

MULTI-TRAIT DEEP LEARNING MODELS FOR GENOME-ENABLED PREDICTION OF TRAITS MEASURED ON HETEROGENEOUS SCALES IN PLANT BREEDING

Oleh: Kismiantini, Osva Antonio Montesinos-Lopez, Bayutama Isnaini, Dhoriva Urwatul Wutsqa

ABSTRAK

Revolusi pemuliaan tanaman dengan seleksi genomik mulai diusulkan sekitar 20 tahun yang lalu, namun implementasi praktisnya masih menantang oleh karena banyak faktor yang mempengaruhi akurasi. Salah satu faktor tersebut adalah pilihan metode pembelajaran mesin statistik. Dalam studi ini, kami mengeksplorasi proses penyetelan dengan skenario multi-trait menggunakan kernel Gaussian melalui model *Bayesian Best Linear Unbiased Predictor* multi-trait. Dari tiga metode penyetelan (manual, pencarian grid dan optimasi Bayesian) menggunakan set data pemuliaan Japonica, diperoleh bahwa penggunaan pencarian Grid dan optimasi Bayesian meningkatkan akurasi prediksi antara 1,9 dan 6,8%. Walau peningkatan dalam akurasi prediksi dalam beberapa kasus relatif kecil namun sangat penting untuk melakukan proses penyetelan dengan hati-hati dalam meningkatkan akurasi metodologi seleksi genomik.

Kata Kunci: *kernel, multi-trait, Bayesian optimization, pencarian grid, seleksi genomik*