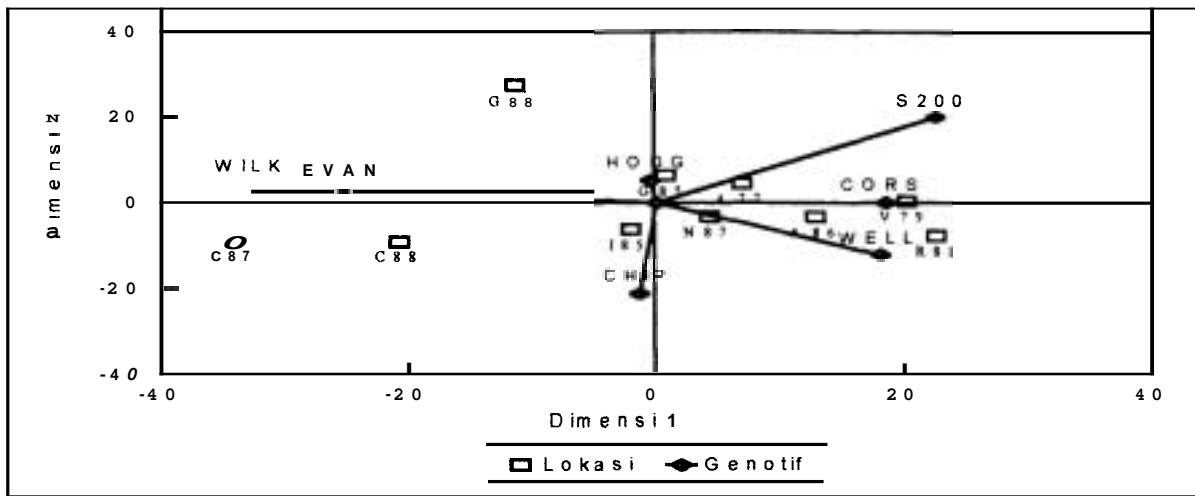
Analisis Ragam

Dari hasil analisis ragam terlihat bahwa seluruh pengaruh utama (genotip dan lokasi) dan pengaruh interaksi genotip dengan lokasi berpengaruh nyata pada nilai peluang nyata

komponen ke-6. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah 81.05%, 12.96%, 3.34%, 1.76%, 0.79%, 0.0997%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut terlihat bahwa dua komponen pertama memiliki peranan yang

dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

yang diperoleh berbeda-beda yaitu AMMI4 untuk data simulasi 1, AMMI3 untuk data simulasi 2,



Gambar 1. Biplot Pengaruh Interaksi Model AMMI2 untuk Data Produksi Kedelai (Kesuaian model: 94.01%)

Berdasarkan metode *postdictive success* diperoleh dua komponen yang nyata yaitu dengan nilai F sebesar 23.10 dan 3.86 serta nilai peluang nyata masing-masing sebesar 0.0000 dan 0.0001 sedangkan komponen lainnya tidak nyata. Hal ini berarti data produksi kedelai dapat diterangkan dengan menggunakan model AMMI2, dimana pengaruh interaksi direduksi dengan menggunakan dua komponen. Dengan demikian model AMMI2 mampu menerangkan keragaman pengaruh interaksi sebesar 94.01%, ini berarti keragaman

AMMI4 untuk data simulasi 3, AMMI3 untuk data simulasi 4 dan AMMI3 untuk data simulasi 5. Hasil tersebut berbeda dengan hasil yang diperoleh dengan menggunakan metode *predictive success*, dimana untuk data simulasi 1 model yang memiliki nilai KTS terkecil adalah model AMMI2, sedangkan untuk data simulasi 2 yang memiliki nilai KTS terkecil adalah model AMMI5.

Dari hasil tersebut menunjukkan bahwa kedua metode tidak menghasilkan model yang

Tabel 2. Hasil Analisis Procrustes untuk Menguji Kedekatan Nilai Dugaan Respon dengan Data Aktual

	DATA					
	Asal	Simulasi 1	Simulasi 2	Simulasi 3	Simulasi 4	Simulasi 5
JKFit	53568857.2	54761698.0	53938775.2	5669998.0	54095613.0	57120962.1
JKSisaan	458341.8	1512686.1	46321.8	35153.4	0.0	519355.9
JKTotal	54027199.0	56274384.1	53985097.0	56735151.4	54095613.0	57640318.0
R ² (%)	99.2	97.3	99.9	99.9	100.0	99.1

yang tidak diterangkan oleh model sebesar 5.99%.

Sedangkan metode *predictive success* juga memperkuat hasil *postdictive success*, dimana model AMMI2 memiliki nilai KTS terkecil yaitu sebesar 364.22. Dari kedua metode penentuan banyaknya komponen yang digunakan untuk model AMMI diperoleh model AMMI2 sebagai model terbaik. Tetapi untuk data simulasi dengan metode *postdictive success* diperoleh model UIAG

konsisten, dengan demikian perlu adanya pertimbangan lain dalam memilih model yang paling tepat. Dalam penelitian ini pemilihan model lebih ditekankan pada nyata tidaknya penambahan komponen dalam pembentukan struktur UIAG. Hal ini dilakukan dengan pertimbangan bahwa metode *postdictive success* sifatnya lebih baku sedangkan metode *predictive*

success sangat tergantung pada kondisi data yang akan diduga.

Terlepas dari kedua metode diatas maka pendekatan UIAG cukup baik dalam menguraikan keragaman pengaruh interaksi dan hasilnya konsisten untuk semua gugus data. Hal ini dapat dilihat dari besarnya kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh model UIAG yaitu untuk data produksi kedelai (AMMI2, 94.01%), data simulasi 1 (AMMI4, 96.78%), data simulasi 2 (AMMI3, 92.61%), data simulasi 3 (AMMI4, 97.88%), data simulasi 4 (AMMI3, 93.64%) dan data simulasi 5 (AMMI3, 95.57%).

Gambar 1, menunjukkan biplot antara komponen 1 dengan komponen 2 untuk data produksi kedelai. Dari biplot tersebut dapat genotip kedelai dapat dipilah menjadi dua kelompok yaitu genotip yang stabil dan genotip spesifik. Genotip-genotip yang dapat dikategorikan sebagai genotip yang stabil hanya HODG, sedangkan genotip-genotip spesifik antara WILK, EVAN, CHIP, S200, CORS dan WELL. Genotip WILK dan EVAN berinteraksi positif jika dibudidayakan pada lokasi C87, C88 dan G88 tetapi berinteraksi negatif pada lokasi V79, R81, dan A86. Kondisi tersebut berlaku sebaliknya untuk genotip S200, CORS dan WELL. Khusus untuk genotip CHIP berinteraksi positif dengan I85 dan N87 tetapi berinteraksi negatif dengan lokasi G88.

Kemampuan dalam Menduga Nilai Respon

Pada Tabel 2, terlihat bahwa model UIAG mampu menerangkan konfigurasi respon aktual berkisar 97.3-100 persen. Ini menunjukkan bahwa model UIAG sangat baik digunakan untuk menduga nilai respon.

KESIMPULAN

Dari keenam gugus data yang dicoba terlihat model UIAG cukup baik digunakan sebagai alat untuk mengeksplorasi model respon yang cocok untuk data tertentu.

Model UIAG mampu mendekomposisi keragaman pengaruh interaksi dengan baik tetapi model UIAG tidak khas untuk percobaan yang berulang. Disamping itu model UIAG mampu

memprediksi nilai respon dengan akurasi yang tinggi.

DAFTAR PUSTAKA

- Cox, T. F. and M. A. A. Cox. 1994. **Multidimensional Scaling First Edition.** Chapman & Hall. London.
- Crossa, J., P.N. Fox, W.H. Pfeiffer, S. Rajaram and H.G. Gauch Jr. 1991. **AMMI Adjustment for Statistical Analysis of an International Wheat Yield Trial.** *Theoretical and Applied Genetic* 81: 27-37.
- Digby, P.G.N. and R.A. Kempton. 1987. **Multivariate Analysis of Ecological Communities.** Chapman and Hall Ltd. New York.
- Gauch Jr., H.G. 1990. **Full and Reduced Models for Yield Trials.** *Theoretical and Applied Genetics*, 80: 153-160.
- Gauch Jr., H.G. 1992. **Statistical Analysis of Regional Yield.** Elsevier. Amsterdam.
- Kempton, R. A. 1984. **The Use of Biplots in interpreting variety by environment interactions.** *Journal of Agricultural Science*, 103:123-135.
- Nachit, M.M, G. Nachit, H. Ketata, H. G. Gauch Jr, and R.W. Zobel. 1992. **Use of AMMI and Linear Regression Models to Analyze Genotype-Environment Interaction in Durum Wheat.** *Theoretical and Applied Genetic*, 83 : 597-601.
- Steel, R.G.D. and J.H. Torrie. 1981. **Principle and Procedure of Statistics a Biometrical Approach**, second edition. McGraw-Hill Book Company. Singapore.
- Ten Berge, J. M. F. 1977. **Orthogonal Procrustes Rotation for Two or More Matrices.** *Psychometrika*, 42 : 267-276.
- Zobel, R.W., M. J. Wright, and H.G. Gauch Jr. 1988. **Statistical Analysis of a Yield Trial.** *Agronomy Journal*, 80 : 388-39