

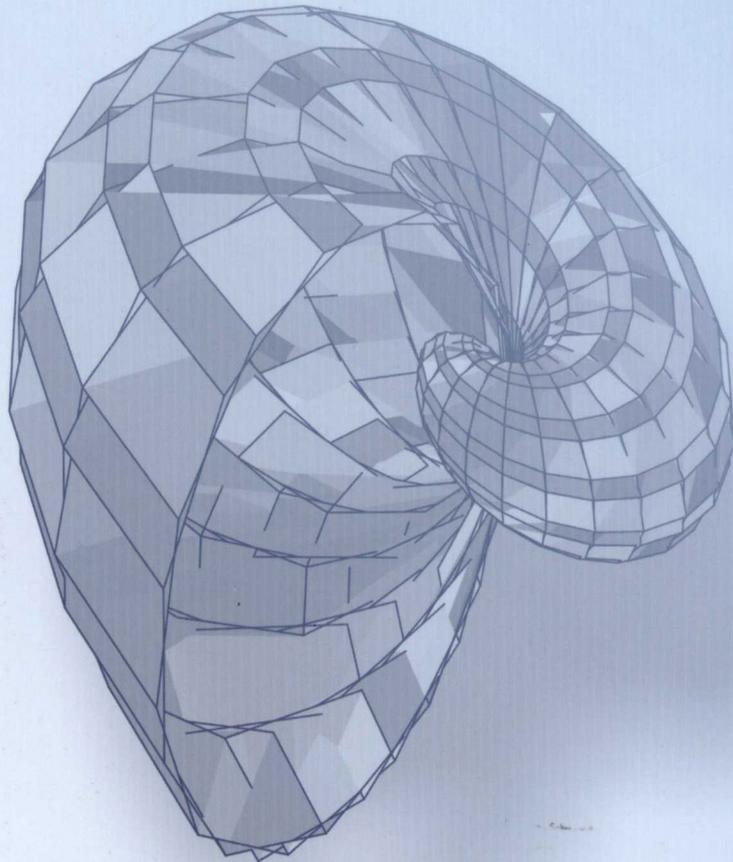
# PROSIDING



## Seminar Nasional MATEMATIKA

**VOL. 5 TH. 2010**

**ISSN 1907-3909**



**UNIVERSITAS KATOLIK PARAHYANGAN**  
PARAHYANGAN CATHOLIC UNIVERSITY  
**FAKULTAS TEKNOLOGI INFORMASI DAN SAINS**  
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY AND SCIENCE  
Jalan Ciembuleuit 94, Bandung 40141, Indonesia

# PENDUGAAN DAERAH KEPERCAYAAN DAN KESTABILAN GENOTIPE PADA MODEL AMMI MENGGUNAKAN METODE RESAMPLING BOOTSTRAP

Pepi Novianti<sup>1</sup>, Ahmad Ansori Mattjik<sup>2</sup> dan I Made Sumertajaya<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Mahasiswa Pascasarjana Program Studi Statistika Institut Pertanian Bogor  
e-mail: pie\_novianti@yahoo.com

<sup>2</sup> Staf Pengajar pada Departemen Statistika FMIPA Institut Pertanian Bogor  
e-mail: mattjik@ipb.ac.id

<sup>3</sup> Staf Pengajar pada Departemen Statistika FMIPA Institut Pertanian Bogor  
e-mail: imsjava@gmail.com

**Abstrak.** Analisis yang banyak digunakan untuk mengkaji interaksi antara genotipe dan lingkungan dalam pemuliaan tanaman adalah analisis *Additive Main Effects Multiplicative Interaction* (AMMI). Interpretasi hasil AMMI dilihat dari Biplot yang 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, sehingga interpretasi yang dihasilkan dapat berbeda bagi setiap peneliti. Penelitian ini bertujuan untuk membuat suatu metode secara inferensia untuk interpretasi hasil biplot AMMI dengan menggunakan metode resampling bootstrap. Metode resampling bootstrap pada AMMI menghasilkan suatu penduga selang kepercayaan skor komponen utama bagi masing-masing genotipe dan lingkungan. Selang kepercayaan  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  digunakan untuk menduga kestabilan suatu genotipe, sehingga penentuan suatu genotipe yang stabil akan lebih akurat.

**Kata kunci:** AMMI, interaksi genotipe dan lingkungan, resampling bootstrap, biplot

## 1. Pendahuluan

Analisis yang banyak digunakan untuk mengkaji interaksi antara genotipe dan lingkungan dalam pemuliaan tanaman adalah analisis *Additive Main Effects Multiplicative Interaction* (AMMI). Pada dasarnya analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama ganda dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi (Mattjik & Sumertajaya 2006). Struktur interaksi pada model AMMI diuraikan dari matriks sisaan komponen aditif dengan memanfaatkan sifat matematis penguraian nilai singular (SVD). 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.

Biplot AMMI merupakan alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari interaksi genotipe  $\times$  lingkungan (IGL) dalam model AMMI. Analisis ini bertujuan memvisualisasikan hubungan antara rata-rata, skor komponen utama interaksi pertama ( $KUI_1$ ) dan komponen utama interaksi kedua ( $KUI_2$ ) ke dalam grafik berdimensi dua. Grafik antara rata-rata dan  $KUI_1$  disebut biplot AMMI<sub>1</sub>, sedangkan grafik antar  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  disebut biplot AMMI<sub>2</sub>. Biplot AMMI hanyalah suatu analisis eksplorasi dan tidak menyediakan pengujian hipotesis. Skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  yang kecil menyatakan rendahnya keragaman respon pada suatu genotipe, sehingga genotipe tersebut dapat dikatakan stabil. Semakin besar keragaman suatu genotipe, maka semakin tidak stabil genotipe tersebut. Ukuran keragaman pada biplot AMMI<sub>2</sub> merupakan jarak relatif suatu genotipe terhadap titik pusat (0,0), sehingga dapat mengakibatkan perbedaan interpretasi dari gambar biplot.

Beberapa konsep kestabilan genotipe secara inferensia dalam pemuliaan tanaman telah diperkenalkan, diantaranya adalah pengujian subhipotesis oleh Yulianti (2009) dan Metode resampling bootstrap oleh Lavoranti *et al.* (2007). Pengujian subhipotesis digunakan untuk menguji sumbangan faktor genotipe pada pengaruh IGL, tetapi Pengujian subhipotesis AMMI dinilai kurang efisien dalam menentukan nilai statistik  $\Lambda$  (uji kemungkinan maksimum) dan sensitif terhadap hasil pengelompokkan. Metode resampling bootstrap digunakan untuk menduga daerah kepercayaan dan indeks kestabilan berdasarkan pada pengaruh interaksi, sehingga selang kepercayaan dan yang diperoleh tidak mempertimbangkan pengaruh aditif model. Selain itu, konsep resampling yang digunakan mempengaruhi struktur genotipe dan lingkungan pada saat menghasilkan skor komponen utama interaksi.

Skor komponen utama interaksi merupakan hasil analisis komponen utama matriks IGL yang merupakan matriks sisaan pengaruh aditifnya, sehingga akan lebih akurat jika pengaruh aditif juga dipertimbangkan untuk pendugaan daerah kepercayaan dan kestabilan suatu genotipe. Oleh karena itu akan digunakan metode resampling Bootstrap untuk menentukan daerah kepercayaan dan kestabilan pada model AMMI dengan melakukan proses resampling pada data respon.

## 2. Tinjauan Pustaka

### 2.1 Additive Main Effect Multiplication Interaction (AMMI)

Additive Main Effect Multiplicative Interaction (AMMI) adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear. Pada dasarnya AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama dengan pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi (Mattjik & Sumertajaya 2006).

Model aditif untuk  $a$  genotipe dan  $b$  lokasi pada model AMMI adalah:

$$Y_{ge} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{k=1}^m \sqrt{\lambda_k} \varphi_{gk} \rho_{ek} + \varepsilon_{ge}$$

dimana  $Y_{ge}$  adalah respon untuk genotipe ke- $g$  pada lokasi ke- $e$ ,  $g = 1, 2, \dots, a$ ,  $e = 1, 2, \dots, b$ ,  $\mu$  adalah rata-rata umum,  $\alpha_g$  adalah pengaruh genotip ke- $g$ ,  $\beta_e$  adalah pengaruh lokasi ke- $e$ , dan  $\varepsilon_{ge}$  adalah galat acak. Syarat untuk sifat multiplikatif interaksi harus memenuhi kendala  $\lambda_1 > \dots > \lambda_m > 0$ ,  $\sum_{k=1}^m \varphi_{gk} = \sum_{k=1}^m \rho_{ek} = 1$  dan  $\sum_{g=1}^a \varphi_{gk} \varphi_{gk'} = \sum_{e=1}^b \rho_{ek} \rho_{ek'} = 0$ ,  $k \neq k'$  (Cornelius 1993).

Pengaruh komponen aditif dianalisis menggunakan analisis ragam untuk rancangan percobaan faktorial dengan dua faktor. Apabila interaksi antara GE berpengaruh nyata, maka dikatakan bahwa genotipe dan lingkungan berinteraksi. Interaksi antara genotipe dan lingkungan dapat diketahui dengan menggunakan penguraian nilai singular untuk matriks interaksi  $Z$ .

$$Z = \begin{pmatrix} Y_{11} & \dots & Y_{1b} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ Y_{a1} & \dots & Y_{ab} \end{pmatrix}$$

pengaruh interaksi genotipe ke- $g$  pada lokasi ke- $e$  diduga dengan

$$Y_{ge} = \bar{y}_{ge} - \bar{y}_{g.} - \bar{y}_{.e} + \bar{y}_{..}$$

Penguraian matriks  $Z$  dilakukan dengan teknik *SVD* dan menggunakan konsep analisis komponen utama (AKU), sehingga analisis model AMMI dapat disajikan dalam grafik

berdimensi dua atau disebut dengan biplot AMMI. Penguraian nilai singular untuk matriks pengaruh interaksi  $Z$  adalah memodelkan matriks tersebut sebagai berikut:

$$Z = ULA'$$

dimana  $Z$  adalah matriks interaksi,  $L$  adalah matriks diagonal nilai singular dari  $Z'Z$ ,  $L = D(\sqrt{\lambda_n})_{m \times m}$ , selanjutnya disebut nilai singular.  $A$  dan  $U$  adalah matriks ortonormal  $A'A = U'U = I_r$ .  $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}'$  adalah vector ciri  $Z'Z$  sedangkan  $U$  diperoleh dari

$$U = ZAL^{-1} = \left( \frac{Za_1}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{Za_2}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{Za_n}{\sqrt{\lambda_n}} \right)$$

Dengan mendefinisikan  $L = L^\alpha L^{1-\alpha}$  dan  $\alpha = 1/2$  diperoleh

$$G = UL^\alpha = \begin{pmatrix} \varphi_{11} & \dots & \varphi_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \varphi_{a1} & \dots & \varphi_{an} \end{pmatrix}$$

$$H = AL^{1-\alpha} = \begin{pmatrix} \rho_{11} & \dots & \rho_{b1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \rho_{1n} & \dots & \rho_{bn} \end{pmatrix}$$

maka penguraian nilai singular tersebut dapat ditulis:

$$Z = GH'$$

dimana kolom-kolom matriks  $G$  adalah skor komponen untuk genotipe sedangkan kolom-kolom matriks  $H$  adalah skor komponen untuk lingkungan, sehingga interaksi antara GE dapat dinyatakan sebagai:

$$Y_{ge} = \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \varphi_{gj} \rho_{ej} + \delta_{ge}$$

dimana  $\sqrt{\lambda_n}$  nilai singular untuk komponen bilinear ke- $n$  ( $\lambda_n$  adalah akar ciri  $Z'Z$ ),  $\lambda_1 \geq \dots \geq \lambda_n$ ;  $\varphi_{gn}$  adalah pengaruh ganda genotipe ke- $g$  melalui komponen bilinear ke- $n$ ;  $\rho_{en}$  adalah pengaruh ganda lingkungan ke- $e$  melalui komponen bilinear ke- $n$ .

Alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari model AMMI adalah biplot. Pada dasarnya metode ini adalah upaya untuk memberikan visual grafik dari suatu matriks dalam suatu plot dengan menumpangtindihkan vektor-vektor dalam ruang berdimensi dua. Vektor-vektor yang dimaksud yaitu vektor yang mewakili nilai skor komponen genotipe dan lingkungan. Biplot pada analisis AMMI biasanya berupa biplot pada nilai komponen utama pertama ( $KU1_1$ ) dengan rata-rata respon (Biplot  $AMMI_1$ ) dan biplot antara komponen utama kedua dan nilai komponen utama pertama (Biplot  $AMMI_2$ ) bisa ditambahkan jika komponen utama kedua ini signifikan (Hadi 2006).

Kestabilan genotipe tanaman dapat diklasifikasikan menjadi genotipe stabil dan genotipe spesifik lingkungan. Genotipe stabil adalah genotipe yang memiliki daya adaptasi tinggi terhadap kondisi lingkungan dengan kata lain genotipe stabil adalah genotipe yang memiliki peringkat sama pada berbagai kondisi lingkungan. Sedangkan genotipe spesifik lingkungan adalah genotipe yang hanya memberikan respon baik terhadap kondisi lingkungan tertentu (Sumertajaya 2005).

## 2.2 Resampling Bootstrap

Bootstrap merupakan bagian dari metode yang melakukan penarikan contoh berulang dari himpunan data asli sehingga disebut prosedur resampling. Ide pokok resampling bootstrap sederhana, namun dilakukan berulang-ulang sehingga rumit dalam hal perhitungan. Saat ini penerapan metode bootstrap banyak digunakan diberbagai disiplin ilmu dikarenakan semakin berkembangnya teknologi komputer (Chernick 2003).

Definisi formal untuk resampling bootstrap diilustrasikan sebagai berikut: Misalkan suatu vektor acak berdistribusi identik dan saling bebas (IID) dengan  $n$  sampel  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$  dan penduga parameternya adalah  $\hat{\theta} = s(x)$ , prosedur untuk menduga ketepatan dari  $\hat{\theta}$  diperoleh dari fungsi sebaran empiris  $\hat{F}$ . Secara empiris sebaran ini menyatakan peluang untuk masing-masing pengamatan dari vektor acak  $X_i$  adalah  $1/n$ , untuk  $i = 1, 2, \dots, n$ . Contoh bootstrap merupakan pengambilan contoh acak sebanyak  $n$  kali dari  $\hat{F}$ , yaitu  $X^* = (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$ ,

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

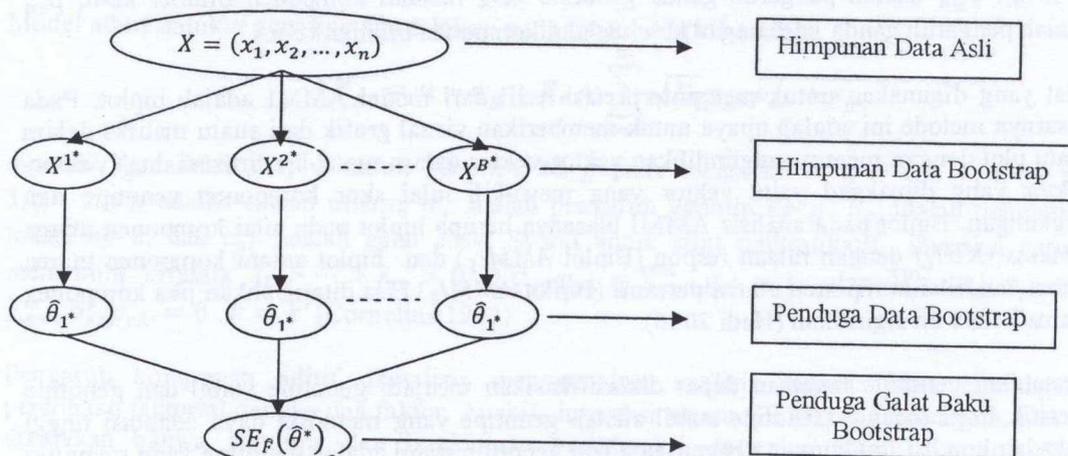
$X^*$  bukan suatu data asli, tetapi menyatakan data hasil resampling dari  $X$ .

Satu set 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-ran contoh  $\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$ , maka  $s(x^*)$  adalah rata-ran contoh 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 1993).

Langkah pendugaan bootstrap dimulai dengan menarik beberapa contoh bootstrap yang saling bebas, menghitung penduga dari ulangan bootstrap dan menduga galat baku dari  $\hat{\theta}$  menggunakan galat baku empiris dari ulangan bootstrap. Ilustrasi dari pendugaan galat baku bootstrap disajikan pada Gambar 1.



Gambar 1 Langkah pendugaan galat baku bootstrap  $se_F(\hat{\theta}^*)$

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

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

dimana

$$\hat{\theta}^*(\cdot) = \frac{\sum_{b=1}^B \hat{\theta}^*(b)}{B}$$

Limit dari  $\widehat{se}_B$  dimana  $B$  menuju tak hingga disebut penduga bootstrap ideal dari  $se_F(\hat{\theta})$ ,

$$\lim_{B \rightarrow \infty} \widehat{se}_B = se_F = se_F(\hat{\theta}^*)$$

Penduga bootstrap ideal  $se_F(\hat{\theta}^*)$  dengan pendekatannya dari  $\widehat{se}_B$  biasa juga disebut penduga bootstrap nonparametrik.

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

$$\hat{\theta} \pm z^{(\alpha)} \widehat{se} \quad (1)$$

dimana  $z^{(\alpha)}$  merupakan sebaran normal baku dengan peluang  $(100 - \alpha)\%$ . persamaan (1) 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 contoh 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.

### 3. Hasil dan Pembahasan

Penelitian menggunakan data sekunder yang diperoleh dari hasil penelitian Konsorsium Padi Nasional tahun 2008, yaitu penelitian interaksi antara genotipe dengan lingkungan pada galur harapan padi sawah. Respon yang diukur adalah hasil produksi padi (Ton/Ha) pada 2 set data. Setiap set data terdiri dari 14 galur padi yang ditanam di 20 lingkungan. Adapun desain rancangan yang digunakan dalam penelitian tersebut adalah Rancangan Acak Kelompok Lengkap dengan 3 ulangan. Kode galur padi dan lingkungan untuk data set 1 disajikan pada tabel berikut:

Tabel 1 Kode galur harapan padi sawah

Kode	Genotipe	Kode	Genotipe
G1	IPB-3(IPB102-F-2-1)	G8	IPB-6(IPB107-F-8-3)
G2	BIO-8-AC-BLB/BLASS-05	G9	BP3300-2C-2-3
G3	B10531E-KN-14-3-0-L-R-B376-1	G10	OBS 1739/PSJ
G4	OBS 1735/PSJ	G11	B10531E-KN-14-1-0-L-R-B375-12
G5	BP11252-2-PN-12-2-2-1	G12	CIHERANG
G6	BIO-8-AC-BLB-05	G13	INPARI-1
G7	OBS 1740/PSJ	G14	CIMELATI

Tabel 2 Kode lokasi tanam

Kode	Lingkungan	Kode	Lingkungan
L1	Banteang1	L11	Tabanan2
L2	Narmada1	L12	Ngawi2
L3	Bantull	L13	Narmada2
L4	Purworejo1	L14	Pesawaran2
L5	Tabanan1	L15	Probolinggo2
L6	Ngawi1	L16	Purworejo2
L7	Pusakanagara1	L17	Pusakanagara2

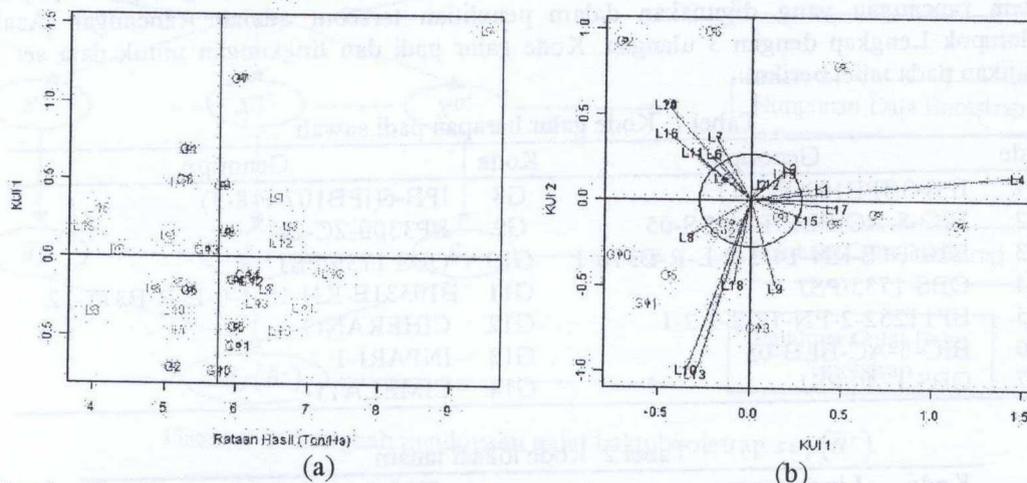
L8	Pasar miring1	L18	Rangkasbitung2
L9	Asahan1	L19	Takalar2
L10	Bantul2	L20	Taman Bogo2

### Kestabilan Genotipe pada Model AMMI

Interaksi genotipe  $\times$  lingkungan merupakan keragaman yang disebabkan oleh efek gabungan dari genotipe dan lingkungan (Dickerson 1962 dalam Kang 2002). Interaksi genotipe  $\times$  lingkungan berakibat adanya perbedaan rata-rata hasil panen tanaman padi dari genotipe yang ditanam pada lingkungan yang berbeda. Interaksi genotipe  $\times$  lingkungan berhubungan dengan daya adaptasi dan kestabilan dari suatu genotipe. Genotipe yang berinteraksi dengan lingkungan kurang memiliki daya adaptasi terhadap lingkungan dan dikatakan cenderung tidak stabil, sedangkan genotipe yang tidak berinteraksi dengan lingkungan memiliki daya adaptasi yang tinggi dan dikatakan cenderung stabil. Interaksi genotipe  $\times$  lingkungan dapat diuraikan menjadi komponen utama interaksi dan kestabilan genotipe dapat dilihat dari nilai keragaman komponen utamanya.

Nilai singular dari matriks inetraksi menyatakan bahwa banyaknya komponen yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah komponen ke-1 sampai komponen ke-13, namun hanya 7 komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata terhadap model. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh sembilan komponen adalah 23.11%, 21.34%, 17.50%, 9.92%, 7.48%, 6.04% dan 4.32%.

Biplot antara  $KUI_1$  dengan rata-rata hasil sebagai biplot  $AMMI_1$  merupakan tampilan grafis yang meringkas informasi pengaruh utama genotipe dan lingkungan yaitu pada sumbu rataaan dan pengaruh interaksi genotipe dengan lingkungan pada sumbu  $KUI_1$ . Genotipe yang letaknya satu titik pada sumbu datar berarti mempunyai pengaruh utama yang sama dan jika terletak pada satu titik pada sumbu utama tegak berarti mempunyai pengaruh interaksi yang sama (Sumertajaya 2005).



Gambar 2 Biplot  $AMMI_1$  (plot  $KUI_1$  terhadap rata-rata hasil padi) (a) dan Biplot  $AMMI_2$  (Plot  $KUI_1$  terhadap  $KUI_2$ ) (b).

Biplot  $AMMI_1$  ditunjukkan pada Gambar 2(a). Biplot  $AMMI_1$  memperlihatkan bahwa G2 memiliki rata-rata hasil padi yang paling rendah dan G12 memiliki rata-rata hasil yang paling tinggi. G1, G6 dan G8 mempunyai rata-rata hasil panen yang sama, namun mempunyai interaksi berbeda pada L9. G4, G12 dan G14 mempunyai rata-rata hasil padi dan keragaman  $KUI_1$  yang sama.

Gambar 2 (b) merupakan biplot  $AMMI_2$  dengan daerah kestabilan ellipsnya. Hasil plot ini dapat menggambarkan keragaman interkasi sebesar 44.45%, masing-masing 23.11% untuk  $KUI_1$  dan 21.34% untuk  $KUI_2$ . Berdasarkan selang kepercayaan komponen utama interaksinya, genotipe yang dikategorikan stabil adalah G3, G4, G12 dan G14. Genotipe yang paling tidak stabil adalah G2 dan G7 dengan keragaman yang paling besar. G6, G8, G13, G11 dan G10 memiliki keragaman yang relatif besar, sehingga dapat dikategorikan bahwa genotipe tersebut tidak stabil. Lingkungan yang memiliki keragaman paling besar adalah L4, L10 dan L13.

### Kestabilan Genotipe Model AMMI dengan Metode Resampling Bootstrap

Biplot antara  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  yang digunakan untuk melihat kestabilan genotipe pada model AMMI hanya berupa suatu titik dari setiap genotipe yang menyatakan keragaman dari genotipe tersebut. Pengklasifikasian genotipe stabil yang berdasarkan satu titik dapat menimbulkan keragu-raguan bagi peneliti. Oleh karena itu dapat dilakukan pendekatan metode resampling bootstrap untuk meningkatkan keyakinan dalam menentukan kestabilan suatu genotipe. Metode resampling bootstrap digunakan untuk menentukan daerah kepercayaan skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  pada biplot.

Untuk memperoleh galat baku dari skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  dilakukan simulasi data hasil ulangan untuk memperoleh matriks interaksi. Resampling bootstrap dilakukan pada data asli, yaitu dengan cara mengambil 3 data baru dari 3 data ulangan dengan pemulihan untuk setiap genotipe di setiap lingkungan. Untuk setiap genotipe di setiap lingkungan terdapat  $3^3 = 27$  kombinasi data yang mungkin terjadi. Dari 14 genotipe di 20 lingkungan dengan 3 kali ulangan diperoleh  $27^{14 \times 20}$  kombinasi data yang mungkin terjadi.

Resampling bootstrap dilakukan dengan iterasi sebanyak 1000 kali. Di setiap iterasi diperoleh skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  dari kombinasi data baru yang terbentuk. Setiap titik skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  pada suatu genotipe dihitung jarak relatif  $r_g^*$  terhadap titik pusat (0,0), sehingga setiap genotipe memiliki galat baku  $\widehat{se}_{r_g^*}$  yang berbeda sesuai dengan  $r_g^*$ .  $r_g^*$  dan  $\widehat{se}_{r_g^*}$  masing-masing diperoleh dengan rumus berikut

$$r_{gi}^* = \sqrt{(KUI_{1i}^*)^2 + (KUI_{2i}^*)^2}, g = 1, 2, \dots, a; i = 1, 2, \dots, B^*$$

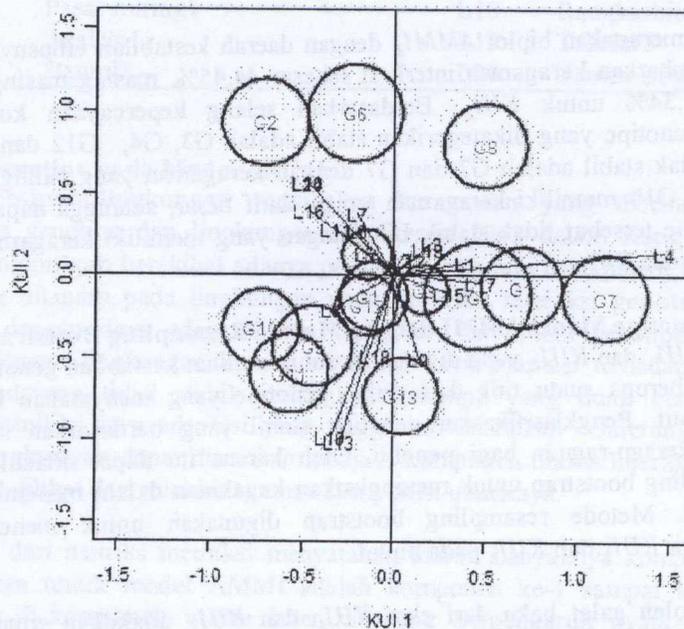
dan

$$\widehat{se}_{r_g^*} = \left\{ \frac{\sum_{i=1}^B [r_{gi}^* - \bar{r}_g^*]^2}{B-1} \right\}^{1/2} \quad (2)$$

dimana

$$\bar{r}_g^* = \frac{\sum_{i=1}^B r_{gi}^*}{B}$$

Galat baku dari setiap genotipe yang diperoleh pada pers.2 digunakan untuk membuat daerah kepercayaan skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$ . Daerah kepercayaan skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  dibuat dalam bentuk lingkaran dengan galat baku  $\widehat{se}_{r_g^*}$  sebagai jari-jari serta skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  menjadi titik pusatnya. Daerah kepercayaan skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  setiap genotipe digambar pada biplot  $AMMI_2$  seperti yang terlihat pada gambar 3.



Gambar 3 Daerah kepercayaan skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  menggunakan resampling bootstrap.

Gambar 3 merupakan hasil metode resampling bootstrap yang dapat dibedakan berdasarkan posisi dan luas lingkarannya. Berdasarkan posisinya, lingkaran suatu genotipe yang di dalamnya terdapat titik pusat (0,0) dikatakan sebagai genotipe stabil, sedangkan genotipe yang di dalam daerah lingkarannya terdapat titik skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  suatu lingkungan tertentu dikatakan sebagai genotipe yang spesifik lingkungan. Berdasarkan luas daerah lingkarannya, suatu genotipe dikatakan semakin stabil apabila luas daerah lingkarannya semakin kecil.

Lingkaran dari suatu genotipe yang semakin mendekati dengan titik pusat (0,0) menunjukkan bahwa genotipe tersebut mempunyai galat baku skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  yang relative tidak besar. Jarak  $r_g^*$  setiap titik skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  untuk genotipe stabil mendekati nilai 0 dan dapat dikatakan bahwa genotipe tersebut dapat beradaptasi dengan baik di setiap lingkungan apapun. Genotipe spesifik lingkungan juga akan mempunyai jarak  $r_g^*$  dengan titik pusat ( $KUI_{1j}^*$ ,  $KUI_{2j}^*$ ) mendekati nilai 0 dan dikatakan genotipe tersebut dapat beradaptasi dengan baik di lingkungan tersebut saja.

Luas lingkaran yang besar diakibatkan oleh galat baku  $\widehat{se}_{r_g^*}$  yang besar. Besarnya nilai galat baku  $\widehat{se}_{r_g^*}$  sebagai jari-jari lingkaran daerah kepercayaan mengindikasikan bahwa simpangan baku skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  hasil resampling bootstrap semakin beragam. Simpangan baku data asli yang besar akan menghasilkan galat baku  $\widehat{se}_{r_g^*}$  data contoh bootstrap yang besar pula.

Pada gambar 3 genotipe yang di dalam lingkarannya terdapat titik pusat (0,0) adalah G4 dan G14 sehingga kedua genotype ini dikatakan genotipe yang stabil. Berdasarkan luas daerah kepercayaan, G4 mempunyai daerah yang lebih kecil daripada G14. Hal ini berarti ragam dari skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  G4 lebih kecil dibandingkan ragam G14, sehingga G4 dapat dikatakan lebih stabil. Pada penelitian ini tidak terdapat genotipe yang spesifik lingkungan, namun ada beberapa genotipe yang berada di sekitar skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$  lingkungan

tertentu. G5, G10 dan G11 relatif lebih dekat dengan L8. G13 relatif lebih cocok jika di tanam di lingkungan L9 dan L18, sedangkan G2 dan G6 lebih cocok ditanam di L20. Pada L4 genotipe yang lebih cocok ditanam adalah G1 dan G7. Genotipe yang tidak stabil berdasarkan luas daerah kepercayaan skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  adalah G6, G7 dan G9, dimana genotipe ini berada di peringkat genotipe dengan luas daerah tiga terbesar utama.

#### 4. Kesimpulan

Daerah kepercayaan rata-rata skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  untuk metode resampling bootstrap dipengaruhi dan sangat sensitif terhadap posisi titik skor  $KUI_1$  dan  $KUI_2$ , sehingga jarak posisi skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  akan lebih baik digunakan untuk menentukan kestabilan genotipe dibandingkan dengan menggunakan daerah kepercayaan skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$ . Menggunakan metode resampling bootstrap dapat diperoleh daerah kepercayaan skor  $KUI_1^*$  dan  $KUI_2^*$  setiap genotipe. Analisis AMMI menggunakan resampling bootstrap cocok untuk mendeteksi kestabilan pada percobaan multilokasi apabila ragam genotipe pada biplot kecil. Hasil kestabilan analisis AMMI menggunakan resampling bootstrap pada penelitian ini adalah G4 (OBS 1735/PSJ) dan G14 (CIMELATI).

#### Ucapan Terima Kasih

Terima kasih disampaikan kepada Direktorat Pendidikan Tinggi yang mendanai Hibah Penelitian Pascasarjana "Pengembangan Model Aditif untuk Seleksi Daya Adaptasi Tanaman" No.1/13.24.4/SPK/PD/2010.

#### Daftar Pustaka

- [1] Chernick MR. (2008). *Bootstrap Methods: a Guide for Practitioners and Researchers*, 2<sup>nd</sup> ed. John Wiley & Son, Inc, New Jersey
- [2] Cornelius PL. (1993). Statistical test and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. *Crop sci.* 33:1186-1193.
- [3] Efron B, Tibshirani R. (1993). *An Introduction to the Bootstrap*. Chapman & Hall, New York.
- [4] Hadi AF. (2006). Model AMMI terampat untuk data berdistribusi bukan normal [Tesis]. Sekolah Pasca Sarjana, Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- [5] Kang MS. (2002). Genotype-Environment Interaction: Progress and Prospects. Di dalam : Kang MS, Editor. *Quantitative Genetics, Genomic and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. Hlm .221-243.
- [6] Lavoranti OJ, et.al. (2007). Phenotypic 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), [5 februari 2010].
- [7] Mattjik AA, Sumertajaya IM. (2006). *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab Jilid I, Edisi 2*. IPB Press, Bogor.
- [8] Sumertajaya IM. (2005). kajian pengaruh inter blok dan interaksi pada uji lokasi ganda dan respon ganda [disertasi]. Bogor: Sekolah Pasca Sarjana, Institut Pertanian Bogor.
- [9] Yuliyanti R. (2009). Identifikasi genotipe yang memberikan kontribusi terhadap interaksi genotipe x lingkungan pada model ammi [Tesis]. Bogor: Sekolah Pasca Sarjana, Institut Pertanian Bogor.