

# Analisis Model Ammi pada Percobaan Multilokasi

Atika Deista<sup>1</sup>, Atus Amadi Putra<sup>2</sup>, Dodi Vionanda<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Student of Mathematics Department State University of Padang, Indonesia

<sup>2,3</sup> Lecturers of Mathematics Department State University of Padang, Indonesia

<sup>1</sup>tikadeist@gmail.com

**Abstract** – Multilocation trials commonly found at field research in plant breeding. Multilocation trials are often used to get the accurate conclusion about adaptation ability of a genotype in different locations. It can be gotten by spreading effectively the effect of main genotype( $\alpha$ ) and location ( $\beta$ ) and the effect of interaction between genotype and location ( $\alpha\beta$ ). AMMI analysis is a statistics analysis technique that can break down the effect of interaction between genotype and location effectively. AMMI analysis combined analysis of variance to main effect in form of additive and Principal Component Analysis (PCA) to the interaction effect in form of multiplicative ( $\alpha\beta$ ). AMMI analysis was initiated by doing analysis of variance to see the significance of main effect and interaction effect, then PCA was applied by singular value decomposition to analyze the interaction effect in form of multiplicative ( $\alpha\beta$ ). After analysis was done to interaction effects so the result of analysis was shown in form of graphic by using Biplot.

**Keywords** – AMMI, Multilocation Trials, Principal Component Analysis (PCA).

**Abstrak** – Percobaan multilokasi biasanya ditemukan pada riset lapangan persilangan tumbuhan. Percobaan multilokasi sering digunakan untuk mendapatkan kesimpulan yang akurat dari kemungkinan adaptasi dari suatu genotip dalam lokasi yang berbeda. Itu dapat diperoleh dengan penyebaran secara efektif pengaruh dari genotip utama ( $\alpha$ ) dan lokasi ( $\beta$ ) dan pengaruh dari interaksi antara genotip dan lokasi ( $\alpha\beta$ ). Analisis AMMI adalah teknik analisis statistika yang dapat mengurangi akibat dari interaksi antara genotip dan lokasi secara efektif. Analisis AMMI menggabungkan analisis variansi untuk pengaruh utama dalam bentuk penambahan dan analisis komponen utama (AKU) interaksi pengaruh dalam bentuk perkalian ( $\alpha\beta$ ). Analisis AMMI dengan melakukan analisis variansi untuk melihat arti dari pengaruh utama dan pengaruh interaksi, maka AKU diterapkan dengan nilai singular dekomposisi untuk menganalisis interaksi pengaruh dalam bentuk perkalian ( $\alpha\beta$ ). Setelah analisis dilakukan untuk pengaruh interaksi maka hasil dari analisis ditunjukkan dalam bentuk grafik dengan menggunakan Biplot.

**Kata Kunci** – AMMI, percobaan multilokasi, prinsip komponen utama (AKU)

## PENDAHULUAN

Percobaan multilokasi (*multilocation*) merupakan serangkaian percobaan serupa di beberapa lokasi yang mempunyai rancangan percobaan dan perlakuan yang sama. Percobaan multilokasi merupakan salah satu jenis percobaan faktorial dua faktor, dimana pada penelitian ini diasumsikan unit-unit percobaan homogen, maka dalam percobaan multilokasi rancangan percobaan yang digunakan adalah rancangan dua faktor dalam Rancangan Acak Lengkap (RAL).

Percobaan multilokasi banyak ditemukan pada percobaan lapangan dalam pemuliaan tanaman. Faktor-faktor yang sering diperhitungkan adalah faktor genotip dan faktor lokasi. Karena tanaman ditanam di beberapa lokasi yang beragam, menyebabkan respons tanaman

yang berbeda-beda terhadap lokasi, sehingga mengakibatkan adanya interaksi antara genotip dengan lokasi (IGL)[11]. Pengaruh interaksi menunjukkan kegagalan genotip yang diuji dalam menghasilkan pengaruh yang sama antara satu lokasi dengan lokasi lain, sehingga dengan adanya pengaruh interaksi tampilan dari suatu genotip akan bervariasi dari suatu lokasi dengan lokasi lainnya. Hal tersebut menyulitkan para pemulia tanaman untuk menentukan kemampuan adaptasi genotip terhadap lokasi. Kemampuan adaptasi suatu genotip pada lokasi-lokasi yang berbeda dapat diperoleh dengan menguraikan pengaruh utama masing-masing faktor dan pengaruh interaksi dengan menggunakan pendekatan atau analisis statistika.

Pengaruh utama genotip ( $\alpha$ ) dan pengaruh utama lokasi ( $\beta$ ) yang berbentuk aditif bisa dilihat atau dianalisis

dengan menggunakan Analisis Ragam sedangkan pengaruh interaksi ( $\beta$ ) yang bisa dianalisis menggunakan Analisis Komponen utama (AKU). Namun, analisis ini kurang memadai dalam menganalisis keefektifan struktur data yang kompleks[4]. Analisis ragam mampu menerangkan keefektifan pengaruh utama yang berbentuk additif. Analisis ini juga mampu menguji pengaruh interaksi tetapi tidak mampu menentukan pola interaksi antara genotip dan lokasi. Sedangkan AKU hanya efektif menjelaskan pengaruh interaksi yang berbentuk multiplikatif tanpa mampu menerangkan pengaruh utamanya. Sehingga diperlukan pendekatan lain yang mampu menguraikan pengaruh interaksi sekaligus mampu menerangkan pengaruh utama dari masing-masing faktor yang diperhitungkan.

Model AMMI merupakan suatu analisis gabungan dari pengaruh utama yang berbentuk aditif pada analisis ragam dan pengaruh interaksi yang berbentuk multiplikatif pada AKU. Tokoh-tokoh yang mengembangkan model ini antara lain Gauch and Zobel (1988); Crossa et al (1990). Model AMMI sangat efektif menjelaskan interaksi genotip dengan lokasinya[10].

Model AMMI pada percobaan multilokasi dalam perhitungannya menggunakan analisis ragam percobaan dua faktor dalam RAL dengan model tetap untuk menguji pengaruh utama genotip maupun lokasi dan analisis komponen utama (AKU) untuk menguraikan pengaruh interaksi. Oleh karena itu, untuk memperoleh gambaran secara lebih luas tentang struktur data hasil percobaan multilokasi diperlukan pendekatan statistik lain yaitu pendekatan model AMMI.

#### Percobaan Multilokasi

Percobaan multilokasi merupakan salah satu jenis percobaan faktorial dua faktor. Pada percobaan multilokasi faktor-faktor yang dilibatkan hanya faktor genotip dan faktor lokasi.

Model linier yang untuk percobaan multilokasi dengan genotip sebagai perlakuan dan menggunakan Rancangan Acak Lengkap (RAL) adalah sebagai berikut:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \theta_{k(j)} + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (1)$$

Model di atas memiliki asumsi:

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^a \alpha_i &= 0 ; \quad \sum_{j=1}^b \beta_j = 0 ; \\ \sum_{j=1}^b (\alpha\beta)_{ij} &= \sum_{j=1}^b (\alpha\beta)_{ij} = 0 ; \\ \sum_{k=1}^r \theta_{k(j)} &= 0 ; \quad \varepsilon_{ijk} \sim N(0, \sigma^2) [7] \end{aligned}$$

Genotip maupun lokasi yang dicobakan merupakan pengaruh faktor tetap. Pada percobaan multilokasi diasumsikan ulangan tidak berinteraksi dengan genotip. Penduga parameter dari persamaan (1) dapat dilihat pada table I.

Pendugaan parameter untuk model dari persamaan (1) diperoleh dengan menggunakan metode kuadrat terkecil.

TABEL I  
PENDUGA PARAMETER

Parameter	Penduga
$\mu$	$\hat{\mu} = \bar{Y}_{...}$
$\alpha_i$	$\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}$
$\theta_{k(j)}$	$\hat{\theta}_{k(j)} = \bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{...}$
$\beta_j$	$\hat{\beta}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{...}$
$(\alpha\beta)_{ij}$	$\hat{(\alpha\beta)}_{ij} = \bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{...}$

#### Analisis Ragam

Kesimpulan yang diperoleh dari analisis ragam gabungan ini dapat berlaku secara sah apabila asumsi-asumsi yang melandasinya terpenuhi. Asumsi-asumsi analisis ragam yang harus dipenuhi agar kesimpulan menjadi sah, adalah :

1. Pengaruh perlakuan dan lingkungan yang aditif

Secara visual adanya ketidakaditifan dapat dilihat dari plot sisaan terhadap nilai dugaan. Pola kurva linier menunjukkan adanya ketidakaditifan. Uji formal yang dapat dilakukan untuk menguji apakah model yang digunakan aditif atau tidak adalah uji Tukey [6]

2. Galat bersifat acak dan saling bebas.

Menurut [6], untuk melihat keacakan sisaan atau galat suatu percobaan dibuat plot antara nilai dugaan galat percobaan ( $\varepsilon_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ ).

3. Ragam galat yang homogen

Uji formal yang digunakan untuk pengujian kehomogenan ragam galat adalah uji Bartlett [12]. Prosedur pada uji Bartlett ini didasarkan pada statistic yang sebaran penarikan contohnya memberikan nilai-nilai kritis yang pasti bila ukuran contohnya sama [12].

4. Sisaan menyebar menurut sebaran normal

Secara visual kenormalan sisaan dapat dilihat melalui plot sisaan. Apabila sisaan menyebar normal maka plot akan membentuk garis yang cenderung lurus. Uji formal yang digunakan untuk menguji kenormalan sisaan adalah uji Kolmogorov-Smirnov, uji Anderson Darling, dan uji Lilifors.

Garis besar analisis ragam gabungan antara  $b$  lokasi tanam berdasarkan rancangan acak lengkap dengan  $a$  genotip dan  $r$  ulangan disajikan dalam Tabel II.

Pengujian hipotesis pada percobaan multilokasi dengan Genotip dan Lokasi sebagai faktor tetap yaitu:

- i. Pengaruh Utama Genotip

$H_0 : \alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_a = 0$  (Genotip tidak berpengaruh terhadap respons yang diamati)

$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } i \text{ dimana } \alpha_i \neq 0$   
untuk  $i = 1, 2, \dots, a$  (Genotip berpengaruh terhadap respons yang diamati)

- ii. Pengaruh Utama Lokasi

$H_0 : \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_b = 0$  (Lokasi tidak berpengaruh terhadap respons yang diamati)

$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } j \text{ dimana } \beta_j \neq 0 \text{ untuk } j$

$= 1, 2, \dots, b$  (Lokasi berpengaruh terhadap respons yang diamati)

iii. Pengaruh Interaksi antara Genotip dan Lokasi

$H_0 : (\alpha\beta)_1 = (\alpha\beta)_2 = \dots = (\alpha\beta)_{ab} = 0$

(Interaksi antara genotip dan lokasi tidak berpengaruh terhadap respons yang diamati)

$H_1 : \text{paling sedikit ada satu } j \text{ dimana } \beta_j \neq 0 \text{ untuk } j$

$= 1, 2, \dots, b$  (Interaksi antara genotip dan lokasi berpengaruh terhadap respons yang diamati)

Kriteria keputusan pengujian hipotesis ini adalah Jika  $F \text{ hitung} \leq F_{tabel}$  maka  $H_0$  dapat diterima.

TABEL II  
ANALISIS RAGAM UNTUK PERCOBAAN MULTILOKASI

SK	DB	JK	KT	F-Hitung
Lokasi	b-1	JKL	KTL	$\frac{KTL}{KTG}$
Ulangan (Lokasi)	b(r-1)	JKU(Lok)	KTU (Lok)	$\frac{KTU(\text{Lok})}{KTG}$
Genotip	a-1	JKGen	KTGen	$\frac{KTGen}{KTG}$
Genotip x lokasi	(a-1) (b-1)	JK (Gen*L)	KT (Gen*L)	$\frac{KT}{(Gen * L)}$ $\frac{KT}{KTG}$
Galat	b(a-1) (r-1)	JKG	KTG	
Total	abr-1	JKT		

### Analisis Komponen Utama (AKU)

Analisis Komponen Utama (AKU) merupakan suatu teknik analisis statistik untuk membangun k variabel baru yang merupakan kombinasi linier dari variabel-variabel asli. Jumlah maksimum dari variabel-variabel baru ini akan sama dengan jumlah variabel lama, dan k variabel baru ini tidak saling berkorelasi [8]. Variabel-variabel baru itu dinamakan komponen utama (KU).

Dalam penelitian ini AKU digunakan untuk menjelaskan pengaruh interaksi antar pengaruh utamanya (faktor genotip dan lokasi), dimana interaksi antara genotip dengan lingkungan diuraikan menjadi komponen-komponen utama interaksi.

Komponen utama adalah kombinasi linear dari p variabel dengan bentuk  $a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1p}x_p$  [2]. Secara umum pembentukan komponen utama disusun sebagai berikut :

$$Y_1 = a'_1 x = a_{11}x_1 + a_{12}x_2 + \dots + a_{1p}x_p$$

$$Y_2 = a'_2 x = a_{21}x_1 + a_{22}x_2 + \dots + a_{2p}x_p$$

⋮

$$Y_p = a'_p x = a_{p1}x_1 + a_{p2}x_2 + \dots + a_{pp}x_p \quad (2)$$

$Y_1, Y_2, \dots, Y_p$  merupakan variabel yang saling bebas (tidak berkorelasi).  $Y_1$  disebut Komponen Utama pertama (KU<sub>1</sub>) yang merupakan kombinasi linear yang mempunyai ragam terbesar.  $Y_2$  disebut Komponen Utama kedua (KU<sub>2</sub>) yang mempunyai nilai ragam terbesar kedua.  $Y_p$  disebut Komponen Utama ke-p (KU<sub>p</sub>) yang mempunyai keragaman ke-p.

Nilai eigen dari matriks  $\Sigma$  adalah keragaman dari komponen-komponen utama atau dapat juga dinyatakan dengan persamaan:

$$\text{var}(Y_1) = \lambda_1; \text{var}(Y_2) = \lambda_2; \dots; \text{var}(Y_p) = \lambda_p$$

Menurut [3] total keragaman ditunjukkan oleh  $\text{trace}(\Sigma)$ , sehingga total keragaman sama dengan jumlah dari seluruh nilai eigen yaitu :

$$\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_p = \sum_{i=1}^p \lambda_i$$

Menurut [1] kontribusi masing-masing komponen utama ke-j terhadap total keragaman  $x$  adalah:

$$\frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i}$$

Jika dijadikan dalam bentuk persentase maka total kontribusi dari masing-masing komponen utama adalah:

$$\frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100\%.$$

Kriteria pemilihan  $k$  adalah proporsi kumulatif keragaman data asal yang dijelaskan oleh  $k$  komponen utama minimal 80% dan proporsi total variansi populasi bernilai cukup besar [1].

### Singular Value Decomposition (SVD)

Misalkan  $\mathbf{X}$  adalah matriks  $n \times p$ . Maka ada  $n \times n$  matriks orthogonal  $\mathbf{U}$  dan matriks Orthogonal  $\mathbf{V}$  yang berukuran  $p \times p$ , sehingga

$$\begin{aligned} X &= U\Lambda V' \\ &= U\Lambda V' \end{aligned} \quad (3)$$

dengan:

$X$  : matriks data terkoreksi berukuran  $n \times p$

$\Lambda$  : matriks diagonal akar dari akar ciri positif ( $D(\sqrt{\lambda_n})$ )

dari  $X^T X$  berukuran  $m \times m$ , selanjutnya nilai  $\sqrt{\lambda_n}$  yang positif dinamakan nilai singular dari matriks  $\mathbf{X}$ .

$U$  : matriks orthogonal yang diperoleh dari matriks-matriks  $U = X\Lambda^{-1} = \left\{ \frac{x_1}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{x_2}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{x_n}{\sqrt{\lambda_n}} \right\}$

$V$  : matriks orthogonal dengan kolom matriks  $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$  adalah vektor-vektor ciri  $X^T X$  [2].

Menurut [2] Singular Value Decomposition bisa juga diekspresikan sebagai sebuah matriks yang tergantung pada rank  $r$  dari matriks  $\mathbf{X}$  tersebut. Secara khusus, ada  $\sqrt{\lambda_1}, \sqrt{\lambda_2}, \dots, \sqrt{\lambda_r}$  yang positif, ada vektor orthogonal

$u_1, u_2, \dots, u_r$  yang berukuran  $n \times 1$ , dan ada vektor orthogonal  $v_1, v_2, \dots, v_r$  yang berukuran  $p \times 1$ , sehingga

$$\mathbf{X} = \sum_{i=1}^r \sqrt{\lambda_i} u_i v_i' = U_r \Lambda_r V_r' \quad (4)$$

Dimana  $U_r = [u_1, u_2, \dots, u_r]$ ,  $V_r = [v_1, v_2, \dots, v_r]$ , dan  $\Lambda_r$  adalah matriks diagonal dengan  $\sqrt{\lambda_i}$  adalah komponen diagonalnya.

### Analisis Biplot

Analisis biplot merupakan suatu analisis yang berupaya untuk memberikan peragaan dengan grafik dari matriks data serta informasi yang terdapat dalam matriks tersebut pada sebuah plot. Baris berisi unit dari pengamatan dan kolom berisi variabel atau peubah yang digunakan [2].

Perhitungan dalam analisis biplot didasarkan pada *singular value decomposition* suatu matriks. Dasar dari analisis ini adalah dengan anggapan bahwa suatu matriks data  $\mathbf{X}$  yang berukuran  $n \times p$  (mempunyai  $n$  objek dan  $p$  peubah), dan berpangkat  $r$  pada persamaan (4) dapat diuraikan menjadi dua buah matriks sebagai  $\mathbf{X} = {}_n U_r \Lambda_r V_r' = {}_n Y_r Z_p'$ .

### METODE

Penelitian ini merupakan penelitian dasar (teoritis). metode yg digunakan adalah metode deskriptif dengan menganalisis teori yang relevan dengan permasalahan yang dibahas berdasarkan studi kepustakaan

### HASIL DAN PEMBAHASAN

#### Menentukan Model Tetap AMMI pada Percobaan Multilokasi

Pada percobaan multilokasi model AMMI merupakan gabungan dari komponen aditif untuk pengaruh utama dari genotip ( $\alpha_i$ ) dan lokasi ( $\beta_j$ ) dengan komponen-komponen multiplikatif untuk pengaruh interaksi ( $(\alpha\beta)_{ij}$ ).

Pandang model linier untuk percobaan multilokasi sebagai berikut:

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

Pengaruh interaksi genotip dan lokasi ( $(\alpha\beta)_{ij}$ ) diuraikan dengan pemodelan bilinier. Pemodelan bilinier tersebut diperoleh dengan menguraikan pengaruh interaksi menjadi komponen utama interaksi (KUI) menggunakan Analisis Komponen Utama (AKU) dengan memanfaatkan *Singular Value Decomposition* (SVD). Komponen-komponen utama interaksi inilah yang akan menjadi komponen AMMI. Pandang penduga parameter untuk pengaruh interaksi

$$\widehat{(\alpha\beta)_{ij}} = \bar{Y}_{ij..} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{j..} + \bar{Y}_{...}$$

Penduga untuk pengaruh interaksi tersebut dibuat dalam bentuk matriks, dinotasikan  $\mathbf{X} = [\widehat{(\alpha\beta)_{ij}}]$  sebuah

matriks yang berorde  $a \times b$ . Sehingga dengan menggunakan *Singular Value Decomposition* (SVD) maka matriks pengaruh interaksi dapat diuraikan sebagai berikut :

$$\mathbf{X} = \mathbf{U}\Lambda\mathbf{V}^T$$

Yang bisa ditulis dalam notasi penjumlahan

$$\begin{aligned} (\alpha\beta)_{ij} &= \sum_{n=1}^{n'} \sqrt{\lambda_n} u_{in} v_{jn} + \delta_{ij} \\ &= \sqrt{\lambda_1} u_{i1} v_{j1} + \sqrt{\lambda_2} u_{i2} v_{j2} + \dots \\ &\quad + \sqrt{\lambda_{n'}} u_{in'} v_{jn'} + \delta_{ij} \end{aligned} \quad (5)$$

Keterangan :

- $\Lambda$  = matriks diagonal dengan unsur-unsur positif diagonalnya adalah akar kuadrat nilai eigen bukan nol dari matriks  $\mathbf{X}^T\mathbf{X}$  yang berukuran  $m \times m$
- $\mathbf{U}$  = Matriks dengan vektor  $u_n$  sebagai kolom
- $\mathbf{V}$  = Matriks dengan vektor  $v_n$  sebagai kolom
- $n'$  = jumlah nilai singular yang bukan nol
- $\sqrt{\lambda_n}$  = nilai singular bukan nol untuk komponen bilinier ke- $n$  dari matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$
- $u_{in}$  = nilai komponen utama baris ke- $i$  melalui komponen bilinier ke- $n$  yang diperoleh nilai vektor eigen dari matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$ .
- $v_{jn}$  = nilai komponen utama kolom ke- $j$  melalui komponen bilinier ke- $n$  yang diperoleh dari nilai vektor eigen baris ke- $j$  matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$ .
- $\delta_{ij}$  = Simpangan dari pemodelan bilinier

Dengan mensubstitusi persamaan (5) kedalam persamaan (1) model linier untuk percobaan multilokasi dengan dasar metode AMMI adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} y_{ijk} &= \mu + \alpha_i + \theta_{k(j)} + \beta_j + \sum_{n=1}^{n'} \sqrt{\lambda_n} u_{in} v_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \\ &= \mu + \alpha_i + \theta_{k(j)} + \beta_j + \sqrt{\lambda_1} u_{i1} v_{j1} + \sqrt{\lambda_2} u_{i2} v_{j2} + \dots + \sqrt{\lambda_{n'}} u_{in'} v_{jn'} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \end{aligned} \quad (6)$$

Dari persamaan (6) diatas dapat dilihat bahwa komponen-komponen pengaruh utama masing-masing faktornya berbentuk aditif, sehingga terlebih dahulu dilakukan analisis ragam. Hal pertama yang dilakukan adalah menentukan terlebih dahulu derajat bebas untuk setiap komponen-komponen utama, yaitu  $a+b-1-2n$ . Menurut [6] Besar 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  $2n$ . Kendala yang dipertimbangkan adalah kenormalan dan keortogonalan [6].

$$db(KUI_n) = a + b - 1 - 2n$$

dengan :

$a$  = banyaknya taraf dari faktor genotip

$b$  = banyaknya taraf dari faktor lokasi

$$n = 1, 2, \dots, p (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_p)$$

Langkah selanjutnya adalah menentukan jumlah kuadrat dan kuadrat tengah dari tiap-tiap komponen aditifnya. Pada model AMMI pengaruh aditif genotip dan lokasi serta jumlah kuadrat dan kuadrat tengahnya dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam pada percobaan multilokasi.

Pengaruh bilinier genotip dan lokasi diduga dengan  $(\widehat{\alpha\beta})_{ij} = \bar{y}_{ij.} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{j..} + \bar{y}_{...}$ , dan dalam notasi matriks didefinisikan  $\mathbf{X} = [\widehat{\alpha\beta}]$ . Sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagai berikut :

$$\begin{aligned} JK(KUI_n) &= r \sum_{i,j} ((\widehat{\alpha\beta})_{ij})^2 \\ &= r \sum ((\bar{y}_{j.} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{e..} + \bar{y}_{...}))^2 \\ &= r \text{trace}(\mathbf{xx}') \end{aligned}$$

Berdasarkan Teorema Aljabar matriks bahwa *trace* dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh nilai eigen dari matriks tersebut,  $\text{tr}(\mathbf{A}) = \sum_{i=1}^n \lambda_i$ . Maka Jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- $n$  sebagai berikut :

- 1) Jika analisis ragam dilakukan terhadap data rataan per genotip dan lokasi maka jumlah kuadrat komponen adalah nilai eigen ke- $n$  pada pemodelan bilinier tersebut,

$$JK(KUI_n) = \lambda_n$$

- 2) Jika analisis ragam dilakukan terhadap data asal maka jumlah kuadratnya adalah banyak ulangan kali nilai eigen ke- $n$  ( $r\lambda_n$ ).

$$JK(KUI_n) = r\lambda_n$$

Kuadrat Tengah  $KUI_n$  adalah:

$$KT(KUI_n) = \frac{JK(KUI_n)}{db(KUI_n)}$$

Penentuan Banyaknya Komponen Utama Interaksi (Komponen AMMI)

Gauch dalam [4] mengemukakan bahwa metode yang digunakan untuk menentukan banyaknya komponen utama yang dipertahankan adalah *Postdictive 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 komponen tersebut yang nyata pada uji F analisis ragam. Kriteria dalam menentukan banyaknya KUI yang masuk ke dalam model adalah jika nilai  $F_{\text{hitung}} > F_{\text{tabel}}$  maka dapat disimpulkan KUI signifikan. Metode ini diusulkan oleh Gollob dalam [4].  $F_{\text{hitung}}$  dan  $F_{\text{tabel}}$  masing-masing KUI dapat dihitung sebagai berikut:

$$F_{\text{hitung}} = \frac{KT(KUI_n)}{KTG}; F_{\text{tabel}} = F_{\alpha(db(KUI_n), dbG)}$$

Perhitungan Nilai Komponen Utama Interaksi (Komponen AMMI)

Pandang model linier percobaan multilokasi dengan dasar model AMMI sebagai berikut:

$$\begin{aligned} Y_{ijk} &= \mu + \alpha_i + \theta_{k(j)} + \beta_j + \sum_{n=1}^{n'} \sqrt{\lambda_n} u_{in} v_{jn} + \delta_{ij} \\ &\quad + \varepsilon_{ijk} \end{aligned}$$

Dimana model bilinier pengaruh interaksi adalah  $(\widehat{\alpha\beta})_{ij} = \sum_{n=1}^{n'} \sqrt{\lambda_n} u_{in} v_{jn} + \delta_{ij}$

Penduga parameter untuk pengaruh interaksi  $(\widehat{\alpha\beta})_{ij}$  dari model tersebut adalah  $(\widehat{\alpha\beta})_{ij} = Y_{ijk} - \hat{\mu} - \hat{\alpha}_i - \hat{\theta}_{k(j)} - \hat{\beta}_j - \hat{\varepsilon}_{ijk}$ . Menggunakan notasi matriks, penduga untuk pengaruh interaksi tersebut dinotasikan dengan  $\mathbf{X} = [\widehat{\alpha\beta}]$  yang berorde  $a \times b$ . Sehingga penduga parameter dari model bilinier menjadi :

$\widehat{\lambda}_n$  = nilai singular bukan nol dari matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$

$\widehat{u}_{in}$  = nilai komponen utama baris ke- $i$  dari matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$ .

$\widehat{v}_{jn}$  = nilai komponen utama kolom ke- $j$  matriks  $\mathbf{X}'\mathbf{X}$ .

Sehingga bisa dituliskan,

$$\begin{aligned} (\widehat{\alpha\beta})_{ij} &= \sum_{n=1}^{n'} \sqrt{\widehat{\lambda}_n} \widehat{u}_{in} \widehat{v}_{jn} \\ &= \sum_{n=1}^{n'} \left( \left( \sqrt{\widehat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \widehat{u}_{in} \right) \left( \left( \sqrt{\widehat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \widehat{v}_{jn} \right) \\ &= \sum_{n=1}^{n'} u_{in}^* v_{jn}^* \end{aligned}$$

Jadi, secara umum nilai komponen ke- $n$  untuk genotip ke- $i$  adalah  $u_{in}^* = \left( \sqrt{\widehat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \widehat{u}_{in}$  sedangkan nilai komponen untuk lokasi ke- $j$  adalah  $v_{jn}^* = \left( \sqrt{\widehat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \widehat{v}_{jn}$ .

Jika diuraikan dalam bentuk matriks, unsur-unsur diagonal matriks  $\Lambda$  merupakan penduga untuk  $\lambda_n$ .

$$Y = \sum_{n=1}^{n'} u_{in}^* = \sum_{n=1}^{n'} \left( \left( \sqrt{\hat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \hat{u}_{in} \right) \quad \text{dan} \quad Z' = \sum_{n=1}^{n'} v_{jn}^* = \sum_{n=1}^{n'} \left( \left( \sqrt{\hat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \hat{v}_{jn} \right)$$

maka penguraian nilai singular tersebut dapat dituliskan:

$$X = U\Lambda V' = YZ'$$

TABEL III  
ANALISIS RAGAM UNTUK PERCOBAAN MULTILOKASI DENGAN DASAR MODEL ALAMI

Sumber Kergaman	Derajat Bebas	Jumlah Kuadrat	Kuadrat Tengah	F-Hitung
Lokasi	b-1	JKL	KTL	$\frac{KTL}{KTG}$
Ulangan (Lokasi)	b(r-1)	JKB(Lok)	KTB(Lok)	$\frac{KTB(Lok)}{KTG}$
Genotip	a-1	JKGen	KTGen	$\frac{KTGen}{KTG}$
Genotip x lokasi	(a-1)( b-1)	JK( Gen*L )	KT( Gen*L )	$\frac{KT( Gen * L )}{KTG}$
$KUI_1$	a+b-1-2(1)	$JK(KUI_1)$	$KT(KUI_1)$	$\frac{KT(KUI_1)}{KTG}$
$KUI_2$	a+b-1-2(2)	$JK(KUI_2)$	$KT(KUI_2)$	$\frac{KT(KUI_2)}{KTG}$
:	:	:	:	:
$KUI_n$	a+b-1-2(n)	$JK(KUI_n)$	$KT(KUI_n)$	$\frac{KT(KUI_n)}{KTG}$
Galat	b(a-1)(r-1)	JKG	KTG	
Total	abr-1	JKT		

#### Biplot AMMI

Pada penelitian ini biplot digunakan untuk membantu analisis AMMI dalam meringkas pola hubungan antar genotip, antar lokasi dan interaksi antar genotip dan lokasi. Pada dasarnya biplot berupaya untuk memberikan peragaan grafik terhadap suatu matriks dalam suatu plot dengan menumpangtindihkan vektor-vektor dalam ruang berdimensi dua. Vektor-vektor yang dimaksud yaitu vektor yang mewakili nilai komponen lokasi dan nilai komponen genotip.

Biplot AMMI adalah plot antara satu kolom matriks G dengan kolom G yang lain, yang ditampilkan secara bersama-sama dengan plot kolom H dengan kolom H yang lain yang bersesuaian dengan dengan kolom G yang dilipat (Jolliffe dalam [5]). Pada penelitian ini jika KUI2 nyata maka dapat dilanjutkan dengan biplot AMMI (plot antara KUI1 dan KUI2). Biplot AMMI adalah plot antara nilai komponen utama interaksi terbesar pertama dengan nilai komponen utama interaksi terbesar kedua dari hasil SVD matriks pengaruh interaksi. Nilai komponen genotip

ke-i adalah  $u_{in}^* = \left( \sqrt{\hat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \hat{u}_{in}$  sedangkan nilai komponen untuk lokasi ke-j adalah  $v_{jn}^* = \left( \sqrt{\hat{\lambda}_n} \right)^{1/2} \hat{v}_{jn}$ .

Biplot AMMI menggambarkan pengaruh interaksi antara genotip dan lokasi. Interaksi genotip dengan lokasi dapat bersifat positif atau negatif. Titik-titik amatan mempunyai arah yang sama berarti titik amatan tersebut berinteraksi positif (saling menunjang), sedangkan titik-titik yang berbeda arah menunjukkan bahwa titik-titik tersebut berinteraksi negatif.

#### Analisis Model AMMI Pada Percobaan Multilokasi Dalam Pemuliaan Tanaman Padi

Contoh penerapan AMMI pada data percobaan multilokasi diterapkan pada data hasil produksi padi. Data awal adalah data sekunder yang diperoleh dari konsorsium padi nasional kerja sama antara Balai Besar Penelitian Tanaman Padi Dengan Batan, BB Biogen, dan IPB (2008). Berdasarkan penelitian yang dilakukan, genotip yang dicobakan sebanyak 14 genotip padi, dan tempat tanam yang dipilih untuk penelitian adalah sebanyak 9 lokasi.

#### Analisis Ragam Data Daya Hasil Tanaman Padi

TABEL IV  
ANALISIS RAGAM PERCOBAAN MULTILOKASI TANAMAN PADI

Sumber keragaman	Db	JK	KT	F hitung
Lokasi	8	390.1831	48.7728	265.75
ulangan(lokasi)	18	20.3725	1.1318	6.17
Genotip	13	65.4825	5.0371	27.45
Genotip*Lokasi	104	83.5353	0.8032	4.38
Galat	234	42.9457	0.1835	
Total	377	602.5192		

Sebelum dilakukan analisis ragam, lebih dahulu dilakukan pengujian terhadap asumsi-asumsi yang mendasari analisis ragam tersebut. Terhadap data dalam penelitian ini, setelah dilakukan pengujian asumsi-asumsi, asumsi-asumsi analisis ragam terpenuhi dan langkah selanjutnya bisa dilakukan. Hasil analisis ragam yang ditampilkan pada Tabel IV, memperlihatkan bahwa semua pengaruh utama yaitu genotip dan lokasi serta pengaruh interaksi genotip dengan lokasi nyata, nilai p masing-masing pengaruh kurang dari  $\alpha = 0.05$ . Pengaruh utama yang nyata menunjukkan bahwa jenis genotip atau lokasi tempat tumbuh sangat berpengaruh terhadap produksi atau daya hasil tanaman padi, sedangkan pengaruh interaksi nyata menggambarkan adanya karakteristik genotip yang berlainan pada lokasi tanam yang berbeda.

Walaupun pengaruh interaksi bukan yang memberikan sumbangan keragaman terbesar, tetapi pengaruh interaksi terlihat nyata. Dengan nyatanya pengaruh interaksi antara genotip dengan lokasi, maka perlu dilakukan penelusuran terhadap sifat interaksi antara kedua faktor tersebut dengan menggunakan analisis AMMI.

#### Analisis Ammi (*Additive Main Effect and Multiplikatif Interaction*)

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi genotip dan lokasi dengan analisis komponen utama dihitung dengan *software SAS*. Berdasarkan hasil perhitungan diperoleh sembilan nilai singular yang bukan nol yaitu 3.3232236, 2.3866725, 2.1034632, 1.8464505, 1.1715497, 1.1191712, 0.8032986, 2.305E-15, 3.63E-17. Dari nilai singular tersebut bisa diperoleh nilai eigen dari masing-masing KUI, karena nilai eigen adalah kuadrat dari nilai singular. Hasilnya disajikan pada tabel V.

TABEL V  
NILAI SINGULAR DAN NILAI EIGEN YANG BUKAN NOL

nilai singular	Nilai eigen
3.3232236	11.0438151
2.3866725	5.6962056
2.1034632	4.4245574
1.8464505	3.4093795
1.1715497	1.3725287
1.1191712	1.2525442
0.8032986	0.6452886
2.305E-15	5.31303E-30
3.63E-17	1.31696E-33

Dari sembilan nilai singular tersebut maka jumlah komponen utama interaksi yang perlu dipertimbangkan untuk membangun model AMMI adalah sembilan komponen yaitu KUI1, KUI2, KUI3, KUI4, KUI5, KUI6, KUI7, KUI8, KUI9. Hasil perhitungan dari setiap jumlah kuadrat KUI dan derajat bebas KUI disajikan dalam tabel VI.

Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen utama dihitung dengan rumus pada persamaan (33) :

$$\frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100\% \\ \sum_{i=1}^p \lambda_i = 27.84431912$$

Kontribusi komponen utama (KU) dapat dihitung sebagai berikut dan hasil kontribusi tiap komponen utama dapat dilihat pada Tabel VII.

$$KU_i = \frac{\lambda_i}{\sum_{i=1}^p \lambda_i} \times 100\% = \frac{\lambda_i}{27.84431912} \times 100\%$$

TABEL VI  
ANALISIS RAGAM MODEL ALAMI

Sumber Keragaman	Db	JK	KT	F hitung
Lokasi	8	390.1831	48.7729	265.75
Ulangan(lokasi)	18	20.3725	1.1318	6.17
Genotype	13	65.4825	5.0371	27.45
Genotype*Lokasi	104	83.5353	0.8032	4.38
KUI1	20	33.1315	1.6566	9.0262
KUI2	18	17.0886	0.9494	5.1729
KUI3	16	13.2737	0.8296	4.5203
KUI4	14	10.2281	0.7306	3.9808
KUI5	12	4.1176	0.3431	1.8696
KUI6	10	3.7576	0.3758	2.0474
KUI7	8	1.9359	0.2420	1.3185
KUI8	6	1.59391E-29	2.65651E-30	1.4474E-29
KUI9	4	3.95089E-33	9.87723E-34	5.38185E-33
Galat	234	42.9457	0.1835284	
Total	377	602.5192		

Dari Tabel VII kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah 39.66 %, 20.46%, 15.89%, 12.24%, 4.93%, 4.5%, 2.32%, 0%, dan 0%, sehingga dalam pengkajian daya hasil tanamna padi digunakan empat buah komponen utama yaitu KUI1, KUI2, KUI3 dan KUI4 karena KUI1, KUI2, KUI3 dan KUI4 telah mampu menerangkan keragaman total hasil produksi tanaman padi sebesar  $39.66 \% + 20.46\% + 15.89\% + 12.24\% = 88.25\%$  yaitu suatu tingkat keragaman yang cukup tinggi.

Berdasarkan metode keberhasilan total (*Postdictive success*) yaitu KUI yang nyata pada uji-F analisis ragam, banyaknya KUI yang nyata pada taraf pada taraf 5% dari Tabel 6. adalah empat KUI yaitu KUI1, KUI2, KUI3 dan KUI4, maka KUI yang dipertahankan dalam model AMMI adalah KUI1, KUI2, KUI3 dan KUI4. Sehingga model AMMI dapat diduga dengan model AMMI4. Kontribusi keempat KUI yang nyata pada taraf 5% terhadap JK interaksi adalah 88.25%, artinya keempat KUI yang digunakan model AMMI dalam menduga respon interaksi antara genotip dengan lokasi memiliki keakuratan tinggi. Model AMMI4 dapat dituliskan sebagai berikut:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^4 \sqrt{\lambda_n} \varphi_{in} \rho_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Pada analisis ragam model AMMI4 dalam Table VIII KUI yang tidak nyata yaitu KUI5, KUI6, KUI7, KUI8 dan KUI9 dimasukkan ke dalam sisaan.

#### Menentukan nilai KUI

Perhitungan nilai KUI dilakukan dengan menggunakan *software SAS*. Diperoleh nilai-nilai komponen untuk model AMMI4 pada table IX.

TABEL VII  
KONTRIBUSI KERAGAMAN KOMPONENT UTAMA INTERAKSI

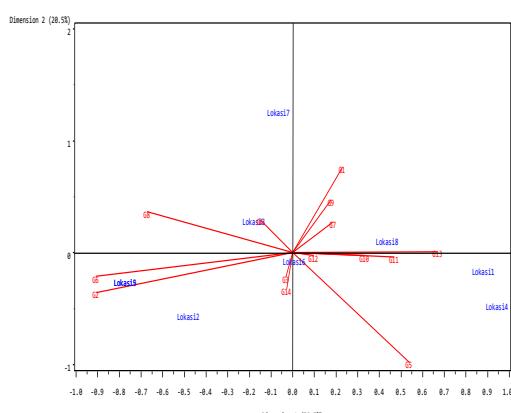
nilai singular	Nilai eigen	prop (%)	kum (%)
3.3232236	11.0438151	39.66	39.66
2.3866725	5.6962056	20.46	60.12
2.1034632	4.4245574	15.89	76.01
1.8464505	3.4093795	12.24	88.25
1.1715497	1.3725287	4.93	93.18
1.1191712	1.2525442	4.5	97.68
0.8032986	0.6452886	2.32	100
2.305E-15	5.31303E-30	0	100
3.63E-17	1.31696E-33	0	100

TABEL. VIII  
ANALISIS RAGAM MODEL AMMI4

Sumber Keragaman	Db	JK	KT	F hitung
Lokasi	8	390.1831	48.7729	265.75
Blok(lokasi)	18	20.3725	1.1318	6.17
Genotipe	13	65.4825	5.0371	27.45
Genotype*Lokasi	104	83.5353	0.8032	4.38
KUI1	20	33.1315	1.6566	9.0262
KUI2	18	17.0886	0.9494	5.1729
KUI3	16	13.2737	0.8296	4.5203
KUI4	14	10.2281	0.7306	3.9808
Sisaan	40	28.71887	0.7179	3.0940 195
Galat	234	42.9457	0.1835284	
Total	377	602.5192		

#### . Biplot AMMI

Sebelum menggambar biplot AMMI terlebih dahulu dilakukan penguraian nilai singular terhadap matriks data rata-rata terkoreksi. Berdasarkan nilai singular diperoleh matriks  $\mathbf{Y}$  dan  $\mathbf{Z}$ . Selanjutnya untuk menggambar biplot digunakan *software SAS*, diperoleh Biplot AMMI sebagai berikut:



Gambar 1. Biplot AMMI

Pada Gambar 1 dimension1 menunjukkan nilai KUI1 dan dimension2 menunjukkan nilai KUI2. Untuk menggambarkan struktur interaksi antara genotip dan lokasi dapat dilihat dari Biplot AMMI, yaitu plot antara nilai KUI1 dan KUI2.

Informasi yang bisa didapatkan dari Gambar 1 adalah kedekatan antar objek (Lokasi). Pada Gambar 1 objek yang berdekatan mempunyai karakteristik yang sama, seperti nilai rata-rata daya hasil tanaman padi pada Lokasi5 (Purbolinggo) dan Lokasi9 (Taman Bogo) relatif sama. Sedangkan dua objek (Lokasi) yang tidak berdekatan dapat dikatakan rata-rata daya hasil tanaman padi kedua lokasi tersebut berbeda, seperti rata-rata daya hasil tanaman padi di Lokasi5 (Purbolinggo) berbeda dengan rata-rata daya tanaman padi Lokasi4 (NTB).

Pada Gambar 1 terlihat bahwa variabel G1 (IPB-3(IPB102-F-2-1)), G2 (BIO-8-AC-BLB/BLASS-05), G4 (OBS 1735/PJS), G5 (BP11252-2-PN-12-2-2-2-1), G6 (BIO-8-AC-BLB-05), G7 (OBS 1740/PJS), G8 (IPB-6(IPB107-F-8-3)), G9 (BP3300-2C-2-3), G10 (OBS 1739/PJS), G11 (B10531E-KN-14-1-0-L-R-B375-12), G13 (INPARI-1) memiliki keragaman yang besar bila dibandingkan dengan variabel lain, hal ini berarti genotip-genotip tersebut menghasilkan rata-rata daya hasil tanaman yang berbeda pada tiap lokasi, sehingga dapat dikatakan bahwa genotip tersebut tidak beradaptasi stabil pada semua lokasi yang dicobakan, tetapi hanya beradaptasi stabil pada lokasi tertentu. Sedangkan variabel G3 (B10531E-KN-14-3-0-L-R-B376-1), G12 (CIREHANG), G14 (CIMELATI) memiliki keragaman yang kecil, hal ini berarti genotip-genotip tersebut menghasilkan rata-rata daya hasil tanaman padi hampir sama pada tiap lokasi, sehingga dapat dikatakan bahwa genotip tersebut beradaptasi stabil pada semua lokasi yang dicobakan.

Berdasarkan biplot yang diperoleh pada Gambar 1, variabel (genotip) G2 (BIO-8-AC-BLB/BLASS-05) dan G6 (BIO-8-AC-BLB-05) dapat tumbuh dengan baik atau cocok ditanam di daerah Purbolinggo dan Taman Bogo. G3 (B10531E-KN-14-3-0-L-R-B376-1) dan G14 (CIMELATI) dapat tumbuh dengan baik atau cocok ditanam di daerah Bantul. G4 (OBS 1735/PJS) dan G8 (IPB-6(IPB107-F-8-3)) dapat tumbuh dengan baik atau cocok ditanam di daerah Ngawi. G5 (BP11252-2-PN-12-2-2-2-1), G10 (OBS 1739/PJS), G11 (B10531E-KN-14-1-0-L-R-B375-12) dan G12 (CIREHANG) dapat tumbuh dengan baik atau cocok ditanam di daerah Bali, NTB, Purworejo. Dan untuk G1 (IPB-3(IPB102-F-2-1)), G7 (OBS 1740/PJS), G9 (BP3300-2C-2-3) dan G13 (INPARI-1) dapat tumbuh dengan baik atau cocok ditanam di daerah Rangkas Bitung.

TABEL IX  
NILAI KUI UNTUK MODEL AMMI4

		KUI 1	KUI 2	KUI 3	KUI 4
	G1	0.2300	0.7638	-0.1335	-0.5186
	G2	-0.9080	-0.3543	0.0679	-0.5816
	G3	-0.0312	-0.2161	0.5714	0.0679
G	G4	-0.1496	0.2954	-0.5937	-0.0854
E	G5	0.5383	-0.9795	0.3012	-0.0995
N	G6	-0.9093	-0.2102	-0.1577	-0.2555
O	G7	0.1868	0.2717	0.6120	0.1776
T	G8	-0.6722	0.3639	0.2424	0.8606
I	G9	0.1775	0.4728	0.4986	-0.3117
P	G10	0.3317	-0.0270	-0.5049	0.1435
E	G11	0.4686	-0.0396	-0.0887	-0.0350
	G12	0.0965	-0.0241	-0.0832	0.3335
	G13	0.6690	0.0100	-0.1832	-0.0751
	G14	-0.0283	-0.3268	-0.5487	0.3793
	L1	0.8813	-0.1470	-0.7978	0.5819
L	L2	-0.4806	-0.5520	0.3250	0.3206
O	L3	-0.1786	0.3054	0.2993	-0.6973
K	L4	0.9443	-0.4598	0.2404	-0.5939
A	L5	-0.7734	-0.2459	-0.4417	-0.1163
S	L6	0.0079	-0.0519	0.9048	0.6800
I	L7	-0.0646	1.2712	-0.0679	0.1640
	L8	0.4372	0.1261	-0.0206	-0.2226
	L9	-0.7734	-0.2459	-0.4416	-0.1163

## SIMPULAN

Analisis AMMI adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif, sedangkan pengaruh interaksi bersifat multiplikatif. Analisis AMMI pada percobaan multilokasi dimulai dengan melakukan analisis ragam pada model linier percobaan multilokasi dengan terlebih dahulu menguji asumsi-asumsi analisis ragam, membuat matriks dugaan pengaruh interaksi, menguraikan matriks dugaan pengaruh interaksi dengan *SVD* sehingga diperoleh komponen-komponen utama interaksi, melakukan analisis ragam model linier percobaan multilokasi dengan dasar model AMMI, menentukan banyaknya KUI yang nyata, menghitung nilai KUI, menginterpretasikan hasil analisis AMMI pada percobaan multilokasi dengan Biplot AMMI.

## REFERENSI

- [1] Dunteman, G.H. 1989. *Principal Components Analysis*. United States of America: Sage Publications, Inc.
- [2] Johnson, R.A., & Wichern, D. W. 1998. *Applied Multivariate Statistical Analysis 4<sup>th</sup> Edition*. United States of America: Prentice-Hall, Inc.
- [3] \_\_\_\_\_ . 2007. *Applied Multivariate Statistical Analysis 6<sup>th</sup> Edition*. United States of America: Prentice-Hall, Inc.
- [4] Mattjik, A.A. 1998. Aplikasi Analisis Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UAIG) pada Data Simulasi. Jurnal
- [5] \_\_\_\_\_ . dkk. 2011. Pemodelan Additive Main-Effect & multiplicative Interaction (AMMI): Kini dan yang akan datang. Bogor: IPB Press Forum Statistika dan Komputasi. Hlm. 20-26.
- [7] Montgomery , D.C. 1976. *Design and Analysis of Experiments*. New York: John Willey & Sons,Inc.
- [6] Mattjik, A.A. dan I.M. Sumertajaya. 2006. Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab jilid 1. Bogor: IPB Press
- [8] Sharma, Subhash. 1996. *Applied multivariate Techniques*. New York: John Willey & Sons,Inc.
- [9] Steel, R.G.D., Torrie, J.H. 1995. Prinsip dan Prosedur Statistika. Jakarta: PT Gramedia Pustaka Utama.
- [10] Sumertajaya, I.M. 2007. Analisis Statistik Interaksi Genotipe dengan Lingkungan. Departemen Statistik . Fakultas Matematika dan IPA. Bogor:IPB.
- [11] Syukur, M., Sujiprihati, S., Yunianti, R., dan Kusumah, A.D. 2010. Evaluasi Daya Hasil Cabai Hibrida dan Daya Hasil Adaptasinya di Empat Lokasi dalam Dua Tahun. J. Agron. Indonesia 38(1) : 43-51.
- [12] Walpole, Ronald, E. 1982. Pengantar Statistika Edisi ke-3. Jakarta: PT Gramedia Pustaka Utama.