

# Model Additive Main-Effects and Multiplicative Interaction (AMMI)

Dian Apriani<sup>1</sup>, Sigit Nugroho<sup>2</sup>, dan Jose Rizal<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Alumni Jurusan Matematika Fakultas MIPA Universitas Bengkulu

<sup>2</sup>Staf Pengajar Jurusan Matematika Fakultas MIPA Universitas Bengkulu

## Abstrak

Model AMMI merupakan metode multivariat yang relatif baru digunakan dalam penelitian-penelitian pemuliaan tanaman untuk mengkaji interaksi genotip  $\times$  lingkungan (GEI) pada suatu percobaan multilokasi. Model AMMI adalah suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinear. Kelebihan model ini bila dibandingkan dengan model regresi yaitu dalam hal kemampuan mendekomposisi keragaman pengaruh interaksi dan bersifat fleksibel dalam menangani suatu gugus data, tetapi bila dilihat dari keakuratan pendugaan nilai responnya ternyata relatif sama dengan model regresi. Alat yang digunakan untuk menginterpretasikan hasil dari analisis model AMMI adalah Biplot-AMMI.

**Kata kunci :** Model AMMI, Interaksi genotip  $\times$  lingkungan, Stabilitas Fenotip, Adaptabilitas Genotip, Penguraian Nilai singular, Biplot-AMMI

## Pendahuluan

Statistika merupakan pengkajian ilmiah tentang data dasar numerik pada fenomena alam. Peran statistika dalam penelitian ilmiah meliputi tiga hal, yaitu deskripsi, analisis, dan peramalan. Penelitian pemuliaan tanaman merupakan salah satu contoh penelitian ilmiah. Pemuliaan tanaman dapat didefinisikan sebagai ilmu tentang perubahan-perubahan susunan genetik sehingga diperoleh tanaman yang menguntungkan manusia.

Pada mulanya pemuliaan tanaman dititikberatkan pada pemilihan atau seleksi, karenanya yang memegang peranan adalah kemampuan pemulia untuk menilai atau meramalkan tanaman yang dapat menjadi varietas lebih unggul. Dalam program seleksi, pengetahuan tentang interaksi antara genotip dan lingkungan mempunyai arti yang penting. Seleksi sering tidak efektif karena adanya interaksi ini, disamping itu seleksi diharapkan untuk memperoleh genotip yang dapat menunjukkan keunggulan pada berbagai lokasi, musim, dan tahun.

Percobaan yang sering digunakan dalam penelitian pemuliaan tanaman untuk mengkaji interaksi genotip dan lingkungan (*genotype  $\times$  environmental interaction = GEI*) biasanya adalah percobaan multi lokasi. Hadi, A.F & Halimatus S. (2004) mengungkapkan bahwa GEI dapat dinyatakan sebagai perubahan keragaan dari dua atau beberapa genotip pada dua atau beberapa lingkungan. Kajian ini penting dalam pemuliaan tanaman karena hasilnya dapat digunakan untuk menyeleksi stabilitas genotip (*stability of genotypes*) pada berbagai lingkungan berbeda atau beradaptasi pada lingkungan spesifik (*adaptation of genotypes to specific environmental*).

Model AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) merupakan suatu metode multivariat yang relatif baru digunakan dalam penelitian-penelitian pemuliaan tanaman untuk mengkaji GEI pada suatu percobaan multi lokasi. Model ini telah dikembangkan oleh Mandel pada tahun 1961 dengan membuat generalisasi dari model Tukey (Dias & Krzanowski, 2003). Kelebihan model ini bila dibandingkan dengan model regresi yaitu dalam hal kemampuan mendekomposisi keragaman pengaruh interaksi dan bersifat fleksibel dalam menangani model suatu gugus data, tetapi bila dilihat dari keakuratan pendugaan nilai responnya ternyata relatif sama dengan model regresi (Hadi, A.F & Halimatus S., 2004).

Penelitian ini akan membahas tentang teknik analisis dari model AMMI, yang meliputi perhitungan jumlah kuadrat, penguraian derajat bebas, penguraian nilai singular, nilai komponen

AMMI, dan penentuan banyaknya komponen AMMI, interpretasi dari model AMMI dan teladan penerapan dari model AMMI menggunakan software IRRISTAT Version 5.0.

### **Interaksi Antara Genotip dan Lingkungan**

Genotip adalah susunan-susunan gen dari suatu individu yang tidak tampak dari luar (Pane, 1986). Penampakan suatu karakter pada individu tumbuhan disebut fenotip. Poespodarsono (1988) mengungkapkan bahwa setelah adanya penelitian mengenai pewarisan sifat (hereditas) yang dilakukan oleh Mandel, orang beranggapan bahwa pertumbuhan tanaman semata-mata diatur oleh gen-gen dalam kromosom, sedangkan lingkungan hanya sekedar meningkatkan potensi sifatnya. Namun setelah diketahui tanaman-tanaman tidak berkembang secara teratur menurut perubahan lingkungan maka orang mulai menyadari adanya interaksi antara genotip dan lingkungan. Gejala ini mulanya diketahui oleh Johannsen yang dilaporkan tahun 1906.

Sifat yang nampak (performans) pada tanaman dipengaruhi oleh genotip, lingkungan, dan interaksi genotip dengan lingkungan, sedang interaksi genotip dan lingkungan dapat merupakan faktor yang berakibat baik (positif) terhadap performans tanaman dan dapat pula buruk (negatif), hal ini khas untuk lingkungan tertentu (Martoyo, 1992). Jika dua atau lebih tanaman berkembang dan tumbuh dari lingkungan yang sama dan memperlihatkan fenotip yang berbeda, maka dapat disimpulkan bahwa kedua individu tersebut mempunyai genotip yang berbeda. Sebaliknya, meskipun ada dua atau lebih tanaman yang bergenotipe sama, tetapi berkembang dalam lingkungan yang berbeda, maka fenotip mereka kemungkinan besar tidak akan sama (Pane, 1986).

Dikatakan juga oleh Nasrullah, 1981 dan Gray, 1982, bahwa interaksi genotip dan lingkungan dapat dipergunakan untuk mengukur stabilitas suatu genotip karena stabilitas penampilan pada suatu kisaran lingkungan tergantung dari besarnya interaksi genotip dan lingkungan. Jika tidak terjadi interaksi antara genotip dan lingkungan maka penentuan genotip ideal akan sangat mudah dilakukan, yaitu dengan memilih genotip-genotip harapan dengan rata-rata hasil yang lebih tinggi.

### **Stabilitas Fenotip dan Adaptabilitas Genotip**

Istilah fenotip diperkenalkan oleh Johannsen tahun 1909, setelah ia mengetahui bahwa gen tidak sepenuhnya menunjukkan sifat yang nampak pada tanaman, tetapi lingkungan juga ikut berperan. Oleh karena itu, dapat dikatakan bahwa penampilan suatu sifat tanaman (fenotip) merupakan ekspresi gabungan antara sifat genetik dan lingkungan tumbuhnya.

Interaksi genotip dan lingkungan, pada program pemuliaan tanaman, dikaitkan dengan penciptaan varietas yang menunjukkan stabilitas bila ditanam pada lingkungan berubah atau berbeda. Setelah diperoleh genotip potensial dari hasil seleksi, maka genotip dievaluasi pada berbagai lingkungan sebelum dilepas sebagai varietas baru. Pemulia mengharapkan agar varietas yang diciptakan tetap berpotensi walaupun ditumbuhkan pada macam-macam lingkungan.

Kemampuan beradaptasi mempunyai kaitan dengan stabilitas genotip. Adaptasi merupakan suatu proses dimana individu atau populasi atau spesies berubah bentuk dan fungsinya untuk dapat hidup baik pada kondisi lingkungan tertentu. Hasil dari proses ini ditunjukkan oleh individu, populasi, atau spesies yang dapat beradaptasi baik. Kemampuan beradaptasi ini disebabkan oleh kombinasi sifat yang dapat mengatasi perubahan lingkungan sehingga hasil akhirnya tidak banyak terpengaruh oleh perubahan lingkungan tadi.

### **Model Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI)**

Model AMMI dikenal luas pada bidang-bidang terapan, terutama pada bidang pemuliaan tanaman yaitu kajian interaksi genotip dan lingkungan. Sebutan lain dari model AMMI seperti model bilinear, atau model biaditif lebih menunjuk pada struktur model tersebut (Hadi, A.F dkk., 2005).

Senada dengan penjelasan sebelumnya, Johnson & Wichern, 1998 dalam Ferreira, D.F *et al.*, 2006 mengungkapkan bahwa tujuan dari analisis AMMI adalah untuk memodelkan pengaruh

interaksi melalui model komponen utama. Model AMMI telah dikembangkan oleh Gollob dan Gabriel serta telah diaplikasikan dan diperluas oleh penulis lainnya.

Pemodelan bilinear bagi pengaruh interaksi genotip dan lingkungan ((ge)<sub>ij</sub>) pada analisis ini adalah sebagai berikut (Hadi, A.F & Halimatus S., 2004):

1. Langkah pertama adalah menyusun pengaruh interaksi dalam bentuk matriks (misal (ge)<sub>ij</sub> = **X**) dimana genotip (baris) × lingkungan (kolom), sehingga matriks ini berorde g × e.

$$\mathbf{X}_{ge} = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1e} \\ x_{21} & x_{22} & \cdots & x_{2e} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ x_{g1} & x_{g2} & \cdots & x_{ge} \end{bmatrix}$$

2. Langkah selanjutnya adalah melakukan penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi

$$(ge)_{ij} = \sum_{k=1}^s \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} \quad (1)$$

Sehingga seperti dijelaskan Dias & Krzanowski (2003) bahwa model AMMI yang mendalilkan komponen aditif untuk pengaruh utama genotip (g<sub>i</sub>) dan lingkungan (e<sub>j</sub>) serta komponen multiplikatif untuk pengaruh interaksi (ge)<sub>ij</sub> dapat dituliskan sebagai berikut:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^s \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

$i = 1, 2, \dots, g$   
 $j = 1, 2, \dots, e$

dimana (ge)<sub>ij</sub> direpresentasikan oleh  $\sum_{k=1}^s \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}$ , dengan ketentuan sebagai berikut:

$$\sum_i g_i = \sum_j e_j = \sum_i (ge)_{ij} = \sum_j (ge)_{ij} = 0 \text{ dan } \lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_s \quad (3)$$

keterangan:

- $Y_{ij}$  = Respon dari genotip ke-*i* pada lingkungan ke-*j*
- $\mu$  = Rataan umum
- $g_i$  = Pengaruh genotip ke-*i*
- $e_j$  = Pengaruh lingkungan ke-*j*
- $\lambda_k$  = Ukuran asosiasi antara skor baris dan kolom
- $\alpha_{ik}$  = Parameter suku multiplikatif pengaruh interaksi untuk baris
- $\gamma_{jk}$  = Parameter suku multiplikatif pengaruh interaksi untuk kolom
- $\varepsilon_{ij}$  = Galat percobaan
- $s$  = jumlah komponen yang ditahan dalam model

Asumsi yang harus dipenuhi dalam model ini adalah:

- a.  $\varepsilon_{ij}$  menyebar bebas identik
- b.  $\varepsilon_{ij}$  berdistribusi Normal (0,  $\sigma_\varepsilon^2$ )

Serta beberapa asumsi tambahan berikut ini:

- a.  $\sum_i \alpha_{ik}^2 = \sum_j \gamma_{jk}^2 = 1$  untuk  $k = 1, 2, \dots, s$
- b.  $\sum_i \alpha_{ik} \alpha_{ik'} = \sum_j \gamma_{jk} \gamma_{jk'} = 0$  untuk  $k \neq k'$

### Perhitungan Jumlah Kuadrat

Dalam model AMMI, pendugaan pengaruh utama genotip dan lingkungan serta jumlah kuadrat tengahnya dihitung dengan metode kuadrat terkecil. Pengaruh ganda genotip dan lingkungan pada interaksi diduga dengan  $X_{ge} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}$ , sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diuraikan sebagai berikut (Hadi, A.F & Halimatus S., 2004):

$$\begin{aligned} JK(GE) &= n \sum_{g,e} \mathbf{X}_{ge}^2 \\ &= n \sum (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^2 \\ &= n \text{tr}(\mathbf{X}\mathbf{X}^t) \end{aligned} \tag{4}$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa *trace* dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut, atau secara aljabar dinotasikan  $\text{tr}(\mathbf{A}_n) = \sum_i \lambda_i$ , maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke- $n$  adalah akar ciri ke- $n$  pada pemodelan bilinear tersebut ( $\lambda_n$ ), hal ini jika analisis ragam dilakukan terhadap data rata-rata per genotip  $\times$  lingkungan, tetapi jika analisis ragam dilakukan pada data sebenarnya maka jumlah kuadratnya adalah banyak ulangan dikalikan akar ciri ke- $n$  ( $n\lambda_n$ ).

### Penguraian Derajat Bebas Untuk Komponen Interaksi

Derajat bebas untuk setiap  $s$  komponen interaksi tersebut secara sederhana didefinisikan sebagai berikut:  $g + e - 1 - 2s$ . Besaran derajat bebas didekomposisikan berdasarkan jumlah parameter yang diduga dikurangi dengan jumlah kendala. Banyaknya parameter yang diduga adalah  $g + e - 1$  sedangkan banyak kendala untuk komponen ke- $s$  adalah  $2s$ .

### Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular (*Singular Value Decomposition*) untuk matriks pengaruh interaksi  $\mathbf{X}$  adalah dengan memodelkan matriks tersebut sebagai berikut:

$$\mathbf{X} = \mathbf{R}\mathbf{D}\mathbf{S}^t \tag{5}$$

Matriks  $\mathbf{X}$  berukuran ( $g \times e$ ) dengan  $\text{rank} = r = \min(g-1, e-1)$ , dimana  $\mathbf{R}$  berukuran ( $g \times r$ ),  $\mathbf{S}$  berukuran ( $e \times r$ ), dan  $\mathbf{D}$  berukuran ( $r \times r$ ),  $\mathbf{R}$  dan  $\mathbf{S}$  adalah kolom ortonormal, sehingga  $\mathbf{R}^t\mathbf{R} = \mathbf{S}^t\mathbf{S} = \mathbf{I}_r$  dan  $\mathbf{D} = \text{diag}\{\lambda_k, k = 1, 2, \dots, r\}$ ;  $\lambda_k$  adalah nilai eigen ke- $k$  yang tidak nol dari  $\mathbf{X}\mathbf{X}^t$  atau  $\mathbf{X}^t\mathbf{X}$ . Kolom-kolom matriks  $\mathbf{S} = \{s_1, s_2, \dots, s_r\}$  adalah vektor-vektor ciri dari  $\mathbf{X}^t\mathbf{X}$  sedangkan  $\mathbf{R}$  diperoleh dengan:

$$\begin{aligned} \mathbf{R} &= \mathbf{X}\mathbf{S}\mathbf{D}^{-1} \\ &= \left\{ \frac{Xs_1}{\lambda_1}, \frac{Xs_2}{\lambda_2}, \dots, \frac{Xs_r}{\lambda_r} \right\} \end{aligned} \tag{6}$$

### Nilai Komponen AMMI

Secara umum nilai komponen utama ke- $s$  untuk genotip ke- $g$  adalah  $d_s^a \alpha_{is}$  sedangkan nilai komponen utama ke- $s$  untuk lingkungan ke- $e$  adalah  $d_s^{1-a} \gamma_{js}$ . Dengan mendefinisikan  $\mathbf{D}^a, (0 \leq a \leq 1)$  sebagai matriks diagonal yang elemen-elemen diagonalnya adalah elemen-elemen

matriks  $\mathbf{D}$  dipangkatkan  $a$  demikian juga dengan matriks  $\mathbf{D}^{1-a}$ , dan  $\mathbf{G} = \mathbf{RD}^a$  serta  $\mathbf{H} = \mathbf{SD}^{1-a}$  maka penguraian nilai singular tersebut dapat ditulis:

$$\mathbf{X} = \mathbf{GH}^t \quad (7)$$

Dengan demikian skor komponen untuk genotip adalah kolom-kolom matriks  $\mathbf{G}$  sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks  $\mathbf{H}$ . Nilai  $a$  yang digunakan pada analisis AMMI adalah  $\frac{1}{2}$  (Hadi, A.F. & Halimatus S., 2004).

### Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Gauch (1988) dan Crossa (1990) dalam Hadi, A.F & Halimatus S. (2004) mengemukakan dua metode penentuan banyaknya sumbu komponen utama dalam komponen GEI 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. *Predictive success* berhubungan dengan kemampuan suatu model dugaan untuk memprediksi data lain yang sejenis tetapi tidak digunakan dalam membangun model tersebut (data validasi).

Penentuan banyaknya sumbu komponen utama berdasarkan *predictive success* ini dilakukan dengan *cross validation*, 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 komponen multiplikatif. Banyaknya komponen multiplikatif yang terbaik adalah rataan akar kuadrat tengah sisa (RMSPD = *Root Mean Square Predictive Different*) dari data validasi paling kecil (Hadi, A.F & Halimatus S., 2004).

### Biplot AMMI

Alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari model AMMI adalah biplot. Pada penelitian pemuliaan tanaman dikenal dengan istilah GGE biplot (*Genotype vs Genotype × Environment biplot*). Pada dasarnya metode ini adalah upaya untuk memberikan peragaan 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 lingkungan.

Biplot adalah plot antara satu kolom  $\mathbf{G}$  yang lain yang ditampilkan secara bersama-sama dengan plot kolom  $\mathbf{H}$  dengan kolom  $\mathbf{H}$  yang lain yang bersesuaian dengan kolom  $\mathbf{G}$  yang diplot (Joliffe, 1986 dalam Hadi, A.F & Halimatus S., 2004). Biplot pada analisis AMMI biasanya berupa biplot pada nilai komponen utama pertama (IPCA1) dengan rataan respon (Biplot AMMI 1). Biplot antara komponen utama kedua dan nilai komponen utama pertama (Biplot AMMI 2) bisa ditambahkan jika komponen utama kedua ini signifikan.

Interpretasi biplot AMMI adalah bagi titik-titik yang sejenis. Jarak titik-titik amatan berdasarkan sumbu datar (rataan respon) menunjukkan perbedaan pengaruh utama amatan-amatan tersebut. Sedangkan jarak titik-titik amatan berdasarkan sumbu tegak (IPCA1) menunjukkan perbedaan pengaruh interaksinya atau perbedaan kesensitifannya terhadap lingkungan. Biplot AMMI menunjukkan bahwa genotip dikatakan mempunyai daya adaptasi baik pada suatu lingkungan jika genotip dan lingkungan bertanda sama (berinteraksi positif).

Biplot AMMI 2 menggambarkan pengaruh interaksi antara genotip dan lingkungan. Titik-titik amatan yang mempunyai arah yang sama berarti titik-titik amatan tersebut berinteraksi positif (saling menunjang), sedangkan titik-titik yang berbeda arah menunjukkan bahwa titik-titik tersebut berinteraksi negatif.

### Teladan Penerapan

Sebagai ilustrasi digunakan data hasil panen tanaman X di suatu negara Y pada tahun 1989 yang melibatkan sembilan lingkungan (lokasi) dan enam genotip.

**Tabel 1 Kode lingkungan**

Kode	lingkungan
1	GGA
2	ID
3	NC
4	NY
5	SC
6	TGA
7	TN
8	VA
9	WA

**Tabel 2 Kode Genotip**

Kode	Genotip
1	BIENVENU
2	BRIDGER
3	CASCADE
4	DWARF
5	GLACIER
6	JET

Berikut ini adalah data rata-rata hasil 1 periode panen tanaman X di suatu negara Y pada tahun 1989:

**Tabel 3 Data Rata-Rata Hasil 1 Periode Panen (Kg/ Ha)**

	GGA	ID	NC	NY	SC	TGA	TN	VA	WA
BIENVENU	1845,28	5346,93 3	1376,74 4	2861,08 5	1815,42 8	447,238 5	2891,99 3	1682,83 3	1726
BRIDGER	1296,03 5	4153,97 8	1613,24 8	3056,99 8	2847,02 3	1763,17	2412,73	1652,79	4048
CASCADE	1730,94 5	5483,78 3	1096,79 8	2513,61 3	2765,11 5	1477,62 3	1933,76 5	1464,01 5	3936,5
DWARF	1499,48	5952,05 8	1346,19 5	3572,65 8	862,534 8	0	2614,97 3	1592,70 6	3114,7 5
GLACIER	2099,16	5556,23 3	1393,27 3	3228,88 5	1685,08 8	534,388 8	2191,98	1911,96 5	2787
JET	1649,95 8	5862,95 8	696,357 5	3164,19 8	900,952 8	316,933 8	2780,02 5	1806,14 5	3121,2 5

(Sumber: Thillainathan, M & G.C.J. Fernandez, 2001)

### Analisis AMMI

Penguraian matriks pengaruh interaksi menghasilkan lima komponen utama interaksi (IPCA). Nilai akar ciri masing-masing IPCA adalah 2995.1, 1572.7, 1138.6, 680.13, dan 464.67. Komponen utama interaksi yang diperoleh dengan metode *postdictive success* menghasilkan empat komponen utama yang nyata, hal ini dapat dilihat dari tabel berikut ini:

**Tabel 4 Analisis Varian untuk Model AMMI**

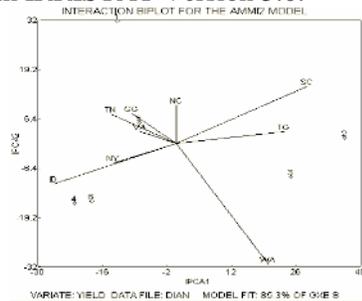
ANALYSIS OF VARIANCE FOR THE AMMI MODEL					
SOURCE	D.F.	S.S.	M.S.	F	FPROB
TREATMENTS	5	761473.	152295.		
LOCATIONS	8	0.917528E+08	0.114691E+08		
TREATMENT X SITES	40	0.134192E+08	335481.		
AMMI COMPONENT 1	12	0.897087E+07	747572.	4.706	0.000
AMMI COMPONENT 2	10	0.247344E+07	247344.	2.254	0.064
AMMI COMPONENT 3	8	0.129643E+07	162054.	2.388	0.099
AMMI COMPONENT 4	6	462571.	77095.1	1.428	0.379
GXE RESIDUAL	4	215918.			
TOTAL	53	0.105933E+09			

Nilai akar ciri menunjukkan besarnya keragaman yang dapat diterangkan oleh masing-masing komponen. Semakin besar nilai akar ciri, maka semakin besar pula persentase keragaman yang diterangkan oleh komponen tersebut, sehingga akar ciri tersusun dari nilai tertinggi sampai nilai yang terendah. Keempat komponen utama tersebut mampu menjelaskan keragaman peubah asal sebesar 93,22 % dari keragaman total.

Karena komponen utama interaksi yang diperoleh dengan metode *postdictive success* menghasilkan empat komponen yang nyata, berarti rata-rata hasil panen dalam satu periode panen dapat diterangkan dengan model AMMI 4 yaitu pengaruh interaksi direduksi menjadi empat komponen utama. Dengan demikian dapat dikatakan bahwa model AMMI 4 dapat menerangkan pengaruh interaksi sebesar 93,22 %.

### Analisis Biplot-AMMI

Untuk keperluan analisis stabilitas dan adaptabilitas, digunakan biplot AMMI 2. Biplot AMMI 2 merupakan plot antara IPCA 1 dengan IPCA 2. Biplot AMMI 2 menunjukkan genotip yang berinteraksi khas dengan lokasi tertentu. Makin dekat jarak lokasi dengan genotip, atau semakin kecil sudut diantara keduanya, maka semakin kuat interaksinya. Berikut ini adalah gambar Biplot AMMI 2 hasil analisis menggunakan program IRRISTAT Version 5.0:



**Gambar Biplot AMMI 2**

Hasil analisis komponen utama (PCA) memperlihatkan bahwa empat komponen utama yang digunakan untuk menggambarkan Biplot-AMMI menunjukkan persentase kumulatif nilai akar ciri adalah sebesar 93,22 %. Hal ini berarti bahwa keragaman yang dapat diterangkan oleh empat komponen utama pembentuk Biplot-AMMI mencapai 93,22 %.

Gambar di atas menunjukkan Biplot-AMMI dari enam jenis genotip yang dievaluasi pada sembilan lingkungan. Jika daerah dalam Biplot ini dibagi menjadi empat kuadran, maka genotip 2 (Bridger) berada di kuadran pertama, genotip 1 (Bienvenu) dan genotip 5 (Glacier) berada di kuadran kedua, genotip 4 (Dwarf) dan genotip 6 (Jet) berada di kuadran ketiga, dan genotip 3 (Cascade) berada di kuadran keempat. Pengelompokan genotip-genotip ini menunjukkan bahwa setiap kelompok genotip yang berada dalam satu kuadran memiliki persamaan yang cukup dekat dibandingkan dengan genotip yang lain.

Dari gambar di atas ini juga dapat dilihat bahwa lingkungan VA, NC, dan GGA mempunyai nilai keragaman yang paling kecil, hal ini karena ketiga variabel tersebut mempunyai vektor variabel yang paling pendek. Lingkungan NY dan TN mempunyai nilai keragaman yang sedikit lebih besar dari yang dijelaskan sebelumnya karena kedua variabel ini mempunyai vektor variabel yang sedikit lebih panjang. Selanjutnya, lingkungan TGA mempunyai nilai keragaman yang cukup besar dibandingkan dengan variabel yang dijelaskan sebelumnya dan lingkungan ID, SC, dan WA adalah variabel yang mempunyai nilai keragaman yang paling besar karena ketiga variabel ini mempunyai vektor variabel yang paling panjang.

## Kesimpulan

Model AMMI lebih baik bila dibandingkan dengan model regresi bila dilihat dari hal kemampuan mendekomposisi keragaman pengaruh interaksi tetapi bila dilihat dari keakuratan pendugaan nilai responnya ternyata relatif sama dengan model regresi. Model AMMI dapat menjelaskan analisis stabilitas dan adaptabilitas genotip melalui Biplot AMMI 2.

Grafik Biplot AMMI mampu memberikan lebih banyak informasi tentang interaksi genotip  $\times$  lingkungan dibandingkan dengan metode ANOVA yang biasa dilakukan walaupun tidak lepas dari beberapa kelemahan, diantaranya adalah:

1. Model AMMI tidak menyediakan pengujian hipotesis seperti pendekatan metode -metode lainnya. Karena itu, Biplot AMMI baik untuk eksplorasi membangkitkan hipotesis daripada pengambilan keputusan hipotesis.
2. Perhitungan sulit dilakukan secara manual, penggunaan program komputer yang sesuai mutlak diperlukan untuk efisiensi perhitungan dan pembuatan grafik.

Dari studi kasus di atas didapat rata-rata hasil panen tanaman X di negara Y dalam satu periode panen dapat diterangkan dengan model AMMI 4, yang berarti pengaruh interaksi direduksi menjadi empat komponen utama dan model tersebut dapat menerangkan pengaruh interaksi sebesar 93.22 %.

## DAFTAR PUSTAKA

- [1] Allard, R.W. 1960. *Principles of Plant Breeding*. John Wiley & Sons, Inc.
- [2] Dias & Krzanowski. 2003. Model Selection and Cross Validation In Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Models. *Journal of Crop. Scie.* 43: 865-873.
- [3] Dias & Krzanowski. 2006. Choosing Component in The Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Models. *Journal of Sci. Agri.* 2:169-175.
- [4] Eberhart, S.A & W.A Russell. 1966. Stability Parameters for Comparing Varieties. *Crop. Sci.* 6:36-40.
- [5] Ferreira, D.F. *et al.* 2006. Statistical Models in Agriculture: Biometrical Methods for Evaluating Phenotypic Stability in Plant Breeding. *Cerne, Lavras.* 4:373-388.
- [6] Finlay, K.W & G.N Wilkinson. 1963. The Analysis of Adaptation in A Plant -Breeding Programme. *Aust. J. Agric Res.* 14:742-754.
- [7] Gray, E. 1982. Genotype  $\times$  Environment Interactions and Stability Analysis for Forage Yield of Orchardgrass Clones. *Crop. Sci.* 4:55-58.
- [8] Hadi, A.F & Halimatus S. 2004. Model AMMI untuk Analisis Interaksi Genotipe  $\times$  Lokasi. *Jurnal ILMU DASAR.* 1: 33-41.
- [9] Hadi, A.F. dkk. 2005. Model AMMI Terampat Untuk Data Berdistribusi Tidak Normal dan Penerapannya pada Kajian Stabilitas dan Ketahanan Genotipe. Dalam: Forum Statistika. *Prosiding Seminar Nasional Statistika VII.* ITS, Surabaya.
- [10] Martojo, H. 1992. *Peningkatan Mutu Genetik Ternak*. Departemen Pendidikan dan Kebudayaan Direktorat Pendidikan Tinggi Pusat Antar Universitas Bioteknologi Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- [11] Nasrullah. 1981. A Modified Procedure for Identifying Varietal Stability. *Agric. Sci.* 546: 153-159.
- [12] Noor, R.R. 2000. *Genetika Ternak*. Cetakan ke-3. Penebar Swadaya, Jakarta.
- [13] Pane, I. 1986. *Pemuliabiakan Ternak Sapi*. Gramedia, Jakarta.
- [14] Perkins, J.M and J.L Jinks. 1968. Environmental and Genotype -Environmental Components of Variability: IV. Non linear interactions for multiple inbred lines. *Heredity, Edinburg.* 23:525-535.
- [15] Poespodarsono, S. 1988. *Dasar-dasar Pemuliaan Tanaman*. Pusat Antar Universitas Institut Pertanian Bogor bekerja sama dengan Lembaga sumber Daya Informasi -IPB, Bogor.

- [16] Romagosa, I & P.N Fox. 1993. Genotype  $\times$  Environment Interaction and Adaptation. Dalam: Hayward, M.D. *et al. Plant Breeding. Principles and Prospects* . Chapman & Hall, London.
- [17] Shukla, G.K. 1995. Some Statistical Aspects of Partitioning Genotype -Environmental Components of Variability. *Heredity, Edinburg* . 29:237-245.
- [18] Thillainathan, M & G.C.J. Fernandez. 2001. SAS Applications for Tai's Stability Analysis and AMMI Model in Genotype  $\times$  Environmental Interaction (GEI) Effects. *Journal of Heredity*. 92: 367-371.