

$$\pm \sqrt{\lambda_i} \sqrt{\frac{p(n-1)}{n(n-p)} F_{p,n-p}(\alpha)} e_i$$

dengan :

- p = banyaknya peubah yang digunakan
- n = banyaknya pengamatan
- λ_i = akar ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe
- e_i = vektor ciri ke-i dari matriks koragam (S) skor komponen genotipe
- $F_{p,n-p}(\alpha)$ = nilai sebaran F dengan db₁=p dan db₂=n-p pada taraf $\alpha=5\%$

Metode EM-AMMI

EM-AMMI merupakan perluasan dari metode AMMI dengan proses pendugaan data hilang secara iteratif, dimana pada tahap awal menduga model dengan menggunakan data yang ada, kemudian membuat model AMMI lalu menduga data hilang tersebut dan memperbaiki nilai dugaannya. Hal ini dilakukan hingga dicapai keadaan yang konvergen dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya relatif kecil yaitu < 0.00001 (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000).

Ada dua tahap dasar dalam algoritma EM-AMMI yaitu:

1. Tahap E (*Expectation*) yaitu tahap menentukan nilai harapan dari data yang hilang.
2. Tahap M (*Maximization*) yaitu tahapan pembentukan model dari data yang ada.

Jika pada analisis AMMI biasanya skor KUI selalu tetap, maka pada algoritma EM-AMMI skor KUI berubah pada tiap-tiap iterasi. Hal ini disebabkan nilai dugaan mempengaruhi nilai parameter aditif maupun multiplikatifnya. Algoritma EM-AMMI dapat dilihat pada Lampiran 3.

Mean Absolute Percentage Error (MAPE)

Nilai MAPE ini mengukur rata-rata nilai simpangan dugaan terhadap data aktualnya yang dinyatakan dalam persentase. Nilai MAPE ini dirumuskan sebagai (Makridakis, 1983):

$$MAPE = \frac{\sum_{t=1}^n \left| \frac{(X_t - F_t)}{X_t} \right|}{n} \times 100\%$$

dengan:

- X_t : nilai aktual
- F_t : nilai dugaan
- n : banyaknya data

Semakin kecil nilai MAPE maka ketepatan pendugaan menjadi semakin tinggi dan semakin besar nilai MAPE maka ketepatan pendugaan semakin rendah.

BAHAN DAN METODE

Bahan Penelitian

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah data sekunder tentang produksi minyak atsiri tanaman jahe dari Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat (Balitro) Bogor. Genotipe jahe yang diuji sebanyak 16 buah (Tabel 2) ditanam di 5 lokasi (Tabel 3). Karakteristik masing-masing lokasi dapat dilihat pada Tabel 4. Rancangan yang digunakan adalah Rancangan Acak Kelompok dengan 3 ulangan. Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data rata-rata per genotipe x lokasi.

Tabel 2. Kode genotipe

Kode	Genotipe
1	Jahe putih besar a
2	Jahe putih besar c
3	Jahe putih besar d
4	Jahe putih besar e
5	Jahe putih besar f
6	Jahe merah a
7	Jahe merah b
8	Jahe putih kecil a
9	Jahe putih kecil c
10	Jahe putih kecil d
11	Jahe putih kecil e
12	Jahe putih kecil f
13	Jahe putih kecil g
14	Jahe putih kecil h
15	Jahe putih kecil i
16	Jahe putih kecil j

Tabel 3. Kode lokasi

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.

Kode	Lokasi
A	Sukabumi
B	Malangbong
C	Sumedang
D	Banjaran
E	Majalengka

Tabel 4. Karakteristik lokasi percobaan

Lokasi	Karakteristik Lingkungan
Sukabumi	Ketinggian : 350 m (dpl) Jenis Tanah : Latosol Merah Tekstur Tanah (%) • Pasir :- • Debu :- • Liat :-
Sumedang	Ketinggian : 500 m (dpl) Jenis Tanah : Latosol Coklat Tekstur Tanah (%) • Pasir : 60.12 • Debu : 24.55 • Liat : 15.33
Malangbong	Ketinggian : 641 m (dpl) Jenis Tanah : Latosol Tekstur Tanah (%) • Pasir : 51.89 • Debu : 23.42 • Liat : 24.69
Banjaran	Ketinggian : - m (dpl) Jenis Tanah :- Tekstur Tanah (%) • Pasir : 50.93 • Debu : 18.27 • Liat : 30.80
Majalengka	Ketinggian : 700 m (dpl) Jenis Tanah :- Tekstur Tanah (%) • Pasir :- • Debu :- • Liat :-

Metode Penelitian

Sebelum melakukan analisis data, dilakukan simulasi untuk pendugaan data hilang. Tahapan simulasi pendugaan data hilang adalah sebagai berikut:

- Melakukan penghilangan data dengan mempertahankan pola data agar tetap *connected*.
- Memberikan nilai dugaan awal pada data hilang menggunakan metode *connected data*.
- Menduga parameter model awal dari data yang ada.

- Penyusunan matriks dugaan pengaruh interaksi (matriks Z).
- Pembentukan model AMMI.
- Memperbaiki nilai dugaan baru bagi data hilang berdasarkan model AMMI terbaru.
- Pemeriksaan tingkat perubahan nilai dugaan:

→ Jika tingkat perubahan $> 10^{-5}$ maka ganti nilai dugaan dengan nilai dugaan baru dan ulangi langkah ke-4 sampai ke-7.

→ Jika tingkat perubahan $< 10^{-5}$ maka nilai dugaan baru tersebut merupakan nilai dugaan akhir.

- Menghitung Nilai MAPE dari dugaan dengan *connected data* dan dugaan akhir dengan EM-AMMI.

Banyaknya persentase data hilang yang disimulasikan yaitu 5%, 10%, 15% dan 20%. Simulasi diulang sebanyak sepuluh kali untuk masing-masing persentase data hilang.

Analisis data diawali dengan pendugaan data hilang menggunakan tahap 1 sampai tahap 7 seperti saat melakukan simulasi. Analisis selanjutnya adalah analisis deskriptif menggunakan boxplot dan plot interaksi.

Setelah itu dilakukan analisis AMMI dengan menguraikan pengaruh interaksi menjadi KUI-KUI. Pemilihan sumbu optimal dilakukan dengan melihat besarnya keragaman yang diterangkan KUI-KUI. Hal ini dilakukan karena tanpa adanya ulangan tidak ada galat yang diperoleh, sehingga KUI-KUI tidak dapat diuji dengan kuadrat tengah galat gabungannya. Model AMMI terbaik yang diperoleh selanjutnya digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi.

Pengklasifikasian stabilitas genotipe berdasarkan biplot AMMI dapat dilakukan sebagai berikut:

- Tarik garis kontur dari lokasi atau genotipe terluar.
- Tarik garis tegak lurus dari titik pusat ke garis kontur yang menghubungkan dua lokasi berbeda.
- Buat daerah selang kepercayaan 95% (elips) pada titik pusat dan setiap lokasi terluar.
- Genotipe-genotipe yang diklasifikasikan stabil adalah genotipe-genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ganda 95% pada titik pusat.
- Genotipe-genotipe yang spesifik lokasi adalah genotipe-genotipe yang berada dalam selang kepercayaan ganda 95% pada masing-masing lokasi terluar.

Perangkat lunak yang digunakan dalam pengolahan data yaitu *Microsoft Excel*, *Minitab 14.12.0*, *SAS version 8.0*, dan *IRRISTAT*.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Simulasi Pendugaan Data Hilang

Simulasi untuk pendugaan data hilang dilakukan dengan menggunakan data pada lokasi Sukabumi, Malangbong dan Sumedang. Pada persentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan dengan *connected data* memberikan rata-rata nilai MAPE sebesar 13.79%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 15%, dan 20% didapatkan rata-rata nilai MAPE berturut-turut sebesar 18.18%, 17.39% dan 21.36%. Setelah nilai dugaan diperbaiki dengan EM-AMMI, dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Pada presentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan memberikan rata-rata nilai MAPE sebesar 15.73%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 15%, dan 20% didapatkan rata-rata nilai MAPE berturut-turut sebesar 17.33%, 17.29% dan 20.75%.

Pada kasus data hilang berupa nilai-nilai ekstrem, hasil pendugaan cenderung memiliki nilai MAPE yang lebih tinggi. Pendugaan dengan *connected data* terhadap 3 data ekstrem yang hilang menghasilkan rata-rata MAPE sebesar 25.31%, sedangkan pada pendugaan 5 data ekstrem menghasilkan rata-rata nilai MAPE sebesar 32.54%. Setelah nilai dugaan diperbaiki dengan EM-AMMI, dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Pendugaan terhadap 3 data ekstrem yang hilang menghasilkan rata-rata MAPE sebesar 25.72%, sedangkan pada pendugaan 5 data ekstrem menghasilkan rata-rata nilai MAPE sebesar 28.59%.

Besarnya nilai MAPE pada pendugaan dengan metode *connected data* dipengaruhi oleh posisi data yang hilang pada kombinasi genotipe dan lokasi, serta besarnya keragaman dari data tersebut. Jika data yang dihilangkan berupa nilai ekstrem, maka akan menghasilkan nilai MAPE yang cukup besar. Sedangkan jika data yang dihilangkan nilainya tidak jauh berbeda dengan nilai rata-rata, maka nilai MAPE yang dihasilkan relatif kecil. 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%.

Pendugaan Data Hilang

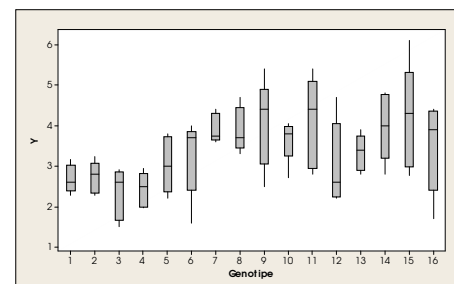
Ada sebanyak 14 buah data hilang yang diduga dalam penelitian ini. Kombinasi genotipe dan lokasi yang hilang dapat dilihat pada Lampiran 1 disertai dengan nilai dugaannya. Pendugaan nilai awal untuk model dengan *connected data* dapat dilihat pada ilustrasi berikut:

$$\begin{aligned}\hat{\mu}_{41} &= \hat{\mu}_4 + \hat{\epsilon}_1 \\ &= 2.572917 + 0.396445 \\ &= 2.969362\end{aligned}$$

Pendugaan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan menggunakan metode EM-AMMI. Nilai dugaan akhir didapatkan pada iterasi ke-2 dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya <0.00001 . Data hasil pendugaan tersebut akan digunakan dalam analisis selanjutnya.

Analisis Deskriptif

Rataan produksi minyak atsiri masing-masing genotipe dan lokasi dapat dilihat pada Lampiran 2. Ada delapan genotipe yang memiliki rata-rata lebih tinggi dari rata-rata umum (3.38%) yaitu genotipe 7, 8, 9, 10, 11, 14, 15 dan 16.



Gambar 4. Boxplot untuk genotipe

Pada Gambar 4 dapat terlihat bahwa genotipe 15 memiliki rata-rata produksi minyak atsiri tertinggi (4.18%), sedangkan genotipe yang memiliki hasil terendah adalah genotipe 3 (2.34%).