

KOREKSI METODE CONNECTED AMMI DALAM PENDUGAAN DATA TIDAK LENGKAP

¹I Made Sumertajaya
²Ahmad Ansori Mattjik
³I Gede Nyoman Mindra Jaya

^{1,2}Dosen Departemen Statistika Institut Pertanian Bogor
³Mahasiswa Pasca Sarjana Institut Pertanian Bogor

ABSTRAK

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 dengan fungsi tujuannya adalah Mean Absolute Percentage Error (MAPE). Hasil simulasi menunjukkan bahwa semakin besar keragaman dari data maka semakin besar pula nilai MAPE semakin besar selaras juga dengan semakin tingginya persentas ketidaklengkapan data. Metode EM-AMMI memberikan MAPE yang lebih baik jika nilai awal dalam proses iterasi ditetapkan dengan menggunakan metode Connected. Sehingga metode Connected –EM AMMI merupakan metode yang layak untuk dijadikan dasar pendugaan data tidak lengkap dalam analisis AMMI.

Kata Kunci : AMMI, Connected AMMI, EM-AMMI

1. PENDAHULUAN

Pada setiap rancangan percobaan sering dijumpai data tidak lengkap yang disebabkan oleh banyak faktor. Data tidak lengkap yang dimaksudkan dalam kajian ini bisa pengamatan tidak lengkap atau bisa juga perlakuan yang tidak lengkap. Faktor-faktor yang berpotensi menyebabkan ketidaklengkapan data percobaan antara lain gangguan alam, atau bisa juga karena disengaja untuk efisiensi terutama percobaan-percobaan yang berskala besar.

Pada kasus data yang tidak lengkap ada dua cara untuk menganalisis data yaitu dengan menganalisis data yang teramati saja atau melakukan pendugaan terhadap data tidak lengkap lalu dilanjutkan dengan analisis datanya. Khusus dalam analisis AMMI kelengkapan data merupakan hal yang sangat penting, jika data tidak lengkap tidak diduga maka harus ada baris dan kolom yang dikorbankan untuk menyeimbangkan data. Pengorbanan data yang telah dikumpulkan bukan merupakan strategi yang baik karena akan menghilangkan informasi dari beberapa perlakuan yang lain.

Dalam analisis AMMI terdapat teknik pendugaan data tidak lengkap yaitu EM-AMMI, yang merupakan metode pendugaan data tidak lengkap secara iteratif yaitu menduga data tidak lengkap, mengepaskan model dan menduga kembali data tidak lengkap berdasarkan model yang diperoleh. Proses ini berhenti sampai kriteria konvergensi terpenuhi (Gauch, 1992). Untuk mendapatkan proses konvergensi lebih cepat maka diperlukan metode penentuan nilai awal yang lebih baik. Dalam kajian ini, nilai awal untuk data tidak lengkap akan dilakukan dengan metode connected data. Dalam metode connected data, data tidak lengkap diduga berdasarkan data yang teramati saja dengan menghubungkan perubahan kondisi disekitar data tidak lengkap. Dengan kombinasi metode connected data dengan algoritma EM-AMMI diharapkan pendugaan data tidak lengkap menjadi lebih teliti dan konvergensinya lebih cepat.

2. TINJAUAN PUSTAKA

Data Terhubungkan (Connected Data)

Menurut Weeks and Williams dalam Searle (1987), data pada tabel klasifikasi dua arah dikatakan terhubungkan secara geometri (*g-connected*) bila data pada sel-selnya dapat dihubungkan oleh garis lurus (garis horisontal maupun vertikal), yang mengikuti arah dari sel-sel terisi.

	1	2	3	4	5
1	√		√		
2		√		√	
3			√		√
4	√			√	

Gambar 1 Struktur Data yang Bersifat G-connected

Gambar 1, menunjukkan struktur data yang terhubung secara geometri dimana setiap data yang ada dalam tabel dua arah tersebut dapat dihubungkan dengan suatu garis lurus yang tidak terputus. Sedangkan pada Gambar2, terlihat bahwa data-data yang ada terpisah menjadi dua kelompok data, dimana kedua kelompok data tersebut tidak dapat dihubungkan dengan suatu garis sehingga struktur data pada Gambar2 termasuk salah satu contoh struktur data yang bukan g-connected.

	1	2	3	4	5
1	√		√		
2		√		√	√
3			√		
4		√		√	

Gambar 2. Struktur Data yang Bersifat bukan G-connected

Data yang tidak terhubung secara geometri biasanya memiliki beberapa kelompok data yang terhubung secara geometri (kasus Gambar2, terdiri dari dua kelompok g-connected), pendekatan analisis dapat dilakukan secara terpisah untuk masing-masing kelompok.

Untuk data g-connected berimplikasi bahwa seluruh dari kontras baris (μ_i) maupun kolom (τ_j) dapat diduga, hal ini berarti dalam tabel dua arah tanpa interaksi seluruh perbedaan $\mu_i - \mu_{i'}$, untuk $i \neq i'$, dan $\tau_j - \tau_{j'}$, untuk $j \neq j'$ dapat diduga (estimable). Akibatnya seluruh rata-rata sel dapat diduga, baik untuk sel-sel yang terisi maupun sel-sel yang kosong.

Untuk sel-sel terisi, pendugaan tidak menjadi masalah. Tetapi misal sel (i,j) kosong maka untuk data g-connected, ada beberapa sel (i,j') dalam baris yang sama dan atau beberapa sel (i',j) dalam kolom yang sama yang terisi. Maka,

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

karena kedua suku dapat diduga maka μ_{ij} dapat diduga.

EM-AMMI (Expectation - Maximization AMMI)

EM-AMMI ini merupakan perluasan metode AMMI dengan proses pendugaan (untuk data tidak lengkap) secara iteratif. Dalam penggunaan algoritma EM-AMMI ada beberapa hal yang membuat pendugaan ini tidak bisa dilakukan yaitu jika semua pengamatan hilang, pengamatan untuk satu genotipe atau satu lingkungan atau satu kelompok semua hilang, dan jika jumlah data tidak lengkap melebihi derajat bebas galat.

Ada dua tahap dasar dalam algoritma EM-AMMI yaitu :

1. Tahap E (Expectation) yaitu tahapan menduga data yang hilang.
2. Tahap M (Maximization) yaitu tahapan pembentukan model dari data yang ada.

Pada dasarnya metode ini bertujuan menduga model dengan data yang ada dengan mengabaikan data tidak lengkap. Lalu secara iteratif menduga data yang hilang kemudian dipaskan (dicari modelnya) hingga dicapai keadaan yang konvergen yaitu keadaan di mana perubahan nilai dugaan antar iterasi relatif kecil yaitu < 0.00001 (Gauch, 1992).

Jika pada analisis AMMI biasa skor KUI selalu tetap, misalnya skor KUI1 model AMMI1 sama dengan skor KUI1 pada model AMMI yang lebih tinggi, maka pada algoritma EM-AMMI skor KUI ini berubah pada tiap-tiap iterasi. Hal ini disebabkan nilai dugaan mempengaruhi nilai parameter aditif maupun multiplikatifnya.

Banyaknya iterasi untuk mencapai keadaan konvergen itu dipengaruhi oleh dua hal penting yaitu besar ukuran matriks dan persentase data tidak lengkap yang ada. Semakin besar ukuran matriks maka akan semakin lama pula iterasi yang diperlukan dan semakin besar persentase data tidak lengkap maka akan semakin besar pula jumlah iterasi yang dibutuhkan untuk mencapai kekonvergenan.

3. RANCANGAN SIMULASI DATA TIDAK LENGKAP

Untuk simulasi pendugaan data tidak lengkap dilakukan secara bertahap mulai dari penghilangan data lengkap lalu pemberian nilai awal dengan melihat pengaruh utamanya lalu menggunakan algoritma EM-AMMI untuk menghasilkan penduga bagi tiap-tiap data yang hilang. Data lengkap yang dihilangkan adalah data daya hasil jagung yang merupakan hasil percobaan multilokasi Jagung Hibrida yang dilakukan dari tanggal 23 Juli 2006 sampai 10 April 2007 yaitu pada musim hujan dan kemarau.

Percobaan ini menggunakan 7 genotipe Jagung Hibrida Harapan dan 5 genotipe Jagung Hibrida Komersial. yang ditanam pada 18 lokasi tersebar di 6 Propinsi.

Secara ringkas algoritma simulasi pendugaan data tidak lengkap adalah sebagai berikut:

1. Penghilangan data secara acak tetapi tetap mempertahankan pola connected.
2. Pemberian nilai dugaan awal bagi data tidak lengkap menggunakan metode connected data. Pada tahap ini pengaruh genotif dan lokasi diasumsikan aditif, sehingga dugaan awal bagi data yang tidak lengkap dapat dilakukan sebagai berikut: (misalnya data tidak lengkap pada posisi genotif ke-2 dan lokasi ke-1, μ_{12})

Tabel 1. Struktur data pengamatan dengan perlakuan tidak lengkap

	L ₁	L ₂	.	L _b	Pengaruh genotif
G ₁	μ_{11}	μ_{12}		μ_{1b}	α_1
G ₂	Data tidak lengkap	μ_{22}		μ_{2b}	α_2
G _a	μ_{a1}	μ_{a2}		μ_{ab}	α_a
Pengaruh lokasi	β_1	β_2		β_b	μ

Keterangan: μ_{ij} rata-rata genotif ke-i dan lokasi ke-j; α_i pengaruh genotif ke-i; β_j pengaruh lokasi ke-j; dan μ rata-rata umum.

Penduga bagi sel genotif ke-2 dan lokasi ke-1 adalah:

$$\hat{\mu}_{21} = \mu_{11} + (\alpha_2 - \alpha_1) \quad \hat{\mu}_{21} = \mu_{22} + (\beta_1 - \beta_2)$$

$$\hat{\mu}_{21} = \bar{Y}_{11.} + (\bar{Y}_{2..} - \bar{Y}_{1..}) \quad \hat{\mu}_{21} = \bar{Y}_{22.} + (\bar{Y}_{.1.} - \bar{Y}_{.2.})$$

Penduga bagi masing-masing parameter dihitung berdasarkan data yang diamati saja, sebagai berikut:

Penduga bagi rata-rata genotif ke-i dan lokasi ke-j: $\hat{\mu}_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^n Y_{ijk}}{n_{ij}} = \bar{Y}_{ij.}$,

Penduga bagi pengaruh genotif ke-i: $\hat{\alpha}_i = \bar{Y}_{i...} - \bar{Y}_{...}$,

Penduga bagi pengaruh lokasi ke-j: $\hat{\beta}_j = \bar{Y}_{.j.} - \bar{Y}_{...}$

3. Pembangunan model AMMI, berdasarkan data yang sudah lengkap dengan tahapan sebagai berikut:

- Penyusunan matriks dugaan pengaruh interaksi

- Penguraian nilai singular matriks interaksi menjadi Komponen-komponen Utama Interaksi (KUI).
 - Penentuan banyaknya KUI dengan Metode *Posdictive Success*.
 - Pembentukan model AMMI.
4. Memperbaiki nilai dugaan data tidak lengkap berdasarkan model AMMI terbaru.
 5. Pemeriksaan tingkat perubahan relatif nilai dugaan data tidak lengkap :
 - Jika tingkat perubahan $< 10^{-3}$ maka nilai dugaan baru tersebut merupakan nilai dugaan akhir.
 - Jika tingkat perubahan $> 10^{-3}$ maka ganti nilai dugaan dengan nilai dugaan baru dan ulangi langkah ke-3 sampai ke-5.
 6. Ketelitian nilai dugaan data tidak lengkap diukur dengan menggunakan *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE), sebagai berikut:

$$MAPE = \sum_{i=1}^n \frac{\|Y_i - F_i\|}{Y_i} \times 100\%$$

Besaran nilai MAPE lebih besar dari 0%, semakin kecil nilai MAPE mengindikasikan nilai dugaan semakin teliti.

Banyaknya data tidak lengkap yang disimulasikan yaitu 5%, 10%, 20%, 30%, 40% dan 50%. Setiap gugus data yang dihilangkan akan dicoba 10 pola *connected*. Penghilangan data dilakukan dengan tetap mempertahankan syarat dari *connected data*.

4. HASIL SIMULASI DATA TIDAK LENGKAP

Pendugaan Data tidak lengkap Dengan Metode *Connected*

Pendugaan data tidak lengkap melalui metode *connected* secara teknis tidak terlalu sulit untuk dikerjakan. Data yang teramati dipersyaratkan terhubung dalam rangkaian garis linier yang tak terputus dimaksudkan agar seluruh data yang hilang dapat dijelaskan dari kondisi data sekitarnya. Sebagai ilustrasi data pengamatan yang mengandung data tidak lengkap seperti terlihat pada **Tabel 2**.

Model linier aditif diasumsikan sebagai berikut: $y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varepsilon_{ij}$

Dimana μ rata-rata umum, α_i pengaruh genotif ke- i , β_j pengaruh lokasi ke- j , ε_{ij} pengaruh acak genotif ke- i dan lokasi ke- j .

Langkah pertama adalah menduga pengaruh genotif dan lokasi berdasarkan data yang teramati dengan metode kuadrat terkecil (*least square*) dengan restriksi jumlah pengaruh genotif dan lokasi sama dengan nol, sebagai berikut:

Pengaruh genotype ke-i:

$$\alpha_j = \bar{y}_{.j} - \bar{y}_{..}$$

$$\alpha_1 = 8.887 - 9.182 = -0.295$$

$$\alpha_2 = 9.021 - 9.182 = -0.161$$

dan seterusnya

Pengaruh lokasi ke-i:

$$\beta_i = \bar{y}_i - \bar{y}_{..}$$

$$\beta_1 = 6.912 - 9.182 = -2.271$$

$$\beta_2 = 11.218 - 9.182 = 2.036$$

dan seterusnya

Tabel 2. Data Rata-Rata Daya Hasil yang Dihilangan Sebanyak 5% yang Mengikuti Pola Terhubungkan (*connected*).

LOKASI	GENOTYPE												Rataan Lokasi	Pengaruh Lokasi
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
L2	7.590	6.333	6.103	6.190	7.240	7.440	6.917	6.370	7.580	6.677	7.063	7.167	6.912	-2.271
L3	10.194	10.165	11.813	13.100	13.131	.	10.527	10.897	11.646	10.250	.	10.459	11.218	2.036
L4	7.352	8.968	8.737	8.103	7.906	7.895	6.808	7.168	9.142	8.391	7.565	8.387	8.035	-1.147
L5	9.167	9.471	9.637	.	9.560	9.785	8.216	9.234	9.199	8.677	9.860	8.528	9.212	0.030
L6	8.011	9.584	7.668	8.274	8.415	8.301	7.332	.	8.698	9.563	7.758	8.854	8.405	-0.777
L7	7.591	9.105	7.549	9.173	8.728	7.471	8.931	7.943	8.584	6.388	8.891	8.626	8.248	-0.934
L8	7.783	7.790	8.854	10.426	9.355	9.038	9.554	8.800	9.187	8.303	9.108	8.788	8.915	-0.267
L9	9.614	10.523	10.706	.	11.460	11.401	12.041	12.163	10.207	10.415	10.414	9.910	10.814	1.631
L10	9.175	8.533	8.948	10.499	9.704	10.357	10.146	9.845	9.780	8.025	9.887	9.139	9.503	0.321
L11	10.245	9.438	10.284	.	11.087	10.940	9.660	11.048	10.665	.	9.913	10.932	10.421	1.239
L13	7.504	7.760	8.076	9.328	7.651	.	6.919	7.230	6.980	.	8.743	6.920	7.711	-1.471
L14	11.677	11.357	12.472	12.957	11.701	11.706	11.958	12.531	11.916	10.994	10.570	11.462	11.775	2.593
L15	10.765	9.441	9.354	10.084	10.935	10.748	10.299	10.197	10.511	10.758	10.473	10.158	10.318	1.136
L16	7.926	7.832	7.955	9.006	7.379	8.126	6.915	7.796	7.436	6.717	7.586	.	7.698	-1.485
L17	13.226	12.523	14.146	15.055	13.067	13.339	13.062	12.826	12.666	11.853	12.674	13.069	13.125	3.943
L18	4.674	5.415	4.631	5.079	4.841	5.236	4.796	5.168	4.782	5.684	4.723	5.276	4.859	-4.324
Rataan Genotype	8.887	9.021	9.183	9.813	9.510	9.413	8.986	9.281	9.311	8.692	8.995	9.176	9.182	
Pengaruh Genotype	-0.295	-0.161	0.001	0.631	0.327	0.231	-0.196	0.099	0.129	-0.490	-0.187	-0.006		

Hasil selengkapnya dapat dilihat pada **Tabel 2** kolom paling kanan untuk pengaruh genotif dan baris paling bawah untuk pengaruh lokasi.

Selanjutnya pendugaan data tidak lengkap dapat dilakukan sebagai berikut:

$$\mu_{ij} = \mu_{ij'} + (\beta_{j'} - \beta_j)$$

atau

$$\mu_{ij} = \mu_{i'j} + (\alpha_{i'} - \alpha_i)$$

Dengan demikian penduga data tidak lengkap pada **Tabel 2** di atas dapat diduga sebagai berikut:

Genotif F di lokasi L3.

$$\hat{y}_{3,1} = \hat{\mu}_{3,1} = \hat{\mu}_{2,1} + (\hat{\alpha}_3 - \hat{\alpha}_2) = 8.103 + (0.030 - (-1.147)) = 9.280$$

Hasil pendugaan selengkapnya dapat dilihat pada **Tabel 3**.

Tabel 3. Nilai Sebenarnya, Nilai Dugaan dengan Metode Connected dan Persentase Penyimpangan Relatif Antara Nilai Sebenarnya Dengan Dugaan

Lokasi	Genotype	Data Asli	Data Connected	Persentase Simpangan Mutlak
L3	F	11.984	11.746	1.984
L3	K	10.380	11.370	9.532
L5	D	10.708	9.280	13.342
L6	H	7.336	8.427	14.886
L9	D	11.533	12.324	6.861
L11	D	12.201	11.416	6.430
L11	J	10.716	8.943	16.549
L13	F	8.306	8.230	0.912
L13	J	6.594	6.233	5.478
L16	L	7.103	7.537	6.123
MAPE				8.209693

Besarnya nilai persentase simpangan mutlak (APE) bervariasi dari satu data ke data tidak lengkap yang lain. Hal ini mengindikasikan jika pengamatan yang hilang memiliki karakteristik yang jauh berbeda dengan nilai pengamatan disekitarnya maka nilai APE-nya akan cenderung besar sedangkan jika pengamatan yang hilang memiliki karakteristik yang mirip dengan nilai pengamatan disekitarnya maka nilai APE-nya akan cenderung kecil.

Rata-rata persentase simpangan mutlak (MAPE) untuk kelima buah data yang hilang adalah sebesar 8.21%. Dari nilai MAPE yang diperoleh dapat disimpulkan metode connected cukup baik menduga data yang hilang untuk pola yang pertama.

Dari 50 pola data yang dihilangkan untuk 5%, 10%, 20%, 30%, 40% dan 50% data yang hilang diperoleh nilai MAPE seperti pada **Tabel 4**. Besarnya nilai MAPE terlihat cenderung membesar jika jumlah data yang dihilangkan semakin besar. Hal ini berarti jika semakin banyak data yang hilang maka akan menyebabkan tingkat ketelitian pendugaan akan menurun.

Tabel 4. Nilai MAPE untuk Pendugaan Data tidak lengkap Dengan Metode Connected

% Data Tidak Lengkap	CONNECTED
5	8.0427
10	8.1716
20	8.2429
30	8.2584
40	8.3186
50	8.3360

Pendugaan Data tidak lengkap dengan Metode EM-AMMI

Pendugaan data tidak lengkap dengan metode EM-AMMI membutuhkan nilai awal untuk data yang hilang. Dalam kajian ini nilai dugaan awal untuk EM-AMMI ditentukan sesuai dengan besaran dari dugaan metode connected. Hal ini dilakukan sekaligus untuk mengevaluasi apakah dugaan berdasarkan metode connected optimum berdasarkan metode EM-AMMI.

Sebagai ilustrasi pendugaan data tidak lengkap seperti pada **Tabel 5**, selanjutnya akan diduga dengan metode EM-AMMI.

(i). Berikan nilai dugaan awal

$$\hat{y}_{26} = 11.747, \hat{y}_{211} = 11.370, \hat{y}_{44} = 9,280, \hat{y}_{58} = 8,427, \hat{y}_{84} = 12,324, \hat{y}_{104} = 11,416$$

$$\hat{y}_{1010} = 8,943, \hat{y}_{116} = 8,230, \hat{y}_{1110} = 6,233, \hat{y}_{1412} = 7,537$$

(ii). Bangun model AMMI

Model linier AMMI yang digunakan adalah model AMMI tanpa ulangan sebagai berikut:

$$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{k=1}^5 \sqrt{\lambda_k} \phi_{ki} \theta_{kj}$$

Dimana penduga masing-masing parameternya adalah sebagai berikut:

Proses pendugaan ini konvergen pada iterasi ke-25, hasil pendugaan selengkapnya dapat dilihat pada **Tabel 5**

Tabel 5. Nilai Sebenarnya, Nilai Dugaan Dengan Metode EM-AMMI dan Persentase Penyimpangan Relatif Antara nilai Sebenarnya Dengan Dugaan

Lokasi	Genotype	Data Asli	Data Connected-EM AMMI	Persentase Simpangan Mutlak
L3	F	11.984	11.649	2.799
L3	K	10.380	11.352	9.366
L5	D	10.708	9.908	7.471
L6	H	7.336	8.044	9.652
L9	D	11.533	12.209	5.864
L11	D	12.201	11.483	5.889

Lokasi	Genotype	Data Asli	Data Connected-EM AMMI	Persentase Simpangan Mutlak
L11	D	12.201	11.483	5.889
L11	J	10.716	9.460	11.725
L13	F	8.306	7.893	4.978
L13	J	6.594	6.294	4.545
L16	L	7.103	7.516	5.814
MAPE				6.810

Rata-rata persentase simpangan mutlak (MAPE) untuk kelima buah data yang hilang adalah sebesar 6.810%. Dari nilai MAPE yang diperoleh dapat disimpulkan untuk pola pertama, metode EM-AMMI cukup baik menduga data yang hilang untuk pola yang pertama bahkan hasilnya terlihat lebih teliti dibandingkan dengan metode connected.

Dari 50 pola data yang dihilangkan untuk 5%, 10%, 20%, 30%, 40% dan 50% data yang hilang diperoleh nilai MAPE seperti pada **Tabel 6** Besarnya nilai MAPE dengan metode EM-AMMI juga terlihat cenderung membesar jika jumlah data yang dihilangkan semakin besar. Namun demikian sampai dengan 50% data tidak lengkap nilai MAPE masih dibawah 10% dan diperkirakan setelah data tidak lengkap melebihi 50% nilai MAPE akan lebih besar dari 10%

Tabel 6. Nilai MAPE untuk Pendugaan Data tidak lengkap Dengan Metode Connected-EM AMMI

% Data Tidak Lengkap	CONNECTED EM- AMMI
5	7.5159
10	7.5395
20	7.4140
30	7.4323
40	7.6707
50	7.7630

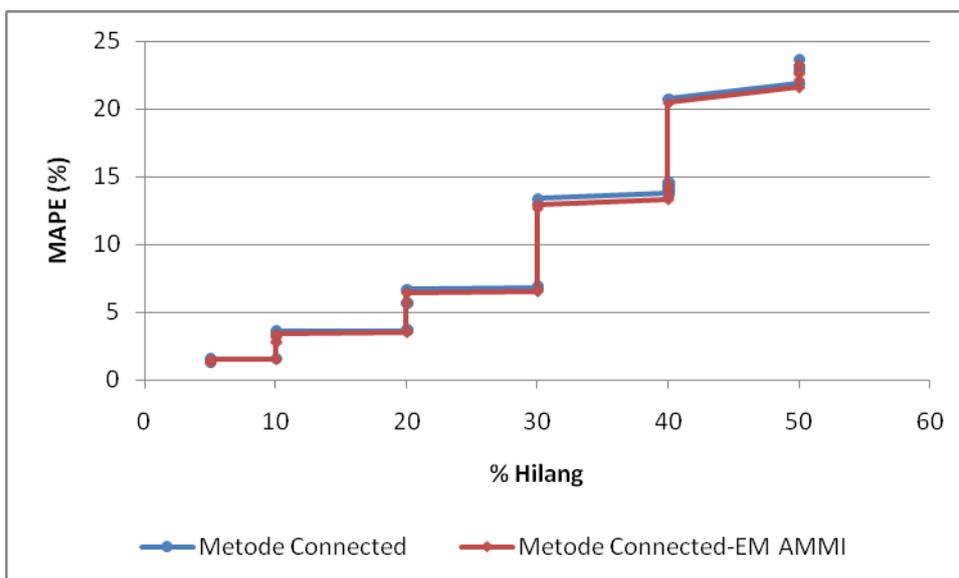
Selain menggunakan data asli, juga disimulasikan pendugaan data tidak lengkap dengan menggunakan data bangkitan. Analisa lebih lengkap mengenai data tidak lengkap disajikan di bawah ini :

Untuk simulasi data tidak lengkap dilakukan dengan menggunakan data bangkitan dan data asli yang beberapa persen datanya disimulasikan hilang. Di bawah ini merupakan hasil perbandingan pendugana data tidak lengkap menggunakan data hasil simulasi untuk $\varepsilon \sim (0,1)$, $\varepsilon \sim (0,5)$, $\varepsilon \sim (0,10)$, $\varepsilon \sim (0,20)$, dan $\varepsilon \sim (0,30)$.

Tabel 7. Perbandingan Pendugaan Data tidak lengkap dari Data Bangkitan

% Data Tidak Lengkap	Sigma ² (²)	MAPE	
		CONNECTED	CONNECTED EM- AMMI
5%	1	1.268	1.311
	5	1.3292	1.3636
	10	1.4725	1.4614
	20	1.5009	1.4714
	30	1.5308	1.4981
10%	1	1.555	1.528
	5	3.2992	2.7587
	10	3.4378	2.8632
	20	3.5115	3.1636
	30	3.5848	3.3666
20%	1	3.6209	3.5136
	5	3.6556	3.6188
	10	5.6676	5.6968

	20	6.6196	6.4577
	30	6.6785	6.4253
30%	1	6.7905	6.5387
	5	6.8436	6.6974
	10	6.8823	6.6993
	20	12.9824	12.6782
	30	13.3856	12.9261
	40%	1	13.7749
5		14.0591	13.4968
10		14.332	13.9338
20		14.6253	14.3871
30		20.7163	20.4327
50%	1	21.8649	21.6013
	5	22.8944	22.1557
	10	23.0911	22.612
	20	23.1065	22.7325
	30	23.6626	23.2874



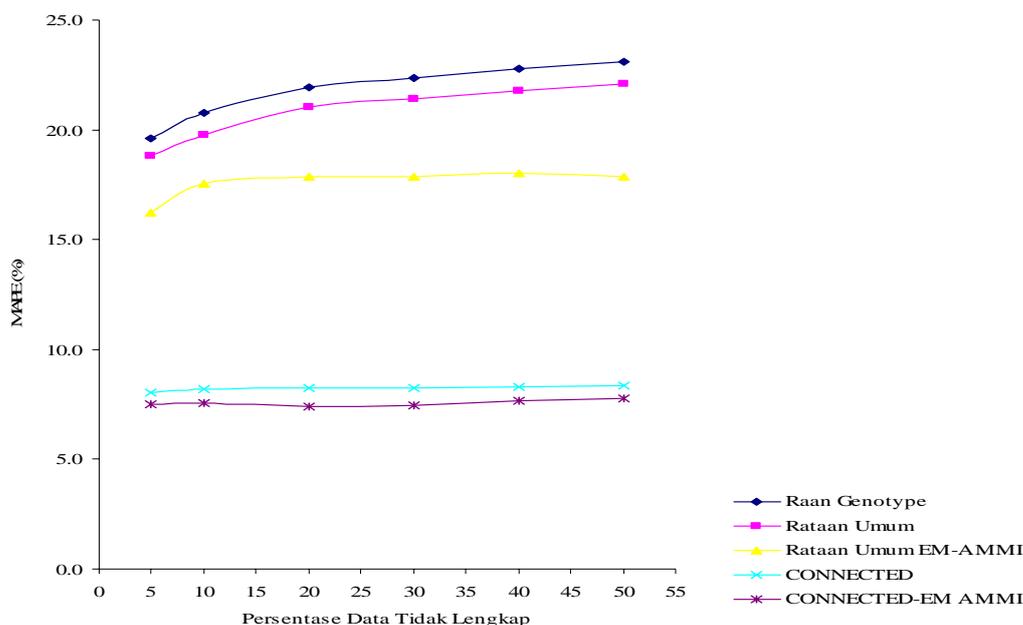
Gambar 3 Perbandingan Metode Pendugaan Data tidak lengkap Untuk Data Bangkitan

Gambar 3. memperlihatkan bahwa semakin besar keragamana dari data maka ada kecenderungan kelima metode pendugaan memberikan nilai MAPE yang semakin besar.

Gambar di atas juga memberikan informasi bahwa dari kedua metode pendugaan data tidak lengkap. Metode Connected EM-AMMI memberikan pendugaan yang relatif paling akurat jika dibandingkan hanya dengan menggunakan metode Connected. \

Tabel 4.8. Perbandingan Pendugaan Data tidak lengkap dari Data Daya Hasil Jagung

% Data Tidak Lengkap	MAPE				
	RATA-RATA GENOTYPE	RATA-RATA UMUM	EM-AMMI	CONNECTED	CONNECTED EM-AMMI
5%	19.6224	18.8177	16.2421	8.0427	7.5159
10%	20.7610	19.7802	17.5465	8.1716	7.5395
20%	21.9265	21.0552	17.8646	8.2429	7.4140
30%	22.3831	21.3948	17.8404	8.2584	7.4323
40%	22.7779	21.7634	18.0011	8.3186	7.6707
50%	23.1133	22.0911	17.8909	8.3360	7.7630



Gambar 4. Perbandingan Metode Pendugaan Data Tidak Lengkap Menggunakan Simulasi Data Daya Hasil Jagung

Dari Gambar 4. di atas terlihat bahwa metode Connected dan Connected-EM AMMI memberikan nilai MAPE paling rendah dan metode Connected-EM AMMI lebih baik dibandingkan metode Connected saja.

5. KESIMPULAN

Dari hasil yang diperoleh pada sub bab sebelumnya dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut:

1. Pendugaan data tidak lengkap untuk ragam populasi yang semakin besar memberikan nilai MAPE yang semakin besar pula. Ini mengindikasikan bahwa semakin besar keragaman populasi metode pendugaan setiap metode pendugaan memberikan hasil yang kurang efisien.
2. Metode pendugaan data tidak lengkap yang paling efisien baik data hasil bangkitan ataupun data asli adalah metode Connected EM-AMMI. Metode Connected dapat memperbaiki efisiensi metode EM-AMMI dengan penetapan nilai awal yang lebih baik.
3. Semakin banyak jumlah data yang tidak lengkap mengakibatkan tingkat akurasi pendugaan semakin menurun. Banyaknya data yang tidak lengkap, yang masih dapat diduga dengan akurasi pendugaan cukup tinggi baik dengan menggunakan metode connected data maupun Connected EM-AMMI adalah maksimal 50%.

6. UCAPAN TERIMAKASIH

Kami Ucapan Terimakaasih Kepada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi (DIKTI). Tulisan ini bagian dari Hibah Penelitian Tim Pascasarjana yang didanai oleh Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi Nomor : 266/13.11/PL/2008 Tanggal : 02 April 2008.

7. DAFTAR PUSTAKA

Crossa, J. 1990. Statistical Analysis of Multilocation Trials. *Advances In Agronomy*. 44: 55-85.

Johnson, R. A. and D.W. Winchern. 2002. *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 5th ed. London: Prentice Hall International, Inc.

Mattjik, A.A. 2000. Pendugaan Data tidak lengkap 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.

Montgomery, D.C. 1991. *Design and Analysis of Experiments*. 3rd ed. New York: John Wiley & Sons, Inc.

Searle, S.R. 1987. *Linear Models for Unbalance Data*. New York: John Wiley & Sons, Inc.

8. LAMPIRAN

Rataan Data Asli Daya Hasil Jagung

LOKA SI	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
L2	7.59	6.33	6.10	6.49	7.24	7.44	6.92	6.37	7.58	6.68	7.06	7.14
L3	10.1 9	10.1 6	11.8 1	13.1 0	13.1 3	11.9 8	10.5 3	10.9 0	11.6 5	10.2 5	10.3 8	10.4 6
L4	7.35	8.97	8.74	8.10	7.91	7.89	6.81	7.17	9.14	8.39	7.57	8.39
L5	9.17	9.47	9.64	10.7 1	9.56	9.78	8.22	9.23	9.20	8.68	9.86	8.53
L6	8.01	9.58	7.67	8.27	8.41	8.30	7.33	7.34	8.70	9.56	7.76	8.85
L7	7.59	9.10	7.55	9.17	8.73	7.47	8.93	7.94	8.58	6.39	8.89	8.63
L8	7.78	7.79	8.85	10.4 3	9.36	9.04	9.55	8.80	9.19	8.30	9.11	8.79
L9	9.61	10.6 2	10.7 1	11.5 3	11.4 6	11.4 0	12.0 4	12.1 6	10.2 1	10.4 1	10.4 1	9.91
L10	9.18	8.53	8.95	10.5 0	9.70	10.3 6	10.1 5	9.84	9.78	8.02	9.89	9.14
L11	10.2 5	9.44	10.2 8	12.2 0	11.0 9	10.9 4	9.66	11.0 5	10.6 7	10.7 2	9.91	10.9 3
L13	7.50	7.76	8.08	9.33	7.65	8.31	6.92	7.23	6.98	6.59	8.74	6.92
L14	11.6 8	11.3 6	12.4 7	12.9 6	11.7 0	11.7 1	11.9 6	12.5 3	11.9 2	10.9 9	10.5 7	11.4 6
L15	10.7 6	9.44	9.35	10.0 8	10.9 4	10.7 5	10.3 0	10.2 0	10.6 1	10.7 6	10.4 7	10.1 6
L16	7.93	7.83	7.96	9.01	7.38	8.13	6.91	7.80	7.44	6.72	7.59	7.10
L17	13.2 3	12.5 2	14.1 5	15.0 5	13.0 7	13.3 4	13.0 6	12.8 3	12.6 7	11.8 5	12.6 7	13.0 7
L18	4.37	5.41	4.63	5.08	4.84	5.24	4.50	5.17	4.68	4.68	4.42	5.28

Program Metode Connected EM-AMMI

option nodate ps=120 ls=120;

Data EMAMMI;

Do i=13 To 180 By 1;

Output;

End;

PROC SURVEYSELECT DATA=EMAMMI

METHOD=SRS n=10

```

        rep=10
        OUT=SAMPLEREP;
run;

data tidak lengkap;
set samplerep;
nk=12;
bagi=(i/nk);
sisa=mod(i,nk);
baris=int(bagi)+1;
if sisa=0 then do; kolom=nk; baris=baris-1; end; else kolom=sisa;
drop sisa bagi;
run;

PROC IML;
load _all_;
use hilang;
read all;
b=(baris);
k=(kolom);
bk=(b||k);
n=10;
ul=10;
no=(1:n)`;
ulangan=(1:ul)`;
asli=repeat(0,n,1);
con=repeat(0,n,1);
mapec=repeat(0,ul,1);
mapem=repeat(0,ul,1);
em=repeat(0,n,1);

MEG={Matrik Data};

/*connected AMMI*/

sumasli=repeat(0,n,1);
sumcon=repeat(0,n,1);
sumem=repeat(0,n,1);
do i=1 to ul;

                                program lengkap hubungi Penulis

/*EM-AMMI*/
    meg2=meg1;
    em0=con;

DO UNTIL (Y<0.0001);
    RG=MEG2[:,:]; RE=MEG2[:,:]; R=MEG2[:,:];

```

```

MRG=REPEAT(RG,16,1); MRE=REPEAT(RE,1,12);
MR=REPEAT(R,16,12);
MPEG=MEG2-MRE-MRG+MR;
CALL SVD(U,Q,V,MPEG);
F=Q##2; sumF=F[+,];
G=(F/SUMF)*100;
s=0;
do p=1 to 12;
s=s+g[p,];
A=p;
if s>80 then p=13;

```

program lengkap hubungi Penulis

```

PRINT no rataASLI rataCON rataEM;
print ulangan mapec mapem;
print 'Rata-rata MAPE';
print rmapec rmapem;
QUIT;

```