

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Tanaman pangan merupakan sumber karbohidrat, protein dan lemak yang menjadi kebutuhan utama manusia. Beberapa tanaman pangan seperti padi, jagung, ubi kayu dan kedelai menjadi kebutuhan masyarakat yang meningkat dari tahun ke tahun seiring dengan pertumbuhan pesat penduduk. Permintaan yang tinggi akan kebutuhan pangan tidak diimbangi dengan produktivitas tanaman. Perluasan lahan bukan menjadi alternatif terbaik untuk mengatasi permasalahan yang muncul. Oleh karena itu, diperlukan pemanfaatan ilmu pengetahuan dan teknologi, misal melakukan intensifikasi pertanian.

Peningkatan kualitas dan kuantitas tanaman pangan dapat diusahakan melalui intensifikasi pertanian. Upaya pemerintah dalam intensifikasi pertanian adalah program Sapta Usaha Tani. Salah satu aspek penting yang perlu diperhatikan dalam Sapta Usaha Tani adalah pemanfaatan varietas unggul yang diharapkan mampu beradaptasi dengan baik pada lokasi berbeda, berdaya hasil tinggi dan tahan terhadap hama dan penyakit. Oleh karena itu, dalam upaya pengembangan dan pemuliaan tanaman dilakukan serangkaian percobaan pada berbagai kondisi lokasi berbeda, yang dikenal dengan percobaan multilokasi. Percobaan multilokasi bertujuan untuk mengetahui pengaruh interaksi genotip-lokasi dalam penelitian pemuliaan tanaman. Informasi yang diperoleh sangat bermanfaat untuk menyeleksi genotip yang konsisten pada berbagai kondisi lokasi.

Untuk mengkaji lebih lanjut tentang pengaruh interaksi genotip-lokasi pada percobaan multilokasi dapat menerapkan ilmu statistika. Ilmu statistika dapat dijadikan sebagai alat untuk menarik suatu kesimpulan terhadap anggapan yang diajukan peneliti. Analisis statistika inferensia yang diperlukan untuk mengkaji hasil penelitian agronomi, khususnya pada percobaan multilokasi adalah analisis AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*). Menurut Crossa (1990), analisis AMMI merupakan analisis gabungan dari analisis ragam bagi pengaruh utama perlakuan dan analisis komponen utama bagi pengaruh interaksi antara genotip-

lokasi. Informasi genotip dan lokasi pada percobaan multilokasi dianalisis secara serempak agar pengaruh multiplikatif dari genotip dan lokasi dapat dikaji dan diinterpretasikan. Pengaruh interaksi dalam percobaan multilokasi diuraikan dengan pemodelan bilinear untuk memetakan kesesuaian tempat tumbuh suatu genotip. Hasil analisis AMMI dapat diinterpretasikan menggunakan biplot maupun *AMMI Stability Value (ASV)*.

Biplot merupakan alat untuk menggambarkan vektor-vektor yang mewakili skor komponen lokasi pada suatu ruang dua dimensi. Biplot pada analisis AMMI dapat berupa biplot antara nilai komponen pertama dengan rata-rata respons (biplot AMMI 1) dan biplot antara nilai komponen kedua dengan nilai komponen pertama (biplot AMMI 2). Semakin dekat jarak titik suatu genotip terhadap sumbu (0,0), maka dapat disimpulkan bahwa genotip tersebut memberi hasil yang konsisten pada berbagai lokasi yang dicobakan. Bila jarak titik suatu genotip dengan lokasi tertentu dekat, maka genotip beradaptasi secara spesifik pada lokasi tersebut.

AMMI Stability Value merupakan jarak dari titik koordinat skor komponen utama pertama (KUI1) terhadap skor komponen utama kedua (KUI2) dalam model AMMI. Semakin besar skor KUI, baik negatif maupun positif, maka genotip semakin spesifik pada lokasi tertentu. Sebaliknya, semakin kecil skor KUI menunjukkan genotip mampu beradaptasi dengan baik di beberapa lokasi.

Analisis AMMI untuk menentukan varietas baru pada penelitian pemuliaan tanaman biasa dilakukan hanya berdasarkan satu respons, yaitu hasil produksi. Hasil produksi tidak cukup mewakili suatu tingkat adaptasi suatu tanaman, diperlukan pula beberapa aspek, baik secara kuantitas maupun kualitas. Aspek-aspek tersebut seperti tingkat ketahanan tanaman terhadap hama dan penyakit, banyak bunga, tinggi tanaman dan sebagainya. Oleh karena itu, diperlukan suatu metode penggabungan respons untuk menentukan kemampuan beradaptasi suatu tanaman berdasarkan beberapa respons secara simultan (Sa'diyah, 2003).

Penelitian tentang analisis AMMI pada percobaan multilokasi berdasarkan respons ganda telah dilakukan, di antaranya, oleh Sa'diyah (2003) dengan menggunakan data multirespons meliputi tinggi tanaman, jumlah anakan produktif, dan hasil produksi dari tanaman padi. Metode penggabungan respons yang digunakan

adalah metode pembobot komponen utama dan metode jarak *Hotelling*. Kedua metode dibandingkan melalui analisis *procrustes* dan menghasilkan bahwa metode komponen utama lebih baik dari metode jarak *Hotelling*.

Penelitian lain tentang analisis AMMI berdasarkan data multirespons dilakukan oleh Sumertajaya (2005). Data yang digunakan dalam penelitian tersebut adalah gugus data simulasi dengan korelasi antar peubah kurang dari 0.5 ($r \leq 0.5$) dan gugus data dengan korelasi antar peubah lebih dari 0.5 ($r \geq 0.5$). Peubah respons yang melibatkan antara lain tinggi tanaman, persen gabah isi, jumlah anakan produktif, bobot 1000 butir, dan daya hasil. Metode yang digunakan adalah metode penyamaan kisaran, pembagian rata-rata, komponen utama pertama, pembobotan komponen utama, dan jarak *Hotelling*. Berdasarkan hasil analisis *procrustes*, metode yang paling baik dalam menjelaskan peubah asal adalah metode penyamaan kisaran.

Berdasarkan dua penelitian terdahulu, penulis ingin mengkaji tentang analisis AMMI dalam menjelaskan pengaruh interaksi genotip-lokasi pada data multirespons, menggunakan metode penggabungan respons penyamaan kisaran dan pembobot komponen utama. Dalam penelitian ini, peneliti menggunakan data sekunder, yaitu data hasil percobaan multilokasi tanaman ubi kayu yang dilakukan oleh Balai Penelitian Kacang-Kacangan dan Umbi-Umbian (BALITKABI).

1.2 Rumusan Masalah

1. Apakah ada pengaruh penggunaan metode penggabungan respons pada analisis AMMI dalam mengetahui interaksi genotip-lokasi?
2. Berdasarkan nilai R^2 dan nilai RMSE (*Root Mean Square Error*) hasil analisis *procrustes*, apakah metode penyamaan kisaran atau metode pembobotan komponen utama yang lebih efisien menjelaskan peubah asal pada analisis AMMI?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Untuk mengetahui pengaruh penggunaan metode penggabungan respons pada analisis AMMI dalam mengkaji interaksi genotip-lokasi.

2. Untuk menentukan metode penggabungan respons penyamaan kisaran atau pembobot komponen utama yang lebih efisien dalam menjelaskan peubah asal pada analisis AMMI berdasarkan nilai R^2 dan nilai RMSE (*Root Mean Square Error*) hasil analisis *procrustes*.

1.4 Batasan Masalah

Dalam skripsi ini, permasalahan dibatasi pada kasus percobaan faktorial dua faktor tetap dengan rancangan acak kelompok (RAK). Analisis yang digunakan adalah analisis AMMI model tetap dan penguraian komponen interaksi menggunakan dekomposisi nilai singular. Untuk menentukan banyaknya komponen interaksi digunakan metode *postdictive success* yaitu metode penentuan banyaknya komponen AMMI berdasarkan uji F dalam analisis ragam. Untuk menentukan genotip yang konsisten pada lokasi yang dicobakan dapat menggunakan biplot atau nilai AMMI Stability Value (ASV). Pemilihan metode penggabungan respons terbaik ditentukan berdasarkan besarnya koefisien keragaman (R^2) dan nilai RMSE dari analisis *procrustes*.

1.5 Manfaat Penelitian

Penelitian analisis AMMI berdasarkan data multirespons diharapkan mampu memberikan kontribusi pada bidang pertanian, khususnya pemuliaan tanaman. Adanya metode penggabungan respons dapat menambah pengetahuan dalam percobaan pemuliaan tanaman, yaitu untuk menentukan varietas terbaik dari suatu tanaman tidak berdasarkan pada satu aspek. Hasil penelitian ini dapat menjadi pedoman untuk memilih metode penggabungan respons yang tepat.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Percobaan Multilokasi

Percobaan multilokasi merupakan percobaan yang dilakukan di beberapa tempat dengan kondisi lokasi berbeda tetapi rancangan percobaan dan perlakuan yang digunakan sama. Faktor-faktor yang sering digunakan dalam percobaan multilokasi adalah genotip dan lokasi. Faktor lokasi meliputi tempat atau tahun. Secara umum, sumber keragaman percobaan multilokasi terdiri dari lokasi, genotip dan interaksi genotip-lokasi. Rancangan lingkungan acak kelompok diterapkan dalam percobaan lokasi ganda menggunakan 2 faktor, yaitu genotip dan lokasi.

Dalam Crossa (1990) dijelaskan bahwa percobaan multilokasi memiliki peranan penting dalam pemuliaan tanaman. Tujuan percobaan multilokasi adalah menentukan kekonsistenan hasil dan pola respons genotip terhadap lokasi serta memberikan gambaran untuk menyeleksi genotip terbaik agar dapat dikembangkan pada masa akan datang di tempat baru.

Pengaruh perlakuan pada respons percobaan multilokasi dibedakan menjadi dua: pengaruh aditif bagi perlakuan utama yaitu genotip dan lokasi dan pengaruh multiplikatif bagi pengaruh interaksi genotip-lokasi. Berikut model linier aditif untuk respons percobaan multilokasi (Crossa, 1990):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + (GE)_{ij} + B_{k(j)} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.1)$$

$$i=1, 2, \dots, g; \quad j=1, 2, \dots, e; \quad k=1, 2, \dots, r \quad \varepsilon_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2)$$

di mana:

Y_{ijk} : Respons genotip ke- i , lokasi ke- j dan kelompok ke- k

μ : Rata-rata umum

G_i : Pengaruh genotip ke- i

E_j : Pengaruh lokasi ke- j

GE_{ij} : Pengaruh interaksi genotip ke- i dan lokasi ke- j

$B_{k(j)}$: Pengaruh kelompok ke- k tersarang pada lokasi ke- j

ε_{ijk} : Pengaruh acak genotip ke- i di lokasi ke- j dan kelompok ke- k

Pendugaan terhadap parameter model (2.1) yaitu pengaruh lokasi (E_j), pengaruh genotip (G_i) dan pengaruh interaksi genotip-lokasi (GE)_{ij} menggunakan metode kuadrat terkecil, berdasarkan syarat berikut:

$$\sum_{j=1}^e E_j = 0$$

$$\sum_{i=1}^g G_i = 0$$

$$\sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g (GE)_{ij} = 0$$

$$\sum_{j=1}^e \sum_{k=1}^r B_{k(j)} = 0$$

Penduga parameter model adalah:

$$\hat{\mu} = \bar{Y}_{...} \quad (2.2)$$

$$\hat{G}_i = \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...} \quad (2.3)$$

$$\hat{E}_j = \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...} \quad (2.4)$$

$$(\hat{GE})_{ij} = \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...} \quad (2.5)$$

$$\hat{B}_{k(j)} = \bar{Y}_{jk.} - \bar{Y}_{.j.} \quad (2.6)$$

$$\hat{\epsilon}_{ijk} = Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{jk.} + \bar{Y}_{.j.}$$

2.2 Penggabungan Respons

Menurut Sumertajaya (2005), penggabungan respons adalah suatu metode yang komprehensif dalam mengkaji kekonsistenan suatu genotip pada berbagai lokasi. Metode penggabungan respons juga banyak digunakan di bidang lain, misal penyusunan indeks pembangunan manusia, indeks kemiskinan dan lain-lain. Penggabungan respons menjadi alternatif analisis AMMI berbasis respons tunggal. Respons yang sering digunakan adalah daya hasil tanaman, sedangkan untuk tingkat adaptasi suatu tanaman tidak dapat dilihat dari satu aspek. Oleh karena itu, diperlukan metode penggabungan respons untuk mengkaji tingkat adaptasi tanaman

berdasarkan beberapa respons secara bersama. Respons gabungan digunakan sebagai indeks penampilan tanaman (IPT). Dua di antara beberapa metode penggabungan respons adalah metode penyamaan kisaran (IPT1) dan metode pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT2, IPT3 dan IPT4).

2.2.1 Metode Penyamaan Kisaran

Metode ini merupakan metode yang memanfaatkan statistik maksimum dan minimum setiap peubah asal. Langkah awal adalah membuat subindikator yang bebas skala dan satuan. *Subdimension Index Indicator* (SDII) diperoleh dari nilai setiap pengamatan dikurangi statistik minimum, kemudian dibagi dengan kisaran. Berikut rumus untuk menentukan respon gabungan melalui metode penyamaan kisaran (Kundu, 2004):

$$SDII_b = \frac{Y_{ba} - \min(Y_1, Y_2, \dots, Y_b)}{\max(Y_1, Y_2, \dots, Y_b) - \min(Y_1, Y_2, \dots, Y_b)}$$

$$IPT1 = \sum_{b=1}^p \frac{SDII_b}{p}$$

di mana:

a = 1, 2, ..., n; n = ger, yaitu banyaknya satuan percobaan

b = 1, 2, ..., p; p adalah banyaknya peubah

2.2.2 Metode Pembobotan Komponen Utama

Sa'diyah (2003) menggunakan semua komponen utama sebagai pembobot dalam membentuk respons gabungan. Metode penggabungan respons dengan memanfaatkan hasil analisis komponen utama juga digunakan Abeyasekera (2005) dalam menggambarkan tingkat kemiskinan. Analisis komponen utama unggul dalam mengurangi banyaknya peubah, meringkas sebagian besar keragaman dalam data melalui beberapa komponen dan mampu menginterpretasi informasi dalam data. Respons gabungan yang direkomendasikan hanya didasarkan pada komponen utama pertama. Bila hanya sebagian kecil keragaman data dapat dijelaskan oleh komponen utama pertama, maka perlu dilakukan peninjauan tentang kesesuaian peubah yang digunakan. Oleh karena itu, Sumertajaya (2005) mengembangkan metode penggabungan respons dengan menggunakan beberapa komponen utama.

Berikut langkah-langkah penggabungan respons berdasarkan pembobotan komponen utama.

Pandang vektor peubah asal $\underline{Y}' = (\mathbf{Y}_1, \mathbf{Y}_2, \dots, \mathbf{Y}_p)$

1. Menghitung matriks korelasi (R), karena peubah-peubah memiliki satuan sama.

$$R = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & \dots & \dots & 1 \end{bmatrix}$$

di mana:

$$r_{bc} = \frac{\sum_{a=1}^n (y_{ba} - \bar{y}_b)(y_{ca} - \bar{y}_c)}{\sqrt{\sum_{a=1}^n (y_{ba} - \bar{y}_b)^2 \sum_{a=1}^n (y_{ca} - \bar{y}_c)^2}}, \quad b < c < p$$

2. Mencari nilai eigen dan vektor eigen yang bersesuaian persamaan berikut:

$$R\underline{d} = \lambda\underline{d}$$

$$(R - \lambda I)\underline{d} = 0 \tag{2.7}$$

Nilai eigen ditentukan dengan menyelesaikan persamaan (2.7), di mana $\det(R - \lambda I) = 0$.

$$(R - \lambda I) = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & \dots & \dots & 1 \end{bmatrix} - \lambda \begin{bmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & \dots & \dots & 1 \end{bmatrix}$$

Kemudian didapat vektor eigen $\underline{d}_1, \dots, \underline{d}_p$ yang bersesuaian dengan nilai eigen $\lambda_1 > \dots > \lambda_p$ berdasarkan $\underline{d}_b' \underline{d}_b = 1$ dan $\underline{d}_b' \underline{d}_c = 0$.

3. Menentukan bobot dengan rumus:

$$x_b = d_{b1}Y_1 + d_{b2}Y_2 + \dots + d_{bp}Y_p$$

maka bobot peubah ke- b adalah:

$$W_b = \sqrt{\frac{d_{b1}^2}{\lambda_1} + \frac{d_{b2}^2}{\lambda_2} + \frac{d_{bp}^2}{\lambda_p}} \tag{2.8}$$

4. Respons gabungan dibentuk dengan menggunakan semua komponen utama sebagai pembobot. Jika satuan peubah asal sama, maka respons gabungan (IPT2) dihitung melalui Sa'diyah (2003):

$$IPT2 = W_1Y_1 + W_2Y_2 + \dots + W_pY_p \quad (2.9)$$

di mana Y_1, Y_2, \dots, Y_p adalah peubah asal. Jika satuan peubah asal berbeda, maka respon gabungan (IPT2) dihitung menurut:

$$IPT2 = W_1Z_1 + W_2Z_2 + \dots + W_pZ_p \quad (2.10)$$

di mana Z_1, Z_2, \dots, Z_p adalah peubah asal yang dibakukan.

5. Menghitung respons gabungan menggunakan beberapa komponen utama sebagai pembobot yang diperoleh melalui persamaan (2.8). Menentukan banyak komponen utama dengan persentase keragaman lebih besar dari 75% (Sumertajaya, 2005):

$$\text{Persentase keragaman komponen ke-}b = \frac{\lambda_b}{\sum_{b=1}^p \lambda_b} \times 100\%$$

$$\text{Persentase keragaman komponen } c \text{ komponen} = \frac{\sum_{b=1}^c \lambda_b}{\sum_{b=1}^p \lambda_b} \times 100\%$$

Setelah besarnya pembobot ditentukan, maka respons gabungan IPT3 ditentukan melalui persamaan 2.9 dan 2.10.

6. Menghitung respons gabungan dengan komponen utama sebagai pembobot:

$$IPT4 = \underline{d'_1Y} = d_{11}Y_1 + d_{21}Y_2 + \dots + d_{1p}Y_p \quad ,$$

atau

$$IPT4 = \underline{d'_1Z} = d_{11}Z_1 + d_{21}Z_2 + \dots + d_{1p}Z_p$$

2.3 Analisis Ragam

Analisis ragam merupakan teknik statistika yang dikembangkan oleh R.A. Fisher untuk memudahkan mengolah dan interpretasi data hasil percobaan di berbagai bidang penelitian baik

lapangan maupun laboratorium. Sumber keragaman analisis ragam didasarkan pada model linier aditif respons. Keragaman total diuraikan menjadi beberapa komponen yang saling bebas, hasil pengujian komponen ragam yang satu tidak akan mempengaruhi hasil komponen ragam lain (Yitnosumarto, 1991).

Berikut analisis ragam untuk percobaan multilokasi menggunakan rancangan acak kelompok dengan faktor lokasi dan genotip:

Tabel 2.1. Analisis ragam hasil percobaan multilokasi

Sumber Keragaman	db
E_j (Lokasi)	e-1
$B_{k(j)}$ (Blok dalam lokasi)	e(r-1)
G_i (Genotip)	g-1
$(GE)_{ij}$ (Genotip x Lokasi)	(g-1)(e-1)
ε_{ijk} (Galat)	e(g-1)(r-1)
Y_{ijk} (Total)	ger-1

2.3.1 Pemeriksaan Asumsi

a. Keaditifan Pengaruh Genotip dan Lokasi

Setiap respons percobaan mempunyai suatu model matematika yang dikenal dengan model aditif linier. Berikut model linier respons percobaan yang menggunakan rancangan acak kelompok:

$$\bar{Y}_{ij.} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$$

di mana:

$\bar{Y}_{ij.}$: Rata-rata respon genotip ke- i yang ditanam pada lokasi ke- j

μ : Rata-rata umum

τ_i : Pengaruh genotip ke- i

β_j : Pengaruh lokasi ke- j

ε_{ij} : Pengaruh galat percobaan genotip ke- i yang ditanam pada lokasi ke- j

Dalam Yitnosumarto (1993), dikatakan bahwa pengaruh keaditifan genotip dan lokasi diuji dengan uji Tukey (lihat Tabel 2.2), yang dilandasi pada hipotesis:

H_0 : Pengaruh genotip dan lokasi bersifat aditif

H_1 : Bukan H_0

Jika H_0 benar, maka statistik uji $\frac{KT_{NAT}}{KT_{Galat}} \sim F_{[1,(g-1)(e-1)-1]}$

Tabel 2.2. Analisis ragam untuk uji Keaditifan Tukey

SK	db	JK
τ_i (Genotip)	g-1	$JK_{Gen} = \frac{\sum_{i=1}^g (\bar{Y}_{i...})^2}{g} - FK$
β_j (Lokasi)	e-1	$JK_L = \frac{\sum_{j=1}^e (\bar{Y}_{.j.})^2}{e} - FK$
(NAT) Non-Aditivitas	1	$JK_{NAT} = \frac{Q^2}{\sum_{i=1}^g (\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}...)^2 \sum_{j=1}^e (\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}...)^2}$
ε_{ij} (Galat)	{(g-1)(e-1)-1}	$JK_G = JK_T - JK_{Gen} - JK_L - JK_{NAT}$
$\bar{Y}_{ij.}$ (Total)	ge-1	$JK_T = (\bar{Y}_{..})^2 - FK$

di mana:

$$FK = \frac{(\bar{Y}_{..})^2}{ge}$$

$$Q = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e \bar{Y}_{ij} (\bar{Y}_{i...} - \bar{Y}...) (\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}...); i=1, 2, \dots, g; j=1, 2, \dots, e$$

b. Kenormalan Galat

Asumsi kenormalan galat berkaitan dengan statistik F pada pengujian hipotesis. Pengujian asumsi dilakukan untuk membuktikan bahwa galat menyebar normal. Secara visual, pengujian dapat dilakukan dengan membuat plot peluang normal. Bila pencaran titik-titik dalam plot berada di sekitar garis diagonal maka galat menyebar normal.

Pengujian asumsi kenormalan galat secara formal menggunakan uji *Kolmogorov Smirnov* berdasarkan hipotesis:

H_0 : Galat menyebar normal

H_1 : Bukan H_0

Statistik uji *Kolmogorov Smirnov* ditentukan berdasarkan nilai terbesar, D_{maks} yaitu selisih antara fungsi sebaran kumulatif contoh dengan fungsi sebaran data yang dihipotesiskan mengikuti sebaran normal.

$$D_{maks} = \text{Maks}[|F_n(x) - F_0(x)|]$$

di mana:

D_{maks} : deviasi maksimum antara fungsi distribusi kumulatif contoh (observasi) dengan fungsi sebaran kumulatif yang dihipotesiskan.

$F_n(x)$: fungsi sebaran kumulatif contoh

$F_0(x)$: fungsi sebaran kumulatif normal baku

Tabel 2.3 Nilai kritis uji *Kolmogorov Smirnov*

α	0.1	0.05	0.025	0.01	0.005
D_α	$\frac{1.07}{\sqrt{n}}$	$\frac{1.22}{\sqrt{n}}$	$\frac{1.36}{\sqrt{n}}$	$\frac{1.52}{\sqrt{n}}$	$\frac{1.63}{\sqrt{n}}$

Jika $D_{maks} \leq D_\alpha$ maka H_0 diterima, sehingga asumsi kenormalan galat terpenuhi (Daniel, 1989).

c. Kehomogenan Ragam Galat

Pengujian asumsi kehomogenan ragam galat dilakukan dengan statistik uji *Bartlett*. Hipotesis yang diuji adalah (Montgomery, 1984):

H_0 : $\sigma_1^2 = \sigma_2^2 = \dots = \sigma_{ge}^2 = \sigma^2$

H_1 : minimal terdapat sepasang σ_{ij}^2 yang berbeda

Jika H_0 benar, statistik uji Bartlett:

$$Ln 10 \frac{ge (r-1) \log S_{ijk}^2 - \sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g (r-1) \log s_{ij}^2}{C} \sim \chi_{ge-1}^2$$

di mana:

$$S_{ij}^2 = \frac{\sum_{k=1}^r (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij})^2}{r-1}$$

$$S_{ijk}^2 = \frac{\sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g (r-1) s_{ij}^2}{ge (r-1)}$$

$$C = 1 + \left[\frac{1}{3(ge-1)} \right] \left[\frac{ge}{r-1} - \frac{1}{ge(r-1)} \right]$$

di mana:

s_{ij} : Simpangan baku respons genotip ke- i dan lokasi ke- j

S_{ijk} : Simpangan baku respons genotip ke- i pada lokasi ke- j dan kelompok ke- k

Tolak H_0 jika $P(\chi_{(ge-1)}^2 > \text{statistik uji } \chi^2) < \alpha$.

d. Independensi (Galat Bersifat Acak dan Saling Bebas)

Keacakan dan kebebasan galat salah satu respons tidak bergantung pada nilai galat respons lain. Keacakan galat percobaan dapat dilihat dari plot antara galat percobaan dengan penduga respons, bila plot tidak membentuk pola tertentu berarti tidak ada korelasi antar galat (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

Pengujian secara formal dapat dilakukan dengan uji *Durbin-Watson*, berdasarkan hipotesis berikut (Draper dan Smith, 1992):

H_0 : tidak ada korelasi antar galat, lawan

H_1 : ada korelasi antar galat

Apabila H_0 benar, statistik uji *Durbin-Watson* adalah:

$$dw = \frac{\sum_{a=2}^n (e_a - e_{a-1})^2}{\sum_{a=1}^n e_a^2}$$

di mana:

e_a : nilai galat ke- a , $a=1, 2, \dots, n$ dan n =ger, banyaknya pengamatan

H_0 diterima jika $dw > d_U$ (d_U adalah nilai kritis tabel uji *Durbin-Watson*).

2.3.2 Koefisien Keragaman (KK)

Menurut Hanafiah (1991), koefisien keragaman yang juga disebut keragaman relatif terhadap sebaran data menggambarkan tingkat keandalan hasil suatu percobaan:

$$KK = \frac{\hat{\sigma}}{\bar{Y}_j} \times 100\% = \frac{\sqrt{KTG}}{\bar{Y}_j} \times 100\%$$

Nilai KK lebih besar dari nilai yang biasa digunakan oleh peneliti, menunjukkan bahwa unit percobaan bersifat homogen. Besarnya KK ideal dalam bidang pertanian adalah 20-25%. Bila percobaan dilakukan dalam laboratorium diharapkan KK bernilai kecil, karena kondisi lokasi di dalam laboratorium terkontrol (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

2.4 Analisis AMMI

Menurut Crossa (1990), *additive main effect and multiplicative interaction (AMMI)* merupakan teknik analisis yang menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama genotip dan lokasi dengan analisis komponen utama bagi pengaruh multiplikatif. Pengaruh multiplikatif, interaksi antara genotip-lokasi diuraikan menjadi beberapa komponen utama interaksi (KUI).

2.4.1 Tujuan AMMI

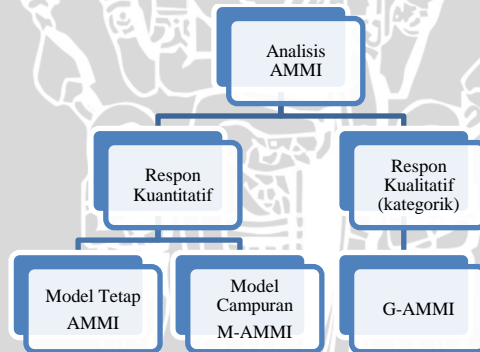
Crossa (1990) mengemukakan tujuan analisis AMMI:

1. Digunakan sebagai analisis pendahuluan untuk menentukan model yang tepat. Jika tidak ada satu pun komponen yang nyata maka pemodelan cukup untuk pengaruh aditif. Sebaliknya jika hanya pengaruh ganda yang nyata, maka pemodelan sepenuhnya ganda, berarti lebih tepat menggunakan analisis komponen utama.

2. Dapat menjelaskan interaksi genotip-lokasi. Biplot pada AMMI dapat menjelaskan pola hubungan antargenotip, antarlokasi dan antara genotip-lokasi.
3. Meningkatkan keakuratan penduga respons interaksi genotip-lokasi.

2.4.2 Pemodelan Analisis AMMI

Hingga kini, analisis AMMI diterapkan pada tiga model, yaitu model tetap, model campuran dan model kategorik. Model tetap digunakan jika genotip dan lokasi ditentukan secara subyektif oleh peneliti dan kesimpulan yang diharapkan hanya terbatas pada genotip dan lokasi yang dicobakan. Model campuran atau Mixed AMMI (M-AMMI) digunakan jika salah satu dari genotip atau lokasi dipilih secara acak dengan tujuan agar cakupan kesimpulan yang diperoleh lebih luas. Model kategorik atau Generalized Linear Model (G-AMMI) digunakan untuk mengatasi kelemahan model AMMI pada penelitian yang menghasilkan respons kategorik seperti tingkat serangan hama (ringan, sedang dan berat) (Sumertajaya, 2007). Penerapan model AMMI dapat dilihat pada Gambar 2.1.



Gambar 2.1. Penerapan Model AMMI

a. Penguraian Bilinier Pengaruh Interaksi

Langkah awal dalam analisis AMMI adalah melihat pengaruh aditif genotip dan lokasi, masing-masing menggunakan analisis ragam. Kemudian dibuat bentuk multiplikatif interaksi genotip-lokasi menggunakan analisis komponen utama (KUI).

Langkah-langkah penguraian pengaruh interaksi dalam analisis AMMI adalah (Mattjik dan Sumertajaya, 2006):

- a. Menyusun pengaruh interaksi dalam bentuk matriks di mana genotip adalah baris dan lokasi sebagai kolom, sehingga matriks memiliki dimensi $g \times e$.

$$(GE) = \begin{bmatrix} (GE)_{11} & \cdots & (GE)_{1e} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ (GE)_{g1} & \cdots & (GE)_{ge} \end{bmatrix}$$

di mana : $i = 1, 2, \dots, g$ (g = banyaknya genotip)

$j = 1, 2, \dots, e$ (e = banyaknya lokasi)

- b. Penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi

$$\begin{aligned} (GE)_{ij} &= \sum_{u=1}^m \sqrt{\lambda_u} \psi_{iu} \rho_{ju} + \delta_{ij} \\ &= \sqrt{\lambda_1} \psi_{i1} \rho_{j1} + \sqrt{\lambda_2} \psi_{i2} \rho_{j2} + \dots + \sqrt{\lambda_m} \psi_{im} \rho_{jm} + \delta_{ij} \end{aligned}$$

Model AMMI lengkap adalah:

$$\begin{aligned} Y_{ijk} &= \mu + G_i + E_j + B_{k(j)} + \sum_{u=1}^m \sqrt{\lambda_u} \psi_{iu} \rho_{ju} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \\ &= \mu + G_i + E_j + B_{k(j)} + \sqrt{\lambda_1} \psi_{i1} \rho_{j1} + \dots + \sqrt{\lambda_m} \psi_{im} \rho_{jm} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \end{aligned}$$

di mana:

$\sqrt{\lambda_u}$: Nilai singular untuk komponen utama interaksi ke- u , di mana $u=1,2,\dots,m$ (λ_u adalah akar ciri matriks $Z'Z$) dengan m adalah banyak komponen utama interaksi

ψ_{iu} : Pengaruh multiplikatif genotip ke- i melalui komponen utama interaksi ke- u

ρ_{ju} : Pengaruh multiplikatif lokasi ke- j melalui komponen utama interaksi ke- u

δ_{ij} : Pimpangan pemodelan bilinear genotip ke- i yang ditanam pada lokasi ke- j

b. Tabel Analisis Ragam Model AMMI

Mattjik dan Sumertajaya (2006) menyajikan pengaruh interaksi lokasi-genotip dalam tabel analisis ragam model AMMI yang diuraikan menjadi m buah Komponen Utama Interaksi (KUI), jika $m < g$. Tabel 2.3 menyajikan analisis ragam model AMMI:

Tabel 2.4. Analisis Ragam Model AMMI

SK	Db	JK
G_i (Genotip)	$g-1$	$JK_G = \frac{\sum_{i=1}^g Y_{i..}^2}{er} - FK$
E_j (Lokasi)	$e-1$	$JK_L = \frac{\sum_{j=1}^e Y_{.j.}^2}{gr} - FK$
$B_{k(j)}$ (Blok dalam lokasi)	$e(r-1)$	$JK_B = \sum_{j=1}^e \left(\frac{\sum_{k=1}^r Y_{.jk}^2}{g} \right) - FK$
$(GE)_{ij}$ (Genotip x Lokasi)	$(g-1)(e-1)$	$JK_{GE} = \frac{\sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g Y_{ij.}^2}{r} - FK$
KUI1	$g+e-1-2.1$	$JK_{KUI1} = r\lambda_1$
KUI2	$g+e-1-2.2$	$JK_{KUI1} = r\lambda_2$
...
KUI m	$g+e-1-2.m$	$JK_{KUI m} = r\lambda_m$
δ_{ij} (Simpangan bilinear)	db GE-total m db KUI	$JK_D = JK_{GE} - JK_{KUI1} - \dots - JK_{KUI m}$
ε_{ijk} (Galat)	$e(g-1)(r-1)$	JKS
Y_{ijk} (Total)	$ger-1$	$JK_T = \sum_{k=1}^r \sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g Y_{ijk}^2 - FK$

di mana:

$$FK = \frac{Y_{...}^2}{ger}$$

c. Perhitungan Jumlah Kuadrat Komponen Interaksi

Matriks \mathbf{Z} merupakan matriks penduga interaksi genotip dengan lokasi, di mana:

$$Z_{ij} = (\widehat{GE})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \hat{\mu} - \hat{G}_i - \hat{E}_j \quad (2.10)$$

Penduga parameter pengaruh multiplikatif diperoleh dengan mensubstitusi persamaan (2.2) sampai (2.6) ke dalam persamaan (2.10), sehingga diperoleh persamaan:

$$Z_{ij} = (\widehat{GE})_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...} \quad (2.11)$$

Pengaruh ganda genotip dan lokasi pada interaksi diduga melalui persamaan (2.11), sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagaimana persamaan berikut ini:

$$JK_{GE} = r \sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g Z_{ij}^2 = r \sum_{j=1}^e \sum_{i=1}^g (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})^2 = r \operatorname{tr} (\mathbf{Z}' \mathbf{Z})$$

Berdasar teorema bahwa teras dari matriks pengaruh interaksi sama dengan jumlah semua akar ciri matriks tersebut, maka:

$$\operatorname{tr} (\mathbf{Z}' \mathbf{Z}) = \sum_{u=1}^m \lambda_u$$

Jika analisis ragam dilakukan terhadap \bar{Y}_{ij} , maka jumlah kuadrat setiap komponen interaksi merupakan akar ciri matriks $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$. Jika analisis ragam dilakukan terhadap Y_{ijk} , maka jumlah kuadrat komponen interaksi ke- u adalah:

$$JK_{KULu} = r \lambda_u$$

d. Penguraian Derajat Bebas

Derajat bebas setiap komponen interaksi pada analisis AMMI adalah $g+e-2n$. Besaran ini diturunkan berdasarkan jumlah parameter yang diduga dikurangi dengan banyaknya kendala. Banyak parameter yang diduga adalah $g+e-1$, dan

banyak kendala untuk komponen ke-n adalah $2n$. Kendala yang digunakan adalah kenormalan dan keortogonalan (Mattjik, 1998).

e. Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular matriks pengaruh interaksi Z adalah dengan memodelkan matriks ini (Mattjik dan Sumertajaya, 2006):

$$Z = ULA'$$

di mana Z (gxe) adalah matriks data terpusat, L matriks diagonal akar dari akar ciri positif bukan nol matriks $Z'Z$, berdimensi m , yaitu banyak komponen utama yang terbentuk, A dan U adalah matriks ortonormal ($A'A = U'U = I_u$). Vektor

kolom dari matriks $A = (a_1, a_2, \dots, a_m)$ adalah vektor-vektor ciri $Z'Z$ sedangkan U diperoleh dari:

$$U = ZAL^{-1}$$

$$= (Za_1 / \sqrt{\lambda_1}, Za_2 / \sqrt{\lambda_2}, \dots, Za_m / \sqrt{\lambda_m})$$

Skor komponen genotip dan lokasi didefinisikan sebagai berikut:

$$Z = GH'$$

di mana:

$$G = UL^k \text{ dan } H = AL^{1-k}$$

Kolom-kolom matriks G merupakan skor komponen faktor genotip, sedangkan skor komponen faktor lokasi adalah kolom-kolom matriks H . Nilai $k=1/2$ digunakan pada analisis AMMI (Mattjik, 1998).

f. Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Terdapat 2 metode penentuan banyaknya komponen AMMI atau evaluasi model AMMI, yaitu *postdictive success* dan *predictive success* (Gauch dan Zobel, 1988). Berdasarkan prinsip parsimoni, metode pada penelitian ini adalah *postdictive success*.

Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model yang tereduksi untuk menduga data yang digunakan dalam membangun model tersebut. Salah satu penentuan banyaknya

komponen berdasarkan *Postdictive Succes* adalah banyaknya komponen yang nyata pada uji F dalam analisis ragam AMMI, sebagaimana pada Tabel 2.3 (Gauch, 1988).

Hipotesis yang melandasi pengujian komponen interaksi AMMI adalah:

H_0 : Tidak ada pengaruh komponen interaksi AMMI terhadap respons

H_1 : Bukan H_0

Jika H_0 benar, statistik uji dalam pengujian komponen AMMI:

$$\frac{KTKUIn}{KTG} \sim F_{[(g+e-2m), e(g-1)(r-1)]}$$

Jika statistik uji $\geq F_{\alpha; [(g+e-2m), e(g-1)(r-1)]}$ pada $\alpha=0.05$ maka H_0 ditolak, artinya komponen AMMI berpengaruh nyata. Komponen AMMI yang tidak berpengaruh nyata direduksi menjadi sisaan untuk pengaruh interaksi. Model AMMI yang terbentuk sesuai dengan banyaknya komponen interaksi yang nyata. Bila terdapat 1 komponen interaksi maka model AMMI 1 yang sesuai, demikian pula bila terdapat 2 atau 3 komponen interaksi maka model yang terbentuk adalah AMMI 2 dan AMMI 3.

g. Interpretasi Model AMMI

a. Biplot

Biplot merupakan metode grafik dua dimensi yang dapat memberikan informasi tentang objek pengamatan dan peubah secara simultan dalam satu bidang datar. Pemodelan bilinear diinterpretasikan dengan menggunakan biplot AMMI 1, yaitu plot antara respons dengan skor KUI1, bila KUI1 berpengaruh nyata. Jika KUI2 nyata, maka biplot AMMI 2, yaitu plot antara KUI1 dan KUI2 digunakan untuk interpretasi. Biplot AMMI 1 menggambarkan perbedaan pengaruh utama dan pengaruh interaksi. Jarak titik pengamatan pada sumbu mendatar menggambarkan besarnya perbedaan pengaruh utama, sedangkan jarak titik pengamatan pada sumbu tegak menggambarkan perbedaan pengaruh interaksi. Biplot AMMI 2 menggambarkan

pengaruh interaksi genotip-lokasi. Suatu genotip dan lokasi dikatakan saling berinteraksi jika jarak antara kedua titik semakin dekat dan sudut yang terbentuk semakin kecil (Hadi dan Sa'diyah, 2004).

Kekonsistenan genotip pada semua lokasi dapat dilihat dari letak genotip terhadap (0,0). Semakin dekat letak genotip dengan (0,0), maka semakin konsisten genotip. Jarak genotip dengan sumbu tergantung besar skor komponen dari genotip. Berikut rumus untuk menghitung batasan skor komponen genotip (selang kepercayaan normal ganda yang berbentuk elips):

Untuk sumbu KUI1:

$$R1 = \sqrt{\lambda_1 \frac{h(n-1)}{n(n-1)} F_{\alpha; [h, n-h]}}$$

Untuk sumbu KUI2:

$$R2 = \sqrt{\lambda_2 \frac{h(n-1)}{n(n-1)} F_{\alpha; [h, n-h]}}$$

di mana:

$R1$: selang untuk skor komponen utama pertama

$R2$: selang untuk skor komponen utama kedua

λ_1 : nilai singular dari komponen utama pertama

λ_2 : nilai singular dari komponen utama kedua

h : banyaknya komponen utama yang digunakan

n : banyaknya pengamatan

$F_{\alpha; [h, n-h]}$: titik kritis sebaran F pada α sebesar 5%

Bila skor komponen genotip masih berada dalam selang kepercayaan normal ganda, maka genotip tersebut dikatakan konsisten atau mampu beradaptasi dengan baik di semua lokasi yang dicobakan.

b. AMMI Stability Value (ASV)

AMMI Stability Value merupakan jarak dari titik koordinat skor komponen utama pertama (KUI1) terhadap skor komponen utama kedua (KUI2) dalam model AMMI. Skor KUI1 memberikan kontribusi yang lebih besar dalam jumlah kuadrat interaksi genotip-lokasi, sehingga diperlukan nilai pembobot.

Pembobot setiap genotip dihitung berdasarkan kontribusi relatif KUI1 dan KUI2 terhadap jumlah kuadrat interaksi:

$$ASV = \sqrt{\left[\frac{JK_{KUI1}}{JK_{KUI2}} (Skor\ KUI1) \right]^2 + (Skor\ KUI2)^2}$$

$\frac{JK_{KUI1}}{JK_{KUI2}}$ merupakan pembobot untuk komponen utama pertama (KUI1). Genotip yang memiliki nilai ASV terkecil merupakan genotip yang konsisten di semua lokasi percobaan.

2.4.3 Kelebihan dan Kekurangan AMMI

Kelebihan dari AMMI adalah efektif dalam menjelaskan interaksi genotip-lokasi serta membedakan genotip konsisten di beberapa lokasi dan spesifik pada lokasi tertentu. Kesesuaian tempat tumbuh bagi genotip dapat dipetakan dengan jelas menggunakan biplot. Namun, AMMI memiliki kelemahan yaitu data harus seimbang dan penggunaan komputer mutlak diperlukan untuk efisiensi perhitungan dan pembuatan grafik. Selain itu, AMMI hanya dapat dilakukan pada percobaan dua faktor menggunakan rancangan acak kelompok (Hadi dan Sa'adiyah, 2004).

2.5 Analisis Procrustes

Menurut Mattjik (1998), analisis procrustes merupakan teknik untuk membandingkan dua konfigurasi titik dalam mewakili pengamatan yang sama. Penggunaan metode ini bertujuan untuk melihat kesamaan bentuk dan ukuran dua buah konfigurasi, dengan cara melakukan transformasi konfigurasi matriks target untuk mendekati konfigurasi matriks asal. Transformasi yang dipilih adalah transformasi yang meminimumkan jumlah kuadrat jarak antara konfigurasi matriks target dengan matriks asal. Besaran yang digunakan untuk melihat kesamaan bentuk dua konfigurasi adalah nilai R^2 (koefisien determinasi), yang menunjukkan besarnya kedekatan antar konfigurasi dalam bentuk persentase.

Prosedur analisis procrustes adalah (Sumertajaya, 2005):

- Menyusun matriks interaksi genotip-lokasi berukuran $g \times e$ dari respons Y_b (matriks \mathbf{A}) dan dari respons gabungan IPT_q (matriks \mathbf{R}), di mana $b=1, 2, \dots, p$ dan $q=1, 2, \dots, t$, t = banyaknya respon gabungan.

- b. Membandingkan matriks **A** dan matriks **K**, di mana matriks **A** tetap dan matriks **R** ditransformasi menjadi matriks **K**, yaitu:

$$K_{gxe} = \beta R_{gxe} \Gamma_{exe} + J_{gx1} \tau'_{1xe}$$

Penduga $\hat{\Gamma}$ dan $\hat{\beta}$, diperoleh melalui penguraian nilai singular $\tilde{A}'\tilde{R}$ di mana \tilde{A} dan \tilde{R} adalah matriks pengaruh interaksi, di mana elemen-elemen matriks diperoleh dari persamaan (2.11). Berikut penguraian nilai singular $\tilde{A}'\tilde{R}$:

$$\tilde{A}'\tilde{R} = ULQ'$$

maka matriks $\hat{\Gamma}$ adalah

$$\hat{\Gamma} = QU'$$

Karena **Q** dan **U** adalah matriks ortogonal, maka matriks $\hat{\Gamma}$ juga merupakan matriks ortogonal. Penduga $\hat{\beta}$ adalah

$$\hat{\beta} = \frac{tr(\tilde{A}'\tilde{R}\hat{\Gamma})}{tr(\tilde{R}'\tilde{R})}$$

Matriks translasi $J\tau'$ diperoleh melalui:

$$(A - \tilde{A}) - \hat{\beta}(R - \tilde{R})\hat{\Gamma} = J\tau'$$

- c. Menghitung jumlah kuadrat total (JKT) dan jumlah kuadrat galat (JKG)

$$JKT = tr(A'A)$$

Matriks galat adalah simpangan matriks target **K** dengan matriks asal **A**:

$$E = (A - K)$$

sehingga jumlah kuadrat adalah:

$$JKG = tr((A - K)'(A - K))$$

- d. Menghitung nilai R^2 sebagai ukuran kesesuaian konfigurasi matriks A dan matriks R , sebagai berikut:

$$R^2 = 1 - \frac{JKG}{JKT} = 1 - \frac{\text{tr}((A - K)'(A - K))}{\text{tr}(A'A)}$$

Perbandingan antara peubah asal dengan respon gabungan dilakukan dengan melihat besarnya nilai R^2 . Jika nilai R^2 mendekati 1 (100%), maka kedua gugus data memiliki kemiripan karakteristik.

Selain menggunakan koefisien determinasi (R^2), pemilihan metode penggabungan respons yang baik dapat pula menggunakan validasi silang (*cross validation*). Indikator *cross validation* menggunakan sisaan, metode yang menghasilkan sisaan paling kecil merupakan metode efisien dalam menjelaskan peubah asal. Besaran untuk membandingkan kebaikan suatu metode adalah RMSE (*Root Mean Square Error*):

$$RMSE = \sqrt{KTG} = \sqrt{\frac{\text{tr} [(A - K)'(A - K)]}{e}}$$

Semakin kecil RMSE, maka semakin kecil penyimpangan respons gabungan dari respons peubah asal.

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Data Penelitian

Skripsi ini menggunakan data sekunder hasil penelitian Sholihin tentang pemilihan varietas baru tanaman ubi kayu di Balai Penelitian Tanaman Kacang-kacangan dan Umbi-umbian (Balitkabi). Penelitian ini mengkaji 2 gugus data dari penelitian tentang keunggulan ubi kayu yang dilakukan oleh BALITKABI. Data yang digunakan dalam penelitian ini dapat dilihat pada Lampiran 1.

Gugus data 1 dan data 2 adalah gugus data tentang tingkat keunggulan ubi kayu. Tingkat keunggulan ubi kayu dilihat dari beberapa respons, antara lain tinggi tanaman (cm), kadar pati (%) dan berat ubi (ton/ha). Percobaan yang dilakukan merupakan percobaan faktorial 2 faktor, yaitu genotip dan lokasi. Genotip yang dilibatkan sebanyak 9 genotip, dan ditanam pada 4 lokasi, yaitu Lumajang, Tegi, Sulu dan Peka untuk gugus data 1. Untuk gugus data 2, lokasi yang dilibatkan antara lain Lumajang, Genteng, Tegi dan Sulu. Rancangan percobaan yang digunakan adalah rancangan acak kelompok (RAK) dengan 3 kelompok. Berikut tabel genotip dan lokasi yang dilibatkan :

Tabel 3.1. Kode genotip

Genotip	Kode
CMM99008-3	G1
OMM9908-4	G2
OMM9904-70	G3
CMM99023-12	G4
OMM9904-111	G5
CMM99023-4	G6
UJ5	G7
ADIRA 4	G8
KASPRO	G9

Tabel 3.2. Kode lokasi data 1

Lokasi	Kode
Lumajang	L1
Tegi	L2
Sulu	L3
Peka	L4

Tabel 3.3. Kode lokasi data 2

Lokasi	Kode
Lumajang	L1
Genteng	L2
Tegi	L3
Sulu	L4

3.2 Metode Analisis

Tahapan analisis data adalah sebagai berikut:

1. Menghitung koefisien keragaman setiap peubah pada lokasi.
2. Melakukan pengujian asumsi analisis ragam (aditivitas, normalitas, homogenitas ragam galat, dan kebebasan galat) dan membuat tabel analisis ragam. Jika asumsi tidak terpenuhi, maka dilakukan transformasi data.
3. Jika pengaruh interaksi genotip-lokasi berpengaruh nyata, maka dilakukan penguraian pengaruh interaksi menjadi beberapa komponen utama interaksi secara bilinear. Model AMMI ditentukan berdasarkan banyaknya komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata berdasarkan uji F pada analisis ragam (metode *postdictive success*).
4. Membuat biplot dan menghitung nilai stabilitas (*AMMI Stability Value/ASV*) untuk menginterpretasikan model AMMI.
5. Menggabungkan respons untuk analisis secara serempak dengan metode penggabungan respons *range equalization* dan pembobotan komponen utama. Berikut langkah-langkah dalam menggabungkan respons:

a. Metode *Range Equalization*

- Menentukan nilai SDII (*Subdimension Index Indicator*) masing-masing respons dengan rumus (Kundu, 2004):

$$SDII_i = \frac{Y_{ij} - Y_{imin}}{Y_{imax} - Y_{imin}}$$

- Menghitung nilai respons gabungan dari rata-rata SDII masing-masing respons, sebagai berikut:

$$IPT1 = \sum_{i=1}^p \frac{SDII_i}{p}$$

dengan $i=1, 2, \dots, p$ dan $j=1, 2, \dots, n$; p adalah banyaknya peubah asal dan n adalah banyaknya pengamatan.

b. Metode Pembobotan Komponen Utama

- Melakukan analisis komponen utama pada tiga respons.
- Menghitung bobot untuk peubah respons ke- i dengan rumus (Sa'diyah, 2003):

$$W_i = \sqrt{\frac{a_{1i}^2}{\lambda_1} + \frac{a_{2i}^2}{\lambda_2}}$$

pembentukan respons gabungan (IPT2) adalah:

$$IPT2 = w_1 Z_1 + w_2 Z_2 + \dots + w_p Z_p$$

- Menghitung bobot untuk peubah respons ke- i sebagaimana pada IPT2, tetapi komponen utama yang digunakan beberapa dengan kontribusi keragaman $\geq 75\%$ (Sumertajaya, 2005).

$$IPT3 = w_1 Z_1 + w_2 Z_2 + \dots + w_q Z_q$$

- Menghitung respons gabungan dengan komponen utama pertama sebagai pembobot.

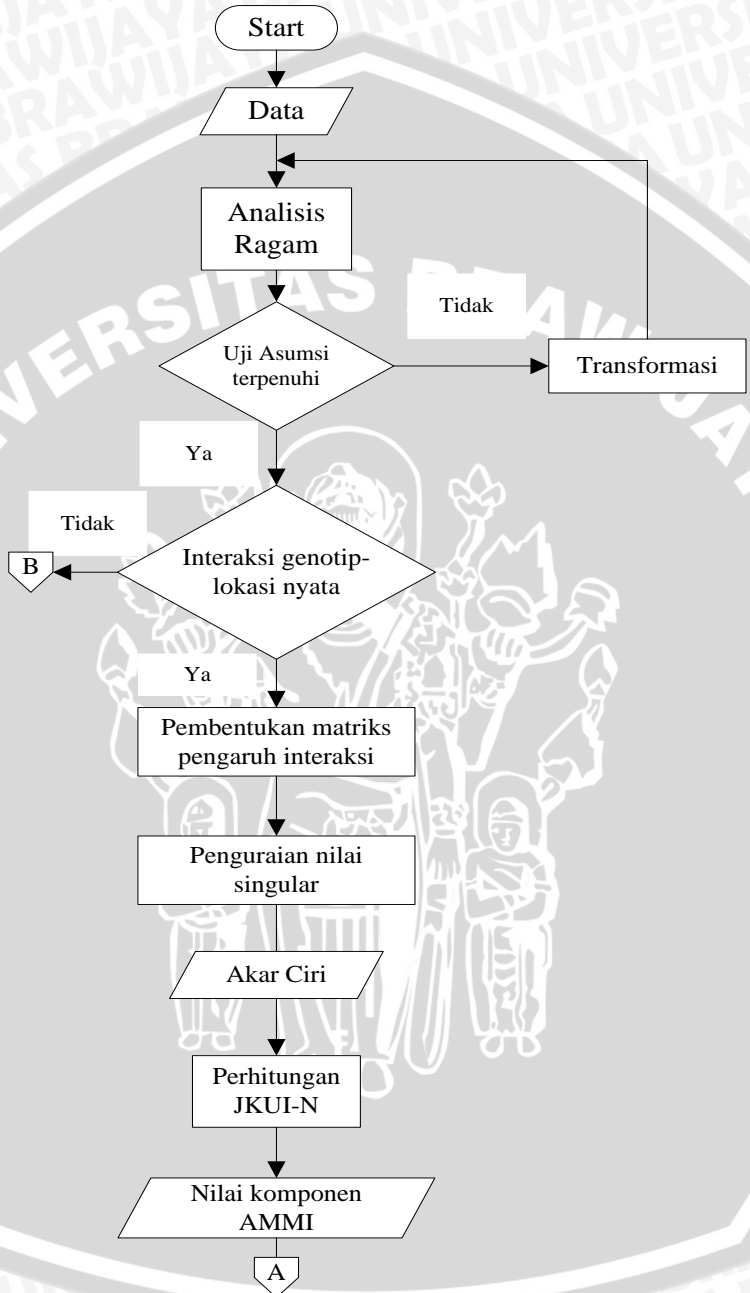
$$IPT4 = \underline{a}'_1 \underline{Z} = a_{11} Z_1 + a_{21} Z_2 + \dots + a_{1p} Z_p$$

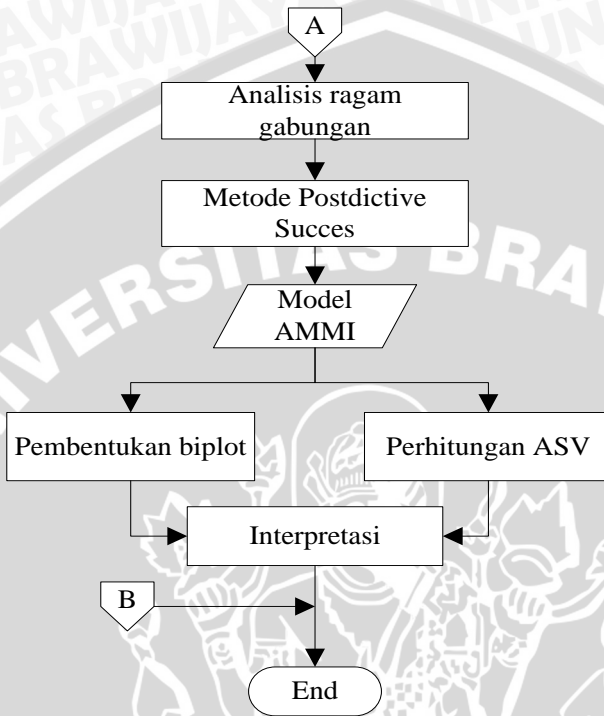
6. Melakukan analisis ragam gabungan dan analisis AMMI pada masing-masing respons gabungan.
7. Membuat biplot dan menghitung nilai ASV dari masing-masing respons gabungan.

8. Menentukan genotip konsisten dengan menghitung selang kepercayaan bagi skor komponen genotip pada respons gabungan.
9. Membandingkan metode penggabungan respons menggunakan analisis *procrustes* dengan melihat nilai R^2 dan RMSE.

Perangkat lunak yang digunakan dalam penelitian ini adalah *Minitab* dan *GenStat* untuk analisis ragam beserta pengujian asumsi serta analisis komponen utama. Untuk penguraian nilai singular matriks interaksi genotip-lokasi digunakan SAS sedangkan *R* digunakan untuk analisis *procrustes*.







Gambar 3.1. Diagram Alir Metode AMMI

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Koefisien Keragaman

Koefisien keragaman disajikan pada Lampiran 2 dan berikut ringkasan di setiap lokasi :

Tabel 4.1. Koefisien keragaman (%) di setiap lokasi

Gugus data 1			
Lokasi	Peubah asal		
	Berat umbi	Kadar Pati	Tinggi Tanaman
Lumajang	14.04	3.35	10.98
Tegi	14.15	6.15	8.56
Sulu	12.54	6.03	10.36
Peka	11.25	6.60	5.99

Gugus data 2			
Lokasi	Peubah asal		
	Berat umbi	Kadar Pati	Tinggi Tanaman
Lumajang	11.44	7.96	5.70
Genteng	13.14	6.12	7.60
Tegi	13.55	9.04	8.47
Sulu	16.71	9.78	7.49

Tampak pada Tabel 4.1, koefisien keragaman setiap peubah pada lokasi $< 20\%$, sehingga dapat dikatakan bahwa unit percobaan pada semua lokasi homogen dan dapat dilakukan analisis ragam lokasi.

4.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam

Pengujian empat asumsi yang melandasi analisis ragam adalah:

4.2.1 Asumsi Aditivitas

Hasil pengujian asumsi aditivitas setiap peubah asal menggunakan uji *Tukey* disajikan pada Lampiran 3 dan dirangkum pada Tabel 4.2. Karena nilai- $p > 0.05$, maka H_0 diterima, pengaruh genotip dan lokasi bersifat aditif dengan kata lain asumsi aditivitas terpenuhi.

Tabel 4.2. Hasil pengujian non-aditivitas *Tukey*

	Peubah asal	Statistik uji F	Nilai-p	Keputusan	Kesimpulan
Gugus data 1	Berat umbi	0.44	0.5137	H ₀ diterima	Pengaruh genotip dan lokasi bersifat aditif
	Kadar pati	0.08	0.7798		
	Tinggi tanaman	0.82	0.3746		
Gugus data 2	Berat umbi	2.65	0.1172		
	Kadar pati	0.03	0.8640		
	Tinggi tanaman	1.65	0.2117		

4.2.2 Asumsi Kenormalan Galat

Hasil pengujian asumsi kenormalan galat menggunakan uji *Kolmogorov Smirnov* diringkas pada Tabel 4.3 dan selengkapnya disajikan pada Lampiran 4. Karena semua nilai-p > 0.05 atau $D_{\text{maks}} < D_{\alpha}$ (0.117), maka terima H₀ dan dapat disimpulkan asumsi kenormalan galat terpenuhi.

Tabel 4.3. Hasil pengujian *Kolmogorov Smirnov* peubah asal

	Peubah asal	Nilai-p	Statistik Uji D _{maks}	Keputusan	Kesimpulan
Gugus data 1	Berat umbi	>0.150	0.072	H ₀ diterima	Galat menyebar normal
	Kadar pati	>0.150	0.046		
	Tinggi tanaman	>0.150	0.032		
Gugus data 2	Berat umbi	>0.150	0.070		
	Kadar pati	>0.150	0.072		
	Tinggi tanaman	>0.150	0.064		

4.2.3 Asumsi Homogenitas Ragam Galat

Hasil pengujian homogenitas ragam galat menggunakan uji *Bartlett* tampak pada Tabel 4.4. Karena nilai-p > 0.05 dan statistik uji $\chi^2 < \chi_{0.05;35}^2$ (49.80), maka H₀ diterima dan dapat disimpulkan bahwa ragam galat bersifat homogen. Pengujian kehomogenan ragam galat dapat dilihat pada Lampiran 5.

Tabel 4.4. Hasil pengujian *Bartlett* peubah asal

	Peubah asal	Nilai-p	Statistik uji χ^2	Keputusan	Kesimpulan
Gugus data 1	Berat umbi	0.517	33.98	H ₀ diterima	Ragam galat homogen
	Kadar pati	0.230	40.82		
	Tinggi tanaman	0.141	44.00		
Gugus data 2	Berat umbi	0.529	33.74		
	Kadar pati	0.062	48.68		
	Tinggi tanaman	0.069	48.14		

4.2.4 Asumsi Kebebasan Galat

Asumsi kebebasan galat diuji dengan uji *Durbin Watson* selengkapnya pada Lampiran 6, berikut ringkasan:

Tabel 4.5. Hasil pengujian kebebasan galat dengan *Durbin Watson*

	Respons	dw	Keputusan	Kesimpulan
Gugus data 1	Berat umbi	2.408	H ₀ diterima	Tidak terdapat korelasi
	Kadar pati	1.824		
	Tinggi tanaman	2.084		
Gugus data 2	Berat umbi	1.905		
	Kadar pati	2.162		
	Tinggi tanaman	1.995		

Karena semua statistik uji $d_w > d_U$ (0.1705) pada taraf nyata 5%, maka H₀ diterima, sehingga asumsi kebebasan galat terpenuhi.

4.3 Analisis Ragam Gabungan

Karena semua asumsi terpenuhi, maka dapat dilakukan analisis ragam gabungan untuk setiap respons, dilandasi hipotesis berikut:

Hipotesis 1 (Pengaruh kelompok tersarang pada lokasi)

H₀: Tidak ada pengaruh kelompok yang tersarang pada lokasi terhadap respons

H₁: Bukan H₀

Hipotesis 2 (Pengaruh lokasi)

H_0 : Tidak ada pengaruh perbedaan lokasi terhadap respons

H_1 : Bukan H_0

Hipotesis 3 (Pengaruh genotip)

H_0 : Tidak ada pengaruh perbedaan genotip terhadap respons

H_1 : Bukan H_0

Hipotesis 4 (Pengaruh interaksi lokasi dengan genotip)

H_0 : Tidak ada pengaruh interaksi antara lokasi dengan genotip terhadap respons.

H_1 : Bukan H_0 .

Berdasarkan hasil analisis ragam pada Tabel 4.6, sumber keragaman genotip dan lokasi untuk tiga peubah asal memperlihatkan pengaruh nyata ($\alpha=0.05$). Hal ini dapat dilihat statistik uji $F > F_{0.05;(3,64)}$ untuk lokasi dan $F_{0.05;(8,64)}$ untuk genotip serta nilai- $p < 0.05$. Kontribusi keragaman yang diberikan genotip dan lokasi terhadap keragaman total berat umbi, kadar pati serta tinggi tanaman berturut-turut sebesar 22.99% dan 15.80%, 72.28% dan 10%, serta 66.32% dan 5.89%.

Kelompok berpengaruh nyata pada berat umbi dan tinggi tanaman. Pengaruh interaksi genotip-lokasi pada berat umbi dan kadar pati menghasilkan statistik uji $F > F_{0.05;(24,64)}$ (1.69). Oleh karena itu, pengaruh interaksi genotip-lokasi pada berat umbi dan kadar pati berpengaruh nyata, sedangkan pada tinggi tanaman, pengaruh interaksi genotip-lokasi berpengaruh nyata dengan nilai- p sebesar 0.06386. Artinya, berat umbi, kadar pati dan tinggi tanaman tiap genotip pada berbagai lokasi berbeda-beda. Pengaruh interaksi genotip-lokasi diuraikan melalui analisis AMMI. Pengujian analisis ragam dari setiap peubah asal pada data 1 disajikan pada Lampiran 7a.

Tabel 4.6. Tabel analisis ragam gabungan setiap peubah asal data 1

Berat umbi					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	458.29	57.29	2.49*	0.02050
Lokasi	3	1126.11	375.37	16.29*	0.00062
Genotip	8	1638.97	204.87	8.89*	0.00000
LokasixGenotip	24	2427.93	101.16	4.39*	0.00000
Galat	64	1475.08	23.05		
Total	107	7126.38			
Kadar pati					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	13.56	1.69	1.78	0.09970
Lokasi	3	69.42	23.14	24.26**	0.00000
Genotip	8	501.77	62.72	65.76**	0.00000
LokasixGenotip	24	48.39	2.02	2.11*	0.00925
Galat	64	61.04	0.95		
Total	107	694.18			
Tinggi tanaman					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	65215.90	8152.00	15.00*	0.00000
Lokasi	3	288472.60	96157.50	176.99**	0.00000
Genotip	8	25640.40	3205.10	5.90*	0.00001
LokasixGenotip	24	21053.90	877.20	1.61	0.06386
Galat	64	34579.04	540.30		
Total	107	434961.84			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Analisis ragam gabungan data 2 disajikan pada Lampiran 7b dan diringkas pada Tabel 4.7 memperlihatkan genotip, lokasi dan interaksi genotip-lokasi berpengaruh nyata terhadap respons. Hal ini dapat dilihat dari statistik uji $F > F_{0.05;(3,64)}(2.09)$ untuk lokasi, $F_{0.05;(8,64)}(2.75)$ untuk genotip dan $F_{0.05;(24,64)}(1.69)$ untuk interaksi genotip-lokasi. Hal ini berarti suatu genotip menghasilkan berat umbi, kadar pati dan tinggi tanaman yang berbeda pada tiap lokasi. Kelompok pada berat umbi dan kadar pati berpengaruh tidak nyata (nilai-p 0.18371 dan 0.25715) sedangkan sangat nyata pada tinggi tanaman.

Tabel 4.7. Tabel analisis ragam gabungan setiap peubah asal data 2

Berat umbi					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	305.11	38.14	1.48	0.18371
Lokasi	3	11383.35	3794.45	146.83**	0.00000
Genotip	8	2061.30	257.66	9.97*	0.00000
LokasixGenotip	24	1826.43	76.10	2.94*	0.00031
Galat	64	1653.91	25.84		
Total	107	17230.10			
Kadar pati					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	23.16	2.90	1.31	0.25715
Lokasi	3	217.78	72.59	32.72**	0.00000
Genotip	8	386.07	48.26	21.75**	0.00000
LokasixGenotip	24	107.94	4.50	2.03*	0.01312
Galat	64	141.98	2.22		
Total	107	876.94			
Tinggi tanaman					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	8634.92	1079.37	3.41*	0.00254
Lokasi	3	396241.6	132080.50	417.71**	0.00000
Genotip	8	33755.15	4219.39	13.34*	0.00000
LokasixGenotip	24	20771.38	865.47	2.74*	0.00080
Galat	64	20236.96	316.20		
Total	107	479639.90			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Berdasarkan analisis ragam gabungan pada Tabel 4.6 dan Tabel 4.7, terdapat interaksi genotip-lokasi, sehingga dilakukan analisis AMMI untuk menguraikan pengaruh interaksi melalui dekomposisi nilai singular.

4.4 Analisis AMMI

Model AMMI yang terbentuk untuk data 1 dan data 2 adalah AMMI 1 dan AMMI 2, artinya pengaruh interaksi genotip-lokasi dapat diterangkan oleh 1 komponen utama interaksi (AMMI 1) dan 2 komponen utama interaksi (AMMI 2). Berikut hasil analisis AMMI tiap peubah asal :

a. Berat umbi (data 1)

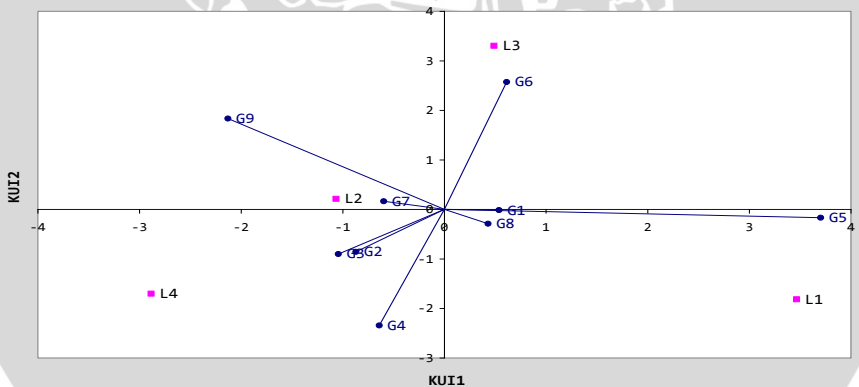
Penguraian nilai singular matriks pengaruh interaksi faktor pada berat umbi menghasilkan tiga komponen utama interaksi : 471.28, 294.33 dan 43.60, dengan keragaman yang dapat diterangkan sebesar 58.24%, 36.37% dan 5.39%. Dua komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata memperlihatkan bahwa berat umbi dapat diterangkan oleh model AMMI 2 keragaman sebesar 94.61%.

Tabel 4.8. Analisis Ragam AMMI 2 Berat umbi Data 1

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	458.29	57.29	2.49*	0.02050
Lokasi	3	1126.11	375.37	16.29*	0.00062
Genotip	8	1638.97	204.87	8.89*	0.00000
LokasixGenotip	24	2427.93	101.16	4.39*	0.00000
KUI1	10	1413.84	141.38	6.14*	0.00000
KUI2	8	882.99	110.37	4.79*	0.00012
Sisaan	6	130.81	21.80	0.96	0.46872
Galat	64	1475.08	23.05		
Total	107	7126.38			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$

Biplot AMMI2 Berat Ubi



Gambar 4.1. Biplot AMMI 2 Berat umbi Data 1

Pada Gambar 4.1 terlihat bahwa G8 konsisten dengan rata-rata hasil 36.591 ton/ha, karena terletak dekat (0.0) dan

memiliki nilai ASV terkecil. Nilai ASV disajikan pada Lampiran 9. Terdapat pula genotip yang menghasilkan rata-rata berat umbi lebih tinggi dari G8, tetapi hanya pada lokasi tertentu. Seperti G5 spesifik di L1 dengan rata-rata berat umbi 48.37 ton/ha, G9 di L2 dengan rata-rata 39.81 ton/ha, G6 di L3 dengan rata-rata 49.72 ton/ha dan G3 spesifik di L4 dengan rata-rata 42.71 ton/ha.

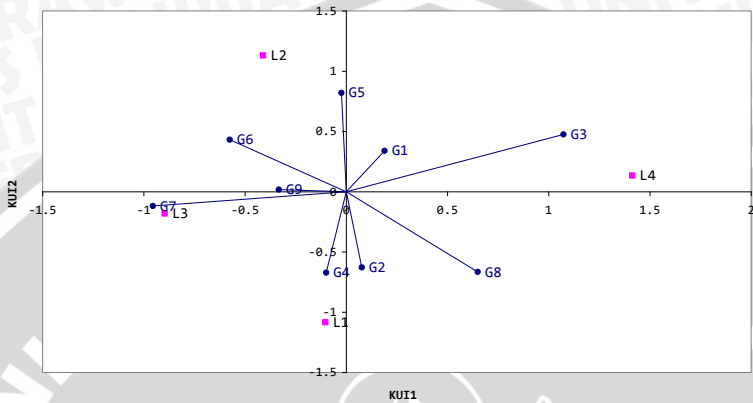
b. Kadar pati (data 1)

Penguraian pengaruh interaksi genotip-lokasi kadar pati diperoleh tiga KUI, yaitu 8.88, 6.27 dan 0.97 dengan kontribusi keragaman 55.09%, 38.90% dan 6%. Metode *postdictive success* menghasilkan 2 komponen interaksi yang berpengaruh nyata pada $\alpha=0.05$, sehingga digunakan model AMMI 2 dengan keragaman sebesar 93.99%. Analisis ragam model AMMI 2 pada kadar pati dapat dilihat pada Tabel 4.9. Genotip yang konsisten di semua lokasi adalah G9 dengan rata-rata kadar pati sebesar 19.226. Gambar 4.2 menunjukkan bahwa G1 cocok bila ditanam di L1, L2 dan L3 dengan rata-rata kadar pati 21.72%, 19.49% dan 21.22% serta G3 spesifik di L4 dengan rata-rata 19.55%.

Tabel 4.9. Analisis Ragam AMMI 2 Kadar Pati Data 1

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	13.555	1.694	1.78	0.09970
Lokasi	3	69.417	23.139	24.26**	0.00000
Genotip	8	501.769	62.721	65.76**	0.00000
LokasixGenotip	24	48.394	2.016	2.11*	0.00925
KUI1	10	26.632	2.663	2.79*	0.00621
KUI2	8	18.806	2.351	2.46*	0.02139
Sisaan	6	2.902	0.484	0.51	0.80063
Galat	64	61.042	0.954		
Total	107	694.178			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Biplot AMMI2 Kadar Pati



Gambar 4.2. Biplot AMMI 2 Kadar Pati Data 1

c. Tinggi tanaman (data 1)

Respons tinggi tanaman menghasilkan tiga KUI: 3326.81, 2134.40 dan 1556.75 dengan proporsi keragaman 47.40%, 30.42% dan 22.18%. Melalui metode *postdictive success* diperoleh satu komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata (nilai-p sebesar 0.06914). Berikut analisis ragam AMMI:

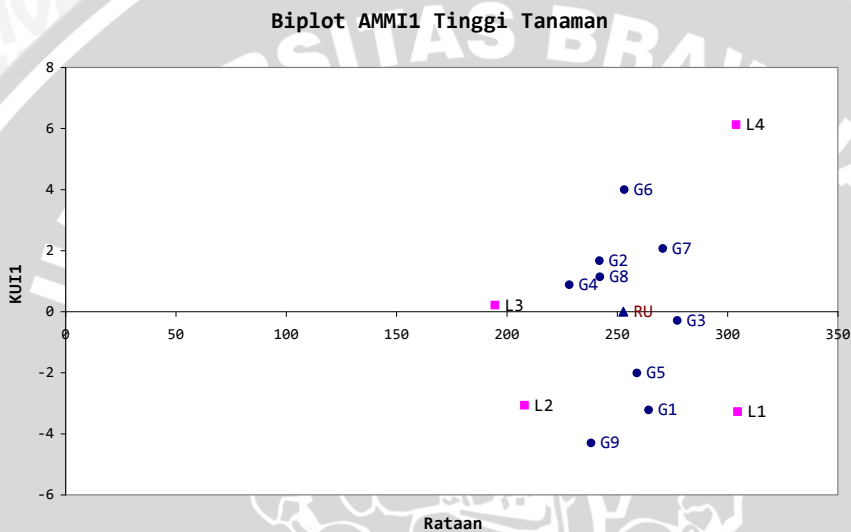
Tabel 4.10. Analisis ragam AMMI 1 tinggi tanaman Data 1

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	65215.90	8152.00	15.00*	0.00000
Lokasi	3	2881472.60	96157.50	176.99**	0.00000
Genotip	8	25640.40	3205.10	5.90*	0.00001
Lokasi*Genotip	24	21053.90	877.20	1.61	0.06386
KUI1	10	9980.44	998.04	1.85	0.06914
Sisaan	14	11073.45	790.96	1.46	0.15200
Galat	64	34579.04	540.30		
Total	107	3027961.84			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$

Analisis ragam model AMMI disajikan pada Lampiran 8. Karena hanya satu komponen utama interaksi yang nyata, maka digunakan model AMMI 1 dengan keragaman 47.40%. G3 merupakan genotip yang bersifat konsisten di semua lokasi

dengan rata-rata hasil 277.2 cm, karena memiliki nilai ASV terkecil. Gambar 4.3 menunjukkan genotip yang berinteraksi positif dengan L3 dan L4 antara lain: G2, G4, G6, G7 dan G8 sedangkan G1, G5 dan G9 berinteraksi positif di L1 dan L2. Genotip yang memberikan hasil paling tinggi di L1, L2 dan L3 adalah G3, sedangkan di L4 adalah G7 dengan rata-rata hasil 334.7 cm.



Gambar 4.3. Biplot AMMI 1 Tinggi Tanaman Data 1

d. Berat umbi (data 2)

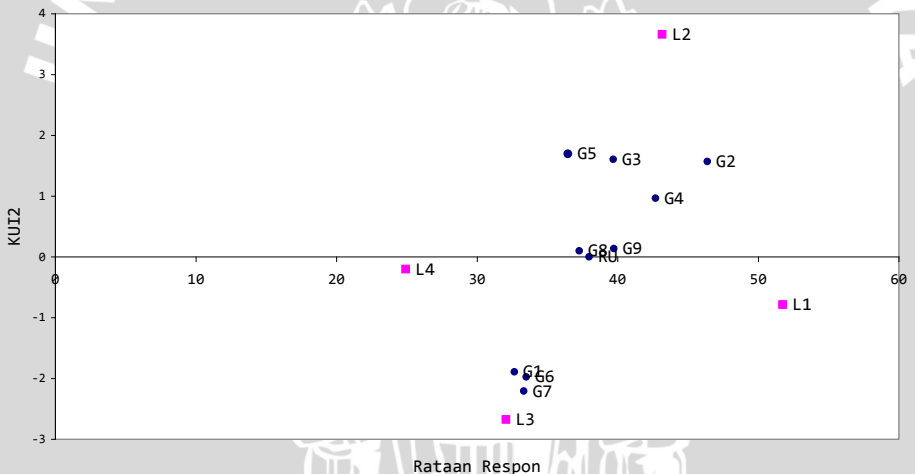
Berat umbi data 2 menghasilkan 3 komponen utama interaksi, yaitu 450.42, 88.93 dan 69.91 dengan kontribusi keragaman sebesar 73.96%, 14.56% dan 11.48%. Melalui metode *postdictive success*, ter-bentuk satu komponen AMMI dengan keragaman sebesar 73.96%. Genotip yang konsisten di semua lokasi adalah G8 dengan rata-rata sebesar 37.27 ton/ha. Rata-rata hasil G8 di bawah rata-rata umum sebesar 37.96%. G2 adalah genotip yang memiliki rata-rata paling tinggi di setiap lokasi, yaitu 58.91, 57.32, 36.27 dan 33.02 ton/ha, namun tidak konsisten.

Tabel 4.11. Analisis Ragam AMMI 1 Berat umbi Data 2

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	305.11	38.14	1.48	0.18371
Lokasi	3	11383.35	3794.45	146.83**	0.00000
Genotip	8	2061.30	257.66	9.97*	0.00000
Lokasi*Genotip	24	1826.43	76.10	2.94*	0.00031
KUI1	10	1351.27	135.13	5.23*	0.00001
Sisaan	14	475.80	33.99	1.32	0.22453
Galat	64	1653.91	25.84		
Total	107	17230.10			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$

Biplot AMMI1 Berat Ubi Kayu



Gambar 4.4. Biplot AMMI 1 Berat umbi Data 2

Gambar 4.4 menjelaskan bahwa genotip yang konsisten di semua lokasi adalah G8, karena memiliki nilai ASV paling kecil dan dekat (0,0) pada biplot. Berdasarkan berat umbi, genotip yang beradaptasi baik di L2 antara lain G2, G3, G4, G5, G8, dan G9 sedangkan genotip G1, G6 dan G7 beradaptasi spesifik di L1, L3 dan L4.

e. Kadar pati (data 2)

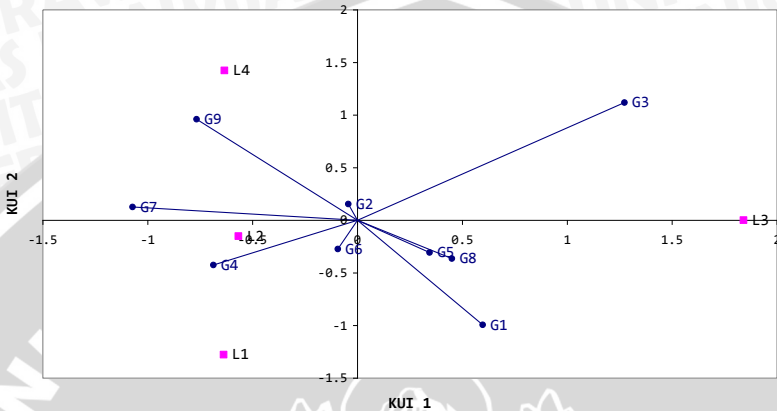
Melalui penguraian dekomposisi nilai singular matriks pengaruh interaksi genotip-lokasi menghasilkan tiga komponen utama interaksi: 20.41, 13.54 dan 1.98 dengan keragaman sebesar 56.78%, 35.69% dan 5.53%. Melalui metode *postdictive success* dihasilkan 2 komponen yang berpengaruh nyata, sehingga digunakan model AMMI 2 dengan keragaman sebesar 92.47%. Biplot kadar pati pada Gambar 4.5 menunjukkan bahwa G2 merupakan genotip yang konsisten di semua lokasi dengan rata-rata hasil sebesar 18.373%. G7 memberikan hasil tinggi di L1, L2, dan L4 dengan rata-rata sebesar 19.50%, 23.39%, dan 21.65% serta G8 di L3 dengan rata-rata sebesar 20.34%. Berikut analisis ragam AMMI:

Tabel 4.12. Analisis Ragam AMMI 1 Kadar Pati Data 2

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	23.16	2.90	1.31	0.25715
Lokasi	3	217.78	72.59	32.72**	0.00000
Genotip	8	386.07	48.26	21.75**	0.00000
Lokasi*Genotip	24	107.94	4.50	2.03*	0.01312
KUI1	10	61.23	6.12	2.76*	0.00675
KUI2	8	40.70	5.08	2.29*	0.03168
Sisaan	6	6.00	3.33	1.50	0.84357
Galat	64	141.98	2.22		
Total	107	876.94			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$

Biplot AMMI 2 Kadar Pati



Gambar 4.5. Biplot AMMI 2 Kadar Pati Data 2

f. Tinggi tanaman (data 2)

Pengaruh interaksi diuraikan menjadi 3 nilai eigen: 4020.95, 2336.08 dan 566.63 dengan keragaman sebesar 58.08%, 33.74% dan 8.18%. Genotip, lokasi dan interaksi genotip-lokasi memiliki pengaruh nyata pada $\alpha=0.05$. Pengaruh interaksi diuraikan menjadi 3 komponen utama interaksi. Pengujian komponen interaksi dilakukan melalui uji F pada analisis ragam AMMI pada Tabel 4.13. Dari hasil pengujian diperoleh dua komponen utama interaksi berpengaruh nyata, sehingga digunakan model AMMI 2 dengan keragaman sebesar 91.82%. Biplot AMMI 2 dapat dilihat pada Gambar 4.6.

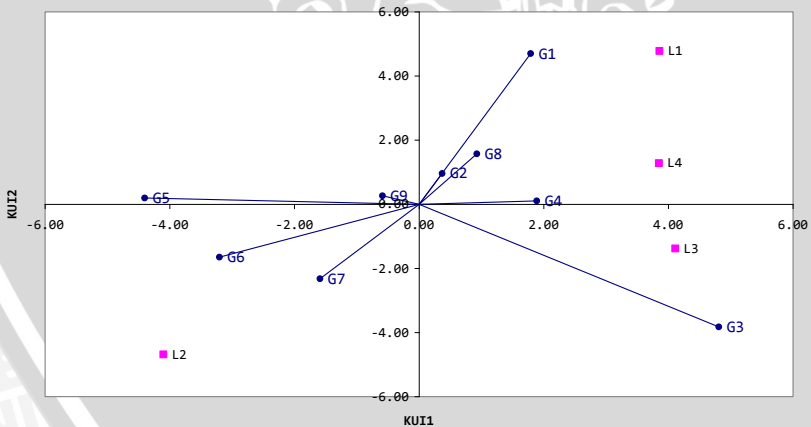
Tabel 4.13. Analisis Ragam AMMI 2 Tinggi Tanaman Data 2

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	8634.92	1079.37	3.41*	0.00254
Lokasi	3	396241.56	132080.52	417.71**	0.00000
Genotip	8	33755.15	4219.39	13.34*	0.00000
Lokasi*Genotip	24	20771.38	865.47	2.74*	0.00080
KUI1	10	12062.85	1206.29	3.81*	0.00050
KUI2	8	7008.24	876.03	2.77*	0.01132
Sisaan	6	2699.89	449.98	1.42	0.51117
Galat	64	20236.96	316.20		
Total	107	479639.97			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$

Gambar 4.6 menjelaskan bahwa G9 konsisten dan mampu beradaptasi baik di semua lokasi dengan rata-rata hasil 220.3 cm. Hal ini terlihat dari posisi G9 dekat (0,0) serta memiliki nilai ASV terkecil (disajikan pada Lampiran 9). G1 merupakan genotip yang spesifik dan berdaya hasil tinggi di L1, L3 dan L4, dengan rata-rata hasil sebesar 357.9, 233.7 dan 214.0 cm sedangkan G5 di L2 dengan rata-rata hasil 329.2 cm.

Biplot AMMI 2 Tinggi Tanaman Ubi Kayu



Gambar 4.6. Biplot AMMI 2 Tinggi Tanaman Data 2

4.5 Korelasi antar Peubah

Tingkat adaptasi ubi kayu pada penelitian ini diperoleh dari penggabungan tiga peubah: berat umbi, kadar pati dan tinggi tanaman. Berikut keamatan hubungan antar peubah:

Tabel 4.14. Korelasi antar peubah pada data 1

Peubah	Berat umbi		Kadar pati		Tinggi tanaman	
	Korelasi	Nilai-p	Korelasi	Nilai-p	Korelasi	Nilai-p
Berat umbi	1.000	0.000	0.286	0.003	0.147	0.129
Kadar pati	0.286	0.003	1.000	0.000	0.272	0.004
Tinggi tanaman	0.147	0.129	0.272	0.004	1.000	0.000

Terlihat pada Tabel 4.14, koefisien korelasi antar peubah bernilai positif, artinya hubungan antar peubah searah. Kadar pati memiliki hubungan yang erat dengan berat umbi dan tinggi tanaman, dengan koefisien korelasi sebesar 0.286 dan 0.272. Artinya, semakin tinggi kadar pati ubi kayu maka semakin berat umbi serta semakin tinggi tanaman. Korelasi antara berat umbi dengan tinggi tanaman memiliki nilai signifikansi sebesar 0.129, sehingga dapat dikatakan bahwa tinggi tanaman tidak menentukan kadar pati ubi kayu tersebut.

Tabel 4.15. Korelasi antar respons pada data 2

Respons	Berat umbi		Kadar pati		Tinggi tanaman	
	Korelasi	Nilai-p	Korelasi	Nilai-p	Korelasi	Nilai-p
Berat umbi	1.000	0.000	-0.233	0.015	0.681	0.000
Kadar pati	-0.233	0.015	1.000	0.000	-0.044	0.653
Tinggi tanaman	0.681	0.000	-0.044	0.653	1.000	0.000

Korelasi antar peubah pada data 2 dapat dilihat pada Tabel 4.15. Berat umbi memiliki koefisien korelasi rendah dengan kadar pati, walaupun nilai-p < 0.05 sehingga dikatakan bahwa tidak ada hubungan antar dua peubah tersebut. Korelasi antara berat umbi dengan tinggi tanaman sebesar 0.681, artinya semakin berat umbi

maka semakin tinggi ubi kayu. Pada data 2, korelasi antara kadar pati dengan tinggi tanaman memiliki nilai signifikansi sebesar 0.653 dan nilai korelasi yang kecil, sehingga dapat dikatakan bahwa kadar pati dan tinggi tanaman tidak saling bergantung.

4.6 Penggabungan Respons

Penggabungan respons dilakukan untuk efisiensi analisis, di mana analisis AMMI biasa dilakukan pada respons daya hasil dan melalui penggabungan respons diharapkan faktor-faktor seperti berat umbi, tinggi tanaman dan lain-lain dapat diikutsertakan dalam menentukan genotip yang konsisten pada berbagai kondisi lingkungan berbeda. Indeks Penampilan Tanaman (IPT) diperoleh melalui penggabungan respons. Metode yang digunakan adalah metode penyamaan kisaran (IPT1) dan pembobot komponen utama yang terdiri dari semua komponen utama (IPT2), beberapa komponen dengan kontribusi keragaman $\geq 75\%$ (IPT3) dan komponen utama pertama (IPT4).

4.6.1 Metode Penyamaan Kisaran

Berikut merupakan fungsi dari SDII setiap peubah :

a. Data 1

$$\text{Berat umbi} : SDII_1 = \frac{Y_{ba} - 15.885}{54.167 - 15.885}$$

$$\text{Kadar pati} : SDII_2 = \frac{Y_{ba} - 10.13}{22.45 - 10.13}$$

$$\text{Tinggi tanaman} : SDII_3 = \frac{Y_{ba} - 148}{421 - 148}$$

b. Data 2

$$\text{Berat umbi} : SDII_1 = \frac{Y_{ba} - 15.000}{65.208 - 15.000}$$

$$\text{Kadar pati} : SDII_2 = \frac{Y_{ba} - 11.60}{24.52 - 11.60}$$

$$\text{Tinggi tanaman} : SDII_3 = \frac{Y_{ba} - 140}{367 - 140}$$

Respons gabungan diperoleh dari rata-rata SDII setiap peubah asal, respons gabungan dan SDII disajikan pada Lampiran 10.

$$IPT1 = \sum_{b=1}^3 \frac{SDII_b}{3}$$

4.6.2 Metode Pembobot Komponen Utama

Berikut hasil analisis komponen utama:

1. Data 1

Nilai eigen	1.476	0.852	0.672
Persentase keragaman	49.19	28.41	22.39
Persentase keragaman kumulatif	49.19	77.60	100.00
Variabel	KU1	KU2	KU3
Berat umbi (X1)	0.55102	-0.68237	-0.48036
Kadar pati (X2)	0.63878	-0.02550	0.76896
Tinggi tanaman (X3)	0.53697	0.73056	-0.42183

2. Data 2

Nilai eigen	1.734	0.973	0.293
Persentase keragaman	57.80	32.44	9.75
Persentase keragaman kumulatif	57.80	90.24	100.00
Variabel	KU1	KU2	KU3
Berat umbi (X1)	0.69975	-0.04793	0.71277
Kadar pati (X2)	-0.26195	-0.94546	0.19359
Tinggi tanaman (X3)	0.66462	-0.32218	-0.67415

Penggabungan respons menggunakan komponen utama sebagai pembobot dibedakan menjadi 3, yaitu:

1. Semua komponen utama (IPT2)
2. Beberapa komponen utama (IPT3)
3. Komponen utama pertama (IPT4)

IPT2 merupakan respons gabungan dengan semua komponen utama sebagai pembobot:

1. Data 1

$$\text{Berat umbi (W}_1\text{): } W_1 = \sqrt{\frac{0.55102^2}{1.476} + \frac{-0.68237^2}{0.852} + \frac{-0.48036^2}{0.672}} = 1.0467$$

$$\text{Kadar pati (W}_2\text{)} : W_2 = \sqrt{\frac{0.63878^2}{1.476} + \frac{-0.02550^2}{0.852} + \frac{0.76896^2}{0.672}} = 1.0757$$

$$\text{Tinggi (W}_3\text{)} : W_3 = \sqrt{\frac{0.53697^2}{1.476} + \frac{0.73056^2}{0.852} + \frac{-0.42183^2}{0.672}} = 1.0424,$$

sehingga diperoleh respons gabungan:

$$IPT2 = 1.0467Z_1 + 1.0757Z_2 + 1.0424Z_3$$

2. Data 2

$$\text{Berat umbi (W}_1\text{)} : W_1 = \sqrt{\frac{0.69975^2}{1.734} + \frac{-0.04793^2}{0.973} + \frac{0.71277^2}{0.293}} = 1.4208$$

$$\text{Kadar pati (W}_2\text{)} : W_2 = \sqrt{\frac{-0.26195^2}{1.734} + \frac{-0.94546^2}{0.973} + \frac{0.19359^2}{0.293}} = 0.7267$$

$$\text{Tinggi (W}_3\text{)} : W_3 = \sqrt{\frac{0.66462^2}{1.734} + \frac{-0.32218^2}{0.973} + \frac{-0.67415^2}{0.293}} = 0.9470,$$

dan respons gabungan:

$$IPT2 = 1.4208Z_1 + 0.7267Z_2 + 0.9470Z_3$$

Pembentukan IPT3 dilakukan sebagaimana IPT2. Karena keragaman sebesar 75% dapat dijelaskan hanya dengan dua komponen utama, maka digunakan dua komponen sebagai pembobot. Berikut perhitungan bobot setiap peubah pada IPT3:

1. Data 1

$$\text{Berat umbi (W}_1\text{)} : W_1 = \sqrt{\frac{0.55102^2}{1.476} + \frac{-0.68237^2}{0.852}} = 0.8673$$

$$\text{Kadar pati (W}_2\text{)} : W_2 = \sqrt{\frac{0.63878^2}{1.476} + \frac{-0.02550^2}{0.852}} = 0.5265$$

$$\text{Tinggi tanaman (W}_3\text{)} : W_3 = \sqrt{\frac{0.53697^2}{1.476} + \frac{0.73056^2}{0.852}} = 0.9065,$$

sehingga diperoleh respons gabungan:

$$IPT3 = 0.8673Z_1 + 0.5265Z_2 + 0.9065Z_3$$

2. Data 2

$$\text{Berat umbi } (W_1) : W_1 = \sqrt{\frac{0.69975^2}{1.734} + \frac{-0.04793^2}{0.973}} = 0.5336$$

$$\text{Kadar pati } (W_2) : W_2 = \sqrt{\frac{-0.26195^2}{1.734} + \frac{-0.94546^2}{0.973}} = 0.7180$$

$$\text{Tinggi tanaman } (W_3) : W_3 = \sqrt{\frac{0.66462^2}{1.734} + \frac{-0.32218^2}{0.973}} = 1.2387$$

IPT3 didapat dari:

$$IPT3 = 0.5336Z_1 + 0.7180Z_2 + 1.2387Z_3$$

Respons gabungan juga dapat dibentuk dengan menggunakan komponen utama pertama sebagai pembobot. Berikut pembentukan IPT4 :

1. Data 1

$$IPT4 = 0.55102Z_1 + 0.63878Z_2 + 0.53697Z_3$$

2. Data 2

$$IPT4 = 0.69975Z_1 - 0.26195Z_2 + 0.66462Z_3$$

Koefisien korelasi menentukan besar dan tanda bobot. Hasil penggabungan respons dengan pembobot komponen utama disajikan pada Lampiran 12.

4.7 Analisis AMMI Respons Gabungan

Untuk respons gabungan dengan metode penyamaan kisaran model AMMI yang terbentuk adalah model AMMI 1 dan AMMI 2, sedangkan pada metode pembobot kompoen utama dapat membentuk model AMMI 3. Hal ini berkaitan dengan informasi yang digunakan dalam pembentukan respons gabungan. Untuk metode penyamaan kisaran hanya digunakan deskriptif data peubah asal, yaitu statistik minimum dan maksimum sedangkan untuk

metode pembobot komponen utama memperhitungkan keeratan hubungan antar peubah asal. Oleh karena itu, keragaman interaksi genotip-lokasi yang dijelaskan metode komponen utama lebih efisien daripada metode penyamaan kisaran bila antar peubah saling berkorelasi. Untuk peubah yang tidak berkorelasi atau memiliki korelasi rendah sebaiknya menggunakan metode penyamaan kisaran untuk efisiensi analisis.

Sebelum dilakukan analisis ragam AMMI, dilakukan pengujian analisis ragam gabungan dengan hasil disajikan pada Lampiran 13. Model AMMI yang diperoleh dari

Berikut hasil analisis AMMI tiap respons gabungan:

1. Data 1

Tabel 4.16. Analisis ragam AMMI untuk IPT1 data 1

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	0.2575	0.03219	9.80*	0.00000
Lokasi	3	0.8801	0.29336	9.11*	0.00004
Genotip	8	0.8695	0.10868	33.08**	0.00000
Lokasi*Genotip	24	0.2671	0.01113	3.39*	0.00005
KUI1	10	0.1155	0.01155	3.52*	0.00097
KUI2	8	0.1071	0.01338	4.07*	0.00057
KUI3	6	0.0445	0.00742	2.26*	0.04857
Galat	64	0.2103	0.00329		
Total	107	2.4845			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Tampak pada Tabel 4.16 dan Tabel 4.17, genotip, lokasi, kelompok dan interaksi genotip-lokasi berpengaruh terhadap respons gabungan. Artinya, setiap genotip menghasilkan berat umbi, kadar pati dan tinggi tanaman yang berbeda di setiap lokasi. Melalui metode *postdictive success*, diperoleh 3 komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata pada IPT1, IPT2 dan IPT4, sehingga digunakan model AMMI sedangkan pada IPT3 digunakan model AMMI 2.

Tabel 4.17. Analisis ragam AMMI untuk IPT2 – IPT4 data 1

IPT2					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	50.4	6.30	8.99*	0.00000
Lokasi	3	175.5	58.50	9.29*	0.00003
Genotip	8	197.9	24.73	35.33**	0.00000
Lokasi*Genotip	24	57.6	2.40	3.43*	0.00004
KUI1	10	25.5	2.55	3.64*	0.00070
KUI2	8	22.7	2.83	4.04*	0.00061
KUI3	6	9.5	1.58	2.25*	0.04905
Galat	64	44.8	0.70		
Total	107	526.2			
IPT3					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	34.55	4.319	10.10*	0.00000
Lokasi	3	103.13	34.375	7.96*	0.00014
Genotip	8	77.73	9.716	22.72**	0.00000
Lokasi*Genotip	24	35.97	1.499	3.51*	0.00003
KUI1	10	17.23	1.723	4.03*	0.00026
KUI2	8	13.60	1.700	3.98*	0.00071
Sisaan	6	5.15	0.858	2.01	0.07775
Galat	64	27.36	0.428		
Total	107	278.74			
IPT4					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	13.91	1.739	8.53*	0.00000
Lokasi	3	50.66	16.886	9.71*	0.00002
Genotip	8	63.74	7.967	39.10**	0.00000
Lokasi*Genotip	24	16.57	0.690	3.39*	0.00005
KUI1	10	7.59	0.759	3.73*	0.00056
KUI2	8	6.17	0.771	3.78*	0.00109
KUI3	6	2.81	0.481	2.30*	0.04532
Galat	64	13.04	0.204		
Total	107	157.91			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Tabel berikut memberikan informasi tentang genotip yang konsisten untuk tiap respons gabungan :

Tabel 4.18. Genotip yang konsisten dan spesifik pada lokasi tertentu untuk respons gabungan data 1

Respons Gabungan	Genotip yang konsisten	Genotip yang spesifik pada lokasi tertentu			
		L1	L2	L3	L4
IPT1	G1,G8	-	G7	G9	G3
IPT2	G2,G8	-	G6,G7	G6,G7	G3
IPT3	G7,G8	G1,G5	G9	G6	G2,G3
IPT4	G2,G8	-	G4	G4	-

Berdasarkan Tabel 4.18, genotip yang konsisten di semua lokasi adalah G8. Berdasarkan respons gabungan IPT2 dan IPT4, kondisi L2 dan L3 sama, hal ini dilihat dari kesamaan genotip yang beradaptasi secara spesifik di dua lokasi tersebut.

2. Data 2

Tabel 4.19. Analisis ragam AMMI untuk IPT1 data 2

Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	0.1076	0.01345	3.14*	0.00463
Lokasi	3	2.4480	0.81600	60.66**	0.00000
Genotip	8	0.1911	0.02388	5.58*	0.00002
Lokasi*Genotip	24	0.1899	0.00791	1.85*	0.02684
KUI1	10	0.0944	0.00944	2.21*	0.02836
KUI2	8	0.0824	0.01030	2.41*	0.02451
Sisaan	6	0.0130	0.00217	0.51	0.80046
Galat	64	0.2740	0.00428		
Total	107	3.2105			

Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$

Hasil analisis ragam pada Tabel 4.19 dan Tabel 4.20 menunjukkan bahwa pengaruh interaksi genotip-lokasi nyata terhadap respons gabungan dengan metode pembobot komponen utama. Hal ini menunjukkan terdapat perbedaan rata-rata respons gabungan dari suatu genotip yang ditanam pada lokasi yang berbeda. Penguraian matriks pengaruh interaksi menghasilkan 3 nilai eigen bukan nol yang disajikan pada Lampiran 16. Melalui metode

postdictive success, hanya ada 2 komponen utama interaksi yang berpengaruh nyata terhadap IPT1, IPT3 dan IPT4, sehingga digunakan model AMMI 2 sedangkan pada IPT2 digunakan AMMI 1. Tabel 4.20. Analisis ragam AMMI untuk IPT2-IPT4 data 2

IPT2					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	15.5	1.93	2.83*	0.00937
Lokasi	3	397.0	132.32	68.46**	0.00000
Genotip	8	20.3	2.53	3.71*	0.00129
Lokasi*Genotip	24	30.2	1.26	1.84*	0.02748
KUI1	10	19.2	1.92	2.81*	0.00603
Sisaan	14	11.0	0.79	1.15	0.33177
Galat	64	43.7	0.68		
Total	107	506.5			
IPT3					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	10.28	1.285	3.47*	0.00219
Lokasi	3	243.07	81.024	63.05**	0.00000
Genotip	8	22.74	2.834	7.69*	0.00000
Lokasi*Genotip	24	18.92	0.788	2.13*	0.00860
KUI1	10	10.12	1.012	2.74*	0.00725
KUI2	8	7.36	0.920	2.49*	0.02047
Sisaan	6	1.44	0.241	0.65	0.68903
Galat	64	23.67	0.370		
Total	107	318.69			
IPT4					
Sumber Keragaman	DB	JK	KT	Fhit	Nilai-p
Kelompok(Lokasi)	8	2.11	0.264	1.84	0.08597
Lokasi	3	156.11	52.038	197.42**	0.00000
Genotip	8	9.08	1.136	7.92*	0.00000
Lokasi*Genotip	24	9.07	0.378	2.64*	0.00109
KUI1	10	5.40	0.540	3.77*	0.00051
KUI2	8	2.45	0.307	2.14*	0.04462
Sisaan	6	1.21	0.202	1.41	0.22547
Galat	64	9.18	0.143		
Total	107	185.55			
Keterangan : (*) nyata pada $\alpha=5\%$ dan (**) nyata pada $\alpha=1\%$					

Biplot AMMI disajikan pada Lampiran 15. Pada IPT2, G8 memiliki nilai ASV terkecil sehingga dikatakan bersifat konsisten di semua lokasi. Genotip yang berinteraksi positif di L2 dan L4: G2, G3, G4, G5, G8 dan G9 sedangkan di L1 dan L3 adalah G1, G6 dan G7. Genotip yang konsisten dari IPT1, IPT3 dan IPT4 adalah G8, G7 dan G4. Genotip yang spesifik pada lokasi tertentu disajikan pada Tabel 4.21.

Tabel 4.21. Hasil genotip yang konsisten dan spesifik pada lokasi tertentu untuk respons gabungan data 2

Respons Gabungan	Genotip yang konsisten	Genotip yang spesifik pada lokasi tertentu			
		L1	L2	L3	L4
IPT1	G8,G9	G6	G5	G1	G7
IPT2	G8,G9	-	-	-	-
IPT3	G2,G4,G7,G8,G9	-	-	-	G3
IPT4	G4,G6	G3	G1	G2	G9

Tabel 4.21 memperlihatkan genotip yang mampu beradaptasi dengan baik di semua lokasi adalah G8. Respons gabungan IPT2 tidak dapat menentukan genotip yang beradaptasi spesifik di lokasi tertentu, karena model AMMI yang digunakan adalah AMMI 1. Pada IPT3 ada 5 genotip yang bersifat konsisten.

4.8 Perbandingan Metode dalam Penentuan Genotip Konsisten

Terlihat pada Tabel 4.22 dan Tabel 4.23 bahwa metode penyamaan kisaran dan metode pembobotan komponen utama (IPT2-IPT4) dapat diterapkan pada tiga respons. Metode penyamaan kisaran lebih sesuai pada tinggi dan berat umbi, hal ini dikarenakan metode ini hanya menggunakan informasi deskriptif dalam pembentukan respons gabungan. Untuk metode pembobotan komponen utama lebih tepat terhadap tiga respons, karena metode ini tidak bergantung pada magnitud nilai respons, melainkan bergantung pada keeratan (korelasi) antar respons.

Tabel berikut memperlihatkan genotip yang konsisten baik dari respons asal maupun respons gabungan:

Tabel 4.22. Tabulasi genotip yang konsisten pada data 1

Genotip	Data Asal			Data Gabungan			
	Berat	Kadar	Tinggi	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
G1	X	X		X*			
G2	X				X	X	X
G3			X*				
G4			X				
G5							
G6							
G7	X					X	
G8	X*		X	X	X*	X*	X*
G9		X*					

Keterangan : X = Konsisten; X*= Konsisten dan ASV paling kecil

Tabel 4.23. Tabulasi genotip yang konsisten pada data 2

Genotip	Data Asal			Data Gabungan			
	Berat	Kadar	Tinggi	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
G1							
G2		X*	X			X	
G3							
G4			X			X	X*
G5		X					
G6		X					X
G7						X*	
G8	X*	X	X	X*	X*	X	
G9	X		X*	X	X	X	

Keterangan : X = Konsisten; X*= Konsisten dan ASV paling kecil

Kemampuan respons gabungan dalam mewakili peubah asal juga dapat dilihat dari korelasi antara respons gabungan dengan peubah asal. Respons gabungan dengan setiap peubah asal memiliki korelasi yang cukup erat, hal ini terlihat pada besarnya korelasi dan nilai $p < 0.05$ seperti tersaji di bawah ini:

Tabel 4.24. Korelasi antara respons gabungan dengan respons peubah asal (data1)

Respons		IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
Berat umbi	Korelasi	0.671	0.680	0.714	-0.669
	Nilai-p	0.000	0.000	0.000	0.000
Kadar pati	Korelasi	0.725	0.748	0.633	-0.776
	Nilai-p	0.000	0.000	0.000	0.000
Tinggi tanaman	Korelasi	0.703	0.671	0.729	-0.652
	Nilai-p	0.000	0.000	0.000	0.000

Tabel 4.25. Korelasi antara respons gabungan dengan respons peubah asal (data2)

Respons		IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
Berat umbi	Korelasi	0.774	0.871	0.701	-0.921
	Nilai-p	0.000	0.000	0.000	0.000
Kadar pati	Korelasi	0.228	0.163	0.313	0.345
	Nilai-p	0.002	0.093	0.001	0.000
Tinggi tanaman	Korelasi	0.881	0.865	0.910	-0.875
	Nilai-p	0.000	0.000	0.000	0.000

Pembobotan beberapa komponen utama (IPT3) adalah metode terbaik dalam menggabungkan respons, karena memiliki korelasi erat dengan peubah asal. Peubah yang berkorelasi erat dengan yang lain dianalisis dengan metode komponen utama pertama. Dalam penelitian menentukan genotip ubi kayu yang unggul berdasarkan beberapa respons, kadar pati (data 1) berkorelasi tinggi dengan berat umbi dan tinggi tanaman dan berat umbi (data 2) memiliki korelasi yang paling besar dengan kadar pati dan tinggi tanaman.

4.9 Analisis Procrustes

Tabel 4.26 dan Tabel 4.27 memperlihatkan bahwa metode penyamaan kisaran dan pembobot komponen utama dapat diterapkan pada peubah asal dengan baik. Hal ini terlihat dari nilai R^2 pada hasil analisis procrustes, bernilai antara 98.30-99.67%. Pembobotan beberapa komponen utama (IPT3) adalah metode terbaik karena menghasilkan nilai R^2 tertinggi. Namun, pada kadar pati (data 1) dan berat umbi (data 2), metode yang baik adalah pembobotan komponen

utama pertama. Hal ini dikarenakan kadar pati dan berat umbi memiliki korelasi paling erat dengan peubah lain, sehingga indeks penampilan tanaman sesuai bila hanya menggunakan komponen utama pertama sebagai pembobot. Meskipun menggunakan informasi deskriptif dari data, metode penyamaan kisaran mampu diterapkan pada peubah asal.

Hasil analisis *procrustes* disajikan pada Lampiran 20, berikut tabel ringkasan:

Tabel 4.26. Hasil analisis *procrustes* data 1

Respons		IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
Berat umbi	R ²	98.78	98.74	99.11	98.66
	RMSE	8.2411	8.3452	7.0428	8.6356
Kadar pati	R ²	99.56	99.62	99.42	99.67
	RMSE	2.3364	2.1487	2.6868	2.0236
Tinggi tanaman	R ²	99.61	99.64	99.66	99.63
	RMSE	32.3035	31.1334	30.0290	31.4607

Tabel 4.27. Hasil analisis *procrustes* data 2

Respons		IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
Berat umbi	R ²	98.30	98.75	98.38	98.97
	RMSE	10.3850	8.8936	10.1224	8.0782
Kadar pati	R ²	99.38	99.18	99.52	99.43
	RMSE	2.8303	3.2873	2.5025	2.7255
Tinggi tanaman	R ²	99.39	99.50	99.56	99.35
	RMSE	39.2611	35.7420	33.4660	40.5558

Bila IPT1 dibandingkan dengan IPT2, terdapat dua peubah yang lebih tepat menggunakan metode penyamaan kisaran, yaitu berat umbi data 1 dan kadar pati data 2. Karena dua peubah tersebut memiliki korelasi yang rendah dengan peubah lain. Kadar pati data 1 lebih tepat menggunakan metode penyamaan kisaran dibandingkan metode pembobot beberapa komponen utama, karena sebagian besar hasil kadar pati lebih besar dari rata-rata umum atau sebaran data menjulur ke kanan. Hal ini dilihat dari nilai *skewness* -0.56. Berdasarkan nilai R² pada berat umbi data 1 dan tinggi tanaman data

2, IPT1 lebih baik daripada IPT4 karena peubah tersebut tidak berkorelasi dengan peubah lain.

Untuk metode pembobot komponen utama, yang paling baik adalah pembobot beberapa komponen (IPT3) dengan keragaman $> 75\%$. Hal ini dilihat dari nilai R^2 dan RMSE hasil analisis procrustes. Namun, untuk kadar pati data 1 dan berat umbi data 2, metode yang paling baik adalah pembobot komponen utama pertama. Hal ini dikarenakan dua peubah tersebut memiliki hubungan yang erat dengan peubah lain.



BAB V PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut :

1. Analisis AMMI pada peubah asal menghasilkan model AMMI 2 dan AMMI 1, sedangkan pada respons gabungan menghasilkan model AMMI 1, AMMI 2 dan AMMI 3.
2. Berdasarkan hasil analisis procrustes, metode penyamaan kisaran dan metode komponen utama mampu mewakili beberapa peubah asal. Metode penggabungan yang efisien adalah metode pembobot beberapa komponen utama (IPT3). Varietas yang konsisten dan mampu beradaptasi dengan baik di Lumajang, Genteng, Tegi, Sulu dan Peka adalah ADIRA 4. Genotip yang konsisten dan mampu menyaingi varietas unggul yang sudah dilepas adalah CMM99008-3 dan OMM9908-4 untuk ditanam pada lokasi Lumajang, Tegi, Sulu dan Peka serta OMM9908-4, CMM99023-12 dan CMM99023-4 cocok ditanam di Lumajang, Genteng, Tegi dan Sulu. Pada data 1, OMM9904-111 spesifik di Lumajang, KASPRO di Tegi, UJ5 di Sulu dan OMM9904-70 di Peka. Untuk Lumajang dan Tegi memiliki kondisi yang sama dan baik ditanami CMM99008-3, sedangkan UJ5 spesifik di Genteng dan Sulu.

5.2 Saran

Saran yang dapat disampaikan antara lain:

1. Untuk menentukan genotip yang konsisten di berbagai lokasi sebaiknya ditinjau berdasarkan beberapa faktor agar hasil yang diperoleh lebih efisien. Analisis statistika yang digunakan AMMI berdasarkan respons gabungan.
2. Metode penyamaan kisaran baik digunakan apabila antar peubah asal memiliki korelasi rendah (< 0.25), sebaliknya gunakan metode pembobot komponen utama.
3. Disarankan kepada peneliti lain agar membandingkan metode pembobot beberapa komponen utama dengan metode jarak *Hotelling*, serta menerapkan metode respon gabungan pada peubah asal yang memiliki skala berbeda.

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



DAFTAR PUSTAKA

- Abeyasekera, S. 2005. *Multivariate methods for index construction*. The University of Reading, U.K.
- Crossa, J. 1990. *Statistical Analyses of Multilocation Trials*. Advances in Agronomy, Vol. 44.
- Daniel, W.D. 1989. *Statistika Nonparametrik Terapan*. PT.Gramedia. Jakarta.
- Draper, N.R dan H. Smith. 1992. *Analisis Regresi Terapan*. Alih Bahasa : Bambang Sumantri. PT Gramedia Pustaka Utama. Jakarta.
- Farshadfar, E. 2008. *Incorporation of AMMI Stability Value and Grain Yield in a Single Non-Parametric Index (GSI) in Bread Wheat*. Journal of Biological Science. Asian Network for Scientific Information. Pakistan.
- Gauch, H.G. 1988. *Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction*. Biometrics 44.
- Gauch, H.G. and R.W.Zobel. 1988. *Predictive and Postdictive Success of Statistical Analysis of Yield Trials*. Theor Appl Genet 76.
- Hadi, A.F dan H. Sa'diyah. 2004. *Model AMMI untuk Analisis Interaksi Genotipe Lokasi*. Ilmu Dasar Vol. 5 No. I. IPB Press. Bogor.
- Hanafiah, K.A. 1991. *Rancangan Percobaan* Ed.1 Cet.1. Rajawali. Jakarta.
- Kundu, A. 2004. *ICT and Human Development: Towards Building a Composite Index for Asia*, Realising the Millenium Development Goals. Elseiver. New Delhi.

- Mattjik, A.A. 1998. *Aplikasi Analisis Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UIAG) pada Data Simulasi*. Forum Statistika dan Komputasi Vol.3 No.1, April 1996. IPB Press. Bogor.
- Mattjik, A.A dan I.M Sumertajaya. 2006. *Perancangan Percobaan*. IPB Press. Bogor.
- Montgomery, D.C. 1984. *Design and Analyses of Experiments*. John Wiley and Sons, Inc. Singapore.
- Sa'diyah, H. 2003. *Analisis Multilokasi dengan Multirespon Menggunakan AMMI [skripsi]*. Fakultas MIPA, IPB. Bogor.
- Sumertajaya, I.M. 2005. *Kajian Pengaruh Inter Blok dan Interaksi pada Uji Lokasi Ganda dan Respon Ganda [disertasi]*. Fakultas MIPA, IPB. Bogor.
- Sumertajaya, I.M. 2007. *Analisis Statistik Interaksi Genotipe dengan Lingkungan*. Departemen Statistik. Fakultas MIPA, IPB. Bogor.
- Yitnosumarto, S. 1991. *Percobaan Perancangan, Analisis, dan Interpretasinya*. Gramedia. Jakarta.

LAMPIRAN

Lampiran 1. Hasil penelitian ubi kayu

1. Gugus data 1

a. Lokasi Lumajang (L1)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L1	1	35.938	19.56	278
G2	L1	1	37.865	18.99	221
G3	L1	1	42.188	17.47	223
G4	L1	1	23.750	14.45	180
G5	L1	1	47.500	16.79	247
.
G6	L1	3	48.021	16.79	337
G7	L1	3	47.344	21.71	375
G8	L1	3	41.771	19.56	358
G9	L1	3	33.125	21.71	302

b. Lokasi Tegi (L2)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L2	1	33.802	18.29	219
G2	L2	1	33.021	15.45	210
G3	L2	1	38.750	18.16	257
G4	L2	1	33.490	11.60	222
G5	L2	1	24.740	16.79	233
.
G6	L2	3	32.552	14.14	165
G7	L2	3	29.583	19.56	185
G8	L2	3	25.938	15.45	189
G9	L2	3	40.521	18.16	217

c. Lokasi Sulu (L3)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L3	1	33.854	19.56	181
G2	L3	1	32.813	19.27	154
G3	L3	1	42.857	19.27	188
G4	L3	1	27.083	13.49	148
G5	L3	1	27.604	16.11	175
.
G6	L3	3	50.000	15.45	198
G7	L3	3	40.625	20.99	233
G8	L3	3	39.583	18.16	196
G9	L3	3	53.125	20.99	197

d. Lokasi Peka (L4)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L4	1	33.125	17.88	320
G2	L4	1	42.292	15.45	308
G3	L4	1	41.615	18.16	343
G4	L4	1	31.719	12.86	265
G5	L4	1	23.281	18.16	300
.
G6	L4	3	32.708	13.62	365
G7	L4	3	36.042	18.85	337
G8	L4	3	31.719	20.27	290
G9	L4	3	39.844	19.56	258

2. Gugus data 2

a. Lokasi Lumajang (L1)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L1	1	53.409	18.16	366
G2	L1	1	57.955	14.79	280
G3	L1	1	56.875	14.14	288
G4	L1	1	55.795	12.86	305
G5	L1	1	39.688	15.45	345
.
G6	L1	3	53.906	14.79	353
G7	L1	3	47.604	21.28	329
G8	L1	3	47.679	17.47	296
G9	L1	3	45.417	18.16	305

b. Lokasi Genteng (L2)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L2	1	33.333	19.56	308
G2	L2	1	52.760	19.56	277
G3	L2	1	50.911	18.16	313
G4	L2	1	54.323	16.79	292
G5	L2	1	46.745	18.43	333
.
G6	L2	3	28.906	16.79	250
G7	L2	3	34.479	23.95	338
G8	L2	3	43.906	22.45	280
G9	L2	3	49.167	22.45	282

c. Lokasi Tegi (L3)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L3	1	38.125	20.99	285
G2	L3	1	37.917	18.85	187
G3	L3	1	30.104	19.56	232
G4	L3	1	35.521	14.14	203
G5	L3	1	28.229	18.85	207
.
G6	L3	3	30.000	17.47	187
G7	L3	3	34.375	18.85	259
G8	L3	3	33.646	18.16	192
G9	L3	3	36.771	17.58	167

d. Lokasi Sulu (L4)

Genotip	Lokasi	Kelompok	Berat ubi (ton/ha)	Kadar pati (%)	Tinggi tanaman (cm)
G1	L4	1	20.625	18.16	204
G2	L4	1	32.344	18.16	157
G3	L4	1	27.000	20.62	167
G4	L4	1	23.516	13.17	175
G5	L4	1	26.004	15.26	188
.
G6	L4	3	20.625	17.30	170
G7	L4	3	20.000	22.64	164
G8	L4	3	29.297	18.16	181
G9	L4	3	20.625	19.91	146

Lampiran 2. Koefisien keragaman

1. Gugus data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	31.1430	39.75	14.04
Tegi	21.3896	32.68	14.15
Sulu	24.9190	39.81	12.54
Peka	14.7410	34.13	11.25

b. Kadar pati (%)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	0.3866	18.570	3.35
Tegi	1.0054	16.302	6.15
Sulu	1.1023	17.415	6.03
Peka	1.3208	17.432	6.60

c. Tinggi tanaman (cm)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	1118.7	304.5	10.98
Tegi	316.59	207.96	8.56
Sulu	406.67	194.60	10.36
Peka	331.25	303.89	5.99

2. Gugus data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	35.04	51.73	11.44
Genteng	32.16	43.16	13.14
Tegi	18.85	32.05	13.55
Sulu	17.33	24.92	16.71

b. Kadar pati (%)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	1.5755	15.762	7.96
Genteng	1.5037	19.736	6.12
Tegi	2.7224	18.251	9.04
Sulu	3.0699	17.922	9.78

c. Tinggi tanaman (cm)

Lokasi	Kuadrat Tengah Galat (KTG)	Rata-rata	Koefisien Keragaman (KK)
Lumajang	311.38	309.75	5.70
Genteng	506.44	296.30	7.60
Tegi	287.47	200.23	8.47
Sulu	159.42	168.48	7.49

Lampiran 3. Hasil pengujian aditivitas *Tukey*

1. Gugus data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	546.46	68.31			Terima H ₀
Lokasi	3	375.48	125.16			
Non Aditif	1	15.04	15.04	0.44	0.5137	
Galat	23	794.17	34.53			
Total	35	1731.15				

b. Kadar pati (%)

SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	167.25	20.91			Terima H ₀
Lokasi	3	23.17	7.72			
Non Aditif	1	0.06	0.06	0.08	0.7798	
Galat	23	16.05	0.70			
Total	35	206.53				

c. Tinggi tanaman (cm)

SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	8545.98	1068.25			Terima H ₀
Lokasi	3	96157.51	32052.50			
Non Aditif	1	240.71	240.71	0.82	0.3746	
Galat	23	6777.23	294.66			
Total	35	111721.43				

2. Gugus data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	687.03	85.88			Terima H ₀
Lokasi	3	3794.76	1264.92			
Non Aditif	1	62.99	62.99	2.65	0.1172	
Galat	23	546.03	23.74			
Total	35	5090.82				

b. Kadar pati (%)

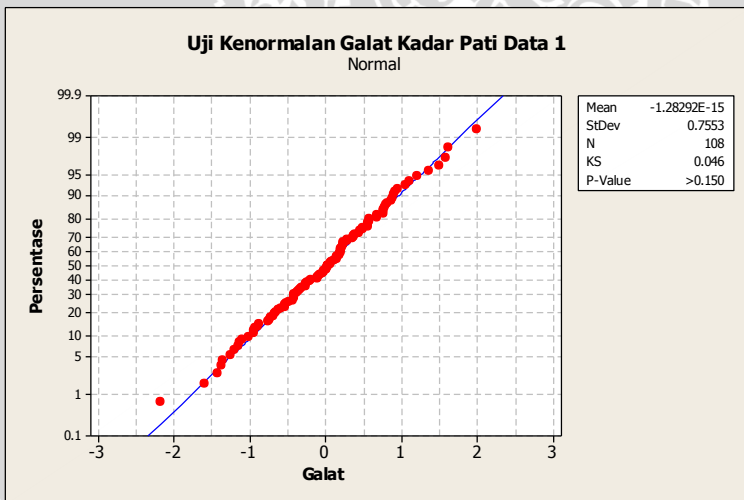
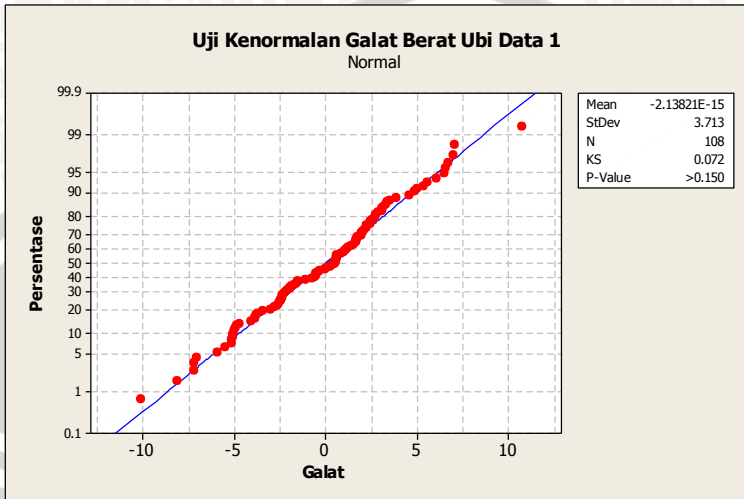
SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	128.67	16.08			Terima H ₀
Lokasi	3	72.55	24.18			
Non Aditif	1	0.05	0.05	0.03	0.8640	
Galat	23	35.90	1.56			
Total	35	237.16				

c. Tinggi tanaman (cm)

SK	db	JK	KT	F _{hit}	Nilai-p	Keputusan
Genotip	8	11251.85	1406.48			Terima H ₀
Lokasi	3	132079.30	44026.42			
Non Aditif	1	463.21	463.21	1.65	0.2117	
Galat	23	6460.46	280.89			
Total	35	150254.83				

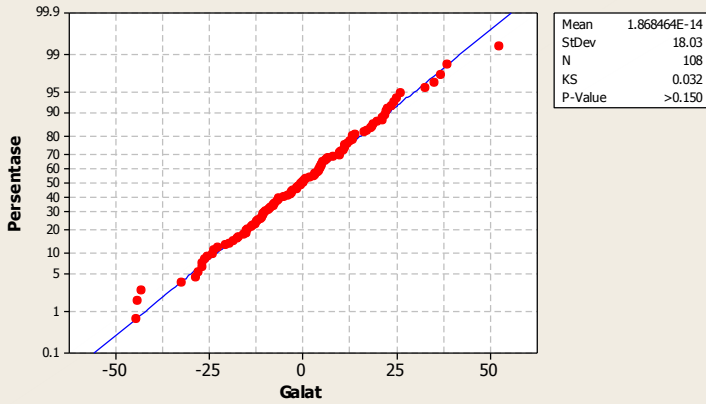


Lampiran 4. Hasil pengujian kenormalan *Kolmogorov Smirnov*



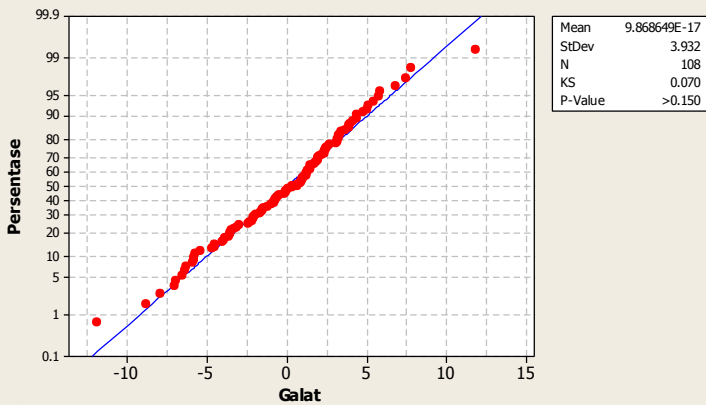
Uji Kenormalan Galat Tinggi Tanaman Data 1

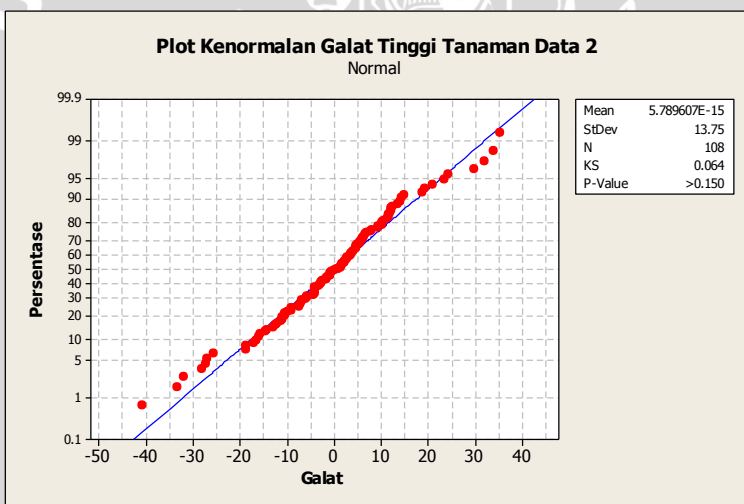
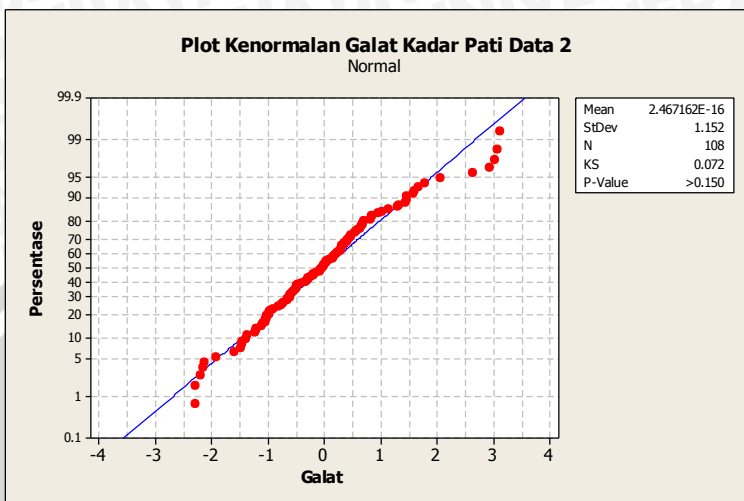
Normal



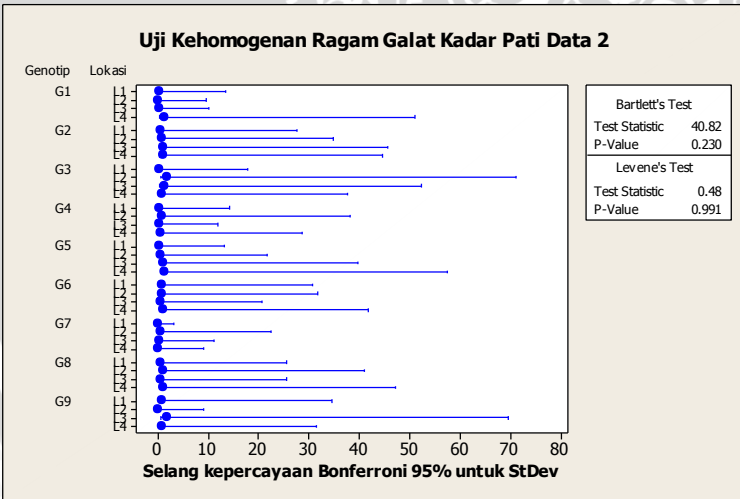
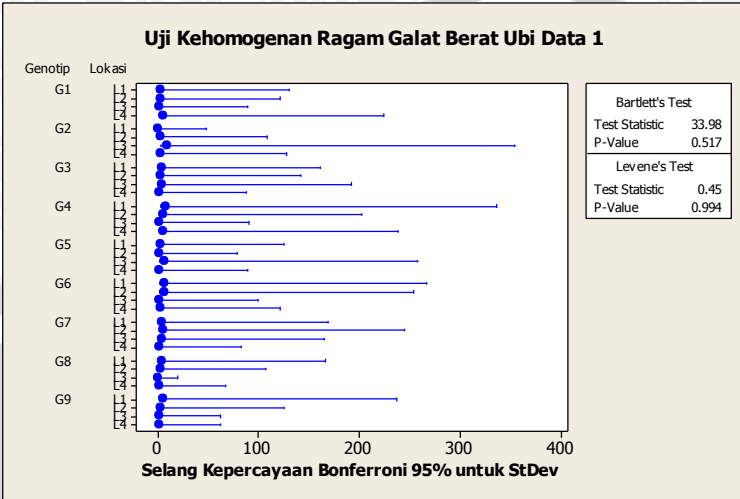
Plot Kenormalan Galat Berat Ubi Data 2

Normal

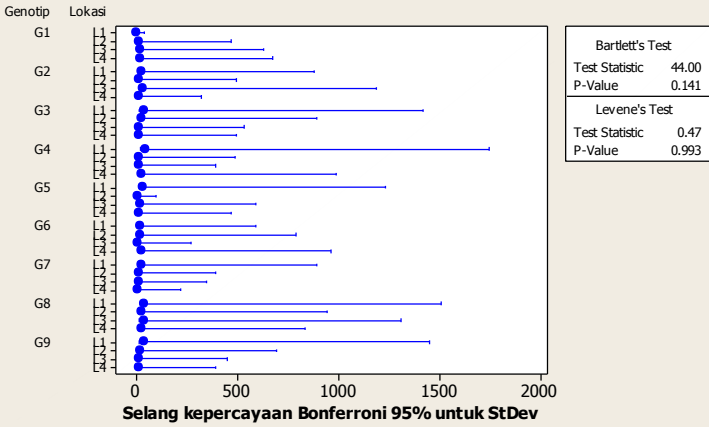




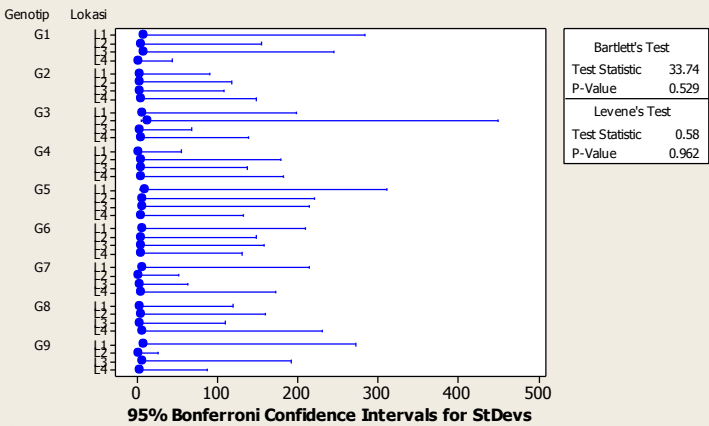
Lampiran 5. Hasil pengujian kehomogenan ragam *Bartlett*



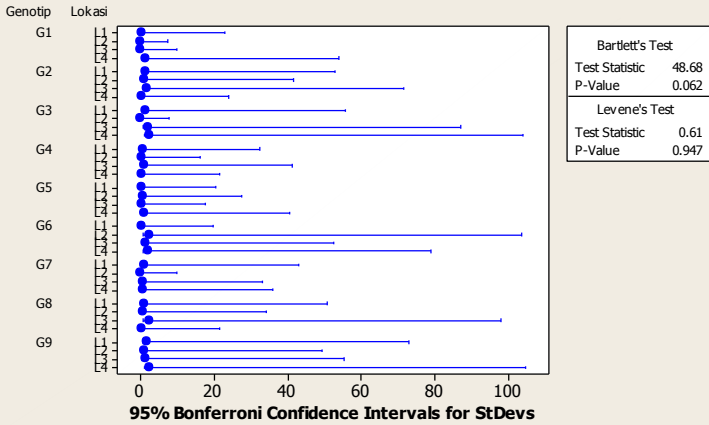
Uji Kehomogenan Ragam Galat Tinggi Tanamani Data 2



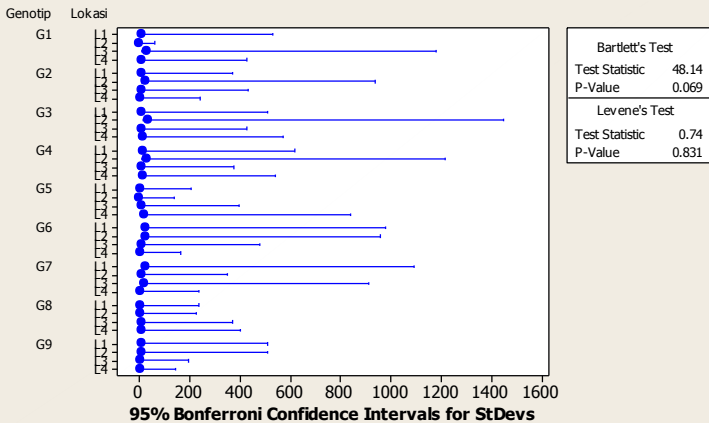
Uji kehomogenan Ragam Galat Berat Ubi Data 2



Uji Kehomogenan Ragam Galat Kadar Pati Data 2



Uji Kehomogenan Ragam Galat Tinggi Tanaman Data 2



Lampiran 6. Hasil pengujian *Durbin Watson*

1. Gugus data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

I	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	2.788452	-	-	7.775463
2	-1.05183	2.788452	14.7477334	1.106338
3	3.561021	-1.05183	21.2783595	12.68087
.
.
.
106	-2.44406	2.920525	28.7787543	5.973423
107	-0.48225	-2.44406	3.84868104	0.232568
108	-1.85378	-0.48225	1.88108845	3.436503
		Jumlah	3552.56604	1475.086

$$d_w = \frac{3552.56604}{1475.086} = 2.408$$

b. Kadar pati (%)

I	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	0.202311			0.04093
2	0.764863	0.202311	0.31646477	0.585015
3	-0.52985	0.764863	1.67627783	0.280739
.
.
.
106	-0.25655	-1.23961	0.96639785	0.065819
107	0.918908	-0.25655	1.3817071	0.844392
108	0.911001	0.918908	6.252×10^{-05}	0.829924
		Jumlah	111.32533	61.04229

$$d_w = \frac{111.32533}{61.04229} = 1.82$$

c. Tinggi tanaman (cm)

i	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	-0.88889	-	-	0.790123
2	-1.22222	-0.88889	0.11111111	1.493827
3	-43.1111	-1.22222	1754.67901	1858.568
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
106	-1.48148	22.40741	570.679012	2.194787
107	-14.8148	-1.48148	177.777778	219.4787
108	-8.7037	-14.8148	37.345679	75.75446
		Jumlah	72465.9758	34771.23

$$d_w = \frac{72465.9758}{34771.23} = 2.084$$

2. Gugus data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

i	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	6.870867	-	-	47.20882
2	-2.08557	6.870867	80.2178066	4.349611
3	4.393973	-2.08557	41.9845093	19.307
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
106	-3.58115	1.470931	25.523546	12.82466
107	3.085514	-3.58115	44.4444444	9.520396
108	-2.27907	3.085514	28.7787543	5.194158
		Jumlah	3151.49695	1653.91

$$d_w = \frac{3151.4970}{1653.91} = 1.905$$

b. Kadar pati (%)

i	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	0.699055	-	-	0.488678
2	-0.95601	0.699055	2.73922889	0.913949
3	1.674941	-0.95601	6.9218837	2.805426
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
106	0.677551	1.801602	1.26349147	0.459075
107	-0.05857	0.677551	0.54187706	0.003431
108	-1.01042	-0.05857	0.90601542	1.020949
		Jumlah	306.944214	141.945

$$d_w = \frac{306.9442}{141.945} = 2.162$$

c. Tinggi tanaman (cm)

i	e_i	e_{i-1}	$(e_i - e_{i-1})^2$	$(e_i)^2$
1	11.61728	-	-	134.9613
2	0.839506	11.61728	116.160494	0.704771
3	14.61728	0.839506	189.82716	213.665
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
106	2.37037	-3.96296	40.1111111	5.618656
107	5.592593	2.37037	10.382716	31.27709
108	-3.96296	5.592593	91.308642	15.70508
			40375.1978	20235.32

$$d_w = \frac{40375.198}{20235.32} = 1.995$$

Lampiran 7. Analisis ragam gabungan tiap respons

a. Gugus data 1

1. Berat ubi (ton/ha)

General Linear Model: Berat_Ubi versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok (Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for Berat_Ubi, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok (Lokasi)	8	458.29	458.29	57.29	2.49	0.021
Genotip	8	1638.93	1638.93	204.87	8.89	0.000
Lokasi	3	1126.12	1126.12	375.37	16.29	0.000
Genotip*Lokasi	24	2427.90	2427.90	101.16	4.39	0.000
Error	64	1475.09	1475.09	23.05		
Total	107	7126.33				

S = 4.80086 R-Sq = 79.30% R-Sq(adj) = 65.39%

2. Kadar pati (%)

General Linear Model: Kadar_Pati versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok (Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for Kadar_Pati, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok (Lokasi)	8	13.555	13.555	1.694	1.78	0.098
Genotip	8	501.769	501.769	62.721	65.76	0.000
Lokasi	3	69.417	69.417	23.139	24.26	0.000
Genotip*Lokasi	24	48.394	48.394	2.016	2.11	0.009
Error	64	61.042	61.042	0.954		
Total	107	694.178				

S = 0.976620 R-Sq = 91.21% R-Sq(adj) = 85.30%

3. Tinggi tanaman (cm)

General Linear Model: Tinggi Tanaman versus Lokasi, Genotip, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9

Analysis of Variance for Tinggi Tanaman, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	65215.9	65215.9	8152.0	15.00	0.000
Lokasi	3	288472.6	288472.6	96157.5	176.99	0.000
Genotip	8	25640.4	25640.4	3205.1	5.90	0.000
Lokasi*Genotip	24	21053.9	21053.9	877.2	1.61	0.066
Error	64	34771.2	34771.2	543.3		
Total	107	435154.0				

S = 23.3088 R-Sq = 92.01% R-Sq(adj) = 86.64%

b. Gugus data 2

1. Berat ubi (ton/ha)

General Linear Model: Berat Ubi versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for Berat Ubi, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	305.12	305.12	38.14	1.48	0.184
Genotip	8	2061.24	2061.24	257.66	9.97	0.000
Lokasi	3	11383.38	11383.38	3794.46	146.83	0.000
Genotip*Lokasi	24	1826.42	1826.42	76.10	2.94	0.000
Error	64	1653.91	1653.91	25.84		
Total	107	17230.08				

S = 5.08354 R-Sq = 90.40% R-Sq(adj) = 83.95%

2. Kadar pati (%)

General Linear Model: Kadar Pati versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi) 3	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip G9	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for Kadar Pati, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	23.186	23.186	2.898	1.31	0.256
Genotip	8	385.894	385.894	48.237	21.75	0.000
Lokasi	3	217.757	217.757	72.586	32.73	0.000
Genotip*Lokasi	24	107.917	107.917	4.497	2.03	0.013
Error	64	141.945	141.945	2.218		
Total	107	876.699				

S = 1.48926 R-Sq = 83.81% R-Sq(adj) = 72.93%

3. Tinggi tanaman (cm)

General Linear Model: Tinggi versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for Tinggi, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	8634	8634	1079	3.41	0.003
Genotip	8	33757	33757	4220	13.35	0.000
Lokasi	3	396242	396242	132081	417.74	0.000
Genotip*Lokasi	24	20771	20771	865	2.74	0.001
Error	64	20235	20235	316		
Total	107	479640				

S = 17.7814 R-Sq = 95.78% R-Sq(adj) = 92.95%

Lampiran 8. Analisis ragam AMMI tiap respons

1. Gugus data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	7126	66.6	*	*
Treatments	35	5193	148.4	6.44	0.00000
Genotypes	8	1639	204.9	8.89	0.00000
Environments	3	1126	375.4	6.55	0.00062
Block	8	458	57.3	2.49	0.02050
Interactions	24	2428	101.2	4.39	0.00000
IPCA1	10	1414	141.4	6.14	0.00000
IPCA2	8	883	110.3	4.79	0.00012
IPCA3	6	131	21.8	0.95	0.46872
Error	64	1475	23.0	*	*

b. Kadar pati (%)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	694.4	6.49	*	*
Treatments	35	619.8	17.71	18.55	0.00000
Genotypes	8	502.0	62.74	65.74	0.00000
Environments	3	69.4	23.14	13.70	0.00000
Block	8	13.5	1.69	1.77	0.09970
Interactions	24	48.4	2.02	2.11	0.00925
IPCA1	10	26.7	2.67	2.79	0.00621
IPCA2	8	18.8	2.35	2.47	0.02139
IPCA3	6	2.9	0.48	0.51	0.80063
Error	64	61.1	0.95	*	*

c. Tinggi tanaman (cm)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	434629	4062	*	*
Treatments	35	334838	9567	17.71	0.00000
Genotypes	8	25645	3206	5.93	0.00001
Environments	3	288132	96044	11.78	0.00000
Block	8	65212	8152	15.09	0.00000
Interactions	24	21061	878	1.62	0.06386
IPCA1	10	10005	1000	1.85	0.06914
IPCA2	8	6368	796	1.47	0.18461
IPCA3	6	4688	781	1.45	0.21120
Error	64	34579	540	*	*

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	434629	4062	*	*
Treatments	35	334838	9567	17.71	0.00000
Genotypes	8	25645	3206	5.93	0.00001
Environments	3	288132	96044	11.78	0.00000
Block	8	65212	8152	15.09	0.00000
Interactions	24	21061	878	1.62	0.06386
IPCA1	10	10005	1000	1.85	0.06914
Residuals	14	11056	790	1.46	0.15200
Error	64	34579	540	*	*

2. Gugus data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	17230	161.0	*	*
Treatments	35	15271	436.3	16.88	0.00000
Genotypes	8	2061	257.7	9.97	0.00000
Environments	3	11383	3794.5	99.49	0.00000
Block	8	305	38.1	1.48	0.18371
Interactions	24	1826	76.1	2.94	0.00031
IPCA1	10	1351	135.1	5.23	0.00001
IPCA2	8	266	33.2	1.29	0.26654
IPCA3	6	209	34.9	1.35	0.24832
Error	64	1654	25.8	*	*

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	17230	161.0	*	*
Treatments	35	15271	436.3	16.88	0.00000
Genotypes	8	2061	257.7	9.97	0.00000
Environments	3	11383	3794.5	99.49	0.00000
Block	8	305	38.1	1.48	0.18371
Interactions	24	1826	76.1	2.94	0.00031
IPCA1	10	1351	135.1	5.23	0.00001
Residuals	14	475	34.0	1.31	0.22453
Error	64	1654	25.8	*	*

b. Kadar pati (%)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	876.9	8.20	*	*
Treatments	35	711.8	20.34	9.17	0.00000
Genotypes	8	386.1	48.26	21.75	0.00000
Environments	3	217.8	72.59	25.07	0.00000
Block	8	23.2	2.90	1.31	0.25715
Interactions	24	107.9	4.50	2.03	0.01312
IPCA1	10	61.3	6.13	2.76	0.00675
IPCA2	8	40.7	5.08	2.29	0.03168
IPCA3	6	6.0	0.99	0.45	0.84357
Error	64	142.0	2.22	*	*

c. Tinggi tanaman (cm)

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	479669	4483	*	*
Treatments	35	450551	12873	40.35	0.00000
Genotypes	8	33550	4194	13.14	0.00000
Environments	3	396253	132084	121.47	0.00000
Block	8	8699	1087	3.41	0.00254
Interactions	24	20749	865	2.71	0.00080
IPCA1	10	12041	1204	3.77	0.00050
IPCA2	8	7014	877	2.75	0.01132
IPCA3	6	1694	282	0.89	0.51117
Error	64	20419	319	*	*

Lampiran 9. Perhitungan ASV tiap respons

1. Gugus data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	0.537282	-0.01408	1413.84	882.99	0.680014	2
OMM9908-4	-0.86991	-0.85551			1.394128	4
OMM9904-70	-1.04357	-0.90026			1.598193	5
CMM99023-12	-0.64081	-2.34361			2.479924	6
OMM9904-111	3.702672	-0.16824			4.688321	9
CMM99023-4	0.612588	2.572163			2.686427	7
UJ5	-0.5975	0.164693			0.773794	3
ADIRA4	0.429367	-0.28972			0.615732	1
KASPRO	-2.13013	1.83457			3.260516	8
R1	± 1.239					
R2	± 1.102					

b. Kadar pati (%)

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	0.189017	0.339206	26.632	18.806	0.407009	2
OMM9908-4	0.076529	-0.62801			0.634583	3
OMM9904-70	1.073056	0.47548			1.362608	9
CMM99023-12	-0.09951	-0.67194			0.682295	4
OMM9904-111	-0.02405	0.8201			0.8206	6
CMM99023-4	-0.5756	0.43198			0.80981	5
UJ5	-0.95512	-0.1184			1.142764	8
ADIRA4	0.649062	-0.66571			1.019688	7
KASPRO	-0.33338	0.017294			0.397109	1
R1	± 0.4591					
R2	± 0.4209					

c. Tinggi tanaman (cm)

Genotip	PC1	ASV	Rank
CMM99008-3	-3.21877	3.2188	7
OMM9908-4	1.66822	1.6682	4
OMM9904-70	-0.28833	0.2883	1
CMM99023-12	0.884012	0.884	2
OMM9904-111	-2.00751	2.0075	5
CMM99023-4	3.998022	3.998	8
UJ5	2.07007	2.0701	6
ADIRA4	1.144208	1.1442	3
KASPRO	-4.29916	4.2992	9
R1	± 1.6617		

2. Gugus data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

Genotip	PC1	ASV	Rank
CMM99008-3	-1.89189	1.8919	7
OMM9908-4	1.568934	1.5689	4
OMM9904-70	1.604124	1.6041	5
CMM99023-12	0.965	0.965	3
OMM9904-111	1.696688	1.6967	6
CMM99023-4	-1.97454	1.9745	8
UJ5	-2.20707	2.2071	9
ADIRA4	0.100325	0.1003	1
KASPRO	0.138434	0.1384	2
R1	± 1.0079		

b. Kadar pati (%)

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	0.597137	-0.99348	61.23	40.7	1.2343	6
OMM9908-4	-0.04394	0.154751			0.1639	1
OMM9904-70	1.273076	1.118427			1.9207	9
CMM99023-12	-0.68691	-0.42495			0.9436	5
OMM9904-111	0.343308	-0.30654			0.5208	3
CMM99023-4	-0.09372	-0.27246			0.2957	2
UJ5	-1.07198	0.126817			1.3209	7
ADIRA4	0.450058	-0.36301			0.6607	4
KASPRO	-0.76703	0.960435			1.3444	8
R1	± 0.5653					
R2	± 0.5102					

c. Tinggi tanaman (cm)

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	1.79064	4.70027	12062.85	7008.243	5.254661	7
OMM9908-4	0.37002	0.95937			1.075195	2
OMM9904-70	4.80895	-3.82295			7.377016	9
CMM99023-12	1.88741	0.10382			2.478381	4
OMM9904-111	-4.40354	0.19469			5.780551	8
CMM99023-4	-3.20270	-1.64797			4.513425	6
UJ5	-1.59000	-2.32330			3.122362	5
ADIRA4	0.92631	1.57280			1.987616	3
KASPRO	-0.58710	0.26326			0.813997	1
R1	± 2.1180					
R2	± 1.8491					

Lampiran 10. Hasil penggabungan respons dengan metode penyamaan kisaran

1. Data 1

Genotip	Lokasi	Kelompok	SDII			IPT1
			Berat Umbi	Kadar Pati	Tinggi Tanaman	
G1	L1	1	0.5238	0.765	0.4771	0.5886
G2	L1	1	0.5741	0.7193	0.2657	0.5197
G3	L1	1	0.6871	0.5956	0.2731	0.5186
G4	L1	1	0.2054	0.3504	0.1167	0.2242
G5	L1	1	0.8259	0.5404	0.361	0.5758
.
G6	L4	3	0.4395	0.2835	0.7947	0.5059
G7	L4	3	0.5265	0.7079	0.6909	0.6418
G8	L4	3	0.4136	0.8228	0.5199	0.5854
G9	L4	3	0.6259	0.765	0.4038	0.5982

2. Data 2

Genotip	Lokasi	Kelompok	SDII			IPT1
			Berat Umbi	Kadar Pati	Tinggi Tanaman	
G1	L1	1	0.7650	0.5074	0.9985	0.757
G2	L1	1	0.8555	0.2468	0.6176	0.5733
G3	L1	1	0.8340	0.1964	0.6507	0.5604
G4	L1	1	0.8125	0.0972	0.7265	0.5454
G5	L1	1	0.4917	0.2978	0.9029	0.5641
.
G6	L4	3	0.112	0.4409	0.1338	0.2289
G7	L4	3	0.0996	0.8542	0.1059	0.3532
G8	L4	3	0.2848	0.5074	0.1809	0.3244
G9	L4	3	0.112	0.6432	0.0265	0.2606

Lampiran 11. Hasil analisis komponen utama

1. Data 1

```

***** Principal components analysis *****

*** Latent Roots ***
      1          2          3
1.476      0.852      0.672

*** Percentage variation ***
      1          2          3
49.19     28.41     22.39

*** Trace ***
3.000

*** Latent Vectors (Loadings) ***
      1          2          3
Berat_Ubi      0.55102     -0.68237     -0.48036
Kadar_Pati     0.63878     -0.02550      0.76896
Tinggi_Tanaman 0.53697      0.73056     -0.42183
    
```

2. Data 2

```

***** Principal components analysis *****

*** Latent Roots ***
      1          2          3
1.734      0.973      0.293

*** Percentage variation ***
      1          2          3
57.80     32.44      9.75

*** Trace ***
3.000

*** Latent Vectors (Loadings) ***
      1          2          3
Berat_Ubi      0.69975     -0.04793      0.71277
Kadar_Pati     -0.26195     -0.94546      0.19359
Tinggi_Tanaman 0.66462     -0.32218     -0.67415
    
```

Lampiran 12. Hasil penggabungan respon dengan metode komponen utama

1. Data 1

Genotip	Lokasi	Kelompok	IPT2	IPT3	IPT4
G1	L1	1	1.2276	0.7293	-0.7022
G2	L1	1	0.3019	0.0056	-0.2091
G3	L1	1	0.2472	0.1793	-0.1367
G4	L1	1	-4.0962	-3.016	2.2278
G5	L1	1	1.0339	0.9447	-0.5271
.
G6	L4	3	-0.2718	0.3959	0.2723
G7	L4	3	1.9061	1.4328	-1.0282
G8	L4	3	1.1826	0.5984	-0.6965
G9	L4	3	1.4015	0.86	-0.7974

2. Data 2

Genotip	Lokasi	Kelompok	IPT2	IPT3	IPT4
G1	L1	1	3.5252	2.9789	-2.0471
G2	L1	1	1.9577	0.7277	-1.7492
G3	L1	1	1.7779	0.6579	-1.8236
G4	L1	1	1.575	-0.6092	-2.0516
G5	L1	1	0.9947	1.3215	-1.3235
.
.
G6	L4	3	-3.136	-2.2415	1.6277
G7	L4	3	-1.94	-1.0457	2.2136
G8	L4	3	-1.7958	-1.4637	1.1222
G9	L4	3	-2.8177	-2.0371	2.108

Lampiran 13. Hasil analisis ragam gabungan tiap respons gabungan

1. Data 1

a. IPT1

General Linear Model: IPT1 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT1, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	0.257549	0.257549	0.032194	9.80	0.000
Genotip	8	0.869451	0.869451	0.108681	33.08	0.000
Lokasi	3	0.880088	0.880088	0.293363	89.30	0.000
Genotip*Lokasi	24	0.267113	0.267113	0.011130	3.39	0.000
Error	64	0.210254	0.210254	0.003285		
Total	107	2.484454				

S = 0.0573169 R-Sq = 91.54% R-Sq(adj) = 85.85%

b. IPT2

General Linear Model: IPT2 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT2, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	50.367	50.367	6.296	8.99	0.000
Genotip	8	197.862	197.862	24.733	35.33	0.000
Lokasi	3	175.499	175.499	58.500	83.56	0.000
Genotip*Lokasi	24	57.618	57.618	2.401	3.43	0.000
Error	64	44.807	44.807	0.700		
Total	107	526.154				

S = 0.836727 R-Sq = 91.48% R-Sq(adj) = 85.76%

c. IPT3

General Linear Model: IPT3 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT3, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	34.5509	34.5509	4.3189	10.10	0.000
Genotip	8	77.7294	77.7294	9.7162	22.72	0.000
Lokasi	3	103.1255	103.1255	34.3752	80.40	0.000
Genotip*Lokasi	24	35.9728	35.9728	1.4989	3.51	0.000
Error	64	27.3639	27.3639	0.4276		
Total	107	278.7427				

S = 0.653882 R-Sq = 90.18% R-Sq(adj) = 83.59%

d. IPT4

General Linear Model: IPT4 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT4, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	13.9099	13.9099	1.7387	8.53	0.000
Genotip	8	63.7356	63.7356	7.9670	39.10	0.000
Lokasi	3	50.6572	50.6572	16.8857	82.87	0.000
Genotip*Lokasi	24	16.5699	16.5699	0.6904	3.39	0.000
Error	64	13.0410	13.0410	0.2038		
Total	107	157.9136				

S = 0.451404 R-Sq = 91.74% R-Sq(adj) = 86.19%

2. Data 2
a. IPT1

General Linear Model: IPT1 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT1, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	0.107623	0.107623	0.013453	3.14	0.005
Genotip	8	0.191055	0.191055	0.023882	5.58	0.000
Lokasi	3	2.447996	2.447996	0.815999	190.63	0.000
Genotip*Lokasi	24	0.189884	0.189884	0.007912	1.90	0.027
Error	64	0.273958	0.273958	0.004281		
Total	107	3.210515				

S = 0.0654263 R-Sq = 91.47% R-Sq(adj) = 85.73%

b. IPT2

General Linear Model: IPT2 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT2, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	15.462	15.462	1.933	2.83	0.009
Genotip	8	20.255	20.255	2.532	3.71	0.001
Lokasi	3	396.954	396.954	132.318	193.86	0.000
Genotip*Lokasi	24	30.181	30.181	1.258	1.84	0.027
Error	64	43.684	43.684	0.683		
Total	107	506.535				

S = 0.826172 R-Sq = 91.38% R-Sq(adj) = 85.58%

c. IPT3

General Linear Model: IPT3 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT3, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	10.2814	10.2814	1.2852	3.47	0.002
Genotip	8	22.7408	22.7408	2.8426	7.69	0.000
Lokasi	3	243.0730	243.0730	81.0243	219.06	0.000
Genotip*Lokasi	24	18.9188	18.9188	0.7883	2.13	0.009
Error	64	23.6714	23.6714	0.3699		
Total	107	318.6853				

S = 0.608166 R-Sq = 92.57% R-Sq(adj) = 87.58%

d. IPT4

General Linear Model: IPT4 versus Genotip, Lokasi, Kelompok

Factor	Type	Levels	Values
Kelompok(Lokasi)	fixed	12	1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3, 1, 2, 3
Genotip	fixed	9	G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, G8, G9
Lokasi	fixed	4	L1, L2, L3, L4

Analysis of Variance for IPT4, using Adjusted SS for Tests

Source	DF	Seq SS	Adj SS	Adj MS	F	P
Kelompok(Lokasi)	8	2.1087	2.1087	0.2636	1.84	0.086
Genotip	8	9.0844	9.0844	1.1355	7.92	0.000
Lokasi	3	156.1148	156.1148	52.0383	362.99	0.000
Genotip*Lokasi	24	9.0668	9.0668	0.3778	2.64	0.001
Error	64	9.1750	9.1750	0.1434		
Total	107	185.5497				

S = 0.378629 R-Sq = 95.06% R-Sq(adj) = 91.73%

Lampiran 14. Hasil analisis ragam AMMI tiap respons gabungan

1. Data 1

a. IPT1

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	2.4845	0.02322	*	*
Treatments	35	2.0167	0.05762	17.54	0.00000
Genotypes	8	0.8695	0.10868	33.08	0.00000
Environments	3	0.8801	0.29336	9.11	0.00004
Block	8	0.2575	0.03219	9.80	0.00000
Interactions	24	0.2671	0.01113	3.39	0.00005
IPCA1	10	0.1155	0.01155	3.52	0.00097
IPCA2	8	0.1071	0.01338	4.07	0.00057
Residual	6	0.0445	0.00742	2.26	0.04857
Error	64	0.2103	0.00329	*	*

b. IPT2

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	526.2	4.92	*	*
Treatments	35	431.0	12.31	17.59	0.00000
Genotypes	8	197.9	24.73	35.33	0.00000
Environments	3	175.5	58.50	9.29	0.00003
Block	8	50.4	6.30	8.99	0.00000
Interactions	24	57.6	2.40	3.43	0.00004
IPCA1	10	25.5	2.55	3.64	0.00070
IPCA2	8	22.7	2.83	4.04	0.00061
Residual	6	9.5	1.58	2.25	0.04905
Error	64	44.8	0.70	*	*

c. IPT3

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	278.74	2.605	*	*
Treatments	35	216.83	6.195	14.49	0.00000
Genotypes	8	77.73	9.716	22.72	0.00000
Environments	3	103.13	34.375	7.96	0.00014
Block	8	34.55	4.319	10.10	0.00000
Interactions	24	35.97	1.499	3.51	0.00003
IPCA1	10	17.23	1.723	4.03	0.00026
IPCA2	8	13.60	1.700	3.98	0.00071
Residual	6	5.15	0.858	2.01	0.07775
Error	64	27.36	0.428	*	*

d. IPT4

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	157.91	1.476	*	*
Treatments	35	130.96	3.742	18.36	0.00000
Genotypes	8	63.74	7.967	39.10	0.00000
Environments	3	50.66	16.886	9.71	0.00002
Block	8	13.91	1.739	8.53	0.00000
Interactions	24	16.57	0.690	3.39	0.00005
IPCA1	10	7.59	0.759	3.73	0.00056
IPCA2	8	6.17	0.771	3.78	0.00109
Residual	6	2.81	0.468	2.30	0.04532
Error	64	13.04	0.204	*	*

2. Data 2

a. IPT1

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	3.2105	0.03000	*	*
Treatments	35	2.8289	0.08083	18.88	0.00000
Genotypes	8	0.1911	0.02388	5.58	0.00002
Environments	3	2.4480	0.81600	60.66	0.00000
Block	8	0.1076	0.01345	3.14	0.00463
Interactions	24	0.1899	0.00791	1.85	0.02684
IPCA1	10	0.0944	0.00944	2.21	0.02836
IPCA2	8	0.0824	0.01030	2.41	0.02451
Residual	6	0.0130	0.00217	0.51	0.80046
Error	64	0.2740	0.00428	*	*

b. IPT2

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	506.5	4.73	*	*
Treatments	35	447.4	12.78	18.73	0.00000
Genotypes	8	20.3	2.53	3.71	0.00129
Environments	3	397.0	132.32	68.46	0.00000
Block	8	15.5	1.93	2.83	0.00937
Interactions	24	30.2	1.26	1.84	0.02748
IPCA1	10	19.2	1.92	2.81	0.00603
IPCA2	8	9.0	1.12	1.64	0.13084
IPCA3	6	2.1	0.34	0.50	0.80270
Error	64	43.7	0.68	*	*

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	506.5	4.73	*	*
Treatments	35	447.4	12.78	18.73	0.00000
Genotypes	8	20.3	2.53	3.71	0.00129
Environments	3	397.0	132.32	68.46	0.00000
Block	8	15.5	1.93	2.83	0.00937
Interactions	24	30.2	1.26	1.84	0.02748
IPCA1	10	19.2	1.92	2.81	0.00603
Residual	14	11.0	0.79	1.15	0.33177
Error	64	43.7	0.68	*	*

c. IPT3

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	318.69	2.978	*	*
Treatments	35	284.73	8.135	22.00	0.00000
Genotypes	8	22.74	2.843	7.69	0.00000
Environments	3	243.07	81.024	63.05	0.00000
Block	8	10.28	1.285	3.47	0.00219
Interactions	24	18.92	0.788	2.13	0.00860
IPCA1	10	10.12	1.012	2.74	0.00725
IPCA2	8	7.36	0.920	2.49	0.02047
Residual	6	1.44	0.241	0.65	0.68903
Error	64	23.67	0.370	*	*

d. IPT4

***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	185.55	1.734	*	*
Treatments	35	174.27	4.979	34.73	0.00000
Genotypes	8	9.08	1.136	7.92	0.00000
Environments	3	156.11	52.038	197.42	0.00000
Block	8	2.11	0.264	1.84	0.08597
Interactions	24	9.07	0.378	2.64	0.00109
IPCA1	10	5.40	0.540	3.77	0.00051
IPCA2	8	2.45	0.307	2.14	0.04462
IPCA3	6	1.21	0.202	1.41	0.22547
Error	64	9.18	0.143	*	*

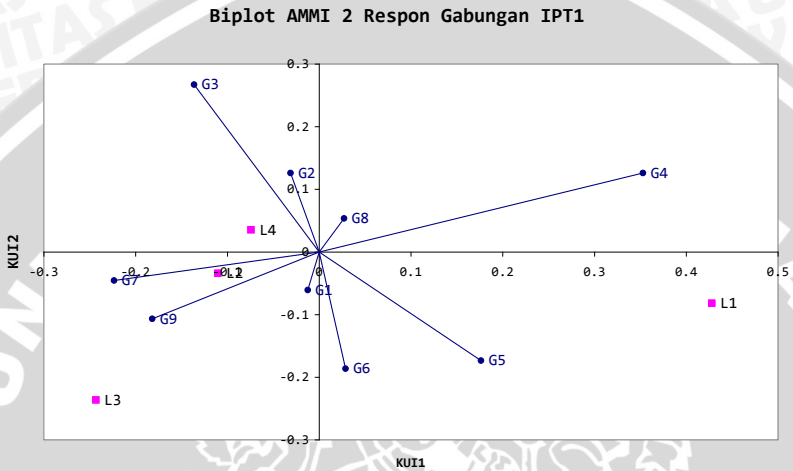
***** The ANOVA table for AMMI model *****

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	107	185.55	1.734	*	*
Treatments	35	174.27	4.979	34.73	0.00000
Genotypes	8	9.08	1.136	7.92	0.00000
Environments	3	156.11	52.038	197.42	0.00000
Block	8	2.11	0.264	1.84	0.08597
Interactions	24	9.07	0.378	2.64	0.00109
IPCA1	10	5.40	0.540	3.77	0.00051
Residual	14	3.66	0.262	1.83	0.05377
Error	64	9.18	0.143	*	*

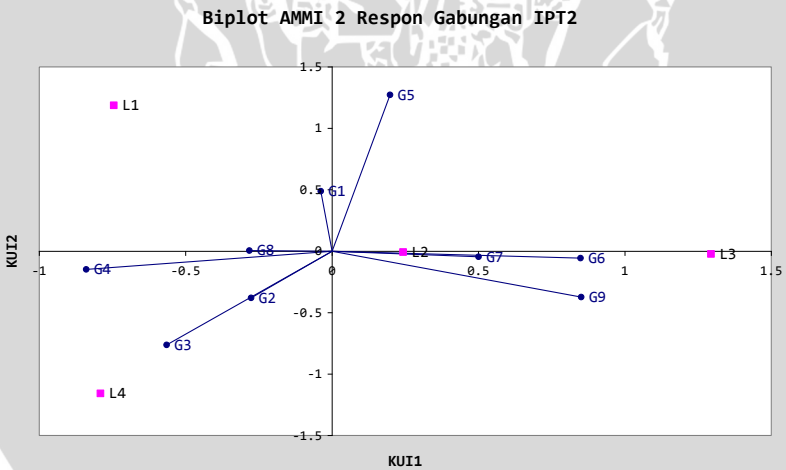
Lampiran 15. Biplot AMMI dari tiap respons gabungan

1. Data 1

a. Biplot AMMI 2 IPT1

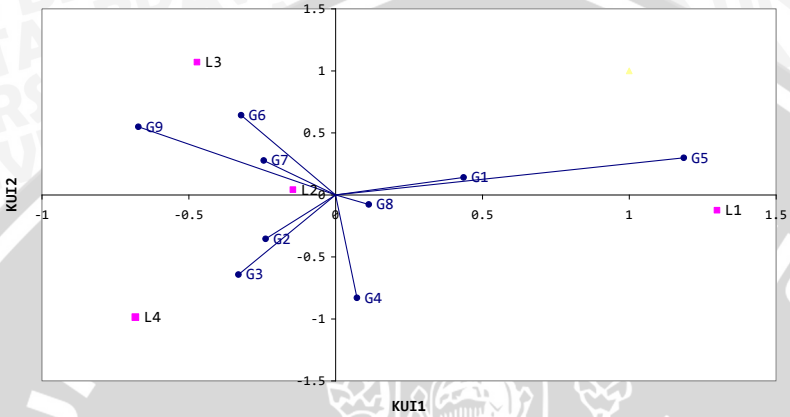


b. Biplot AMMI 2 IPT2



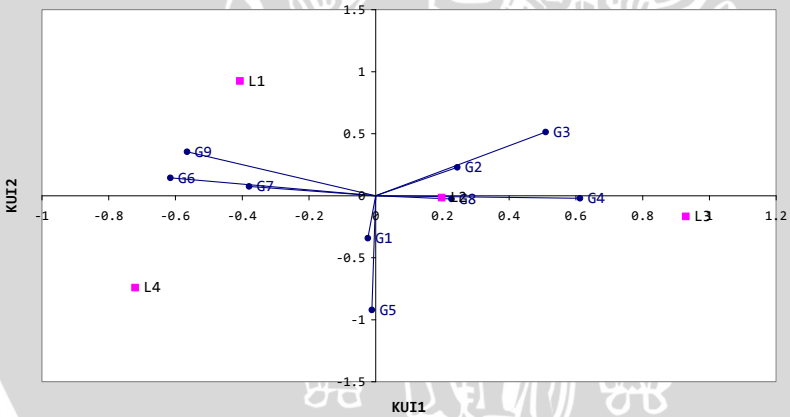
c. Biplot AMMI 2 IPT3

Biplot AMMI 2 Respon Gabungan IPT3



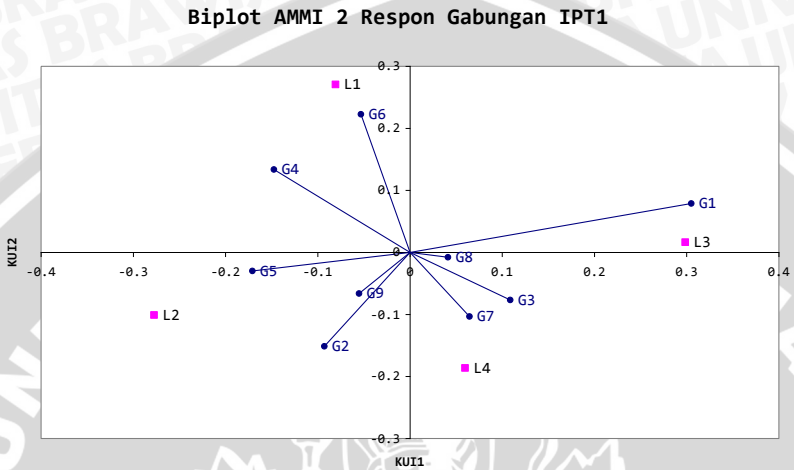
d. Biplot AMMI 2 IPT4

Biplot AMMI 2 Respon Gabungan IPT4

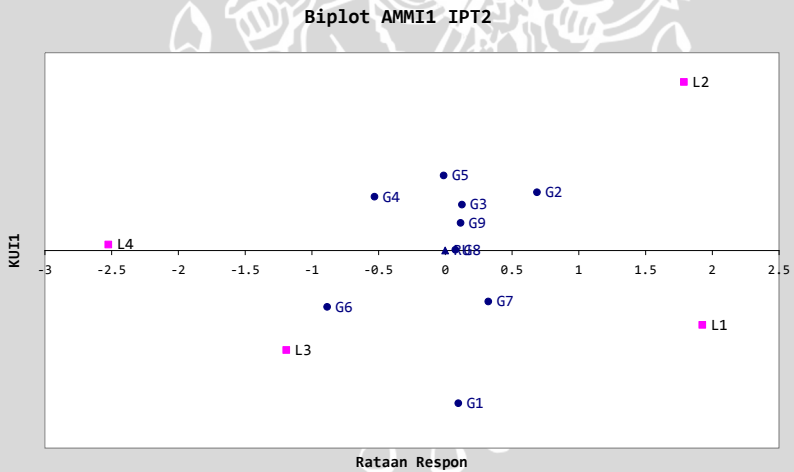


2. Data 2

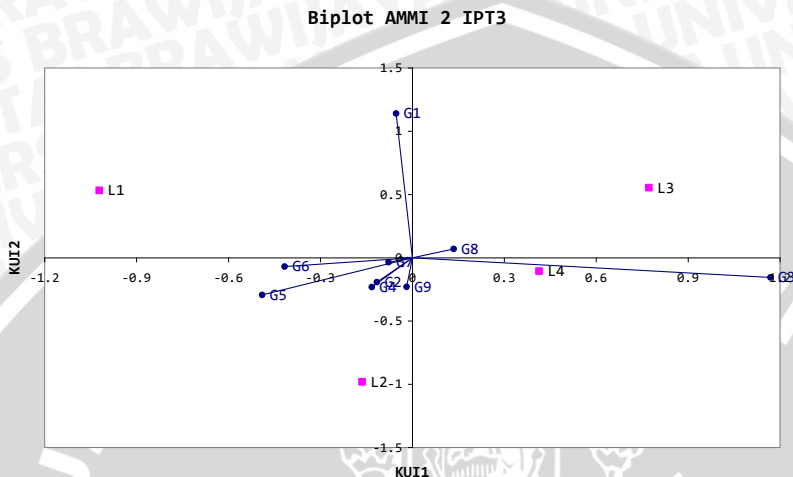
a. Biplot AMMI 2 IPT1



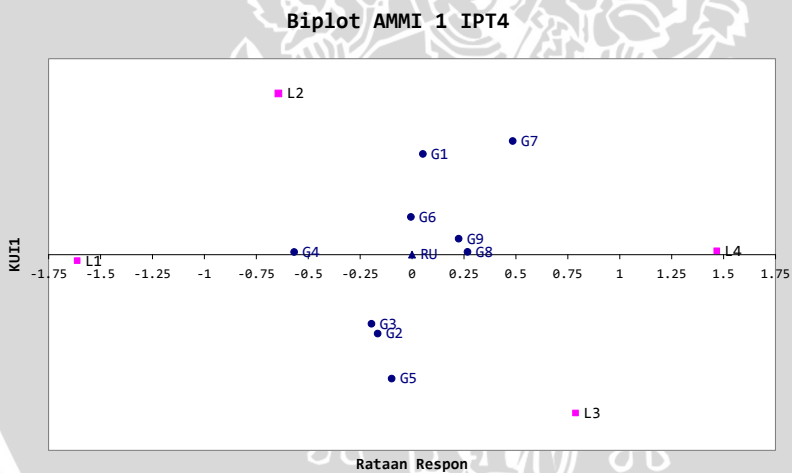
b. Biplot AMMI 1 IPT2



c. Biplot AMMI 2 IPT3



d. Biplot AMMI 1 IPT4



Lampiran 16. Nilai ASV tiap respons gabungan

1. Data 1

a. IPT1

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	-0.01237	-0.06076	0.113	0.106	0.062084	1
OMM9908-4	-0.03123	0.125948			0.130009	3
OMM9904-70	-0.13623	0.267091			0.301864	8
CMM99023-12	0.352907	0.126031			0.385553	9
OMM9904-111	0.176362	-0.17339			0.25144	7
CMM99023-4	0.028798	-0.18625			0.188612	4
UJ5	-0.22352	-0.0455			0.235221	6
ADIRA4	0.027179	0.053547			0.060455	2
KASPRO	-0.1819	-0.10665			0.21598	5
R1	± 0.1178					
R2	± 0.1156					

b. IPT2

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	-0.0384	0.488233	25.5	22.7	0.489926	3
OMM9908-4	-0.27652	-0.37963			0.479581	2
OMM9904-70	-0.56482	-0.76329			0.97001	7
CMM99023-12	-0.83978	-0.14802			0.902222	5
OMM9904-111	0.198151	1.272576			1.289787	9
CMM99023-4	0.848531	-0.05629			0.901032	6
UJ5	0.500581	-0.04549			0.532462	4
ADIRA4	-0.28223	0.005113			0.299146	1
KASPRO	0.850775	-0.3732			0.975831	8
R1	± 0.4541					
R2	± 0.4411					

c. IPT3

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	0.435816	0.140467	17.21	13.66	0.508992	4
OMM9908-4	-0.23843	-0.35524			0.444783	3
OMM9904-70	-0.33084	-0.64328			0.742784	5
CMM99023-12	0.072873	-0.83024			0.834263	7
OMM9904-111	1.185766	0.29813			1.364062	9
CMM99023-4	-0.3218	0.641576			0.736281	6
UJ5	-0.24469	0.276485			0.389732	2
ADIRA4	0.113037	-0.07711			0.14848	1
KASPRO	-0.67174	0.549207			0.932861	8
R1	± 0.4116					
R2	± 0.3885					

d. IPT4

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	-0.0232	-0.34279	7.57	6.17	0.343748	2
OMM9908-4	0.244544	0.228561			0.354396	3
OMM9904-70	0.509599	0.512579			0.762423	8
CMM99023-12	0.61251	-0.02129			0.678717	5
OMM9904-111	-0.01139	-0.92154			0.921624	9
CMM99023-4	-0.61492	0.143441			0.695994	6
UJ5	-0.37942	0.073761			0.426652	4
ADIRA4	0.227485	-0.02693			0.253385	1
KASPRO	-0.56521	0.3542			0.719251	7
R1	± 0.3352					
R2	± 0.3185					

2. Data 2

a. IPT1

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	0.30503	0.078926	0.0944	0.0824	0.3359	9
OMM9908-4	-0.09278	-0.15144			0.1811	5
OMM9904-70	0.108687	-0.07675			0.1394	4
CMM99023-12	-0.1475	0.133754			0.2069	7
OMM9904-111	-0.17087	-0.02983			0.1853	6
CMM99023-4	-0.05311	0.222601			0.2297	8
UJ5	0.064548	-0.1033			0.1243	3
ADIRA4	0.04114	-0.00772			0.0447	1
KASPRO	-0.05515	-0.06624			0.0887	2
R1	± 0.1116					
R2	± 0.0915					

b. IPT2

Genotip	PC1	ASV	Rank
CMM99008-3	-1.15986	1.1599	9
OMM9908-4	0.440894	0.4409	7
OMM9904-70	0.346772	0.3468	3
CMM99023-12	0.407398	0.4074	5
OMM9904-111	0.567804	0.5678	8
CMM99023-4	-0.4288	0.4288	6
UJ5	-0.38751	0.3875	4
ADIRA4	0.004936	0.0049	1
KASPRO	0.208364	0.2084	2
R1	± 0.3477		

c. IPT3

Genotip	PC1	PC2	JKUI1	JKUI2	ASV	Rank
CMM99008-3	-0.05288	1.139895	10.135	7.341	1.141587	8
OMM9908-4	-0.11576	-0.19266			0.235837	4
OMM9904-70	1.168801	-0.15573			1.382131	9
CMM99023-12	-0.13227	-0.23222			0.279431	5
OMM9904-111	-0.49002	-0.2931			0.646076	7
CMM99023-4	-0.41661	-0.07006			0.494501	6
UJ5	-0.07744	-0.03589			0.097816	1
ADIRA4	0.135	0.069285			0.173095	2
KASPRO	-0.01883	-0.22951			0.230574	3
R1	± 0.3606					
R2	± 0.3326					

d. IPT4

Genotip	PCI	ASV	Rank
CMM99008-3	0.513309	0.5133	7
OMM9908-4	-0.40409	0.4041	6
OMM9904-70	-0.35348	0.3535	5
CMM99023-12	0.012913	0.0129	1
OMM9904-111	-0.63386	0.6339	9
CMM99023-4	0.191616	0.1916	4
UJ5	0.579571	0.5796	8
ADIRA4	0.013639	0.0136	2
KASPRO	0.080375	0.0804	3
R1	± 0.0672		

Lampiran 17. Nilai eigen serta kontribusi keragaman tiap respons gabungan

1. Data 1

a. IPT1

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	0.0385023	0.19	42.34	42.34
KUI2	0.0356984	0.19	39.75	82.10
KUI3	0.0148541	0.13	17.90	100.00
Total	0.09			

b. IPT2

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	8.500158	2.9155	44.2133	44.2133
KUI2	7.567998	2.7510	39.3647	83.5780
KUI3	3.157182	1.7768	16.4220	100.0000
Total	19.2253			

c. IPT3

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	5.7361289	2.3950	47.8256	47.8256
KUI2	4.5520426	2.1336	37.9531	85.7787
KUI3	1.7056785	1.3060	14.2213	100.0000
Total	11.9939			

d. IPT4

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	2.5237208	1.5886	45.7881	45.7881
KUI2	2.0573964	1.4344	37.3275	83.1156
KUI3	0.9306272	0.9647	16.8844	100.0000
Total	5.5117			

2. Data 2

a. IPT1

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	0.031024	0.176	64.68	64.68
KUI2	0.014043	0.119	29.28	93.96
KUI3	0.002898	0.054	6.04	100.00
Total	0.0480			

b. IPT2

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	6.379458	2.5258	63.5771	63.5771
KUI2	2.974131	1.7246	29.6399	93.2171
KUI3	0.680611	0.8250	6.7829	100.0000
Total	10.0342			

c. IPT3

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	3.3783977	1.8380	53.6004	53.6004
KUI2	2.446846	1.5642	38.8207	92.4212
KUI3	0.4776897	0.6912	7.5788	100.0000
Total	6.3029			

d. IPT4

	Nilai Eigen	Nilai Singular	Persentase Keragaman	Persentase Keragaman Kumulatif
KUI1	1.7766927	1.3329	59.4556	59.4556
KUI2	0.8141914	0.9023	27.2463	86.7019
KUI3	0.3973826	0.6304	13.2981	100.0000
Total	2.9883			

Lampiran 18. Skor komponen utama interaksi genotip-lokasi tiap peubah asal

1. Data 1

a. Berat ubi (ton/ha)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	3.465158	-1.81591	-0.17592	LOKASI
L2	-1.06663	0.214249	2.142142	
L3	0.487069	3.30383	-0.82406	
L4	-2.8856	-1.70217	-1.14217	
SKUG				GENOTIP
G1	0.537282	-0.01408	2.129223	
G2	-0.86991	-0.85551	-0.67436	
G3	-1.04357	-0.90026	0.047747	
G4	-0.64081	-2.34361	-0.21305	
G5	3.702672	-0.16824	-0.20987	
G6	0.612588	2.572163	-0.5451	
G7	-0.5975	0.164693	0.470279	
G8	0.429367	-0.28972	-1.00248	
G9	-2.13013	1.83457	-0.00239	

b. Kadar pati (%)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.10364	-1.08387	-0.52215	LOKASI
L2	-0.41143	1.130467	-0.42399	
L3	-0.89721	-0.18124	0.677538	
L4	1.412275	0.134644	0.268598	
SKUG				GENOTIP
G1	0.189017	0.339206	-0.14315	
G2	0.076529	-0.62801	0.235091	
G3	1.073056	0.47548	0.064019	
G4	-0.09951	-0.67194	-0.54849	
G5	-0.02405	0.8201	-0.04575	
G6	-0.5756	0.43198	0.256531	
G7	-0.95512	-0.1184	0.377903	
G8	0.649062	-0.66571	0.333755	
G9	-0.33338	0.017294	-0.52991	

c. Tinggi tanaman (cm)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-3.27502	-0.98728	4.628419	
L2	-3.0654	-2.71181	-4.10894	
L3	0.21592	5.788408	-0.97217	
L4	6.124499	-2.08931	0.452693	
SKUG				GENOTIP
G1	-3.21877	0.122871	2.757131	
G2	1.66822	1.058163	-1.15006	
G3	-0.28833	-0.50433	-1.01564	
G4	0.884012	-2.31421	-4.12792	
G5	-2.00751	-4.08753	1.939364	
G6	3.998022	-1.84033	1.468227	
G7	2.07007	2.912214	1.075656	
G8	1.144208	2.489657	1.097932	
G9	-4.24992	2.163495	-2.04469	

2. Data 2

a. Berat ubi (ton/ha)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.78502	-0.91978	2.297167	
L2	3.661879	-0.76172	-0.68772	
L3	-2.67525	-0.97278	-1.6159	
L4	-0.20162	2.654283	0.00645	
SKUG				GENOTIP
G1	-1.89189	1.370799	0.097996	
G2	1.568934	0.685124	0.90927	
G3	1.604124	-0.33885	0.136924	
G4	0.965	-0.58844	-0.46329	
G5	1.696688	1.104827	0.404876	
G6	-1.97454	-1.14734	1.989014	
G7	-2.20707	0.575583	-1.11386	
G8	0.100325	0.255253	-1.04347	
G9	0.138434	-1.91695	-0.91746	

b. Kadar pati (%)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.63799	-1.27619	-0.55368	
L2	-0.56788	-0.15054	0.973691	
L3	1.840102	0.002104	-0.02695	
L4	-0.63424	1.424628	-0.39306	
SKUG				GENOTIP
G1	0.597137	-0.99348	-0.67887	
G2	-0.04394	0.154751	-0.29754	
G3	1.273076	1.118427	0.090654	
G4	-0.68691	-0.42495	0.37526	
G5	0.343308	-0.30654	-0.14558	
G6	-0.09372	-0.27246	0.536828	
G7	-1.07198	0.126817	-0.17739	
G8	0.450058	-0.36301	0.552409	
G9	-0.76703	0.960435	-0.25578	

c. Tinggi tanaman (cm)

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-3.85785	4.782482	-1.00075	
L2	-4.1012	-4.68189	0.86217	
L3	4.111488	-1.37992	-3.25107	
L4	3.847565	1.279322	3.389651	
SKUG				GENOTIP
G1	1.790638	4.700268	-2.06502	
G2	0.370019	0.959366	2.303938	
G3	4.808955	-3.82295	-0.15531	
G4	1.88741	0.103825	0.297463	
G5	-4.40354	0.194694	-0.35788	
G6	-3.2027	-1.64797	1.533027	
G7	-1.59	-2.3233	-3.0024	
G8	0.926315	1.572798	1.612079	
G9	-0.5871	0.26326	-0.1659	

Lampiran 19. Skor komponen utama interaksi genotip-lokasi tiap respons gabungan

1. Data 1

a. IPT1

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	LOKASI
L1	-0.28273	-0.2328	-0.08246	
L2	0.049835	-0.01976	0.299356	
L3	0.324631	-0.10007	-0.13961	
L4	-0.09174	0.352622	-0.07729	
SKUG				
	GENOTIP			
G1	-0.05568	-0.12504	0.142423	
G2	-0.03105	0.120476	-0.09643	
G3	-0.07616	0.229373	0.090051	
G4	-0.19305	0.115817	0.071367	
G5	-0.1635	-0.29823	0.002962	
G6	0.209584	-0.05013	-0.07359	
G7	0.126581	-0.02624	-0.04108	
G8	-0.05939	0.021762	-0.23143	
G9	0.242656	0.012218	0.135722	

b. IPT2

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	LOKASI
L1	-0.74556	1.187488	-0.28824	
L2	0.242629	-0.00748	1.138737	
L3	1.294132	-0.02229	-0.55823	
L4	-0.7912	-1.15772	-0.29226	
SKUG				
	GENOTIP			
G1	-0.0384	0.488233	0.571708	
G2	-0.27652	-0.37963	-0.37559	
G3	-0.56482	-0.76329	0.350728	
G4	-0.83978	-0.14802	0.257481	
G5	-0.19815	1.272576	0.035698	
G6	0.848531	-0.05629	-0.28825	
G7	0.500581	-0.04549	-0.15038	
G8	-0.28223	0.005113	-0.88337	
G9	0.850775	-0.3732	0.481974	

c. IPT3

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	1.298759	-0.12453	-0.22409	LOKASI
L2	-0.14546	0.041178	0.983329	
L3	-0.47168	1.069506	-0.3975	
L4	-0.68162	0.986157	-0.36174	
SKUG				
G1	0.435816	0.140467	0.535141	GENOTIP
G2	-0.23843	-0.35524	-0.31927	
G3	-0.33084	-0.64328	0.197774	
G4	0.072873	-0.83024	0.209389	
G5	1.185766	0.29813	0.019132	
G6	-0.3218	0.641576	-0.27419	
G7	-0.24469	0.276485	-0.11529	
G8	0.113037	-0.07711	-0.72384	
G9	-0.67174	0.549207	0.471141	

d. IPT4

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.4068	0.925048	-0.21797	LOKASI
L2	0.197944	-0.01602	0.836392	
L3	0.929699	-0.16709	-0.42411	
L4	-0.72084	-0.74194	-0.19431	
SKUG				
G1	-0.0232	-0.34279	-0.41489	GENOTIP
G2	0.244544	0.228561	0.282935	
G3	0.509599	0.512579	-0.2795	
G4	0.61251	-0.02129	-0.17957	
G5	-0.01139	-0.92154	-0.03721	
G6	-0.61492	0.143441	0.206728	
G7	-0.37942	0.073761	0.113792	
G8	0.227485	-0.02693	0.652718	
G9	-0.56521	0.3542	-0.345	

2. Data 2

a. IPT1

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.08072	0.270775	0.071246	
L2	-0.27743	-0.10104	-0.11051	
L3	0.298484	0.016547	-0.11411	
L4	0.059666	-0.18628	0.153369	
SKUG				GENOTIP
G1	0.30503	0.078926	0.079507	
G2	-0.09278	-0.15144	0.136224	
G3	0.108687	-0.07675	-0.11029	
G4	-0.1475	0.133754	0.059875	
G5	-0.17087	-0.02983	-0.07756	
G6	-0.05311	0.222601	-0.02102	
G7	0.064548	-0.1033	-0.01094	
G8	0.04114	-0.00772	-0.07825	
G9	-0.05515	-0.06624	0.022446	

b. IPT2

SKUE				LOKASI
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.56523	1.033343	-0.05984	
L2	1.277597	0.024575	-0.29208	
L3	-0.75636	-0.7487	-0.40464	
L4	0.043997	-0.30922	0.756552	
SKUG				GENOTIP
G1	-1.15986	-0.02338	0.25139	
G2	0.440894	0.313418	0.639621	
G3	0.346772	-0.94898	-0.09228	
G4	0.407398	0.168897	-0.16101	
G5	0.567804	0.472172	0.009799	
G6	-0.4288	0.578491	-0.48029	
G7	-0.38751	-0.21999	0.172376	
G8	0.004936	-0.29815	-0.16327	
G9	0.208364	-0.04247	-0.17634	

c. IPT3

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-1.02188	0.532821	0.016355	LOKASI
L2	-0.16376	-0.98123	-0.28787	
L3	0.771887	0.553599	-0.39864	
L4	0.413747	-0.10519	0.670152	
SKUG				
G1	-0.05288	1.139895	0.050749	GENOTIP
G2	-0.11576	-0.19266	0.55562	
G3	1.168801	-0.15573	-0.17943	
G4	-0.13227	-0.23222	0.048526	
G5	-0.49002	-0.2931	-0.29601	
G6	-0.41661	-0.07006	-0.37719	
G7	-0.07744	-0.03589	-0.01792	
G8	0.135	0.069285	-0.10646	
G9	-0.01883	-0.22951	0.322121	

d. IPT4

SKUE				
	SKUI1	SKUI2	SKUI3	
L1	-0.03139	0.074285	0.684446	LOKASI
L2	0.822337	-0.41484	-0.18096	
L3	-0.80954	-0.4071	-0.21694	
L4	0.018594	0.747654	-0.28654	
SKUG				
G1	0.513309	-0.58643	-0.0301	GENOTIP
G2	-0.40409	-0.2056	-0.0295	
G3	-0.35348	0.112397	0.245128	
G4	0.012913	0.086614	0.297604	
G5	-0.63386	-0.06476	-0.13933	
G6	0.191616	0.017169	-0.59616	
G7	0.579571	0.289817	0.210222	
G8	0.013639	-0.24054	0.194346	
G9	0.080375	0.591333	-0.15221	

Lampiran 20. Hasil analisis *procrustes*

1. Data 1

a. Berat ubi dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	611.2396	626.7877	446.4157	671.1555
JKT	49933.35	49933.35	49933.35	49933.35
RMSE	8.2411	8.3452	7.0428	8.6356
R ²	98.78	98.74	99.11	98.66

b. Kadar pati dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	49.1306	41.5531	64.9705	36.8531
JKT	11143.51	11143.51	11143.51	11143.51
RMSE	2.3364	2.1487	2.6868	2.0236
R ²	99.56	99.62	99.42	99.67

c. Tinggi tanaman dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	9391.627	8723.622	8115.643	8907.997
JKT	2411458	2411458	2411458	2411458
RMSE	32.3035	31.1334	30.0290	31.4607
R ²	99.61	99.64	99.66	99.63

2. Data 2

a. Berat ubi dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	970.632	711.8592	922.1677	587.3192
JKT	56971.51	56971.51	56971.51	56971.51
RMSE	10.3850	8.8936	10.1224	8.0782
R ²	98.30	98.75	98.38	98.97

b. Kadar pati dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	72.0918	97.2551	56.3608	66.8569
JKT	11794.49	11794.49	11794.49	11794.49
RMSE	2.8302	3.2873	2.5025	2.7255
R ²	99.38	99.18	99.52	99.43

c. Tinggi tanaman dengan respon gabungan

	IPT1	IPT2	IPT3	IPT4
JKG	136872.89	11497.44	10079.78	14802.93
JKT	2288113	2288113	2288113	2288113
RMSE	39.2611	35.7420	33.4660	40.5558
R ²	99.39	99.50	99.56	99.35

Lampiran 21. Makro SAS untuk penguraian nilai singular

```
PROC IML;
CREATE COBA VAR {V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9};
INFILE 'D:beratubi1.txt';
DO DATA;
INPUT V1 V2 V3 V4 V5 V6 V7 V8 V9;
APPEND;
END;
READ ALL INTO ZEG;
PRINT ZEG;
CLOSE COBA;

/*PENYUSUNAN MATRIK GEI*/
RG=ZEG[+,]/4; RE=ZEG[+,]/9;
R=ZEG[+,+]/36;
ZRG=REPEAT (RG,4,1);
ZRE=REPEAT (RE,1,9);
ZR=REPEAT (R,4,9);
ZPEG=ZEG-ZRE-ZRG+ZR;
PRINT ZPEG;
A=t(ZPEG)*ZPEG;
PRINT A;
b=eigval(A);
PRINT b; r=3;
JKUI=r*b;

****SVD****/
CALL SVD (U,Q,V,ZPEG);
PRINT Q;
PRINT V;

***PENDUGAAN SKOR KOMPONEN***/
AKAR =SQRT(DIAG(Q));
SKUE=U*AKAR;
SKUG=V*t(AKAR);
```

Lampiran 22. Rata-rata genotip tiap lokasi

1. Data 1

a. Berat umbi (ton/ha)

***** AMMI-estimates per environment ranked *****	
L1	L3
G5	48.37
G2	41.97
G3	41.81
G7	40.76
G8	39.37
G6	38.32
G4	36.93
G1	36.69
G9	33.51
G6	49.72
G9	49.30
G7	43.44
G3	40.37
G2	40.24
G8	36.67
G5	36.55
G1	35.09
G4	26.91
G9	39.81
G3	37.64
G2	37.11
G7	36.73
G6	33.69
G8	29.77
G4	28.01
G1	27.16
G5	24.18
G3	42.71
G2	41.78
G9	41.63
G7	38.96
G4	35.12
G8	30.99
G6	29.10
G1	27.66
G5	19.22

b. Kadar pati (%)

***** AMMI-estimates per environment ranked *****	
L1	L3
G7	21.72
G9	20.38
G8	20.21
G1	19.72
G2	18.79
G3	18.47
G5	16.99
G6	16.25
G4	14.61
G7	21.22
G9	19.50
G1	18.72
G8	17.93
G2	17.00
G3	16.90
G5	16.60
G6	15.95
G4	12.92
G7	19.49
G9	18.25
G1	18.14
G3	16.94
G5	16.54
G8	16.27
G6	15.12
G2	15.11
G4	10.88
G3	19.55
G1	19.28
G8	19.24
G7	18.98
G9	18.77
G2	17.01
G5	16.81
G6	14.77
G4	12.50

c. Tinggi tanaman (cm)

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G3 330.1	G3 233.5	G3 219.1	G7 334.7
G1 326.6	G1 229.4	G7 213.1	G6 328.8
G5 317.3	G5 220.4	G1 205.4	G3 326.3
G7 315.7	G7 219.5	G5 200.4	G2 303.0
G9 303.9	G9 206.5	G6 196.1	G8 300.1
G6 292.0	G6 196.1	G8 184.3	G5 297.6
G8 290.3	G8 193.9	G2 184.2	G1 295.7
G2 288.4	G2 192.1	G9 179.1	G4 284.6
G4 277.2	G4 180.8	G4 170.3	G9 263.1

2. Data 2

a. Berat umbi (ton/ha)

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G2 58.91	G2 57.32	G2 36.27	G2 33.02
G4 55.70	G4 51.42	G4 34.20	G4 29.46
G9 53.38	G3 50.75	G9 33.44	G9 26.65
G3 52.18	G5 47.87	G7 33.31	G3 26.31
G8 50.95	G9 45.43	G6 32.86	G8 24.20
G5 48.89	G8 42.83	G1 31.80	G5 23.07
G7 48.82	G6 31.46	G8 31.08	G6 20.84
G6 48.81	G1 30.92	G3 29.47	G7 20.72
G1 47.90	G7 30.44	G5 26.00	G1 19.99

b. Kadar pati (%)

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L3
G7 19.50	G8 20.34
G9 17.24	G1 20.25
G8 16.73	G3 20.06
G1 16.29	G7 19.33
G2 16.24	G2 18.63
G5 15.28	G5 18.62
G3 14.40	G9 17.82
G6 13.88	G6 16.14
G4 12.31	G4 13.09
L2	L4
G7 23.39	G7 21.65
G9 21.15	G9 19.39
G8 20.74	G8 18.89
G1 20.31	G1 18.45
G2 20.22	G2 18.40
G5 19.28	G5 17.44
G3 18.47	G3 16.57
G6 17.85	G6 16.04
G4 16.23	G4 14.46

c. Tinggi tanaman (cm)

***** AMMI-estimates per environment *****

L1	L2	L3	L4
G1 357.9	G5 329.2	G1 233.7	G1 214.0
G5 343.4	G6 324.8	G3 230.4	G3 187.2
G6 321.9	G7 318.7	G4 202.9	G4 170.9
G7 309.8	G3 299.6	G7 201.9	G5 167.5
G8 302.2	G1 299.6	G5 197.6	G7 164.4
G4 298.0	G4 283.1	G6 197.0	G8 162.5
G9 289.8	G9 274.0	G8 190.4	G6 161.7
G2 286.8	G8 273.6	G2 174.3	G2 145.0
G3 278.0	G2 264.1	G9 174.0	G9 143.1

3. Respons gabungan data 1

a. IPT1

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L3
G7 0.7313	G7 0.6420
G5 0.6921	G9 0.5904
G1 0.6728	G6 0.5041
G3 0.6674	G3 0.4814
G8 0.6507	G8 0.4657
G2 0.6225	G2 0.4601
G9 0.6142	G1 0.4492
G6 0.5443	G5 0.3880
G4 0.4495	G4 0.1785
L2	L4
G7 0.5112	G3 0.7071
G9 0.5084	G7 0.6594
G3 0.4844	G2 0.6061
G1 0.4411	G9 0.5879
G2 0.3601	G8 0.5704
G5 0.3344	G1 0.5092
G6 0.3343	G6 0.4741
G8 0.3063	G5 0.4058
G4 0.1963	G4 0.4008

IPT2

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G7 3.312	G7 0.203	G7 2.149	G3 2.894
G5 2.609	G9 0.140	G9 1.388	G7 2.180
G1 2.380	G3 -0.299	G6 0.062	G2 1.390
G3 2.290	G1 -0.873	G3 -0.312	G9 1.231
G8 2.137	G2 -2.102	G8 -0.477	G8 0.926
G2 1.705	G6 -2.488	G2 -0.578	G1 0.024
G9 1.613	G5 -2.497	G1 -0.722	G6 -0.658
G6 0.462	G8 -2.849	G5 -1.622	G5 -1.577
G4 -0.898	G4 -4.620	G4 -4.784	G4 -1.731

b. IPT3

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G5 2.274	G9 -0.064	G7 1.1850	G3 2.1417
G7 2.202	G7 -0.133	G9 0.8650	G7 1.6207
G3 1.803	G3 -0.182	G6 0.1936	G2 1.2353
G1 1.691	G1 -0.858	G3 -0.2126	G9 0.8524
G8 1.425	G2 -1.435	G2 -0.4821	G8 0.5243
G2 1.255	G6 -1.754	G8 -0.5366	G6 -0.1198
G9 0.902	G5 -1.965	G1 -0.8024	G1 -0.2097
G6 0.603	G8 -2.221	G5 -1.2720	G4 -0.6835
G4 -0.376	G4 -2.961	G4 -3.3256	G5 -1.1796

c. IPT4

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G4 0.546	G4 2.6068	G4 2.6403	G4 1.0621
G6 -0.197	G8 1.5243	G5 0.8643	G5 0.8580
G2 -0.927	G6 1.3682	G1 0.3368	G6 0.4349
G9 -0.934	G5 1.3339	G2 0.3008	G1 -0.0559
G8 -1.192	G2 1.1644	G8 0.2202	G8 -0.5338
G3 -1.220	G1 0.4312	G3 0.1716	G9 -0.6813
G1 -1.304	G3 0.1698	G6 -0.0080	G2 -0.7125
G5 -1.348	G9 -0.1114	G9 -0.7906	G7 -1.1808
G7 -1.848	G7 -0.1693	G7 -1.2506	G3 -1.5703

4. Respons gabungan data 2

a. IPT1

***** AMMI-estimates per environment ranked *****

L1	L2	L3	L4
G1 0.6983	G5 0.6841	G1 0.4730	G2 0.3347
G7 0.6601	G2 0.6730	G3 0.4486	G7 0.3347
G2 0.6327	G7 0.6629	G7 0.4346	G3 0.3062
G5 0.6312	G9 0.6492	G8 0.4076	G1 0.3029
G8 0.5937	G3 0.6480	G9 0.3562	G9 0.2863
G9 0.5904	G8 0.6379	G2 0.3479	G8 0.2759
G6 0.5870	G4 0.5881	G5 0.3291	G5 0.2527
G4 0.5256	G6 0.5555	G6 0.2978	G4 0.1869
G3 0.4886	G1 0.5417	G4 0.2653	G6 0.1572

b. IPT2

***** AMMI-estimates per environment *****

L1	L2	L3	L4
G2 2.652	G2 2.859	G1 -0.305	G2 -1.426
G1 2.645	G5 2.509	G7 -0.476	G7 -2.015
G7 2.230	G3 2.358	G3 -0.577	G3 -2.159
G5 2.080	G9 2.219	G8 -0.829	G1 -2.281
G6 1.915	G8 1.913	G9 -1.132	G8 -2.475
G9 1.893	G4 1.833	G2 -1.335	G9 -2.519
G8 1.702	G7 1.559	G5 -1.990	G5 -2.651
G4 1.353	G6 0.509	G6 -1.993	G4 -3.212
G3 0.884	G1 0.329	G4 -2.094	G6 -3.973

c. IPT3

***** AMMI-estimates per environment *****

L1	L2	L3	L4
G1 2.529	G7 2.362	G1 0.209	G7 -1.318
G7 1.984	G5 2.263	G3 -0.053	G1 -1.436
G5 1.764	G3 1.694	G7 -0.381	G3 -1.530
G2 1.268	G2 1.677	G8 -0.711	G2 -1.606
G8 1.229	G9 1.674	G5 -1.231	G9 -1.822
G6 1.110	G8 1.662	G9 -1.351	G8 -1.890
G9 1.046	G6 1.355	G2 -1.404	G5 -2.149
G4 0.400	G1 1.129	G6 -1.709	G4 -2.808
G3 0.012	G4 1.015	G4 -2.091	G6 -2.891

d. IPT4

***** AMMI-estimates per environment *****

L1	L2	L3	L4
G7 -0.976	G7 0.1613	G5 1.2650	G9 2.178
G8 -1.230	G1 0.0845	G8 1.1014	G7 2.119
G9 -1.453	G8 -0.2955	G2 1.0404	G6 1.646
G3 -1.617	G6 -0.3867	G3 0.7847	G8 1.495
G1 -1.645	G9 -0.5664	G6 0.7458	G5 1.349
G5 -1.789	G2 -1.0454	G9 0.7429	G3 1.278
G2 -1.796	G5 -1.2143	G1 0.6695	G2 1.150
G4 -1.968	G3 -1.2243	G7 0.6356	G1 1.099
G6 -2.034	G4 -1.2935	G4 0.1065	G4 0.880

UNIVERSITAS BRAWIJAYA

