

KLASIFIKASI GENOTIPE PADA DATA TIDAK LENGKAP DENGAN PENDEKATAN MODEL AMMI

Oleh:

Pika Silvianti
G 14101015



DEPARTEMEN STATISTIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
2005

© Hak cipta milik IPB (Institut Pertanian Bogor)

Bogor Agricultural University

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 artikel atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



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 perkebangbiakan 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.

KLASIFIKASI GENOTIPE PADA DATA TIDAK LENGKAP DENGAN PENDEKATAN MODEL AMMI

Skripsi

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Sains
Pada Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Institut Pertanian Bogor

Oleh:

Pika Silvianti
G 14101015

DEPARTEMEN STATISTIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
2005



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 artikel atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.



**Judul : KLASIFIKASI GENOTIPE PADA DATA TIDAK LENGKAP
DENGAN PENDEKATAN MODEL AMMI**
Nama : Pika Silvianti
NRP : G 14101015

Menyetujui,

Pembimbing I

Pembimbing II

Prof. Dr. Ir. A. A. Mattjik, M. Sc.
NIP. 130 350 047

Dr. Ir. I Made Sumertajaya, M.Si.
NIP. 132 085 916

Mengetahui,

Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Dr. Ir. Yonny Koesmaryono, MS.
NIP. 131 473 999

Tanggal Lulus:

- 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 artikel atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

RIWAYAT HIDUP

Penulis dilahirkan di Palembang pada tanggal 20 Mei 1983 sebagai anak sulung dari dua bersaudara, putri pasangan Ir. M. Waladi Isnani dan Dra. Maria Sudjana.

Penulis menyelesaikan pendidikan dasar di SD Negeri Bantarjati VI Bogor pada tahun 1995, kemudian SLTP Negeri 1 Bogor pada tahun 1998, SMU Negeri 1 Bogor pada tahun 2001, dan pada tahun yang sama penulis diterima sebagai mahasiswa Departemen Statistika FMIPA IPB, melalui jalur Undangan Seleksi Masuk IPB (USMI) dengan mengambil mata kuliah sosial ekonomi sebagai penunjang.

Selama kuliah, penulis aktif di kepanitiaan antara lain Matematika Ria, dan Try Out SMP-SMU. Pada tanggal 10-11 September 2004 penulis mengikuti Olimpiade Statistika Nasional tingkat mahasiswa dan mendapat juara ke-5. Penulis melaksanakan Praktik Lapang di Balai Penelitian Tanaman Rempah dan Obat Bogor, pada Tanggal 21 Februari 2005 sampai dengan 21 April 2005.



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.

PRAKATA

Puji dan syukur kehadiran Allah SWT atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini dapat diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Juni 2005 ini ialah analisis percobaan multilokasi, dengan judul Klasifikasi Genotipe pada Data Tidak Lengkap dengan Pendekatan Model AMMI.

Ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada Bapak Prof. Dr. Ir. Ahmad Ansori Mattjik, M.Sc dan Bapak Dr. Ir. I Made Sumertajaya, M.Si selaku pembimbing, atas segala bimbingan dan sarannya selama penulisan karya ilmiah ini. Selain itu penulis ucapkan terima kasih kepada seluruh dosen dan staf Departemen Statistika yang telah memberikan bekal dan bantuannya sehingga penulis dapat menyelesaikan karya ilmiah ini dengan baik. Pada kesempatan ini pula penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada kedua orang tua, adik, teman-teman statistika '38 dan semua pihak yang selama ini telah membantu yang tidak dapat disebutkan satu persatu.

Semoga karya ilmiah ini dapat bermanfaat dan memberi inspirasi-inspirasi baru dalam penelitian untuk kemajuan ilmu pengetahuan dan kemanusiaan.

Bogor, September 2005

Pika Silvianti



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 artikel 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.

DAFTAR ISI

	Halaman
DAFTAR TABEL.....	viii
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR LAMPIRAN	viii
PENDAHULUAN.....	1
TINJAUAN PUSTAKA	
Tanaman Jahe	1
Percobaan Multilokasi	2
<i>Connected Data</i>	2
Interaksi Genotipe-Lingkungan	3
Konsep Kestabilan.....	4
Analisis AMML.....	4
Metode EM-AMMI	7
<i>Mean Absolute Percentage Error</i>	7
BAHAN DAN METODE	
Bahan Penelitian	7
Metode Penelitian	8
HASIL DAN PEMBAHASAN	
Simulasi Pendugaan Data Hilang.....	9
Pendugaan Data Hilang	9
Analisis Deskriptif.....	9
Analisis AMML.....	10
Interpretasi AMML.....	10
KESIMPULAN	12
DAFTAR PUSTAKA.....	12



DAFTAR TABEL

	Halaman
1. Tabel analisis ragam AMMI	6
2. Kode genotipe	7
3. Kode lokasi	7
4. Karakteristik lokasi percobaan	8
5. Kontribusi keragaman KUI	10
6. Analisis ragam AMMI3	10

DAFTAR GAMBAR

1. Contoh <i>g-connected</i>	2
2. Contoh <i>disconnected sets</i>	2
3. Rancangan dua faktor	3
4. Boxplot untuk genotipe	9
5. Plot interaksi genotipe dan lokasi.....	9
6. Biplot AMMI1.....	10
7. Biplot AMMI2	11
8. Biplot AMMI2 dari segi genotipe	11
9. Perbandingan pola respon pada lokasi A dan C.....	12
10. Perbandingan pola respon pada lokasi A dan C.....	12

DAFTAR LAMPIRAN

1. Nilai dugaan data hilang.....	15
2. Rataan produksi minyak atsiri 16 genotipe jahe pada percobaan di 5 lokasi dalam persen	15
3. Algoritma EM-AMMI	16
4. Nilai skor KUI1 dan KUI2 untuk genotipe dan lokasi	16
5. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata umum respon semua genotipe uji	17
6. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata semua genotipe Jahe Merah	17
7. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata semua genotipe Jahe Putih Besar	18
8. Perbandingan respon genotipe spesifik dengan rata-rata semua genotipe Jahe Putih Besar.....	18
9. Perbandingan respon genotipe spesifik dengan rata-rata semua genotipe Jahe Putih Kecil	19



PENDAHULUAN

Latar Belakang

Jahe (*Zingiber officinale* Rosc.) merupakan salah satu jenis tanaman obat yang mempunyai banyak kegunaan baik sebagai bahan obat ataupun makanan. Jahe besar sering digunakan dalam industri makanan dan minuman penghangat. Jahe putih kecil, jahe kapur dan jahe merah sering dimanfaatkan minyak atsirinya untuk bahan baku obat-obatan. Sekalipun jahe telah lama dikenal dan diusahakan oleh masyarakat sebagai salah satu komoditi ekspor nasional, sampai saat ini penggunaan, peredaran dan perdagangan benihnya tidak berlabel sehingga mutunya tidak terjamin. Hal ini karena belum adanya standar benih tanaman obat bermutu yang berasal dari varietas tanaman obat yang sudah dilepas. Padahal keberhasilan agribisnis jahe sangat ditentukan oleh penggunaan benih sehat dan bermutu.

Untuk mendapatkan varietas unggul yang berdaya hasil dan bermutu tinggi, maka pada nomor-nomor harapan jahe perlu dievaluasi kestabilannya di beberapa lokasi dengan kondisi agroekologi yang berbeda.

Metode statistika yang biasa digunakan untuk analisis kestabilan terhadap hasil percobaan multilokasi 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 (Mattjik & Sumertajaya, 2002).

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.

Beberapa penelitian mengenai pendugaan data hilang pada analisis AMMI telah banyak dilakukan, diantaranya penelitian mengenai “Pengkajian Interaksi Genotipe dan Lingkungan dengan Metode AMMI dan Penggunaan Algoritma EM-AMMI dalam Pendugaan Data Hilang”, yang dilakukan oleh Agung L. Notoesoediro mahasiswa Departemen Statistika Fakultas MIPA IPB. Penelitian ini dilakukan pada 12 genotipe padi di 15 lokasi dengan empat ulangan. Banyaknya data hilang yang disimulasikan

yaitu 5%, 10%, 20% dan 30%. Pada persentase data hilang sebanyak 5% hasil pendugaan memberikan rata-rata nilai MAPE sebesar 9.723%, sedangkan untuk data hilang sebanyak 10%, 20% dan 30% didapatkan nilai MAPE berturut-turut sebesar 9.961%, 9.936%, dan 10.335%. Untuk pendugaan 5 data ekstrem yang hilang maka MAPE yang dihasilkan sebesar 37.899%, sedangkan pada pendugaan 10 data ekstrem menghasilkan nilai MAPE sebesar 34.332%.

Penelitian lain mengenai pendugaan data hilang pada analisis AMMI dilakukan oleh Yudistira Chandra Kala, mahasiswa Departemen Statistika Fakultas MIPA IPB, dengan judul “Pengkajian Interaksi Genotipe-Lingkungan Dengan Analisis AMMI dan Penggunaan *Connected Data* untuk Pendugaan Data Tak Lengkap”. Penelitian ini menggunakan 19 buah galur padi yang ditanam pada 19 lokasi dengan tiga ulangan. Metode *connected data* digunakan untuk menentukan nilai dugaan awal, selanjutnya digunakan metode EM untuk memperbaiki nilai dugaan berdasarkan model rancangan percobaan dua faktor dengan interaksi. Hasil penelitian ini menunjukkan nilai dugaan akhir diperoleh pada iterasi ke-2. Model AMMI yang terbentuk adalah AMMI7 dan hasil analisis kestabilan menunjukkan hanya ada satu genotipe yang stabil.

Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk:

1. Menduga data pada kondisi data tak lengkap.
2. Mengidentifikasi genotipe jahe yang stabil dan berdaya hasil tinggi di berbagai lokasi percobaan, serta menentukan lokasi yang sesuai untuk genotipe jahe tertentu.

TINJAUAN PUSTAKA

Tanaman Jahe (*Zingiber officinale* Rosc.)

Jahe adalah tanaman herba berumur tahunan yang termasuk kelas tanaman berkeping satu. Batang jahe merupakan batang semu berbentuk bulat, tegak, tidak bercabang, yang tersusun dari helaian daun. Bentuk daunnya pipih memanjang berbentuk langsing membulat dengan ujung lancip. Pada umumnya jahe diperbanyak secara vegetatif dengan potongan atau setek rimpang. Perbanyakan tanaman jahe dapat dilakukan

dengan rimpangnya atau memisahkan sebagian anakan dari rimpangnya. Rimpang jahe mengandung oleoresin, polifenol, dan minyak atsiri yang berguna bagi industri kesehatan dan kosmetika. Hasil analisa mutu menunjukkan kadar minyak atsiri Jahe Putih Besar sekitar (1.5 - 2.9)%, Jahe Merah (3.2-3.6)% dan Jahe Putih Kecil (1.7-3.8)% (Bermawie *et al.*, 1997).

Percobaan Multilokasi

Percobaan multilokasi merupakan serangkaian percobaan yang serupa di beberapa lokasi yang mempunyai rancangan percobaan dan perlakuan yang sama. Model linier untuk percobaan multilokasi dengan genotipe sebagai perlakuan dan menggunakan rancangan acak kelompok (RAK) adalah sebagai berikut:

$$y_{ijk} = \bar{y} + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \hat{Q}_{ijk}$$

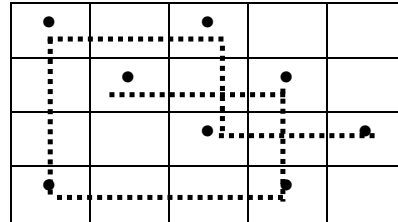
- y_{ijk} = respon dari genotipe ke-i pada lokasi ke-j dalam kelompok ke- k
 - \bar{y} = nilai rata-rata umum
 - α_i = pengaruh genotipe ke-i, $i=1,2,\dots,g$
 - $\rho_{k(j)}$ = pengaruh kelompok ke-k tersarang pada lokasi ke-j, $k=1,2,\dots,r$
 - β_j = pengaruh lokasi ke-j, $j=1,2,\dots,l$
 - $(\alpha\beta)_{ij}$ = pengaruh interaksi genotipe ke-i di lokasi ke-j
 - \hat{Q}_{ijk} = pengaruh sisaan dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k yang dilakukan di lokasi ke-j
- Genotipe maupun lokasi yang dicobakan merupakan pengaruh faktor tetap.

Connected Data

Secara umum *connected data* adalah data dimana untuk setiap faktor pengaruh utama, seluruh perbedaan diantara level-level faktornya dapat diduga. Data dari semua selisih $\mu_i - \mu_{i'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ (untuk $i \bullet i'$ dan $j \bullet j'$) yang terindikasi memberikan kesempatan untuk menduga setiap kontras antara μ_s dan τ_s (Searle, 1987).

G-connected

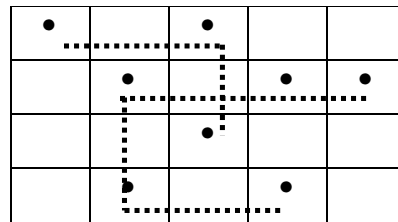
Data dari klasifikasi silang dua arah dikatakan menjadi *g-connected* jika sel yang terisi dapat disatukan dengan suatu garis tak terputus, terdiri dari bagian horizontal dan vertikal, yang dapat berubah arah hanya pada sel yang terisi (Searle, 1987).



Gambar 1. Contoh *g-connected*

Pemisahan Disconnected Data

Konsekuensi utama dari data yang tidak *connected* adalah data terpisah menjadi dua atau lebih *disconnected sets* dari *connected data* yang harus dianalisis secara terpisah (Searle, 1987).



Gambar 2. Contoh *disconnected sets*

No-Interaction Model

Model *no-interaction* yang digunakan untuk data dengan beberapa sel yang kosong persis sama dengan yang digunakan pada data dimana semua selnya terisi.

$$E(y_{ijk}) = \mu_i + \tau_j; \text{ untuk } j = 1, \dots, b-1 \left. \begin{array}{l} i = 1, \dots, a \\ \text{dan} \\ k = 1, \dots, n_{ij} \end{array} \right\}$$

$$E(y_{ijk}) = \mu_i; \text{ untuk } j = b$$

Nilai $n_{ij}=0$ menandakan bahwa sel i,j kosong.

Pendugaan pada No-Interaction Model

Menurut Searle (1987) pada klasifikasi dua arah dengan *no-interaction model* data yang *g-connected* menjamin bahwa semua selisih untuk $\mu_i - \mu_{i'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ (untuk $i \bullet i'$ dan $j \bullet j'$) dapat

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.

- 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.

diduga. Oleh karena itu pada *no-interaction model* semua kontras diantara μ_i s dan diantara τ_j s dapat diduga.

Untuk sel yang terisi, pendugaan bukan masalah. Tetapi misalkan sel i, j kosong, pendugaan dapat dilakukan jika datanya *connected* serta beberapa sel i, j' pada baris yang sama atau i', j pada kolom yang sama telah terisi. Oleh karena

$$\mu_{ij} = \mu_i + \tau_j = \mu_i + \tau_{j'} + \tau_j - \tau_{j'} = \mu_{ij'} + \tau_j - \tau_{j'}$$

serta kedua $\mu_{ij'}$ dan $\tau_j - \tau_{j'}$ dapat diduga, maka μ_{ij} dapat diduga.

Untuk klasifikasi dua arah selama datanya *g-connected*, semua rata-rata sel dalam *no-interaction model* dapat diduga, dengan BLUE sebagai berikut:

$$c_{jj} \hat{\tau}_j + \sum_{\substack{j'=1 \\ j' \neq j}}^{b-1} c_{jj'} \hat{\tau}_{j'} = r_j, \text{ untuk } j=1, \dots, b-1$$

dengan $c_{jj} = n_j - \sum_i \frac{n_{ij}^2}{n_i}$; $c_{jj'} = -\sum_i \frac{n_{ij} n_{ij'}}$

dan $r_j = y_{.j} - \sum_i n_{ij} \bar{y}_{i.}$;

dan $\hat{\mu}_i = \bar{y}_{i.} - \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{b-1} n_{ij} \hat{\tau}_j$, untuk $i=1, \dots, a$

With-Interaction Model

Model *with-interaction* adalah sebagai berikut (Searle, 1987):

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \rho_k + \epsilon_{ijk}$$

dimana μ adalah rata-rata umum, α_i adalah pengaruh utama genotipe ke- i , β_j adalah pengaruh utama lingkungan ke- j , dan $(\alpha\beta)_{ij}$ merupakan pengaruh interaksi genotipe dan lingkungan, ρ_k pengaruh aditif kelompok sedangkan ϵ_{ijk} merupakan pengaruh galat dari genotipe ke- i , lingkungan ke- j , dan kelompok ke- k .

Persamaan di atas jika ditulis dalam bentuk matriks rancangan menjadi :

$$Y = X \beta + e$$

Menurut Searle (1987) metode yang biasa digunakan untuk menduga $\hat{\beta}$ adalah metode kuadrat terkecil, yang meminimumkan jumlah kuadrat dari $y - E(y) = y - X\beta$.

Nilai dugaan dari metode kuadrat terkecil adalah:

$$\hat{\beta} = (X'X)^{-1}(X'Y)$$

$(X'X)$ akan memiliki invers jika matriks X non singular atau matriks X memiliki *full column rank*.

Sebagai ilustrasi berikut data rancangan dua faktor dengan kelompok sebanyak dua.

		Faktor 1	
		1	2
Faktor 2	1	Y_{111}	Y_{211}
		Y_{112}	Y_{212}
	2	Y_{121}	Y_{221}
		Y_{122}	Y_{222}

Gambar 3. Rancangan dua faktor

$$\beta = \begin{bmatrix} \mu \\ \alpha_1 \\ \alpha_2 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \\ (\alpha\beta)_{11} \\ (\alpha\beta)_{12} \\ (\alpha\beta)_{21} \\ (\alpha\beta)_{22} \\ \rho_1 \\ \rho_2 \end{bmatrix}, y = \begin{bmatrix} y_{111} \\ y_{112} \\ y_{121} \\ y_{122} \\ y_{211} \\ y_{212} \\ y_{221} \\ y_{222} \end{bmatrix}, \epsilon = \begin{bmatrix} \epsilon_{111} \\ \epsilon_{112} \\ \epsilon_{121} \\ \epsilon_{122} \\ \epsilon_{211} \\ \epsilon_{212} \\ \epsilon_{221} \\ \epsilon_{222} \end{bmatrix}$$

$$X = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Interaksi Genotipe-Lingkungan

Interaksi genotipe-lingkungan adalah keragaman yang disebabkan oleh efek



gabungan dari genotipe dan lingkungan (Dickerson, 1962 dalam Kang 2002).

Interaksi genotipe-lingkungan dapat dikelompokkan menjadi dua kategori: interaksi *crossover* dan *non-crossover*. Perbedaan respon dari kultivar-kultivar pada lingkungan yang berbeda merujuk pada interaksi *crossover* dimana posisi kultivar berubah dari satu lingkungan ke lingkungan lain. Ciri utama dari interaksi *crossover* adalah perpotongan garis yang dapat dilihat pada grafik. Interaksi *non-crossover* menggambarkan perubahan pada ukuran dari penampilan genotipe (kuantitatif), tapi urutan posisi genotipe terhadap lingkungan tetap tidak berubah, artinya genotipe yang unggul di suatu lingkungan dapat mempertahankan keunggulannya di lingkungan lain.

Konsep Kestabilan

Ada dua konsep tentang kestabilan, yaitu *static* dan *dynamic*. Konsep kestabilan *static* ini juga dikenal sebagai konsep kestabilan *biological* (Becker, 1981 dalam Kang 2002), dimana konsep ini sesuai dengan konsep kestabilan tipe 1 dan tipe 3 yang diusulkan oleh Lin *et al.* (1986). Kestabilan *dynamic* juga dikenal sebagai konsep kestabilan *agronomic* (Becker, 1981 dalam Kang 2002), dimana konsep ini sesuai dengan konsep kestabilan tipe 2 yang diusulkan oleh Lin *et al.* (1986).

Lin *et al.* (1986 dalam Kang 2002) mendefinisikan empat tipe konsep tentang kestabilan. Tipe 1, suatu genotipe dikatakan stabil jika responnya dari satu lingkungan ke lingkungan lain mempunyai ragam yang kecil. Tipe 2, suatu genotipe dikatakan stabil jika responnya terhadap bermacam lingkungan sejajar dengan rata-rata umum respon dari semua genotip uji di setiap lingkungan. Tipe 3, suatu genotipe dikatakan stabil jika kuadrat tengah simpangan dari model regresi respon genotipe terhadap indeks lingkungan kecil. Kestabilan tipe 4 diusulkan atas dasar keragaman *non-genetic* yaitu *predictable* dan *non-predictable*: komponen *predictable* berhubungan dengan lokasi dan komponen *non-predictable* berhubungan dengan tahun.

Analisis AMMI

Analisis AMMI merupakan gabungan dari sidik ragam pada pengaruh aditif dengan analisis komponen utama pada

pengaruh multiplikatif. Pengaruh multiplikatif diperoleh dari penguraian interaksi genotipe dengan lokasi menjadi komponen utama interaksi (KUI). Interpretasi analisis AMMI menggunakan biplot.

Tiga tujuan utama analisis AMMI adalah (Crossa, 1990):

1. Sebagai analisis pendahuluan untuk mencari model yang tepat.
2. Menjelaskan interaksi perlakuan dengan lokasi.
3. Meningkatkan keakuratan dugaan respon interaksi genotipe dengan lokasi.

Pada analisis ragam model AMMI komponen genotipe lingkungan (interaksi) diuraikan menjadi m buah KUI dan komponen sisaan.

Pemodelan Analisis AMMI

Langkah awal untuk memulai analisis AMMI adalah melihat pengaruh aditif genotipe dan lokasi masing-masing menggunakan sidik ragam dan kemudian dibuat bentuk multiplikatif interaksi genotipe \times lokasi dengan menggunakan analisis komponen utama. Bentuk multiplikatif diperoleh dari penguraian interaksi genotipe dengan lokasi menjadi komponen utama interaksi (KUI). Penguraian pengaruh interaksi genotipe dengan lokasi mengikuti persamaan sebagai:

$$(\alpha\beta)_{ij} = \sqrt{\lambda_1} v_{i1} s_{j1} + \dots + \sqrt{\lambda_m} v_{im} s_{jm} + \delta_{ij}$$

$$= \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij}$$

dengan:

m = banyaknya KUI yang nyata pada taraf 5%,

sehingga persamaan model linier percobaan multilokasi dengan analisis AMMI menjadi:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \rho_{k(j)} + \beta_j + \sum_{n=1}^m \sqrt{\lambda_n} v_{in} s_{jn} + \delta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

dengan:

y_{ijk} = respon dari genotipe ke- i pada lokasi

ke- j dalam kelompok ke- k

i = nilai rata-rata umum

α_i = pengaruh genotipe ke- i , $i=1,2,\dots,g$

$\rho_{k(j)}$ = pengaruh kelompok ke- k tersarang pada lokasi ke- j , $k=1,2,\dots,r$

β_j = pengaruh lokasi ke- j , $j=1,2,\dots,l$



- $\sqrt{\lambda_n}$ = nilai singular untuk komponen bilinear ke-n, $\hat{\epsilon}_1 \geq \hat{\epsilon}_2 \geq \dots \geq \hat{\epsilon}_n$
- V_{in} = pengaruh ganda genotipe ke-i melalui komponen bilinear ke-n
- S_{jn} = pengaruh ganda lokasi ke-j melalui komponen bilinear ke-n
- \hat{Q}_{ij} = sisaan dari pemodelan linier
- \hat{Q}_{ijk} = pengaruh sisaan dari genotipe ke-i dalam kelompok ke-k yang dilakukan di lokasi ke-j
- n = banyaknya KUI yang dipertahankan dalam model

Perhitungan Jumlah Kuadrat

Pengaruh aditif genotipe dan lokasi dihitung sebagaimana umumnya pada analisis ragam, tetapi berdasarkan pada data rata-rata per genotipe x lokasi. Pengaruh ganda genotipe dan lokasi pada interaksi diduga dengan

$$z_{ij} = \bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...}$$

sehingga jumlah kuadrat interaksi dapat diturunkan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} JK(GL) &= r \sum_{i,j} z_{ij}^2 = r \sum (\bar{y}_{ij} - \bar{y}_{i..} - \bar{y}_{.j.} + \bar{y}_{...})^2 \\ &= r \text{ teras}(zz') \end{aligned}$$

Berdasarkan teorema pada aljabar matriks bahwa teras dari suatu matriks sama dengan jumlah seluruh akar ciri matriks tersebut, $tr({}_n A_n) = \sum_i \lambda_i$, maka jumlah kuadrat untuk pengaruh interaksi komponen ke-n adalah akar ciri ke-n pada pemodelan bilinear tersebut (λ_n), jika analisis ragam dilakukan terhadap rata-rata per genotipe x lokasi. Jika analisis ragam dilakukan terhadap data sebenarnya maka jumlah kuadratnya adalah banyak ulangan kali akar ciri ke-n ($r\lambda_n$). Pengujian masing-masing komponen ini dilakukan dengan membandingkannya terhadap kuadrat tengah galat gabungan.

Penguraian Nilai Singular

Penguraian nilai singular matriks dugaan pengaruh interaksi digunakan untuk menduga pengaruh interaksi genotipe x lokasi. Penguraian dilakukan dengan memodelkan matriks tersebut sebagai perkalian matriks :

$$Z = U L A'$$

Dengan Z adalah matriks data terpusat, berukuran $g \times l$; L adalah matriks diagonal akar dari akar ciri positif bukan nol dari ZZ', berukuran $m \times m$. Kolom-kolom matriks A adalah vektor ciri-vektor ciri dari matriks ZZ', A merupakan matriks ortonormal; dan U berupa matriks ortonormal, dirumuskan sebagai :

$$U = Z A L^{-1}$$

Nilai Komponen AMMI

Pengaruh ganda genotipe ke-i diduga melalui unsur-unsur matriks A pada baris ke-i kolom ke-n, sedangkan penduga dari pengaruh ganda lokasi ke-j adalah elemen matriks U pada baris ke-j kolom ke-n dengan kendala $\sum v_{in}^2 = \sum s_{jn}^2 = 1$ untuk $n=1, 2, \dots, m$ dan $\sum_i v_{in} v_{in'} = \sum_j s_{jn} s_{jn'} = 0$ untuk $n \neq n'$. Unsur-unsur diagonal matriks L merupakan penduga untuk $\hat{\epsilon}_n$.

Skor komponen ke-n untuk genotipe ke-i adalah $\hat{\epsilon}_n^k v_{in}^k$ dan untuk lokasi ke-j adalah $\hat{\epsilon}_n^{1-k} s_{jn}^k$. Penduga untuk interaksi genotipe dengan lokasi diperoleh dari perkalian nilai komponen genotipe dan nilai komponen lokasi. Dengan mendefinisikan L^k ($0 \leq k \leq 1$) sebagai matriks diagonal yang unsur-unsur diagonalnya berupa elemen-elemen matriks L dipangkatkan k. Demikian juga untuk matriks L^{1-k} dan $G = UL^k$ serta $H = AL^{1-k}$, maka hasil penguraian nilai singular dapat ditulis dalam bentuk :

$$Z = GH'$$

Sehingga dugaan nilai komponen untuk genotipe adalah kolom-kolom matriks G dan dugaan nilai komponen untuk lokasi adalah kolom-kolom matriks H. Nilai k yang digunakan pada analisis AMMI adalah $\frac{1}{2}$.

Penentuan Banyaknya Komponen AMMI

Metode yang digunakan untuk menentukan banyaknya Komponen Utama Interaksi (KUI) yang dipertahankan dalam model AMMI (Gauch, 1988 dalam Mattjik 2000) yaitu :

1. Metode Keberhasilan Total (*postdictive success*)



- 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.

Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model tereduksi untuk menduga data yang digunakan dalam membangun model tersebut.

Sedangkan banyaknya komponen AMMI sesuai dengan banyaknya sumbu KUI yang nyata pada uji-F analisis ragam. Untuk sumbu KUI yang tidak nyata digabungkan dengan sisaan. Metode ini diusulkan oleh Gollob (1986) yang selanjutnya direkomendasikan oleh Gauch (1988). Tabel analisis AMMI (Tabel 1) merupakan perluasan dari tabel penguraian jumlah kuadrat interaksi menjadi beberapa jumlah kuadrat KUI.

Tabel 1. Tabel analisis ragam AMMI

Sumber	Db	JK
Lingkungan	l-1	JKL
Blok(Lingk.)	l(r-1)	JKB
Genotipe	g-1	JKGen
Gen*Lingk.	(l-1)(g-1)	JK(L*G)
KUI-1	g+l-1-2(1)	JKKUI-1
KUI-2	g+l-1-2(2)	JKKUI-2
.....
KUI-m	g+l-1-2(m)	JKKUI-m
Sisaan	Pengurangan	JKSisaan
Galat gab.	l(g-1)(r-1)	JKG
Total	lgr-1	

2. Metode Keberhasilan Ramalan (*predictive success*)

Metode ini berhubungan dengan kemampuan suatu model dugaan untuk memprediksi data lain yang sejenis tetapi tidak digunakan dalam membangun model tersebut (data validasi).

Penentuan banyaknya sumbu komponen utama dilakukan dengan validasi silang yaitu membagi data menjadi dua kelompok, satu kelompok untuk membangun model dan kelompok lain dipakai untuk validasi (menentukan kuadrat selisih). Teknik ini dilakukan berulang-ulang, pada tiap ulangan dibangun model dengan sumbu komponen utama. Banyaknya KUI terbaik adalah model dengan rataan akar kuadrat tengah sisaan (*root means square different= RMSPD*) terkecil.

$$RMSPD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^l (\hat{x}_{ij} - x_{ij})^2}{g.l}}$$

Kesesuaian model

Kesesuaian model dilihat dari RMS (Root Mean Square) sisaan yaitu rata-rata simpangan yang tidak dapat diterangkan oleh model. RMS sisaan dapat dirumuskan sebagai berikut (Gauch, 1992 dalam Mattjik 2000):

$$RMS_{sisaan} = \sqrt{\frac{JKSisaan}{banyak\ pengamatan}}$$

Koefisien keragaman dapat dihitung menggunakan rumus berikut:

$$KK = \frac{RMS_{sisaan}}{rataan\ umum} \times 100\%$$

Interpretasi Model AMMI

Pemodelan bilinear diinterpretasikan dengan menggunakan biplot AMMI1 (plot antara pengaruh utama dengan skor KUI1). Jika KUI2 nyata maka dapat dilanjutkan dengan biplot AMMI2 (plot antara KUI1 dan KUI2).

Perbedaan dari pengaruh utama dapat dilihat dari jarak antara titik amatan pada sumbu mendatar pada biplot AMMI1, sedangkan jarak titik amatan pada sumbu tegak menggambarkan adanya perbedaan dari pengaruh interaksi (Zobel *et al.*, 1988 dalam Mattjik 2000). Pengaruh interaksi genotipe dan lokasi digambarkan oleh biplot AMMI2. Untuk mengetahui genotipe yang memiliki respon tertinggi di tiap-tiap lokasi, digunakan poligon dengan cara menghubungkan genotipe-genotipe terjauh dari titik pusat, lalu dibuat garis tegak lurus terhadap sisi poligon untuk membagi poligon menjadi beberapa kuadran. Respon terbesar untuk lokasi di kuadran yang sama diperlihatkan dengan genotip yang menjadi titik sudut poligon (Yan & Hunt, 2002).

Kedekatan jarak antara genotipe dan lokasi dan besar sudut yang terbentuk dari kedua titik tersebut mencerminkan adanya interaksi yang khas diantara keduanya.

Kestabilan genotipe diuji dengan pendekatan selang kepercayaan sebaran normal ganda yang berbentuk ellips pada skor KUI-nya. Jika koordinat suatu genotipe semakin dekat dengan pusat koordinatnya berarti genotipe tersebut semakin stabil terhadap perubahan lokasi. Ellips dibuat dari titik pusat (0,0), dengan panjang jari-jari ellips dapat diukur sebagai berikut (Johnson & Winchern, 2002):

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

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

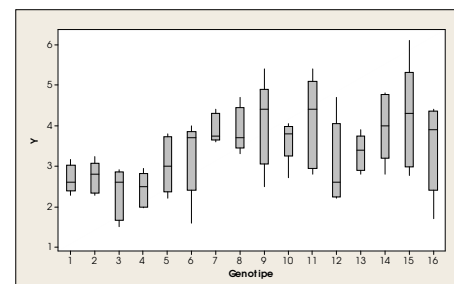
Ada sebanyak 14 buah data hilang yang diduga dalam penelitian ini. Kombinasi genotipe dan lokasi yang hilang dapat dilihat pada Lampiran 1 disertai dengan nilai dugaannya. Pendugaan nilai awal untuk model dengan *connected data* dapat dilihat pada ilustrasi berikut:

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

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.

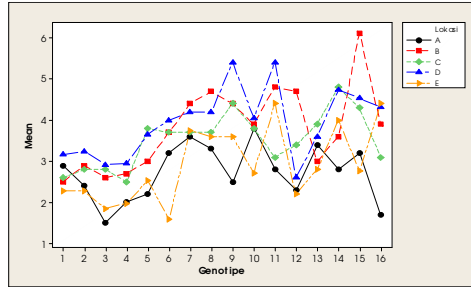
Analisis Deskriptif

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%).



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

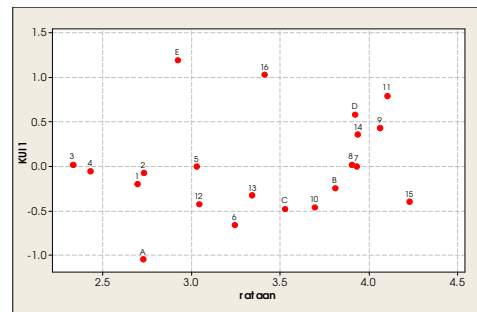
Genotipe	15	29.09	1.94
Lok*gen	60	22.80	0.38
KUI1	18	9.92	0.55
KUI2	16	7.42	0.46
Sisaan	26	5.45	0.21
Total	79	70.27	

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.



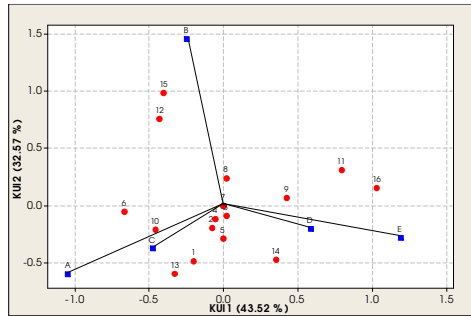
Gambar 6. Biplot AMMI1

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.

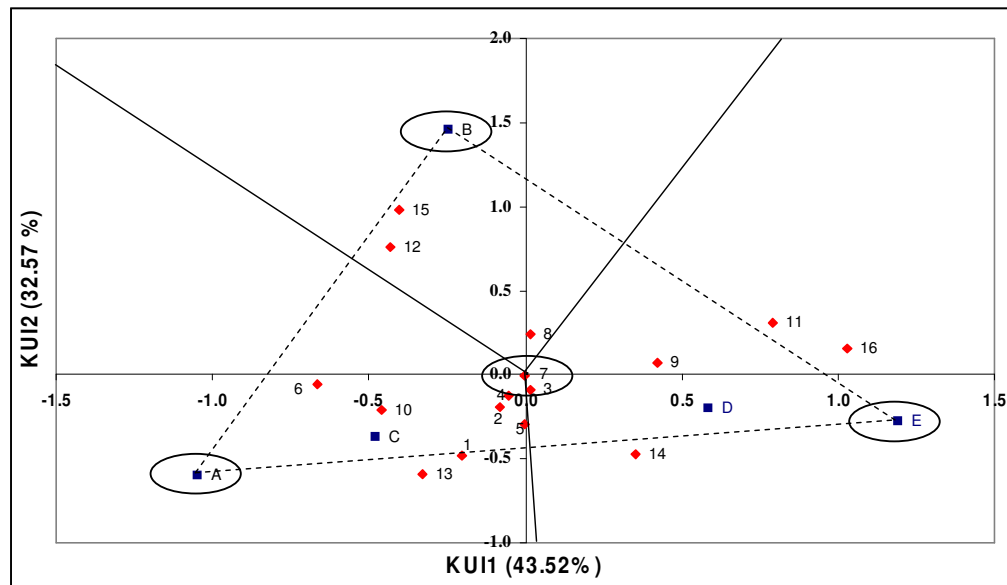
- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan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

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

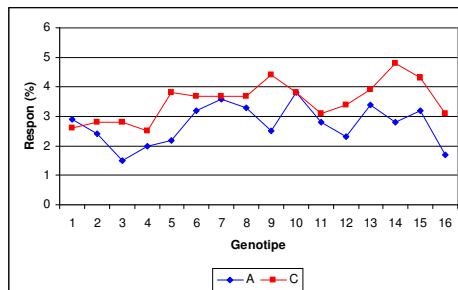
- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan 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.

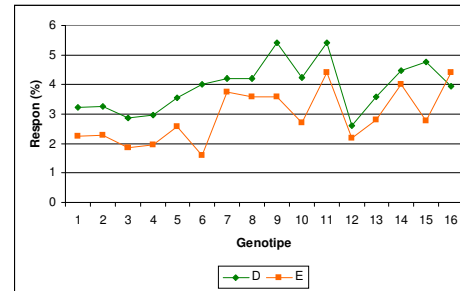
Pola respon genotipe pada lokasi A dan C dapat dilihat pada Gambar 9, dimana posisi genotipe pada kedua lokasi tersebut relatif sama. Hal ini yang membuat lokasi A dan C berada dalam satu kuadran pada biplot AMMI2.



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.



- Crossa, J. 1990. Statistical Analysis of Multilocation Trials. *Advances In Agronomy*. 44: 55-85.
- Johnson, R. A. and D.W. Winchurn. 2002. *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 5th ed. London: Prentice Hall International, Inc.
- Kala, Y.C. 2004. Penguraian interaksi genotip-lingkungan dengan analisis AMMI dan penggunaan *connected data* untuk pendugaan data tak lengkap [skripsi]. Bogor: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor.
- Kang, M.S. 2002. Genotype-Environment Interaction: Progress and Prospects. Di dalam: Kang MS, Editor. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm. 221-243.
- Mattjik, A.A. 2000. Pendugaan Data Hilang dengan Algoritma EM-AMMI pada Percobaan Lokasi Ganda. *Forum Statistika dan Komputasi, Vol. 5 No. 1*.
- Mattjik, A.A., dan I.M. Sumertajaya. 2002. *Perancangan Percobaan dengan Aplikasi SAS dan Minitab*. Bogor: IPB Press.
- Makridakis, S., S.C. Wheelwright, V.E. McGee. 1983. *Forecasting: Methods and Applications*. 2nd ed. Canada: John Wiley & Sons, Inc.
- Minitab Inc. 2004. Minitab User's Help Release 14.12.0 for Windows.
- Montgomery, D.C. 1991. *Design and Analysis of Experiments*. 3rd ed. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Notosoediro, A.L. 2000. Pengkajian interaksi genotip dan lingkungan dengan metode AMMI dan penggunaan algoritma EM-AMMI dalam pendugaan data hilang [skripsi]. Bogor: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor.
- Searle, S.R. 1987. *Linear Models for Unbalance Data*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Yan, W., L.A. Hunt. 2002. Biplot Analysis of Multi-environment Trial Data. Di dalam: Kang MS, Editor. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. Florida: CRC Pr. hlm. 289-303.

LAMPIRAN



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 artikel atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Lampiran 1. Nilai dugaan data hilang

Lokasi	Genotipe	Nilai Dugaan Awal (<i>Connected Data</i>)	Nilai Dugaan Akhir
Banjaran	jpba	3.15602	3.23830
Banjaran	jpbc	3.24121	3.27699
Banjaran	jpbd	2.92011	2.88513
Banjaran	jpbe	2.94704	2.97759
Banjaran	jpbf	3.65741	3.58898
Banjaran	jpkd	4.05347	4.20665
Banjaran	jpkh	4.72599	4.53716
Banjaran	jpki	4.52977	4.73191
Banjaran	jpki	4.32174	4.03631
Majalengka	jpba	2.27568	2.22589
Majalengka	jpbc	2.28393	2.26458
Majalengka	jpbd	1.84574	1.87272
Majalengka	jpbe	1.98110	1.96518
Majalengka	jpbf	2.52770	2.57657

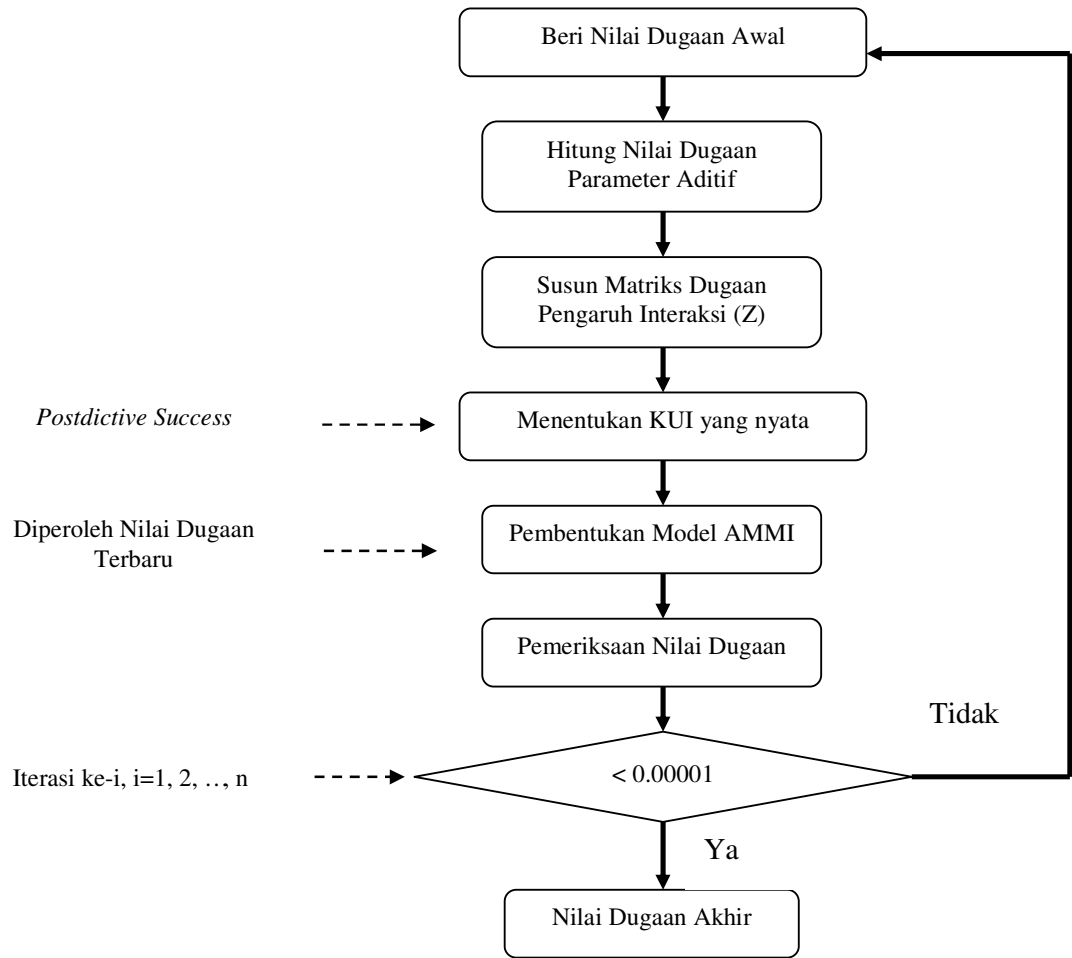
Lampiran 2. Rataan produksi minyak atsiri 16 genotipe jahe pada percobaan di 5 lokasi dalam persen (%)

	Banjaran	Majalengka	Malangbong	Sukabumi	Sumedang	Rataan Genotipe
jpba	-	-	+	+	+	2.68634
jpbc	-	-	+	+	+	2.72503
jpbd	-	-	+	+	+	2.33317
jpbe	-	-	+	+	+	2.42563
jpbf	-	-	+	+	+	3.03702
jma	+	+	+	+	+	3.24000
jmb	+	+	+	+	+	3.93000
jpka	+	+	+	+	+	3.90000
jpke	+	+	+	+	+	4.06000
jpkd	-	+	+	+	+	3.65469
jpke	+	+	+	+	+	4.10000
jpkf	+	+	+	+	+	3.04000
jpgk	+	+	+	+	+	3.34000
jpkh	-	+	+	+	+	3.98520
jpki	-	+	+	+	+	4.17995
jpki	-	+	+	+	+	3.48435
jpki	-	+	+	+	+	3.48435
Rataan Lokasi	3.93455	2.92213	3.80625	2.72500	3.52500	3.38259

Keterangan: + = datanya lengkap
 - = datanya tidak lengkap



Lampiran 3. Algoritma EM-AMMI



Lampiran 4. Nilai Skor KUI1 dan KUI2 untuk genotipe dan lokasi

Genotipe	KUI1	KUI2
1	-0.204280	-0.484110
2	-0.080430	-0.195680
3	0.017870	-0.089390
4	-0.054930	-0.120560
5	-0.004040	-0.291370
6	-0.664040	-0.054540
7	-0.002620	-0.004100
8	0.017160	0.237030
9	0.423720	0.068600
10	-0.461690	-0.212060
11	0.792000	0.312610
12	-0.429970	0.758750
13	-0.326900	-0.592400
14	0.351840	-0.470020
15	-0.402810	0.983330
16	1.029110	0.153880

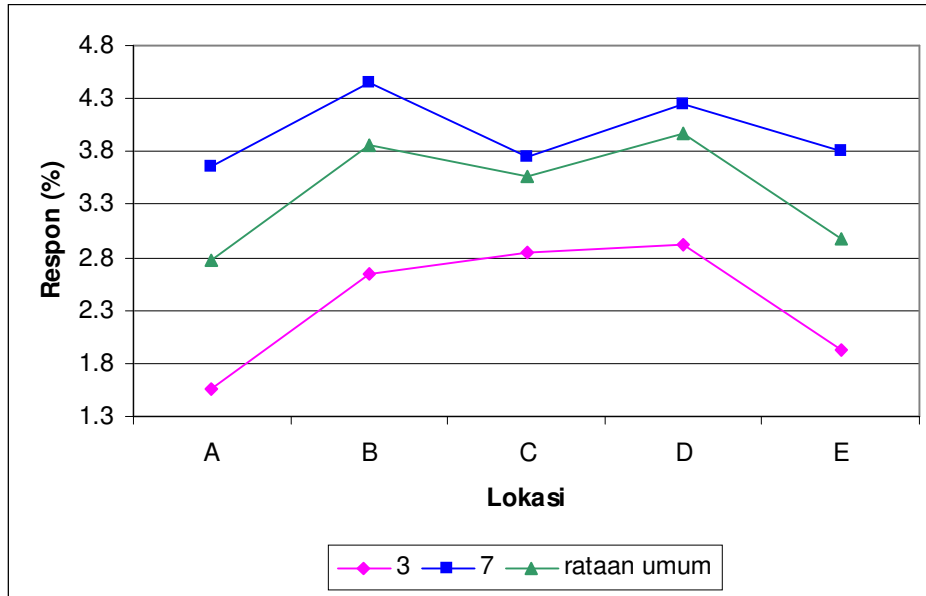
Lokasi	KUI1	KUI2
A	-1.049710	-0.598660
B	-0.246920	1.452050
C	-0.478020	-0.374410
D	0.584400	-0.200150
E	1.190260	-0.278840

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

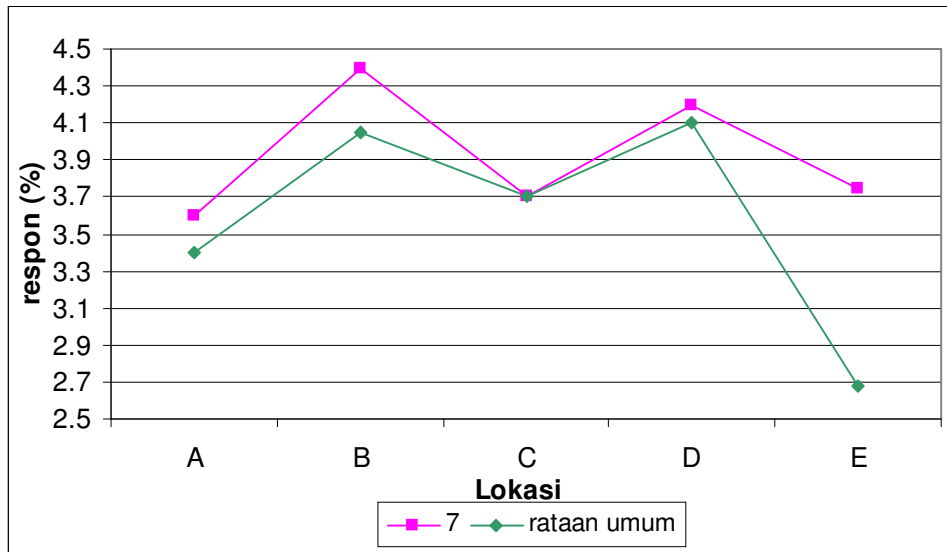
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang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

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

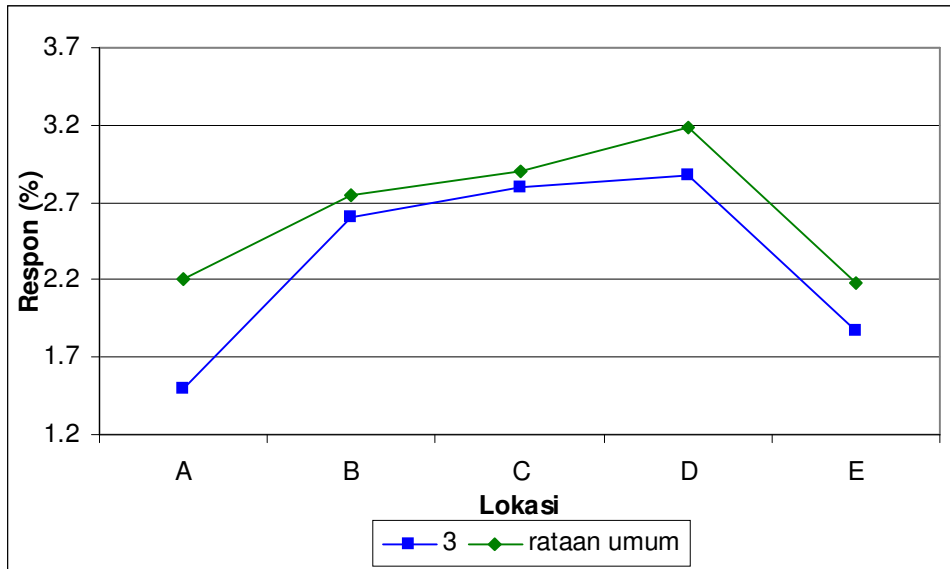
Lampiran 5. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata umum respon semua genotipe uji



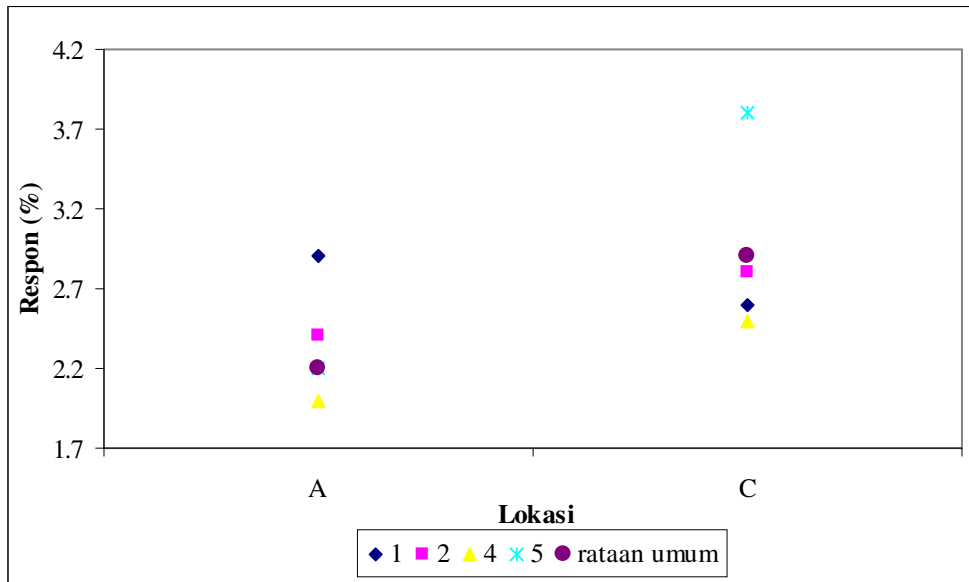
Lampiran 6. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rata-rata semua genotipe Jahe Merah



Lampiran 7. Perbandingan respon genotipe stabil dengan rataaan semua genotipe Jahe Putih Besar



Lampiran 8. Perbandingan respon genotipe spesifik dengan rataaan semua genotipe Jahe Putih Besar



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

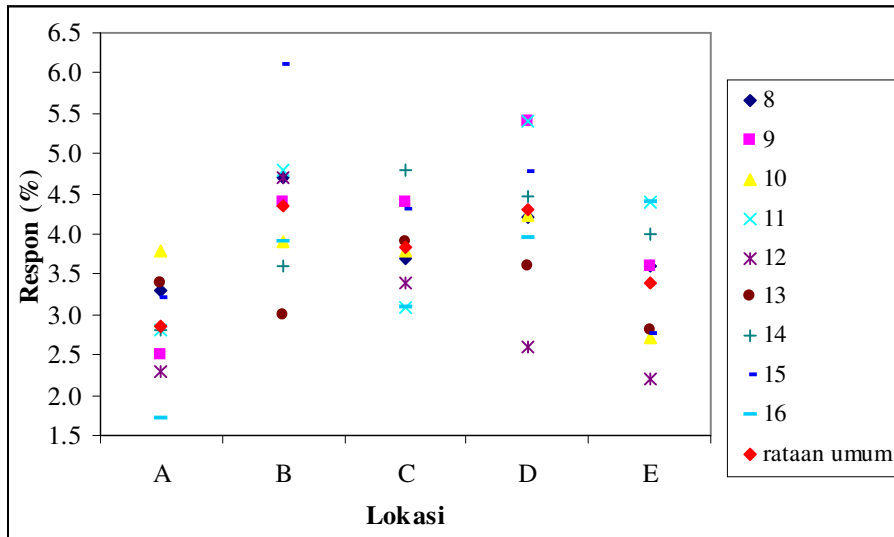
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan artikel atau tinjauan suatu masalah.

b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Lampiran 9. Perbandingan respon genotipe spesifik dengan rataannya semua genotipe Jahe Putih Kecil



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 artikel 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.