Forum Statistika dan Komputasi, April 1998, p:27-33
ISSN 0853 - 8115
Vol. 3, No. 1

PENDEKATAN MODEL REGRESI LINIER UNTUK MENERANGKAN PENGARUH INTERAKSI PADA PERCOBAAN LOKASIGANDA[1]

I Made Sumertajaya[2]; Aunuddin[2]; H. A Ansori Mattjik[2]; Bunawan Sunarlim[2]

RINGKASAN

Untuk mendukung kemajuan dalam bidang pertanian terutama bidang pemulian tanaman dan genetika perlu dikembangkan suatu analisis statistika yang handal. Kehandalan suatu analisis akan mampu memberikan kesimpulan yang akurat dalam memilih genotip-genotip yang berdaya hasil tinggi dan mampu beradaptasi dengan kondisi lingkungan. Dalam tulisan ini akan dikaji penerapan model regresi untuk menerangkan pengaruh interaksi genotip dengan lingkungan pada percobaan lokasiganda.

PENDAHULUAN

Perkembangan dalam bidang genetika dan pemuliaan tanaman perlu didukung oleh perkembangan analisis statistika yang handal. Percobaan lokasiganda (*multilocation*) memainkan peranan penting dalam pengembangbiakan tanaman (*plant breeding*) dan penelitian-penelitian agronomi. Faktor-faktor yang sering dilibatkan dalam percobaan lokasiganda 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.

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 (Bradu dan Gabriel, 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. Beberapa pendekatan yang sedang dikembangkan antara lain pendekatan yang dikemukan oleh Yates dan Cochran (1938), Finlay dan Wilkinson (1963) serta Eberhart dan Rusell (1966) dalam Singh (1979) yaitu dengan pendekatan model regresi linear untuk menerangkan pengaruh interaksi yang digabungkan dengan komponen aditif pengaruh utama. Pendekatan yang lain yaitu metode yang dikenal dengan nama 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).

TINJAUAN PUSTAKA

Analisis Ragam

Analisis ragam merupakan proses aritmetika untuk membagi jumlah kuadrat total menjadi beberapa komponen ragam (Steel dan Torrie, 1981).

Model linear dari rancangan faktorial RAK tersarang untuk percobaan lokasiganda adalah:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{ge} + \theta_{r|e} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g = 1,2,...,a; e=1,2,...,b; r=1,2,...,n

1. Sebagian dari thesis penulis pertama
2. Staf pengajar Fakultas Matematika dan IPA , Institut Pertanian Bogor

Asumsi-asumsi yang mendasari analisis ragam adalah:

* $\varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$
* Pengaruh lingkungan dengan perlakuan bersifat aditif
* Ragam di dalam perlakuan homogen

Model Regresi Linier dari Pengaruh Interaksi

Model regresi linier yang dimaksudkan disini adalah model yang digunakan untuk menerangkan struktur interaksi dari kedua faktor.

Pendekatan ini dipopulerkan oleh Finlay dan Wilkinson pada tahun 1963. Struktur model yang digunakan oleh Finlay dan Wilkinson (Gauch, 1992) adalah sebagai berikut:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \xi_g \beta_e + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g = 1,2,...,a; e=1,2,...,b; r=1,2,...,n

Semua garis regresi genotife akan berpotongan pada titik (0,0). Genotife yang responsif terhadap pengaruh lokasi akan memiliki koefesien regresi tidak sama dengan nol (+/-) sedangkan genotife yang relatif stabil pada semua lokasi memiliki koefesien regresi sama dengan nol.

Selanjutnya model tersebut dimodifikasi oleh Fox dan Rathjen pada tahun 1981 serta Brown *et al* pada tahun 1983 dimana perhatian lebih ditekankan pada lokasi daripada genotife. Sehingga struktur model yang dikembangkan adalah sebagai berikut (Gauch, 1992):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \phi_e \alpha_g + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g = 1,2,...,a; e=1,2,...,b; r=1,2,...,n

Kemudian Tukey pada tahun 1963 dan Wright pada tahun 1971 menggunakan pendekatan regresi bersama (joint regression) antara regresi genotife dan regresi lokasi. Modelnya dapat dituliskan sebagai berikut (Gauch, 1992):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + k\alpha_g \beta_e + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g = 1,2,...,a; e=1,2,...,b; r=1,2,...,n sedangkan k merupakan koefesien regresi dari lokasi ke-g terhadap pengaruh genotife.

Pendekatan yang lebih agresif untuk menerangkan struktur dari pengaruh interaksi adalah memasukkan komponen regresi genotife, lokasi dan regresi bersama. Model regresi ini dapat dituliskan sebagai berikut (Gauch, 1992):

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \xi_g \beta_e + \phi_e \alpha_g + k\alpha_g \beta_e + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

Model ini memiliki derajat bebas a-2 untuk regresi genotife, b-2 untuk regresi lokasi dan 1 untuk regresi bersama serta (a-2)(b-2) untuk sisa pengaruh interaksi.

Metode Procrustes

Dua figur dalam ruang dimensi r dan masing-masing mewakili n titik dikatakan kongruen jika keduanya dibedakan oleh suatu transformasi yang kekar (Cox and Cox, 1994)

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

$$X^* = \beta X \Gamma + \mathbf{1}_N \tau'$$

dimana $|\Gamma| = 1$, $\tau(r\times1)$ dan $\beta > 0$ 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.

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 matrik 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.

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 : $\Gamma'\Gamma = I$ dan $\Gamma\Gamma' = I$.

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).

SUMBER DATA DAN METODE ANALISIS

Sumber Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data produksi kedelai (*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 7x10 (7 genotif dan 10 kondisi lingkungan) dengan 4 ulangan.

Genotif kedelai 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 tahum 1977.

Metode Analisis

Pada tahap **pertama**, data dianalisis dengan analisis ragam klasik untuk memperoleh gambaran tentang pengaruh utama genotif dan lingkungan. Model linier aditif untuk data rancangan yang dibangkitkan adalah faktorial RAL yaitu:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \gamma_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g=1,2, ..., 7; e=1,2, ..., 10
dan r=1,2, ...,4

Pada tahap **kedua** dilanjutkan dengan analisis regresi linier gabungan dari model regresi genotif, regresi lokasi dan regresi bersama terhadap pengaruh interaksi. Model dari regresi linier gabungan ini adalah sebagai berikut:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \xi_g \beta_e + \phi_e \alpha_g + k\, \alpha_g \beta_e + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger}$$

keterangan: g=1,2, ..., 7; e=1,2, ..., 10
dan r=1,2, ...,4

Model ini diduga dengan menggunakan paket program SAS (Statistical Analysis System) procedure GLM (Generalized Linear Model). Kebaikan dari pendekatan regresi linier ini dinilai dari kemampuan model dalam menerangkan pengaruh interaksi. Semakin besar nilai effisiensinya berarti metode ini semakin baik dalam menerangkan pengaruh interaksi.

Selanjutnya pada tahap **akhir** untuk mengevaluasi keakuratan hasil dugaan diukur dengan menggunakan metode procrustes (SAS, procedure IML).

HASIL DAN PEMBAHASAN

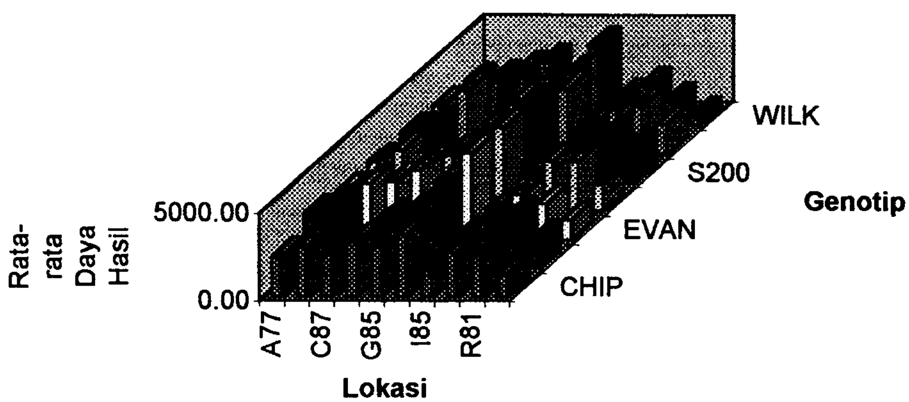
Analisis Ragam

Dari hasil analisis ragam terlihat bahwa seluruh pengaruh utama (genotip dan lokasi) dan pengaruh interaksi genotip dengan lokasi berpengaruh nyata pada nilai peluang nyata 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. Hal ini juga terlihat dari respon lokasi yang sangat berfluktuasi yaitu berkisar antara 1400.36 sampai 4310.89 kg per hektar, sedangkan respon genotif terlihat relatif seragam dengan variasi yang cukup kecil yaitu berkisar antara 2525.43 sampai 2903.05 kg per hektar.

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

Tabel 1 . Hasil analisis ragam untuk data produksi kedelai

Sumber Keragaman	Db	Jumlah kuadrat	Kuadrat tengah	F-hitung	p
Genotif	6	7148631.30	1191438.60	11.76	0.0000
Lokasi	9	176355794.30	19595088.30	193.48	0.0000
Interaksi (G*L)	54	39753000.10	736166.70	7.27	0.0000
Galat	210	21268266.20	101277.50		
Total terkoreksi	279	244525692.00			
Koef. determinasi (R2) = 0.913022					
Koef. keragaman (KK) = 11.8381					
Simpangan baku galat (s) = 318.2412					



Gambar 1. Rata-rata produksi kedelai untuk setiap lokasi dan jenis genotip kedelai.

jika ditanam pada lokasi yang lain. Secara deskripsi dapat digambarkan bahwa untuk jenis genotip CHIP tumbuh baik pada lokasi G88 sedangkan sebaliknya terjadi jika ditanam pada lokasi V79, untuk jenis genotip CORS tumbuh baik pada lokasi G88 tetapi tidak baik pada lokasi C87, demikian seterusnya untuk jenis genotip yang lain (Gambar 1).

Analisis Regresi Linier untuk Pengaruh Interaksi

Dari Tabel 2, terlihat bahwa pengaruh interaksi dapat diterangkan dengan nyata oleh model regresi bersama genotip dan lokasi serta regresi genotip sedangkan model regresi lokasi tidak nyata. Kondisi tersebut bersifat konsisten untuk data asli dan data simulasi 1 sampai simulasi 3 sedangkan untuk data simulasi 4 dan 5 ternyata pengaruh interaksi dapat diterangkan nyata oleh model gabungan (bersama, genotip dan lokasi).

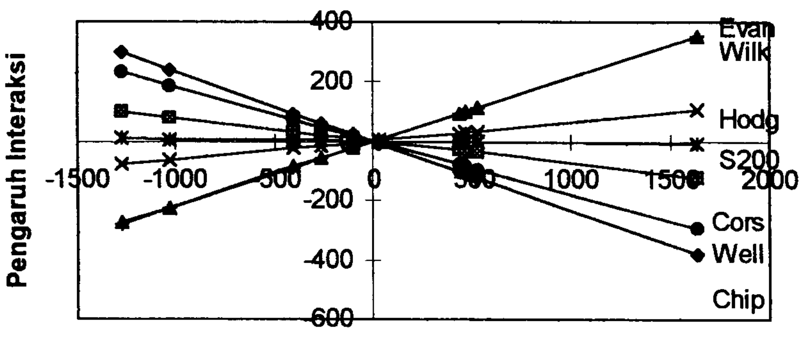
Hasil ini menunjukkan bahwa pendekatan regresi cukup baik digunakan untuk mengkaji struktur pengaruh interaksi genotip dengan lokasi walaupun tidak semua model regresi yang digunakan dapat menerangkan dengan baik.

Dari Gambar 2, terlihat bahwa jenis genotip yang merespon positif terhadap pengaruh lokasi adalah genotip EVAN, WILK dan HODG dengan koefesien regresi masing-masing sebesar

Tabel 2. Hasil analisis interaksi dengan pendekatan model regresi linier untuk data asli dan simulasi 1-5

		Nilai F-hitung / p-nyata					
Sumber keragaman	db	Asli	Simulasi 1	Simulasi 2	Simulasi 3	Simulasi 4	Simulasi 5
Bersama	1	8.410[1)] 0.022[2)]	8.110 0.003	31.440 0.000	12.800 0.000	12.540 0.000	29.180 0.000
Lokasi	8	0.490 0.708	1.290 0.519	0.590 0.822	1.940 0.139	2.740 0.019	2.910 0.012
Genotip	5	7.650 0.000	7.480 0.000	9.040 0.000	13.640 0.000	7.000 0.000	7.890 0.000
Simpangan	40	8.550 0.000	9.020 0.000	9.640 0.000	9.330 0.000	9.650 0.000	10.400 0.000

Keterangan: 1) = nilai F-hitung
2) = nilai peluang nyata



Gambar 2. Kajian interaksi genotip dengan lokasi dengan pendekatan regresi genotip.

Tabel 3. Tingkat efisiensi penguraian keragaman pengaruh interaksi dengan pendekatan regresi linier

	Efisiensi (%)					
Komponen model	Asli	Simulasi 1	Simulasi 2	Simulasi 3	Simulasi 4	Simulasi 5
Bersama	2.142	1.947	6.733	2.725	2.753	5.744
Lokasi	0.991	2.472	1.006	3.301	4.806	4.586
Genotip	9.748	8.977	9.684	14.518	7.685	7.762
Gabungan	12.881	13.396	11.423	20.544	15.244	18.092
Simpangan	87.119	86.604	88.577	79.456	84.756	81.908

0.2143, 0.2151 dan 0.0623. Ketiga jenis genotip tersebut akan memberikan respon meningkat jika pengaruh lokasi meningkat, namun dengan kenaikan yang berbeda. Sedangkan jenis genotip yang merespon negatif terhadap pengaruh lokasi adalah genotip S200, CORS, WELL dan CHIP dengan koefesien regresi masing-masing sebesar -0.0061, -0.0742, -0.1793 dan -0.2321. Jenis genotip ini memiliki sifat yang bertentangan dengan genotip EVAN, WILK dan HODG. Tetapi jika dilihat besarnya nilai koefesien regresi maka dapat disimpulkan bahwa genotif HODG, CORS dan S200 tidak berbeda nyata dengan nol sehinga ketiga genotif ini dapat dikategorikan sebagai genotip yang stabil terhadap pengaruh lingkungan. Sedangkan genotip EVAN, WILK, WELL dan CHIP termasuk genotip-genotip spesifik dalam artian bahwa genotip-genotip tersebut hanya cocok hidup pada lokasi-lokasi tertentu.

Tingkat akurasi pendekatan model regresi untuk menerangkan pengaruh interaksi terlihat sangat lemah dimana model gabungan hanya mampu menerangkan keragaman pengaruh interaksi berkisar antara 11.423 % - 20.544 %. Sehingga keragaman pengaruh interaksi yang tidak diterangkan oleh model regresi masih cukup besar dan simpangan tersebut masih berpengaruh nyata. Hasil ini menunjukkan bahwa pendekatan regresi tidak begitu baik dalam mendekomposisi keragaman pengaruh interaksi karena masih meninggalkan keragaman interaksi yang cukup besar sehingga hasil yang diperoleh akan diragukan keabsahannya (Tabel 3).

Kemampuan dalam Menduga Nilai Respon

Pada tahap akhir kedua model dibandingkan kemampuannya dalam menduga/ memprediksi nilai respon. Kedekatan nilai respon dengan nilai dugaan dianalisis dengan menggunakan metode *Procrustes* dimana nilai respon aktual disusun menjadi matrik target sedangkan nilai dugaan respon disusun menjadi matrik pembanding.

Pada Tabel 4, terlihat bahwa kemampuan model regresi hanya mampu menerangkan konfigurasi respon aktual berkisar 82 - 84.7 persen. Tetapi jika dilihat besaran kontribusi tersebut ternyata pendekatan regrsi cukup dekat dengan nilai aktual sehingga pendekatan ini relatif baik digunakan untuk menduga nilai respon.

Tabel 4. Hasil Analisis *Procrustes* untuk Menguji Kedekatan Nilai Dugaan Respon dengan Data Aktual

Pendekatan	DATA					
	Asal	Simulasi 1	Simulasi 2	Simulasi 3	Simulasi 4	Simulasi 5
Regresi						
JKFit	45511480.8	47654937.6	44533009.1	47717060.7	44352225.5	48412286.1
JKSisaan	8515718.2	9619446.5	9452087.9	9018090.7	9743387.5	9228031.9
JKTotal	54027199.0	56274384.1	53985097.0	56735151.4	54095613.0	57640318.0
R^2	84.2	84.7	82.5	84.1	82.0	84.0

KESIMPULAN

Pendekatan analisis regresi terhadap pengaruh interaksi genotip dan lokasi menunjukkan bahwa genotip Evans, dan Wilk lebih cocok jika dikembangbiakan pada lokasi G88, A86, C88, G85 dan A77 sedangkan genotip WELL dan CHIP akan lebih baik jika dikembangbiakan pada lokasi N87, R81, C87, I85, dan V79. Genotip-genotip yang termasuk stabil adalah S200, HODG dan CORS.

Kemampuan model regresi dalam menguraikan pengaruh interaksi relatif kecil namun demikian model regresi mampu memprediksi nilai respon dengan baik yaitu dengan kedekatan berkisar antara 80%-85%.

Saran

Untuk mendapatkan hasil optimal dalam penelusuran pengaruh interaksi perlu dicoba dengan model lain seperti analisis AMMI (additive main effects and multiplications interactions).

DAFTAR PUSTAKA

Crossa, J. 1990. **Statistical Analysis of Multilocation Trials**. *Advances in Agronomy,* 44 : 55-85.

Digby, P.G.N. and R.A. Kempton. 1987. **Multivariate Analysis of Ecological Communities**. Chapman and Hall Ltd. New York.

Gauch Jr., H.G. 1988. **Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction**. Biometrics, 44:705-715.

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.

McLaren, C.G. and R. C. Chaudhary. 1995. **Use of Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Models to Analyze Multilocation Rice Variety Trials.** Disampaikan pada **Introduction to New Developments in GXE Analysis and Interpretation of Result Course.** IRRI, Los Banos Philippines.

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**. *Theoritical and Applied Genetic,* 83 : 597-601.

Sibson, R. 1978. **Studies Robustness of Multidimensional Scaling: Procrustes Statistics**. Journal the Royal of Statistical Society, 40 (B): 234-238.

Singh, R.K. and B. D. Chaudhary. 1979. **Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis**. Kalyani, New Delhi.

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.

Wright, A.J. 1971. **The Analysis and Prediction of Some Two Factor Interactions in Grass Breeding**. Journal of Agricultural Science, 76: 301-306

Zobel, R.W., M. J. Wright, and H.G. Gauch Jr. 1988. **Statistical Anaysis of a Yield Trial**. *Agronomy Journal,* 80 : 388-393.