

**ANALISIS STABILITAS GENOTIPE MENGGUNAKAN
METODE SHUKLA DAN AMMI PADA PERCOBAAN
MULTILOKASI**

SKRIPSI

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Statistika

oleh:

SEBRINDA GINA TANDI DATU

145090507111006



**PROGRAM STUDI STATISTIKA
JURUSAN MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS BRAWIJAYA
MALANG
2018**

LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI

ANALISIS STABILITAS GENOTIPE MENGGUNAKAN METODE SHUKLA DAN AMMI PADA PERCOBAAN MULTILOKASI

oleh:
SEBRINDA GINA TANDI DATU
145090507111006

Setelah dipertahankan di depan Majelis Penguji pada tanggal
13 April 2018 dan dinyatakan memenuhi syarat untuk
memperoleh gelar Sarjana Statistika

Dosen Pembimbing

Prof.Dr.Ir. Ni Wayan Surya Wardhani, MS
NIP. 195511021981032001

Mengetahui,
Ketua Jurusan Matematika
Fakultas MIPA
Universitas Brawijaya

Ratno Bagus Edy Wibowo, S.Si., M.Si., Ph.D
NIP. 197509082000031003

LEMBAR PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : SEBRINDA GINA TANDI DATU
NIM : 145090507111006
Jurusan : MATEMATIKA
Program Studi : STATISTIKA
Skripsi berjudul :

ANALISIS STABILITAS GENOTIPE MENGUNAKAN METODE SHUKLA DAN AMMI PADA PERCOBAAN MULTILOKASI

Dengan ini menyatakan bahwa:

1. Isi dari skripsi yang saya buat adalah benar-benar karya sendiri dan tidak menjiplak karya orang lain, selain nama-nama yang termaktub di isi dan tertulis di daftar pustaka dalam skripsi ini.
2. Apabila di kemudian hari ternyata skripsi yang saya tulis terbukti hasil jiplakan, maka saya akan bersedia menanggung segala resiko yang akan saya terima.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan segala kesadaran.

Malang, 13 April 2018
Yang menyatakan,

SEBRINDA GINA TANDI DATU
145090507111006

ANALISIS STABILITAS GENOTIPE MENGGUNAKAN METODE SHUKLA DAN AMMI PADA PERCOBAAN MULTILOKASI

ABSTRAK

Percobaan multilokasi dilakukan untuk menganalisis pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi dalam bidang pemuliaan tanaman. Adanya interaksi antara kedua pengaruh utama menyebabkan hasil biji kedelai berbeda di berbagai lokasi. Data yang digunakan adalah hasil penelitian 14 genotipe kedelai toleran naungan (ton/ha) yang ditanam pada 6 lokasi berbeda. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui interaksi kedua faktor serta untuk melakukan analisis stabilitas genotipe kedelai menggunakan metode Shukla dan *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI). Kedua metode memberikan hasil yang sama, yaitu terdapat interaksi antara kedua pengaruh utama. Berdasarkan metode Shukla dan AMMI diperoleh genotipe stabil yaitu G5, G9 dan G8. Metode AMMI juga menghasilkan genotipe spesifik terhadap lokasi yaitu G5 dengan Desa Sukodadi, Lampung Timur dan G13 yang cocok ditanam di Ngale, Ngawi. Keragaman pengaruh interaksi yang dapat diterangkan model AMMI lebih besar dari keragaman pengaruh interaksi yang diterangkan metode Shukla.

Kata kunci: AMMI, ISA, biplot, multilokasi, Shukla, stabilitas genotipe

repository.ub.ac.id

ANALYSIS OF GENOTYPE STABILITY USING SHUKLA AND AMMI METHOD IN MULTILLOCATION TRIALS

ABSTRACT

A multilocation trial was conducted to analyze the effect of genotype interactions with location in the field of plant breeding. The interaction between the two main effects causes the yield of different soybean seeds in various locations. The data used were the seed yield of 14 soybean genotype (ton / ha) grown at 6 different locations. The purpose of this research is to know the interaction of both factors and to analyze soybean genotype stability using Shukla and Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI) method. Both methods give the same result, there is an interaction between the two main effects. Based on Shukla and AMMI methods obtained stable genotype of G5, G9 and G8. The AMMI method also produces a specific genotype of the location of G5 with Sukodadi Village, East Lampung and G13 which is suitable to be planted in Ngale, Ngawi. The diversity of interaction effects that the AMMI model can explain is greater than the diversity of interaction effects that the Shukla method describes.

Keywords: AMMI, biplot, genotype stability ISA, multilocation, Shukla

KATA PENGANTAR

Puji syukur pada Tuhan Yang Maha Esa atas berkat dan penyertaan-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi yang berjudul “Analisis Stabilitas Genotipe Menggunakan Metode Shukla dan AMMI pada Percobaan Multilokasi”. Banyak pihak yang telah memberikan bantuan kepada penulis dalam penyusunan skripsi ini. Oleh karena itu, pada kesempatan ini penulis ingin menyampaikan terima kasih kepada :

1. Prof.Dr.Ir. Ni Wayan Surya Wardhani, MS selaku dosen pembimbing atas waktu, bimbingan, kritik, saran dan kesabaran yang telah diberikan kepada penulis dalam penyusunan skripsi.
2. Dr. Ir. Maria Bernadetha M selaku dosen penguji I atas kritik, saran dan bimbingan yang telah diberikan.
3. Darmanto, S.Si., M.Si selaku dosen penguji II atas pengarahan dan bimbingan yang telah diberikan.
4. Semua dosen, staf dan karyawan Jurusan Matematika Fakultas MIPA Universitas Brawijaya
5. Bapak, Mama, Kakak dan seluruh keluarga besar atas kasih sayang, doa, dan dukungan yang diberikan kepada penulis.
6. Ibu Titik Sundari dari BALITKABI Malang, atas bimbingan dan kemurahan hatinya mengizinkan penulis menggunakan data hasil penelitian beliau.
7. Mbak Sindi Yunia Prastica dan Mbak Citra F atas bantuan dan kebaikan hatinya telah menjawab pertanyaan-pertanyaan yang penulis sampaikan.
8. Semua teman-teman statistika angkatan 2014 yang selalu memberikan semangat dan bantuan dalam proses penyusunan skripsi

Penyusunan skripsi ini masih jauh dari kesempurnaan. Oleh karena itu, penulis mengharapkan kritik dan saran demi perbaikan dan penyempurnaan. Semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi semua pihak.

Malang, April 2018

Penulis

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL	i
LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI	ii
LEMBAR PERNYATAAN	iii
ABSTRAK	iv
ABSTRACT	v
KATA PENGANTAR	vi
DAFTAR ISI	vii
DAFTAR TABEL	ix
DAFTAR GAMBAR	x
DAFTAR LAMPIRAN	xi
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
1.5 Batasan Masalah	3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Rancangan Percobaan	5
2.2 Percobaan Multilokasi	6
2.3 Asumsi Analisis Ragam	8
2.3.1 Galat Menyebar Normal	8
2.3.2 Keaditifan Pengaruh Perlakuan Genotipe Lokasi	8
2.3.3 Ragam Galat Homogen	9
2.3.4 Galat Saling Bebas	10
2.4 Konsep Stabilitas	10
2.5 Metode Shukla	10
2.6 <i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction</i> (AMMI)	13
2.6.1 Manfaat AMMI	13
2.6.2 Pemodelan AMMI	13
2.6.3 Analisis Ragam Model AMMI	15
2.6.4 Jumlah Kuadrat Komponen Interaksi	15
2.6.5 Penguraian Derajat Kebebasan	16
2.6.6 Penguraian Nilai Singular	16
2.6.7 Nilai Komponen AMMI	17
2.6.8 Penentuan Jumlah Komponen AMMI	17

2.6.9 Interpretasi Hasil AMMI.....	17
2.7 Kedelai Toleran Naungan	18
BAB III METODE PENELITIAN	21
3.1 Sumber Data.....	21
3.2 Metode Analisis Data.....	22
3.3 Diagram Alir Penelitian	23
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	25
4.1 Analisis Deskriptif	25
4.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam	27
4.2.1 Galat Menyebar Normal.....	27
4.2.2 Keaditifan Pengaruh Perlakuan.....	27
4.2.3 Ragam Galat Homogen.....	28
4.2.4 Galat Saling Bebas	28
4.3 Analisis Ragam	29
4.4 Metode Shukla	31
4.5 Analisis AMMI	33
4.5.1 Interpretasi Biplot AMMI	34
4.5.2 Indeks Stabilitas AMMI.....	36
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	37
5.1 Kesimpulan	37
5.2 Saran.....	37
DAFTAR PUSTAKA	39
LAMPIRAN.....	41

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 2.1 Analisis Ragam RAK	5
Tabel 2.2 Tabel Dua Arah Genotipe dan Lokasi	7
Tabel 2.3 Analisis Ragam	7
Tabel 2.4 Nilai Kritis A2	8
Tabel 2.5 Analisis Ragam Metode Shukla	12
Tabel 2.6 Analisis Ragam AMMI	15
Tabel 4.1 Rata-rata Hasil biji Kedelai (ton/ha)	25
Tabel 4.2 Analisis Ragam Uji Non Aditifitas Tukey	27
Tabel 4.3 Hasil Analisis Ragam	29
Tabel 4.4 Analisis Ragam Shukla	31
Tabel 4.5 Parameter kestabilan 14 genotipe kedelai	32
Tabel 4.6 Kontribusi Keragaman KUI	33
Tabel 4.7 Analisis Ragam AMMI	33
Tabel 4.8 Analisis Ragam AMMI 3	34
Tabel 4.9 Peringkat dan nilai ISA	36



DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 3.1 Diagram Alir Penelitian.....	23
Gambar 4.1 Diagram Boxplot Kedelai (ton/ha) Berdasarkan Lokasi	26
Gambar 4.2 Diagram Pencar Sisaan dan Penduga Respon	28
Gambar 4.3 Kurva Interaksi Genotipe dengan Lokasi	30
Gambar 4.4 Biplot AMMI 2	35



DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1. Hasil Biji Kedelai Toleran Naungan (ton/ha).....	41
Lampiran 2. Data Hasil Biji 14 Genotipe Kedelai Toleran Naungan (ton/ha) di 6 Lokasi	42
Lampiran 3. Pengujian Asumsi Analisis Ragam.....	43
Lampiran 4. Matriks Pengaruh Interaksi GE	45
Lampiran 5. Analisis Ragam.....	46
Lampiran 6. Penguraian Bilinier Pengaruh Interaksi.....	47
Lampiran 7. Analisis Ragam AMMI	48



BAB I

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Percobaan multilokasi sangat penting dalam bidang pemuliaan tanaman dan merupakan teknik percobaan yang melibatkan dua faktor utama yaitu genotipe tanaman dan kondisi lingkungan. Oleh karena itu keragaman total dari respon secara garis besar dapat dibagi ke dalam tiga sumber keragaman, yaitu pengaruh utama genotipe, pengaruh utama lokasi dan interaksi genotipe dengan lokasi (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

Nyata atau tidaknya interaksi genotipe dan lokasi menjadi hal yang utama dalam analisis stabilitas untuk menentukan pilihan genotipe tanaman yang akan dilepas sabagai varietas baru. Analisis stabilitas perlu dilakukan untuk mencirikan keragaman suatu genotipe di berbagai lingkungan sekaligus membantu pemulia untuk memilih genotipe yang unggul. Informasi stabilitas dan adaptabilitas suatu calon varietas menjadi sangat penting karena varietas tersebut akan ditanam oleh petani pada lingkungan yang berbeda-beda sehingga diperlukan varietas yang stabil memberikan hasil tinggi dan adaptif terhadap lintas kondisi lingkungan (Widyastuti, dkk, 2013).

Analisis stabilitas dan adaptabilitas genotipe telah dikembangkan dengan pendekatan parametrik dan non-parametrik. Pendekatan parametrik menggunakan perhitungan parameter stabilitas untuk menganalisis stabilitas genotipe. Banyak penelitian dalam hal kestabilan daya hasil yang telah dikembangkan oleh para tokoh peneliti terkemuka, di antaranya metode Finlay dan Wilkinson (1966), Eberhart dan Russel (1966), Shukla (1972), dan Francis dan Kannenberg (1978). Penelitian terdahulu yang dilakukan Ngeve dan Bouwkamp (1993) dalam Caliskan dkk (2007) membandingkan beberapa metode stabilitas dengan pendekatan parametrik, yaitu metode Eberhart dan Russel (1966), Perkin dan Jinks (1968), Shukla (1972) dan Francis dan Kannenberg (1978). Metode Shukla (1972) disimpulkan sebagai salah satu metode yang efektif dalam menentukan genotipe stabil. Namun metode dengan pendekatan parametrik tersebut masih menyisakan keragaman interaksi yang cukup besar. Hal ini terjadi karena pendekatan parametrik hanya menjelaskan komponen linier dari pengaruh interaksi sehingga apabila

repository.ub.ac.id

pola interaksi genotipe terhadap lingkungan tidak linier akan menyisakan keragaman yang cukup besar (Sumertajaya, 2007). Pada tahun 1988, Gauch dan Zobel memperkenalkan metode AMMI (*Additive Main Effect Multiplicative Interaction*) yang merupakan gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikatif pada analisis komponen utama (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

Kedelai adalah salah satu komoditi pangan utama setelah padi dan jagung. Kedelai juga merupakan bahan pangan sumber protein nabati utama bagi masyarakat. Menurut Sundari, dkk., (2016) kebutuhan kedelai nasional dari tahun ke tahun mengalami peningkatan, namun produksi kedelai mengalami penurunan. Salah satu cara untuk meningkatkan produktivitas kedelai adalah dengan mengembangkan kedelai sebagai tanaman sela di bawah tegakan tanaman perkebunan atau tumpangsari dengan tanaman pangan lain. Genotipe kedelai yang adaptif terhadap naungan sangat dibutuhkan dalam meningkatkan produksi kedelai nasional. Mengingat respon genotipe yang beragam terhadap lingkungan, maka dilakukan percobaan multilokasi untuk mengetahui genotipe yang beradaptasi baik dan memiliki stabilitas pada berbagai lingkungan.

Sundari, dkk., (2016) meneliti tentang stabilitas genotipe 12 genotipe kedelai toleran naungan dan 2 genotipe pembanding menggunakan metode Eberhart Russel. Hasil yang didapat adalah empat genotipe stabil dengan rata-rata hasil rendah, delapan genotipe kedelai toleran naungan dan dua genotipe pembanding dinyatakan tidak stabil. Pada penelitian ini akan dibahas mengenai interaksi dan stabilitas 14 genotipe kedelai toleran naungan yang ditanam pada 6 lokasi berbeda. Metode yang digunakan yaitu AMMI dan metode Shukla untuk membandingkan metode yang lebih baik dalam menganalisis kestabilan genotipe kedelai toleran naungan.

1.2. Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana menentukan genotipe yang stabil dengan metode Shukla dan AMMI?
2. Apakah terdapat perbedaan hasil genotipe yang stabil dengan menggunakan metode Shukla dan metode AMMI?

1.3. Tujuan

Berdasarkan rumusan masalah, maka penelitian ini memiliki tiga tujuan utama, yaitu:

1. Menerapkan metode Shukla dan AMMI untuk mendapatkan genotipe kedelai toleran naungan stabil.
2. Membandingkan hasil genotipe kedelai toleran naungan stabil berdasarkan metode Shukla dan AMMI.

1.4. Manfaat Penelitian

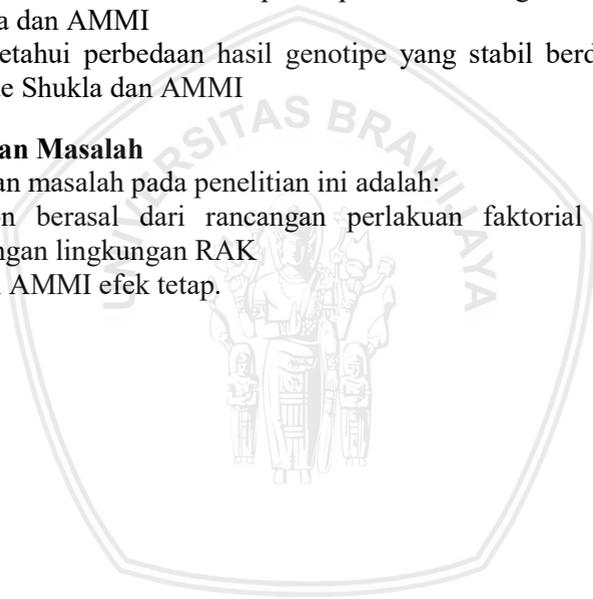
Penelitian ini diharapkan mampu memberikan manfaat, antara lain:

1. Memberikan informasi kepada pembaca mengenai metode Shukla dan AMMI
2. Mengetahui perbedaan hasil genotipe yang stabil berdasarkan metode Shukla dan AMMI

1.5. Batasan Masalah

Batasan masalah pada penelitian ini adalah:

1. Respon berasal dari rancangan perlakuan faktorial dengan rancangan lingkungan RAK
2. Model AMMI efek tetap.





BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1. Rancangan Percobaan

Menurut Yitnosumarto (1993), rancangan percobaan adalah suatu prosedur untuk mengumpulkan atau memperoleh data dalam penelitian. Rancangan ini terdiri dari rancangan perlakuan, rancangan lingkungan dan rancangan pengukuran. Salah satu rancangan lingkungan adalah Rancangan Acak Kelompok (RAK). RAK digunakan apabila terdapat keragaman antar satuan percobaan, sehingga perlu dilakukan pengendalian terhadap lingkungan dengan membuat kelompok-kelompok homogen. Model linier aditif untuk respon yang berasal dari RAK sebagai berikut (Yitnosumarto, 1993):

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \varepsilon_{ij} \tag{2.1}$$

di mana:

- Y_{ij} : respon perlakuan ke- i , kelompok ke- j
- μ : rata-rata umum
- τ_i : pengaruh perlakuan ke- i , $i = 1, 2, \dots, s$
- β_j : pengaruh kelompok ke- j , $j = 1, 2, \dots, t$
- ε_{ij} : galat perlakuan ke- i kelompok ke- j
- s : banyaknya perlakuan
- t : banyaknya kelompok

Tabel 2.1. Analisis Ragam RAK

Sumber Keragaman	Derajat Bebas	Jumlah Kuadrat
Kelompok	$t - 1$	$JKK = s \sum_{j=1}^t (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})^2$
Perlakuan	$s - 1$	$JKP = t \sum_{i=1}^s (\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..})^2$
Galat	$(t - 1)(s - 1)$	$JKG = JKT - JKK - JKP$
Total	$st - 1$	$JKT = \sum_{i=1}^s \sum_{j=1}^t (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{..})^2$

2.2. Percobaan Multilokasi

Penerapan percobaan multilokasi menggunakan rancangan percobaan yang sama untuk setiap lokasi. Mattjik dan Sumertajaya (2006) menjelaskan bahwa percobaan multilokasi berperan penting dalam bidang pemuliaan tanaman. Percobaan multilokasi dilakukan untuk mengetahui kestabilan suatu genotipe pada berbagai kondisi lokasi. Faktor dalam percobaan ini terdiri dari genotipe dan lokasi, sehingga sumber keragaman dibagi menjadi tiga, yaitu pengaruh utama genotipe, lokasi dan interaksi genotipe dengan lokasi. Terdapat 3 tujuan utama dari percobaan multilokasi, yaitu:

- Mendapat penduga parameter dan penduga respon berdasarkan respon percobaan terbatas.
- Menentukan stabilitas hasil dan pola respon genotipe atau perlakuan bidang agronomi terhadap lingkungan.
- Melakukan seleksi genotipe atau perlakuan agronomi terbaik untuk dikembangkan pada masa mendatang atau pada lokasi lain.

Model linier aditif respon yang berasal dari rancangan perlakuan faktorial disajikan pada persamaan 2.2:

$$Y_{ijk} = \mu + E_j + B_k + G_i + (GE)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.2)$$

di mana:

- Y_{ijk} : respon dari genotipe ke- i , lokasi ke- j , kelompok- k
 μ : rata-rata umum
 G_i : pengaruh genotipe ke- i , $i = 1, 2, \dots, g$
 E_j : pengaruh lokasi ke- j , $j = 1, 2, \dots, e$
 B_k : pengaruh kelompok ke- k , $k = 1, 2, \dots, r$
 $(GE)_{ij}$: pengaruh interaksi perlakuan ke- i pada lokasi ke- j
 ε_{ijk} : galat perlakuan ke- i di lokasi ke- j pada kelompok ke- k

Berikut disajikan tabel dua arah untuk Genotipe dan Lokasi dengan rancangan lingkungan RAK.

Tabel 2.2. Tabel Dua Arah Genotipe dan Lokasi

Genotipe	Lokasi				Total
	1	2	...	e	
1	$Y_{11}(r)$	$Y_{12}(r)$...	$Y_{1e}(r)$	$Y_{1e}(er)$
2	$Y_{21}(r)$	$Y_{22}(r)$...	$Y_{2e}(r)$	$Y_{2e}(er)$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
g	$Y_{g1}(r)$	$Y_{g2}(r)$...	$Y_{ge}(r)$	$Y_{ge}(er)$
Total	$Y_{.1}(gr)$	$Y_{.2}(gr)$...	$Y_{.e}(gr)$	$Y_{...}(ger)$

Tabel 2.3. Analisis Ragam

SK	DB	JK
Kelompok	$r - 1$	$JK_{Kelompok} = \sum_{k=1}^r (\bar{Y}_{.k} - \bar{Y}_{...})^2$
Genotipe	$g - 1$	$JK_{Genotipe} = \sum_{i=1}^g (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})^2$
Lokasi	$e - 1$	$JK_{Lokasi} = \sum_{j=1}^e (\bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...})^2$
Interaksi	$(g - 1)(e - 1)$	$JK_{Interaksi} = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e (\bar{Y}_{i.j} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})^2$
Galat	$(ge - 1)(r - 1)$	$JK_{Galat} = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e \sum_{k=1}^r (\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{i.j.})^2$
Total	$(ger - 1)$	$JK_{Total} = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e \sum_{k=1}^r (Y_{ijk} - \bar{Y}_{...})^2$

2.3 Asumsi Analisis Ragam

2.3.1 Galat Menyebar Normal

Menguji kenormalan galat melalui uji Anderson-Darling berlandaskan hipotesis:

H_0 : galat menyebar normal vs

H_1 : galat tidak menyebar normal

Jika H_0 benar maka $\varepsilon_{ijk}(\varepsilon_m) \sim NIID(0, \sigma^2)$. Statistik Anderson-Darling dihitung melalui persamaan (2.4):

$$A^2 = -n - \frac{1}{n} \sum_{m=1}^n (2m-1) \{ \ln F_0(y_{(m)}) + \ln \{1 - F_0(y_{(n+1-m)})\} \} \quad (2.4)$$

$m = 1, 2, \dots, n$;

$n = s \times r \times t$ (banyak satuan percobaan)

di mana:

$F_0(y_{(m)})$: fungsi sebarang kumulatif normal baku

$y_{(m)}$: statistik peringkat ke- m

Jika statistik $A^2 \leq$ nilai kritis A_{α}^2 , maka H_0 diterima dan disimpulkan bahwa galat menyebar normal. Nilai kritis Anderson-Darling disajikan pada Tabel 2.4:

Tabel 2.4. Nilai Kritis A^2

α	0,1	0,05	0,025	0,01
A_{α}^2	0,631	0,752	0,873	1,035

2.3.2 Keaditifan Pengaruh Perlakuan (Genotipe – Lokasi)

Pengujian terhadap asumsi keaditifan model menggunakan uji Tukey, berdasarkan hipotesis:

$H_0: (\alpha\beta)_{ij} = 0$ (Pengaruh genotipe-lokasi bersifat aditif) vs

$H_1: (\alpha\beta)_{ij} \neq 0$ (Pengaruh genotipe-lokasi tidak bersifat aditif)

Uji Tukey dalam Mattjik dan Sumertajaya (2006) diperoleh melalui persamaan (2.5):

$$JK_{(non\ aditif)} = \frac{Q^2}{r \sum (Y_{i.} - \bar{Y}_{..})^2 \sum (Y_{.j} - \bar{Y}_{..})^2}, r: \text{banyaknya ulangan} \quad (2.5)$$

di mana:

$$Q = \sum \sum (Y_{i.} - \bar{Y}_{..})(Y_{.j} - \bar{Y}_{..})Y_{ij}$$

Jika H_0 benar,

$$\text{Statistik Uji (SU)} \frac{JK_{(non\ aditif)}}{JK_{(galat)}/db_{(galat)}} \sim F_{\alpha; 1, \{(ge-1)(r-1)-1\}}$$

Apabila $P(F_{\alpha; 1, \{(ge-1)(r-1)-1\}} > SU) > \alpha$ maka terima H_0 dan disimpulkan bahwa model bersifat aditif.

2.3.3 Ragam Galat Homogen

Analisis ragam menghendaki asumsi bahwa ragam galat, $V(\varepsilon_{ijk})$, konstan dari pengamatan yang satu ke pengamatan yang lain sebesar σ^2 terpenuhi (Mattjik dan Sumertajaya, 2006). Salah satu uji yang dapat digunakan untuk menguji kehomogenan ragam galat adalah dengan uji Bartlett. Prosedur pada uji Bartlett ini berlandaskan hipotesis:

$$H_0: \sigma_{ij}^2 = \sigma^2 \text{ vs}$$

$$H_1: \text{paling tidak terdapat satu pasang } ij \text{ di mana } \sigma_{ij}^2 \neq \sigma^2$$

Statistik uji Bartlett:

$$\chi^2 = 2,3026 \{ (\sum_i (r_i - 1)) \log(s^2) - \sum_i (r_i - 1) \log(s_i^2) \} \sim \chi_{(ge-1)}^2 \quad (2.6)$$

$$s_i^2 = \frac{\sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{r_i - 1} \quad (2.7)$$

$$s^2 = \frac{\sum (n_i - 1) s_i^2}{N - t} \quad (2.8)$$

Nilai χ^2 perlu dikoreksi sebelum dibandingkan dengan titik kritis $\chi^2_{\alpha; (ge-1)}$. Nilai χ^2 terkoreksi adalah $(1/FK)\chi^2$, di mana:

$$FK = 1 + \left[\frac{1}{3(t-1)} \right] \left[\sum_i \frac{1}{r_i - 1} - \frac{1}{\sum r_i - 1} \right] \quad (2.9)$$

Apabila $\chi^2 < \chi^2_{(\alpha, ge-1)}$ maka H_0 diterima dan disimpulkan bahwa asumsi kehomogenan ragam galat percobaan terpenuhi.

2.3.4 Galat Saling Bebas

Pengujian asumsi galat saling bebas dapat dilihat dari diagram pencar antara nilai dugaan galat percobaan ($\hat{\epsilon}_{ijk}$) dengan nilai dugaan respon (\hat{Y}_{ijk}). Jika data pada diagram pencar bersifat acak atau tidak membentuk pola tertentu, maka galat percobaan dikatakan saling bebas. Galat percobaan yang tidak saling bebas akan menghasilkan uji nyata yang tidak akurat (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

2.4 Konsep Stabilitas

Stabilitas suatu genotipe adalah kemampuan genotipe untuk hidup dalam berbagai lingkungan yang beragam, di mana fenotipe tidak mengalami banyak perubahan pada lingkungan lain. Alberts (2004) menjelaskan bahwa konsep mengenai definisi kestabilan suatu genotip terbagi menjadi dua tipe, yaitu:

1. Stabil statis

Suatu genotipe dikatakan stabil statis jika ragam genotipe antar lingkungan sangat kecil. Genotipe stabil statis memiliki penampilan yang tidak berubah pada berbagai kondisi lingkungan.

2. Stabil dinamis atau agronomis

Suatu genotipe dikatakan stabil dinamis atau agronomis jika respon genotipe terhadap lingkungan sama dengan rata-rata respon semua genotipe dalam percobaan. Selain itu, penyimpangan model pada indeks lingkungan sangat kecil. Indeks lingkungan merupakan selisih dari rata-rata semua genotipe di setiap lingkungan dengan rata-rata semua genotipe di semua lingkungan.

2.5 Metode Shukla

Interaksi yang nyata antara genotipe dengan lokasi dalam percobaan multilokasi sering kali menyulitkan pemulia tanaman untuk menentukan genotipe unggulan. Interaksi yang nyata ini ditandai dengan penampilan genotipe yang memberikan hasil biji tinggi di lokasi tertentu, namun memberikan hasil biji rendah bila ditanam pada lokasi yang tidak sesuai. Analisis stabilitas diperlukan untuk mengkaji

interaksi genotipe dengan lokasi agar mempermudah dalam penyeleksian genotipe unggulan.

Analisis stabilitas dengan metode Shukla adalah salah satu metode dengan pendekatan parametrik yang dapat digunakan untuk mengatasi kesulitan dalam pemilihan genotipe stabil. Persamaan 2.10 menyajikan model linier dalam Shukla (1972):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + B_k + \xi_i E_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.10)$$

di mana:

Y_{ijk} : respon genotipe ke- i , lokasi ke- j , dan kelompok ke- k

μ : rata-rata umum

G_i : pengaruh genotipe ke- i

E_j : pengaruh lokasi ke- j

B_k : pengaruh kelompok ke- k

ξ_i : koefisien regresi genotipe ke- i

δ_{ij} : simpangan dari pengaruh interaksi genotipe ke- i dan lokasi ke- j yang tidak diterangkan oleh komponen regresi linier

ε_{ijk} : galat genotipe ke- i , lokasi ke- j dan kelompok ke- k

Jumlah kuadrat simpangan dan jumlah kuadrat regresi disajikan melalui persamaan (2.11) dan (2.13):

$$JK_{Regresi} = \sum_{i=1}^g \left(\frac{(\sum_{j=1}^e Y_{ij} I_j)^2}{\sum_{j=1}^e I_j^2} \right) \quad (2.11)$$

$$\text{di mana } I_j = \frac{\sum_{i=1}^g Y_{ij}}{g} - \frac{\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e Y_{ij}}{ge} \quad (2.12)$$

$$JK_{Simpangan} = JK_{GE} - JK_{Regresi} \quad (2.13)$$

Tabel 2.5. Analisis Ragam Metode Shukla

SK	DB	JK	KT
Kelompok	$r - 1$	$JK_{Kelompok}$	$\frac{JK_{Kelompok}}{(r - 1)}$
Genotipe	$g - 1$	$JK_{Genotipe}$	$\frac{JK_{Genotipe}}{(g - 1)}$
Lokasi	$e - 1$	JK_{Lokasi}	$\frac{JK_{Lokasi}}{(e - 1)}$
Interaksi	$(g - 1)(e - 1)$	JK_{GE}	$\frac{JK_{GE}}{(g - 1)(e - 1)}$
Regresi	$g - 1$	$JK_{Regresi}$	$\frac{JK_{Regresi}}{(g - 1)}$
Simpangan	$(g - 1)(e - 2)$	$JK_{Simpangan}$	$\frac{JK_{Simpangan}}{(g - 1)(e - 2)}$
Galat	$e(g - 1)(r - 1)$	JK_{Galat}	$\frac{JK_{Galat}}{e(g - 1)(r - 1)}$
Total	$ger - 1$	JK_{Total}	

Shukla (1972) mengukur stabilitas berdasarkan kontribusi dari genotipe terhadap jumlah kuadrat interaksi genotipe x lingkungan dan parameter stabilitas (σ_i^2). Menurut Danasworo (2016), stabilitas ragam adalah perbedaan antara dua jumlah kuadrat, sehingga dapat bernilai negatif. Genotipe dengan nilai σ_i^2 kecil menunjukkan genotipe stabil. *Stability Variance* (SV) diduga dengan persamaan (2.14):

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{g}{(g-2)(e-1)} \sum_{j=1}^e (X_{ij} - \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..})^2 + \frac{JK(GE)}{(g-1)(g-2)(e-1)} \quad (2.14)$$

di mana:

- $\hat{\sigma}_i^2$: nilai parameter SV ke- i
- $JK(GE)$: jumlah kuadrat interaksi genotipe - lokasi
- X_{ij} : respon genotipe ke- i dan lokasi ke- j
- $\bar{X}_{i.}$: nilai rata-rata genotipe ke- i pada seluruh lokasi
- $\bar{X}_{.j}$: nilai rata-rata lokasi ke- j untuk seluruh genotipe

- $\bar{X}_{..}$: nilai rata-rata umum
 g : banyak genotipe
 e : banyak lokasi

2.6 Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI)

Analisis AMMI adalah suatu analisis respon percobaan yang menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan Analisis Komponen Utama (AKU), dimana pengaruh interaksi dimodelkan secara bilinear (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

2.6.1 Manfaat AMMI

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) terdapat tiga manfaat analisis AMMI, yaitu:

1. Sebagai analisis pendahuluan untuk mendapatkan model linier yang lebih tepat. Jika tidak terdapat satupun komponen yang nyata, maka pemodelan cukup dengan pengaruh aditif saja. Namun, jika pengaruh ganda yang nyata maka analisis yang tepat hanya analisis komponen utama.
2. Menjelaskan interaksi genotipe dan lingkungan dengan biplot AMMI yang meringkas pola hubungan antar genotipe, antar lingkungan, dan antara interaksi genotipe dengan lingkungan.
3. Meningkatkan keakuratan penduga respon interaksi genotipe dan lingkungan.

2.6.2 Pemodelan AMMI

Langkah awal dalam analisis AMMI adalah melihat pengaruh aditif genotipe dan lingkungan berdasarkan analisis ragam. Kemudian, dibuat bentuk multiplikatif dari interaksi genotipe dan lingkungan menggunakan AKU dengan tahapan:

1. Menyusun matriks genotipe (baris) \times lingkungan (kolom) berukuran $g \times e$

$$GE = \begin{bmatrix} (GE)_{11} & (GE)_{12} & \cdots & (GE)_{1e} \\ (GE)_{21} & (GE)_{22} & \cdots & (GE)_{2e} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ (GE)_{g1} & (GE)_{g2} & \cdots & (GE)_{ge} \end{bmatrix}$$

di mana:

GE : matriks pengaruh interaksi berukuran $g \times e$
 i : 1, 2, ..., g
 j : 1, 2, ..., e
 g : banyaknya genotipe
 e : banyaknya lokasi

2. Penguraian bilinear pada matriks pengaruh interaksi, bertujuan untuk menguraikan kuadrat interaksi genotipe dan lingkungan menjadi jumlah kuadrat Komponen Utama Interaksi (KUI):

$$(GE)_{ij} = \sum_{j=1}^n \sqrt{\lambda_j} \psi_{gj} \rho_{ej} + \delta_{ij}$$
$$(GE)_{ij} = \sqrt{\lambda_1} \psi_{g1} \rho_{e1} + \sqrt{\lambda_2} \psi_{g2} \rho_{e2} + \dots + \sqrt{\lambda_n} \psi_{gn} \rho_{en} + \delta_{ge} \quad (2.15)$$

dengan demikian model linier AMMI pengaruh interaksi secara lengkap dapat ditulis:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + E_j + \sum \sqrt{\lambda_n} \psi_{in} \rho_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.16)$$

di mana:

Y_{ijk} : respon faktor genotipe ke- i , faktor lokasi ke- j , pada ulangan ke- k ($i = 1, 2, \dots, g$; $j = 1, 2, \dots, e$; $k = 1, 2, \dots, r$)
 μ : rata-rata umum
 G_i : pengaruh utama genotipe ke- i
 E_j : pengaruh utama lokasi ke- j
 $\sqrt{\lambda_n}$: akar ciri untuk komponen bilinear ke- n
 λ_n : akar ciri dari matriks $(G \times E)'(G \times E)$, dengan $\lambda_1 \geq \dots \geq \lambda_r$
 ψ_{in} : pengaruh ganda genotipe ke- i melalui komponen bilinear ke- n
 ρ_{jn} : pengaruh ganda lokasi ke- j melalui komponen bilinear ke- n
 δ_{ij} : simpangan dari pemodelan bilinear
 ε_{ijk} : galat percobaan untuk taraf genotipe ke- i , taraf lokasi ke- j , dan ulangan ke- k
 n : banyaknya KUI yang nyata pada taraf 5%

2.6.3 Analisis Ragam Model AMMI

Pada analisis ragam model AMMI, komponen interaksi genotipe x lingkungan diuraikan menjadi N buah Komponen Utama Interaksi (KUI) dan komponen sisaan dari model bilinear (Pramoedyo, 2013). Tabel 2.6 menyajikan analisis ragam model AMMI sebagai berikut:

Tabel 2.6. Analisis Ragam AMMI

SK	DB	JK	KT
Ulangan	$e(r - 1)$	$JK_{Ulangan}$	$KT_{Ulangan}$
Genotipe	$g - 1$	$JK_{Genotipe}$	$KT_{Genotipe}$
Lingkungan	$e - 1$	$JK_{Lingkungan}$	$KT_{Lingkungan}$
Interaksi	$(g - 1)(e - 1)$	$JK_{Interaksi}$	$KT_{Interaksi}$
KUI 1 (U_1)	$g + e - 1 - (2.1)$	$JK_{U_1} = r\lambda_1$	KT_{U_1}
KUI 2 (U_2)	$g + e - 1 - (2.2)$	$JK_{U_2} = r\lambda_2$	KT_{U_2}
⋮	⋮	⋮	⋮
KUI N (U_N)	$g + e - 1 - (2.N)$	$JK_{U_N} = r\lambda_N$	KT_{U_N}
Sisaan (δ_{ij})	$(g - 1)(e - 1) - [(g + e - 1 - (2.1)) + \dots + g + e - 1 - (2.N)]$	$JK_D = JK_{Interaksi} - JK_{KUI 1} - \dots - JK_{KUI N}$	KT_D
Galat	$e(g - 1)(r - 1)$	JK_{Galat}	KT_{Galat}
Total	$ger - 1$	JK_{Total}	

2.6.4 Jumlah Kuadrat Komponen Interaksi

Pada analisis AMMI, pengaruh aditif genotipe dan lingkungan, jumlah kuadrat dan kuadrat tengah dihitung seperti analisis ragam. Namun pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan dapat diduga dengan persamaan (2.17) berikut:

$$JK_{Interaksi} = r \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e z_{ge}^2$$

$$= r \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e (\bar{y}_{ge} - \bar{y}_{g..} - \bar{y}_{.e.} + \bar{y}_{...})^2 = r \text{ teras } (\mathbf{ZZ}') \quad (2.17)$$

di mana teras dari suatu matriks sama dengan jumlah akar ciri matriks tersebut, sehingga kuadrat interaksi untuk pengaruh interaksi komponen ke- n adalah akar ciri ke- n pada pemodelan bilinear tersebut dan ulangan dikalikan dengan akar ciri ke- n ($r\lambda_N$).

2.6.5 Penguraian Derajat Kebebasan

Menurut Mattjik dan Summertajaya (2006) derajat bebas setiap KUI adalah $(g + e - 1 - 2n)$, di mana besaran ini merupakan turunan berdasarkan banyaknya parameter yang diduga, $(g + e - 1)$, dikurangi dengan $2n$, banyaknya kendala untuk komponen ke- n .

2.6.6 Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular matriks interaksi \mathbf{Z} digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan (Jaya, 2009). Penguraian dilakukan dengan memodelkan matriks tersebut sebagai perkalian matriks sebagai berikut:

$$\mathbf{Z}_{(g \times e)} = \mathbf{U}\mathbf{L}\mathbf{A}' \quad (2.18)$$

di mana:

$\mathbf{Z}_{(g \times e)}$: matriks data terpusat

$\mathbf{L}_{g \times g}$: matriks diagonal akar dari akar ciri positif bukan nol dari $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$, $(D\sqrt{\lambda_n})m \times m$, disebut nilai singular

$\mathbf{A}'_{g \times e}$: matriks ortonormal dengan kolom-kolom

$\mathbf{A} = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$, adalah vektor-vektor ciri $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$

$\mathbf{U}_{g \times g}$: matriks ortonormal yang diperoleh dari,

$$\mathbf{U} = \mathbf{Z}\mathbf{A}\mathbf{L}^{-1} = \left\{ \frac{za_1}{\sqrt{\lambda_1}}, \frac{za_2}{\sqrt{\lambda_2}}, \dots, \frac{za_n}{\sqrt{\lambda_n}} \right\} \quad (2.19)$$

2.6.7 Nilai Komponen AMMI

Dengan mendefinisikan $L_{g \times g}$ ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal elemen-elemen matriks L dipangkatkan k demikian juga dengan matriks $L_{g \times g}^{1-k}$ dan $G_{g \times g} = UL^k$ serta $H_{e \times g} = AL^{1-k}$ maka penguraian nilai singular dapat ditulis:

$$Z_{g \times e} = GH' \quad (2.20)$$

dengan demikian skor komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks G sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom-kolom matriks H . Nilai k pada analisis AMMI adalah $\frac{1}{2}$, agar diperoleh bentuk biplot yang simetris untuk interpretasi hasil (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

2.6.8 Penentuan Jumlah Komponen AMMI

Salah satu metode yang dikemukakan oleh Gauch (1988) dan Crossa (1990) dalam Mattjik dan Sumertajaya (2006) untuk penentuan banyaknya KUI yang sudah cukup untuk penduga adalah *Postdictive Success*. Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model yang tereduksi untuk menduga respon untuk membangun model tersebut. Salah satu cara penentuan banyaknya komponen didasarkan pada *Postdictive Success* adalah berdasarkan banyaknya KUI yang nyata pada uji F dalam analisis ragam.

2.6.9 Interpretasi Hasil AMMI

Tahap interpretasi mengenai identifikasi genotipe stabil dan spesifik lokasi dapat menggunakan biplot AMMI dan interpretasi peringkat genotipe stabil dilakukan dengan menggunakan Indeks Stabilitas AMMI (ISA) (Jaya, 2009).

1. Biplot AMMI

Biplot AMMI merupakan alat yang digunakan untuk menginterpretasikan hasil dari interaksi genotipe dan lokasi dalam model AMMI tanpa pengujian hipotesis (Mattjik dkk., 20011). Biplot AMMI2 merupakan plot antara skor KUI 2 dengan skor KUI 1. Menurut Mattjik dkk., (2011), pada dasarnya biplot dimanfaatkan untuk memberikan peragaan grafik terhadap suatu matriks dalam suatu plot dengan menumpangtindihkan vektor-vektor dalam ruang

berdimensi dua. Vektor yang dimaksud yaitu vektor yang mewakili nilai skor komponen lokasi dan skor komponen genotipe.

2. Indeks Stabilitas AMMI

Peringkat genotipe stabil pada lokasi tertentu diidentifikasi menggunakan Indeks Stabilitas AMMI (ISA) atau indeks stabilitas AMMI. Indeks ini dibangun berdasarkan konsep jarak, bila indeks genotipe semakin besar maka semakin jauh jarak genotipe dari sumbu koordinat dan semakin tidak stabil genotipe tersebut. Persamaan 2.21 menunjukkan Indeks Stabilitas AMMI berdasarkan model AMMI m buah komponen yang signifikan (Sa'diyah dan Mattjik, 2009):

$$ISA = \sqrt{\left[\frac{JK_{KUI-1}}{\sum_{i=1}^m JK_{KUI-1}} (KUI - 1) \right]^2 + \dots + \left[\frac{JK_{KUI-m}}{\sum_{i=1}^m JK_{KUI-m}} (KUI - m) \right]^2} \quad (2.21)$$

di mana:

ISA : Indeks Stabilitas AMMI

JK KUI: Jumlah Kuadrat Interaksi Komponen Utama

2.7 Kedelai Toleran Naungan

Kedelai adalah salah satu tanaman polong-polongan yang telah dikenal oleh masyarakat Indonesia sejak lama. Berdasarkan peninggalan arkeologi, tanaman ini telah dibudidayakan sejak 3500 tahun lalu di Asia Timur. Kedelai dibudidayakan di lahan sawah maupun kering.

Cara meningkatkan produksi kedelai nasional adalah melalui peningkatan luas tanam dan luas panen (<http://balitkabi.litbang.pertanian.go.id>). Peluang peningkatan luas tanam dan luas panen kedelai akan menjadi lebih besar dengan memanfaatkan lahan di bawah tegakan tanaman perkebunan dan tanaman hutan industri yang masih muda, serta tumpangsari dengan tanaman pangan lain seperti jagung dan ubi kayu.

Pada tahun 2016, Sundari, dkk., melakukan penelitian untuk menjelaskan pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan terhadap komponen hasil dan hasil, serta adaptasi dan stabilitas hasil genotipe kedelai toleran naungan diberbagai lingkungan naungan. Bahan genetik yang diteliti adalah empat belas genotipe kedelai toleran naungan, yang terdiri atas dua belas galur harapan kedelai toleran

naungan hasil persilangan Balitkabi Malang dan dua genotipe pembandingan, yaitu Pangrango dan Argomulyo. Empat belas genotipe ini ditanam di delapan lokasi berbeda. Stabilitas setiap genotipe ditentukan oleh metode Eberhart dan Russel (1966). Penelitian diperoleh empat genotipe stabil dengan rata-rata hasil rendah, delapan genotipe dan dua genotipe pembandingan yang dinyatakan tidak stabil.





BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Sumber Data

Penelitian ini menggunakan data sekunder bersumber dari BALITKABI (Balai Penelitian Tanaman Aneka Kacang dan Umbi) Malang mengenai uji stabilitas hasil biji tanaman kedelai toleran naungan (ton/ha). Empat belas genotipe tanaman kedelai toleran naungan ditanam pada enam lokasi dengan Rancangan Acak Kelompok dengan empat ulangan. Berikut merupakan daftar lokasi percobaan dan jenis genotipe kedelai toleran naungan:

Lokasi Percobaan:

- L1 : Ds. Jenggrik, Kabupaten Ngawi
- L2 : Ds. Cluring, Kec. Muncar, Kab. Banyuwangi
- L3 : Ds. Sukodadi, Kec. Batanghari Nuban, Lampung Timur
- L4 : KP. Muneng, Probolinggo
- L5 : KP. Ngale, Kabupaten Ngawi
- L6 : Ds. Samberejo, Kec. Purwoharjo, Kab. Banyuwangi

Jenis Genotipe:

- G1 : IBK5-143-3-7-2-1
- G2 : IBK5-147-2-11-2-2
- G3 : IBK5-172-4-36-3-1
- G4 : IBK5-173-5-37-1-1
- G5 : IBK5-173-5-37-1-2
- G6 : Iij9-299-1-4-1-1
- G7 : IBM22-861-2-22-3-2
- G8 : IBM22-862-4-1-1-1
- G9 : IBM22-867-4-7-2-1
- G10 : IBM22-873-1-13-1-3
- G11 : IBlj11-431-2-20-3-1
- G12 : AI26-1114-8-28-1-2
- G13 : Pangrango
- G14 : Argomulyo

3.2 Metode Analisis Data

1. Eksplorasi Data

Pada tahap ini dilakukan analisis deskriptif untuk melihat gambaran umum hasil biji tanaman kedelai toleran naungan (ton/ha) serta interaksi antara genotipe dan lokasi.

2. Analisis Ragam Gabungan

Menyusun tabel analisis ragam RAK untuk setiap lokasi. Analisis ini memberikan informasi tentang pengaruh galur, lokasi, kelompok dan interaksi antara genotipe dan lokasi. Asumsi yang harus dipenuhi adalah keaditifan model, kehomogenan ragam, kebebasan dan kenormalan sisaan.

3. Pendugaan stabilitas ragam metode Shukla

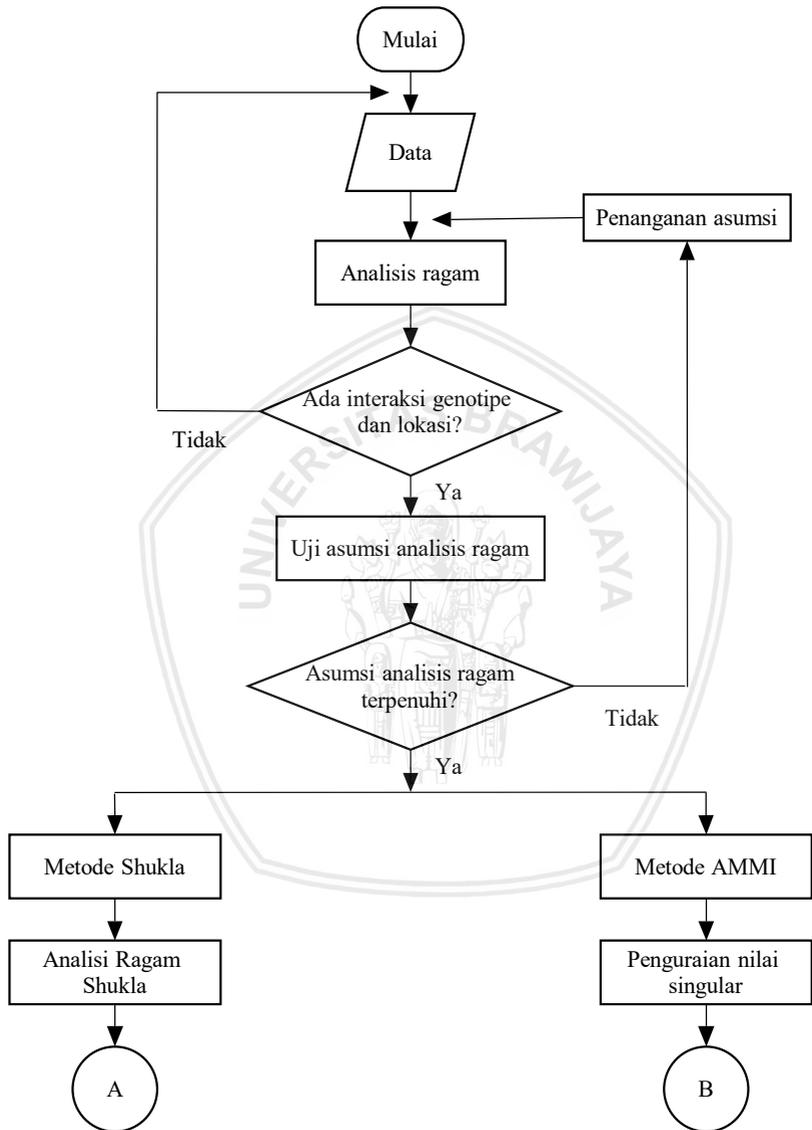
Menyusun tabel analisis ragam metode Shukla. Selanjutnya menghitung nilai parameter SV dan diurutkan dari nilai terkecil hingga terbesar. Mengklasifikasikan genotipe stabil berdasarkan nilai SV

4. Tahapan analisis AMMI

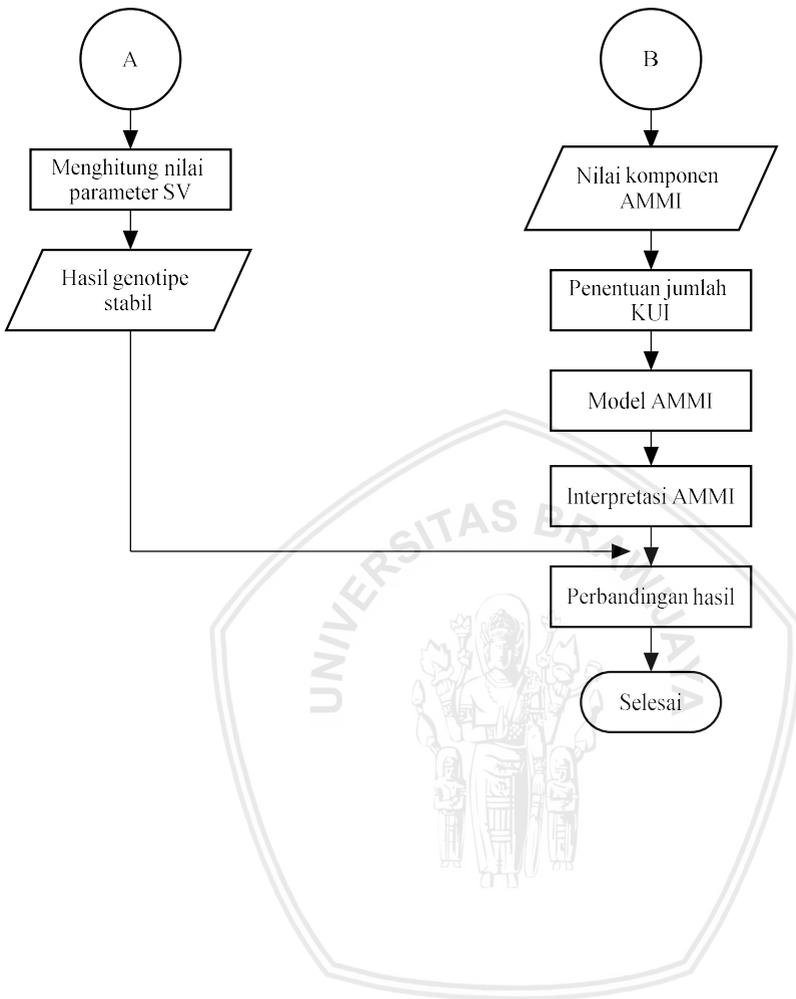
Pada analisis AMMI, yang pertama dilakukan adalah menguraikan nilai singular untuk menghasilkan komponen-komponen yang model AMMI. Selanjutnya menentukan jumlah KUI yang nyata dan menyusun tabel analisis ragam AMMI. Kemudian menginterpretasikan hasil analisis menggunakan biplot AMMI dan hasil perhitungan nilai ISA untuk setiap genotipe. Terakhir, mengklasifikasikan genotipe stabil dan spesifik lokasi berdasarkan biplot dan ISA.

3.3 Diagram Alir Penelitian

Diagram alir dalam penelitian ini disajikan pada Gambar 3.1 berikut:



Gambar 3.1 Diagram Alir Penelitian



BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Analisis Deskriptif

Tabel 4.1 menyajikan rata-rata hasil biji kedelai (ton/ha) 14 genotipe yang ditanam pada 6 lokasi.

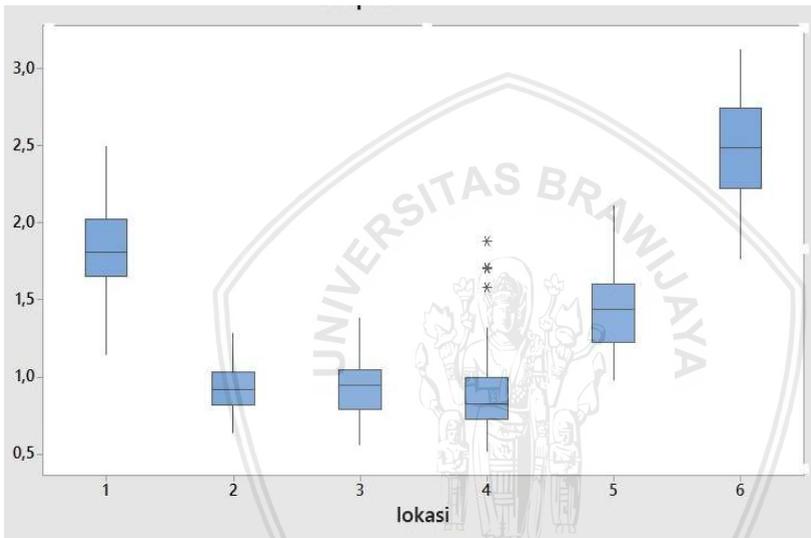
Tabel 4.1. Rata-rata Hasil biji Kedelai (ton/ha)

Genotipe	Lokasi						Rata-rata	Ragam
	1	2	3	4	5	6		
1	1,57	0,92	0,93	0,74	1,48	2,51	1,36	5,74
2	2,10	0,79	0,78	0,71	1,41	2,40	1,36	7,26
3	1,94	0,98	0,94	0,65	1,33	2,29	1,35	5,40
4	1,86	0,93	0,86	0,84	1,60	2,16	1,38	4,39
5	1,89	1,04	0,91	0,79	1,42	2,51	1,43	5,92
6	1,65	0,84	1,00	1,07	1,18	2,82	1,43	7,26
7	1,82	0,95	1,01	0,79	1,35	2,22	1,36	4,19
8	1,79	0,98	1,03	0,81	1,41	2,27	1,38	4,17
9	1,76	0,95	0,71	0,81	1,37	2,45	1,34	5,95
10	2,29	0,93	1,05	0,95	1,42	2,13	1,46	4,92
11	1,85	0,88	1,16	0,84	1,19	2,80	1,45	7,56
12	1,84	1,01	1,15	1,72	1,88	2,89	1,75	5,96
13	1,74	1,01	0,80	1,17	1,50	2,31	1,42	4,06
14	1,39	0,91	0,78	0,84	1,58	2,91	1,40	8,69
Rata-rata	1,82	0,94	0,94	0,91	1,44	2,48	1,42	
Ragam	0,69	0,07	0,29	1,09	0,46	1,13	0,69	

Berdasarkan Tabel 4.1 menunjukkan bahwa terdapat 3 lokasi yang memiliki rata-rata hasil biji kedelai lebih rendah dari rata-rata umum (1,42 ton/ha), yaitu lokasi 2 (Cluring), 3 (Sukodadi) dan 4 (Muneng). Adapun lokasi 6 (Samberejo) merupakan lokasi yang memiliki rata-rata hasil biji tertinggi yaitu 2,48 ton/ha. Genotipe yang memiliki rata-rata tertinggi 1,75 ton/ha yaitu genotipe 12 (AI26-1114-8-28-1-2). Terlihat pula bahwa rata-rata produksi kedelai terendah

dihasilkan genotipe 3 (IBK5-172-4-36-3-1) yang ditanam di lokasi 4 (Muneng), sedangkan tertinggi adalah genotipe 14 (Argomulyo) yang ditanam diloksi 6 (Samberejo).

Tabel 4.1 juga menunjukkan nila ragam dari hasil biji kedelai (ton/ha) 14 genotipe pada 6 lokasi. Lokasi 2 memiliki nilai ragam terkecil, hal ini menunjukkan hasil biji pada lokasi 2 lebih seragam dibandingkan dengan lokasi lainnya. Keragaman terbesar pada lokasi 6 dengan nilai ragam sebesar 1,13. Berdasarkan genotipe, keragaman terbesar yaitu pada genotipe 14 dan terkecil pada genotipe 13.



Gambar 4.1. Diagram Kotak Garis Hasil biji Kedelai (ton/ha)

Gambar 4.1 menyatakan bahwa pada lokasi 2, 3 dan 4 memiliki rata-rata hasil biji kedelai yang hampir sama yaitu sebesar $\pm 0,9$ ton/ha. Hal ini menunjukkan bahwa genotipe-genotipe kedelai yang ditanam di ketiga lokasi tersebut kurang berkembang dengan baik karena menghasilkan rata-rata yang cukup rendah. Namun ketiga lokasi tersebut juga memiliki keragaman yang relatif kecil. Pada lokasi lokasi 4 (Muneng) juga menunjukkan adanya pencilan. Pencilan ini tidak memerlukan penanganan bilamana asumsi analisis ragam telah terpenuhi.

Genotipe yang ditanaman pada lokasi 6 (Samberejo) dapat berkembang dengan baik karena menghasilkan rata-rata tertinggi namun memiliki keragaman yang relatif lebih besar bila dibandingkan dengan lokasi lain. Analisis lanjutan perlu dilakukan untuk menentukan genotipe yang berpengaruh terhadap hasil biji serta spesifik terhadap lokasi tertentu.

4.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam

4.2.1 Galat Menyebar Normal

Pemeriksaan asumsi kenormalan galat dilakukan dengan uji Anderson-Darling. Hasil pengujian kenormalan galat yang tersaji pada Lampiran 3 menunjukkan bahwa statistik Anderson Darling $0,305 (A^2) < \text{nilai kritis } 0,752 (A_{0,05}^2)$, maka H_0 diterima dan disimpulkan bahwa asumsi kenormalan galat terpenuhi.

4.2.2 Keaditifan Pengaruh Perlakuan

Tabel 4.2 menyajikan hasil analisis ragam non aditifitas dan menunjukkan nilai-p $(0,3077) > \alpha (0,05)$, maka diputuskan untuk menerima H_0 dan disimpulkan bahwa asumsi keaditifan pengaruh perlakuan terpenuhi.

Tabel 4.2 Analisis Ragam Uji Non Aditifitas Tukey

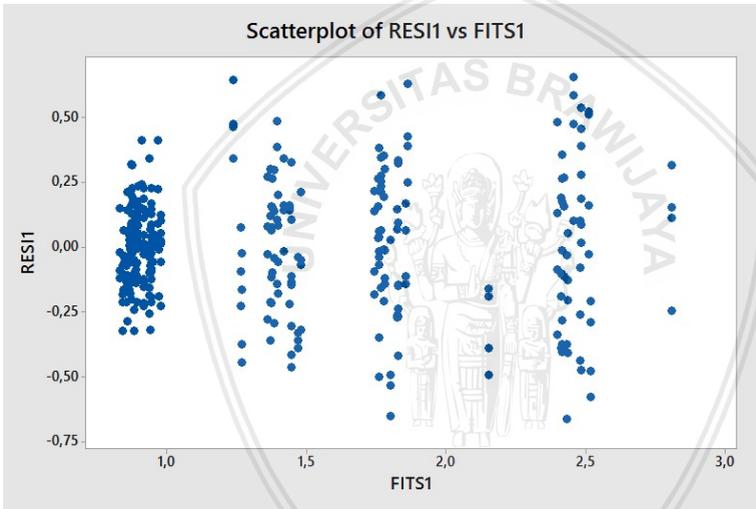
SK	DB	JK	KT	Statistik Uji F	Nilai p
Kelompok	3	0,08	0,026	0,728	0,536
Genotipe	13	3,28	0,252	7,159	0,000
Lokasi	5	112,46	22,492	638,590	0,000
Interaksi	65	9,75	0,150	4,258	0,000
Galat	249	8,77	0,035	-	-
NAT	1	0,04	0,037	1,045	0,307
Sisa	248	8,73	0,035	-	-
Total	335	134,33			

4.2.3 Ragam Galat Homogen

Pemeriksaan asumsi kehomogenan ragam galat menggunakan statistik uji Bartlett. Uji Bartlett pada Lampiran 3 menghasilkan nilai- p (0,399) $>$ α (0,05), maka diputuskan untuk menerima H_0 dan disimpulkan bahwa asumsi kehomogenan ragam galat terpenuhi.

4.2.4 Galat Saling Bebas

Asumsi galat saling bebas dapat diamati secara grafis melalui diagram pencar antara sisaan dan penduga respon. Gambar 4.2 menunjukkan bahwa diagram pencar yang dihasilkan tidak membentuk suatu pola tertentu atau plot bersifat acak. Kesimpulan yang didapat adalah galat percobaan saling bebas dan asumsi kebebasan galat terpenuhi.



Gambar 4.2 Diagram Pencar Sisaan dan Penduga Respon

4.3 Analisis Ragam

Karena keempat asumsi analisis ragam telah terpenuhi, maka langkah selanjutnya adalah melakukan analisis ragam untuk menentukan pengaruh utama dan pengaruh interaksi. Analisis ragam gabungan ini berlandaskan hipotesis:

1. $H_0: G_1 = G_2 = \dots = G_{14} = 0$ vs
 H_1 : Paling tidak terdapat satu i dimana $G_i \neq 0$
2. $H_0: E_1 = E_2 = \dots = E_6 = 0$ vs
 H_1 : Paling tidak terdapat satu j dimana $E_e \neq 0$
3. $H_0: (GE)_{12} = (GE)_{13} = \dots = (GE)_{146} = 0$ vs
 H_1 : Paling tidak terdapat satu ij dimana $(GE)_{ij} \neq 0$

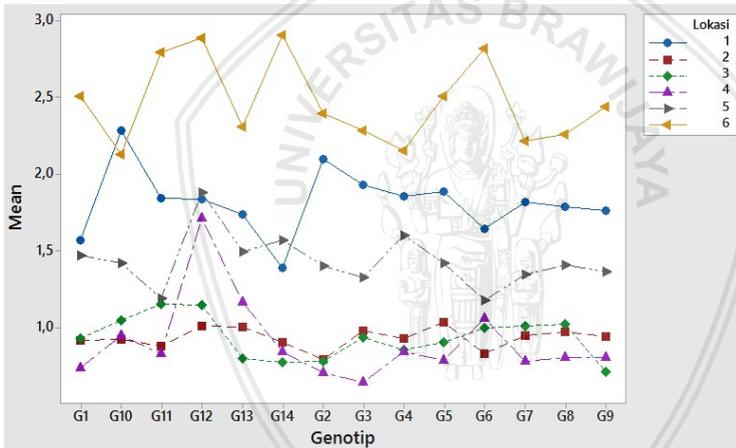
Hasil analisis ragam yang tersaji pada Tabel 4.3 memperlihatkan bahwa seluruh pengaruh utama yaitu genotipe dan lokasi serta interaksi antara genotipe dengan lokasi nyata. Pengaruh utama nyata menunjukkan bahwa genotipe dan lokasi tempat tumbuh sangat berpengaruh terhadap hasil biji kedelai. Pengaruh interaksi nyata menunjukkan bahwa genotipe kedelai menunjukkan respon berbeda pada lokasi percobaan yang berbeda. Lokasi merupakan faktor yang paling berpengaruh terhadap produksi kedelai karena pengaruh lokasi memberikan keragaman terbesar dibandingkan pengaruh genotipe dan interaksi.

Tabel 4.2. Hasil Analisis Ragam

SK	DB	JK	KT	Statistik Uji F	Nilai p
Kelompok	3	0,077	0,0256	0,974	0,405
Genotipe	13	3,278	0,2521	9,5737	0,000
Lokasi	5	112,46	22,492	854,0174	0,000
Interaksi	65	9,748	0,1499	5,694	0,000
Galat	333	8,770	0,0263		
Total	447	134,334			

Pengaruh interaksi genotipe dan lokasi yang nyata juga dapat dilihat dari plot interaksi genotipe dengan lokasi yang tersaji pada Gambar 4.2. Gambar 4.2 menunjukkan bahwa pola kurva yang tidak sejajar, saling berpotongan dan cenderung berpotongan pada beberapa lokasi. Pola kurva demikian menunjukkan adanya interaksi genotipe dengan lokasi. Interaksi ini mengindikasikan bahwa pengaruh genotipe terhadap hasil biji kedelai tergantung pada lokasi tanam. Gambar 4.2 memperlihatkan bahwa genotipe dengan hasil kedelai tertinggi adalah genotipe 12 yang ditanam pada lokasi 6, sedangkan terendah dihasilkan genotipe 3 yang ditanam pada lokasi 4.

Interaksi yang nyata ditunjukkan dari hasil analisis ragam serta plot interaksi genotipe dan lokasi. Pengaruh interaksi nyata kemudian dilanjutkan dengan analisis stabilitas menggunakan metode Shukla dan AMMI.



Gambar 4.3. Kurva Interaksi Genotipe dengan Lokasi

4.4 Metode Shukla

Analisis stabilitas dengan metode Shuka adalah salah satu cara pengujian kestabilan genotipe. Pengujian kestabilan genotipe pada multilokasi dilakukan bila pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi nyata. Berikut disajikan hasil analisis ragam gabungan Shukla pada Tabel 4.4.

Tabel 4.3. Analisis Ragam Gabungan Shukla

SK	DB	JK	KT	Statistik Uji F	Nilai p
Kelompok	3	0,077	0,0256	0,974	0,405
Genotipe	13	3,278	0,2521	9,5737	0,000
Lokasi	5	112,46	22,492	854,0174	0,000
Interaksi	65	9,748	0,1499	5,694	0,000
Regresi	13	0,384	0,0295	1,123	0,338
Simpangan	52	9,364	0,1800	6,847	0,000
Galat	333	8,770	0,0263		
Total	447	134,334			

Tabel 4.4 menunjukkan bahwa pengaruh utama dan interaksi nyata. Pengaruh interaksi diuraikan dengan meregresikan pengaruh interaksi setiap genotipe yang diujikan terhadap lokasi pengujian. Langkah selanjutnya dari metode Shukla adalah menghitung parameter stabilitas σ_i^2 . Hasil pendugaan parameter 14 genotipe kedelai tersaji pada Tabel 4.5.

Tabel 4.4. Parameter kestabilan 14 genotipe kedelai

Genotipe	Rata-rata	σ_i^2	Peringkat
G5	1,43	180,4295	1
G9	1,34	180,4295	2
G8	1,38	180,5244	3
G7	1,36	180,5771	4
G1	1,36	180,5775	5
G3	1,35	180,7005	6
G4	1,38	180,7944	7
G13	1,42	180,7945	8
G2	1,36	180,8864	9
G11	1,45	181,1239	10
G6	1,43	181,2547	11
G10	1,46	181,5809	12
G14	1,40	181,8849	13
G12	1,75	181,894	14

Semakin kecil nilai σ_i^2 menunjukkan genotipe yang paling stabil. Tabel 4.5 memperlihatkan bahwa genotipe paling stabil diantara 14 genotipe lainnya adalah G5 dan G9 dengan nilai σ_i^2 yang sama. Sementara G12 merupakan genotipe paling tidak stabil karena memiliki nilai σ_i^2 paling besar. Pemilihan genotipe terbaik dari genotipe yang diujikan menurut Shukla (1972) dapat dilihat berdasarkan nilai σ_i^2 yang terkecil. Berdasarkan keragaman pengaruh interaksi yang dapat diterangkan oleh model, didapat bahwa metode Shukla hanya memberikan persentase sebesar 3,94%.

4.5 Analisis AMMI

Berdasarkan hasil analisis ragam gabungan pada Tabel 4.3 terdapat pengaruh interaksi genotipe dan lokasi yang nyata, sehingga dilanjutkan dengan analisis AMMI. Analisis AMMI yang bertujuan untuk mendapatkan model awal berdasarkan dengan jumlah KUI (Komponen Utama Interaksi) yang nyata dalam analisis ragam. Penentuan jumlah kuadrat KUI ini dilakukan melalui penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi dengan penguraian nilai singular. Berdasarkan Lampiran 5 akan dihasilkan lima akar ciri sebagai berikut:

Tabel 4. 5. Kontribusi Keragaman KUI

KUI	Nilai Singular	Akar Ciri	Proporsi (%)	Kumulatif (%)
1	1,146549	1,314573	53,93851	53,93851
2	0,758694	0,575616	23,61823	77,55674
3	0,565014	0,319241	13,09884	90,65558
4	0,403322	0,162669	6,674486	97,33007
5	0,25509	0,065071	2,669933	100

Lima nilai akar ciri bukan nol yang dihasilkan pada Tabel 4.6, maka terdapat lima KUI yang perlu dipertimbangkan untuk membangun model AMMI. Analisis ragam AMMI dengan lima KUI tersebut tersaji pada Tabel 4.7.

Tabel 4.6. Analisis Ragam AMMI

SK	DB	JK	KT	Statistik Uji f	Nilai p
Kelompok	18	1,24	0,069	2,12	0,0059
Genotipe	13	3,28	0,252	7,76	<0,001
Lokasi	5	112,46	22,492	325,93	<0,001
Interaksi (G×E)	65	9,75	0,069	4,61	<0,001
KUI1	17	5,26	0,309	9,52	<0,001
KUI2	15	2,30	0,153	4,72	<0,001
KUI3	13	1,28	0,098	3,02	<0,001
KUI4	11	0,65	0,059	1,82	0,0515
KUI5	9	0,26	0,029	0,89	0,5350
Galat	234	7,60	0,032		
Total	335	134,33			

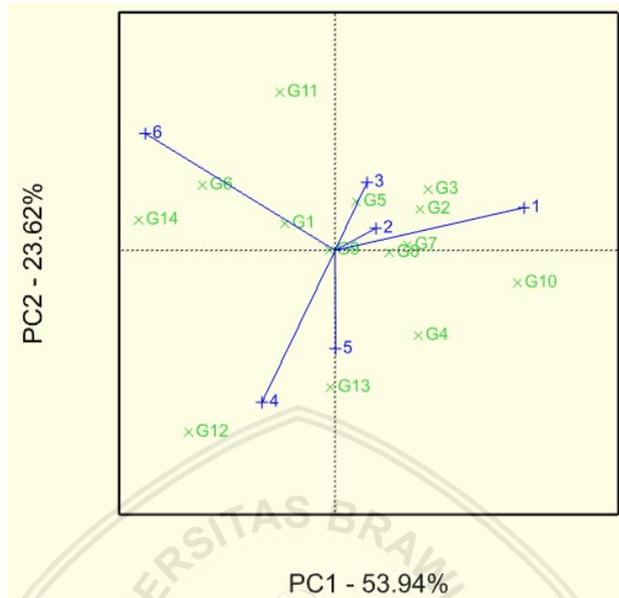
Melalui metode *postdictive success* (keberhasilan total) dengan analisis ragam AMMI pada Tabel 4.7 diperoleh tiga komponen yang nyata pada statistik F dengan taraf 5%. KUI1, KUI2 dan KUI3 merupakan komponen yang nyata dan akan dipertahankan dalam model AMMI 3. Sehingga keragaman yang dapat menggunakan model AMMI 3 adalah sebesar 90,65%. Analisis ragam AMMI 3 disajikan pada Tabel 4.8.

Tabel 4.7. Analisis Ragam AMMI 3

SK	DB	JK	KT	Statistik Uji f	Nilai p
Kelompok	18	1,24	0,069	2,12	0,0059
Genotipe	13	3,28	0,252	7,76	<0,001
Lokasi	5	112,46	22,492	325,93	<0,001
Interaksi (G×E)	65	9,75	0,069	4,61	<0,001
KUI1	17	5,26	0,309	9,52	<0,001
KUI2	15	2,30	0,153	4,72	<0,001
KUI3	13	1,28	0,098	3,02	<0,001
Sisa	20	0,91	0,046		
Galat	234	7,60	0,032		
Total	335	134,33			

4.5.1 Interpretasi Biplot AMMI

Berdasarkan Tabel 4.8, model AMMI yang terbentuk adalah model AMMI3, namun biplot yang digunakan untuk interpretasi model hanya mampu menjelaskan berdasarkan KUI1 dan KUI2. Grafik biplot pada Gambar 4.3 menggambarkan struktur interaksi antara genotipe dan lokasi dengan melibatkan KUI1 dan KUI2 yang dapat menjelaskan keragaman yang diterangkan oleh kedua komponen sebesar 77,56%.



Gambar 4.4. Biplot AMMI 2

Pada Gambar 4.3 menunjukkan bahwa garis vektor lokasi paling panjang yaitu pada L6, sehingga dapat dikatakan hasil biji kedelai (ton/ha) pada lokasi 6 lebih bervariasi dibandingkan lokasi lainnya. L2 dengan panjang vektor paling kecil diantara lokasi lain menunjukkan bahwa lokasi tersebut yang paling stabil untuk semua jenis genotipe karena terletak tidak jauh dari titik pusat (0,0). Selain itu, posisi objek yang searah dengan suatu vektor menunjukkan besarnya nilai peubah untuk objek yang searah dengannya. Semakin dekat letak objek dengan arah yang ditunjuk oleh suatu peubah maka semakin tinggi peubah tersebut untuk objek itu. Hal ini terlihat pada posisi vektor L3 dengan objek G5, L5 dengan G13, L2 dengan G2.

Lebih lanjut pada Gambar 4.3 dapat pula diamati bahwa lokasi 1 dan 2 memiliki korelasi yang tinggi dikarenakan nilai sudut yang terbentuk antara kedua peubah kecil. Letak objek yang berdekatan juga mengindikasikan tingkat produktifitas yang relatif sama, yaitu pada G8 dengan G7 serta G3 dengan G2. Genotipe yang paling stabil dengan keragaman paling kecil berdasarkan biplot AMMI2 adalah genotipe G9, karena titik ordinat G9 paling dekat dengan titik pusat

(0,0). Keragaman interaksi pada G9 mengindikasikan bahwa genotipe tersebut cocok ditanam pada semua lokasi percobaan. Sementara, genotipe G12, G14 dan G10 merupakan genotipe yang tidak stabil pada semua lokasi percobaan.

4.5.2 Indeks Stabilitas AMMI (ISA)

Indeks Stabilitas AMMI atau parameter stabilitas AMMI menyatakan tingkat stabilitas genotipe. Semakin kecil nilai ISA maka makin stabil genotipe tersebut. ISA yang dihasilkan model AMMI2 tersaji pada Tabel 4.9 berikut,

Tabel 4.8. Peringkat dan nilai ISA

Genotipe	ISA	Peringkat
G9	0,024	1
G5	0,057	2
G8	0,085	3
G1	0,092	4
G7	0,112	5
G13	0,114	6
G2	0,136	7
G4	0,152	8
G3	0,153	9
G11	0,165	10
G6	0,223	11
G12	0,276	12
G10	0,287	13
G14	0,312	14

Pada Tabel 4.9 menunjukkan bahwa genotipe paling stabil adalah genotipe G9 karena memiliki nilai ISA terkecil diantara genotipe lain. Sedangkan G14 adalah genotipe yang paling tidak stabil berdasarkan nilai ISA yang terbesar.

BAB V PENUTUP

5.1 Kesimpulan

1. Diperoleh genotipe stabil berdasarkan metode Shukla dan AMMI yaitu G5, G9 dan G8. Disimpulkan pula genotipe yang spesifik pada lokasi tertentu berdasarkan metode AMMI yaitu G5 yang cocok ditanam di lokasi 3 (Lampung Timur) serta G13 dengan lokasi 5 (Kab. Ngawi).
2. Penentuan genotipe stabil berdasarkan kedua metode menghasilkan genotipe stabil dengan peringkat yang tidak jauh berbeda. Metode AMMI dapat mengidentifikasi genotipe kedelai toleran naungan diberbagai lokasi serta lebih baik dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi dibandingkan metode Shukla.

5.2 Saran

Pada penelitian ini terbatas pada parameter salah satu metode perbandingan penentuan stabilitas genotipe. Saran untuk peneliti selanjutnya sebaiknya menggunakan metode analisis stabilitas non parametrik dengan beberapa parameter stabilitas dalam pengujiannya. Selain itu dapat dipertimbangkan untuk menambah jumlah ulangan pada percobaan yang dilakukan.



DAFTAR PUSTAKA

- Alberts, M.J.A. 2004. *A Comparison of Statistical Methods to Describe Genotype X Environment Interaction and Yield Stability in Multi-Location Maize Trials*. Thesis. University of the Free State.
- Caliskan, M.E., Erturk, E., Sogut, T., Boydak, E. dan Arioglu, H. 2007. *Genotype × environment interaction and stability analysis of sweetpotato (*Ipomoea batatas*) genotypes*. Vol. 35 No.1. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*.
- Danasworo, F. 2016. *Keragaan, Kriteria Seleksi dan Stabilitas Hasil 25 Genotipe Terung (*Solanum Melongena L.*) di Tiga Lokasi*. Tesis. Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- Jaya, I G.N.M. 2009. *Analisis Interaksi Genotipe x Lingkungan Menggunakan Partial Least Square Path Modelling*. Tanggal akses: 6 April 2014.
- Mattjik, A. S. dan Sumertajaya, I M. 2006. *Perancangan Percobaan: dengan aplikasi SAS dan MINITAB*. Edisi kedua. IPB Press. Bogor.
- Pramoedyo, H. 2013. *Rancangan Perlakuan Terapan*. Dinar Wijaya. Malang.
- Sa'diyah, H., A.A. Mattjik., 2011. "Indeks Stabilitas AMMI untuk Penentuan Stabilitas Genotipa pada Percobaan Multilokasi" dalam *Pemodelan Additive Main-Effect & Multiplicative Interaction (AMMI): Kini dan yang Akan Datang*. A.A. Mattjik, I.M. Sumertajaya, A.F. Hafi, G.N.A Wibawa (eda). Bandung: IPB Press.
- Shukla, G. K. 1972. *Some Statistical Aspects Of Partitioning Genotype-Environmental Components Of Variability*. University of Edinburgh.

Sumertajaya, I.M. 2007. *Analisis Statistika Interaksi Genotipe dengan Lingkungan*. Departemen Statistika. Fakultas Matematika dan IPA. Institut Pertanian Bogor. Bogor

Sundari, T., Nugrahaeni, N., dan Susanto, G. W. A., 2016. Interaksi Genotipe x Lingkungan dan Stabilitas Hasil Biji Kedelai Toleran Naungan. Vol. 44 No. 1. *Agronomi Indonesia*.

Widyastuti, Y., Satoto, dan Rumanti, I. A., 2013. Pemanfaatan Analisis Regresi dan AMMI Untuk Evaluasi Stabilitas Hasil Genotipe Padi dan Pengaruh Interaksi Genetik dan Lingkungan. Vol. 22 No. 1. *Informatika Pertanian*.

Yitnosumarto, S. 1993. Percobaan: Perancangan, Analisis dan Interpretasinya. Gramedia Pustaka Utama. Jakarta.

