

PERBANDINGAN MODEL *GENERALIZED* AMMI (GAMMI) DENGAN *ROW COLUMN INTERACTION MODEL* PADA INTERAKSI GENOTIPE DAN LINGKUNGAN

Kurnia Ahadiyah^{1*}, Ardiana Fatma Dewi²

^{1,2}Program Studi Tadris Matematika, IAIN Kediri

E-mail: kurniaahadiyah@iainkediri.ac.id^{1*)}

ardianafatmad.@iainkediri.ac.id²⁾

Keywords

AMMI, GLM, RCIM, SVD,
residu, analisis devian

AMMI, GLM, RCIM, SVD,
residue, devian analysis

ABSTRACT

Model *Generalized* AMMI (GAMMI) merupakan perluasan dari model AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*). Model GAMMI melibatkan konsep *Generalized Linear Model* (GLM) pada variabel responnya. Pada penelitian ini, model GAMMI digunakan untuk data interaksi antara genotipe dan lingkungan yang mempunyai distribusi poisson. Sama halnya dengan model AMMI, model GAMMI juga digunakan untuk menganalisis kestabilan genotipe pada lingkungan yang beragam dengan pengaruh utama perlakuan dimodelkan dengan model aditif sedangkan pengaruh interaksi dimodelkan dengan model multiplikatif (bilinier). Metode lain yang memiliki kemiripan dengan model GAMMI adalah *Row Column Interaction Model* (RCIM). Model ini juga dapat digunakan untuk data yang berdistribusi poisson. Kedua model ini akan dibandingkan nilai analisis devian dan biplotnya. Interpretasi kedua model ditunjukkan melalui biplot dengan penguraian *Singular Value Decomposition* (SVD) pada matriks interaksi. Data yang digunakan untuk membandingkan kedua metode tersebut adalah data hama kedelai yang berisi empat genotipe dan lima jenis hama kedelai. Penelitian ini lebih ditekankan pada perbandingan hasil pemodelan dengan cara yang berbeda. Kedua metode menunjukkan nilai peluang yang hampir sama yaitu untuk model GAMMI dengan regresi bolak-balik sebesar 0,0541, sedangkan model RCIM sebesar 0,0548. Keduanya sama-sama signifikan pada model GAMMI2 karena nilai peluang $< 0,06$.

Generalized AMMI (GAMMI) model is a development of the AMMI (Additive Main Effect and Multiplicative Interaction) model. Model GAMMI involves the concept of Generalized Linear Model (GLM) on the response variable. In this research, GAMMI model used for interaction of genotype and environment data that have poisson distribution. Similar to the AMMI model, GAMMI model also used to analyze the stability of the genotype in any different environment with the main effect of treatment is modeled by additive model, while the effect of the interaction is modeled by multiplicative model (bilinear). Another method which is similar to GAMMI model is Row Column Interaction Model (RCIM). This model also can used for the data that have poisson distribution. These two models will be compared with the analysis value of the deviance and biplot. Interpretation of the model is shown through the biplot with Singular Value Decomposition (SVD) toward interaction matrix. The data used to compare the two methods is soybean pest data which contains four genotypes and five of soybean pests. This research emphasizes on comparing the results of modeling in different ways. The results of the analysis of the two methods show that the probability value is almost the same, for the GAMMI model with alternating

regression is 0.0541, while the RCIM model is 0.0548. Both are equally significant in the GAMMI2 model because the probability value is <0.06.



This is an open access article under the [CC-BY](#) license.



Pendahuluan

Dalam ilmu statistika, telah banyak dikenal metode yang dapat digunakan untuk menilai kestabilan genotipe pada lingkungan yang berbeda. Metode yang sering digunakan adalah metode AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) dimana hasil interpretasinya ditunjukkan secara jelas melalui biplot. (Herawan, et al, 2013). Metode tersebut digunakan untuk menentukan besar kecilnya interaksi antara genotipe dengan lingkungan serta pengaruhnya terhadap stabilitas hasil (Widyastuti, et al., 2013).

Zali, et al (2012: 3126) melakukan penelitian terhadap 17 genotipe buncis dengan empat ulangan di 5 stasiun penelitian yang berbeda dengan menggunakan model AMMI. Agahi, et al (2020 : 1) meneliti interaksi antara 22 genotipe biji lobak (terdiri atas 21 galur dan 1 varietas) pada saat musim semi di 5 lokasi percobaan selama dua musim dengan menggunakan analisis AMMI model. Sharifi

(2017: 174) juga melakukan penelitian persilangan antara 5 kultivar padi di 3 lokasi yang berbeda dengan menggunakan model AMMI.

AMMI merupakan suatu teknik analisis data percobaan dua faktor perlakuan dengan pengaruh utama perlakuan bersifat aditif sedangkan untuk pengaruh interaksi dimodelkan dengan model multiplikatif (bilinier). (Gauch dan Zobel dalam Krisnawati, 2016). Model AMMI dapat merepresentasikan sebuah penelitian ke dalam komponen sistematis yang terdiri dari pengaruh utama (*main effect*) dan pengaruh interaksi melalui suku-suku multiplikatif (*multiplicative interactions*). Komponen acak pada model ini diasumsikan menyebar secara normal dengan ragam yang konstan. Analisis AMMI menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama ganda melalui pemodelan bilinier bagi pengaruh interaksi

yang memanfaatkan *Singular Value Decomposition* (SVD) pada matriks interaksinya (Dewi, et al, 2015).

Model AMMI digunakan untuk data yang mempunyai variabel respon menyebar secara normal (Aini, 2015). Namun, pada jenis data yang digunakan model GAMMI pada penelitian ini variabel responnya tidak memenuhi asumsi kenormalan. Oleh karena itu, model AMMI tidak mampu lagi menganalisis data dengan baik disamping dikarenakan asumsi kenormalan data juga apabila menggunakan model AMMI dapat menyebabkan matriks interaksi tidak dapat tereduksi secara maksimal. Untuk mengatasi ketaknormalan data, Nelder dan Wedderburn (1972) telah mengembangkan model linier yang dikenal dengan *Generalized Linear Model* (GLM). Model ini berlaku untuk variabel respon yang mengikuti keluarga eksponensial. Model multiplikatif (bilinier) menjembatani kesenjangan antara model pengaruh utama (pada ANOVA ataupun GLM) dan model interaksi lengkap dengan sebuah parameter interaksi dalam Tabel dua arah. Model ini juga memberikan visualisasi interaksi melalui biplot. Oleh karena itu, pengembangan teori *Generalized Linear*

Model (GLM) dengan melibatkan komponen multiplikatif untuk interaksi sangat diperlukan. Pada tahun 1995, Van Eeuwijk memperkenalkan model multiplikatif *Generalized AMMI* (GAMMI) sebagai perluasan dari model multiplikatif AMMI dengan melibatkan konsep *Generalized Linear Model* (GLM) dalam variabel responnya. Model ini menggunakan konsep regresi bolak-balik pada perubahan GLM ke dalam model bilinearnya. Pada model ini, visualisasi interaksi juga dapat ditunjukkan melalui biplot. (Acorsi, et al, 2016).

Yee dan Hadi (2014) memperkenalkan *Row Column Interaction Models* (RCIMs) pada program R. RCIM merupakan bagian dari RR-VGLM dimana RCIM terlihat identik dengan model GAMMI pada bentuk interaksinya. Oleh karena itu, untuk lebih memperkuat kesamaan RCIM dengan model GAMMI maka pada penelitian ini akan dibandingkan hasil analisis pendekatan RCIM dengan hasil analisis model GAMMI yang menggunakan konsep Eeuwijk (1995).

Metode Penelitian

Penelitian ini membandingkan dua metode, yaitu model GAMMI dengan

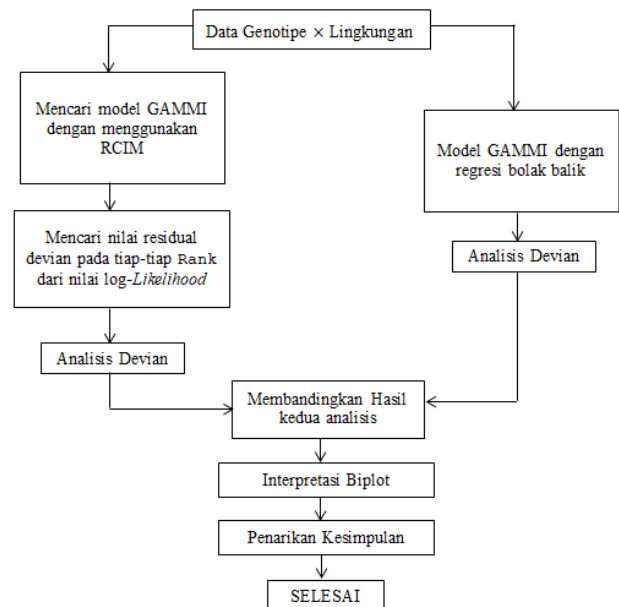
regresi bolak balik dan model RCIM dengan menggunakan analisis devian dari nilai log-likelihood. Tujuan penelitian ini adalah membandingkan dua metode yang berbeda. Oleh karena itu, data yang digunakan penelitian ini adalah data sekunder yang telah dianalisis menggunakan model GAMMI dengan menggunakan software GENSTAT pada penelitian Hadi (2010). Data tersebut diperoleh dari data percobaan pengendalian terhadap daun pada galur kedelai tahan hasil persilangan yang berisi 5 jenis hama daun pada 4 genotipe kedelai. Pada penelitian ini, data tersebut akan dibandingkan dengan metode RCIM yang dianalisis dengan menggunakan bantuan program R i386 4.1.1 melalui paket VGAM dengan pendekatan RCIM untuk model GAMMI.

Adapun langkah-langkah yang dilakukan untuk menganalisis data tersebut adalah sebagai berikut:

1. Menginputkan data. Setelah itu akan dimodelkan ke dalam model GAMMI melalui pendekatan RCIM pada paket VGAM dengan rank = $0, 1, 2, \dots, n$. Fungsi yang digunakan adalah `rcim(data,poissonff,Svd.arg=TRUE,Alpha=0.5,Rank=0,trace=TRUE)`.

2. Kemudian, dilakukan analisis devian yang diperoleh dari perhitungan nilai log-*Likelihood*. Untuk mendapatkan hasil yang dapat menggambarkan keterkaitan genotipe dan hama daun, dilakukan interpretasi biplot pada saat rank = 0.
3. Hasil analisis dan interpretasi tersebut akan dibandingkan dengan penelitian model GAMMI untuk ditarik kesimpulan guna memperlihatkan apakah pendekatan *Row Column Interaction Model* mampu memodelkan GAMMI atau tidak.

Secara umum, langkah-langkah diatas dijelaskan dalam bentuk diagram alur sebagai berikut :



Hasil Penelitian

Hasil Analisis GAMMI dengan Regresi

Bolak-Balik

Data yang diteliti berasal dari percobaan pengendalian terhadap hama daun pada galur kedelai tahan hasil persilangan oleh Balitkabi di Malang, Jawa Timur adalah sebagai berikut :

Tabel 1

Populasi Hama Daun pada Genotipe Kedelai (Rata-Rata dari 4 Ulangan)

Gen	Jenis Hama Daun				
	Bemissia	Empoosca	Agromyza	Lamprosema	Longitarsaus
IAC-100	0,50	1,75	2,25	0,50	1,75
IAC-80	3,00	2,75	1,00	1,75	3,25
W/80	3,50	4,00	1,25	2,00	2,00
Wilis	4,00	3,00	1,00	1,75	4,00

Data pada Tabel 1 merupakan data rata-rata populasi jenis hama daun. Berikut data *count* dari 4 ulangan populasi lima jenis hama daun pada empat genotipe kedelai :

Tabel 2

Total Populasi Hama Daun pada Genotipe Kedelai

Gen	Jenis Hama Daun				
	Bemissia	Empoosca	Agromyza	Lamprosema	Longitarsaus
IAC-100	2	7	9	2	7
IAC-80	12	11	4	7	13
W/80	14	16	5	8	8
Wilis	16	12	4	7	16

Data pada Tabel 2 akan diolah dengan bantuan program R i386 4.1.1 melalui paket VGAM dengan menggunakan pendekatan rcim agar mendapatkan model GAMMI.

Berikut ini hasil analisis devian yang diperoleh dari regresi bolak-balik pada model GAMMI berdasarkan penelitian Hadi (2010):

Tabel 3

Analisis Devian Data Populasi Hama Daun

Sumber	db	Devian	Rataan Devian	Rasio Rataan devian	<i>p-value</i>
Hama Daun	4	4,1845	1,0461	78,38	0,0126
Genotipe	3	2,8359	0,9453	70,83	0,0139
GAMMI1	6	3,6709	0,6118	45,84	0,0215
GAMMI2	4	0,9477	0,2369	17,75	0,0541
Error	2	0,0267	0,0133		
Total	19	11,6656	0,6140		

Berdasarkan tabel 3, diperoleh nilai devian GAMMI2 sebesar 0,9477 dengan rata-rata devian sebesar 0,2369. Pada penelitian Hadi (2010) menunjukkan bahwa model GAMMI2 signifikan, hal ini terbukti dengan *p-value* < 0,06.

Hasil Analisis GAMMI dengan RCIM

Analisis Log-*Likelihood* dari RCIM

Data pada Tabel 2 akan diolah dengan menggunakan pendekatan *Row Column Interaction Model* (RCIM) dan diperoleh nilai log-*Likelihood* pada masing - masing model dengan fungsi "logLik" sebagai berikut :

Tabel 4

Analisis Nilai Log-*Likelihood* dengan RCIM pada Model Multiplikatif

Model RCIM	Nilai log- <i>Likelihood</i>	db model
Null Model	-62.37685	0
Rank = 0	-48.33612	7
Rank = 1 (GAMMI1)	-40.99432	13
Rank = 2 (GAMMI2)	-39.09895	17
Rank = 3 (residual)	-39.04556	19

dari Tabel 4 diatas akan dihitung nilai devian pada masing-masing model mulai dari *null* model sampai model Rank = 3. (Pawitan, 2001) menyebutkan bahwa devian untuk sebuah model μ didefinisikan

seperti rasio *Likelihood* dari *Saturated* model dengan *full* model sebagai berikut :

$$\text{Devian} = 2 \left(\log \left(\frac{L(y; y)}{L(\mu; y)} \right) \right) \quad (1)$$

dimana $L(y; y)$ merupakan *Likelihood* dari *full* model dan $L(\mu; y)$ adalah *Likelihood* dari *saturated* model. Dari persamaan (1) diatas artinya dengan menggunakan pengurangan nilai *log-Likelihood* dapat diperoleh nilai devian dari model.

Analisis devian dari Log-Likelihood

Pada saat Rank=3 merupakan model yang disebut full model karena model Rank=3 adalah model yang paling kompleks (lengkap). Nilai *Log-Likelihood* pada *null* model akan dikurangkan dengan masing-masing model sesuai dengan persamaan (1). Sehingga diperoleh nilai devian masing-masing model sebagai berikut :

Tabel 5
Nilai Devian Residu dari Nilai Log-Likelihood

Model RCIM	Nilai log-Likelihood	Nilai Devian Residu
Null Model	-62.37685	$2(-39.04556 - (-62.37685)) = 46.66258$
Hama Daun	-54.00784	$2(-39.04556 - (-54.00784)) = 29.92456$
Gen	-56.70513	$2(-39.04556 - (-56.70513)) = 35.31915$
Rank = 0	-48.33612	$2(-39.04556 - (-48.33612)) = 18.58113$
Rank = 1	-40.99432	$2(-39.04556 - (-40.99432)) = 3.89752$
Rank = 2	-39.09895	$2(-39.04556 - (-39.09895)) = 0.10678$
Rank = 3	-39.04556	$2(-39.04556 - (-39.04556)) = 0$

dengan menggunakan pendekatan RCIM pada program R juga dapat diperoleh nilai Devian Residu pada masing-masing model sebagai berikut :

Tabel 6
Devian Residu dari Pendekatan RCIM

Model RCIM	log-Likelihood	Nilai Devian Residu	Db Residu
Null Model	-62,37685	46,66258	19
Hama Daun	-54,00784	29,92456	15
Gen	-56,70513	35,31914	16
Rank = 0	-48,33612	18,58112	12
Rank = 1	-40,99432	3,89752	6
Rank = 2	-39,09895	0,10678	2
Rank = 3	-39,04556	0	0

Tabel 5 dan Tabel 6 menunjukkan kesamaan nilai devian pada masing-masing model. Hal ini berarti nilai devian diperoleh dari nilai *log-Likelihood* dan ada hubungan yang berarti antara nilai devian dengan nilai *Log-Likelihood*. Setelah itu, dari nilai residu tersebut akan dilakukan analisis devian dengan cara pengurangan residu devian pada tiap-tiap Rank. Untuk mencari devian model tanpa interaksi (hama daun dan gen) dapat diperoleh dari pengurangan devian residu *Null* Model dengan devian Residu masing-masing model. Sedangkan untuk devian model GAMMI1 diperoleh dari pengurangan devian residu pada Rank = 0 dan Rank = 1 yaitu $18.58113 - 3.89752 = 14,68361$ dengan derajat bebas $12 - 6 = 6$, begitu juga dengan GAMMI2 dan seterusnya.

Analisis devian yang disajikan pada Tabel 7 dan 8 menunjukkan bahwa model GAMMI2 dengan 2 komponen utama memenuhi kelayakan dikarenakan rasio rata-rata devian pada GAMMI2 signifikan pada nilai *p-value* dimana nilai *p-value* < 0,06. Hal ini berarti model GAMMI2 merupakan model terbaik,

sehingga model GAMMI2 dengan distribusi Poisson dapat mengemas model dengan baik. Analisis model RCIM diatas diperoleh analisis devian sebagai berikut :

Tabel 7
 Analisis Devian GAMMI2 dari model RCIM

Sumber	db	Devian	Rataan Devian	Rasio Rataan devian	<i>p-value</i>
Hama Daun	4	16,73702	4,184255	78,37	0,01282667
Gen	3	11,34344	3,781147	70,82	0,01423179
GAMMI1	6	14,68360	2,447267	45,84	0,02171344
GAMMI2	4	3,79074	0,947685	17,75	0,05482109
Residual	2	0,10678	0,053390		
Total	19	46,66158	2,455873		

Tabel 8
 Analisis Devian GAMMI1 dari model RCIM

Sumber	db	Devian	Rataan Devian	Rasio Rataan devian	<i>p-value</i>
Hama Daun	4	16,73702	4,184255	6,44	0,02395082
Gen	3	11,34344	3,781147	5,82	0,03430009
GAMMI1	6	14,68360	2,447267	3,77	0,06696289
GAMMI2					
Residual	6	3,89752	0,649587		
Total	19	46,66158	2,455873		

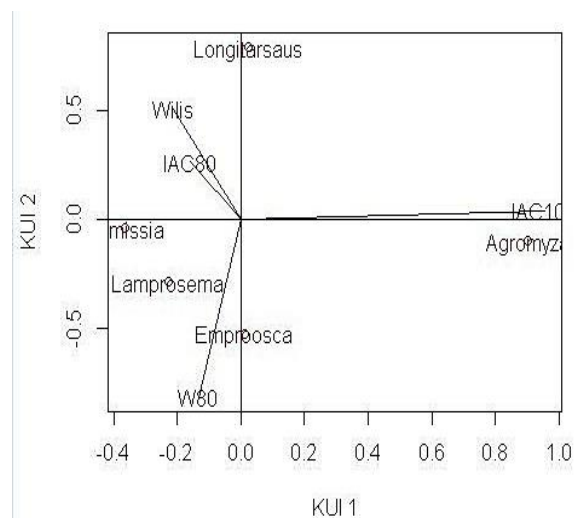
Kesimpulan dari hasil analisis devian melalui pendekatan RCIM tersebut nilai residual devian yang diperoleh dari nilai *Log-Likelihood* menunjukkan kesimpulan yang sama dengan hasil penelitian Hadi (2010) dengan menggunakan GAMMI Van Eeuwijk melalui program GENSTAT yang menyebutkan bahwa model GAMMI2 merupakan model yang mampu mengemas model dengan baik.

Interpretasi Biplot GAMMI

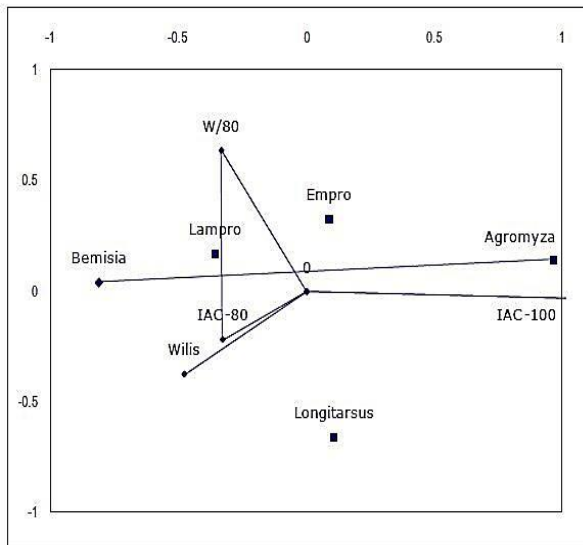
Setelah analisis devians akan dilakukan interpretasi biplot dengan menggunakan nilai residu pada saat Rank = 0 dimana nilai tersebut diperoleh dari pengurangan *Fitted Value* dan Nilai pada data. Nilai residu tersebut diuraikan dengan menggunakan

konsep pengurangan nilai singular pada aljabar linier, dimana pada program R fungsi yang digunakan adalah fungsi "svd". Setelah matriks teruraikan, Nilai-nilai dalam matriks tersebut diplotkan dengan menggunakan dua komponen sehingga diperoleh biplot pada Gambar 1. Adapun perbandingan interpretasi biplot ditunjukkan pada Gambar 1 dan Gambar 2.

kedua biplot tersebut tidak ada perbedaan yang menonjol antara keduanya. Interpretasi biplot yang dilakukan pada penelitian model GAMMI dengan regresi bolak balik sama dengan interpretasi biplot dengan pendekatan RCIM. Kedua biplot tersebut menunjukkan bahwa Genotipe W80 dan IAC-80 cenderung terserang hama Bemissia daripada Agromyza, dan begitu sebaliknya dengan Genotipe IAC-100.



Gambar 1. Interpretasi biplot GAMMI dengan pendekatan RCIM



Gambar 2. Interpretasi biplot GAMMI dengan regresi bolak-balik

Berdasarkan Gambar 1 dan Gambar 2. Secara garis besar yang paling terlihat kedekatan antar objek adalah hama daun Agromyza pada gen IAC10 dan hama daun Emproosca pada gen W80. Hal ini dapat diartikan bahwa hama daun Agromyza berinteraksi positif terhadap gen IAC10 serta hama daun Emproosca berinteraksi positif terhadap gen W80. Sehingga dapat dikatakan bahwa gen IAC10 lebih cenderung terserang hama daun Agromyza dan gen W80 lebih cenderung terserang hama daun Emproosca.

Pembahasan Umum

Salah satu hal yang terpenting pada Statistik uji rasio *Likelihood* adalah konsep devian pada GLM. Devian dari tiap model

didefinisikan sebagai *Likelihood Ratio Test* sebagai berikut :

$$D = 2 \left(\log \left(\frac{L(y; y)}{L(\mu; y)} \right) \right) \quad (2)$$

dimana D merupakan devian, dan devian tersebut dapat digunakan untuk perhitungan dalam analisis devian. Analisis devian adalah generalisasi dari analisis varian (ANOVA). Dalam pengujian model terbaik (*goodness of fit*) dapat digunakan perhitungan *Likelihood Ratio Test* dan analisis devian.

Eeuwijk (1995), menyediakan perhitungan analisis devian yang digunakan untuk mencari *goodness of fit* model GAMMI. Pada pendekatan *Row Column Interaction Model* (RCIM) menyediakan analisis devian melalui nilai *log-Likelihood* tiap-tiap model dan dari analisis devian tersebut digunakan untuk mencari *goodness of fit* model GAMMI. Ketika suatu data cacahan dengan rataan seperti data yang ada pada penelitian Hadi (2010) dihitung melalui pendekatan RCIM tidak akan mampu menghasilkan nilai *log-Likelihood* karena untuk mendapatkan nilai *log-Likelihood* harus menggunakan data yang berupa data cacahan. Sehingga *Likelihood Ratio Test* pada pendekatan RCIM kurang begitu bagus untuk menghasilkan kesimpulan model terbaik

jika dibandingkan analisis devian apabila data yang digunakan adalah data rata-rata dari beberapa ulangan.

Kesimpulan

Dari Hasil dan pembahasan diatas, adapun kesimpulan yang bisa diambil dari perbandingan kedua metode adalah sebagai berikut:

1. Pendekatan RCIM mampu mengemas model GAMMI distribusi poisson dengan baik. Hal ini terbukti pada kesimpulan analisis devian hasil olahan RCIM yang sama dengan kesimpulan analisis devian hasil penelitian Hadi (2010) yang menggunakan konsep

GAMMI dengan *alternating regression* serta interpretasi biplot yang menunjukkan kesamaan dengan penelitian yang dilakukan Hadi (2010).

2. Pada model GAMMI dengan data Hama kedelai, model GAMMI2 dengan *log-link* dan distribusi poisson terlihat mampu mengemas model dengan baik.
3. Interpretasi biplot menunjukkan bahwa Genotipe W/80 dan IAC-80 cenderung terserang hama Bemisia daripada Agromyza, dan begitu sebaliknya dengan Genotipe IAC-100.

Daftar Pustaka

- Acorsi, C, R, L., et al. 2016. Applying the generalized additive main effects and multiplicative interaction model to analysis of maize genotypes resistant to grey leaf spot. *Journal of Agricultural Science* DOI 10.1017/S0011859616001015.
- Agahi, K, et al. 2020. Analysis of genotype x environment interaction for seed yield in spring oilseed rape using the AMMI model. *Biotechnol*, <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n1a2>.
- Aini, E, N. 2015. Metode *Robust Singular Value Decomposition* (RSVD) untuk model AMMI dengan data pencilan. SKRIPSI, repository.unej.ac.id.
- Dewi, S. M., et al. 2015. Interaksi Genotipe x Lingkungan Hasil dan Komponen Hasil 154 Genotipe Tomat di Empat Lingkungan Dataran Rendah. *J. Agron. Indonesia*, 43(1): 59 – 65.
- Herawan, S, Y., et al. 2013. Uji Multilokasi melalui Analisis AMMI Multirespon. *Xplore*, Vol. 1(1):e6(1-5).
- Krisnawati, A., et al. 2016. Analisis Stabilitas Hasil Genotipe Kedelai menggunakan Metode Additive Main Effect and Multiplicative Interaction (AMMI). *Informatika Pertanian*, Vol 25 No. 1: 41-50.
- Syarifi, P., et al. 2017. Evaluation of Genotype x Environment Interaction in Rice Based on AMMI Model in Iran. *Rice Science*, 24(3): 173-180.

- Widyastuti, Yuni., et al. 2013. Pemanfaatan Analisis Regresi dan AMMI untuk Evaluasi Stabilitas Hasil Genotipe Padi dan Pengaruh Interaksi Genetik dan Lingkungan. *Informatika Pertanian*, Vol 22 No. 1: 21-27
- Yee, T. W., dan Hadi, A. F., 2014. Row-Column Interaction Models, with an R Implementation. *Comput Stat* DOI 10.1007/s00180-014-0499-9.
- Zali, H, et al., 2012. Evaluation og genotype x envirotnment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model. *Annals of Biological Research*, 3 (7):3126-3136.