

**PEMODELAN AMMI DENGAN MENGGUNAKAN EMPAT  
INDEKS PENAMPILAN TANAMAN (IPT) UNTUK RESPON  
TANAMAN KEDELAI**

**SKRIPSI**

Oleh:  
**CITRA FUDIANITA**  
**105090501111016-95**



**PROGRAM STUDI STATISTIKA  
JURUSAN MATEMATIKA**  
**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**  
**UNIVERSITAS BRAWIJAYA**  
**MALANG**  
**2014**

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



**PEMODELAN AMMI DENGAN MENGGUNAKAN EMPAT  
INDEKS PENAMPILAN TANAMAN (IPT) UNTUK RESPON  
TANAMAN KEDELAI**

**SKRIPSI**

**Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar  
Sarjana Sains dalam bidang Statistika**

oleh:  
**CITRA FUDIANITA**  
**105090501111016-95**



**PROGRAM STUDI STATISTIKA  
JURUSAN MATEMATIKA  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS BRAWIJAYA  
MALANG  
2014**

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



LEMBAR PENGESAHAN SKRIPSI

**PEMODELAN AMMI DENGAN MENGGUNAKAN EMPAT  
INDEKS PENAMPILAN TANAMAN (IPT) UNTUK RESPON  
TANAMAN KEDELAI**

oleh:

CITRA FUDIANITA  
105090501111016-95

Setelah dipertahankan di depan Majelis Penguji pada tanggal 3 Februari 2014 dan dinyatakan syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains dalam bidang Statistika

Dosen Pembimbing

Dr. Ir. Atiek Iriany, M.S.  
NIP. 196308091988022001

Mengetahui,  
Ketua Jurusan Matematika  
Fakultas MIPA  
Universitas Brawijaya

Dr. Abdul Rouf Alghofari, M. Sc.  
NIP. 196709071992031001

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



**LEMBAR PERNYATAAN**

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : CITRA FUDIANITA  
NIM : 105090501111016  
Program Studi : STATISTIKA  
Penulis Skripsi Berjudul :

**PEMODELAN AMMI DENGAN MENGGUNAKAN EMPAT  
INDEKS PENAMPILAN TANAMAN (IPT) UNTUK RESPON  
TANAMAN KEDELAI**

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 resiko yang akan saya terima.

Demikian pernyataan ini dibuat dengan segala kesadaran.

Malang, 3 Februari 2014  
Yang menyatakan,

CITRA FUDIANITA  
NIM. 105090501111016-95

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



# PEMODELAN AMMI DENGAN MENGGUNAKAN EMPAT INDEKS PENAMPILAN TANAMAN (IPT) UNTUK RESPON TANAMAN KEDELAI

## ABSTRAK

*Additive Main effect and Multiplicative Interaction* (AMMI) adalah suatu model gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikatif pada analisis komponen utama. AMMI dapat menguji kestabilan suatu *genotipe* berdasarkan nilai *AMMI Stability Value* (ASV) serta dengan analisis biplot dapat dilihat kespesifikasi suatu *genotipe* terhadap lingkungan tertentu. Metode AMMI biasanya hanya melibatkan satu respon tanaman saja. Pendekatan yang dapat diterapkan untuk menggabungkan beberapa respon tanaman untuk membangun suatu respon gabungan beberapa respon tanaman yaitu metode *Range Equalization* (IPT1), metode komponen utama pertama (IPT2), metode pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT3), dan metode *Division by Mean* (IPT4). Model AMMI yang dapat menerangkan dan cukup untuk penduga pada respon banyak polong isi kedelai, bobot biji kedelai, IPT1, IPT3, dan IPT4 adalah AMMI 1. Sedangkan model AMMI yang dapat menerangkan dan cukup untuk penduga pada respon banyak cabang kedelai, dan IPT2 adalah AMMI 2. *Genotipe* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotipe* Tgm/Anj-857. *Genotipe* yang spesifik di Kebun Percobaan Natar adalah *genotipe* Tgm/Anj-858, *genotipe* yang spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng adalah *genotipe* Tgm/Anj-862, dan *genotipe* yang spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran adalah *genotipe* Tgm/Anj-844. Metode penggabungan respon yang memiliki nilai *Root Mean Square Error* (RMSE) terkecil dan mendekati nol adalah metode penggabungan respon dengan pendekatan *Range Equalization*/IPT1.

Kata Kunci: AMMI, ASV, Biplot, IPT, *Genotipe*, RMSE

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## **AMMI MODELS WITH FOUR PLANT DISPLAY INDEX SOYBEAN RESPONSE**

### **ABSTRACT**

Additive Main effect and Multiplicative Interaction (AMMI) is a combined model from additive influence in analysis of variance and multiplicative influence in principal component analysis. AMMI can be used to test the stability of genotype based on AMMI Stability Value (ASV) and the biplot analysis show the interaction between genotype and environment. AMMI methods is usually involve one response of plant. The approach to combine some response of plants to build combined response are Range Equalization methods (IPT1), First Principal Component methods (IPT2), Weighted based on Principal Component methods (IPT3), and division by mean methods (IPT4). AMMI models to explain and sufficient by the estimator in a lot of pods of soybean, weights of soybean seeds, IPT1, IPT3, and IPT4 are AMMI 1. AMMI models to explain and sufficient by the estimator in a lot of branch of soybean, and IPT2 are AMMI 2. The stable genotype in three environment sour land in Lampung is genotype Tgm/Anj-857. A specific genotype in Natar experiments garden is Tgm/Anj-858, a specific genotype in Tegineneng experiments garden is Tgm/Anj-862, and a specific genotype in Pesawaran experiments garden is Tgm/Anj-844. The combined responses method which have smallest Root Mean Square Error (RMSE) and nearest zero is Range Equalization methods (IPT1).

Key Word: AMMI, ASV, Biplot, IPT, Genotype, RMSE

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadirat Allah SWT, atas segala rahmat dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi berjudul “Pemodelan AMMI dengan menggunakan empat indeks penampilan tanaman (IPT) untuk respon tanaman kedelai”. Oleh karena itu, penulis ingin mengucapkan terimakasih kepada:

1. Ibu Dr. Ir. Atiek Iriany, MS. Selaku Dosen Pembimbing yang telah memberikan pengarahan dan masukan dengan sabar kepada penulis selama penyusunan skripsi ini.
2. Bapak Samingun Handoyo, S. Si, M. Cs. selaku Dosen Pengaji I dan Bapak Prof. Dr. Ir. Henny Pramoedyo, MS. selaku Dosen Pengaji II yang telah memberikan pengarahan dan masukan dengan sabar kepada penulis selama penyusunan skripsi ini.
3. Bapak Dr. Abdul Rouf Alghofari, M.Sc selaku Ketua Jurusan Matematika Fakultas MIPA Universitas Brawijaya.
4. Balai Penelitian Kacang-kacangan dan Umbi-umbian (Balitkabi) Malang yang telah memberi ijin kepada Penulis untuk pengambilan data uji multilokasi tanaman kedelai.
5. Bapak ibu Dosen Statistika atas ilmu yang diberikan selama kuliah.
6. Mama, Ayah, adik, dan keluarga tercinta untuk kasih sayang, semangat, dukungan serta doa restu yang selalu diberikan.
7. Semua sahabat terbaikku, teman-teman Statistika 2010 dan 2009, keluarga Watugong 17 terimakasih atas doa, semangat dan bantuannya selama ini.
8. Semua pihak yang telah membantu penulisan skripsi ini yang tidak dapat penulis sebutkan satu-persatu.

Penulis menyadari bahwa skripsi ini masih jauh dari kesempurnaan mengingat keterbatasan kemampuan penulis, oleh karena itu kritik dan saran yang bersifat membangun sangat diharapkan demi tersusunnya penulisan yang lebih baik. Semoga penulisan Skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi pembaca.

Malang, Februari 2014

Penulis

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## DAFTAR ISI

Halaman

<b>HALAMAN JUDUL</b> .....	i
<b>LEMBAR PENGESAHAN</b> .....	ii
<b>LEMBAR PERNYATAAN</b> .....	iii
<b>ABSTRAK</b> .....	iv
<b>ABSTRACT</b> .....	v
<b>KATA PENGANTAR</b> .....	vi
<b>DAFTAR ISI</b> .....	vii
<b>DAFTAR GAMBAR</b> .....	x
<b>DAFTAR TABEL</b> .....	xi
<b>DAFTAR LAMPIRAN</b> .....	xii

### BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah.....	3
1.3 Tujuan Penelitian.....	4
1.4 Batasan Masalah .....	4
1.5 Manfaat Penelitian .....	4

### BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Analisis Ragam .....	5
2.2 Pengujian Analisis Ragam .....	7
2.2.1 Aditifitas.....	7
2.2.2 Normalitas.....	8
2.2.3 Homogenitas .....	9
2.2.4 Kebebasan Galat.....	10
2.3 Cara Mengatasi Pelanggaran Asumsi Analisis Ragam .....	10
2.3.1 Non Aditifitas .....	10
2.3.2 Galat Tidak Menyebar Normal .....	12
2.3.3 Heterogenitas Ragam Galat.....	12
2.3.4 Ketidakbebasan Galat.....	13
2.3.5 Transformasi Logaritma.....	13
2.3.6 Transformasi Akar Kuadrat.....	13
2.3.7 Transformasi Arcsin.....	13
2.3.8 Metode Non Parametrik .....	13
2.4 Metode Penggabungan Respon.....	14

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



2.4.1 Pendekatan I ( <i>Range Equalization/IPT1</i> ).....	14
2.4.2 Pendekatan II (Skor Komponen Utama Pertama / <i>IPT2</i> ) .....	14
2.4.3 Pendekatan III (Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/ <i>IPT3</i> ).....	16
2.4.4 Pendekatan IV ( <i>Division by Mean/IPT4</i> ) .....	17
<b>2.5 Additive Main effect and Multiplicative Interaction (AMMI).....</b>	<b>18</b>
2.5.1 Penguraian Bilinier Pengaruh Interaksi.....	18
2.5.2 Akar Ciri Suatu Matriks .....	19
2.5.3 Penguraian Nilai Singular .....	20
2.5.4 Nilai Komponen AMMI.....	20
2.5.5 Penentuan Banyaknya Komponen AMMI .....	21
2.5.6 Interpretasi Analisis AMMI .....	22
2.5.6.1 <i>AMMI Stability Value (ASV)</i> .....	22
2.5.6.2 Analisis Biplot.....	23
<b>2.6 Kesesuaian Model .....</b>	<b>24</b>

### **BAB III METODE PENELITIAN**

3.1 Sumber Data .....	25
3.2 Metode Analisis .....	25

### **BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN**

4.1 Eksplorasi Data .....	31
4.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam Pada Masing-masing Respon .....	33
4.2.1 Aditifitas.....	33
4.2.2 Normalitas .....	34
4.2.3 Homogenitas .....	35
4.2.4 Kebebasan Galat ( <i>Independence</i> ).....	35
4.3 Analisis Ragam Masing-Masing Respon Tanaman Kedelai .....	36
4.4 Analisis AMMI Masing-Masing Respon Tanaman Kedelai .....	38
4.5 Interpretasi Analisis AMMI Masing-Masing Respon Tanaman Kedelai .....	41
4.6 Metode Penggabungan Respon .....	45
4.6.1 Pendekatan I ( <i>Range Equalization/IPT1</i> ).....	45
4.6.2 Pendekatan II (Skor Komponen Utama Pertama / <i>IPT2</i> ) .....	45

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



4.6.3 Pendekatan III (Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3).....	46
4.6.4 Pendekatan IV ( <i>Division by Mean/IPT4</i> ) .....	47
4.7 Analisis Ragam Masing-Masing Respon Gabungan/ IPT .....	48
4.8 Analisis AMMI Masing-Masing Respon Gabungan/ IPT.....	50
4.9 Interpretasi Analisis AMMI Masing-Masing Respon Gabungan/IPT .....	54
4.10 Kesesuaian Model .....	61
<b>BAB V KESIMPULAN DAN SARAN</b>	
5.1 Kesimpulan .....	63
5.2 Saran.....	63
<b>DAFTAR PUSTAKA .....</b>	65
<b>LAMPIRAN .....</b>	67

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## DAFTAR GAMBAR

Halaman

Gambar 2.1	Bobot Peubah $Y_i$ berdasarkan komponen utama pertama dan kedua. ....	17
Gambar 3.1	Diagram Alir Metode Penelitian. ....	29



UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## DAFTAR TABEL

Halaman

Tabel 2.1 Tabel Analisis Ragam .....	6
Tabel 2.2 Tabel Analisis Ragam Uji Keaditifan Tukey .....	7
Tabel 2.3 Bentuk Transformasi Untuk Penstabilan Ragam .....	12
Tabel 2.4 Analisis Ragam Model AMMI .....	19
Tabel 4.1 Eksplorasi data 4 respon dari 12 <i>genotipe</i> tanaman Kedelai yang diamati di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran).....	31
Tabel 4.2 Tabel Analisis Ragam Uji Aditifitas masing-masing respon tanaman kedelai .....	33
Tabel 4.3 Tabel hasil pengujian normalitas Shapiro-Wilk pada masing-masing respon tanaman kedelai .....	34
Tabel 4.4 Tabel hasil pengujian homogenitas Bartlett pada masing-masing respon tanaman kedelai .....	35
Tabel 4.5 Tabel Analisis Ragam masing-masing respon tanaman kedelai .....	36
Tabel 4.6 Ringkasan Kontribusi keragaman masing-masing Respon tanaman kedelai .....	40
Tabel 4.7 Analisis Ragam model AMMI masing-masing respon Tanaman kedelai.....	40
Tabel 4.8 Presentase keragaman analisis komponen utama .....	46
Tabel 4.9 Tabel Analisis Ragam masing-masing pendekatan Penggabungan respon/IPT .....	48
Tabel 4.10 Ringkasan Kontribusi keragaman masing-masing Pendekatan penggabungan respon/IPT .....	52
Tabel 4.11 Analisis Ragam model AMMI masing-masing Pendekatan penggabungan respon/IPT .....	53
Tabel 4.12 Ringkasan <i>genotipe</i> stabil dan spesifik lingkungan Masing-masing respon tanaman kedelai dan Pendekatan penggabungan respon.....	60
Tabel 4.13 Nilai RMSE model AMMI masing-masing respon Tanaman kedelai dan pendekatan penggabungan respon .....	61

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman	
Lampiran 1	Data Sekunder .....	67
Lampiran 2	Perhitungan uji aditifitas pada masing-masing Respon tanaman kedelai .....	71
Lampiran 3	Uji normalitas Shapiro-Wilk menggunakan <i>Software Genstat 15</i> .....	75
Lampiran 4	Uji homogenitas Bartlett menggunakan <i>Software Genstat 15</i> .....	76
Lampiran 5	Plot nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan Nilai dugaan respon ( $Y_{ij}$ ) pada keempat respon Tanaman kedelai menggunakan <i>software Genstat 15</i> .....	77
Lampiran 6	Analisis Ragam dari 4 respon Tanaman kedelai menggunakan <i>software Genstat 15</i> .....	79
Lampiran 7	Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh Interaksi pada masing-masing respon tanaman Kedelai menggunakan Microsoft Excel 2010 ...	80
Lampiran 8	Analisis Ragam Model AMMI pada masing-Masing respon tanaman kedelai menggunakan <i>Software Genstat 15</i> .....	81
Lampiran 9	Skor IPCA berdasarkan <i>genotipe</i> dan lingkungan Masing-masing respon tanaman kedelai Menggunakan <i>software Genstat 15</i> .....	82
Lampiran 10	Nilai <i>AMMI Stability Value</i> (ASV) masing-masing Respon tanaman kedelai .....	83
Lampiran 11	Rata-rata IPT1 12 <i>genotipe</i> kedelai di 3 Lingkungan Lahan asam di Lampung .....	84
Lampiran 12	Rata-rata IPT2 12 <i>genotipe</i> kedelai di 3 Lingkungan Lahan asam di Lampung .....	85
Lampiran 13	Rata-rata IPT3 12 <i>genotipe</i> kedelai di 3 Lingkungan Lahan asam di Lampung .....	86
Lampiran 14	Rata-rata IPT4 12 <i>genotipe</i> kedelai di 3 Lingkungan Lahan asam di Lampung .....	87
Lampiran 15	Analisis komponen utama menggunakan <i>Software Genstat 15</i> .....	88
Lampiran 16	Analisis ragam masing-masing IPT menggunakan <i>Software Genstat 15</i> .....	89

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



Lampiran 17	Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh Interaksi pada masing-masing respon gabungan/ IPT menggunakan Microsoft Excel 2010. ....	90
Lampiran 18	Analisis Ragam Model AMMI masing-masing respon gabungan/IPT menggunakan <i>Software</i> Genstat 15.....	91
Lampiran 19	Skor IPCA berdasarkan <i>genotipe</i> dan lingkungan Masing-masing respon gabungan/IPT Menggunakan <i>software</i> Genstat 15.....	92
Lampiran 20	Nilai <i>AMMI Stability Value</i> (ASV) masing-masing Respon gabungan/IPT.....	93



UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## BAB I

### PENDAHULUAN

#### 1.1 Latar Belakang

Percobaan multilokasi sangat berperan penting dalam penelitian-penelitian di bidang pertanian. Faktor *genotype* dan lingkungan merupakan dua faktor yang sering dilibatkan dalam percobaan multilokasi. Rekomendasi *genotype* sebagai suatu varietas tanaman baru untuk tujuan komersial membutuhkan prediksi yang akurat terhadap produktifitas setiap *genotype* pada berbagai lingkungan serta interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Uji multilokasi ini diharapkan dapat memilah pengaruh utama (*genotipe* dan lingkungan) dan pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan. Adanya pengaruh interaksi juga dapat memilah *genotype* yang stabil maupun yang spesifik pada lingkungan tertentu. Untuk memaksimumkan efisiensi baik dari segi biaya maupun yang lainnya, metode statistik yang tepat sangat diperlukan. Metode statistik yang sering digunakan pada percobaan multilokasi adalah analisis ragam dan analisis komponen utama. Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) analisis ragam merupakan suatu model aditif yang mampu menguji interaksi tetapi tidak mampu menemukan pola *genotype* atau lingkungan untuk meningkatkan interaksi. Analisis komponen utama hanya efektif menjelaskan pengaruh interaksi tanpa menerangkan pengaruh utamanya.

*Additive Main effect and Multiplicative Interaction* (AMMI) adalah suatu model gabungan dari pengaruh aditif pada analisis ragam dan pengaruh multiplikatif pada analisis komponen utama (Gauch dan Zobel, 1996). AMMI sangat efektif dalam menjelaskan interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Penguraian matriks pengaruh interaksi dapat dilakukan dengan model bilinier, sehingga pemetaan tempat tumbuh suatu *genotype* dapat dilihat dengan jelas. Selain itu, AMMI juga dapat menguji kestabilan suatu *genotype* berdasarkan nilai *Ammi Stability Value* (ASV) serta dengan analisis biplot dapat dilihat kespesifikannya suatu *genotype* terhadap lingkungan tertentu.

Analisis kestabilan suatu genotipe dengan metode AMMI biasanya hanya melibatkan satu respon atau hanya dari satu sisi produktifitas tanaman saja. Sebenarnya, masih banyak aspek-aspek lain yang merupakan komponen penting pada tanaman

yang dapat menjelaskan dimensi yang berbeda. Pendekatan yang dapat diterapkan untuk menggabungkan beberapa respon tanaman untuk membangun suatu respon gabungan berdasarkan beberapa respon tanaman disebut Indeks Penampilan Tanaman atau IPT. Terdapat 4 metode pendekatan penggabungan respon yang digunakan dalam menghitung IPT dari respon yang diamati, yaitu metode *Range Equalization* (IPT1), metode komponen utama pertama (IPT2), metode pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT3), dan metode *Division by Mean* (IPT4) (Sumertajaya, 2007).

Penelitian terdahulu yang dilakukan oleh Wibawa, dkk (2011) berhasil membuktikan metode penggabungan respon pendekatan pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT3) merupakan metode penggabungan respon terbaik dalam menggabungkan respon dua data simulasi yang dibangkitkan masing-masing 100 kali dimana gugus data bangkitan pertama merupakan data yang antar responnya berkorelasi tinggi dan gugus data bangkitan kedua merupakan data yang antar responnya berkorelasi rendah. Penelitian lain yang dilakukan oleh Pasca (2013) berhasil membuktikan metode penggabungan respon pendekatan skor komponen utama pertama (IPT2) merupakan metode penggabungan respon terbaik dalam menggabungkan respon berskala campuran dari tanaman ubi jalar berdasarkan analisis procrustes, dimana respon yang digunakan adalah berat ubi (ton/ha), panjang ubi (cm), diameter ubi (cm), dan tingkat serangan hama (sangat peka-sangat tahan).

Balai Penelitian Tanaman Kacang-kacangan dan Umbi-umbian (Balitkabi) adalah unit kerja di bawah Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan (Puslitbangtan) yang melaksanakan penelitian tanaman kacang-kacangan dan umbi-umbian. Balitkabi berlokasi di Kabupaten Malang, Jawa Timur, tepatnya di Jalan Raya Kendalpayak 8 Km. Tugas Balitkabi adalah membuat strategi penelitian dan melaksanakan penelitian tanaman kacang-kacangan dan umbi-umbian, serta memonitoring dan mengevaluasi pelaksanaan. Fungsi dari Balitkabi adalah merencanakan, melaksanakan, memonitoring dan mengevaluasi strategi dan pelaksanaan penelitian kacang-kacangan dan umbi-umbian (Balitkabi, 2013). Salah satu sasaran penelitian yang dilakukan oleh Balitkabi adalah tanaman kedelai. Tujuan dari penelitian tersebut agar diperoleh *genotipe* kedelai yang unggul

dan berkualitas sehingga dapat dilepas sebagai varietas baru yang laku keras dipasaran. Percobaan dilakukan di berbagai lingkungan yang berbeda atau sering disebut percobaan multilokasi.

Kedelai merupakan tanaman pangan berupa semak yang tumbuh tegak. Kedelai sangat berperan penting karena sumber protein nabati dan bahan baku industri. Dewasa ini, program pemerintah di sektor ketahanan pangan yang menarik adalah masalah impor kedelai. Kedelai merupakan komoditi utama dari ketahanan pangan di Indonesia. Pemilihan *genotipe* yang unggul sangat berpengaruh terhadap produksi tanaman kedelai, selain juga pengaruh lingkungan yang akan digunakan sebagai wilayah budidaya tanaman kedelai. Dengan lingkungan yang sesuai dan *genotipe* yang unggul akan mampu mengembangkan produktifitas tanaman kedelai, baik dalam hal kuantitas maupun kualitas hasil produksinya (Istiyastuti dan Yanuarso, 1996). Untuk mendapatkan *genotipe* kedelai yang unggul tidak hanya dengan melihat satu respon produktifitas saja, melainkan aspek-aspek respon produktifitas yang lain juga perlu diperhatikan. Statistika sebagai alat atau metode untuk melihat dari segi stabilitas interaksi. Oleh karena itu, dalam penelitian ini dilakukan penggabungan beberapa respon produktifitas tanaman kedelai untuk membangun suatu respon gabungan berdasarkan beberapa respon tanaman menggunakan beberapa pendekatan, yakni metode *Range Equalization* (IPT1), metode komponen utama pertama (IPT2), metode pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT3), dan metode *Division by Mean* (IPT4) menggunakan analisis AMMI untuk menguji *genotipe* tanaman kedelai yang stabil di semua lingkungan maupun spesifik pada lingkungan tertentu.

## 1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimanakah model AMMI yang dapat menerangkan masing-masing respon tanaman kedelai dan masing-masing IPT?
2. Bagaimana cara menguji *genotipe* tanaman kedelai yang stabil dan spesifik pada lingkungan tertentu?
3. Bagaimana cara membandingkan masing-masing Indeks Penampilan Tanaman (IPT)?

### **1.3 Tujuan Penelitian**

1. Memodelkan AMMI yang dapat menerangkan masing-masing respon tanaman kedelai dan masing-masing IPT.
2. Menguji *genotipe* tanaman kedelai yang stabil dan spesifik pada lingkungan tertentu menggunakan *AMMI Stability Value (ASV)* dan analisis biplot.
3. Membandingkan setiap Indeks Penampilan Tanaman (IPT) menggunakan nilai *Root Mean Square Error (RMSE)*.

### **1.4 Batasan Masalah**

Batasan masalah dalam penelitian ini dibatasi pada:

1. Data yang digunakan adalah data sekunder yang berasal dari Balitkabi Malang tentang uji multilokasi tanaman kedelai. Respon yang diamati adalah tinggi tanaman kedelai (cm), banyak cabang kedelai, banyak polong isi kedelai, dan bobot biji kedelai (ton/ha). Lingkungan penanaman diuji cobakan di tiga lingkungan lahan asam di Lampung, yaitu Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran.
2. Metode yang digunakan adalah *fixed AMMI* dengan metode penggabungan respon yang digunakan adalah metode *Range Equalization* (IPT1), metode komponen utama pertama (IPT2), metode pembobotan berdasarkan komponen utama (IPT3), dan metode *Division by Mean* (IPT4).
3. Penentuan kestabilan dan kespesifikasi *genotipe* pada metode AMMI dilakukan dengan menggunakan *AMMI Stability Value (ASV)* dan analisis biplot.
4. Pemilihan metode penggabungan respon terbaik menggunakan nilai RMSE (*Root Mean Square Error*) terkecil.

### **1.5 Manfaat Penelitian**

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi tentang metode AMMI dalam menguji kestabilan suatu *genotipe* terhadap lingkungan pada percobaan multilokasi dan *genotipe* yang spesifik pada lingkungan tertentu. Selain itu, juga dapat memberikan informasi tentang metode penggabungan respon untuk membangun suatu respon gabungan pada analisis AMMI.

## BAB II

### TINJAUAN PUSTAKA

#### 2.1 Analisis Ragam

Analisis ragam pertama kali diperkenalkan oleh R.A Fisher.

Analisis ragam merupakan proses aritmatika untuk membagi jumlah kuadrat total menjadi beberapa komponen yang berhubungan dengan sumber keragaman yang diketahui (Stell dan Torrie, 1981). Tujuan dari analisis ragam adalah untuk menguji apakah terdapat pengaruh yang signifikan pengaruh *genotipe*, pengaruh lingkungan, serta pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan.

Pada percobaan multilokasi, rancangan perlakuan yang biasa digunakan adalah rancangan faktorial dua faktor, dengan faktor pertama adalah *genotipe* dan faktor kedua adalah lingkungan. Model percobaan multilokasi (Mattjik dan Sumertajaya, 2006):

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + B_{k(j)} + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.1)$$

$i = 1, 2, \dots, t$        $j = 1, 2, \dots, s$        $k = 1, 2, \dots, r$

dengan:

$Y_{ijk}$	= Respon dari <i>genotipe</i> ke-i pada lingkungan ke-j dalam kelompok ke-k
$\mu$	= Nilai rata-rata umum
$\alpha_i$	= Pengaruh utama <i>genotipe</i> ke-i
$\beta_j$	= Pengaruh utama lingkungan ke-j
$B_{k(j)}$	= Pengaruh blok ke-k tersarang pada lingkungan ke-j
$(\alpha\beta)_{ij}$	= Pengaruh interaksi <i>genotipe</i> ke-i lingkungan ke-j
$\varepsilon_{ijk}$	= Pengaruh galat dari <i>genotipe</i> ke-i pada lingkungan ke-j dalam kelompok ke-k
$t$	= Banyaknya <i>genotipe</i>
$s$	= Banyaknya lingkungan
$r$	= Banyaknya blok

Pendugaan parameter model percobaan multilokasi menggunakan Metode Kuadrat Terkecil dengan batasan:

$$\begin{aligned} \sum_i^t \alpha_i &= 0 ; \sum_j^s \beta_j = 0 ; \sum_i^t (\alpha \beta)_{ij} = 0 ; \sum_j^s (\alpha \beta)_{ij} = 0 ; \text{ dan} \\ \sum_j^s \sum_k^r B_{kj} &= 0 \end{aligned} \quad (2.2)$$

akan diperoleh penduga:

$$\begin{aligned} \hat{\mu} &= \bar{Y}_{...} \\ \hat{\alpha}_i &= \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...} \\ \hat{\beta}_j &= \bar{Y}_{..j} - \bar{Y}_{...} \\ \hat{B}_{kj} &= \bar{Y}_{..jk} - \bar{Y}_{..j} \\ (\hat{\alpha}\hat{\beta})_{ij} &= \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{..j} + \bar{Y}_{...} \\ \hat{\epsilon}_{ijk} &= Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{jk.} + \bar{Y}_{..j} \end{aligned}$$

Tabel 2.1 Tabel Analisis Ragam

Sumber Keragaman	Db	JK	KT
Genotipe ( $\alpha$ )	t-1	JK $\alpha$	KT $\alpha$
Lingkungan ( $\beta$ )	s-1	JK $\beta$	KT $\beta$
Blok (Lingkungan) (B)	s(r-1)	JKB	KTB
Interaksi (I)	(t-1)(s-1)	JKI	KTI
Galat/Error (G)	s(t-1)(r-1)	JKG	KTG
Total (T)	tsr-1	JKT	

dengan:

$$\begin{aligned} \text{Faktor Koreksi (FK)} &= \frac{\left( \sum_i^t \sum_j^s \sum_k^r Y_{ijk} \right)^2}{tsr} \\ \text{JKT} &= \sum_i^t \sum_j^s \sum_k^r Y_{ijk}^2 - FK \\ \text{JK}\alpha &= \sum_i^t \frac{Y_{i..}^2}{sr} - FK \\ \text{JK}\beta &= \sum_j^s \frac{Y_{..j}^2}{tr} - FK \\ \text{JKB} &= \sum_k^r \frac{Y_{..k}^2}{ts} - FK \\ \text{JKI} &= r \sum_i^t \sum_j^s \left( \bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{..j} + \bar{Y}_{...} \right)^2 \\ \text{JKG} &= JKT - (JK\alpha + JK\beta + JKB + JKI) \end{aligned}$$

## 2.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam

Sebelum melakukan analisis ragam, asumsi-asumsi yang melandasi analisis ragam haruslah terpenuhi. Menurut Yitnosumarto (1993) andaian-andaian yang diperlukan untuk sahnya analisis ragam atas suatu gugus data sebagai berikut:

- Pengaruh *genotipe* dan lingkungan harus bersifat aditif.
- Galat percobaan harus bebas sesamanya, yang artinya peluang galat suatu pengamatan mempunyai nilai tertentu harus tidak tergantung pada nilai galat pengamatan lainnya.
- Galat percobaan harus mempunyai ragam umum, misalnya  $\sigma^2$ .
- Galat percobaan harus tersebar normal.

### 2.2.1 Aditifitas

Salah satu uji yang dapat digunakan untuk menguji keaditifan model adalah uji Tukey (Mattjik dan Sumertajaya, 2006). Hipotesis dari uji aditifitas adalah:

$H_0$ :Terdapat pengaruh aditif antara *genotipe* dengan lingkungan

$H_1$ : Tidak terdapat pengaruh aditif antara *genotipe* dengan lingkungan

Tabel 2.2 Tabel Analisis Ragam Uji keaditifan Tukey

Sumber Keragaman	db	JK	KT
<i>Genotipe</i> ( $\alpha$ )	$t-1$	$JK\alpha$	$KT\alpha$
Lingkungan ( $\beta$ )	$s-1$	$JK\beta$	$KT\beta$
Non Aditifitas (NA)	1	$JKNA$	$KTNA$
Galat/Error (G)	$(t-1)(s-1) - 1$	$JKG$	$KTG$
Total (T)	$ts-1$	$JKT$	

dengan:

$$\begin{aligned} \text{Faktor Koreksi (FK)} &= \frac{\left(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}\right)^2}{ts} \\ \text{JKT} &= \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}^2 - FK \\ \text{JK}\alpha &= \frac{\sum_{i=1}^t \left(\sum_{j=1}^s Y_{ij}\right)^2}{s} - FK \\ \text{JK}\beta &= \frac{\sum_{j=1}^s \left(\sum_{i=1}^t Y_{ij}\right)^2}{t} - FK \end{aligned}$$

$$JK_{NA} = \frac{\left\{ \sum_i \sum_j Y_{ij} (\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_{..}) (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}) \right\}^2}{r \sum_i (\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_{..})^2 \sum_j (\bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..})^2}$$

$$JKG = JKT - (JK\alpha + JK\beta + JK_{NA})$$

$$\text{Statistik uji } F = \frac{KTG}{KTNA} \quad (2.3)$$

Apabila Statistik uji  $F \leq$  nilai kritis  $F_{(1, \text{db galat})}^\alpha$  maka keaditifan model dapat diterima, dan sebaliknya. Nilai kritis  $F_{(v1, v2)}^\alpha$  dapat dilihat pada tabel distribusi F.

## 2.2.2 Normalitas

Salah satu uji yang dapat digunakan untuk menguji kenormalan galat adalah uji Shapiro-Wilk (Gilbert, 1987). Hipotesis untuk menguji kenormalan galat adalah:

$H_0$ : Galat menyebar normal

$H_1$ : Galat tidak menyebar normal

Statistik uji dari uji Shapiro-Wilk adalah:

$$W = \left[ \frac{\left[ \sum_{i=1}^k a_{n-i+1} (x_{(n-i+1)} - x_{(i)}) \right]}{SD \sqrt{n-1}} \right]^2 \quad (2.4)$$

dengan:

$n$  = Banyaknya pengamatan

$SD$  = Simpangan Baku

$x_{(i)}$  = Nilai pengamatan yang diurut dari kecil ke besar

$x_{(n-i+1)}$  = Nilai pengamatan yang diurut dari besar ke kecil

$k$  = Bilangan bulat terbesar yang kurang dari atau sama dengan  $n/2$

$a_{n-i+1}$  = Koefisien untuk  $n$  pengamatan, dapat dilihat pada tabel koefisien Shapiro-Wilk.

Apabila Statistik uji  $W <$  nilai kritis  $W_\alpha$ , maka dapat dikatakan bahwa galat tidak menyebar normal, dan sebaliknya. Nilai kritis  $W_\alpha$  dapat dilihat pada tabel Shapiro-Wilk.

### 2.2.3 Homogenitas

Pengujian homegenitas ragam galat dapat dilakukan dengan membuat plot antara residual dengan nilai prediksinya. Bila plot yang terbentuk tidak membentuk suatu pola tertentu maka dikatakan asumsi homogenitas terpenuhi. Selain itu, dapat dilakukan dengan uji Bartlett (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

Hipotesis untuk menguji kehomogenan ragam galat adalah:

$H_0$ : Ragam galat homogen

$H_1$ : Ragam galat heterogen

Pengujian homogenitas ragam galat dengan uji Bartlett sebagai berikut:

$$\chi^2_0 = 2.3026 \frac{q}{c} \quad (2.5)$$

$$q = \left( \sum_{i=1}^t (r_i - 1) \right) \log S^2 - \sum_{i=1}^t (r_i - 1) \log S_i^2 \quad (2.6)$$

$$S_i^2 = \frac{1}{r_i - 1} \sum_{i=1}^{r_i} (X_{ij} - \bar{X})^2 \quad (2.7)$$

$$S^2 = \frac{\sum_{i=1}^t (r_i - 1) S_i^2}{\sum_{i=1}^t (r_i - 1)} \quad (2.8)$$

$$c = 1 + \frac{1}{3(t-1)} \left[ \sum_{i=1}^t \frac{1}{(r_i - 1)} - \frac{1}{\sum_{i=1}^t (r_i - 1)} \right] \quad (2.9)$$

dengan:

$S^2$  = Ragam gabungan dari semua *genotipe*

$S_i^2$  = Ragam dari *genotipe* ke-*i*

$r_i$  = Banyaknya blok pada *genotipe* ke-*i*

Asumsi homogenitas terpenuhi jika statistik uji  $\chi^2_0 <$  nilai kritis  $\chi^2_{(t-1), \alpha}$ . Nilai kritis  $\chi^2_{(t-1), \alpha}$  dapat dilihat pada tabel distribusi  $\chi^2$ .

## 2.2.4 Kebebasan Galat

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) pengujian kebebasan galat dapat dilakukan dengan membuat plot antara nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ ). Apabila plot yang dihasilkan tidak membentuk pola tertentu atau tidak membentuk suatu model yang jelas dapat dikatakan galat percobaan saling bebas (tidak ada korelasi antar galat).

## 2.3 Cara Mengatasi Pelanggaran Asumsi Analisis Ragam

Pelanggaran terhadap salah satu analisis ragam sangat berpengaruh terhadap ukuran uji, kekuatan uji, maupun pendugaan parameter model (Yitnosumarto, 1993).

Oleh karena itu, jika terdapat salah satu asumsi yang tidak terpenuhi, maka harus dilakukan suatu tindakan sebelum dilakukan analisis ragam terhadap data.

### 2.3.1 Non Aditifitas

Menurut Yitnosumarto (1993) adanya non aditifitas pengaruh yang disebabkan oleh pencilan dapat diatasi dengan meniadakan pengamatan yang dianggap pencilan. Untuk klasifikasi 1 arah, penghilangan satu atau lebih data tidak berpengaruh terhadap analisis yang dilakukan, kecuali perlakuannya disusun atas dasar rancangan perlakuan (percobaan faktorial).

Untuk non aditifitas pengaruh yang disebabkan oleh interaksi varietas dengan lokasi ( $Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \alpha\tau_i\beta_j + \varepsilon_{ijk}$ ), dapat diatasi dengan melakukan transformasi terhadap data tersebut. Bentuk transformasi tergantung pada  $\alpha$  (Yitnosumarto, 1993):

a.  $\alpha > 0$

Transformasi ditentukan oleh nilai p, dimana:

$$p = 1 - \alpha \mu$$

atau penduganya:

$$p = 1 - \hat{\alpha} \bar{Y}_{..} \quad (2.10)$$

Transformasi yang digunakan adalah transformasi kekuatan p,

$$X = Y^p$$

Dimana Y adalah variabel yang diamati, X adalah bentuk transformasi dari Y dan X. Untuk  $p = 0$ , bentuk transformasi yang sesuai adalah transformasi logaritma.

Menurut Yitnosumarto (1993), jika  $\alpha > 0$ , ada 2 transformasi yang dapat digunakan:

- 1) Transformasi  $X = \sqrt{Y}$

Dimana Y adalah data asli dan berlaku untuk  $0 < p < 1$ .

- 2) Transformasi Logaritma  $X = \log(Y + k)$

Dimana Y adalah data asli dan k adalah tetapan. Transformasi ini berlaku untuk  $p \leq 0$ . Tetapan k ditentukan sebagai berikut:

Jika  $\alpha < \min\left(\frac{1}{|\tau_i|}, \frac{1}{|\beta_j|}\right)$ , maka

$$k = -(\mu - 1/\alpha) \quad (2.11)$$

atau penduganya yaitu

$$k = -(\bar{Y}.. - 1/\hat{\alpha})$$

Jika  $\alpha < \min\left(\frac{1}{|\tau_i|}, \frac{1}{|\beta_j|}\right)$  tidak terpenuhi, maka

$$k = -(\mu - 1/\alpha - 2\delta) \quad (2.12)$$

atau penduganya yaitu

$$k = -(\bar{Y}.. - 1/\hat{\alpha} - 2\hat{\delta})$$

dimana

$$\hat{\delta} > \max\{ |\min(\tau_i)|, \min(\beta_j)| \} - 1/\hat{\alpha} \quad (2.13)$$

- b.  $\alpha < 0$

Transformasi yang digunakan adalah transformasi kekuatan p, khususnya p bilangan bulat. Bentuk transformasinya adalah:

$$X = (Y + k)^p$$

Dimana Y adalah nilai ang yang diamati dan k adalah tetapan. Tetapan k sebagai berikut:

$$k = \frac{1-p}{\alpha} - \mu$$

atau penduganya

$$k = \frac{1-p}{\hat{\alpha}} - \bar{Y}.. \quad (2.14)$$

Dengan menggunakan  $p = 2$  atau  $p = 3$ , maka

$$p = 2$$

$$k = \frac{-1}{\hat{\alpha}} - \bar{Y}_{..}$$

$$p = 3$$

$$k = \frac{-2}{\hat{\alpha}} - \bar{Y}_{..}$$

### 2.3.2 Galat Tidak Menyebar Normal

Menurut Yitnosumarto (1993) penyebab ketidaknormalan karena pencilan dapat diatasi dengan meniadakan pengamatan yang dianggap pencilan. Untuk klasifikasi 1 arah, penghilangan satu atau lebih data tidak berpengaruh terhadap analisis yang dilakukan, kecuali perlakuan disusun atas dasar rancangan perlakuan (percobaan faktorial).

Menurut Anderson (2001) untuk mengatasi pelanggaran asumsi normalitas adalah dengan memangkas nilai-nilai data pengamatan yang paling ekstrim, dengan tujuan untuk mengurangi pengaruh dari *skewness* dan *kurtosis*. Misalnya, membuang 5 persen bagian atas dan bawah dari suatu distribusi. Selain itu, dapat dilakukan transformasi pada data dan uji nonparametrik.

### 2.3.3 Heterogenitas Ragam Galat

Menurut Yitnosumarto (1993) untuk mengatasi ragam galat yang heterogen, dapat dilihat hubungan antara  $\mu$  dan  $\sigma$ .

Tabel 2.3 Bentuk transformasi untuk penstabilan ragam (Yitnosumarto, 1993)

Bentuk Ketergantungan	$\alpha$	$\lambda = 1 - \alpha$	Bentuk Transformasi
$\sigma_x \propto \mu_x^2$	2	-1	$1/X$ atau kebalikan X
$\sigma_x \propto \mu_x^{3/2}$	1 1/2	-1/2	$1/\sqrt{X}$ atau kebalikan akar pangkat dua
$\sigma_x \propto \mu_x$	1	0	$\text{Log}(X)$ atau $\log(X + 1)$
$\sigma_x \propto \mu_x^{1/2}$	1/2	1/2	$\sqrt{X}$ atau $\sqrt{(X + 1/2)}$
$\sigma_x$ tetap	0	1	Tanpa Transformasi

### **2.3.4 Ketidakbebasan Galat**

Menurut Yitnosumarto (1993) ketidakbebasan galat dapat disebabkan korelasi waktu dan tempat. Untuk mengatasi ketidakbebasan galat tidak bisa dilakukan dengan transformasi maupun *adjusement* melainkan harus mengubah rancangan menggunakan waktu yang berbeda sebagai bobot dari blok.

### **2.3.5 Transformasi Logaritma**

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) transformasi logaritma biasanya digunakan untuk data yang mempunyai simpangan baku proporsional terhadap nilai tengahnya.

Langkah-langkah melakukan transformasi logaritma menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006):

- a. Memeriksa data jika mempunyai nilai kurang dari 10, gunakan transformasi  $\log(Y + 1)$  dan jika tidak gunakan transformasi  $\log(Y)$ .
- b. Memeriksa data hasil transformasi, jika sudah memenuhi asumsi, gunakan data hasil transformasi untuk pengujian selanjutnya.

### **2.3.6 Transformasi Akar Kuadrat**

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) transformasi akar kuadrat digunakan untuk data yang mengandung nilai yang kecil, data presentase dengan wilayah data berkisar antara 0-30%. Ragam cenderung proporsional terhadap nilai tengah. Transformasi yang digunakan adalah  $(Y + 1/2)^{1/2}$ .

### **2.3.7 Transformasi Arcsin**

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) transformasi arcsin digunakan pada data proporsi atau data presentase yang diturunkan dari nisbah jumlah data.

### **2.3.8 Metode Nonparametrik**

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) jika pada asumsi analisis ragam tidak terpenuhi atau sukar untuk dipenuhi walaupun dengan berbagai macam transformasi, dapat digunakan prosedur alternatif yaitu metode nonparametrik. Metode ini tidak memperhatikan bentuk sebaran data dan asumsi analisis ragam lainnya. Diantara metode nonparametrik

yang dapat digunakan adalah uji Kruskal-Wallis dan uji Friedman.

## 2.4 Metode Penggabungan Respon

Penggabungan respon merupakan salah satu strategi yang digunakan untuk menyederhanakan analisis untuk melihat daya adaptasi tanaman. Analisis kestabilan suatu genotipe dengan metode AMMI biasanya hanya melibatkan satu respon produktifitas tanaman saja. Sebenarnya, masih banyak aspek-aspek lain yang merupakan komponen penting pada tanaman yang dapat menjelaskan dimensi yang berbeda. Pendekatan yang dapat diterapkan untuk menggabungkan beberapa respon tanaman untuk membangun suatu respon gabungan berdasarkan beberapa respon tanaman disebut Indeks Penampilan Tanaman atau IPT (Sumertajaya, 2007).

### 2.4.1 Pendekatan I (*Range Equalization/IPT1*)

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan pada pendekatan ini menggunakan informasi nilai minimum dan maksimum dari data respon peubah asal.

Langkah-langkah untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan *Range Equalization* adalah:

- Mencari nilai SDII (*Sub Dimension Indicator Index*) untuk masing-masing peubah asal.

$$SDII_i = \frac{Y_{ij} - Y_{i \min}}{Y_{i \max} - Y_{i \min}} \quad (2.15)$$

dimana  $i = 1, 2, \dots, p$  dan  $j = 1, 2, \dots, n$

$p$  adalah banyaknya peubah asal dan  $n$  adalah banyaknya amatan.

- Mencari nilai IPT1 yang merupakan rata-rata dari seluruh SDII.

$$IPT_1 = \sum_{i=1}^p \frac{SDII_i}{p} \quad (2.16)$$

### 2.4.2 Pendekatan II (*Skor Komponen Utama Pertama/IPT2*)

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan pada pendekatan ini menggunakan nilai skor komponen utama pertama dari analisis komponen utama terhadap data respon peubah asal.

Langkah-langkah untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama sebagai berikut: Misal vektor peubah yang diamati adalah  $\underline{Y}' = (Y_1, Y_2, \dots, Y_p)$

- Menghitung matriks koragam ( $S$ ) atau matriks korelasi ( $R$ ).

$$S = \begin{bmatrix} S_{11} & S_{12} & \dots & S_{1p} \\ S_{21} & S_{22} & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ S_{p1} & \dots & \dots & S_{pp} \end{bmatrix} \quad (2.17)$$

dimana

$$S_{ii} = \frac{\sum_{k=1}^n (y_{ik} - \bar{y}_i)^2}{n-1} \quad (2.18)$$

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^n (y_{ik} - \bar{y}_i)(y_{jk} - \bar{y}_j)}{n-1} \quad (2.19)$$

dan

$$R_p = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & \dots & r_{1p} \\ r_{21} & 1 & \dots & \dots \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ r_{p1} & \dots & \dots & 1 \end{bmatrix} \quad (2.20)$$

dimana

$$r_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^n (y_{ik} - \bar{y}_i)(y_{jk} - \bar{y}_j)}{\sqrt{\sum_{k=1}^n (y_{ik} - \bar{y}_i)^2} \sqrt{\sum_{k=1}^n (y_{jk} - \bar{y}_j)^2}} \quad (2.21)$$

- Mencari akar ciri (*eigen value*) dan vektor ciri (*eigen vector*) dari persamaan ciri:

$$S \underline{\rho} = \varphi \underline{\rho} \text{ atau } R \underline{\rho} = \varphi \underline{\rho}$$

dengan ketentuan:

- Menggunakan matriks koragam ( $S$ ) jika peubah yang dianalisis memiliki satuan yang sama dan menggunakan matriks korelasi ( $R$ ) jika peubah yang dianalisis memiliki satuan yang berbeda.
- Menyusun vektor ciri  $\underline{\rho}_1, \dots, \underline{\rho}_p$  yang selaras dengan akar ciri  $\varphi_1 > \dots > \varphi_p$ , dengan kendala  $\underline{\rho}_i \underline{\rho}_i' = 1$  dan  $\underline{\rho}_i \underline{\rho}_j' = 0$ .

- Menghitung nilai IPT2

Ada dua pendekatan yang dapat digunakan untuk menghitung nilai IPT2:

- 1) Jika satuan peubah sama,  $\underline{\text{IPT2}} = \rho_1' \underline{\text{Y}} = \rho_{11} Y_1 + \rho_{12} Y_2 + \dots + \rho_{1p} Y_p$  (2.22)
- 2) Jika satuan peubah tidak sama,  $\underline{\text{IPT2}} = \underline{a}_1' \underline{\text{Z}} = \rho_{11} Z_1 + \rho_{12} Z_2 + \dots + \rho_{1p} Z_p$  (2.23)

### 2.4.3 Pendekatan III (Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3)

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan pada pendekatan ini sama seperti tahapan yang dilakukan pada IPT2. Respon gabungan tidak hanya ditentukan oleh komponen utama pertama melainkan ditentukan oleh beberapa komponen utama. Banyaknya komponen utama yang dipilih ditentukan berdasarkan persentase keragaman kumulatif.

Persentase Keragaman Komponen ke-i

$$\frac{\varphi_i}{\sum_{j=1}^p \varphi_j} \times 100\% \quad (2.24)$$

Persentase Keragaman Kumulatif q Komponen

$$\frac{\sum_{j=1}^q \varphi_j}{\sum_{j=1}^p \varphi_j} \times 100\% \quad (2.25)$$

Batas minimal persentase keragaman kumulatif yang digunakan adalah 75% (Sumertajaya, 2007). Penentuan bobot dilakukan sebagai berikut:

$$Z_1 = \rho_{11} Y_1 + \rho_{12} Y_2 + \dots + \rho_{1p} Y_p$$

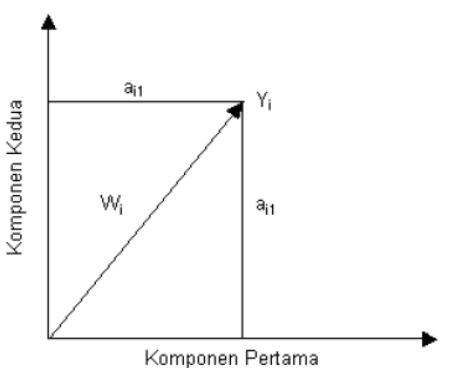
$$Z_2 = \rho_{21} Y_1 + \rho_{22} Y_2 + \dots + \rho_{2p} Y_p$$

⋮

$$Z_p = \rho_{p1} Y_1 + \rho_{p2} Y_2 + \dots + \rho_{pp} Y_p$$

Maka bobot untuk peubah ke-i adalah:

$$W_i = \sqrt{\rho_{1i}^2 / \varphi_1 + \rho_{2i}^2 / \varphi_2 + \dots + \rho_{pi}^2 / \varphi_p} \quad (2.26)$$



Gambar 2.1 Bobot Peubah  $Y_i$  berdasarkan Komponen Utama pertama dan kedua (Sumertajaya, 2007)

Sehingga respon gabungan IPT3 adalah

$$IPT3 = W_1 Y_1 + W_2 Y_2 + \dots + W_p Y_p \quad (2.27)$$

#### 2.4.4 Pendekatan IV (*Division by Mean/IPT4*)

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan pada pendekatan ini menggunakan informasi nilai rata-rata dari data respon peubah asal.

Langkah-langkah untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan *Division by Mean* adalah:

- Mencari nilai SDII (*Sub Dimension Indicator Index*) untuk masing-masing peubah asal.

$$SDII_i = \frac{Y_{ij}}{\bar{Y}_i} \quad (2.28)$$

dimana  $i = 1, 2, \dots, p$  dan  $j = 1, 2, \dots, n$

$p$  adalah banyaknya peubah asal dan  $n$  adalah banyaknya amatan.

- Mencari nilai IPT4 yang merupakan rata-rata dari seluruh SDII.

$$IPT_4 = \sum_{i=1}^p \frac{SDII_i}{p} \quad (2.29)$$

## 2.5 Additive Main effect and Multiplicative Interaction (AMMI)

Analisis AMMI merupakan suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model bilinier (Mattjik dan Sumertajaya, 2006).

Kegunaan analisis AMMI menurut Gauch dan Zobel (1996) adalah:

- Mencari model yang tepat untuk analisis pendahuluan.
- Untuk menjelaskan interaksi *genotype* x lingkungan.
- Peningkatan keakuratan dugaan respon interaksi *genotype* x lingkungan.

### 2.5.1 Penguraian bilinier pengaruh interaksi

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) pemodelan bilinier pengaruh interaksi *genotype* dengan lingkungan pada pendekatan AMMI sebagai berikut:

- Susun matriks pengaruh interaksi orde  $a \times b$ , dimana *genotype* (baris) x lingkungan (kolom).

$$(\alpha\beta) = \begin{bmatrix} \gamma_{11} & \dots & \gamma_{1b} \\ \dots & \dots & \dots \\ \gamma_{a1} & \dots & \gamma_{ab} \end{bmatrix} \quad (2.30)$$

- Lakukan penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi.

$$\begin{aligned} Y_{ij} &= \sum_{k=1}^r \sqrt{\lambda_k} \varphi_{ik} \rho_{jk} + (\alpha\beta)_{ij} \\ &= \sqrt{\lambda_1} \varphi_{i1} \rho_{j1} + \sqrt{\lambda_2} \varphi_{i2} \rho_{j2} + \dots + \sqrt{\lambda_r} \varphi_{ir} \rho_{jr} + (\alpha\beta)_{ij} \end{aligned} \quad (2.31)$$

Model AMMI sebagai berikut:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{k=1}^r \sqrt{\lambda_k} \varphi_{ik} \rho_{jk} + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2.32)$$

Keterangan:

$i = 1, 2, \dots, t$  ;  $j = 1, 2, \dots, s$  ;  $k = 1, 2, \dots, r$

$Y_{ijk}$  = Respon *genotype* ke- $i$ , lingkungan ke- $j$ , dan kelompok ke- $k$

$\mu$  = Rata-rata Umum

$\alpha_i$  = Pengaruh utama *genotype* ke- $i$  terhadap respon

$\beta_j$  = Pengaruh lingkungan ke- $j$  terhadap respon

$\lambda_k$  = Nilai Singular untuk komponen Bilinier ke- $r$  ( $\lambda_r$  adalah akar ciri  $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$ )  
 $\varphi_{ik}$  = Akar ciri *genotipe* ke- $i$  melalui komponen bilinier ke- $r$   
 $\rho_{jk}$  = Nilai vektor, lingkungan ke- $j$  melalui komponen bilinier ke- $r$   
 $\delta_{ij}$  = Galat dari pemodelan bilinier  
 $\varepsilon_{ijk}$  = Pengaruh acak galat faktor tetap *genotipe* ke- $i$ , faktor lingkungan ke- $j$ , dan kelompok ke- $k$

Tabel 2.4 Analisis Ragam Model AMMI

Sumber Keragaman	Db	JK	KT
Kelompok (B)	b(r-1)	JKB	KT <sub>B</sub>
Genotipe ( $\alpha$ )	a-1	JK $\alpha$	KT $\alpha$
Lingkungan ( $\beta$ )	b-1	JK $\beta$	KT $\beta$
Genotipe x Lingkungan (I)	(a-1)(b-1)	JKI	KTI
IPCA_1 (U <sub>1</sub> )	a+b-1-2(1)	JKU <sub>1</sub>	KTU <sub>1</sub>
IPCA_2 (U <sub>2</sub> )	a+b-1-2(2)	JKU <sub>2</sub>	KTU <sub>2</sub>
...	...	...	...
IPCA_N (U <sub>N</sub> )	a+b-1-2(N)	JKU <sub>N</sub>	KTU <sub>N</sub>
Sisaan (D)	db I-Total N db IPCA	JKD	KTD
Galat (G)	a(b-1)(r-1)	JKG	KTG
Total (T)	abr-1	JKT	

### 2.5.2 Akar Ciri Suatu Matriks

Diberikan suatu matriks bujur sangkar  $A$  berordo  $n \times n$ . Jika vektor  $\bar{x}$  disebut vektor eigen dari  $A$ , jika terdapat skalar  $\lambda \in A$   $\bar{x} = \lambda \bar{x}$  di mana  $\bar{x} \neq \bar{0} \in R^n$ .  $\lambda$  demikian disebut nilai eigen atau akar ciri dari  $A$ .

Perhatikan  $A\bar{x} = \lambda\bar{x} \Leftrightarrow A\bar{x} - \lambda\bar{x} = 0$

di mana J matriks identitas

Berdasarkan pada (2.33), diperoleh persamaan polinomial dalam  $\lambda$

$$a_n\lambda^n + a_{n-1}\lambda^{n-1} + \dots + a_1\lambda + a_0 = 0 \quad \dots \dots \dots \quad (2.34)$$

Persamaan ini disebut "akar karakteristik". Akar dari (2.34) inilah yang disebut akar karakteristik atau nilai eigen dari A.

### 2.5.3 Penguraian Nilai Singular

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) nilai singular matriks dugaan pengaruh interaksi diuraikan dengan tujuan untuk menduga pengaruh interaksi *genotipe* dan lingkungan. Matriks dimodelkan sebagai perkalian matriks:

$$\mathbf{Z} = \mathbf{U} \mathbf{L} \mathbf{A}' \quad (2.35)$$

dengan:

- Z** : Matriks pengaruh interaksi berukuran  $i \times j$
- L** : Matriks Diagonal berukuran  $m \times m$  dengan diagonal utamanya akar dari akar ciri positif bukan nol dari  $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$ , yang disebut nilai singular
- A** : Matriks Ortonormal yang terdiri dari vektor ciri matriks  $\mathbf{Z}'\mathbf{Z}$
- U** : Matriks Ortonormal ( $\mathbf{A}'\mathbf{A} = \mathbf{U}'\mathbf{U} = \mathbf{I}_r$ ) yang dirumuskan:

$$\begin{aligned} \mathbf{U} &= \mathbf{Z} \mathbf{A} \mathbf{L}^{-1} \\ &= \{\mathbf{Z}_{a1}/\sqrt{\lambda_1}, \mathbf{Z}_{a2}/\sqrt{\lambda_2}, \dots, \mathbf{Z}_{an}/\sqrt{\lambda_n}\} \end{aligned} \quad (2.36)$$

### 2.5.4 Nilai Komponen AMMI

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) umumnya, nilai komponen ke-n untuk *genotipe* ke-g adalah  $l_n^k \psi_{gn}$ , sedangkan nilai komponen untuk lingkungan ke-e adalah  $l_n^{1-k} \rho_{en}$ . Misalkan  $\mathbf{L}^k$  ( $0 \leq k \leq 1$ ) adalah matriks diagonal dengan elemen diagonalnya adalah elemen matriks  $\mathbf{L}^k$  dan matriks  $\mathbf{L}^{1-k}$ , maka:

$$\mathbf{G} = \mathbf{U} \mathbf{L}^k = \begin{pmatrix} \psi_{11} & \dots & \psi_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \psi_{g1} & \dots & \psi_{gn} \end{pmatrix} \quad (2.37)$$

dan

$$H = \mathbf{A}L^{1-k} = \begin{pmatrix} \rho_{11} & \dots & \rho_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \rho_{e1} & \dots & \rho_{en} \end{pmatrix} \quad (2.38)$$

maka nilai singular tersebut diuraikan dan dapat dirumuskan:

$$Z = GH' \quad (2.39)$$

Sehingga, skor komponen untuk *genotype* adalah kolom matriks **G**, sedangkan skor komponen untuk lingkungan adalah kolom matriks **H**. Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah  $\frac{1}{2}$ .

### 2.5.5 Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Gauch dan Zobel (1996) mengemukakan dua metode penentuan banyaknya sumbu komponen utama yang sudah cukup untuk penduga, yaitu:

a. Metode Keberhasilan Total (*Postdictive Success*)

Metode ini dapat mereduksi suatu model untuk menduga data yang digunakan dalam membentuk model tersebut. Untuk menentukan banyaknya komponen berdasarkan *Postdictive Success* adalah berdasarkan banyaknya komponen utama yang nyata pada uji F analisis ragam.

b. Metode Keberhasilan Ramalan (*Predictive Success*)

Metode ini dapat digunakan membentuk model dugaan untuk memprediksi data lain yang sejenis tetapi tidak digunakan dalam membangun model tersebut (data validasi). Untuk menentukan banyak komponen utama berdasarkan *Predictive Success* dilakukan dengan validasi silang, yakni data dibagi menjadi dua kelompok. Satu kelompok untuk membangun model dan kelompok lain digunakan untuk validasi (menentukan jumlah kuadrat sisaan). Hal ini dilakukan berulang-ulang, pada setiap ulangan dibangun model dengan berbagai komponen utama. Banyaknya komponen utama yang terbaik adalah yang rataan akar kuadrat tengah sisa ( $RMSPD = Root Mean Square Predictive Different$ ) dari data validasi paling kecil.

$$RMSPD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^{ts} (\hat{x}_{ij} - x_{ij})^2}{ts}} \quad (2.40)$$

dengan:

- $\hat{x}_{ij}$  = Nilai dugaan berdasarkan model
- $x_{ij}$  = Nilai pengamatan untuk validasi model
- t = Banyaknya *Genotipe*
- s = Banyaknya lingkungan

### 2.5.6 Interpretasi Analisis AMMI

Untuk mengetahui *genotipe* yang stabil maupun spesifik pada lingkungan tertentu menggunakan metode AMMI, dapat dilakukan dengan menghitung nilai *AMMI Stability Value* (ASV) dan analisis biplot. *AMMI Stability Value* (ASV) merupakan suatu pendekatan numerik sedangkan biplot adalah pendekatan visual dengan melihat grafik.

#### 2.5.6.1 AMMI Stability Value (ASV)

Jika komponen *Interaction Principal Component Analysis* (IPCA) yang bermakna adalah IPCA-1, maka model yang berlaku adalah AMMI-1. Tetapi bila komponen IPCA-1 dan IPCA-2 bermakna, maka model yang berlaku adalah AMMI-2. Sedangkan bila tidak satupun komponen IPCA yang bermakna, maka model yang berlaku adalah AMMI-0. Tingkat stabilitas *genotipe* dianalisis berdasarkan parameter stabilitas AMMI yaitu *AMMI Stability Value* (ASV). Menurut Sadeghi et al (2011):

$$ASV = \sqrt{\left[ \frac{JK \text{ IPCA-1}}{JK \text{ IPCA-2}} (\text{IPCA-1}) \right]^2 + (\text{IPCA-2})} \quad (2.41)$$

Keterangan :

ASV = *AMMI Stability Value* (Stabilitas Nilai AMMI)

JK = Jumlah Kuadrat

IPCA = *Interaction Principal Component Analysis*

Jika yang berlaku adalah Model AMMI-1, stabilitas dapat diukur berdasarkan nilai skor IPCA-1. Genotipe yang stabil dapat ditentukan dari nilai ASV paling kecil dan mendekati 0.

### 2.5.6.2 Analisis Biplot

Alat yang digunakan untuk menginterpretasi hasil dari metode AMMI adalah biplot AMMI. Biplot adalah plot antara satu kolom G dengan kolom G yang lain yang ditampilkan secara bersama-sama dengan plot kolom H dengan kolom H yang lain yang bersesuaian dengan kolom G yang diplot (Jolliffe, 1986). Pada dasarnya metode ini berupaya untuk memberikan peragaan grafik terhadap suatu matriks dalam suatu plot dengan menumpangtindihkan vektor-vektor dalam ruang berdimensi dua. Vektor-vektor yang dimaksud yaitu vektor yang mewakili nilai skor komponen lingkungan dan skor komponen *genotipe* (Sa'diyah dan Mattjik, 2011). Perbedaan dari pengaruh utama dapat dilihat dari jarak antara titik amatan pada sumbu mendatar pada biplot AMMI 1, sedangkan jarak titik amatan pada sumbu tegak menggambarkan adanya perbedaan dari pengaruh interaksi (Zobel et al, 1988). Biplot AMMI2 adalah plot antara skor Komponen utama interaksi terbesar pertama (IPCA1) dengan skor Komponen utama interaksi terbesar kedua (IPCA2) dari hasil peguraian singular (*Singular Value Decomposition*) matriks interaksi (I). Pada biplot AMMI 2, besarnya jarak antara titik amatan terhadap pusat koordinat menggambarkan pengaruh interaksi *genotipe* dengan lingkungan. Titik-titik amatan yang mempunyai arah yang sama berarti titik-titik amatan tersebut berinteraksi positif (saling menunjang), sedangkan titik-titik yang berbeda arah menunjukkan bahwa titik-titik tersebut berinteraksi negatif (Sa'diyah dan Mattjik, 2011).

Menurut Kroonenberg (1995) kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan serta besar sudut yang terbentuk dari kedua titik mencerminkan adanya interaksi yang khas diantara keduanya. Jika koordinat *genotipe* semakin dekat dengan pusat koordinatnya maka *genotipe* tersebut semakin stabil terhadap lingkungan.

## 2.6 Kesesuaian Model

Kesesuaian model dapat dilihat dari *Root Mean Square Error* (RMSE) yang dirumuskan sebagai berikut (Gauch, 1992):

$$RMSE = \sqrt{\frac{JKG}{\text{Banyaknya Pengamatan}}} \quad (2.42)$$

dimana JKG merupakan jumlah kuadrat galat.

Gauch (1992) juga berpendapat bahwa kesesuaian model merupakan cerminan dari rata-rata simpangan yang tidak dapat dijelaskan model. RMSE adalah parameter statistik yang menginformasikan pengguna model tentang ukuran aktual *error* yang dihasilkan oleh model. Parameter ini mengindikasikan pengaruh signifikan yang cukup tinggi dalam prediksi. Batasan dalam parameter statistik ini adalah 0 sampai dengan  $\infty$ . Model dikatakan terbaik jika nilai RMSE mendekati 0.

## BAB III

### METODE PENELITIAN

#### 3.1 Sumber Data

Data yang digunakan dalam skripsi ini adalah data sekunder respon tanaman kedelai dari Balai Penelitian Tanaman Kacang-kacangan dan Umbi-umbian (Balitkabi) Malang. Respon yang diamati dari tanaman kedelai ini sebanyak 4 respon, yakni tinggi tanaman (cm), jumlah cabang, jumlah polong isi, dan bobot biji kedelai (ton/ha). Penelitian dilakukan pada musim panen kedua (Maret 2011). Pengamatan dilakukan saat panen. Penanaman dilakukan berdasarkan Rancangan Acak Kelompok (RAK) dengan 4 ulangan pada masing-masing lingkungan. Petak percobaan berukuran 2,5 m x 4,5 m dengan jarak tanam 40 cm x 15 cm.

*Genotipe* tanaman kedelai yang diuji cobakan sebanyak 12 *genotipe* yaitu Tgm/Anj-889, Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-857, Tgm/Anj-862, Tgm/Anj-888, Tgm/Anj-784, Tgm/Anj-844, Tgm/Anj-832, Tgm/Anj-858, Tgm/Anj-856, Wilis, dan Tanggamus. Lingkungan penanaman diuji cobakan di tiga lingkungan lahan asam di Lampung yaitu Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran. Data uji multilokasi tanaman kedelai dapat dilihat pada Lampiran 1.

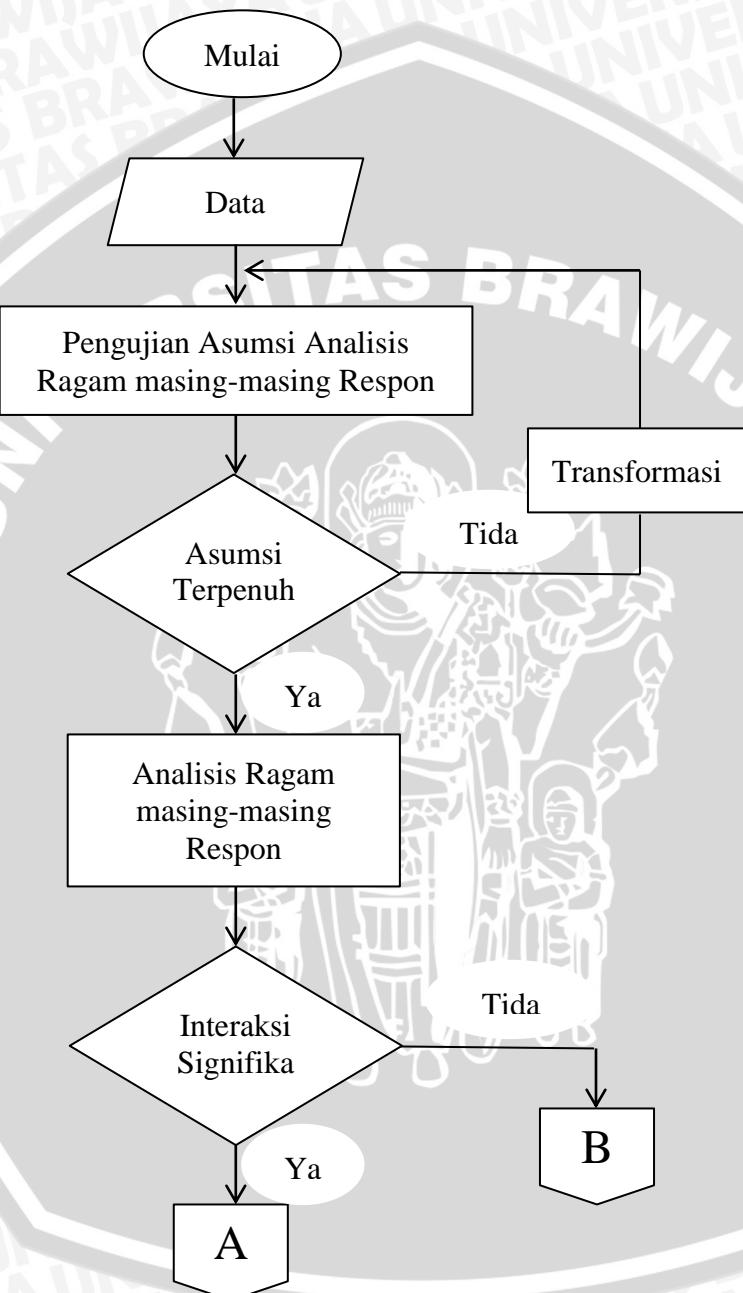
#### 3.2 Metode Analisis

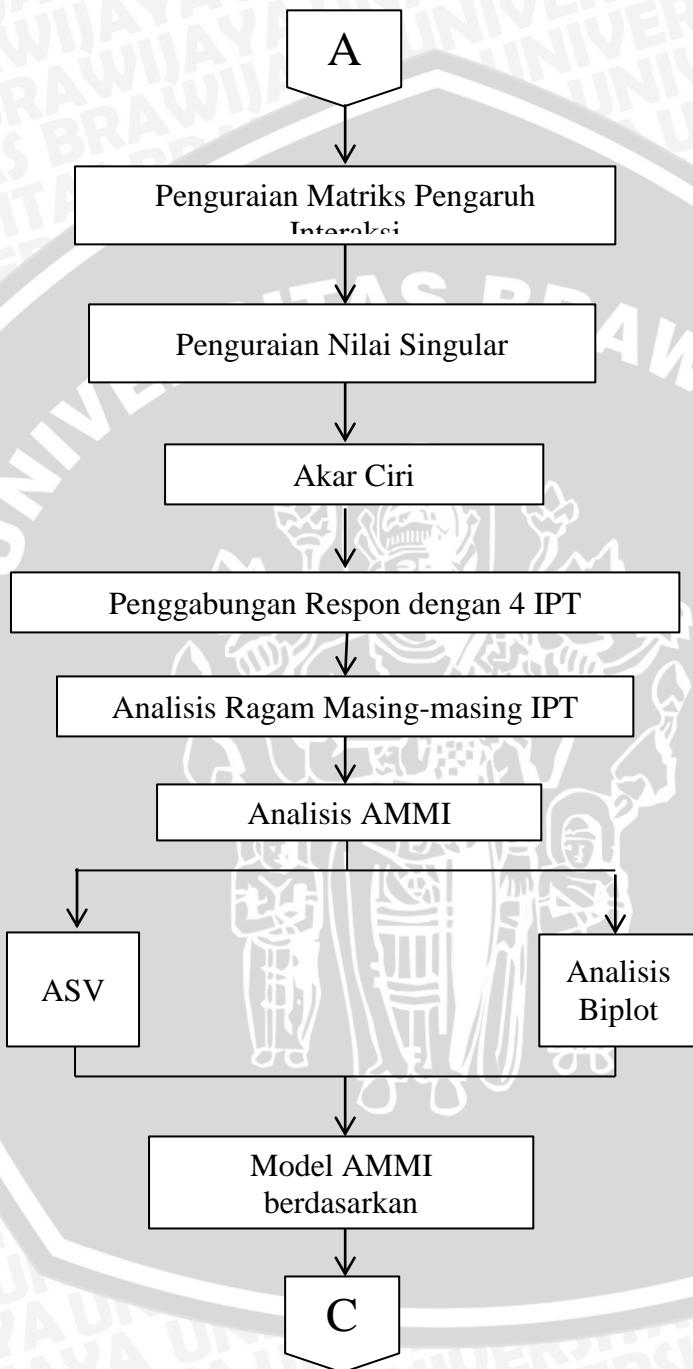
Metode analisis yang digunakan sebagai berikut:

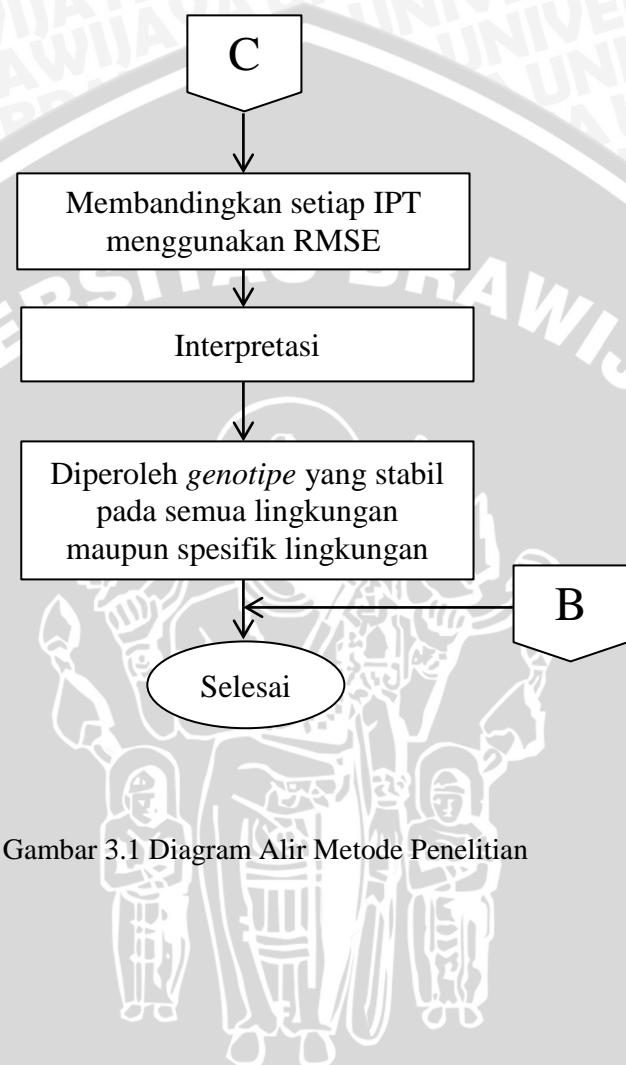
1. Pengujian asumsi analisis ragam untuk masing-masing respon sesuai dengan Persamaan (2.3), (2.4), (2.5), dan Sub Bab 2.2.4. Apabila terdapat asumsi yang tidak terpenuhi, maka dilakukan transformasi seperti pada Sub Bab 2.3.
2. Analisis ragam untuk masing-masing respon. Jika interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan, maka dilanjutkan pada langkah ke-3.
3. Penguraian matriks pengaruh interaksi, penguraian nilai singular, dan akar ciri seperti pada Persamaan (2.30), (2.35), dan (2.34) dengan bantuan Microsoft Excel 2010.
4. Metode penggabungan respon dengan 4 pendekatan (IPT) yang dihitung berdasarkan Persamaan (2.16), (2.23), (2.27), dan (2.29).

5. Analisis ragam masing-masing IPT. Jika interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan, maka lakukan analisis seperti pada langkah ke-3.
6. Analisis AMMI untuk menguji *genotipe* yang stabil pada semua lingkungan maupun *genotipe* yang spesifik pada lingkungan tertentu menggunakan *AMMI Stability Value* (ASV) dan analisis biplot dengan bantuan *software* Genstat 15.
7. Pemodelan AMMI berdasarkan metode *Postdictive Success*.
8. Menghitung nilai RMSE (*Root Mean Square Error*) berdasarkan Persamaan (2.42).
9. Interpretasi hasil sehingga diperoleh *genotipe* yang stabil pada semua lingkungan maupun *genotipe* yang spesifik pada lingkungan tertentu.









Gambar 3.1 Diagram Alir Metode Penelitian

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## BAB IV

### HASIL DAN PEMBAHASAN

#### 4.1 Eksplorasi Data

Berikut merupakan hasil eksplorasi data 4 respon dari 12 *genotipe* tanaman kedelai yang diamati di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran) menggunakan Microsoft excel 2010:

Tabel 4.1 Eksplorasi data 4 respon dari 12 *genotipe* tanaman kedelai yang diamati di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran)

Respon Tanaman	Rata-rata	Ragam	Nilai Terendah	Nilai Tertinggi
Tinggi Tanaman Kedelai (cm)	46,21	50,88	30,2	66,6
Banyak Cabang Kedelai	2	0,78	0	4
Banyak Polong Isi Kedelai	23	60,52	6	72
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	10,09	2,64	5,27	17,26

Tabel 4.1 menunjukkan bahwa dari 12 *genotipe* tanaman kedelai yang diamati di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran) sebagian besar mempunyai tinggi tanaman 46,21 cm. Di Kebun Percobaan Natar, sebagian besar tinggi tanaman kedelai adalah 51,3 cm. Di Kebun Percobaan Tegineneng, sebagian besar tinggi tanaman kedelai adalah 42,7 cm. Di Kebun Percobaan Pesawaran, sebagian besar tinggi tanaman kedelai adalah 44,6 cm. Tinggi tanaman kedelai paling rendah 30,2 cm berada di Kebun Percobaan Pesawaran dan paling tinggi 66,6 cm berada di kebun percobaan Natar. Variasi dari tinggi tanaman kedelai sebesar 50,88.

Tanaman kedelai di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran) sebagian besar mempunyai cabang sebanyak 2. Di Kebun Percobaan Natar, tanaman kedelai sebagian besar mempunyai cabang sebanyak 2. Di Kebun Percobaan Tegineneng, tanaman kedelai sebagian besar

mempunyai cabang sebanyak 2. Di Kebun Percobaan Pesawaran, tanaman kedelai sebagian besar mempunyai cabang sebanyak 2. Banyak cabang tanaman kedelai paling sedikit 0 berada di Kebun Percobaan Natar, Tegineneng, Pesawaran dan paling banyak 4 berada di Kebun Percobaan Natar. Variasi jumlah cabang kedelai sebesar 0,78.

Tanaman kedelai di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran) sebagian besar mempunyai polong isi sebanyak 23. Di Kebun Percobaan Natar, tanaman kedelai sebagian besar mempunyai polong isi sebanyak 22. Di Kebun Percobaan Tegineneng, tanaman kedelai sebagian besar mempunyai polong isi sebanyak 20. Di Kebun Percobaan Pesawaran, tanaman kedelai sebagian besar mempunyai polong isi sebanyak 26. Banyak polong isi tanaman kedelai paling sedikit 6 berada di Kebun Percobaan Tegineneng dan paling banyak 72 berada di Kebun Percobaan Natar. Variasi jumlah polong isi kedelai sebesar 60,52.

Tanaman kedelai di 3 lingkungan lahan asam di Lampung (Kebun Percobaan Natar, Kebun Percobaan Tegineneng, dan Kebun Percobaan Pesawaran) sebagian besar mempunyai bobot biji 10,09 ton/ha. Di Kebun Percobaan Natar, sebagian besar bobot biji kedelai adalah 10,55 ton/ha. Di Kebun Percobaan Tegineneng, sebagian besar bobot biji kedelai adalah 9,78 ton/ha. Di Kebun Percobaan Pesawaran, sebagian besar bobot biji kedelai adalah 9,97 ton/ha. Bobot biji kedelai paling ringan 5,27 ton/ha berada di Kebun Percobaan Pesawaran dan paling berat 17,26 ton/ha berada di Kebun Percobaan Tegineneng. Variasi dari bobot biji kedelai sebesar 2,64.

Rata-rata produktifitas tanaman kedelai untuk respon tinggi tanaman (cm) dan bobot biji (ton/ha) yang lebih produktif adalah pada Kebun Percobaan Natar. Hal ini dapat dilihat dari rata-rata tinggi tanaman dan bobot biji pada Kebun Percobaan Natar lebih tinggi daripada Kebun Percobaan yang lain. Respon banyak cabang, ketiga Kebun Percobaan memberikan hasil yang sama, dapat dilihat dari rata-rata banyak cabang di ketiga Kebun Percobaan sama. Respon banyak polong isi, yang lebih produktif adalah pada Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dapat dilihat dari rata-rata banyak polong isi pada Kebun Percobaan Pesawaran lebih tinggi daripada Kebun Percobaan yang lain.

Dari keempat respon tanaman kedelai yang diamati di tiga lingkungan, menunjukkan bahwa keragaman terkecil adalah pada respon banyak cabang kedelai, sedangkan keragaman terbesar adalah pada respon banyak polong isi kedelai. Sehingga dapat disimpulkan bahwa banyak polong isi antar tanaman kedelai sangat bervariasi karena mempunyai ragam yang paling besar dibandingkan respon tanaman kedelai yang lain, sebaliknya banyak cabang kedelai mempunyai ragam paling kecil dibandingkan respon tanaman kedelai lainnya yang berarti banyak cabang antar tanaman kedelai memiliki variasi lebih sedikit daripada respon tanaman kedelai yang lain. Karena nilai keragaman pada masing-masing respon beragam, maka langkah selanjutnya sebelum analisis ragam adalah melakukan pengujian asumsi analisis ragam untuk mengetahui apakah data tanaman kedelai dengan empat respon memenuhi asumsi analisis ragam atau tidak sebelum dilakukan analisis lebih lanjut.

## 4.2 Pengujian Asumsi Analisis Ragam Pada Masing-masing Respon

### 4.2.1 Aditifitas

$H_0$ : Terdapat pengaruh aditif antara *genotipe* dengan lingkungan

$H_1$ : Tidak terdapat pengaruh aditif antara *genotipe* dengan lingkungan

Tabel 4.2 Tabel Analisis Ragam Uji Aditifitas Masing-masing Respon Tanaman Kedelai

SK	db	Tinggi Tanaman		Banyak Cabang		Banyak Polong Isi		Bobot Biji	
		KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value
<i>Genotipe</i>	11	43,26		0,47		17,23		4,81	
Lingkungan	2	241,62		0,07		110,15		1,97	
Non Aditifitas	1	0,23	0,866	0,03	0,773	0,81	0,862	0,00	0,948
Galat	21	7,73		0,31		26,12		0,45	
Total	35								

Tabel 4.2 merupakan Tabel Analisis Ragam uji keaditifan Tukey dari masing-masing respon tanaman kedelai. Hasil perhitungan uji keaditifan Tukey dapat dilihat pada Lampiran 2. Nilai  $p$ -value dari keempat respon tanaman kedelai untuk respon tinggi tanaman sebesar 0,866; respon banyak cabang sebesar 0,773; respon banyak polong isi sebesar 0,862; dan respon bobot biji sebesar 0,948. Besarnya  $p$ -value dari keempat respon tanaman kedelai lebih besar dari  $\alpha = 0,05$ . Sehingga dapat disimpulkan bahwa terdapat pengaruh aditif antara *genotype* dengan lingkungan dengan tingkat kepercayaan sebesar 95% (asumsi aditifitas terpenuhi).

#### 4.2.2 Normalitas

$H_0$ : Galat menyebar normal

$H_1$ : Galat tidak menyebar normal

Tabel 4.3 Tabel Hasil Pengujian Normalitas Shapiro-Wilk pada masing-masing respon Tanaman Kedelai

Respon	Statistik Uji W	$W_{0,05}^{144}$	P-Value	$\alpha$
Tinggi Tanaman Kedelai (cm)	0,9917	0,947	0,564	0,05
Banyak Cabang Kedelai	0,9900		0,396	
Banyak Polong Isi Kedelai	0,9870		0,194	
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	0,9803		0,056	

Tabel 4.3 merupakan tabel hasil pengujian normalitas Shapiro-Wilk dari masing-masing respon tanaman kedelai. Statistik uji W (Shapiro-Wilk) dihitung berdasarkan Persamaan (2.4) dan diperoleh hasil untuk respon tinggi tanaman kedelai (cm) sebesar 0,9917; respon banyak cabang kedelai sebesar 0,9900; respon banyak polong isi kedelai sebesar 0,9870; dan respon bobot biji kedelai (ton/ha) sebesar 0,9803. Sedangkan untuk nilai  $p$ -value ketiga respon tanaman kedelai diperoleh hasil untuk respon tinggi tanaman kedelai (cm) sebesar 0,564; respon banyak cabang kedelai sebesar 0,396; respon banyak polong isi kedelai sebesar 0,194; dan respon bobot biji kedelai (ton/ha) sebesar 0,056. Berdasarkan nilai statistik uji W dan nilai  $p$ -value yang diperoleh, dapat disimpulkan bahwa ragam

galat menyebar normal dengan tingkat kepercayaan sebesar 95% (asumsi normalitas terpenuhi).

#### 4.2.3 Homogenitas

$H_0$ : Ragam galat homogen

$H_1$ : Ragam galat heterogen

Tabel 4.4 Tabel Hasil Pengujian Homogenitas Bartlett pada masing-masing respon Tanaman Kedelai

Respon	Statistik Uji $\chi^2$	$\chi^2_{0,05;143}$	P-Value	$\alpha$
Tinggi Tanaman Kedelai (cm)	38,99	116,37	0,295	0,05
Banyak Cabang Kedelai	30,13		0,702	
Banyak Polong Isi Kedelai	36,61		0,394	
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	55,04		0,107	

Tabel 4.4 merupakan tabel hasil pengujian homogenitas Bartlett dari masing-masing respon tanaman kedelai. Statistik uji  $\chi^2$  dihitung berdasarkan Persamaan (2.5) dan diperoleh hasil untuk respon tinggi tanaman kedelai (cm) sebesar 38,99; respon banyak cabang kedelai sebesar 30,13; respon banyak polong isi kedelai sebesar 36,61; dan respon bobot biji kedelai (ton/ha) sebesar 55,04. Sedangkan untuk nilai *p-value* ketiga respon tanaman kedelai diperoleh hasil untuk respon tinggi tanaman kedelai (cm) sebesar 0,295; respon banyak cabang kedelai sebesar 0,702; respon banyak polong isi kedelai sebesar 0,394; dan respon bobot biji kedelai (ton/ha) sebesar 0,107. Berdasarkan nilai statistik uji  $\chi^2$  dan nilai *p-value* yang diperoleh, dapat disimpulkan bahwa ragam galat homogen dengan tingkat kepercayaan sebesar 95% (asumsi homogenitas terpenuhi).

#### 4.2.4 Kebebasan Galat

Menurut Mattjik dan Sumertajaya (2006) pengujian kebebasan galat dapat dilakukan dengan membuat plot antara nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ ). Hasil uji kebebasan galat berdasarkan plot antara nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ )

pada keempat respon tanaman kedelai dapat dilihat pada Lampiran 5. Hasil tersebut menunjukkan bahwa plot yang dihasilkan tidak membentuk suatu pola tertentu atau bisa dikatakan acak. Sehingga disimpulkan bahwa galat percobaan saling bebas (asumsi kebebasan galat terpenuhi).

#### 4.3 Analisis Ragam Masing-masing Respon Tanaman Kedelai

Karena keempat asumsi analisis ragam terpenuhi untuk masing-masing respon tanaman kedelai, maka langkah selanjutnya adalah melakukan analisis ragam masing-masing respon tanaman kedelai. Hipotesis yang digunakan adalah:

$H_{0(\alpha)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh *genotipe*

$H_{1(\alpha)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh *genotipe*

$H_{0(\beta)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh lingkungan

$H_{1(\beta)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh lingkungan

$H_{0(B)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh blok tersarang

$H_{1(B)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh blok tersarang

$H_{0(\alpha\beta)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan

$H_{1(\alpha\beta)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan

Tabel 4.5 Tabel Analisis Ragam Masing-masing Respon Tanaman Kedelai

SK	db	Tinggi Tanaman		Banyak Cabang		Banyak Polong Isi		Bobot Bijii	
		KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value
<i>Genotipe</i>	11	173,1	0,00*	1,898	0,00*	68,9	0,053	19,25	0,00*
Lingkungan	2	966,5	0,00*	0,265	0,90	440,5	0,03*	7,89	0,00*
Blok	9	90,3	0,00*	2,538	0,00*	129,2	0,00*	1,37	0,22
<i>Genotipe</i> * Lingkungan	22	29,5	0,09	1,234	0,00*	101,4	0,00*	1,71	0,04*
Galat	99	20		0,413		36,9		1,02	
Total	143								

Berdasarkan Tabel 4.5, dapat dilihat pada respon tinggi tanaman kedelai (cm) pengaruh *genotipe* signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00000. Pengaruh lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00006. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00005. Pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,09861. Sehingga dapat disimpulkan bahwa tinggi tanaman kedelai (cm) dipengaruhi oleh faktor *genotipe*, lingkungan, dan blok tersarang. Interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan tidak berpengaruh pada tinggi tanaman kedelai.

Pengaruh *genotipe* pada respon banyak cabang kedelai signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00001. Pengaruh lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,90164. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00000. Pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00022. Sehingga dapat disimpulkan bahwa jumlah cabang kedelai dipengaruhi oleh faktor *genotipe*, blok tersarang, dan interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan. Lingkungan tidak berpengaruh pada banyak cabang kedelai.

Pada respon banyak polong isi kedelai, pengaruh *genotipe* tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,05291. Pengaruh lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,03700. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00085. Pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00042. Sehingga dapat disimpulkan bahwa jumlah polong isi kedelai dipengaruhi oleh faktor lingkungan, blok tersarang, dan Interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* tidak berpengaruh pada banyak polong isi kedelai.

Pengaruh *genotipe* pada respon bobot biji kedelai (ton/ha) signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00000. Pengaruh lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00424. Pengaruh blok tersarang tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,22409. Pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,04392. Sehingga dapat disimpulkan

bawa bobot biji kedelai (ton/ha) dipengaruhi oleh faktor *genotype*, lingkungan, dan interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Blok tersarang tidak berpengaruh pada bobot biji kedelai (ton/ha).

Keragaman terkecil adalah pada respon banyak cabang kedelai sesuai pada Tabel 4.1 dan pada Tabel 4.5 juga menunjukkan bahwa Kuadrat Tengah Galat banyak cabang paling kecil daripada respon yang lain. Keragaman terbesar adalah pada respon banyak polong isi kedelai. Pada Tabel 4.5 juga menunjukkan bahwa Kuadrat Tengah Galat banyak polong isi paling besar daripada respon yang lain. Besar kecilnya ragam dari setiap respon akan berpengaruh pada Kuadrat Tengah Galat.

Dari keempat respon tanaman kedelai, terdapat 3 respon yang mempunyai interaksi signifikan antara *genotype* dengan lingkungan yaitu respon banyak cabang kedelai, respon banyak polong isi kedelai, dan respon bobot biji kedelai (ton/ha). Interaksi antara *genotype* dengan lingkungan pada respon tinggi tanaman kedelai (cm) tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  sehingga tidak dapat dilakukan analisis AMMI. Syarat analisis AMMI adalah apabila pada analisis ragam interaksi antara *genotype* dengan lingkungan signifikan (Mattjik, 1998).

#### 4.4 Analisis AMMI Masing-Masing Respon Tanaman Kedelai

Salah satu syarat untuk melakukan analisis AMMI adalah jika interaksi antara *genotype* dengan lingkungan signifikan (Mattjik, 1998).

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi untuk respon banyak cabang kedelai berdasarkan Persamaan (2.30) menghasilkan 3 akar ciri yaitu 4,748399; 2,039796; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbangkan proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 69,95%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 30,05%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa dua komponen tersebut memiliki peranan

yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi untuk respon banyak polong isi kedelai berdasarkan Persamaan (2.30) menghasilkan 3 akar ciri yaitu 439,9703; 117,6304; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbang proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 78,9%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 21,1%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa komponen pertama memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi untuk respon bobot biji kedelai (ton/ha) berdasarkan Persamaan (2.30) menghasilkan 3 akar ciri yaitu 8,036162; 1,367611; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbang proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 85,46%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 14,54%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa komponen pertama memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Tabel 4.6 Ringkasan Kontribusi keragaman Masing-masing Respon Tanaman Kedelai

Respon	Nilai Singular	Akar Ciri	Proporsi Keragaman	Proporsi Keragaman Kumulatif
Banyak Cabang Kedelai	2,179082	4,748399	69,95%	69,95%
	1,428214	2,039796	30,05%	100%
	0	0	0%	100%
Banyak Polong Isi Kedelai	20,97547	439,9703	78,9%	78,9%
	10,84576	117,6304	21,1%	100%
	0	0	0%	100%
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	2,834812	8,036162	85,46%	85,46%
	1,169449	1,367611	14,54%	100%
	0	0	0%	100%

Tabel 4.7 Analisis Ragam model AMMI Masing-masing Respon Tanaman Kedelai

SK	db	Banyak Cabang		Banyak Polong Isi		Bobot Biji	
		KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value
Genotipe	11	1,898	0,00*	68,9	0,053	19,25	0,00*
Lingkungan	2	0,265	0,90	440,5	0,04*	7,89	0,00*
Blok	9	2,538	0,00*	129,2	0,00*	1,37	0,22
Genotipe * Lingkungan	22	1,234	0,00*	101,4	0,00*	1,71	0,04*
IPCA1	12	1,583	0,00*	146,7	0,00*	2,68	0,00*
IPCA2	10	0,816	0,01*	47	0,28	0,55	0,86
Galat	99	0,413		36,9		1,02	
Total	143						

Berdasarkan metode *postdictive success* untuk respon banyak cabang, terdapat 2 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dan IPCA2 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00 dan 0,01. Data respon banyak cabang kedelai dapat diterangkan menggunakan model AMMI 2, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan dua komponen. Model AMMI 2 dengan 2 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

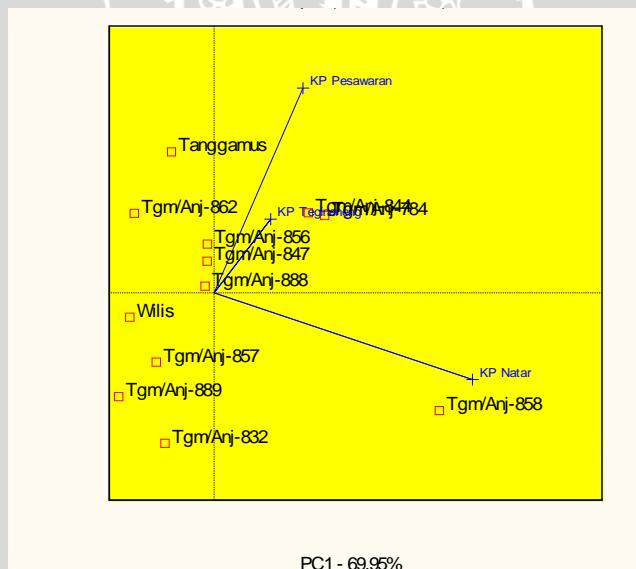
Berdasarkan metode *postdictive success* untuk respon banyak polong isi, hanya terdapat 1 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00. Data

respon banyak polong isi kedelai dapat diterangkan menggunakan model AMMI 1, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan satu komponen. Model AMMI 1 dengan 1 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

Berdasarkan metode *postdictive success* untuk respon bobot biji, hanya terdapat 1 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00. Data respon bobot biji kedelai dapat diterangkan menggunakan model AMMI 1, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan satu komponen. Model AMMI 1 dengan 1 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

#### 4.5 Interpretasi Analisis AMMI Masing-Masing Respon Tanaman Kedelai

##### a. Banyak Cabang Kedelai



Gambar 4.1 GGE Biplot AMMI Respon Banyak Cabang Kedelai

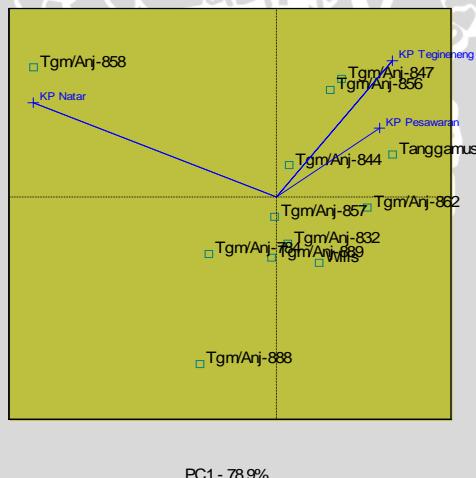
*Genotype* Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotype* Tgm/Anj-784 dan Tgm/Anj-844 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng dan Kebun

Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-784 dan *genotipe* Tgm/Anj-844 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng.

Dari Gambar 4.1 juga dapat dilihat antara satu *genotipe* dengan *genotipe* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotipe*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotipe* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotipe* Tgm/Anj-847 dan *genotipe* Tgm/Anj-857.

### b. Banyak Polong Isi Kedelai



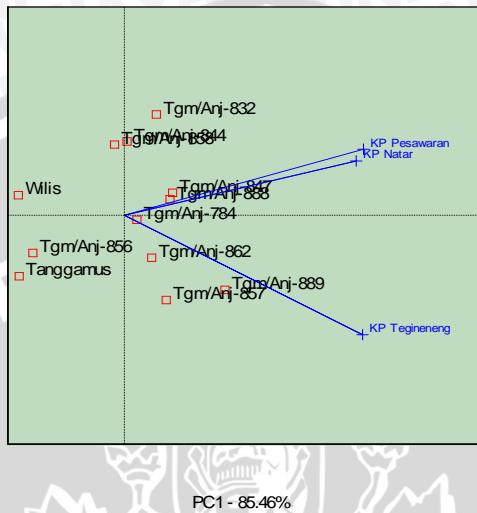
Gambar 4.2 GGE Biplot AMMI Respon Banyak Polong Isi Kedelai

*Genotipe* Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-844, Tgm/Anj-856, dan Tanggamus beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng dan Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-847 dan *genotipe* Tgm/Anj-856 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tanggamus spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran.

Dari Gambar 4.2 juga dapat dilihat antara satu *genotipe* dengan *genotipe* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotipe*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotipe* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotipe* Tgm/Anj-857 dan *genotipe* Tgm/Anj-889.

**c. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)**



Gambar 4.3 GGE Biplot AMMI Respon Jumlah Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

*Genotype* Tgm/Anj-889, Tgm/Anj-857, Tgm/Anj-862, dan Tgm/Anj-784 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotype* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-888, Tgm/Anj-844, dan Tgm/Anj-832 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar dan Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotype* Tgm/Anj-889 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng.

Dari Gambar 4.3 juga dapat dilihat antara satu *genotype* dengan *genotype* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotype*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Tegineneng memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV tersebut, *genotype* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotype* Tgm/Anj-784.

#### 4.6 Metode Penggabungan Respon

Analisis kestabilan suatu genotipe dengan metode AMMI biasanya hanya melibatkan satu respon produktifitas tanaman saja. Sebenarnya, masih banyak aspek-aspek lain yang merupakan komponen penting pada tanaman yang dapat menjelaskan dimensi yang berbeda. Pendekatan yang dapat diterapkan untuk menggabungkan beberapa respon tanaman untuk membangun suatu respon gabungan berdasarkan beberapa respon tanaman disebut Indeks Penampilan Tanaman atau IPT (Sumertajaya, 2007).

##### 4.6.1 Pendekatan I (*Range Equalization/IPT1*)

Pendekatan *Range Equalization* menggunakan informasi nilai minimum dan maksimum dari data respon peubah asal (Sumertajaya, 2007). Untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan *Range Equalization* dapat dihitung berdasarkan pada Persamaan (2.15) dan Persamaan (2.16). Data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization* dapat dilihat pada Lampiran 11.

##### 4.6.2 Pendekatan II (*Skor Komponen Utama Pertama/IPT2*)

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan nilai skor komponen utama pertama dari analisis komponen utama terhadap data respon peubah asal. Untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama, dapat dihitung berdasarkan Persamaan (2.20) dan Persamaan (2.21) karena satuan peubah tidak sama. Respon gabungan IPT2 dengan bantuan *software* Genstat 15 sebagai berikut:

$$\text{IPT2} = 0,68470 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,67604 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} - 0,27233 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

Besarnya keragaman respon gabungan menggunakan nilai skor komponen utama pertama yang dapat dijelaskan oleh peubah banyak cabang kedelai sebesar 68,47%; peubah banyak

polong isi kedelai sebesar 67,604%; dan peubah bobot biji kedelai sebesar 27,233%. Sehingga dapat disimpulkan bahwa dari ketiga peubah, yang menyumbangkan keragaman terbesar pada respon gabungan menggunakan nilai skor komponen utama pertama adalah banyak cabang kedelai dengan presentase keragaman sebesar 68,47%. Data penggabungan respon menggunakan pendekatan nilai skor komponen utama pertama dapat dilihat pada Lampiran 12.

#### **4.6.3 Pendekatan III (Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3)**

Menurut Sumertajaya (2007) untuk memperoleh nilai respon gabungan pada pendekatan ini sama seperti tahapan yang dilakukan pada IPT2. Respon gabungan tidak hanya ditentukan oleh komponen utama pertama melainkan ditentukan oleh beberapa komponen utama. Beberapa persamaan komponen utama yang terbentuk dengan bantuan *software* Genstat 15 sebagai berikut:

$$Z_1 = 0,68470 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,67604 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} - 0,27233 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

$$Z_2 = 0,15771 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,22738 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} + 0,96095 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

$$Z_3 = 0,71156 \text{ Banyak Cabang Kedelai} - 0,70091 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} + 0,04907 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

Tabel 4.8 Presentase Keragaman Analisis Komponen Utama

Akar Ciri	Proporsi Keragaman dalam %	Proporsi Keragaman Kumulatif dalam %
1,679	55,98%	55,98%
0,947	31,57%	87,55%
0,374	12,46%	100%

Menurut Sumertajaya (2007) batas minimal persentase keragaman kumulatif yang digunakan adalah 75%. Berdasarkan Tabel 4.12, yang dapat meyumbangkan proporsi keragaman minimal 75% adalah akar ciri pertama dan akar ciri kedua.

Sehingga, banyaknya komponen utama yang digunakan sebanyak 2 komponen, yaitu:

$$Z_1 = 0,68470 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,67604 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} - 0,27233 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

$$Z_2 = 0,15771 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,22738 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} + 0,96095 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

Bobot untuk peubah ke-i berdasarkan Persamaan (2.26) adalah:

$$W_1 = \sqrt{\frac{0,68470^2}{1,679} + \frac{0,15771^2}{0,947}} = 0,55271$$

$$W_2 = \sqrt{\frac{0,67604^2}{1,679} + \frac{0,22738^2}{0,947}} = 0,57166$$

$$W_3 = \sqrt{\frac{(-0,27233)^2}{1,679} + \frac{0,96095^2}{0,947}} = 1,00959$$

Respon gabungan IPT3 berdasarkan Persamaan (2.27) adalah:

$$\text{IPT3} = 0,55271 \text{ Banyak Cabang Kedelai} + 0,57166 \text{ Banyak Polong Isi Kedelai} + 1,00959 \text{ Bobot Biji Kedelai}$$

Data penggabungan respon menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama dapat dilihat pada Lampiran 13.

#### 4.6.4 Pendekatan IV (*Division by Mean/IPT4*)

Pendekatan *Division by Mean* menggunakan informasi nilai rata-rata dari data respon peubah asal. Untuk memperoleh nilai respon gabungan menggunakan pendekatan *Division by Mean* dapat dihitung berdasarkan pada Persamaan (2.28) dan Persamaan (2.29). Data penggabungan respon menggunakan pendekatan pendekatan *Division by Mean* dapat dilihat pada Lampiran 14.

#### 4.7 Analisis Ragam Masing-Masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT

Hipotesis yang digunakan sama seperti hipotesis pada analisis ragam masing-masing respon tanaman kedelai, yaitu:

- $H_{0(\alpha)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh *genotipe*
- $H_{1(\alpha)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh *genotipe*
- $H_{0(\beta)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh lingkungan
- $H_{1(\beta)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh lingkungan
- $H_{0(B)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh blok tersarang
- $H_{1(B)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh blok tersarang
- $H_{0(\alpha\beta)}$ : Tidak terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan
- $H_{1(\alpha\beta)}$ : Terdapat perbedaan yang signifikan pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan

Tabel 4.9 Tabel Analisis Ragam masing-masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT

SK	db	IPT1		IPT2		IPT3		IPT4	
		KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value
<i>Genotipe</i>	11	0,025	0,00*	3,685	0,00*	6,819	0,00*	0,132	0,00*
Lingkungan	2	0,021	0,52	5,077	0,41	5,258	0,06	0,152	0,54
Blok	9	0,032	0,00*	5,598	0,00*	1,769	0,04*	0,244	0,00*
<i>Genotipe</i> * Lingkungan	22	0,021	0,00*	2,583	0,00*	2,495	0,00*	0,134	0,00*
Galat	99	0,006		0,783		0,866		0,039	
Total	143								

Berdasarkan Tabel 4.9, dapat dilihat pada data pendekatan penggabungan respon menggunakan *Range Equalization/IPT1*, pengaruh *genotype* signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00008. Pengaruh lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,51545. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00002. Pengaruh interaksi antara *genotype* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00003. Sehingga dapat disimpulkan bahwa data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1* dipengaruhi oleh faktor *genotype*, blok tersarang, dan interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Lingkungan tidak berpengaruh pada penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1*.

Pengaruh *genotype* pada data penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2 signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00001. Pengaruh lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,40711. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00000. Pengaruh interaksi antara *genotype* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00003. Sehingga dapat disimpulkan bahwa data penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2 dipengaruhi oleh faktor *genotype*, blok tersarang, dan interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Lingkungan tidak berpengaruh pada penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2.

Pada data penggabungan respon menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3, pengaruh *genotype* signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00000. Pengaruh lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,05577. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,04231. Pengaruh interaksi antara *genotype* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00019. Sehingga dapat disimpulkan bahwa data penggabungan respon menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3 dipengaruhi oleh faktor *genotype*, blok tersarang, dan Interaksi antara *genotype* dengan lingkungan. Lingkungan tidak berpengaruh pada penggabungan respon menggunakan

pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3.

Pengaruh *genotipe* pada data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean/IPT4* signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,00062. Pengaruh lingkungan tidak signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* 0,53931. Pengaruh blok tersarang signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00000. Pengaruh interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan pada  $\alpha = 0,05$  dengan nilai *p-value* sebesar 0,00002. Sehingga dapat disimpulkan bahwa data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean/IPT4* dipengaruhi oleh faktor *genotipe*, blok tersarang, dan interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan. Lingkungan tidak berpengaruh pada penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean/IPT4*.

Analisis ragam dari empat pendekatan penggabungan respon menunjukkan bahwa faktor lingkungan tidak berpengaruh pada keempat respon gabungan, sedangkan interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan. Selanjutnya dapat dilakukan analisis AMMI karena syarat analisis AMMI adalah apabila pada analisis ragam interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan (Mattjik, 1998).

#### **4.8 Analisis AMMI Masing-Masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT**

Salah satu syarat untuk melakukan analisis AMMI adalah jika interaksi antara *genotipe* dengan lingkungan signifikan (Mattjik, 1998).

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi berdasarkan Persamaan (2.30) untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1* menghasilkan 3 akar ciri yaitu 0,085671; 0,028085; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbang proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar

75,31%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 24,69%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa komponen pertama memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi berdasarkan Persamaan (2.30) untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2 menghasilkan 3 akar ciri yaitu 10,42404; 3,782272; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbangkan proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 73,38%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 26,62%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa dua komponen tersebut memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi berdasarkan Persamaan (2.30) untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3 menghasilkan 3 akar ciri yaitu 11,07251; 2,648252; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbangkan proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 80,69%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 19,31%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa komponen pertama memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Penguraian bilinier terhadap matriks pengaruh interaksi berdasarkan Persamaan (2.30) untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean/IPT4* menghasilkan 3 akar ciri yaitu 0,555396; 0,18355; dan 0. Jumlah komponen utama interaksi yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI adalah sebanyak 2 komponen yaitu, IPCA1 dan IPCA2 yang diperoleh dari akar ciri pertama dan akar ciri kedua. IPCA3 tidak dapat dipertimbangkan karena nilai akar cirinya adalah nol sehingga tidak dapat menyumbangkan proporsi keragaman. Kontribusi keragaman pengaruh interaksi yang mampu diterangkan oleh masing-masing komponen adalah Akar ciri pertama menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 75,16%. Akar ciri kedua menyumbangkan proporsi keragaman sebesar 24,84%. Berdasarkan nilai kontribusi keragaman tersebut, terlihat bahwa komponen pertama memiliki peranan yang dominan dalam menerangkan keragaman pengaruh interaksi.

Tabel 4.10 Ringkasan Kontribusi keragaman Masing-masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT

Respon	Nilai Singular	Akar Ciri	Proporsi Keragaman	Proporsi Keragaman Kumulatif
Pendekatan <i>Range</i> <i>Equalization/IPT1</i>	0,292695	0,085671	75,31%	75,31%
	0,167585	0,028085	24,69%	100%
	0	0	0%	100%
Pendekatan Skor Komponen Utama Pertama/IPT2	3,228629	10,42404	73,38%	73,38%
	1,944806	3,782272	26,62%	100%
	0	0	0%	100%
Pendekatan Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3	3,327538	11,07251	80,69%	80,69%
	1,627345	2,648252	19,31%	100%
	0	0	0%	100%
Pendekatan <i>Division by</i> <i>Mean/IPT4</i>	0,745249	0,555396	75,16%	75,16%
	0,428428	0,18355	24,84%	100%
	0	0	0%	100%

Tabel 4.11 Analisis Ragam model AMMI Masing-masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT

SK	db	IPT1		IPT2		IPT3		IPT4	
		KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value	KT	P-Value
<i>Genotipe</i>	11	0,025	0,00*	3,685	0,00*	6,819	0,00*	0,132	0,00*
Lingkungan	2	0,021	0,52	5,077	0,41	5,258	0,06	0,152	0,54
Blok	9	0,031	0,00*	5,598	0,00*	1,769	0,04*	0,244	0,00*
<i>Genotipe * Lingkungan</i>	22	0,021	0,00*	2,583	0,00*	2,495	0,00*	0,134	0,00*
IPCA1	12	0,029	0,00*	3,475	0,00*	3,691	0,00*	0,185	0,00*
IPCA2	10	0,011	0,07	1,513	0,049*	1,059	0,29	0,073	0,06
Galat	99	0,006		0,783		0,866		0,039	
Total	143								

Berdasarkan metode *postdictive success* untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1*, terdapat 1 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00. Data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1* dapat diterangkan menggunakan model AMMI 1, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan satu komponen. Model AMMI 1 dengan 1 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

Berdasarkan metode *postdictive success* untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2, terdapat 2 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dan IPCA2 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00 dan 0,049. Data penggabungan respon menggunakan pendekatan skor komponen utama pertama/IPT2 dapat diterangkan menggunakan model AMMI 2, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan dua komponen. Model AMMI 2 dengan 2 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

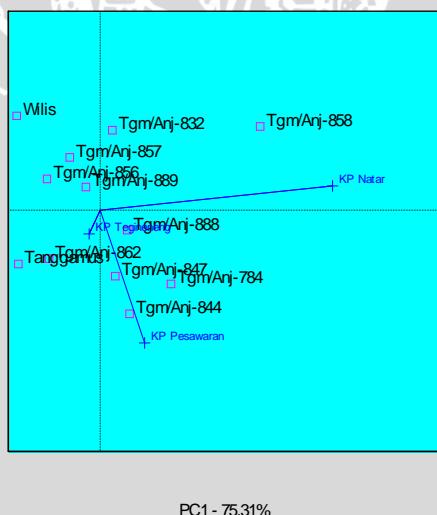
Berdasarkan metode *postdictive success* untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3, terdapat 1 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00. Data penggabungan respon

menggunakan pendekatan pembobotan berdasarkan analisis komponen utama/IPT3 dapat diterangkan menggunakan model AMMI 1, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan satu komponen. Model AMMI 1 dengan 1 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

Berdasarkan metode *postdictive success* untuk penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean*/IPT4, terdapat 1 komponen utama interaksi yang signifikan yaitu, IPCA1 dengan nilai *p-value* sebesar 0,00. Data penggabungan respon menggunakan pendekatan *Division by Mean*/IPT4 dapat diterangkan menggunakan model AMMI 1, dimana pengaruh interaksi direduksi menggunakan satu komponen. Model AMMI 1 dengan 1 komponen utama sudah cukup untuk penduga.

#### 4.9 Interpretasi Analisis AMMI Masing-Masing Pendekatan Penggabungan Respon/IPT

##### a. Penggabungan Respon Menggunakan Pendekatan *Range Equalization*/IPT1



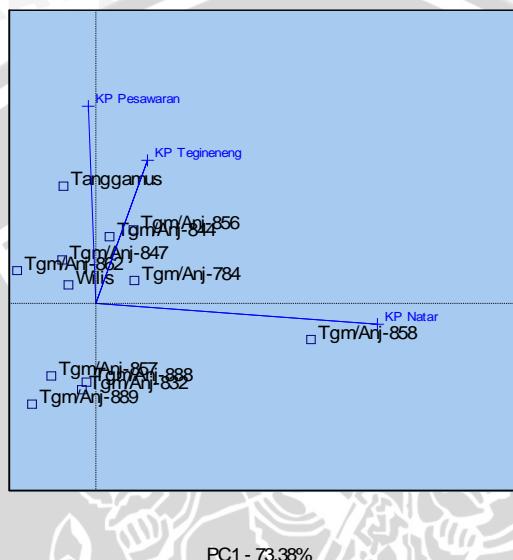
Gambar 4.4 GGE Biplot AMMI Penggabungan Respon menggunakan Pendekatan *Range Equalization*/IPT1

*Genotipe* Tgm/Anj-832 dan Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-862 dan Tanggamus beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-888, Tgm/Anj-784, dan Tgm/Anj-844 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-862 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-844 spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran.

Dari Gambar 4.4 juga dapat dilihat antara satu *genotipe* dengan *genotipe* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotipe*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotipe* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotipe* Tgm/Anj-857.

**b. Penggabungan Respon Menggunakan Pendekatan Skor Komponen Utama Pertama/IPT2**



Gambar 4.5 GGE Biplot AMMI Penggabungan Respon menggunakan Pendekatan Skor Komponen Utama Pertama/IPT2

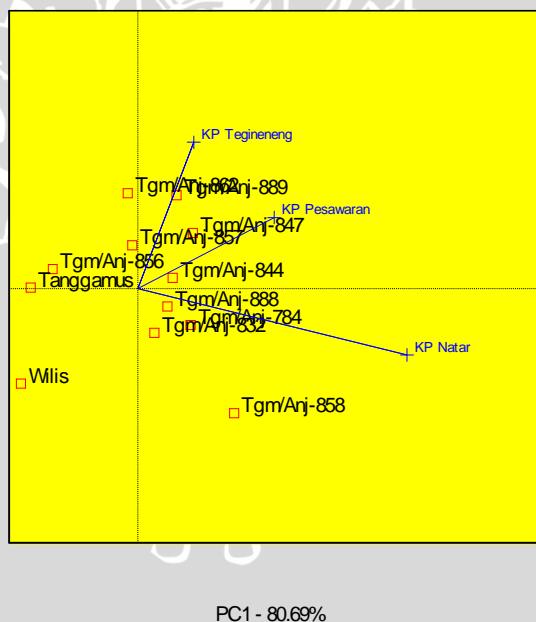
*Genotipe* Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-784, Tgm/Anj-844, dan Tgm/Anj-856 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-862, Wilis, dan Tanggamus beradaptasi baik di Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-856 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tanggamus spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran.

Dari Gambar 4.5 juga dapat dilihat antara satu *genotipe* dengan *genotipe* yang lain, dapat dikelompokkan

berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotype*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotype* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotype* Wilis dan *genotype* Tgm/Anj-857

c. Penggabungan Respon Menggunakan Pendekatan Pembobotan Berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3



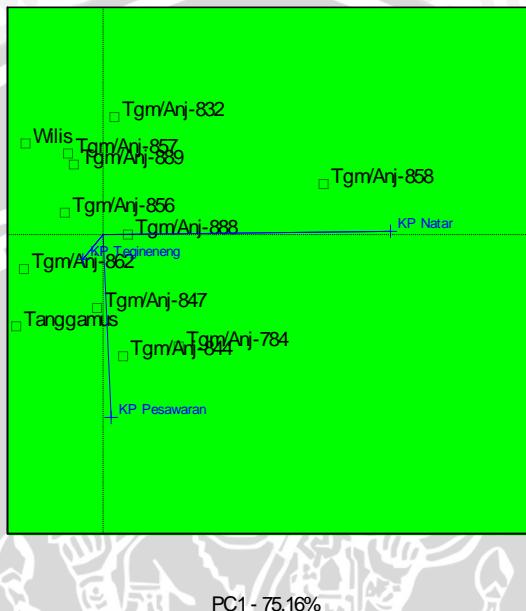
Gambar 4.6 GGE Biplot AMMI Penggabungan Respon menggunakan Pendekatan Pembobotan berdasarkan Analisis Komponen Utama /IPT3

*Genotipe* Tgm/Anj-888, Tgm/Anj-784, Tgm/Anj-832, dan Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-889, Tgm/Anj-847, dan Tgm/Anj-844 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng dan Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-889 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-847 spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran.

Dari Gambar 4.6 juga dapat dilihat antara satu *genotipe* dengan *genotipe* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotipe*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotipe* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotipe* Tgm/Anj-847.

d. Penggabungan Respon Menggunakan Pendekatan *Division by Mean/IPT4*



Gambar 4.7 GGE Biplot AMMI Penggabungan Respon menggunakan Pendekatan *Division by Mean /IPT4*

*Genotipe* Tgm/Anj-888, Tgm/Anj-832, dan Tgm/Anj-858 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-862, dan Tanggamus beradaptasi baik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-784, dan Tgm/Anj-844 beradaptasi baik di Kebun Percobaan Pesawaran. Hal ini dikarenakan antara *genotipe* dan lingkungan terletak pada kuadran yang sama. Kedekatan jarak antara *genotipe* dengan lingkungan mencerminkan adanya interaksi yang khas antara *genotipe* dengan lingkungan. *Genotipe* Tgm/Anj-858 spesifik di Kebun Percobaan Natar. *Genotipe* Tgm/Anj-847, Tgm/Anj-862, dan Tgm/Anj-888 spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng. *Genotipe* Tgm/Anj-844 spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran.

Dari Gambar 4.7 juga dapat dilihat antara satu *genotype* dengan *genotype* yang lain, dapat dikelompokkan berdasarkan karakteristik yang sama, dalam hal ini dilihat dari kedekatan jarak antar *genotype*. Panjang garis yang dihubungkan dari koordinat (0,0) ke masing-masing kebun percobaan, menunjukkan besarnya keragaman masing-masing kebun percobaan. Semakin panjang garis, maka keragaman semakin besar. Kebun Percobaan Natar memiliki keragaman terbesar. Besarnya sudut yang dibentuk juga menunjukkan adanya korelasi antar lingkungan.

Berdasarkan nilai ASV, *genotype* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotype* Tgm/Anj-889.

Tabel 4.12 Ringkasan *genotype* stabil dan spesifik lingkungan masing-masing respon tanaman kedelai dan pendekatan penggabungan respon

Respon	<i>Genotype</i> Stabil	<i>Genotype</i> Spesifik		
		KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran
Banyak Cabang Kedelai	Tgm/Anj- 847	Tgm/Anj- 858	Tgm/Anj-784	-
	Tgm/Anj- 857		Tgm/Anj-844	
Banyak Polong Isi Kedelai	Tgm/Anj- 857	Tgm/Anj- 858	Tgm/Anj-847	Tanggamus
	Tgm/Anj- 889		Tgm/Anj-856	
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	Tgm/Anj- 784	-	Tgm/Anj-889	-
Respon Gabungan Pendekatan <i>Range Equalization/IPT1</i>	Tgm/Anj- 857	Tgm/Anj- 858	Tgm/Anj-862	Tgm/Anj- 844

Tabel 4.12 Ringkasan *genotype* stabil dan spesifik lingkungan masing-masing respon tanaman kedelai dan pendekatan penggabungan respon (lanjutan)

Respon	<i>Genotype</i> Stabil	<i>Genotype</i> Spesifik		
		KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran
Respon Gabungan Pendekatan Skor Komponen Utama Pertama/IPT2	Wilis	Tgm/Anj-857	Tgm/Anj-858	Tanggamus
Respon Gabungan Pendekatan Pembobotan berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3	Tgm/Anj-847	Tgm/Anj-858	Tgm/Anj-889	Tgm/Anj-847
Respon Gabungan Pendekatan <i>Division by Mean</i> /IPT4	Tgm/Anj-889	Tgm/Anj-858	Tgm/Anj-847 Tgm/Anj-862 Tgm/Anj-888	Tgm/Anj-844

#### 4.10 Kesesuaian Model

Untuk mengatahui keberartian model AMMI, dapat dilihat dari nilai *Root Mean Square Error* (RMSE) yang dirumuskan seperti pada Persamaan (2.42).

Tabel 4.13 Nilai RMSE model AMMI masing-masing respon tanaman kedelai dan pendekatan penggabungan respon

Respon	RMSE
Banyak Cabang Kedelai	0,238
Banyak Polong Isi Kedelai	2,253
Bobot Biji Kedelai (ton/ha)	0,374
Respon Gabungan Pendekatan <i>Range Equalization</i> /IPT1	0,017
Respon Gabungan Pendekatan Skor Komponen Utama Pertama/IPT2	0,189
Respon Gabungan Pendekatan Pembobotan berdasarkan Analisis Komponen Utama/IPT3	0,199
Respon Gabungan Pendekatan <i>Division by Mean</i> /IPT4	0,043

Dari masing-masing respon, dapat dilihat nilai RMSE terkecil dan mendekati nol adalah pada penggabungan respon dengan pendekatan *Range Equalization/IPT1* dengan nilai RMSE sebesar 0,017. Metode penggabungan respon dengan pendekatan *Range Equalization/IPT1* merupakan metode penggabungan respon terbaik daripada tiga metode penggabungan respon yang lain. Rata-rata simpangan yang tidak dapat dijelaskan oleh model AMMI menggunakan metode penggabungan respon dengan pendekatan *Range Equalization/IPT1* sebesar 0,017. Model AMMI 1 dengan metode penggabungan respon menggunakan pendekatan *Range Equalization/IPT1* sudah dikatakan sesuai dan sudah cukup untuk penduga.



## BAB V

### KESIMPULAN DAN SARAN

#### 5.1 Kesimpulan

Model AMMI yang dapat menerangkan respon banyak polong isi kedelai, bobot biji kedelai, IPT1, IPT3, dan IPT4 adalah AMMI 1. Model AMMI yang dapat menerangkan respon banyak cabang kedelai, dan IPT2 adalah AMMI 2.

*Genotype* yang stabil di 3 lingkungan lahan asam di Lampung adalah *genotype* Tgm/Anj-857. *Genotype* yang spesifik di Kebun Percobaan Natar adalah *genotype* Tgm/Anj-858, *genotype* yang spesifik di Kebun Percobaan Tegineneng adalah *genotype* Tgm/Anj-862, dan *genotype* yang spesifik di Kebun Percobaan Pesawaran adalah *genotype* Tgm/Anj-844.

Metode penggabungan respon yang memiliki nilai *Root Mean Square Error* (RMSE) terkecil dan mendekati nol adalah metode penggabungan respon dengan pendekatan *Range Equalization/IPT1*.

#### 5.2 Saran

Untuk menguji kestabilan *genotype* terhadap lingkungan, pada penelitian ini hanya terbatas menggunakan metode AMMI berdasarkan *AMMI Stability Value* (ASV) dan analisis biplot. Untuk penelitian selanjutnya, dapat dilakukan analisis interaksi *genotype* dengan lingkungan menggunakan *Structural Equation Modelling* dan analisis interaksi *genotype* dengan lingkungan menggunakan *Partial Least Square Path Modelling* untuk menguji *genotype* yang stabil maupun spesifik pada lingkungan tertentu.

UNIVERSITAS BRAWIJAYA



## DAFTAR PUSTAKA

- Anderson, M.J. 2001. *A new method for non-parametric multivariate analysis of variance*. Australia Ecology 26: 32-. 46. <http://www.entsoc.org>. Tanggal Akses: 17 November 2013.
- Balai Penelitian Tanaman Kacang-kacangan dan Umbi-umbian (Balitkabi). 2013. <http://www.balitkabi.litbang.deptan.go.id>. Diakses tanggal 25 November 2013.
- Gauch, Jr., H.G. 1992. *Statistical Analysis of Regional Yield Trial. AMMI Analysis of Factorial Design*. Elsevier:Amsterdam.
- Gauch, Jr., H.G dan R.W. Zobel. 1996. *AMMI Analysis of yield trial. Genotype by environment interaction*. CRC Press Boca Raton. New York, United State of America.
- Gilbert, R.O. 1987. *Statistical Methods for Environmental Pollution Monitoring*. Van Nostrand Reinhold. New York.
- Istiayastuti, dan T. Yanuarso. 1996. *Berbudidaya Aneka Tanaman Pangan*. Bandung:Trigenda Karya.
- Jolliffe, I.T. 1986. *Principal Component Analysis*. Springer-Verlag. New York.
- Kroonenberg, P.M. 1995. *Introduction to Biplots for G x E Tables. Centre for statistics the University of Queensland Australia*. <http://www.fsw.leidenuniv.nl>. Tanggal Akses: 29 Juli 2013.
- Mattjik, A.A. 1998. *Aplikasi Analisis Pengaruh Utama Aditif dengan Interaksi Ganda (UAIG) pada data simulasi*. Jurnal Forum Statistika dan Komputasi, Vol 3, No. 1, halaman 21-22. <http://id.scribd.com/doc/130946285/A-Ansori-Mattjik>. Tanggal Akses: 25 Juli 2011.
- Mattjik, A.A., dan I.M. Sumertajaya. 2006. *Rancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab jilid I*. Bogor: IPB Press.
- Pasca, P.M. 2013. *Metode Penggabungan Respon Komponen Utama dan Jarak Hotelling pada Analisis AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction) dengan Respon Berskala Campuran*. Skripsi. Program Studi Statistika Universitas Brawijaya Malang. Tidak dipublikasikan.
- Sadeghi, S.M., H. Samizadeh., E. Amiri., and M. Ashouri. 2011. *Additive Main effects and Multiplicative Interaction (AMMI) analysis of dry leaf yield in tobacco hybrids across environments*. African Journal of Biotechnology, Vol. 10

- (21). Page 4360. <http://www.academicjournals.org/AJB>. Tanggal Akses: 29 Juli 2013.
- Sa'diyah, H., dan A.A. Mattjik. 2011. *Indeks Stabilitas AMMI Untuk Penentuan Stabilitas Genotipe pada Percobaan Multilokasi*. Bogor:IPB Press.
- Steel, R.G.D. and J.H. Torrie. 1981. *Principle and Procedure of Statistics a Biometrical Approach, second edition*. McGraw-Hill Book Company. Singapore.
- Sumertajaya, I.M. 2007. *Analisis Statistik Interaksi Genotipe dengan Lingkungan*. Bogor:Departemen Statistika FMIPA IPB.
- Wibawa, G.N.A., I.M. Sumertajaya, A.A. Mattjik. 2011. *Evaluasi Tingkat Validitas Metode Penggabungan Respon Indeks Penampilan Tanaman*. Bogor:IPB Press.
- Yitnosumarto, S. 1993. *Percobaan, Perancangan, Analisis, dan Interpretasinya*. Jakarta: PT Gramedia Pustaka Utama.
- Zobel, R.W., M.J. Wright, and H.G. Gauch Jr. 1988. *Statistical Analysis of a yield trial*. Agronomy Journal, 80: 388-393. <http://www.eprints.icrisat.ac.in/1000>. Tanggal Akses: 25 Juli 2013.

## Lampiran 1. Data Sekunder

Data 1. Rata-rata tinggi Tanaman Kedelai (cm) dari 12 *Genotype* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung dengan 4 ulangan (masing-masing ulangan terdapat 5 tanaman)

Genotype	Tinggi Tanaman Kedelai (cm)							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	52.2	58	34.8	48.4	40.6	46.4	40.4	39.6
Tgm/Anj-847	51.2	62.8	45	51	41.8	41.4	41.8	39.8
Tgm/Anj-857	53	51.2	53.8	48.4	47.8	51.6	46.4	43.2
Tgm/Anj-862	47.2	49.6	41	41	40	38.2	40.6	36.6
Tgm/Anj-888	58.2	62.2	46.2	66.6	45	46	41.6	32
Tgm/Anj-784	41.4	44	47.4	39	35.4	40	30.4	43.4
Tgm/Anj-844	58.8	54.6	52.4	57.8	48.2	52.2	44.4	44.2
Tgm/Anj-832	63	62.6	49.8	50.4	49	49.2	50.6	43.6
Tgm/Anj-858	50	48.6	45	60.2	43.2	36.4	36.8	34.6
Tgm/Anj-856	65.2	47.2	49.4	46.8	49.6	46.4	49.4	52.6
WILIS	59.8	52.8	44.4	49.8	38.8	39	47	42
TANGGAMUS	55.6	56	41.6	45.8	38.6	48.2	41.2	35.8

Genotype	Tinggi Tanaman Kedelai (cm)			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	36	47.4	44.4	50.4
Tgm/Anj-847	39	42.4	42.4	51.2
Tgm/Anj-857	48.2	50	44.4	53
Tgm/Anj-862	39.4	46	47.8	39.8
Tgm/Anj-888	46.8	53.6	47	45
Tgm/Anj-784	30.2	36.4	32.2	35.4
Tgm/Anj-844	42	52.8	57.6	56
Tgm/Anj-832	43.2	40	46.4	45.4
Tgm/Anj-858	41.8	46.4	44.2	42.6
Tgm/Anj-856	45.6	47	42.2	47
WILIS	45.6	41.4	40.6	42.4
TANGGAMUS	46.4	50	45	42.2

## Lampiran 1. Data Sekunder (lanjutan)

Data 2. Rata-rata banyak cabang Kedelai dari 12 *Genotipe* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung dengan 4 ulangan (masing-masing ulangan terdapat 5 tanaman)

Genotipe	Banyak Cabang Kedelai							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	1.333	2.333	0.333	0.667	1.6	1.6	0.8	0
Tgm/Anj-847	2.333	2	1	0.333	2.2	2	2.4	0.4
Tgm/Anj-857	1.333	1.333	1.333	1.333	0.4	0.8	1.4	2.4
Tgm/Anj-862	0.667	1.333	0	1	2.4	3	2.2	1
Tgm/Anj-888	1.667	0.667	1	2.667	1	2	1.2	1
Tgm/Anj-784	2.667	2.667	1.333	2	1.4	2.2	1.6	1
Tgm/Anj-844	1	2.333	2.333	2.333	2.4	1.6	3.2	1.2
Tgm/Anj-832	2	0.667	2	1.667	2	1.2	2	0
Tgm/Anj-858	3.333	3.667	2.667	4	3	2.6	2.2	0
Tgm/Anj-856	2	1	1.667	0.667	2.8	2.8	3.2	0.4
WILIS	1.667	1	0.333	1	1.8	2.6	2.2	0.2
TANGGAMUS	1.333	0.667	0	1.667	0.8	3	2.2	0.4

Genotipe	Banyak Cabang Kedelai			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	1.2	0.4	0.8	1.4
Tgm/Anj-847	2	2.4	1.2	1.8
Tgm/Anj-857	1.4	1.8	0.4	1.2
Tgm/Anj-862	1	2	1.4	2.8
Tgm/Anj-888	1.6	2.8	1.4	1.6
Tgm/Anj-784	2.2	2.8	1.8	3.6
Tgm/Anj-844	1.8	3	2.6	2
Tgm/Anj-832	1	0.2	0.8	0.6
Tgm/Anj-858	1.8	1.8	1.2	1
Tgm/Anj-856	1.2	2.2	1.6	2
WILIS	1	2.4	0	1.6
TANGGAMUS	3.2	3	2.2	1.8

## Lampiran 1. Data Sekunder (lanjutan)

Data 3. Rata-rata banyak polong isi Kedelai dari 12 *Genotipe* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung dengan 4 ulangan (masing-masing ulangan terdapat 5 tanaman)

Genotipe	Banyak Polong Isi Kedelai							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	24.6	29	15	13.2	15.4	22.4	20.2	10.2
Tgm/Anj-847	16.6	31	20.2	17	28	26.8	33.8	9.4
Tgm/Anj-857	17.6	26.8	21.6	18	18.8	20	18.4	22.4
Tgm/Anj-862	15.6	25.8	8.4	14.8	28.2	24	25	12.4
Tgm/Anj-888	20.8	23.4	13	28.6	14.8	16	10.2	10
Tgm/Anj-784	18.6	35	21.6	22.2	11.8	20.4	10.8	13.4
Tgm/Anj-844	22	23.6	15.2	26.4	17	21.6	24.6	19.6
Tgm/Anj-832	18.8	18.4	121	18.4	20.6	23.2	27.6	13.6
Tgm/Anj-858	29.2	30.6	20.8	72	29.4	19.6	19.4	6.4
Tgm/Anj-856	25.4	17.8	17.8	20.8	31.8	30.2	27.4	25
WILIS	21.2	20	14.6	13.6	17.2	22.4	26.8	11.8
TANGGAMUS	21.4	18.2	9.6	16.4	15.4	33	29	16.4

Genotipe	Banyak Polong Isi Kedelai			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	21.8	17.8	30.8	34.6
Tgm/Anj-847	40	28.8	28	33.4
Tgm/Anj-857	25	21.8	25.8	27
Tgm/Anj-862	22	29.6	27.2	32.2
Tgm/Anj-888	18.6	22.2	18.2	22
Tgm/Anj-784	24.2	35.2	20.6	28.8
Tgm/Anj-844	26.4	30	35.2	22.8
Tgm/Anj-832	20	19	22.4	24.4
Tgm/Anj-858	24.4	16.8	23	24.8
Tgm/Anj-856	24.4	28	21.4	22.6
WILIS	26.2	27	18.6	27.8
TANGGAMUS	35	35	26.2	31.2

## Lampiran 1. Data Sekunder (lanjutan)

Data 4. Rata-rata Bobot Biji Tanaman Kedelai (ton/ha) dari 12 *Genotype* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung dengan 4 ulangan (masing-masing ulangan terdapat 5 tanaman)

Genotype	Bobot Biji Kedelai (ton/ha)							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	10.62	11.81	12.71	12.17	10.65	11.23	11.07	17.26
Tgm/Anj-847	11.74	12.03	12.21	11.97	10.23	10.6	10.66	10.21
Tgm/Anj-857	10.44	11.22	11.73	10.19	11.18	11.32	11.57	12.08
Tgm/Anj-862	10.47	10.32	11.98	11.3	10.49	11.08	11	10.52
Tgm/Anj-888	11.15	10.98	11.22	11.25	10.55	10.35	10.58	10.47
Tgm/Anj-784	12.96	12.06	10.07	9.69	10.27	10.07	9.85	9.98
Tgm/Anj-844	10.37	11.55	10.68	10.98	9.07	9.17	8.87	8.88
Tgm/Anj-832	11.84	11.24	11.94	10.69	8.95	9.52	9.41	9.17
Tgm/Anj-858	10.73	9.96	12.24	10.36	9.06	8.41	8.65	9.02
Tgm/Anj-856	8.25	7.48	8.92	8.73	8.42	8.22	8.41	8.83
WILIS	8.89	7.94	10.06	8.33	7.38	7.37	7.42	7.89
TANGGAMUS	9.3	7.41	7.89	8.54	8.92	8.37	8.09	8.43

Genotype	Bobot Biji Kedelai (ton/ha)			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	12.38	11.9	11.29	10.97
Tgm/Anj-847	10.21	10.93	10.26	11.24
Tgm/Anj-857	12	9.06	10	9.95
Tgm/Anj-862	10.58	9.8	9.48	10.44
Tgm/Anj-888	11.9	10.68	10.78	11.69
Tgm/Anj-784	11.88	9.22	12.8	5.27
Tgm/Anj-844	9.86	11.04	11.02	10.38
Tgm/Anj-832	13.26	9.53	12.05	10.93
Tgm/Anj-858	9.7	9.88	10.65	10.38
Tgm/Anj-856	8.16	9.17	7.32	8.44
WILIS	7.45	8.83	8.55	7
TANGGAMUS	8.18	7.89	6.75	7.45

## Lampiran 2. Perhitungan Uji Aditifitas pada masing-masing respon Tanaman Kedelai

### a. Tinggi Tanaman Kedelai (cm)

Kode Genotipe	Lingkungan			Jumlah	Rata-rata ( $\bar{Y}_i$ )	$\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$
	KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran			
Tgm/Anj-889	48.35	41.75	44.55	134.65	44.88	-1.33
Tgm/Anj-847	52.5	41.2	43.75	137.45	45.82	-0.39
Tgm/Anj-857	51.6	47.25	48.9	147.75	49.25	3.04
Tgm/Anj-862	44.7	38.85	43.25	126.8	42.27	-3.94
Tgm/Anj-888	58.3	41.15	48.1	147.55	49.18	2.97
Tgm/Anj-784	42.95	37.3	33.55	113.8	37.93	-8.28
Tgm/Anj-844	55.9	47.25	52.1	155.25	51.75	5.54
Tgm/Anj-832	56.45	48.1	43.75	148.3	49.43	3.22
Tgm/Anj-858	50.95	37.75	43.75	132.45	44.15	-2.06
Tgm/Anj-856	52.15	49.5	45.45	147.1	49.03	2.82
WILIS	51.7	41.7	42.5	135.9	45.30	-0.91
TANGGAMUS	49.75	40.95	45.9	136.6	45.53	-0.68
Jumlah	615.3	512.75	535.55	1663.6		
Rata-rata ( $\bar{Y}_j$ )	51.28	42.73	44.63		46.21	
$\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}$	5.06	-3.48	-1.58			

$$FK = \frac{\left( \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij} \right)^2}{ts} - \frac{(1663.6)^2}{36} = 76876.8$$

$$JKT = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}^2 - FK \\ = (48.35^2 + 41.75^2 + \dots + 45.9^2) - 76876.8 = 1121.63$$

$$JK\alpha = \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{s} - FK \\ = \frac{(134.65^2 + 137.45^2 + \dots + 126.8^2)}{3} - 76876.8 = 475.90$$

$$JK\beta = \frac{\sum_{j=1}^s (\sum_{i=1}^t Y_{ij})^2}{t} - FK \\ = \frac{(615.3^2 + 512.75^2 + 535.55^2)}{12} - 76876.8 = 483.23$$

$$JKNA = \frac{\left\{ \sum_i \sum_j Y_{ij} (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}) \right\}^2}{r \sum_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \\ = \frac{76.05^2}{4 \times ((-1.33)^2 + \dots + (-0.68)^2) \times (5.06^2 + \dots + (-1.58)^2)} = 0,23$$

$$JKG = JKT - JK\alpha - JK\beta - JKNA \\ = 1121.63 - 475.90 - 483.23 - 0.23 = 162.27$$

SK	db	JK	KT	F	P-Value
Genotipe	11	475.90	43.26		
Lingkungan	2	483.23	241.62		
Non Aditifitas	1	0,23	0,23	0,03	0,866
Galat	21	162,27	7,73		
Total	35	1121,63			

## Lampiran 2. Perhitungan Uji Aditifitas pada masing-masing respon Tanaman Kedelai (lanjutan)

### b. Banyak Cabang Kedelai

Kode Genotipe	Lingkungan			Jumlah	Rata-rata ( $\bar{Y}_i$ )	$\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$
	KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran			
Tgm/Anj-889	1.17	1.00	0.95	3.12	1.04	-0.59
Tgm/Anj-847	1.42	1.75	1.85	5.02	1.67	0.04
Tgm/Anj-857	1.33	1.25	1.20	3.78	1.26	-0.37
Tgm/Anj-862	0.75	2.15	1.80	4.70	1.57	-0.07
Tgm/Anj-888	1.50	1.30	1.85	4.65	1.55	-0.08
Tgm/Anj-784	2.17	1.55	2.60	6.32	2.11	0.47
Tgm/Anj-844	2.00	2.10	2.35	6.45	2.15	0.52
Tgm/Anj-832	1.58	1.30	0.65	3.53	1.18	-0.46
Tgm/Anj-858	3.42	1.95	1.45	6.82	2.27	0.64
Tgm/Anj-856	1.33	2.30	1.75	5.38	1.79	0.16
WILIS	1.00	1.70	1.25	3.95	1.32	-0.32
TANGGAMUS	0.92	1.60	2.55	5.07	1.69	0.06
Jumlah	18.58	19.95	20.25	58.78		
Rata-rata ( $\bar{Y}_{..}$ )	1.55	1.66	1.69		1.63	
$\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}$	-0.08	0.03	0.05			

$$FK = \frac{\left( \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij} \right)^2}{ts} = \frac{(58.78)^2}{36} = 95.99$$

$$\begin{aligned} JKT &= \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}^2 - FK \\ &= (1.17^2 + 1.42^2 + \dots + 2.17^2) - 95.99 = 12 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JK\alpha &= \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{s} - FK \\ &= \frac{(3.12^2 + 5.02^2 + \dots + 5.07^2)}{3} - 95.99 = 5.22 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JK\beta &= \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{3} - FK \\ &= \frac{(18.58^2 + 19.95^2 + 20.25^2)}{12} - 95.99 = 0.13 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JKNA &= \frac{\left\{ \sum_i \sum_j Y_{ij} (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}) \right\}^2}{r \sum_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \\ &= \frac{(-0.04)^2}{4 \times ((-0.59)^2 + \dots + 0.06^2) \times ((-0.08)^2 + \dots + 0.05^2)} = 0.03 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JKG &= JKT - JK\alpha - JK\beta - JKNA \\ &= 12 - 5.22 - 0.13 - 0.03 = 6.43 \end{aligned}$$

SK	db	JK	KT	F	P-Value
Genotipe	11	5,22	0,47		
Lingkungan	2	0,13	0,07		
Non Aditifitas	1	0,03	0,03	0,09	0,773
Galat	21	6,43	0,31		
Total	35	12			

## Lampiran 2. Perhitungan Uji Aditifitas pada masing-masing respon Tanaman Kedelai (lanjutan)

### c. Banyak Polong Isi Kedelai

Kode Genotipe	Lingkungan			Jumlah	Rata-rata ( $\bar{Y}_j$ )	$\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$
	KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran			
Tgm/Anj-889	20.45	17.05	26.25	63.75	21.25	-1.33
Tgm/Anj-847	21.20	24.50	32.55	78.25	26.08	3.50
Tgm/Anj-857	21.00	19.90	24.90	65.80	21.93	-0.65
Tgm/Anj-862	16.15	22.40	27.75	66.30	22.10	-0.48
Tgm/Anj-888	21.45	12.75	20.25	54.45	18.15	-4.43
Tgm/Anj-784	24.35	14.10	27.20	65.65	21.88	-0.70
Tgm/Anj-844	21.80	20.70	28.60	71.10	23.70	1.12
Tgm/Anj-832	19.15	21.25	21.45	61.85	20.62	-1.96
Tgm/Anj-858	38.15	18.70	22.25	79.10	26.37	3.79
Tgm/Anj-856	20.45	28.60	24.10	73.15	24.38	1.80
WILIS	17.35	19.55	24.90	61.80	20.60	-1.98
TANGGAMUS	16.40	23.45	31.85	71.70	23.90	1.32
Jumlah	257.90	242.95	312.05	812.90		
Rata-rata ( $\bar{Y}_j$ )	21.49	20.25	26.00		22.58	
$\bar{Y}_{..} - \bar{Y}_{..}$	-1.09	-2.33	3.42			

$$FK = \frac{(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{ts} = \frac{(812.90)^2}{36} = 18355.7$$

$$JKT = \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}^2 - FK \\ = (20.45^2 + 17.05^2 + \dots + 31.85^2) - 18355.7 = 959.14$$

$$JK\alpha = \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{s} - FK \\ = \frac{(63.75^2 + 78.25^2 + \dots + 71.10^2)}{3} - 18355.7 = 189.49$$

$$JK\beta = \frac{\sum_{j=1}^s (\sum_{i=1}^t Y_{ij})^2}{t} - FK \\ = \frac{(257.90^2 + 242.95^2 + 312.05^2)}{12} - 18355.7 = 220.29$$

$$JKNA = \frac{\left\{ \sum_i \sum_j Y_{ij} (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}) \right\}^2}{r \sum_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \\ = \frac{(-61.31)^2}{4 \times ((-1.33)^2 + \dots + (-1.09)^2) \times ((-0.99)^2 + \dots + (-3.42)^2)} = 0.81$$

$$JKG = JKT - JK\alpha - JK\beta - JKNA \\ = 959.14 - 189.49 - 220.29 - 0.81 = 548.54$$

SK	db	JK	KT	F	P-Value
Genotipe	11	189,49	17,23		
Lingkungan	2	220,29	110,15		
Non Aditifitas	1	0,81	0,81	0,03	0,862
Galat	21	548,54	26,12		
Total	35	959,14			

Lampiran 2. Perhitungan Uji Aditifitas pada masing-masing respon Tanaman Kedelai (lanjutan)

d. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

Kode Genotipe	Lingkungan			Jumlah	Rata-rata ( $\bar{Y}_i$ )	$\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$
	KP Natar	KP Tegineneng	KP Pesawaran			
Tgm/Anj-889	11.83	12.55	11.64	36.02	12.01	1.91
Tgm/Anj-847	11.99	10.43	10.66	33.07	11.02	0.92
Tgm/Anj-857	10.90	11.54	10.25	32.69	10.90	0.80
Tgm/Anj-862	11.02	10.77	10.08	31.87	10.62	0.52
Tgm/Anj-888	11.15	10.49	11.26	32.90	10.97	0.87
Tgm/Anj-784	11.20	10.04	9.79	31.03	10.34	0.24
Tgm/Anj-844	10.90	9.00	10.58	30.47	10.16	0.06
Tgm/Anj-832	11.43	9.26	11.44	32.13	10.71	0.61
Tgm/Anj-858	10.82	8.79	10.15	29.76	9.92	-0.18
Tgm/Anj-856	8.35	8.47	8.27	25.09	8.36	-1.74
WILIS	8.81	7.52	7.96	24.28	8.09	-2.01
TANGGAMUS	8.29	8.45	7.57	24.31	8.10	-2.00
Jumlah	126.65	117.30	119.65	363.60		
Rata-rata ( $\bar{Y}_i$ )	10.55	9.78	9.97		10.10	
$\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$	0.45	-0.32	-0.13			

$$\begin{aligned} FK &= \frac{\left(\sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}\right)^2}{36} = \frac{(363.60)^2}{36} = 3672.31 \\ JKT &= \sum_{i=1}^t \sum_{j=1}^s Y_{ij}^2 - FK \\ &= (11.83^2 + 12.55^2 + \dots + 7.57^2) - 3672.31 = 66.30 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JK\alpha &= \frac{\sum_{i=1}^t (\sum_{j=1}^s Y_{ij})^2}{s} - FK \\ &= \frac{(36.02^2 + 33.07^2 + \dots + 24.31^2)}{3} - 3672.31 = 52.95 \\ JK\beta &= \frac{\sum_{j=1}^s (\sum_{i=1}^t Y_{ij})^2}{t} - FK \\ &= \frac{(126.65^2 + 117.30^2 + 119.65^2)}{12} - 3672.31 = 3.95 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JKNA &= \frac{\left\{ \sum_i \sum_j Y_{ij} (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})(\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..}) \right\}^2}{r \sum_i (\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2 \sum_j (\bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2} \\ &= \frac{(-0.21)^2}{4 \times \left( 1.91^2 + \dots + (-2)^2 \right) \times (0.45^2 + \dots + (-0.13)^2)} = 0.00 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} JKG &= JKT - JK\alpha - JK\beta - JKNA \\ &= 66.30 - 52.95 - 3.95 - 0.00 = 9.40 \end{aligned}$$

SK	db	JK	KT	F	P-Value
Genotipe	11	52,95	4,81		
Lingkungan	2	3,95	1,97		
Non Aditifitas	1	0,00	0,00	0,00	0,948
Galat	21	9,40	0,45		
Total	35	66,30			

Lampiran 3. Uji Normalitas Shapiro-Wilk menggunakan *software* Genstat 15

- a. Uji Normalitas Shapiro-Wilk respon tinggi tanaman kedelai (cm) menggunakan *software* Genstat 15

**Shapiro-Wilk test for Normality**

Data variate:	Residual
Test statistic W:	0.9917
Probability:	0.564

- b. Uji Normalitas Shapiro-Wilk respon banyak cabang kedelai menggunakan *software* Genstat 15

**Shapiro-Wilk test for Normality**

Data variate:	Residual
Test statistic W:	0.9900
Probability:	0.396

- c. Uji Normalitas Shapiro-Wilk respon banyak polong isi kedelai menggunakan *software* Genstat 15

**Shapiro-Wilk test for Normality**

Data variate:	Residual
Test statistic W:	0.9870
Probability:	0.194

- d. Uji Normalitas Shapiro-Wilk respon bobot biji kedelai (ton/ha) menggunakan *software* Genstat 15

**Shapiro-Wilk test for Normality**

Data variate:	Residual
Test statistic W:	0.9803
Probability:	0.056

Lampiran 4. Uji Homogenitas Bartlett menggunakan *software* Genstat 15

- a. Uji Homogenitas Bartlett respon tinggi tanaman kedelai (cm) menggunakan *software* Genstat 15

Bartlett's test for homogeneity of variances

Chi-square 38.99 on 144 degrees of freedom: probability 0.295

- b. Uji Homogenitas Bartlett respon banyak cabang kedelai menggunakan *software* Genstat 15

Bartlett's test for homogeneity of variances

Chi-square 30.13 on 144 degrees of freedom: probability 0.702

- c. Uji Homogenitas Bartlett respon banyak polong isi kedelai menggunakan *software* Genstat 15

Bartlett's test for homogeneity of variances

Chi-square 36.61 on 144 degrees of freedom: probability 0.394

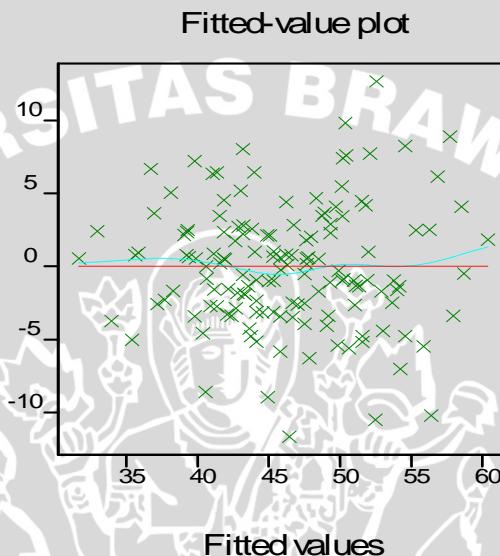
- d. Uji Homogenitas Bartlett respon bobot biji kedelai (ton/ha) menggunakan *software* Genstat 15

Bartlett's test for homogeneity of variances

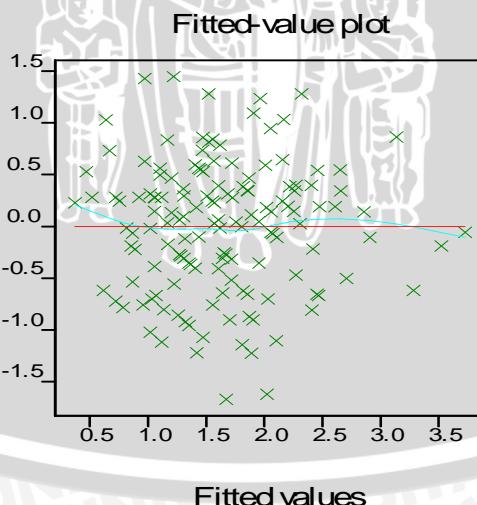
Chi-square 55.04 on 144 degrees of freedom: probability 0.107

Lampiran 5. Plot nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ ) pada keempat respon tanaman kedelai menggunakan *software* Genstat 15

a. Tinggi Tanaman Kedelai (cm)



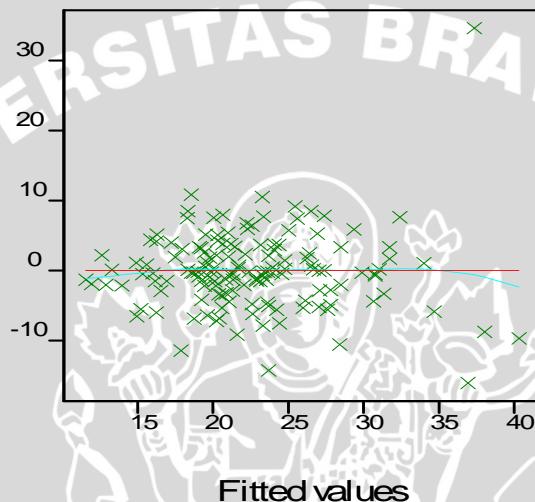
b. Banyak Cabang Kedelai



Lampiran 5. Plot nilai dugaan galat percobaan ( $e_{ij}$ ) dengan nilai dugaan respons ( $Y_{ij}$ ) pada keempat respon tanaman kedelai menggunakan *software* Genstat 15 (lanjutan)

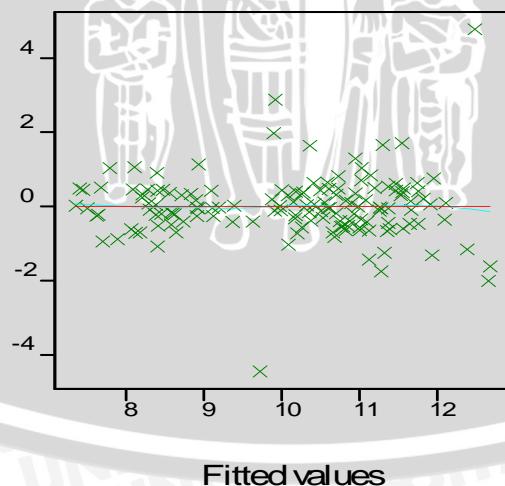
c. Banyak Polong Isi Kedelai

Fitted-value plot



d. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

Fitted-value plot



Lampiran 6. Analisis Ragam dari 4 respon tanaman kedelai menggunakan *software* Genstat 15

a. Tinggi Tanaman Kedelai (cm)

Analysis of variance					
Variate: Tinggi_Tanaman_Kedelai	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	813	90.3	4.53	0.00005
Blok*Units* stratum					
Genotipe	11	1904	173.1	8.67	0.00000
Lingkungan	2	1933	966.5	48.42	0.00006
Genotipe.Lingkungan	22	650	29.5	1.48	0.09861
Residual	99	1976	20		
Total	143	7276			

b. Banyak Cabang Kedelai

Analysis of variance					
Variate: Banyak_Cabang_Kedelai	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	22.84	2.538	6.15	0.00000
Blok*Units* stratum					
Genotipe	11	20.88	1.898	4.60	0.00001
Lingkungan	2	0.53	0.265	0.64	0.90164
Genotipe.Lingkungan	22	27.15	1.234	2.99	0.00022
Residual	99	40.86	0.413		
Total	143	112.26			

c. Banyak Polong Isi Kedelai

Analysis of variance					
Variate: Banyak_Polong_Isi_Kedelai	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	1163	129.2	3.50	0.00085
Blok*Units* stratum					
Genotipe	11	758	68.9	1.87	0.05291
Lingkungan	2	881	440.5	11.94	0.03700
Genotipe.Lingkungan	22	2230	101.4	2.75	0.00042
Residual	99	3654	36.9		
Total	143	8686			

d. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

Analysis of variance					
Variate: Bobot_Biji_Kedelai	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	12.3	1.367	1.34	0.22409
Blok*Units* stratum					
Genotipe	11	211.8	19.253	18.94	0.00000
Lingkungan	2	15.8	7.893	7.77	0.00424
Genotipe.Lingkungan	22	37.6	1.710	1.68	0.04392
Residual	99	100.6	1.016		
Total	143	378.1			

Lampiran 7. Penguraian Bilinier terhadap Matriks Pengaruh Interaksi pada masing-masing respon tanaman kedelai menggunakan Microsoft Excel 2010

a. Banyak Cabang Kedelai

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
2.179082	4.748399	0.699508
1.428214	2.039796	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>		6.788194

b. Banyak Polong Isi Kedelai

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
20.97547	439.9703	0.789042
10.84576	117.6304	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>		557.6007

c. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
2.834812	8.036162	0.854568
1.169449	1.367611	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>		9.403773

Lampiran 8. Analisis Ragam Model AMMI pada masing-masing respon tanaman kedelai menggunakan *software* Genstat 15

a. Banyak Cabang Kedelai

ANOVA table for AMMI model					
Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	112.26	0.785	*	*
Treatments	35	48.56	1.387	3.36	0.00000
Genotypes	11	20.88	1.898	4.60	0.00001
Environments	2	0.53	0.265	0.64	0.90164
Block	9	22.84	2.538	6.15	0.00000
Interactions	22	27.15	1.234	2.99	0.00022
IPCA	12	18.99	1.583	3.83	0.00007
IPCA	10	8.16	0.816	1.98	0.01219
Residuals	0	0.00	*	*	*
Error	99	40.86	0.413	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

b. Banyak Polong Isi Kedelai

ANOVA table for AMMI model					
Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	8686	60.7	*	*
Treatments	35	3869	110.5	2.99	0.00001
Genotypes	11	758	68.9	1.87	0.05291
Environments	2	881	440.5	11.94	0.03700
Block	9	1163	129.2	3.50	0.00085
Interactions	22	2230	101.4	2.75	0.00042
IPCA	12	1760	146.7	3.98	0.00006
IPCA	10	470	47	1.27	0.28245
Residuals	0	0	*	*	*
Error	99	3654	36.9	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

c. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

ANOVA table for AMMI model					
Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	378.1	2.644	*	*
Treatments	35	265.2	7.577	7.45	0.00000
Genotypes	11	211.8	19.253	18.94	0.00000
Environments	2	15.8	7.893	7.77	0.00424
Block	9	12.3	1.367	1.34	0.22409
Interactions	22	37.6	1.710	1.68	0.04392
IPCA	12	32.1	2.679	2.64	0.00424
IPCA	10	5.5	0.547	0.54	0.85919
Residuals	0	0.0	*	*	*
Error	99	100.6	1.016	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

Lampiran 9. Skor IPCA berdasarkan *genotipe* dan lingkungan masing-masing respon tanaman kedelai menggunakan software Genstat 15

### a. Banyak Cabang Kedelai

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	1.039	-0.17859	-0.01255
Tgm/Anj-847	2	1.672	-0.14601	0.00142
Tgm/Anj-857	3	1.261	-0.13416	-0.00263
Tgm/Anj-862	4	1.567	-0.54056	0.42696
Tgm/Anj-888	5	1.550	-0.03579	0.32699
Tgm/Anj-784	6	2.106	0.00712	0.65986
Tgm/Anj-844	7	2.150	0.07965	0.11817
Tgm/Anj-832	8	1.178	-0.47294	-0.27458
Tgm/Anj-858	9	2.272	1.04576	-0.01802
Tgm/Anj-856	10	1.794	-0.23216	0.45083
Willis	11	1.317	-0.12868	-0.35087
Tanggamus	12	1.689	-0.66148	0.37171
Environment means and scores				
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	1.549	1.17093	-0.23293
KP Tegineneng	2	1.663	0.32112	0.89030
KP Pesawaran	3	1.687	0.84981	0.65737

### b. Banyak Polong Isi Kedelai

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	21.25	-0.09594	-0.74159
Tgm/Anj-847	2	26.08	1.00403	0.54595
Tgm/Anj-857	3	21.93	-0.03758	-0.16627
Tgm/Anj-862	4	22.10	1.30431	-0.02484
Tgm/Anj-888	5	18.15	-1.18501	-0.31979
Tgm/Anj-784	6	21.88	-0.99200	-1.54349
Tgm/Anj-844	7	23.70	0.20572	0.47444
Tgm/Anj-832	8	20.62	0.13117	-1.19884
Tgm/Anj-858	9	26.37	-0.43608	0.64665
Tgm/Anj-856	10	24.38	0.81725	2.18447
Willis	11	20.60	0.58108	-0.06016
Tanggamus	12	23.90	1.70305	0.65598
Environment means and scores				
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	21.49	-3.72872	0.09285
KP Tegineneng	2	20.25	1.97697	2.25946
KP Pesawaran	3	26.00	1.75175	2.35232

### c. Bobot Biji Kedelai (ton/ha)

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	12.01	0.62431	-0.31141
Tgm/Anj-847	2	11.02	0.18151	0.50296
Tgm/Anj-857	3	10.90	0.70399	-0.02372
Tgm/Anj-862	4	10.62	0.35404	-0.20361
Tgm/Anj-888	5	10.97	0.12855	0.44479
Tgm/Anj-784	6	10.34	0.03693	-0.53282
Tgm/Anj-844	7	10.16	0.61153	0.11896
Tgm/Anj-832	8	10.71	0.83010	0.31909
Tgm/Anj-858	9	9.92	-0.58627	0.10803
Tgm/Anj-856	10	8.36	-0.30191	-0.36158
Willis	11	8.09	-0.17717	0.18822
Tanggamus	12	8.10	-0.49395	-0.04392
Environment means and scores				
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	10.55	0.61896	0.78841
KP Tegineneng	2	9.77	1.37253	-0.04991
KP Pesawaran	3	9.97	0.75357	0.73849

Lampiran 10. Nilai *AMMI Stability Value* (ASV) masing-masing respon tanaman kedelai

a. Banyak Cabang Kedelai

<i>Genotype</i>	JK IPCA1	JK IPCA2	Skor IPCA1	Skor IPCA2	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	18.99	8.16	-0.17859	-0.01255	0.43045	5
Tgm/Anj-847			-0.14601	0.00142	0.33770	2
Tgm/Anj-857			-0.13416	-0.00263	0.30798	1
Tgm/Anj-862			-0.54056	0.42696	1.07498	10
Tgm/Anj-888			-0.03579	0.32699	0.57786	7
Tgm/Anj-784			0.00712	0.65986	0.81249	8
Tgm/Anj-844			0.07965	0.11817	0.39055	3
Tgm/Anj-832			-0.47294	-0.27458	0.96789	9
Tgm/Anj-858			1.04576	-0.01802	2.43740	12
Tgm/Anj-856			-0.23216	0.45083	0.39865	4
WILIS			-0.12868	-0.35087	0.51107	6
TANGGAMUS			-0.66148	0.37171	1.65574	11

b. Banyak Polong Isi Kedelai

<i>Genotype</i>	Skor IPCA1	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	-0.09594	-0.09594	2
Tgm/Anj-847			
Tgm/Anj-857			
Tgm/Anj-862			
Tgm/Anj-888			
Tgm/Anj-784			
Tgm/Anj-844			
Tgm/Anj-832			
Tgm/Anj-858			
Tgm/Anj-856			
WILIS			
TANGGAMUS			

c. Bobot BijiKedelai (ton/ha)

<i>Genotype</i>	Skor IPCA1	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	0.62431	0.62431	10
Tgm/Anj-847			
Tgm/Anj-857			
Tgm/Anj-862			
Tgm/Anj-888			
Tgm/Anj-784			
Tgm/Anj-844			
Tgm/Anj-832			
Tgm/Anj-858			
Tgm/Anj-856			
WILIS			
TANGGAMUS			

Lampiran 11. Rata-rata IPT1 12 *Genotype* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung

Genotype	IPT1							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	0.3280	0.4646	0.2523	0.3105	0.3617	0.4132	0.3153	0.3535
Tgm/Anj-847	0.4021	0.4809	0.3470	0.2418	0.4157	0.4209	0.4579	0.1525
Tgm/Anj-857	0.2877	0.3548	0.3437	0.2807	0.2300	0.3222	0.3191	0.4368
Tgm/Anj-862	0.2784	0.3247	0.1966	0.2964	0.4229	0.5024	0.4219	0.2596
Tgm/Anj-888	0.4059	0.3279	0.2841	0.5324	0.2756	0.3584	0.2512	0.2481
Tgm/Anj-784	0.5294	0.5852	0.2976	0.3704	0.2526	0.3708	0.3192	0.2496
Tgm/Anj-844	0.3059	0.4322	0.3625	0.4264	0.3279	0.3559	0.4460	0.2544
Tgm/Anj-832	0.4150	0.3099	0.4279	0.3780	0.3447	0.2873	0.3929	0.1488
Tgm/Anj-858	0.5180	0.5900	0.5195	0.8082	0.4715	0.4080	0.3263	0.1043
Tgm/Anj-856	0.3455	0.2054	0.3287	0.2553	0.4689	0.4532	0.4434	0.1949
WILIS	0.3431	0.2283	0.1786	0.2088	0.2809	0.3892	0.3325	0.1031
TANGGAMUS	0.2711	0.2034	0.0930	0.3081	0.2303	0.4725	0.3612	0.1384

Genotype	IPT1			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	0.3618	0.2449	0.3770	0.3883
Tgm/Anj-847	0.4757	0.4402	0.3332	0.4690
Tgm/Anj-857	0.3664	0.3528	0.2325	0.3195
Tgm/Anj-862	0.3118	0.4138	0.3064	0.5250
Tgm/Anj-888	0.4166	0.4812	0.2971	0.4260
Tgm/Anj-784	0.4413	0.5063	0.4518	0.4495
Tgm/Anj-844	0.3953	0.5316	0.5563	0.3946
Tgm/Anj-832	0.3762	0.1841	0.3526	0.3316
Tgm/Anj-858	0.3807	0.3504	0.3188	0.3214
Tgm/Anj-856	0.2546	0.3862	0.2994	0.3407
WILIS	0.2449	0.3717	0.1568	0.3259
TANGGAMUS	0.4774	0.4693	0.3088	0.3535

Lampiran 12. Rata-rata IPT2 12 Genotype Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung

Genotype	IPT2							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	-0.3187	0.5522	-2.2595	-1.6196	-0.4684	0.0419	-0.8279	-3.4554
Tgm/Anj-847	-0.4774	0.6889	-1.0188	-1.9621	0.7301	0.5813	1.1787	-2.3615
Tgm/Anj-857	-0.8960	-0.2456	-0.7649	-0.8541	-1.6562	-0.8698	-1.0852	-0.1004
Tgm/Anj-862	-1.0745	-0.1817	-2.7447	-1.3003	0.6865	0.9637	0.3408	-1.4300
Tgm/Anj-888	-0.0315	-0.5525	-1.4605	1.3691	-1.1747	-0.3314	-1.6136	-1.5952
Tgm/Anj-784	0.2149	1.7541	-0.4869	0.2998	-1.3881	0.0626	-0.6815	-1.2528
Tgm/Anj-844	-0.5371	0.1619	-0.4734	0.4309	-0.0302	0.3869	1.4206	-0.4611
Tgm/Anj-832	-0.3206	-1.0299	-0.1638	-0.2147	0.3370	-0.3080	0.8674	-1.7534
Tgm/Anj-858	1.4562	2.4818	0.5091	5.9726	1.7359	1.0637	0.2137	-2.4225
Tgm/Anj-856	0.8013	-0.4002	0.0817	-0.3492	2.1034	1.9633	1.6712	-0.7420
WILIS	0.3470	-0.3037	-1.8157	-0.8897	0.2528	1.4115	1.1139	-1.7126
TANGGAMUS	-0.4447	-0.3885	-1.8862	-0.0282	-0.9017	2.1985	1.1752	-1.4560

Genotype	IPT2			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	-0.8738	-1.8636	0.0898	0.4905
Tgm/Anj-847	1.7747	0.6996	0.0020	0.9948
Tgm/Anj-857	-0.5498	0.4053	-0.8511	-0.0329
Tgm/Anj-862	-0.5723	0.9756	0.0458	1.7651
Tgm/Anj-888	-0.3306	0.8571	-0.9529	-0.0351
Tgm/Anj-784	0.1066	2.2297	-0.3078	3.0937
Tgm/Anj-844	0.6185	1.4910	1.9283	0.2711
Tgm/Anj-832	-1.1947	-1.3799	-0.8185	-0.4574
Tgm/Anj-858	0.4717	-0.1659	-0.4972	-0.2785
Tgm/Anj-856	0.0065	0.9076	0.6100	0.5960
WILIS	0.2990	0.8777	-1.2157	1.2710
TANGGAMUS	2.4039	2.4525	1.1393	1.4560

Lampiran 13. Rata-rata IPT3 12 *Genotype* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung

Genotype	IPT3							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	0.1440	1.7601	0.1242	0.2259	0.0126	0.8863	0.0565	2.5823
Tgm/Anj-847	0.8361	2.0434	0.7643	-0.1885	0.7057	0.8621	1.4130	-1.8683
Tgm/Anj-857	-0.4814	0.6633	0.6131	-0.6366	-0.5322	0.2118	0.2202	1.4141
Tgm/Anj-862	-0.6095	0.0312	-0.8427	-0.1675	0.8672	1.5236	0.9637	-0.8720
Tgm/Anj-888	0.7633	0.2208	-0.3640	1.9961	-0.6332	-0.1003	-0.9815	-1.0498
Tgm/Anj-784	2.3240	2.9393	-0.4176	-0.0698	-1.0272	0.0194	-0.7776	-1.1339
Tgm/Anj-844	-0.2313	1.2318	0.0312	1.0246	-0.8217	-0.3927	0.2249	-1.3032
Tgm/Anj-832	1.0449	0.0153	1.2538	0.2575	-0.6026	-0.6857	0.1966	-2.1471
Tgm/Anj-858	1.6732	1.9256	2.0237	5.1825	0.6364	-0.4276	-0.9357	-2.8272
Tgm/Anj-856	-0.7437	-2.3192	-0.8414	-1.3229	0.4591	0.1882	0.0860	-1.5510
WILIS	-0.6399	-1.8868	-1.5211	-2.0849	-1.8709	-0.9266	-1.1123	-3.0886
TANGGAMUS	-0.9690	-2.3626	-3.2353	-1.2241	-1.6452	0.5015	-0.5496	-2.4598

Genotype	IPT3			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	1.0166	-0.1586	1.0003	1.0951
Tgm/Anj-847	1.5738	1.2137	0.1407	1.6997
Tgm/Anj-857	1.0009	-0.4610	-0.7512	-0.1252
Tgm/Anj-862	-0.1009	0.5855	-0.4170	1.7133
Tgm/Anj-888	1.0822	1.1285	-0.2703	1.1719
Tgm/Anj-784	1.4367	1.1760	1.7877	-1.1331
Tgm/Anj-844	0.3292	1.9391	2.2936	0.4320
Tgm/Anj-832	1.4163	-1.5567	0.8118	0.2631
Tgm/Anj-858	0.0831	-0.3187	0.0159	-0.0050
Tgm/Anj-856	-1.4567	0.0476	-1.6147	-0.7725
WILIS	-1.7508	-0.2369	-2.1651	-1.2997
TANGGAMUS	0.5303	0.3502	-1.6017	-0.8002

Lampiran 14. Rata-rata IPT4 12 *Genotype* Kedelai di tiga lingkungan lahan asam di Lampung

Genotype	IPT4							
	KP Natar				KP Tegineneng			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	0.9265	1.2317	0.6409	0.8005	0.9868	1.1092	0.8675	0.7173
Tgm/Anj-847	1.0523	1.2685	0.9052	0.6461	1.1648	1.1623	1.2676	0.4698
Tgm/Anj-857	0.8172	0.9758	0.9189	0.8090	0.6495	0.8758	0.8545	1.1373
Tgm/Anj-862	0.7887	0.9314	0.5135	0.8013	1.1734	1.3407	1.1459	0.7313
Tgm/Anj-888	1.0918	0.9089	0.7691	1.4202	0.7766	0.9916	0.7037	0.7001
Tgm/Anj-784	1.3289	1.5355	0.8641	1.0584	0.7230	1.0414	0.9013	0.7282
Tgm/Anj-844	0.8740	1.1493	0.9877	1.1601	0.9641	1.0413	1.2825	0.7953
Tgm/Anj-832	1.0851	0.8436	1.1179	1.0324	1.0192	0.8607	1.1378	0.5093
Tgm/Anj-858	1.4030	1.6140	1.3347	2.2326	1.3479	1.1935	0.9798	0.3863
Tgm/Anj-856	1.0552	0.7195	0.9739	0.8051	1.3710	1.3349	1.2969	0.6605
WILIS	1.0173	0.7642	0.5535	0.6885	0.9084	1.1887	1.0573	0.4376
TANGGAMUS	0.8239	0.7172	0.4080	0.9319	0.7228	1.3842	1.1090	0.5145

Genotype	IPT4			
	KP Pesawaran			
	1	2	3	4
Tgm/Anj-889	0.9403	0.6585	1.0372	1.0857
Tgm/Anj-847	1.3413	1.2027	0.9589	1.2720
Tgm/Anj-857	0.9721	1.0376	0.7139	0.9339
Tgm/Anj-862	0.8809	1.1802	0.9184	1.4377
Tgm/Anj-888	1.0871	1.2980	0.8284	1.1244
Tgm/Anj-784	1.1602	1.4417	1.1463	1.4297
Tgm/Anj-844	1.1231	1.4280	1.5012	1.0960
Tgm/Anj-832	0.9398	0.5951	0.9294	0.9220
Tgm/Anj-858	1.0883	0.9909	0.8980	0.9186
Tgm/Anj-856	0.8306	1.1298	0.9654	1.0319
WILIS	0.8367	1.1039	0.5627	1.0582
TANGGAMUS	1.4074	1.3979	1.0204	1.1174

Lampiran 15. Analisis Komponen Utama menggunakan *software*  
Genstat 15

Principal components analysis

Latent roots

1	2	3
1.679	0.947	0.374

Percentage variation

1	2	3
55.98	31.57	12.46

Trace

3.000

Latent vectors (loadings)

	1	2	3
Banyak_Cabang_Kedelai	0.68470	0.15771	0.71156
Banyak_Polong_Isi_Kedelai	0.67604	0.22738	-0.70091
Bobot_Biji_Kedelai	-0.27233	0.96095	0.04907

## Lampiran 16. Analisis Ragam masing-masing IPT menggunakan software Genstat 15

### a. IPT1

Analysis of variance					
Variate: IPT1					
Source of variation	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	0.2832	0.03147	4.98	0.00002
Blok * Units* stratum					
Genotipe	11	0.2791	0.02537	4.01	0.00008
Lingkungan	2	0.0420	0.02099	0.67	0.51545
Genotipe.Lingkungan	22	0.4550	0.02068	3.27	0.00003
Residual	99	0.6257	0.00632		
Total	143	1.6850			

### b. IPT2

Analysis of variance					
Variate: IPT2					
Source of variation	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	50.38	5.598	7.15	0.00000
Blok * Units* stratum					
Genotipe	11	40.54	3.685	4.71	0.00001
Lingkungan	2	10.15	5.077	0.91	0.40711
Genotipe.Lingkungan	22	56.83	2.583	3.30	0.00003
Residual	99	77.51	0.783		
Total	143	235.40			

### c. IPT3

Analysis of variance					
Variate: IPT3					
Source of variation	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	15.92	1.769	2.04	0.04231
Blok * Units* stratum					
Genotipe	11	75.01	6.819	7.87	0.00000
Lingkungan	2	10.52	5.258	2.97	0.05577
Genotipe.Lingkungan	22	54.88	2.495	2.88	0.00019
Residual	99	85.78	0.866		
Total	143	242.11			

### d. IPT4

Analysis of variance					
Variate: IPT4					
Source of variation	d.f.	s.s.	m.s.	v.r.	F pr.
Blok stratum	9	2.196	0.2440	6.17	0.00000
Blok * Units* stratum					
Genotipe	11	1.450	0.1318	3.33	0.00062
Lingkungan	2	0.303	0.1516	0.62	0.53931
Genotipe.Lingkungan	22	2.956	0.1344	3.40	0.00002
Residual	99	3.914	0.0395		
Total	143	10.819			

Lampiran 17. Penguraian Bilinier terhadap Matriks Pengaruh Interaksi pada masing-masing respon gabungan/IPT menggunakan Microsoft Excel 2010

a. IPT1

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
0.292695	0.085671	0.753113
0.167585	0.028085	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>	0.113755	

b. IPT2

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
3.228629	10.42404	0.733761
1.944806	3.782272	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>	14.20631	

c. IPT3

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
3.327538	11.07251	0.806989
1.627345	2.648252	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>	13.72076	

d. IPT4

Singular and eigenvalues for the SVD (U LAMBDA V')		
Singular values	Eigen values	Cumulative % of Eigenvalues
0.745249	0.555396	0.751605
0.428428	0.18355	1
0	0	1
<i>Sum of eigenvalues</i>	0.738946	

## Lampiran 18. Analisis Ragam Model AMMI masing-masing respon gabungan /IPT menggunakan *software* Genstat 15

### a. IPT1

ANOVA table for AMMI model

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	1.6850	0.01178	*	0.00000
Treatments	35	0.7761	0.02217	3.51	0.00008
Genotypes	11	0.2791	0.02537	4.01	0.51545
Environments	2	0.0420	0.02099	0.67	0.00002
Block	9	0.2832	0.03147	4.98	0.00003
Interactions	22	0.4550	0.02068	3.27	0.00003
IPCA	12	0.3427	0.02856	4.52	0.00001
IPCA	10	0.1123	0.01123	1.78	0.07454
Residuals	0	0.0000	*	*	*
Error	99	0.6257	0.00632	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

### b. IPT2

ANOVA table for AMMI model

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	235.40	1.646	*	0.00000
Treatments	35	107.51	3.072	3.92	0.00001
Genotypes	11	40.54	3.685	4.71	0.00001
Environments	2	10.15	5.077	0.91	0.40711
Block	9	50.38	5.598	7.15	0.00000
Interactions	22	56.83	2.583	3.30	0.00003
IPCA	12	41.70	3.475	4.44	0.00001
IPCA	10	15.13	1.513	1.93	0.04937
Residuals	0	0.00	*	*	*
Error	99	77.51	0.783	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

### c. IPT3

ANOVA table for AMMI model

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	242.11	1.693	*	0.00000
Treatments	35	140.41	4.012	4.63	0.00000
Genotypes	11	75.01	6.819	7.97	0.00000
Environments	2	10.52	5.258	2.97	0.05577
Block	9	15.92	1.769	2.04	0.04231
Interactions	22	54.88	2.495	2.88	0.00019
IPCA	12	44.29	3.691	4.26	0.00002
IPCA	10	10.59	1.059	1.22	0.28610
Residuals	0	0.00	*	*	*
Error	99	85.78	0.866	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

### d. IPT4

ANOVA table for AMMI model

Source	df	SS	MS	F	F_prob
Total	143	10.819	0.0757	*	0.00000
Treatments	35	4.709	0.1345	3.40	0.00000
Genotypes	11	1.450	0.1318	3.33	0.00062
Environments	2	0.303	0.1516	0.62	0.53931
Block	9	2.196	0.2440	6.17	0.00000
Interactions	22	2.956	0.1344	3.40	0.00002
IPCA	12	2.222	0.1851	4.68	0.00001
IPCA	10	0.734	0.0734	1.86	0.06039
Residuals	0	0.000	*	*	*
Error	99	3.914	0.0395	*	*

NB: the block source of variation refers to blocks within environments

Lampiran 19. Skor IPCA berdasarkan *genotype* dan lingkungan masing-masing respon gabungan/IPT menggunakan software Genstat 15

### a. IPT1

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	0.3476	-0.03017	0.09995
Tgm/Anj-847	2	0.3864	0.04231	-0.05007
Tgm/Anj-857	3	0.3205	-0.08804	0.08623
Tgm/Anj-862	4	0.3550	-0.19243	-0.07156
Tgm/Anj-888	5	0.3307	0.07093	0.19093
Tgm/Anj-784	6	0.4020	0.10885	-0.19958
Tgm/Anj-844	7	0.3991	0.03337	-0.14549
Tgm/Anj-832	8	0.3291	0.11445	0.05503
Tgm/Anj-858	9	0.4264	0.40486	0.09296
Tgm/Anj-856	10	0.3313	-0.12385	0.17913
Willis	11	0.2637	-0.06266	0.06783
Tanggamus	12	0.3073	-0.19597	-0.12672
Environment means and scores	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	0.3539	0.44003	0.02932
KP Tegineneng	2	0.3306	-0.25357	-0.27370
KP Pesawaran	3	0.3723	0.18646	-0.30301

### b. IPT2

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	-0.8760	-0.11168	-0.08602
Tgm/Anj-847	2	0.0692	-0.38857	0.04998
Tgm/Anj-857	3	-0.6251	-0.08917	-0.09669
Tgm/Anj-862	4	-0.2105	-0.58910	0.22452
Tgm/Anj-888	5	-0.4876	-0.31257	-0.36209
Tgm/Anj-844	6	-0.0303	-0.11171	-0.11717
Tgm/Anj-844	7	0.4339	0.23283	0.04778
Tgm/Anj-832	8	-0.5364	-0.31920	-0.57562
Tgm/Anj-858	9	0.8784	1.36047	-0.03691
Tgm/Anj-856	10	0.6041	0.13297	0.68551
Willis	11	-0.0304	-0.23874	0.32033
Tanggamus	12	0.4767	-0.72040	0.35919
Environment means and scores	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	0.241	1.484	0.240
KP Tegineneng	2	-0.1579	0.45042	1.08367
KP Pesawaran	3	0.3740	0.98399	0.84458

### c. IPT3

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	0.7288	0.31145	0.26834
Tgm/Anj-847	2	0.7663	0.00295	0.16960
Tgm/Anj-857	3	0.0946	-0.27937	0.44439
Tgm/Anj-862	4	0.2229	-0.60015	0.12514
Tgm/Anj-888	5	0.2470	0.27373	-0.36681
Tgm/Anj-784	6	0.4270	0.50980	-0.28146
Tgm/Anj-844	7	0.3965	0.14215	0.64960
Tgm/Anj-832	8	0.0001	0.57070	-0.02242
Tgm/Anj-856	9	0.9585	1.25339	-0.55144
Tgm/Anj-856	10	-0.8201	-0.59675	0.46563
Willis	11	-1.5486	-0.12353	-0.05617
Tanggamus	12	-1.1221	-0.61163	0.37692
Environment means and scores	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	0.1657	1.38801	-0.37775
KP Tegineneng	2	-0.3811	1.16181	0.65175
KP Pesawaran	3	0.2154	0.22621	1.02950

### d. IPT4

AMMI Analysis				
Genotype means and scores				
Genotype	NG	Gm	IPCAg[1]	IPCAg[2]
Tgm/Anj-889	1	0.91	-0.00222	0.34734
Tgm/Anj-847	2	1.059	-0.11073	-0.09118
Tgm/Anj-857	3	0.891	-0.00733	0.08008
Tgm/Anj-862	4	0.987	-0.29968	-0.12608
Tgm/Anj-888	5	0.975	0.11803	0.20251
Tgm/Anj-784	6	1.113	0.12890	-0.37008
Tgm/Anj-844	7	1.117	0.08905	-0.16508
Tgm/Anj-832	8	0.916	0.17222	0.14799
Tgm/Anj-858	9	1.199	0.656807	0.08933
Tgm/Anj-856	10	1.015	-0.14938	0.31641
Willis	11	0.848	-0.10640	0.13186
Tanggamus	12	0.963	-0.32909	-0.19325
Environment means and scores	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
Environment	NE	Em	IPCAe[1]	IPCAe[2]
KP Natar	1	0.985	0.70438	0.01984
KP Tegineneng	2	0.953	-0.32953	-0.47243
KP Pesawaran	3	1.062	0.37485	-0.45259

## Lampiran 20. Nilai *AMMI Stability Value* (ASV) masing-masing respon gabungan/IPT

### a. IPT1

<i>Genotype</i>	Skor IPCA1	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	-0.03017	-0.03017	2
Tgm/Anj-847	0.04231	0.04231	4
Tgm/Anj-857	-0.01804	-0.01804	1
Tem/Anj-862	-0.19243	-0.19243	10
Tgm/Anj-888	0.07066	0.07066	6
Tgm/Anj-784	0.10885	0.10885	7
Tgm/Anj-844	0.03337	0.03337	3
Tgm/Anj-832	0.11445	0.11445	8
Tgm/Anj-858	0.40486	0.40486	12
Tgm/Anj-856	-0.12385	-0.12385	9
WILIS	-0.06266	-0.06266	5
TANGGAMUS	-0.19599	-0.19599	11

### b. IPT2

<i>Genotype</i>	JK IPCA1	JK IPCA2	Skor IPCA1	Skor IPCA2	ASV	Rank
Tgm/Anj-889			-0.11168	-0.08602	0.42516	3
Tgm/Anj-847			-0.38857	0.04998	1.09403	9
Tgm/Anj-857			-0.08917	-0.09669	0.39634	2
Tgm/Anj-862			-0.58910	0.22452	1.55295	10
Tem/Anj-888			-0.31257	-0.36209	1.05083	8
Tgm/Anj-784			0.10931	0.84114	0.96535	7
Tgm/Anj-844			0.23263	0.04778	0.67739	5
Tgm/Anj-832			-0.31920	-0.57562	0.44536	4
Tgm/Anj-858			1.36047	-0.03691	3.74468	12
Tgm/Anj-856			0.13297	0.68551	0.74243	6
WILIS			-0.23874	0.32033	0.33560	1
TANGGAMUS			-0.72040	0.35919	2.07399	11

### c. IPT3

<i>Genotype</i>	Skor IPCA1	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	0.31145	0.31145	6
Tgm/Anj-847	0.00295	0.00295	1
Tgm/Anj-857	-0.27997	-0.27997	5
Tgm/Anj-862	-0.60015	-0.60015	10
Tgm/Anj-888	0.27373	0.27373	4
Tgm/Anj-784	0.50980	0.50980	8
Tgm/Anj-844	0.14215	0.14215	3
Tgm/Anj-832	0.34747	0.34747	7
Tgm/Anj-858	1.25329	1.25329	12
Tgm/Anj-856	-0.59675	-0.59675	9
WILIS	-0.12353	-0.12353	2
TANGGAMUS	-0.61163	-0.61163	11

### d. IPT4

<i>Genotype</i>	Skor IPCA1	ASV	Rank
Tgm/Anj-889	-0.00022	-0.00022	1
Tem/Anj-847	-0.11073	-0.11073	5
Tgm/Anj-857	-0.00733	-0.00733	2
Tgm/Anj-862	-0.29968	-0.29968	10
Tgm/Anj-888	0.11803	0.11803	6
Tgm/Anj-784	0.12890	0.12890	7
Tem/Anj-844	0.08905	0.08905	3
Tgm/Anj-832	0.17222	0.17222	9
Tgm/Anj-858	0.65807	0.65807	12
Tgm/Anj-856	-0.14938	-0.14938	8
WILIS	-0.10640	-0.10640	4
TANGGAMUS	-0.32909	-0.32909	11