

ABSTRAK

PIKA SILVIANTI. Klasifikasi Genotipe pada Data Tidak Lengkap dengan Pendekatan Model AMMI. Dibimbing oleh AHMAD ANSORI MATTJIK dan I MADE SUMERTAJAYA.

Percobaan multilokasi mempunyai peranan penting dalam perkembangbiakan tanaman dan penelitian agronomi. Kajian mengenai interaksi antara genotipe dan lingkungan diperlukan dalam penyeleksian genotipe yang akan dilepas. Metode statistika yang biasa digunakan untuk mengolah data hasil percobaan multilokasi salah satunya adalah AMMI (*Additive Main effect and Multiplicative Interaction*). Metode ini menggabungkan analisis ragam aditif bagi pengaruh utama perlakuan dengan analisis komponen utama pada pengaruh interaksinya.

Hambatan utama dalam menggunakan analisis AMMI adalah keseimbangan data. Sedangkan pada percobaan multilokasi kejadian data menjadi tidak seimbang peluangnya sangat besar. Agar setiap kombinasi genotipe dan lokasi memiliki jumlah ulangan yang sama, maka harus dilakukan pendugaan terhadap data yang tak lengkap. Pada kasus data tidak lengkap, diperlukan suatu metode pendugaan data untuk mempermudah analisis. Pada penelitian ini, digunakan metode *connected data* dan algoritma EM-AMMI untuk menduga data yang tak lengkap.

Data yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat (Balitro) Bogor, berupa data sekunder produksi minyak atsiri tanaman jahe hasil percobaan multilokasi dari enam belas genotipe jahe yang dicobakan pada lima lokasi di Jawa Barat. Hasil simulasi menyatakan bahwa pendugaan dengan *connected data* akan menghasilkan nilai MAPE yang lebih kecil jika pendugaan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan menggunakan algoritma EM-AMMI, untuk persentase data hilang antara 10% sampai 20%. Hasil pendugaan dengan metode *connected data* dan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan dengan metode EM-AMMI pada penelitian ini didapat pada iterasi ke-2.

Produksi minyak atsiri diduga dengan model AMMI2 yang mampu menerangkan 76.09% struktur interaksi antara genotipe dan lokasi. Dilihat dari kestabilan genotipe, ada 2 genotipe yang stabil, yaitu genotipe 3 dan 7. Interaksi khas terjadi pada genotipe 8, 12, 15 yang cocok ditanam pada lokasi B; genotipe 9, 11, 14, 16 spesifik pada lokasi D dan E; dan genotipe 1, 2, 4, 5, 6, 10 dan 13 spesifik pada lokasi A dan C.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

ABSTRACT

PIKA SILVIANTI. Genotype Classification on Incomplete Data with AMMI Model Approach. Guided by AHMAD ANSORI MATTJIK and I MADE SUMERTAJAYA.

Multilocations trials play an important role in plant breeding and agronomic research. Study concerning genotype-environment interaction needed in selection of genotype to be released. AMMI (Additive Main effect and Multiplicative Interaction) is one of statistical technique to analyze data from multilocations trials. The analysis of AMMI is a combining analysis between additive main effect and principal component analysis.

The main restriction of using AMMI analysis is balance data. However a multilocations trials give an opportunity of the occurrence of unbalance data become very big. It is intended for every combination of genotype and location have the same number of replication. Therefore, we must estimate the data which do not complete. Incomplete data case, it is needed some data estimation method analysis, at this research employed connected data method and EM-AMMI algorithm to estimate incomplete data.

Data which used in this research is obtained from Indon Spices Medicinal Crops Research Institute (ISMECRI) Bogor. It is a secondary data of ginger essential content resulted from multilocations trials, sixteen of genotype ginger which tested at five location in West Java. Simulation result shows that estimation using connected data will obtain smaller MAPE if its followed by two times EM-AMMI algorithm, for the percentage of data lose 10% to 20%.

Production of ginger essential content estimated with AMMI2 model can explain 76.09% interaction structure among location and genotype. Seen from stability of genotype, there are 2 stable genotype, that is genotype 3 and 7. Genotype 8, 12, 15 specific at location B; genotype 9, 11, 14, 16 specific at location D and E; and genotype 1, 2, 4, 5, 6, 10 and 13 specific at location A and C.



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.