

**APLIKASI BAHASA PEMROGRAMAN R
UNTUK ANALISIS *QUANTITATIVE TRAIT LOCI* (QTL)
TERKAIT KETAHANAN PENYAKIT LAYU *PHYTOPHTHORA CAPSICI*
PADA TANAMAN CABAI (*Capsicum annuum*)**

TUGAS AKHIR

Diajukan Sebagai Salah Satu Syarat Untuk Memperoleh Gelar Sarjana
Jurusan Statistika



Ahmad Husain Abdullah

14 611 251

**JURUSAN STATISTIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ISLAM INDONESIA
YOGYAKARTA**

2018

HALAMAN PERSETUJUAN PEMBIMBING

TUGAS AKHIR

Judul : Aplikasi Bahasa Pemrograman R untuk Analisis *Quantitative Trait Loci* (QTL) Terkait Ketahanan Penyakit *Phytophthora Capsici* Pada Tanaman Cabai (*Capsicum annuum*)

Nama Mahasiswa : Ahmad Husain Abdullah

Nomor Mahasiswa: 14 611 251

TUGAS AKHIR INI TELAH DIPERIKSA DAN DISETUJUI UNTUK
DIUJIKAN

Yogyakarta, 2018

Pembimbing I,



(Dr. techn. Rohmatul Fajriyah, S.Si., M.Si)

Pembimbing II,



(Muryanto, S.P., M.Si)

HALAMAN PENGESAHAN

TUGAS AKHIR

APLIKASI BAHASA PEMROGRAMAN R
UNTUK ANALISIS *QUANTITATIVE TRAIT LOCI* (QTL)
TERKAIT KETAHANAN PENYAKIT LAYU *PHYTOPHTHORA CAPSICI*
PADA TANAMAN CABAI (*Capsicum Annum*)

Nama Mahasiswa : Ahmad Husain Abdullah

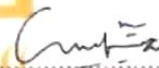
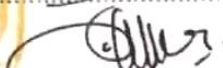
Nomor Mahasiswa : 14 611 251

TUGAS AKHIR INI TELAH DIAJUKAN
PADA TANGGAL 31 AGUSTUS 2018

Nama Penguji

Tanda Tangan

1. Husna Nugrahapraja, Ph.D.
2. Ayundyah Kesumawati, S.Si., M.Si.
3. Muryanto, S.P., M.Si
4. Dr. techn. Rohmatul Fajriyah, S.Si., M.Si.



Mengetahui,

Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam



Prof. Muryanto, S.Pd., M.Si., Ph.D

KATA PENGANTAR



Assalamu'alaikum Wr. Wb.

Alhamdulillah, segala puji dan syukur penulis haturkan kepada Allah SWT yang telah memberikan nikmat yang tak terhitung sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhir yang berjudul “**Aplikasi Bahasa Pemrograman R Untuk Analisis *Quantitative Trait Loci* (QTL) Terkait Ketahanan Penyakit Layu *Phytophthora Capsici* Pada Tanaman Cabai (*Capsicum annuum*)**”. Shalawat serta salam penulis haturkan kepada teladan terbaik Nabi Muhammad SAW beserta keluarga dan sahabat-sahabatnya, semoga penulis dan kita semua mendapatkan pertolongan di akhirat nanti.

Tugas akhir ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Statistika di Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Islam Indonesia. Penulis menyadari bahwa tanpa bantuan dan motivasi dari berbagai pihak, penulisan tugas akhir ini tidak dapat diselesaikan dengan baik. Terimakasih penulis sampaikan kepada:

1. Kedua orang tua tercinta yang selalu mendoakan penulis dan memberikan amanah serta kepercayaan ini. Kedua adik, Salsa dan Olil, serta saudara-saudari tercinta yang selalu mendukung, memberi semangat, mendorong, dan mendoakan yang terbaik bagi penulis.
2. Bapak Prof. Riyanto, S.Pd., M.Si., Ph.D., selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Islam Indonesia.
3. Bapak Drs. RB. Fajriya Hakim, M.Si., selaku ketua Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam dan juga selaku pembimbing akademik yang telah membimbing sesuai dengan minat penulis.
4. Ibu Dr. techn. Rohmatul Fajriyah, S.Si., M.Si selaku pembimbing pertama yang telah membimbing dan senantiasa mendoakan penulis. Semoga Allah

memberikan kesehatan kepada ibu dan ilmu yang diberikan bermanfaat bagi penulis.

5. Bapak Muryanto, S.P, M.Si, selaku pembimbing kedua, terima kasih telah banyak memberikan wawasan ilmu pengetahuan baru di bidang bioinformatika. Semoga segala keikhlasannya dibalas oleh Allah sebagai amal jariyah.
6. Bapak dan Ibu Dosen Program Studi Statistika, terima kasih ilmu yang diberikan semoga senantiasa diberikan kebaikan oleh Allah.
7. Pak Boy, Mas Sandi, Bu Anisa, serta segenap jajaran staf dan karyawan divisi bioteknologi PT East West Seeds Indonesia, terima kasih atas ilmu, kekeluargaan, serta nasihat selama ini. Semoga senantiasa berada dalam perlindungan Allah.
8. Keluarga besar Statistka FMIPA UII, khususnya teman-teman Statistika angkatan 2014 yang telah memberikan banyak kenangan. Sukses untuk kita semua.
9. Keluarga besar LEM FMIPA UII periode 2016/2017. Semoga kelak kita menjadi orang-orang yang mampu membawa perubahan nyata bagi Indonesia.
10. Teman seperjuangan satu bimbingan, Sodiq, Aat, Ari, Gilang, Hawila, Nanda, Lina, Ummi, Ika, Leni, Himelda, Maidah, Mas Rakhmat, semoga kita dapat selalu menebar manfaat dimanapun kaki berpijak.
11. Pecinta *nasi goreng rempah*, Ulin, Chyntia, dan Ellysa. Terima kasih telah berusaha selalu ada dan menerima penulis apa adanya.
12. Samsudin dan Inayatus, teman Kerja Praktik Jilid II, terima kasih telah berbagi canda yang kerap menghilangkan sejenak rasa jenuh dalam proses penyelesaian skripsi.
13. Anggota grup *ngaji apa ngaji* yang tidak pernah lelah saling berbagi nasihat. Semoga kelak kita dipertemukan kembali dalam keadaan yang jauh lebih baik. Tetap istiqomah.
14. Teman-teman yang selalu bertanya “sidang kapan?” semoga dengan ini dapat menjawab pertanyaannya.

15. Semua pihak yang tidak bisa disebutkan satu persatu, terimakasih atas segala bantuannya.

Penulis menyadari bahwa tugas akhir ini masih jauh dari sempurna. Oleh karena itu, kritik dan saran dari semua pihak yang bersifat membangun selalu penulis harapkan demi kesempurnaan Tugas Akhir ini. Semoga Tugas Akhir ini dapat bermanfaat. Akhir kata, semoga Allah SWT senantiasa meridhai segala usaha kita. *Aamiin yaa rabbal'alamiin.*

Wassalamu'alaikum, Wr. Wb.

Yogyakarta, 31 Juli 2018

Penulis

DAFTAR ISI

HALAMAN PERSETUJUAN PEMBIMBING	iii
HALAMAN PENGESAHAN	iv
KATA PENGANTAR.....	v
DAFTAR ISI.....	viii
DAFTAR GAMBAR.....	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
PERNYATAAN.....	xv
INTISARI.....	xvi
ABSTRACT	xvii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1. Latar Belakang.....	1
1.2. Rumusan Masalah	4
1.3. Batasan Masalah.....	4
1.4. Tujuan Penelitian.....	5
1.5. Manfaat Penelitian.....	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
2.1. Penelitian Mengenai Analisis QTL	6
2.2. Penelitian QTL Pada Jamur <i>Phytophthora capsici</i>	8
2.3. Penelitian QTL Menggunakan R.....	10
BAB III LANDASAN TEORI.....	14
3.1. Botani Tanaman Cabai	14
3.1.1. Taksonomi.....	14
3.1.2. Morfologi	14
3.2. <i>Phytophthora capsici</i>	15
3.3. Genotipe dan Fenotipe.....	15
3.4. Pemuliaan Tanaman	16
3.5. Teknik Molekuler	16
3.5.1 Pengertian Teknik Molekuler.....	16
3.5.2 <i>Marker Assisted Selection</i>	17

3.5.3	<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>	19
3.6.	<i>Quantitative Trait Loci (QTL)</i>	20
3.6.1	Pengertian QTL.....	20
3.6.2	Peta Pautan Genetik	21
3.7.2.1	Fungsi Pemetaan Haldane.....	23
3.7.2.2	Fungsi Pemetaan Kosambi.....	24
3.6.3	Pemeriksaan Data.....	25
3.7.3.1	Analisis Segregasi dengan Uji Mendelian Chi-squared χ^2	26
3.7.3.2	Frekuensi Rekombinasi.....	26
3.7.3.3	Identifikasi Kesalahan Genotyping (Broman & Sen, 2009)	27
3.7.3.4	Missing Information Genotype (Broman & Sen, 2009)	27
3.6.4	<i>Marker Regression</i> (Broman & Sen, 2009)	28
3.6.5	<i>Interval Mapping</i> (Broman & Sen, 2009).....	29
3.7.5.1	Standard Interval Mapping (Broman & Sen, 2009).....	30
3.7.5.2	Haley-Knott Regression (Broman & Sen, 2009)	31
3.7.5.3	Extended Haley-Knott Regression (Broman & Sen, 2009).....	31
3.7.5.4	Multiple Imputation (Broman & Sen, 2009)	32
3.8.	<i>Analisis Cluster</i> (Laeli, 2014)	33
3.8.1.	Jarak <i>Euclidean</i> (Laeli, 2014)	33
3.8.2.	Metode <i>Ward</i> (Laeli, 2014).....	33
3.9.	<i>Software R</i>	34
BAB IV	METODOLOGI PENELITIAN	35
4.1.	Tempat dan Waktu Penelitian	35
4.2.	Sumber Data	35
4.3.	Metode Analisis Data	35
4.4.	Variabel dan Definisi Operasional Variabel.....	35
4.5.	Langkah Penelitian	37
BAB V	ANALISIS DAN PEMBAHASAN	40
5.1.	Impor data ke Direktori Kerja R.....	40
5.2.	Ringkasan dan Struktur Data.....	42
5.3.	Uji Mendelian <i>Chi-Squared</i> χ^2	44
5.4.	Pohon Filogenetik.....	48

5.5.	Frekuensi Rekombinasi	51
5.6.	Pemeriksaan Kesalahan <i>Genotyping</i>	53
5.7.	Menghitung <i>Missing Information Genotyping</i>	56
5.8.	Analisis QTL	58
5.9.1.	Regresi Marka (<i>Marker Regression</i>).....	58
5.9.2.	Pemetaan Interval (<i>Interval Mapping</i>).....	59
5.9.3.	Pemilihan Model	65
5.9.4.	Uji Normalitas Data Residual	69
5.9.5.	Interpretasi Model	73
BAB VI	PENUTUP	75
6.1.	Kesimpulan.....	75
6.2.	Saran.....	76
DAFTAR PUSTAKA		77
LAMPIRAN		82

DAFTAR TABEL

Tabel 2. 1 Perbandingan penelitian sebelumnya dengan penelitian yang penulis lakukan	11
Tabel 3. 1 Perbandingan marka DNA yang sering digunakan pada tanaman.....	17
Tabel 4. 1 Definisi Operasional Variabel.....	36
Tabel 5. 1 Daftar packages yang diperlukan pada proses analisis.....	40
Tabel 5. 2 Ringkasan Informasi Data.	43
Tabel 5. 3 Hasil Uji Mendelian Chi-Squared χ^2	44
Tabel 5. 4 Keputusan Uji Hipotesis segregasi mendelian chi-squared.	46
Tabel 5. 5 Genotipe dengan skor error LOD tertinggi	54
Tabel 5. 6 Perbandingan hasil perhitungan beberapa metode analisis QTL dengan probabilitas perhitungan jarak tepat pada lokasi marka (step = 0 cM).	61
Tabel 5. 7 Kelebihan dan Kelemahan keempat Metode Interval Mapping.	64
Tabel 5. 8 Objek Model QTL Hasil Perintah stepwiseqtl dan argumen step = 0 dengan perlakuan 296 Imputasi.....	67
Tabel 5. 9 Objek Model QTL Hasil Perintah stepwiseqtl dan argumen step = 1 dengan perlakuan 296 Imputasi.....	67
Tabel 5. 10 Ringkasan Seluruh Marka Beserta Posisi (cM), Skor LOD Hasil Metode Multiple Imputation, dan Nilai %Var.	67
Tabel 5. 11 Rekapitulasi Hasil Dropone QTL Model (step = 1) Untuk Pengujian Hipotesis Parsial.....	73

DAFTAR GAMBAR

Gambar 3. 1 Ilustrasi Single Nucleotide Polymorphism	19
Gambar 3. 2 Ilustrasi peta keterpautan genetik pada lalat buah	21
Gambar 3. 3 Peta genetik pertama kromosom X dari <i>Drosophilla</i> (lalat buah), terdiri dari 29 marka, Morgan & Bridges (1916), dalam Vinod (2011))	22
Gambar 3. 4 Ilustrasi dari multiple imputation untuk single backcross individuals. Warna merah dan biru mengacu pada homozigot dan heterozigot, sedangkan warna putih menunjukkan data yang hilang	32
Gambar 4. 1 Skoring tingkat ketahanan tanaman cabai terhadap <i>Phytophthora</i> <i>capsici</i>	37
Gambar 4. 2 Diagram alir penelitian	38
Gambar 5. 1 Script R untuk memanggil library	41
Gambar 5. 2 Script R memanggil data QTL dengan format cross	41
Gambar 5. 3 Struktur data QTL dengan format cross	42
Gambar 5. 4 Script R menampilkan ringkasan dan struktur data.	42
Gambar 5. 5 Script R uji Mendelian chi-squared.	44
Gambar 5. 6 Grafik keputusan uji Mendelian Chi-squared.....	47
Gambar 5. 7 Frekuensi genotipe tiap marka sesuai posisi peta genetiknya.	47
Gambar 5. 8 Script R membandingkan genotipe tiap individu.	48
Gambar 5. 9 Script R membuat pohon filogenetik.....	49
Gambar 5. 10 Script R membuat visualisasi pohon filogenetik dengan packages igraph.	50
Gambar 5. 11 Output pohon filogenetik dengan packages igraph.	50
Gambar 5. 13 Script R membuat heat map frekuensi rekombinan dan skor LOD.	51
Gambar 5. 14 Heat map frekuensi rekombinasi dan skor LOD tiap pasang marka.....	52

Gambar 5. 15 Script R identifikasi genotyping error.	53
Gambar 5. 16 Output grafik tiap individu yang memiliki error genotipe lebih dari 4,5.....	54
Gambar 5. 17 Script R identifikasi error genotyping tanpa tetua.....	55
Gambar 5. 18 Plot tanpa tetua dan keturunan F1 yang memiliki error lebih dari 4,5.....	55
Gambar 5. 19 Script R untuk menghitung <i>missing genotype information</i>	56
Gambar 5. 20 Plot estimasi perhitungan proporsi informasi genotipe yang hilang	57
Gambar 5. 21 Grafik hasil perhitungan beberapa metode QTL dengan probabilitas kepadatan jarak maksimum step = 0 cM.....	62
Gambar 5. 22 Grafik Perhitungan Beberapa Metode QTL dengan Probabilitas Kepadatan Jarak Maksimum step = 1 cM.....	63
Gambar 5. 23 Perbandingan Metode IMP, HK, dan EHK dengan step = 1 cM..	64
Gambar 5. 24 Script R Mencari Model QTL Terbaik Dengan stepwiseqtl.....	66
Gambar 5. 25 Script R Untuk Fitting Model QTL.	68
Gambar 5. 26 Script R jitter plot untuk mengidentifikasi normalitas data fenotipe	69
Gambar 5. 27 Hasil scatter plot untuk uji normalitas data residual.....	70
Gambar 5. 28 Script membuat density plot	70
Gambar 5. 29 Density plot variabel fenotipe untuk uji normalitas	71
Gambar 5. 30 Pemetaan QTL pada Kromosom ke-5 Populasi F2 persilangan C.annuum CM334 dan Jak-5763 serta Grafik LOD Hasil Metode Multiple Imputation dengan 3 QTL yang Berpengaruh Signifikan.	74

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1 Script R	82
Lampiran 2. Cluster Dendogram Untuk Melihat Kekerabatan Tanaman Cabai (Capsicum annum) Hasil Persilangan Tipe CM334 dan Jak-5763.92	
Lampiran 3. Cluster 1 (Zooming).....	93
Lampiran 4. Cluster 2 (Zooming).....	94
Lampiran 5. Cluster 3 (Zooming).....	95
Lampiran 6. Cluster 4 (Zooming).....	96
Lampiran 7. Objek Hasil stepwiseqtl Metode Multiple Imputation (step = 0) ...	97
Lampiran 8. Objek Hasil stepwiseqtl Metode Multiple Imputation (step = 1) ...	97
Lampiran 9. Model fitqtl Metode Multiple Imputation (step = 0)	97
Lampiran 10. Model fitqtl Metode Multiple Imputation (step = 1)	98

PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam Tugas Akhir ini tidak terdapat karya yang sebelumnya pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu perguruan tinggi dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang diacu dalam naskah ini dan disebutkan daftar pustaka.

Yogyakarta, 31 Juli 2018



APLIKASI BAHASA PEMROGRAMAN R
UNTUK ANALISIS QUANTITATIVE TRAIT LOCI (QTL)
TERKAIT KETAHANAN PENYAKIT LAYU PHYTOPHTHORA CAPSICI
PADA TANAMAN CABAI (*Capsicum annuum*)

Oleh : Ahmad Husain Abdullah

Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Islam Indonesia

INTISARI

Tanaman cabai (*Capsicum annuum*) merupakan salah satu komoditas pangan strategis di Indonesia. Tingkat konsumsi yang tinggi membuat permintaan cabai selalu meningkat tiap tahunnya. Salah satu penyakit tanaman cabai berasal dari jamur *Phytophthora capsici* yang mengakibatkan tanaman menjadi busuk. Sifat resistensi terhadap *Phytophthora capsici* diatur oleh beberapa gen. Gen mayor dilaporkan terdapat pada kromosom ke-5. Penelitian ini bermaksud memodelkan pengaruh marka terhadap ketahanan *Phytophthora capsici* pada tanaman cabai dengan menggunakan analisis *Quantitative Trait Loci* (QTL). Data yang digunakan adalah marka *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs) hasil persilangan populasi cabai *Criollo Del Morello* (CM) 334 dan cabai jenis lokal *Jak-5673*. Hasil analisis QTL terhadap 27 marka dengan metode *Multiple Imputation* diperoleh model $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q1:Q2$. Model ini mampu menjelaskan 46.3% variansi ketahanan tanaman cabai terhadap *Phytophthora capsici*. Marka signifikan yang terkait ketahanan terhadap *Phytophthora capsici* adalah PMMCB81 di posisi 121 cM (Q1), PMMCB34 posisi 159.31 cM (Q2), dan MCA32 di posisi 256.48 cM (Q3).

Kata Kunci: Tanaman Cabai, *Phytophthora capsici*, SNPs, QTLs, R software.

R LANGUAGE PROGRAMMING APPLICATION
for QUANTITATIVE TRAIT LOCI (QTL) ANALYSIS
ASSOCIATED RESISTANCE TRAIT AGAINST PHYTOPHTHORA CAPSICI
in HOT PEPPER (*Capsicum annuum*)

By: Ahmad Husain Abdullah
Departement of Statistics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences
Islamic University of Indonesia

ABSTRACT

*Hot peppers (*Capsicum annuum*) is one of the strategic food commodities in Indonesia. High levels of consumption make the demand is always increasing every year. One of the major disease on hot peppers is *Phytophthora capsici* that cause plants to become rotten.. Resistance againts *Phytophthora capsici* is controlled by several genes. Major genes were reported to be found on chromosome 5. This research aims to model the influence of markers against *Phytophthora capsici* resistance in plants of hot peppers by using Quantitative Trait Loci (QTL) analysis. This research used data Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) markers based on the results of crossing populations Criollo Del Morello (CM) 334 and local types of chilli Jak-5673. The result of QTL analysis againts 27 markers used Multiple Imputation method obtained the significant model $y \sim Q1 + Q2 + Q3 + Q1:Q2$. QTLs model was able to explain 46.3% variance resistance on hot peppers against *Phytophthora capsici*. The significant markers are PMMCB81 at position 121 cM, PMMCB34 at 159.31 cM, and MCA32 at 256.48 cM, respectively.*

Key Words: *Hot Peppers, *Phytophthora capsici*, SNPs, QTLs, R sofware.*