

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

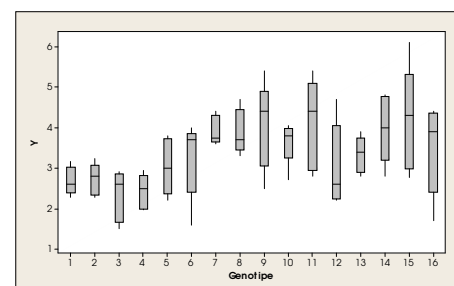
Ada sebanyak 14 buah data hilang yang diduga dalam penelitian ini. Kombinasi genotipe dan lokasi yang hilang dapat dilihat pada Lampiran 1 disertai dengan nilai dugaannya. Pendugaan nilai awal untuk model dengan *connected data* dapat dilihat pada ilustrasi berikut:

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

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.

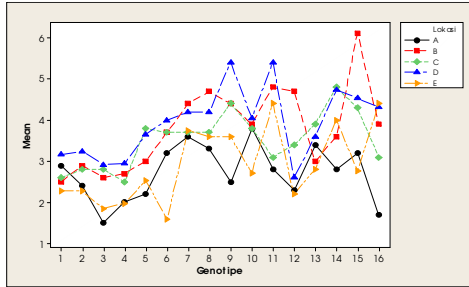
Analisis Deskriptif

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%).



Gambar 5 Plot interaksi genotipe dan lokasi

Gambar 5, memperlihatkan adanya interaksi antara faktor genotipe dan faktor lokasi, karena itu perlu dilakukan penelusuran terhadap sifat interaksi antara kedua faktor tersebut. Lokasi yang menunjukkan tingkat produksi minyak atsiri paling tinggi adalah B, sedangkan lokasi dengan tingkat produksi minyak atsiri terendah adalah A yaitu 1.5%.

Analisis AMMI

Penguraian bilinear terhadap matriks pengaruh interaksi diperoleh lima nilai singular yaitu: 3.1496, 2.7248, 1.8505, 1.4237, dan 0.0000. Berdasarkan lima nilai singular tersebut, komponen yang dapat dipertimbangkan untuk model AMMI ada empat komponen.

Tabel 5. Kontribusi keragaman KUI

KUI Ke-	Nilai Singular	JK	Proporsi (%)	Kumulatif (%)
1	3.15	9.92	43.52	43.52
2	2.72	7.42	32.57	76.09
3	1.85	3.42	15.02	91.11
4	1.42	2.03	8.89	100.00

Oleh karena data yang digunakan tidak memiliki ulangan, maka pengujian terhadap pengaruh utama dan pengaruh interaksinya tidak dapat dilakukan. Hal ini dikarenakan tidak adanya galat yang dapat digunakan untuk menguji apakah pengaruh-pengaruh tersebut nyata atau tidak. Untuk itu, penelitian ini akan lebih banyak membahas mengenai penguraian pengaruh interaksinya dalam bentuk biplot AMMI.

Berdasarkan Tabel 5, besar keragaman interaksi yang dapat diterangkan oleh KUI1, dan KUI2 adalah 76.09%.

Tabel 6. Analisis ragam AMMI2

Sumber	Db	JK	KT
Lokasi	4	18.38	4.60

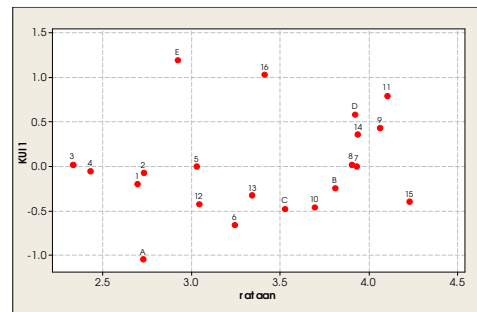
Genotipe	15	29.09	1.94
Lok*gen	60	22.80	0.38
KUI1	18	9.92	0.55
KUI2	16	7.42	0.46
Sisaan	26	5.45	0.21
Total	79	70.27	

Dilihat dari tingkat kesesuaian model, model AMMI2 memberikan nilai RMS sisaan sebesar 0.26 % (7.82 % terhadap rata-rata umum). Hasil ini menunjukkan bahwa model AMMI2 cukup baik karena nilai RMS sisaannya relatif kecil. Model AMMI yang terbentuk adalah model AMMI2, sedangkan untuk KUI3 dan KUI4 dimasukkan ke dalam sisaan. Model AMMI2 ditulis sebagai berikut:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^2 \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn}$$

Interpretasi AMMI

Gambar 6 memperlihatkan bahwa genotipe 5 dan 7 memiliki nilai interaksi paling kecil karena nilai KUInya paling mendekati 0. Genotipe 7 dan 14 memiliki pengaruh utama (rata-rata) yang sama tetapi pengaruh interaksinya berbeda-beda karena terletak dalam satu garis vertikal tapi tidak pada garis horizontal.

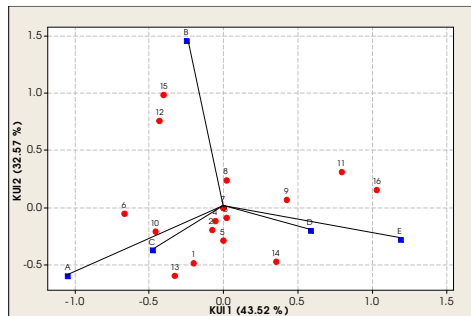


Gambar 6. Biplot AMMI1

Genotipe 3, 8, 9, 11, 14 dan 16 berinteraksi positif dengan lokasi E dan D, sedangkan genotipe 1, 2, 4, 5, 6, 7, 10, 12, 13, dan 15 berinteraksi positif dengan lingkungan A, B dan C. Interaksi positif antara genotipe dengan lokasi terjadi jika nilai KUI antara genotipe dengan lokasi memiliki tanda yang sama, sebaliknya jika tandanya berbeda maka terjadi interaksi negatif.

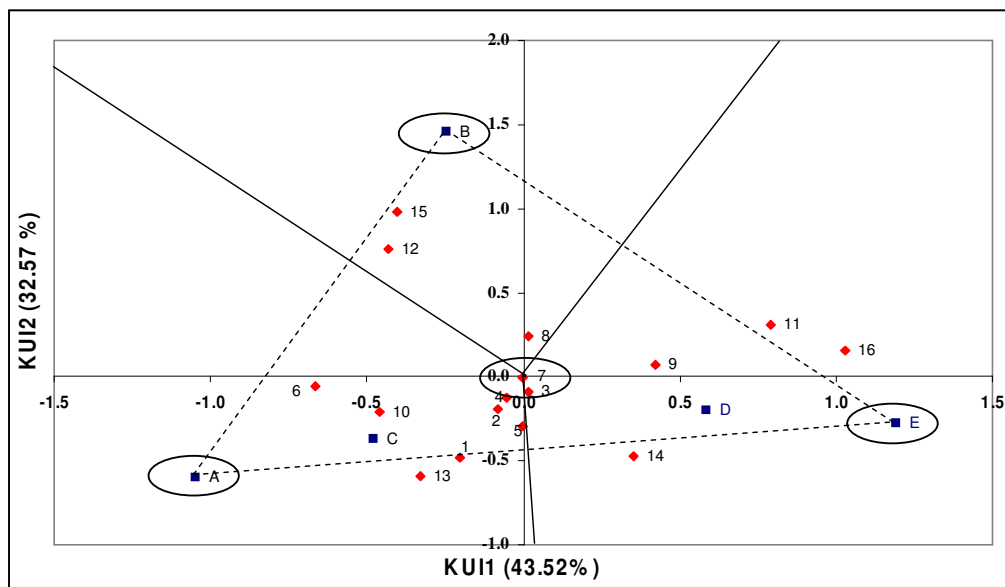
Untuk menggambarkan struktur interaksi antara genotipe dan lingkungan dibuat biplot AMMI2 yaitu biplot antara skor KUI1 dengan KUI2.

Besar keragaman interaksi yang dapat digambarkan oleh biplot antara KUI1 dan KUI2 adalah 76.1%. Gambar 7 menunjukkan bahwa lokasi C dan D memiliki keragaman yang relatif kecil, dengan kata lain semua genotipe dapat tumbuh dengan baik pada kedua lokasi tersebut.



Gambar 7. Biplot AMMI2

Penentuan genotipe yang stabil dilakukan dengan menggunakan daerah kepercayaan normal ganda. Daerah ini berbentuk ellips karena hanya digunakan dua peubah. Genotipe yang berada di dalam ellips adalah genotipe yang stabil.



Gambar 8. Biplot AMMI2 dari segi genotipe

Berdasarkan hasil analisa mutu, diketahui bahwa Jahe Merah memiliki produksi minyak atsiri yang lebih tinggi dibandingkan dengan Jahe Putih Besar. Untuk itu, analisa terhadap genotipe Jahe Merah dan Jahe Putih Besar yang stabil dilakukan secara terpisah.

Perhitungan selang kepercayaan normal ganda pada taraf $\alpha = 0.05$ menghasilkan ellips dengan jari-jari panjang 0.1287 dan jari-jari pendek 0.1197.

Gambar 8 memperlihatkan ada dua genotipe yang berada di dalam ellips yaitu genotipe 3 dan 7 yang berarti genotipe-genotipe tersebut stabil. Kedua genotipe ini memiliki pola respon produksi minyak atsiri yang sejajar dengan pola rata-rata umum semua genotipe uji di setiap lokasi (lihat Lampiran 5). Sedangkan genotipe-genotipe lainnya berada di luar ellips sehingga dapat dikatakan tidak stabil, artinya memiliki keragaman antar lokasi yang relatif besar.

Berdasarkan Gambar 8, dengan memperhatikan poligon yang menghubungkan lokasi-lokasi dengan keragaman terbesar serta kuadran yang terbentuk dari sisi-sisi poligon yang tegak lurus dengan pusat, terdapat genotipe-genotipe yang spesifik pada lokasi tertentu yaitu genotipe 8, 12, 15 spesifik 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.

Lampiran 6 memperlihatkan bahwa produksi minyak atsiri genotipe Jahe Merah yang stabil (genotipe 7) berada diatas rata-rata umum dari semua genotipe uji Jahe Merah. Hal ini menunjukkan bahwa genotipe 7 dapat dikatakan sebagai genotipe unggul, karena

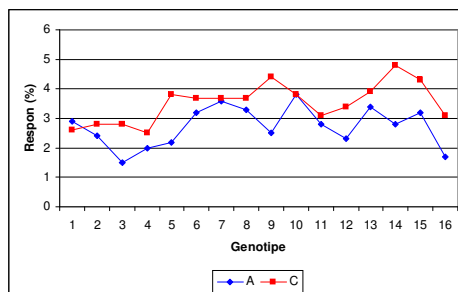
- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan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

memiliki produksi minyak atsiri yang tinggi dan stabil di semua lokasi percobaan.

Pada Lampiran 7 terlihat bahwa produksi genotipe Jahe Putih Besar yang stabil (genotipe 3) berada dibawah rata-ran umum dari semua genotipe uji Jahe Putih Besar. Berarti, walaupun produksi minyak atsiri genotipe 3 cenderung stabil di semua lokasi percobaan, genotipe 3 bukan merupakan genotipe unggul karena tingkat produksi minyak atsirinya selalu rendah untuk tiap lokasi percobaan. Dalam hal ini dapat dikatakan bahwa Jahe Putih Besar memiliki interaksi genotipe dan lingkungan yang tinggi. Sehingga, genotipe unggul dapat ditentukan dari genotipe spesifik yang memiliki produksi minyak atsiri diatas rata-ran umumnya. Pada Lampiran 8 dapat terlihat bahwa untuk lokasi A genotipe 1 dan 2 memiliki produksi minyak atsiri yang tinggi, sedangkan genotipe 5 merupakan genotipe dengan produksi minyak atsiri yang relatif tinggi di lokasi C.

Lampiran 9 memperlihatkan bahwa genotipe unggul untuk Jahe Putih Kecil adalah genotipe yang spesifik di masing-masing lokasi percobaan. Genotipe 13 berdaya hasil tinggi di lokasi A dan C, sedangkan genotipe 10 berdaya hasil tinggi hanya di lokasi A. Untuk lokasi B, semua genotipe spesifiknya yaitu genotipe 8, 12, dan 15 memiliki produksi minyak atsiri yang lebih tinggi dari rata-rata. Genotipe 9, 11, 14 memiliki produksi minyak atsiri yang tinggi di lokasi D dan E, sedangkan genotipe 16 berdaya hasil tinggi hanya di lokasi E.

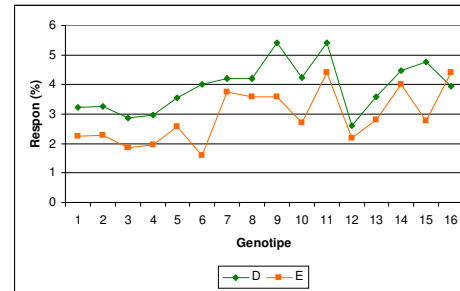
Pola respon genotipe pada lokasi A dan C dapat dilihat pada Gambar 9, dimana posisi genotipe pada kedua lokasi tersebut relatif sama. Hal ini yang membuat lokasi A dan C berada dalam satu kuadran pada biplot AMMI2.



Gambar 9. Perbandingan pola respon pada lokasi A dan C

Hal yang sama juga terjadi pada lokasi D dan E. Berdasarkan Gambar 10, dapat dilihat bahwa respon genotipe pada kedua lokasi

tersebut memiliki pola yang relatif sama, sehingga membuat lokasi D dan E berada dalam satu kuadran pada biplot AMMI2.



Gambar 10. Perbandingan pola respon pada lokasi D dan E

KESIMPULAN

Hasil simulasi pendugaan data hilang 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%.

Nilai dugaan data hilang dengan menggunakan metode *connected data* dan dilanjutkan dengan perbaikan nilai dugaan dengan metode EM-AMMI pada penelitian ini didapat pada iterasi ke-2 dimana selisih dengan nilai dugaan sebelumnya kurang dari 0.00001.

Pada penelitian ini produksi minyak atsiri diduga dengan model AMMI2. Besar keragaman interaksi yang dapat digambarkan oleh biplot antara KUI1 dan KUI2 adalah 76.1%.

Dilihat dari kestabilan genotipe, ada 2 genotipe yang stabil karena berada dalam selang kepercayaan normal ganda, yaitu genotipe 3 dan 7. Interaksi khas terjadi pada genotipe 8, 12, 15 yang cocok di tanam 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.

DAFTAR PUSTAKA

- Bermawie, N., Nur Ajjah, Hadad E.A., Budi Martono. 1997. Botani dan Karakteristik. *Monograph Jahe*. Bogor: Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat.