



TESIS - TE 142599

**KLASIFIKASI SPERMATOZOA SAPI PEMBAWA  
KROMOSOM X ATAU Y DENGAN MENGGUNAKAN  
METODE *SUPPORT VECTOR MACHINE***

MUHAMMAD HASAN WAHYUDI  
NRP. 2212206012

DOSEN PEMBIMBING  
Dr. I Ketut Eddy Purnama, ST., MT.

PROGRAM MAGISTER  
BIDANG KEAHLIAN TELEMATIKA  
JURUSAN TEKNIK ELEKTRO  
FAKULTAS TEKNOLOGI INDUSTRI  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2015



TESIS - TE 142599

**THE CLASSIFICATION OF OX'S SPERMATOZOA  
CARRIES X OR Y CHROMOSOMES USING *SUPPORT  
VENDING MACHINE***

MUHAMMAD HASAN WAHYUDI  
NRP. 2212206012

SUPERVISORS  
Dr. I Ketut Eddy Purnama, ST., MT.

MASTER DEGREE PROGRAM  
TELEMATICS  
DEPARTMENT OF ELECTRICAL ENGINEERING  
FACULTY OF INDUSTRIAL TECHNOLOGY  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2015

Tesis disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar  
Magister Teknik (MT)

di

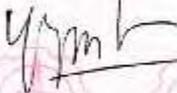
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

oleh :

Muhammad Hasan Wahyudi  
NRP. 2212206012

Tanggal ujian : 15 Januari 2015  
Periode wisuda : Maret 2015

Disetujui oleh :

1.   
Dr. I Ketut Eddy Purnama, S.T., M.T. (Pembimbing 1)  
NIP. 19690730 1995121001
2.   
Dr. Ir. Yoyon Kusnendar Suprpto, M.Sc. (Penguji 1)  
NIP. 195409251978031001
3.   
Dr. Surya Sumpeno, ST., M.Sc (Penguji 2)  
NIP .196906131997021003

Direktur Program Pascasarjana,

  
Prof. Dr. Ir. Adi Soepriyanto, MT.

NIP. 19640405 1990021001

# KLASIFIKASI SPERMATOZOA SAPI PEMBAWA KROMOSOM X atau Y dengan MENGGUNAKAN METODE SUPPORT VECTOR MACHINE

Nama Mahasiswa : Muhammad Hasan Wahyudi

NRP : 2212206012

Pembimbing : 1. Dr. I Ketut Eddy Purnama, ST., MT.

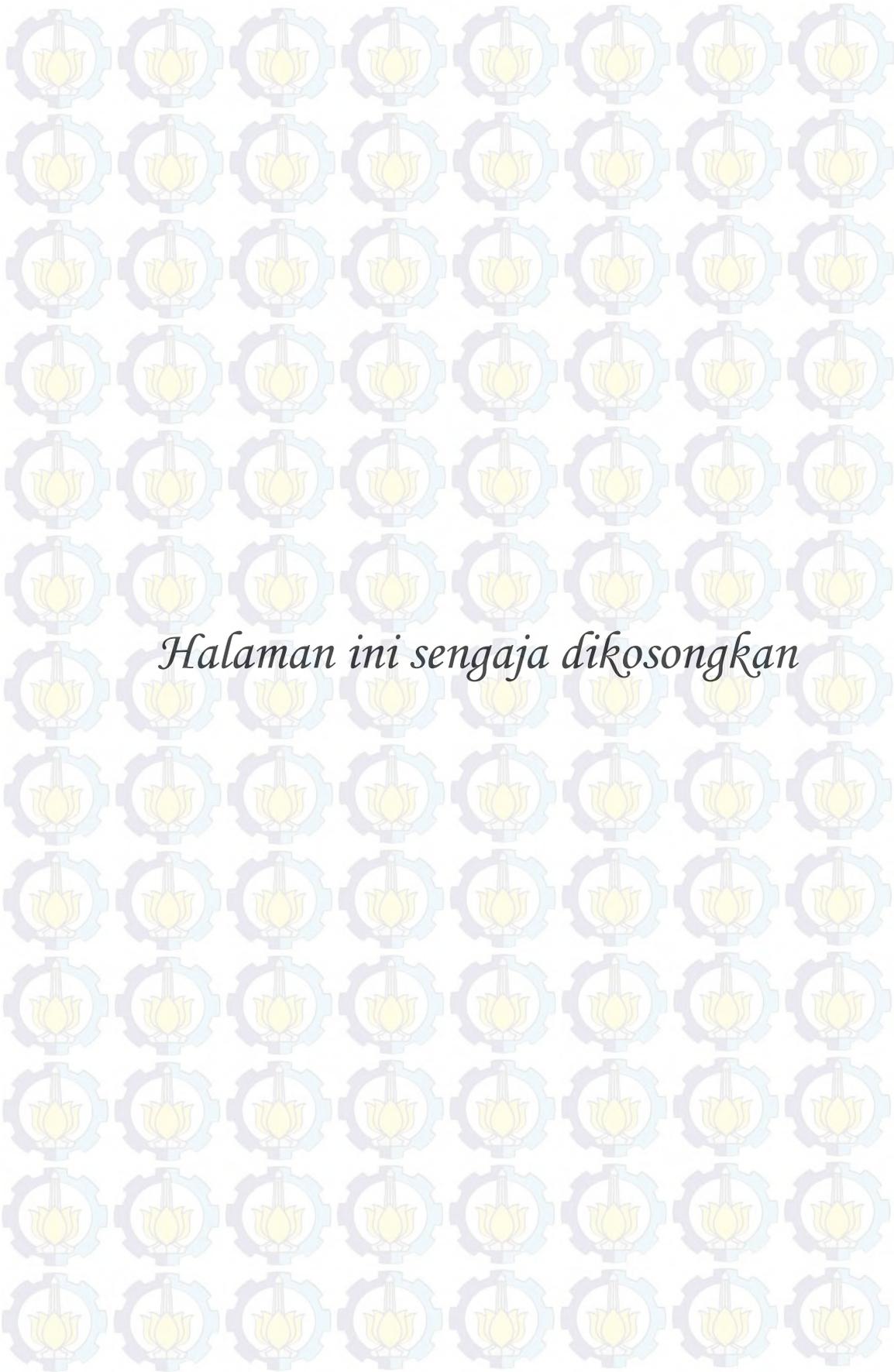
## ABSTRAK

Di Indonesia dunia peternakan menjadi salah satu lahan komoditi pendapatan warga. Setiap usaha peternakan mempunyai target tertentu yang akan dicapai dengan memanfaatkan faktor-faktor produksi secara efisien dan efektif. Salah satunya adalah penerapan bioteknologi dalam mendapatkan produksi ternak sesuai dengan keinginannya. Demi tujuan yang dimaksud, maka peternak atau pihak inseminasi buatan harus dapat mengklasifikasi spermatozoa sapi pembawa kromosom X atau Y.

Dalam penelitian terdahulu, proses pengklasifikasian spermatozoa pembawa kromosom X atau Y masih dilakukan secara manual dengan mikroskop fluresenses dan alat bantu micrometer sehingga prosesnya semakin lama dan hanya bisa dilakukan oleh pakar bioteknologi sexing sperma. Tesis ini mengusulkan analisis spermatozoa sapi pembawa kromosom x atau y berdasarkan fitur luasan, perimeter, dan diameter kepala spermatozoa dengan menggunakan metode *Support Vector Machine*. Diharapkan dengan analisis sebagaimana yang diusulkan dalam tesis ini dapat diketahui kelompok spermatozoa sapi pembawa kromosom x dan y, sehingga sistem ini dapat digunakan dalam dunia peternakan untuk membantu mereka dalam penentuan pemisahan kolom albumen.

Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa rata-rata dari luasan, perimeter, dan diameter kepala pada spermatozoa sapi dapat dijadikan sebagai parameter dalam klasifikasi spermatozoa sapi pembawa kromosom x atau y. Hasil penelitian ini juga menunjukkan tingkat akurasi dalam penentuan spermatozoa pembawa kromosom x dan y pada sapi mencapai nilai 75%.

Kata kunci: Kromosom, SVM (*Support Vector Machine*)



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

# THE CLASSIFICATION OF OX'S SPERMATOZOA CARRIES X OR Y CHROMOSOMES USING SUPPORT VECTOR MACHINE METHOD

Name : Muhammad Hasan Wahyudi

Student Id : 2212206012

Advisors : 1. Dr. I Ketut Eddy Purnama, ST., MT.

## ABSTRACT

The agriculture is one of Indonesian commodities incomes. Every farmer had their own target to reach by using production factors efficiently and effectively. One of it was the application of biotechnology in getting farm production as they wanted to. For the purpose intended, the farmer or artificial insemination side had to be able to classify the ox's spermatozoa carries X or Y chromosome.

In previous researched, the classification of spermatozoa carries X or Y chromosome was still be done manually using florescence microscope and micrometer's tools which make longer the process and could only be done by the expert of sexing sperm biotechnology. This thesis proposed the analysis of ox's spermatozoa carries X or Y chromosomes based on the features of wide, perimeter and a head of spermatozoa using Support Vector Machine method. The analysis which is purposed in this thesis proposed could be known the group of ox's spermatozoa carries X or Y chromosomes. Hence, this system can be used in the world of farm to help them deciding the separation of albumen column.

The result of this research showed the median of wide, perimeter, and the head of ox's spermatozoa diameter can be used as a parameter in the classification of ox's spermatozoa carries X or Y chromosomes and to show the grade of accuracy in determining spermatozoa carries X or Y of ox chromosomes reached 75 % as well.

**Key words:** *Chromosome, SVM (Support Vector Machine)*



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## KATA PENGANTAR

Assalamualaikum Warohmatullahi Wabarokatuh

Puji syukur Alhamdulillah, berkat limpahan rahmat dan hidayah dari Allah SWT sehingga tesis ini dapat terselesaikan dengan baik. Tesis yang berjudul “Klasifikasi Spermatozoa Sapi Pembawa Kromosom X atau Y dengan Menggunakan Metode *Support Vector Machine*” ini disusun sebagai salah satu syarat untuk menyelesaikan pendidikan S-2 Bidang Keahlian Telematika Program Studi Pascasarjana Teknik Elektro Institut Teknologi Sepuluh Nopember, Surabaya.

Selesainya tesis ini tidak dapat lepas dari bantuan banyak pihak, baik secara langsung maupun tidak langsung. Untuk itu penulis mengucapkan banyak terima kasih pada:

1. Bapak Dr. I Ketut Eddy Purnama, ST., MT. selaku dosen pembimbing yang senantiasa memberikan arahan selama mengerjakan tesis.
2. Bapak Dr. Surya Sumpeno, ST., M.Sc. selaku Kepala Bidang Telematika Program Studi Teknik Elektro Fakultas Teknologi Industri Institut Teknologi Sepuluh Nopember, Surabaya.
3. Bapak dan Ibu penulis—Abdul Malik dan Munaiyah (alm)—yang memberi dukungan, doa, serta semangat bagi penulis untuk menyelesaikan studi. Tesis ini penulis persembahkan dengan penuh takdzim untuk keduanya.
4. Bapak dan Ibu mertua penulis—Nurul Muttaqin dan Siti Mardiyah—yang memberi dukungan, doa, serta semangat bagi penulis untuk menyelesaikan studi. Tesis ini penulis persembahkan dengan penuh takdzim untuk keduanya.
5. Ibu penulis Zulaikhah dan keluarga besar di Malang yang memberikan dukungan dan do'a.
6. Istriku tercinta yang selalu mendukung dan mendoakan abi sehingga segala rintangan dapat penulis lampau.
7. Anakku Dzakiyya Talita Sakhi Alhamdulillah telah lahir dengan selamat, sehingga dapat memotivasi penulis untuk segera menyelesaikan buku ini.

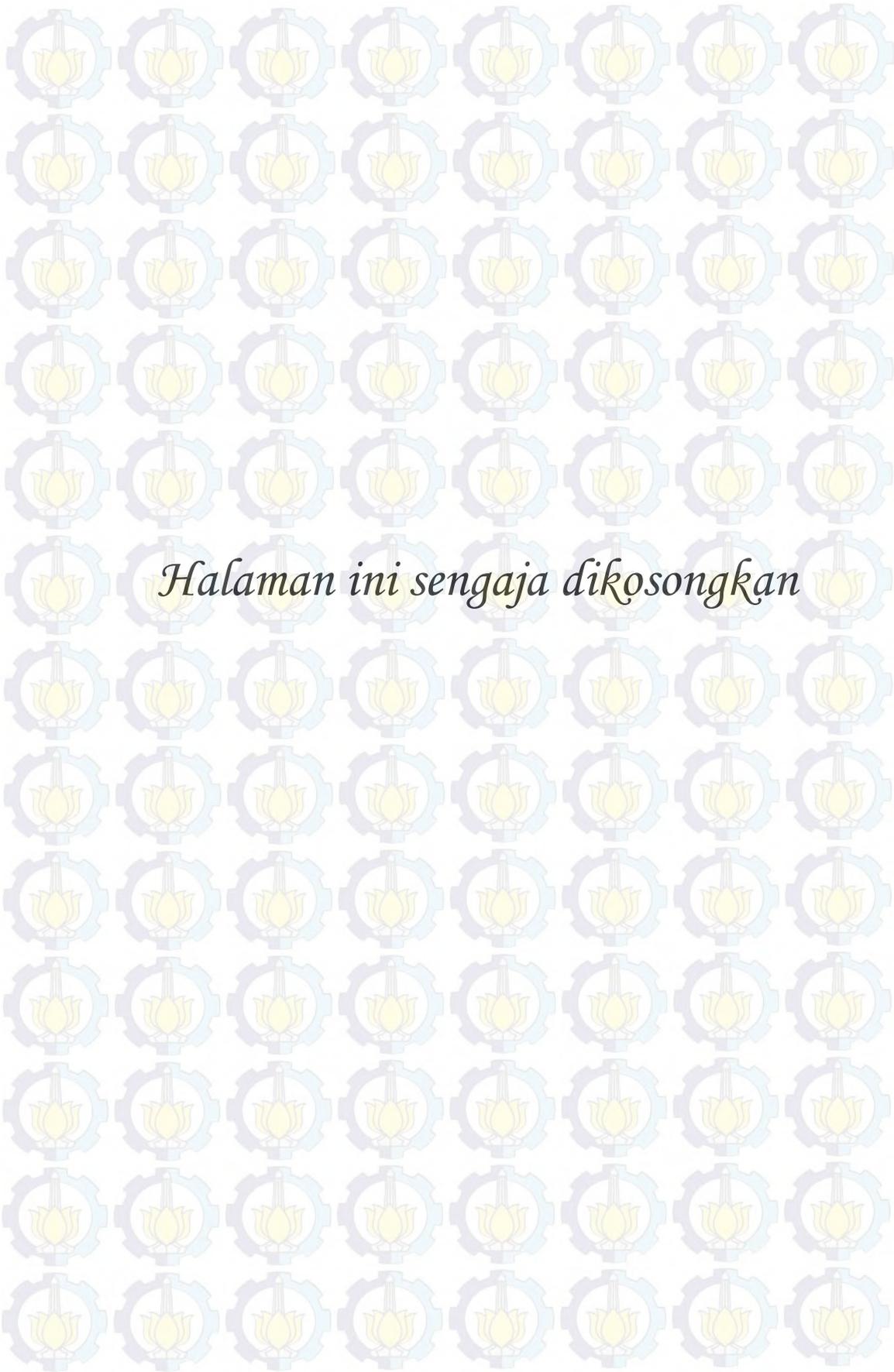
8. Kakak-kakak penulis, Eni Elyanti, Abdur Rochim, Agus Widodo dan Indah Sholihatun Nisa'. Dan juga adik-adik penulis, Umroh Mahfudhoh, Miftahul Fahmi, Al Muiz Liddinillah dan Sariyul Hikmah.
9. Adik-adik tercinta keluarga besar Drajat, Ahmad Bagus Dzikrul Hakki, Putri Indah Permata Sari, Moh. Kholilul Rohman, Ahmad Muslikh Rohmad Darojat, Moh. Afnan Anshori.
10. Teman-teman S2 Telematika 2012 ITS Surabaya.
11. Keluarga besar Sekolah Tinggi Teknik Qomaruddin Gresik. Terutama kepada Bapak Abdul Qodir, ST., Bapak Muhammad Ajir Muzakki, S.Si., Bapak Erwin Choirul Anif, S.Pd., M.MT., Bapak Noer Chamid, S.Si., M.Si., Bapak Prihono, ST., MT., Bapak Abdul Adhim, ST. dan semuanya.
12. Bapak Drs. I Nyoman Sukajaya, MT., atas semangat dan nasihat berharga yang diberikan pada penulis. Semoga studi S3-nya dapat segera selesai sesuai dengan harapan.
13. Keluarga besar Yayasan Pendidikan Islam Nusantara yang turut mendukung penulis dapat melanjutkan studi s2 di Sekolah Tinggi Teknik Qomaruddin Gresik.
14. Teman-teman seperjuangan di Lab 204, Walid, Afif, Bu Mira, Pak Afdhol, Hery, serta teman-teman lainnya. Terima kasih telah saling mendukung selama menyelesaikan tesis masing-masing.
15. Teman-teman yang 'berangkat' bersama dari STTQ Gresik, Abidin, Pak Aminuddin, dan Mbak Saffana. Semoga lekas menyelesaikan studi magisternya.
16. Keluarga besar Panti Asuhan Masjid Besar Kiai Gede Bungah, atas kelonggaran waktu yang diberikan bagi penulis. Utamanya pada Bapak M. Fauzan, S.Ag., Bapak M. Muhajir, S.Pd.I., Bu Ita, Bu Iin, Bu Indah, Bu Ida, Bu Yati, Bu Feni.
17. Dan yang tak dapat dilewatkan, terima kasih pada Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi atas Beasiswa Unggulan yang diberikan, sehingga sangat membantu penulis dalam hal pendanaan selama studi dan penelitian.

Serta semua pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu, yang telah membantu dan memberikan semangat pada penulis. Akhir kata semoga tesis ini dapat bermanfaat, baik bagi penulis, masyarakat dan pengembangan keilmuan di kemudian hari.

Wassalamualaikum Warohmatullahi Wabarokatuh

Surabaya, 21 Januari 2015

Penulis



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## DAFTAR ISI

Lembar Pengesahan .....	i
Lembar Pernyataan Keaslian .....	iii
Abstrak .....	v
<i>Abstract</i> .....	vii
Kata Pengantar .....	ix
Daftar Isi .....	xiii
Daftar Gambar .....	xv
Daftar Tabel .....	xvii
Nomenklatur .....	xix
<b>Bab 1 Pendahuluan</b>	
1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	3
1.3 Tujuan Penelitian .....	3
1.4 Batasan Masalah .....	3
<b>Bab 2 Kajian Pustaka</b>	
2.1 Penelitian Sebelumnya .....	5
2.1.1 Pengamatan Secara Morfometrik Spermatozoa Sapi .....	5
2.2 Representasi Citra .....	8
2.3 Kuantisasi Citra .....	10
2.4 Citra Berwarna .....	13
2.5 Citra Berskala Keabuan .....	15
2.6 Citra Biner ( <i>Monochrome</i> ) .....	15
2.7 Histogram .....	16
2.8 Cropping .....	18
2.9 <i>Support Vector Machine</i> .....	18
2.9.1 Pengenalan Pola menggunakan SVM .....	19
2.9.2 Support Vector Machine One Against One untuk Multiclass .....	22
2.9.3 Klasifikasi Spermatozoa dengan Support Vector Machine .....	24
<b>Bab 3 Metode Penelitian</b>	
3.1 Desain Sistem .....	27
3.2 Akuisisi Data .....	28
3.3 Preprocessing .....	30
3.4 Ekstraksi Fitur .....	34
3.5 Klasifikasi Spermatozoa dengan Support Vector Machine .....	36
<b>Bab 4 Percobaan dan Hasil</b>	
4.1 Hasil Segmentasi Citra .....	39
4.2 Hasil Preprocessing Citra .....	41
4.3 Hasil Ekstraksi Fitur Luasan Kepala Spermatozo Sapi .....	43
4.3.1 Fitur Luasan Kepala Spermatozoa .....	43

4.3.2	Fitur Perimeter Kepala Spermatozoa .....	44
4.3.3	Fitur Diameter Kepala Spermatozoa .....	45
4.4	Percobaan Klasifikasi dengan Support Vector Machine (SVM) .....	46
4.5	Analisa .....	49
<b>Bab 5 Penutup</b>		
5.1	Simpulan .....	51
5.2	Penelitian Selanjutnya .....	51
Daftar Pustaka .....		53
Riwayat Hidup .....		55

## DAFTAR TABEL

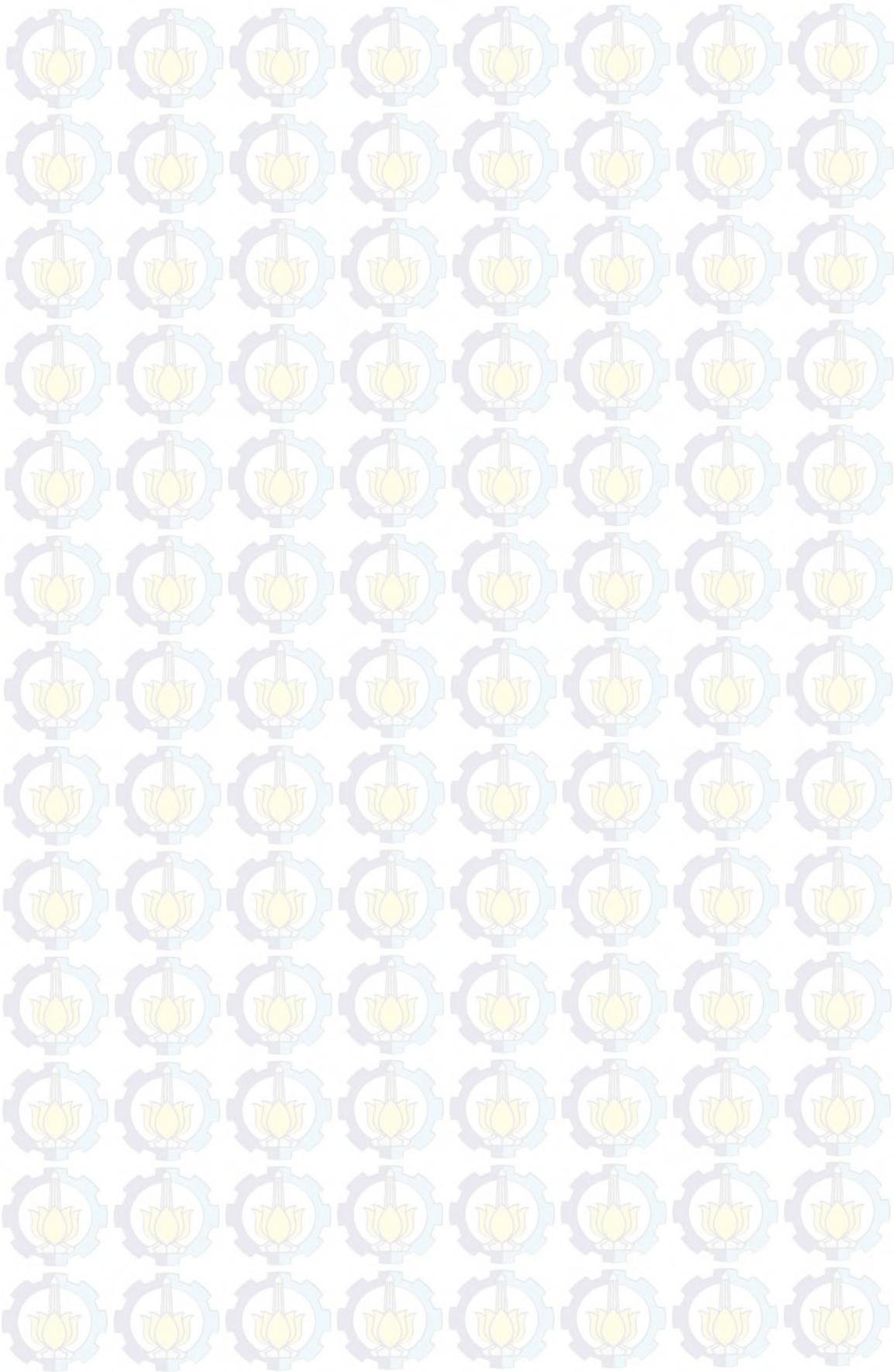
Tabel 2.1 Banyaknya spermatozoa berdasarkan satuan pengukuran dan fraksisemen .....	6
Tabel 2.2. Rataan ukuran kepala spermatozoa di dalam berbagai fraksi semen .....	7
Tabel 2.3 Jangkauan nilai pada citra keabuan .....	12
Tabel 2.4 Jangkauan nilai pada citra berwarna.....	12
Tabel 2.5 Warna dan nilai penyusun warna.....	14
Tabel 2.6 Proses ekualisasi histogram.....	17
Tabel 2.7 Contoh metode <i>one against one</i> .....	22
Tabel 2.8 Kernel yang umum dipakai dalam SVM .....	25
Tabel 4.1 Fitur Luasan Kepala Spermatozoa x dan y pada sapi .....	44
Tabel 4.2 Fitur Perimeter Kepala Spermatozoa x dan y pada sapi .....	45
Tabel 4.3 Fitur Diameter Kepala Spermatozoa x dan y pada sapi .....	46
Tabel 4.4 (a) Tabel fitur data training citra spermatozoa x pada sapi, dan (b) Tabel fitur data training citra spermatozoa y pada sapi .....	47
4.6 Tabel Hasil Eksperimen .....	49



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Evaluasi kepala spermatozoa secara morfometrik .....	5
Gambar 2.2 Sistem koordinat citra berukuran MxN (M baris dan N kolom) ....	8
Gambar 2.3 Citra dan nilai penyusun piksel .....	9
Gambar 2.4 Notasi piksel dalam citra .....	10
Gambar 2.5 Perbandingan isyarat analog dan isyarat diskret .....	10
Gambar 2.6 Digitalisasi citra biner 8x8 piksel untuk memperlihatkan bentuk piksel ideal .....	11
Gambar 2.7 Kuantisasi citra dengan menggunakan berbagai bit .....	13
Gambar 2.8 Warna RGB dalam ruang berdimensi tiga .....	14
Gambar 2.9 Citra berwarna dan representasi warnanya. Setiap piksel dinyatakan dengan nilai R, G, dan B .....	15
Gambar 2.10 Citra biner dan representasinya dalam data digital .....	16
Gambar 2.11 Efek ekualisasi histogram .....	18
Gambar 2.12 Alternatif bidang pemisah (a) dan bidang pemisah terbaik dengan margin (m) terbesar (b) .....	19
Gambar 2.13 Metode Klasifikasi SVM <i>one against one</i> .....	23
Gambar 2.14 Fungsi $\Phi$ memetakan data ke ruang vektor yang berdimensi lebih tinggi, sehingga kedua class dapat dipisahkan secara linear oleh sebuah hyperplane .....	24
Gambar 3.1 Tahapan-tahapan penelitian .....	27
Gambar 3.2 Blog Diagram Alur Akuisisi Data .....	29
Gambar 3.3 Blog Diagram Alur Preprocessing .....	30
Gambar 3.4 Koordinat untuk Cropping Citra Kepala Spermatozoa .....	32
Gambar 3.5 Bagan Umum Proses <i>Cropping</i> Citra Kepala Spermatozoa Sapi..	32
Gambar 3.6 Bagan Umum Eliminasi <i>Noise</i> Citra Kepala Spermatozoa .....	33
Gambar 3.7 Blog Diagram Alur Ekstraksi Fitur .....	34
Gambar 3.8 Blog Diagram Klasifikasi SVM .....	38
Gambar 4.1 Data citra yang diklasifikasi (a) Citra spermatozoa x , (b) Citra spermatozoa y .....	39
Gambar 4.2 Citra Spermatozoa x pada sapi sebelum disegmentasi cropping ..	40
Gambar 4.3 Citra Spermatozoa y pada sapi sebelum disegmentasi cropping ..	41
Gambar 4.4 Citra Spermatozoa sapi x pada layang pandang 1 setelah disegmentasi cropping otomatis .....	42
Gambar 4.5 Citra Spermatozoa sapi x pada layang pandang 2 setelah disegmentasi cropping otomatis .....	43
Gambar 4.6 Hasil Segmentasi Cropping otomatis Citra Spermatozoa y pada sapi .....	43
Gambar 4.7 Plot digram fitur data training sperma x dan y .....	47
Gambar 4.8 Plot grafik klasifikasi dari pelatihan dengan fungsi kernel Radial .....	48



## DAFTAR NOMENKLATUR

$y_i$  : kelas dari masing-masing data

$d$  : dimensi

$\alpha_i$  : lagrange multipliers

$k$  : jumlah kelas

$x^+$  : data yang terletak pada kelas  $y = +1$

$x^-$  : data yang terletak pada kelas  $y = -1$

$b$  : nilai bias

$w$  : nilai bobot

$\Phi$  : dot product

$K$  : fungsi kernel



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

## DAFTAR PUSTAKA

Anto Satrio Nugroho, et.al. 2003. Support Vector Machine “Teori dan Aplikasinya dalam Bioinformatika” dalam Kuliah Umum Ilmu Komputer.com., 2003

Abdul Kadir and Adhi Susanto. 2013. Teori dan Aplikasi Pengolahan Citra. Andi Publisher.

Byun H., Lee S.W., “A Survey on Pattern Recognition Applications of Support Vector Machines”, International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence, Vol.17, No.3, 2003, pp.459-486

Cristianini N., Taylor J.S., “An Introduction to Support Vector Machines and Other Kernel-Based Learning Methods”, Cambridge Press University, 2000

Garner, D.L and E.S.E. Hafez. 1993. Spermatozoa and seminal plasma. In : Reproduction in farm animal. 6th Ed. E.S.E. Hafez (Editor). Lea and Febiger. Philadelphia. 165-187.

Gordon I. 1994. *Laboratory production of cattle embryos. Biotechnology in Agriculture*, 11.I. Gordon (Editor) CAB International. Wallingford

Hsu , William H. 2002. High-Performance Commercial Data Mining AMultistrategy Machine Learning Application, Data Mining and Knowledge Discovery, 6, 361–391, 2002

Jain, Anil K. “*Fundamental Of Digital Image Processing*”, Prentice Hall, New Jersey, 1989.

Jiawei Hand and Micheline Kamber, “*Data Mining Concepts and Techniques*”, Second Edition, 2006

Johnson, L.A., D.E. Cran and C. Polge. 1994. *Recent advances in sex pre-selection of cattle : Flow cytometric sorting of X and Y chromosome bearing sperm based on DNA to produce progeny*. Thriogenology (41): 51-56

Ke-hui Cui and C.D. Matthews. 1993. X larger than Y. Nature (366): 117-118

Mardiyah, Enok. 2006. Pemisahan Sperma Pembawa Kromosom X Dan Y Sapi Dengan Kolom Media Pemisah Albumin, Temu Teknis Nasional Tenaga Fungsional Pertanian., 2006

Purcell, E.J. and D. Varberg. 1987. *Kalkulus dan Geometri Analisis. Terjemahan Susila, I.Y., B. Kartasasmita dan Rawuh.* Erlangga

Quinlivan, W.L.G., Preciado, K., Long, T.L. and Sullivan, H. (1982) Separation of human X and Y spermatozoa by albumin gradients and Sephadex chromatography. *Fertil. Steril.*, **37**, 104–107.

Saili, Takdir (1999), *Efektifitas Penggunaan Albumen Sebagai Medium Separasi Dalam Upaya Merubah Rasio Alamiah Spermatozoa Pembawa Kromosom X Dan Y Pada Sapi*, Tesis MSi., Institut Pertanian Bogor, Bogor.

Sukra, Y., L. Rahardja dan I.Djuwita. 1989. Embriologi I. Depdikbud, Dirjen Pendidikan Tinggi PAU Ilmu Hayat, Institut Pertanian Bogor

S. Keerthi, S. Shevade, C. Bhattacharyya, and K. Murthy. A fast iterative nearest point algorithm for support vector machine classifier design. *IEEE Transaction on Neural Networks*, 11(1):124-136, 2000.

Steel, R.G.D. dan Torrie, J.H., (1989), Prinsip dan Prosedur Statistika, Terjemahan: Ir. Bambang Sumantri, PT. Gramedia, Jakarta

T. Joachims. Making large-scale SVM learning practical. In B. Scholkopf, C. Burges, and A. Smola, editors, *Advanced in Kernel Methods - Support Vector Learning*, pages 169-184. MIT Press, 1999.

Vapnik V.N., “*The Nature of Statistical Learning Theory*”, 2<sup>nd</sup> edition, Springer-Verlag, New York Berlin Heidelberg, 1999

## RIWAYAT HIDUP



Muhamad Hasan Wahyudi dilahirkan di Gresik, 3 April 1986. Penulis adalah anak ke-3 dari tujuh bersaudara dari pasangan Abdul Malik dan Munaiyah (alm). Penulis memulai pendidikan di TK Muslimat NU 41 Hidayatul Muftadiin, MI Hidayatul Muftadiin, SMP Nusantara, dan SMA Assaadah pada Yayasan Pondok Pesantren Qomaruddin Sampurnan Bungah Gresik, hingga lulus tahun 2004.

Di tahun 2007 penulis menempuh pendidikan strata 1 pada Program Studi Teknik Informatika Sekolah Tinggi Teknik Qomaruddin (STTQ) Gresik dan lulus pada tahun 2011. Pada tahun 2012, Alhamdulillah penulis mendapat kesempatan melanjutkan pendidikan strata 2 pada Bidang Keahlian Telematika Program Studi Pascasarjana Teknik Elektro Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS) Surabaya, dengan Beasiswa Unggulan yang diberikan oleh Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi KEMENDIKBUD RI, dan lulus pada tahun 2014. Saat ini penulis aktif menjadi tenaga pengajar di sekolah swasta jenjang SMA di sebuah Yayasan Pendidikan Islam Nusantara Bungah dan juga aktif sebagai tenaga pengajar Program Studi Teknik Informatika S1 di Sekolah Tinggi Teknik Qomaruddin Gresik.

# BAB 1

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Setiap usaha peternakan mempunyai target tertentu yang akan dicapai dengan memanfaatkan faktor-faktor produksi secara efisien dan efektif. Peranan manusia sebagai salah satu faktor dalam pencapaian efisiensi dan efektivitas usaha tersebut menjadi sangat penting. Oleh karena manusia memiliki kemampuan untuk mengendalikan faktor-faktor produksi tersebut dengan memanfaatkan pengetahuan yang dimilikinya. Bioteknologi sebagai salah satu hasil olah pikir dan karya manusia yang sangat monumental dalam kancah perkembangan ilmu pengetahuan merupakan pilihan yang tepat untuk mendukung upaya pencapaian efisiensi dan efektivitas usaha dalam bidang peternakan dan pertanian pada umumnya.

Penerapan bioteknologi dalam bidang peternakan telah meliputi beberapa aspek, antara lain aspek nutrisi ternak, kesehatan ternak, pemulihan ternak dan reproduksi ternak. Aspek reproduksi ternak merupakan salah satu aspek yang sangat pesat perkembangannya dewasa ini. Munculnya fenomena ini merupakan suatu hal yang sangat logis karena pada bidang reproduksi ternak, kita memiliki peluang besar untuk melakukan rekayasa dengan memanfaatkan bioteknologi dalam rangka percepatan peningkatan mutu dan populasi ternak.

Salah satu bidang reproduksi ternak yang menjadi sasaran para peternak adalah memproduksi anak yang telah diprediksi jenis kelaminnya sesuai dengan keinginan mereka. Sebagai contoh, para peternak sapi perah akan lebih mengharapkan kelahiran anak betina (untuk produksi semen) dari suatu perkawinan dibanding anak jantan, tetapi sebaliknya bagi peternak sapi potong tentunya akan lebih mengharapkan kelahiran anak jantan (mempunyai tingkat pertumbuhan yang tinggi) dibanding anak betina. Kondisi ini sangat wajar terjadi, karena hal tersebut merupakan suatu prasyarat efisiensi usaha agar peternakan mereka dapat dipertahankan bahkan dapat ditingkatkan.

Berbagai penelitian telah dilakukan untuk mengontrol jenis kelamin ternak agar sesuai dengan keinginan peternak. Upaya ini diawali dengan mengkondisikan saluran reproduksi ternak betina agar lingkungannya menjadi lebih baik bagi spermatozoa pembawa kromosom betina (X) dari spermatozoa pembawa kromosom jantan (Y) atau sebaliknya, sampai dengan pemisahan kedua macam spermatozoa tersebut dilakukan Inseminasi Buatan (IB) atau Fertilisasi *in Vitro* (FIV) (Sukra *et al.*, 1989). Pilihan lain dalam hubungannya dengan usaha pengontrolan jenis kelamin ternak yang dilahirkan adalah dengan memanfaatkan teknik penentuan jenis kelamin tahap embrional (Johnson *et al.*, 1994).

Upaya pemisahan spermatozoa mempunyai beberapa keuntungan, antara lain dapat meningkatkan kemungkinan untuk memperoleh jenis kelamin ternak yang sesuai dengan keinginan dan dapat terhindar dari kemungkinan lahirnya ternak betina yang bersifat *freemartin* (Gordon, 1994). Untuk memperoleh bakalan sapi yang akan dikembangbiakan, diperlukan teknologi untuk memisahkan pembawa kromosom X dan Y. Untuk mendapatkan anak sapi jantan yang lebih banyak, diperlukan sperma pembawa kromosom Y sedangkan untuk betina diperlukan kromosom X sebelum digunakan pada inseminasi buatan (IB) (Mardiyah, E. 2006). Beberapa hasil penelitian sebelumnya telah dilakukan evaluasi spermatozoa sapi secara morfometrik dengan mengukur panjang dan bagian terlebar dari kepala spermatozoa di bawah mikroskop fluorescences dengan bantuan alat micrometer yang dilaporkan bahwa dapat mengklasifikasi spermatozoa pembawa kromosom X atau Y (Saili, 1994).

Penentuan ukuran kepala spermatozoa sapi sangat membantu dalam penentuan metode pemisahan spermatozoa pembawa kromosom X dan Y khususnya dalam menentukan konsentrasi kolom albumin (Quinlivan *et al.*, 1982). Pada penelitian separasi spermatozoa pembawa kromosom X dan Y, memberikan sebuah informasi bahwa ukuran kepala spermatozoa pembawa kromosom X/betina lebih besar daripada spermatozoa pembawa kromosom Y/jantan (Ke-hui Cui *et al.*, 1993). Namun, hasil nilai dari penelitian tersebut masih membutuhkan proses yang lama dan hanya dapat dilakukan oleh peneliti ahli peternakan. Berdasarkan latar belakang inilah penulis akan membuat sebuah sistem yang dapat digunakan dalam mengklasifikasi spermatozoa pembawa

kromosom X atau Y yang efektif dan efisien, dengan harapan penelitian dapat memberikan informasi dan menjadi bahan acuan penentuan metode pemisahan spermatozoa pembawa kromosom X atau kromosom Y.

#### 1.2 Rumusan Masalah

- a. Belum adanya teknologi khusus untuk menentukan spermatozoa pembawa kromosom X atau Y.
- b. Kesulitan dalam membedakan dan menentukan ukuran spermatozoa pembawa kromosom X atau Y.

#### 1.3 Tujuan Penelitian

Adapun tujuan yang ingin dicapai pada penelitian ini adalah untuk membangun sebuah sistem yang dapat mengklasifikasikan spermatozoa pembawa kromosom X atau Y berdasarkan ukuran kepala spermatozoa dengan menggunakan metode *Support Vector Machine*. Penelitian ini juga diharapkan dapat memberikan kontribusi dalam pembangunan teknologi peternakan, khususnya dalam bidang reproduksi ternak sapi

#### 1.4 Batasan Masalah

- a. Pengklasifikasian spermatozoa pembawa kromosom X atau Y berdasarkan ukuran kepala spermatozoa dengan 3 fitur (luas, perimeter, dan diameter).
- b. Sampling spermatozoa sapi didapat dari sapi PO di Lolitbang Grati, Pasuruan.



*Halaman ini sengaja dikosongkan*

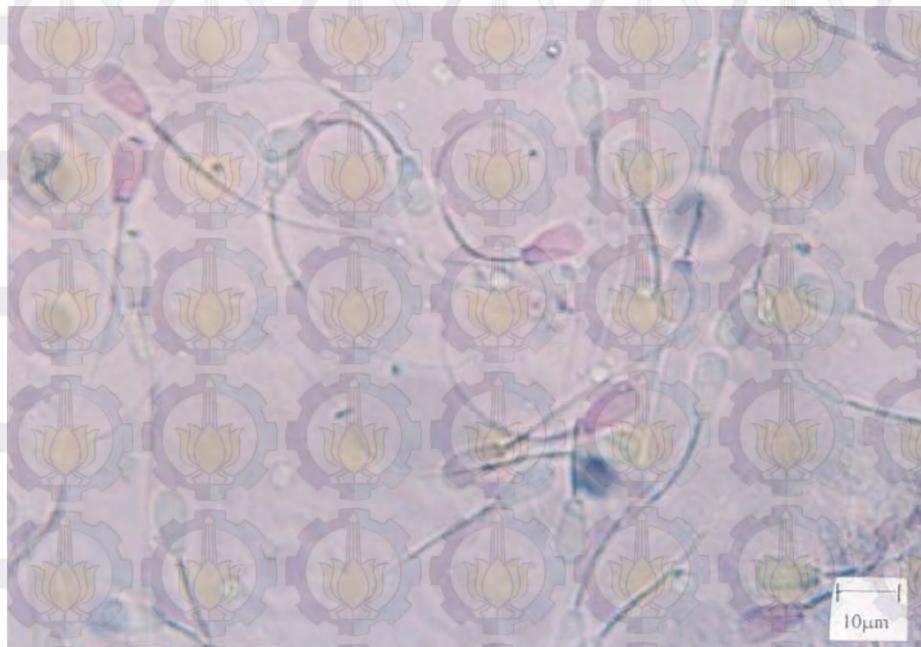
## BAB 2

### KAJIAN PUSTAKA

#### 2.1 Penelitian Sebelumnya

##### 2.1.1 Pengamatan Secara Morfometrik Spermatozoa Sapi

Takdir Saili telah melakukan penelitian mengenai efektifitas penggunaan albumen sebagai medium separasi dalam upaya merubah rasio alamiah spermatozoa pembawa kromosom X dan Y pada sapi. Dalam penelitian tersebut Takdir Saili telah melakukan evaluasi spermatozoa secara morfometrik dengan cara mengukur panjang dan bagian terlebar dari kepala spermatozoa di bawah mikroskop cahaya dengan bantuan alat mikrometer (Gambar 2.1) (Saili,1999). Hasil pengukuran terhadap 1300 spermatozoa diperoleh tujuh satuan pengukuran (Tabel 2.1) (Saili,1999).



Gambar 2.1 Evaluasi kepala spermatozoa secara morfometrik  
Sumber : Saili, 1999

Tabel 2.1 Banyaknya spermatozoa berdasarkan satuan pengukuran dan fraksi semen.

Satuan pengukuran (panjang x lebar, jam)	Fraksi Semen							Jumlah
	S0	S30	A30	B30	S50	A50	B50	
9.0 x 4.0	3	9	-	42	2	38	3	97
9.0 x 4.5	26	10	5	26	12	13	26	118
9.0 x 5.0	-	38	6	47	39	27	13	170
9.5 x 4.0	-	5	3	9	11	2	16	40
9.5 x 4.5	65	11	40	27	10	16	60	229
9.5 x 5.0	21	20	15	2	10	29	-	97
10.0 x 5.0	85	57	131	47	66	113	47	546
<b>Jumlah</b>	<b>200</b>	<b>150</b>	<b>200</b>	<b>200</b>	<b>150</b>	<b>200</b>	<b>200</b>	<b>1300</b>

Keterangan: S0 = Semen segar (kontrol)

A30 = Semen fraksi atas dengan konsentrasi albumen 30 persen

B30 = Semen fraksi bawah dengan konsentrasi albumen 30 persen

A50 = Semen fraksi atas dengan konsentrasi albumen 50 persen

B50 = Semen fraksi bawah dengan konsentrasi albumen 50 persen

S30 = Semen kontrol untuk A30 dan B30

A50 = Semen kontrol untuk A50 dan B50

Sumber : Saili, 1999

Penetapan rumus untuk menentukan luas kepala spermatozoa sapi digunakan metode integral *Riemann* dan analisis regresi. Integral *Riemann* digunakan untuk menentukan luasan kepala spermatozoa dari setiap satuan pengukuran (Purcell dan Varberg, 1987), sedangkan analisis regresi digunakan

untuk menentukan hubungan antara ukuran panjang dan lebar dengan luas kepala spermatozoa (Steel dan Torrie, 1989).

Tabel 2.2. Rataan ukuran kepala spermatozoa di dalam berbagai fraksi semen

Fraksi Semen	Banyaknya spermazoa	Ukuran kepala spermatozoa (Rataan $\pm$ SD, gm)		
		Panjang	Lebar	Luas
S0	200	9.64 $\pm$ 0.35	4,73 $\pm$ 0.29	39.44 $\pm$ 3 75
S30	150	9.50 $\pm$ 0.44	4.84 $\pm$ 0.32	39.71 $\pm$ 3 78
A30	200	9.80 $\pm$ 0.30	4.87 $\pm$ 0.24	41.33 $\pm$ 103
B30	200	9.33 $\pm$ 0.42	4.63 $\pm$ 0.42	37.28 $\pm$ 4 56
S50	150	9.54 $\pm$ 0,44	4 84 $\pm$ 0.31	39.92 $\pm$ 3.67
A50	200	9.68 $\pm$ 0.40	4.92 $\pm$ 0.20	41.19 $\pm$ 2.88
B50	200	9.43 $\pm$ 0.39	4.53 $\pm$ 0.39	36.83 $\pm$ 4.46

Sumber : Saili, 1999

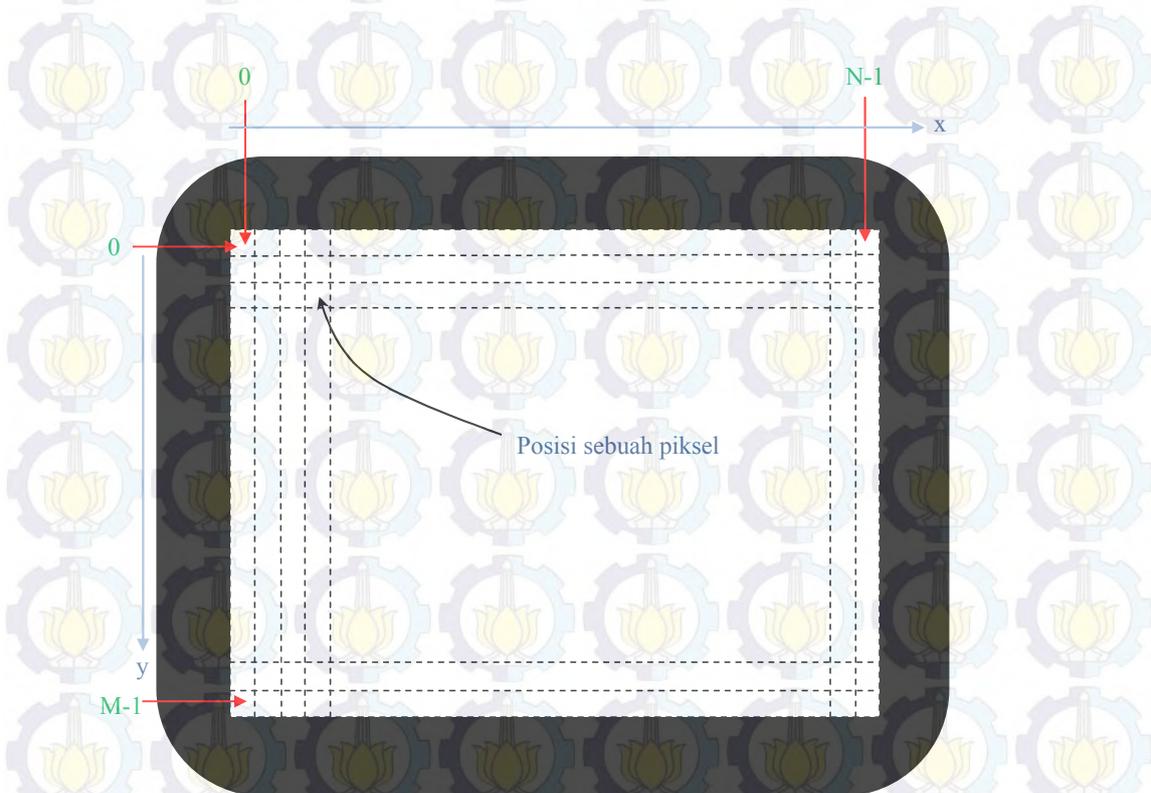
Untuk membedakan antara ukuran spermatozoa yang diprediksi sebagai spermatozoa X dan Y, maka nilai dari setiap ukuran dibandingkan dengan nilai kontrol dari masing-masing konsentrasi. Nilai yang lebih kecil dan rata-rata luas kepala spermatozoa pada masing-masing kontrol digolongkan spermatozoa Y, sedangkan yang lebih besar digolongkan spermatozoa X.

Berdasarkan hasil perhitungan pada Lampiran 1 dan 2, diketahui bahwa spermatozoa dengan ukuran kepala berturut-turut 9.0 x 4.0, 9.0 x 4.5, 9.0 x 5.0, 9.5 x 4.0, dan 9.5 x 4.5 (mikrometer) termasuk spermatozoa Y, sedangkan spermatozoa dengan ukuran kepala 9.5 x 5.0 dan 10.0 x 5.0

(mikrometer) termasuk spermatozoa X. Namun demikian, secara keseluruhan perbandingan antara ukuran spermatozoa yang termasuk spermatozoa X dan Y masih sebanding, yaitu 543 : 657 (X : Y).

## 2.2 Representasi Citra

Citra digital dibentuk oleh kumpulan titik yang dinamakan piksel (*pixel* atau “picture element”). Setiap piksel digambarkan sebagai satu kotak kecil. Setiap piksel mempunyai koordinat posisi. Sistem koordinat yang dipakai untuk menyatakan citra digital ditunjukkan pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Sistem koordinat citra berukuran  $M \times N$  (M baris dan N kolom)  
Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Dengan sistem koordinat yang mengikuti asas pemindaian pada layar TV standar itu, sebuah piksel mempunyai koordinat berupa (x, y)

Dalam hal ini,

- x menyatakan posisi kolom;
- y menyatakan posisi baris;

- c) piksel pojok kiri-atas mempunyai koordinat (0, 0) dan piksel pada pojok kanan-bawah mempunyai koordinat (N-1, M-1).

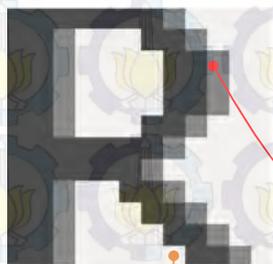
Dalam praktik, penggunaan koordinat pada sistem tertentu mempunyai sedikit perbedaan. Misalnya, pada *Octave* dan *MATLAB*, piksel pojok kanan-atas tidak mempunyai koordinat (0, 0) melainkan (1, 1). Selain itu, setiap piksel pada *Octave* dan *MATLAB* diakses melalui notasi (baris, kolom). Mengingat buku ini menggunakan contoh dengan *Octave* dan *MATLAB*, maka notasi yang digunakan disesuaikan dengan *Octave* dan *MATLAB*. Sebagai contoh, koordinat piksel akan ditulis dengan (y, x) dan koordinat pojok kanan-atas akan dinyatakan dengan (1, 1).

Dengan menggunakan notasi pada *Octave* dan *MATLAB*, citra dinyatakan dengan  $f(y, x)$ . Sebagai contoh, citra yang berukuran 12x12 yang terdapat pada Gambar 2.3(a) memiliki susunan data seperti terlihat pada Gambar 2.3(b). Adapun Gambar 2.4 menunjukkan contoh penotasian  $f(y,x)$ . Berdasarkan gambar tersebut maka:

- a)  $f(2,1)$  bernilai 6
- b)  $f(4,7)$  bernilai 237

Pada citra berskala keabuan, nilai seperti 6 atau 237 dinamakan sebagai intensitas.

**R** ↘

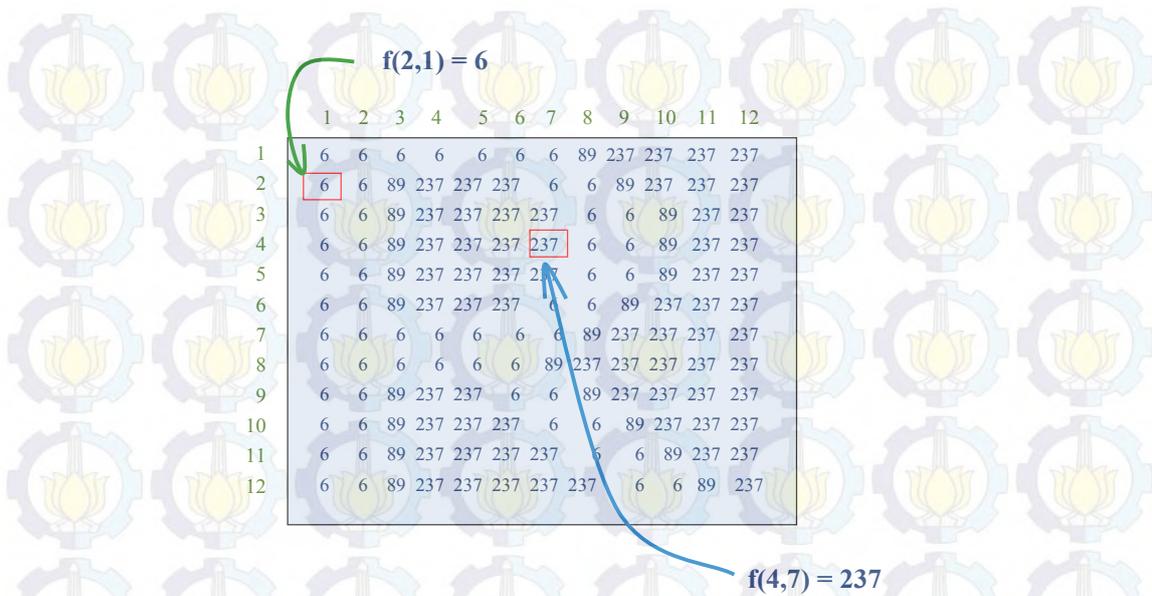


6	6	6	6	6	6	6	89	237	237	237	237
6	6	89	237	237	237	6	6	89	237	237	237
6	6	89	237	237	237	237	6	6	89	237	237
6	6	89	237	237	237	237	6	6	89	237	237
6	6	89	237	237	237	6	6	89	237	237	237
6	6	89	237	237	237	6	6	89	237	237	237
6	6	6	6	6	6	6	89	237	237	237	237
6	6	6	6	6	6	89	237	237	237	237	237
6	6	89	237	237	6	6	89	237	237	237	237
6	6	89	237	237	237	6	6	89	237	237	237
6	6	89	237	237	237	237	6	6	89	237	237
6	6	89	237	237	237	237	6	6	89	237	237

(a) Citra berukuran 12 x 12

(b) Data penyusun citra 12 x 12

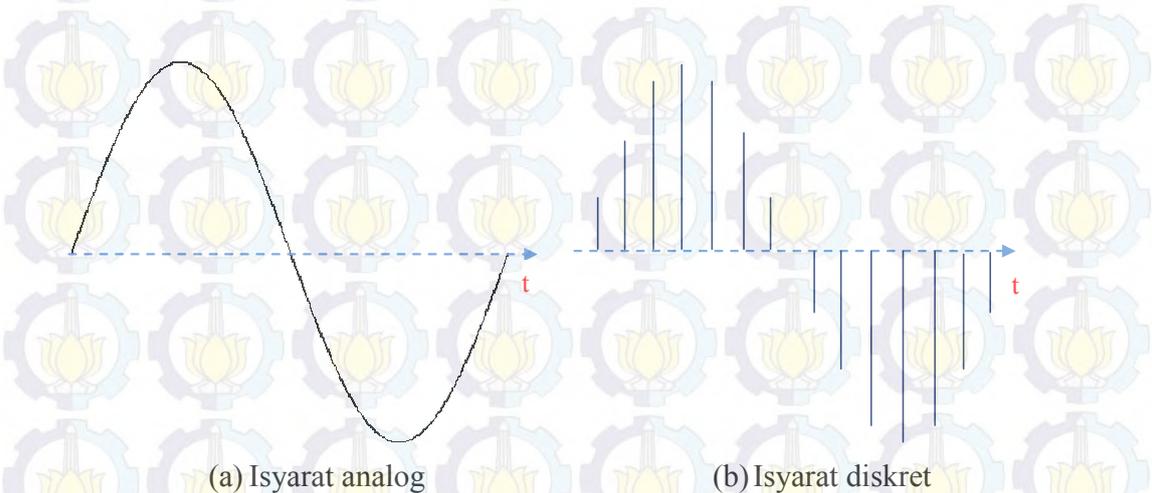
Gambar 2.3 Citra dan nilai penyusun piksel  
Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013



Gambar 2.4 Notasi piksel dalam citra  
 Sumber : Abdul Kadir dan kawan, 2013

### 2.3 Kuantisasi Citra

Citra digital sesungguhnya dibentuk melalui pendekatan yang dinamakan kuantisasi. Kuantisasi adalah prosedur yang dipakai untuk membuat suatu isyarat yang bersifat kontinu ke dalam bentuk diskret. Untuk mempermudah pemahaman konsep ini, lihatlah Gambar 2.5. Gambar 2.5(a) menyatakan isyarat analog menurut perjalanan waktu  $t$ , sedangkan Gambar 2.5(b) menyatakan isyarat diskret.

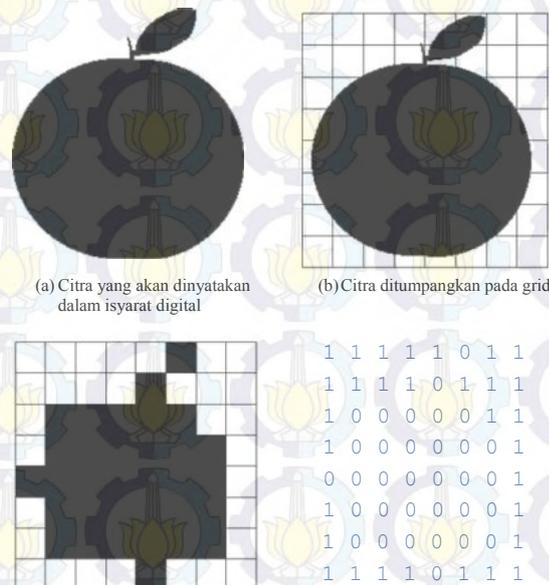


(a) Isyarat analog

(b) Isyarat diskret

Gambar 2.5 Perbandingan isyarat analog dan isyarat diskret  
 Sumber : Abdul Kadir dan kawan, 2013

Pada isyarat digital, nilai intensitas citra dibuat diskret atau terkuantisasi dalam sejumlah nilai bulat. Gambar 2.6(a) menunjukkan contoh citra biner dua nilai intensitas berupa 0 (hitam) dan 1 (putih). Selanjutnya, gambar tersebut ditumpangkan pada grid 8x8 seperti yang diperlihatkan pada Gambar 2.6(b). Bagian gambar yang jatuh pada kotak kecil dengan luas lebih kecil dibanding warna putih latar belakang, seluruh isi kotak dibuat putih. Sebaliknya, jika mayoritas hitam, isi kotak seluruhnya dibuat hitam. Hasil perubahan ke citra digital tampak pada Gambar 2.6(c). Adapun Gambar 2.6(d) memperlihatkan bilangan yang mewakili warna hitam (0) dan putih (1). Dengan demikian, citra digital akan lebih baik (lebih sesuai aslinya) apabila ukuran piksel diperkecil atau jumlah piksel diperbanyak.



Gambar 2.6 Digitalisasi citra biner 8x8 piksel untuk memperlihatkan bentuk piksel ideal

Sumber : Abdul Kadir dan kawan, 2013

Bagaimana halnya kalau gambar mengandung unsur warna (tidak sekadar hitam dan putih) prinsipnya sama saja, tetapi sebagai pengecualian, warna hitam diberikan tiga unsur warna dasar, yaitu merah ( $R = red$ ), hijau ( $G = green$ ), dan biru ( $B = blue$ ). Seperti halnya pada citra monokrom (hitam-putih) standar, dengan variasi intensitas dari 0 hingga 255, pada citra berwarna terdapat 16.777.216 variasi warna apabila setiap komponen R, G, dan B mengandung 256

aras intensitas. Namun, kepekaan mata manusia untuk membedakan macam warna sangat terbatas, yakni jauh di bawah enam belas juta lebih tersebut.

Untuk beberapa keperluan tertentu, jumlah gradasi intensitas saling berbeda. Tabel 2.3 memberikan lima contoh untuk citra beraras keabuan dan Tabel 2.4 menunjukkan empat contoh penggunaan citra berwarna (RGB). Perhatikan bahwa jumlah gradasi juga bisa dinyatakan dalam jumlah digit biner atau bit 0 dan 1 sebagai sandi digital per piksel.

Tabel 2.3 Jangkauan nilai pada citra keabuan

Komponen warna	Bit per Piksel	Jangkauan	Penggunaan
1	1	0-1	Citra biner: dokumen faksimili
	8	0-255	Umum: foto dan hasil pemindai
	12	0-4095	Kualitas tinggi: foto dan hasil pemindai
	14	0-16383	Kualitas profesional: foto dan hasil pemindai
	16	0-65535	Kualitas tertinggi: citra kedokteran dan astronomi

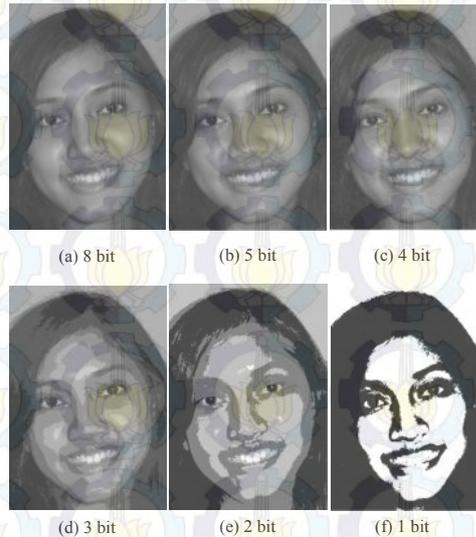
Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Tabel 2.4 Jangkauan nilai pada citra berwarna

Komponen Warna	Bit per Piksel	Jangkauan	Penggunaan
3	24	0-1	RGB umum
	36	0-4095	RGB kualitas tinggi
	42	0-16383	RGB kualitas profesional
4	32	0-255	CMYK (cetakan digital)

Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Dalam pengolahan citra, kuantisasi aras intensitas menentukan kecermatan hasilnya. Dalam praktik, jumlah aras intensitas piksel dapat dinyatakan dengan kurang dari 8 bit. Contoh pada Gambar 2.7 menunjukkan citra yang dikuantisasi dengan menggunakan 8, 5, 4, 3, 2, dan 1 bit.



Gambar 2.7 Kuantisasi citra dengan menggunakan berbagai bit  
Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Pada kuantisasi dengan 1 bit, jumlah level sebanyak  $2 (2^1)$ . Oleh karena itu, warna yang muncul berupa hitam dan putih saja. Perlu diketahui, penurunan jumlah aras pada tingkat tertentu membuat mata manusia masih bisa menerima citra dengan baik. Sebagai contoh, citra dengan 4 bit (Gambar 2.7(c)) dan citra dengan 8 bit (Gambar 2.7(a)) praktis terlihat sama. Hal seperti itulah yang mendasari gagasan pemampatan data citra, mengingat citra dengan jumlah bit lebih rendah tentu akan membutuhkan tempat dan transmisi yang lebih hemat.

#### 2.4 Citra Berwarna

Citra berwarna, atau biasa dinamakan citra RGB, merupakan jenis citra yang menyajikan warna dalam bentuk komponen R (merah), G (hijau), dan B (biru). Setiap komponen warna menggunakan 8 bit (nilainya berkisar antara 0 sampai dengan 255). Dengan demikian, kemungkinan warna yang bisa disajikan

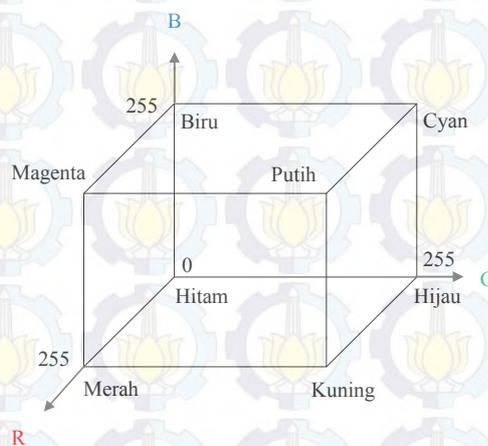
mencapai  $255 \times 255 \times 255$  atau 16.581.375 warna. Tabel 2.5 menunjukkan contoh warna dan nilai R,G, dan B.

Tabel 2.5 Warna dan nilai penyusun warna

Warna	R	G	B
Merah	255	0	0
Hijau	0	255	0
Biru	0	0	255
Hitam	0	0	0
Putih	255	255	255
Kuning	0	255	255

Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Gambar 2.8 menunjukkan pemetaan warna dalam ruang tiga dimensi. Adapun Gambar 2.9 menunjukkan keadaan suatu citra dan representasi warnanya.



Gambar 2.8 Warna RGB dalam ruang berdimensi tiga  
Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013



Gambar 2.9 Citra berwarna dan representasi warnanya. Setiap piksel dinyatakan dengan nilai R, G, dan B

Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Sebuah warna tidak hanya dinyatakan dengan komposisi R, G, dan B tunggal. Pada Tabel 2.4 terlihat bahwa warna merah mempunyai R=255, G=0, dan B=0. Namun, komposisi R=254, G=1, B=1 juga berwarna merah.

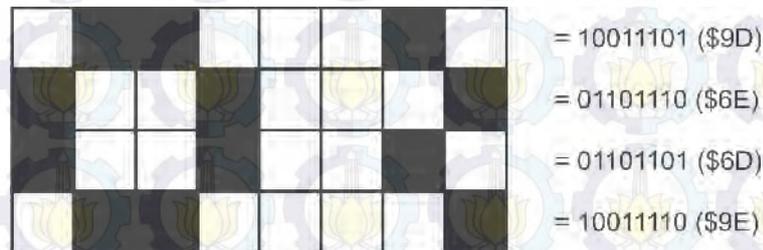
## 2.5 Citra Berskala Keabuan

Sesuai dengan nama yang melekat, citra jenis ini menangani gradasi warna hitam dan putih, yang tentu saja menghasilkan efek warna abu-abu. Pada jenis gambar ini, warna dinyatakan dengan intensitas. Dalam hal ini, intensitas berkisar antara 0 sampai dengan 255. Nilai 0 menyatakan hitam dan nilai 255 menyatakan putih.

## 2.6 Citra Biner (*Monochrome*)

Pada citra biner, setiap titik bernilai 0 atau 1, masing-masing merepresentasikan warna tertentu. Warna hitam bernilai 0 dan warna putih bernilai 1. Pada standar citra untuk ditampilkan di layar komputer, nilai biner ini berhubungan dengan ada tidaknya cahaya yang ditembakkan oleh *electron gun* yang terdapat di dalam monitor komputer. Angka 0 menyatakan tidak ada cahaya, dengan demikian warna yang direpresentasikan adalah hitam. Untuk angka 1

terdapat cahaya, sehingga warna yang direpresentasikan adalah putih. Setiap titik pada citra hanya membutuhkan 1 bit, sehingga setiap *byte* dapat menampung informasi 8 titik.



Gambar 2.10. Citra biner dan representasinya dalam data digital  
 Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Alasan masih digunakannya citra biner dalam pengolahan citra digital hingga saat ini adalah algoritma untuk citra biner telah berkembang dengan baik dan dimengerti dengan baik pula oleh banyak orang. Selain itu prosesnya lebih cepat karena jumlah bit untuk tiap pikselnya lebih sedikit.

## 2.7 Histogram

Ekualisasi histogram merupakan suatu cara yang bertujuan untuk memperoleh histogram yang intensitasnya terdistribusi secara seragam pada citra. Namun, dalam praktik, hasilnya tidak benar-benar seragam (Jain, 1989). Pendekatan yang dilakukan adalah untuk mendapatkan aras keabuan yang lebih luas pada daerah yang memiliki banyak piksel dan mempersempit aras keabuan pada daerah yang berpiksel sedikit. Efeknya dapat digunakan untuk meningkatkan kontras secara menyeluruh. Perlu diketahui, ekualisasi histogram termasuk sebagai pemetaan nonlinear.

Misalnya, histogram untuk setiap aras keabuan dinyatakan dengan  $hist[i+1]$ . Dalam hal ini,  $i$  bernilai  $0, 1, 2, \dots, L-1$ , dengan  $L$  menyatakan jumlah aras keabuan. Akumulasi histogram untuk piksel yang memiliki aras  $k$  dinyatakan dengan

$$c[k + 1] = \sum_{i=1}^k \text{hist}[k + 1], k = 0, 1, 2, \dots, L - 1 \quad (2.1)$$

Selanjutnya, aras  $k$  akan diganti dengan  $a$  dengan ketentuan sebagai berikut:

$$a_k = \text{round}\left((L - 1) \frac{c[k+1]}{N}\right), k = 0, 1, 2, \dots, L - 1 \quad (2.2)$$

Dalam hal ini,  $N$  menyatakan jumlah piksel pada citra.

Tabel 2.6 Proses ekualisasi histogram

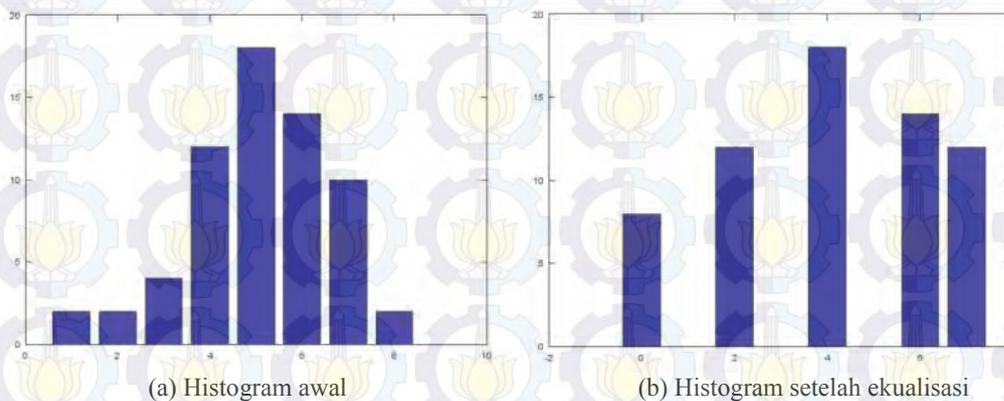
$i$	Aras	hist[i]	$c[i]$	$a(i)$
1	0	2	2	0
2	1	2	4	0
3	2	4	8	0
4	3	12	20	2
5	4	18	38	4
6	5	14	52	6
7	6	10	62	7
8	7	2	64	7
	$L=8$	$N=64$		

Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

Pada contoh di atas, yang diarsir dengan warna hijau muda menyatakan keadaan awal citra. Dalam hal ini, citra mengandung  $N=64$  piksel ( $8 \times 8$ ) dengan jumlah aras keabuan berupa 8. Selanjutnya, berdasarkan nilai  $\text{hist}[i]$  maka  $c[i]$  dihitung. Selanjutnya,  $a[i]$  dapat dihitung berdasar Persamaan 1.2. Dalam hal ini, setiap nilai

- 0 atau 1 pada citra akan diganti dengan 0;
- 3 akan diganti dengan 2;
- 4 tidak diganti (tetap);
- 5 diganti dengan 6;
- 6 dan 7 diganti dengan 7.

Gambar 2.11 memperlihatkan keadaan sebelum dan sesudah ekualisasi histogram. Tampak bahwa di sekitar batang histogram yang paling tinggi terjadi perenggangan dan perbedaan dengan yang lebih rendah mengecil.



Gambar 2.11 Efek ekualisasi histogram

Sumber : Abdul Kadir dkk, 2013

## 2.8 Cropping

Cropping Image merupakan teknik pemotongan gambar yang digunakan untuk menentukan secara tepat bagian yang ingin dipotong dan diolah. Fungsi cropping pada gambar yaitu dapat menghilangkan bagian gambar yang dirasa tidak dipentingkan atau tidak sesuai dengan pesan yang disampaikan (point of interest) dalam pengolahan gambar. Pada penelitian ini, cropping dilakukan pada saat ekstraksi fitur secara otomatis pada setiap kepala spermatozoa.

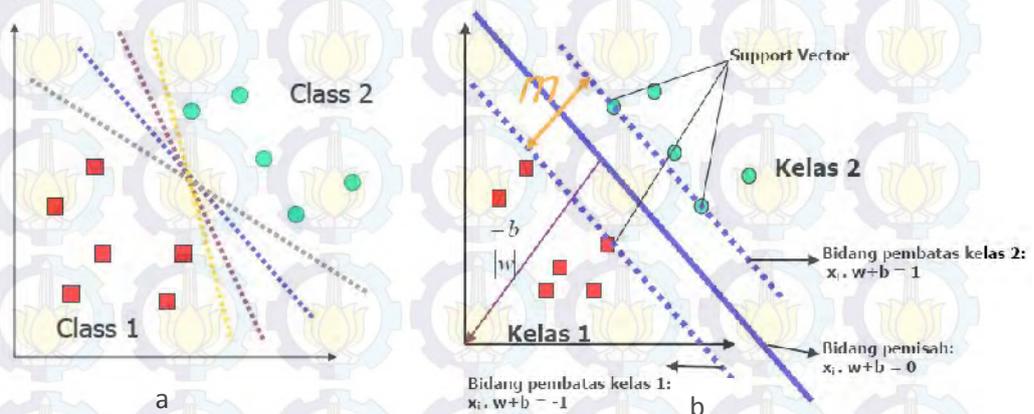
## 2.9 Support Vector Machine (SVM)

Berbagai sistem komputer dalam sistem pattern recognition telah dikenal, diantaranya linear discrimination analysis, hidden markov model dan keerdasan buatan seperti neural network. Salah satu metode yang berkembang akhir-akhir ini telah menjadi perhatian di dunia computer sebagai *state of the art* dalam pattern recognition adalah Support Vector Machine (SVM) (Byun H dan Tsuda K; 2003,2000), seperti yang peneliti tetapkan sebagai metode klasifikasi dalam bidang *biomedical*. Konsep *support vector machine* (SVM) ini pertama kali dikembangkan dan dipresentasikan oleh Vapnik. Pada dasarnya SVM adalah

*linear classifier*, dan untuk dapat diterapkan pada permasalahan *non-linear* maka selanjutnya dikembangkan konsep *kernel trick* pada ruang kerja berdimensi tinggi (vapnik, 1999).

Saat ini SVM telah banyak diaplikasikan dalam masalah dunia nyata khususnya dalam permasalahan klasifikasi, dan secara umum hasil yang didapatkan lebih baik dibandingkan metode konvensional lainnya seperti misalnya *neural network*. Generalisasi yang lebih baik pada *support vector machine* dikarenakan prinsip *support vector machine* adalah berusaha menemukan pemisah antar kelas terbaik sedangkan *neural network* hanya berusaha menemukan pemisah antar kelas.

SVM pada awalnya dikembangkan oleh Vapnik untuk klasifikasi dua kelas. Namun karena permasalahan yang banyak dijumpai di dunia nyata adalah permasalahan klasifikasi lebih dari dua kelas maka selanjutnya dikembangkan lah klasifikasi *multiclass* (banyak kelas).



Gambar 2.12 Alternatif bidang pemisah (a) dan bidang pemisah terbaik dengan margin (m) terbesar (b),

Sumber : Krisantus ,2007

### 2.9.1 Pengenalan Pola menggunakan SVM

Konsep SVM dapat dijelaskan secara sederhana sebagai usaha mencari *hyperplane* terbaik yang berfungsi sebagai pemisah dua buah class pada *input space*. *Hyperplane* dalam ruang vektor berdimensi  $d$  adalah *affine subspace*

berdimensi  $d-1$  yang membagi ruang vektor tersebut ke dalam dua bagian, yang masing-masing berkorespondensi pada kelas yang berbeda (Christianini,2000).

Pada gambar 2.12 diperlihatkan beberapa pattern yang merupakan anggota dari dua buah kelas yaitu kelas  $+1$  dan kelas  $-1$ . Dimana pattern yang tergabung pada kelas  $-1$  disimbolkan dengan bentuk kotak berwarna hijau, sedangkan pattern pada kelas  $+1$  disimbolkan dengan bentuk segitiga berwarna biru. Permasalahan klasifikasi secara sederhananya dapat dijelaskan sebagai suatu usaha untuk menemukan garis pemisah (*hyperplane*) yang memisahkan antara kedua kelompok *pattern* tersebut. Gambar 2.12 (a) menunjukkan adanya beberapa alternatif garis pemisah (*discrimination boundaries*) yang memisahkan pattern yang menjadi anggota dari dua kelas yang berbeda, disimbolkan dengan garis berwarna merah. Dari beberapa alternatif garis pemisah dapat dicari garis pemisah (*hyperplane*) yang terbaik antara kedua kelas tersebut. Hal ini dapat ditemukan dengan cara mengukur margin dari *hyperplane* tersebut dan mencari nilai maksimalnya. Margin adalah jarak antara suatu *hyperplane* dengan pattern terdekat dari masing-masing kelas tersebut. Sedangkan pattern yang paling dekat dengan *hyperplane* disebut sebagai *support vector*. Gambar 2.12 (b) menunjukkan alternatif garis pemisah (*hyperplane*) yang terbaik, yaitu *hyperplane* dengan posisi terletak tepat pada tengah-tengah antara kedua kelas, ditunjukkan dengan garis tebal berwarna merah. Sedangkan pattern yang berbentuk kotak berwarna hijau dan pattern berbentuk segitiga berwarna biru yang berada dalam lingkaran hitam adalah pattern terdekat terhadap *hyperplane* dan disebut dengan *support vector*. Prinsip proses pembelajaran pada SVM adalah mencari posisi *hyperplane* terbaik tersebut (T.Joachims, 1999).

Data pada ruang input dinotasikan sebagai sedangkan label yang menunjukkan kelas dari masing-masing data tersebut dinotasikan  $y_i = \{+1,-1\}$  untuk  $i=1,2,3 \dots l$ . dimana  $l$  adalah banyanya jumlah data. Diasumsikan kedua kelas  $-1$  dan  $+1$  data terpisah secara sempurna oleh *hyperplane* berdimensi  $d$ , yang didefinisikan :

$$\vec{w} \cdot \vec{x} + b = 0 \dots\dots\dots(2.3)$$

Pattern  $\vec{x}$  yang termasuk kelas  $-1$  dapat dirumuskan sebagai *pattern* yang memenuhi pertidaksamaan :

$$\bar{w} \cdot \bar{x} + b \leq -1 \dots\dots\dots (2.4)$$

Sedangkan *pattern*  $x_l$  yang termasuk kelas +1 dapat dirumuskan sebagai *pattern* yang tidak memenuhi pertidaksamaan :

$$\bar{w} \cdot \bar{x} + b \geq +1 \dots\dots\dots (2.5)$$

Margin yang terbesar dapat ditemukan dengan cara memaksimalkan nilai jarak antara *hyperplane* dan titik *pattern* terdekatnya, yaitu  $1/\|\bar{w}\|$ , hal ini dapat dirumuskan sebagai *Quadratic Programming (QP)* prople, yaitu mencari titik minimal dari persamaan (2.4), dengan tetap memperhatikan *constraint pada persamaan (2.5)*.

$$\min_w \tau(w) = \frac{1}{2} \|\bar{w}\|^2 \dots\dots\dots (2.6)$$

Dengan

$$y_i(\bar{x}_i \cdot \bar{w} + b) - 1 \geq 0, \forall i \dots\dots\dots (2.7)$$

Masalah *Quadratic Programming (QP)* ini dapat dipecahkan dengan berbagai macam teknik komputasi dan salah satu di antaranya adalah menggunakan Lagrange Multiplier dengan persamaan :

$$L(\bar{w}, b, \alpha) = \frac{1}{2} \|\bar{w}\|^2 - \sum_{i=1}^l \alpha_i (y_i((\bar{x}_i \cdot \bar{w} + b) - 1) \dots\dots\dots (2.8)$$

Dengan  $I = 1, 2, \dots, l$ .

dimana  $\alpha_i$  adalah Lagrange multipliers, yang bernilai nol atau positif ( $\alpha_i \geq 0$ ). Nilai optimal dari persamaan (2.7) dapat dihitung dengan meminimalkan L. Terhadap  $\bar{w}$  dan  $b$ , dan memaksimalkan L terhadap  $\alpha_i$  saja.

$$\sum_{i=1}^l \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^l \alpha_i \alpha_j y_i y_j \bar{x}_i \bar{x}_j \dots\dots\dots (2.9)$$

dengan

$$\alpha_i \geq 0 (i = 1, 2, \dots, l) \sum_{i=1}^l \alpha_i y_i \dots\dots\dots (2.10)$$

Dari hasil perhitungan tersebut diperoleh  $\alpha_i$  dan data yang berkorelasi dengan  $\alpha_i$  yang bernilai positif ditentukan sebagai *Support Vector*.

### 2.9.2 Support Vector Machine One Against One untuk Multiclass

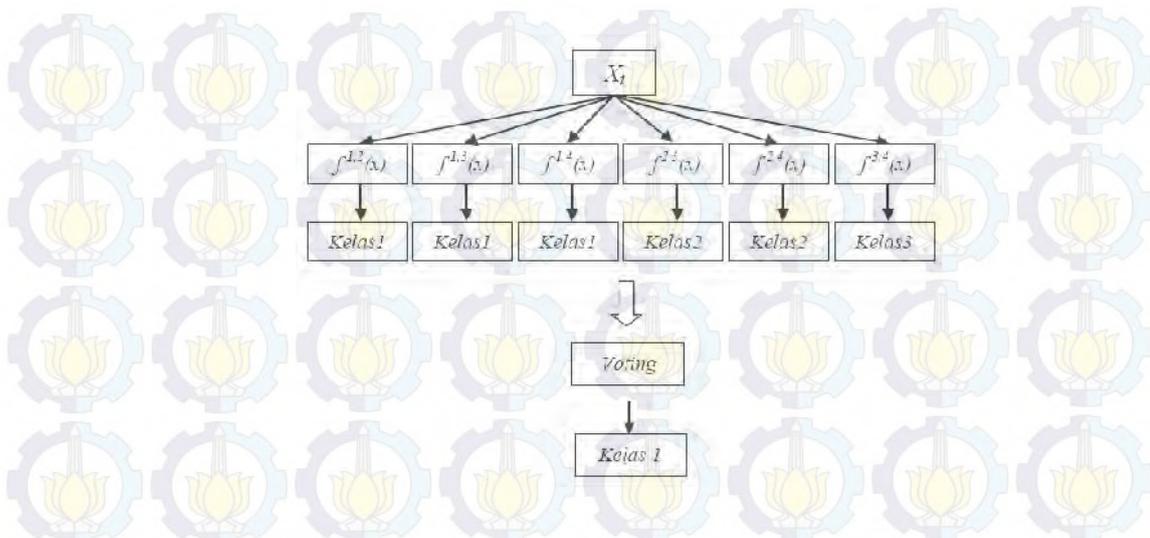
SVM pada mulanya dikembangkan oleh Vapnik untuk klasifikasi biner (dua kelas). Namun karena permasalahan yang banyak dijumpai di dunia nyata adalah permasalahan klasifikasi lebih dari dua kelas maka selanjutnya dikembangkan lah klasifikasi *multiclass* (banyak kelas). Secara umum terdapat dua pendekatan untuk menyelesaikan permasalahan klasifikasi menggunakan SVM untuk *multiclass*. Pendekatan yang pertama adalah dengan cara menggabungkan semua data dalam suatu permasalahan optimasi, sedangkan pendekatan yang kedua adalah dengan cara membangun suatu *multiclass classifier*, dimana hal ini didapatkan dengan cara menggabungkan beberapa SVM biner. Pendekatan yang pertama menghendaki penyelesaian masalah optimasi yang lebih rumit dan tingkat komputasi yang tinggi, dengan demikian pendekatan ini kemudian tidak banyak dikembangkan.

Metode SVM *one against one* adalah salah satu metode untuk mengimplementasi SVM untuk multiclass dengan menggunakan pendekatan yang kedua. Dengan menggunakan metode *one against all*, dibangun  $k$  buah model SVM biner ( $k$  adalah jumlah kelas). Sedangkan pada metode *one against one*, dibangun  $\frac{k(k-1)}{2}$  buah model klasifikasi biner ( $k$  adalah jumlah kelas). Terdapat beberapa metode untuk melakukan pengujian setelah keseluruhan  $\frac{k(k-1)}{2}$  model klasifikasi selesai dibangun. Contoh penggunaan metode SVM *one against one* dapat ditunjukkan pada tabel 2.7 dan gambar 2.13.

Tabel 2.7 Contoh metode *one against one*

$y_I = 1$	$y_I = -1$	Hipotesis
Kelas 1	Kelas 2	$f^{1,2}(x) = (w^{1,2})x + b^{1,2}$
Kelas 1	Kelas 3	$f^{1,3}(x) = (w^{1,3})x + b^{1,3}$
Kelas 1	Kelas 4	$f^{1,4}(x) = (w^{1,4})x + b^{1,4}$
Kelas 2	Kelas 3	$f^{2,3}(x) = (w^{2,3})x + b^{2,3}$
Kelas 2	Kelas 4	$f^{2,4}(x) = (w^{2,4})x + b^{2,4}$
Kelas 3	Kelas 4	$f^{3,4}(x) = (w^{3,4})x + b^{3,4}$

Sumber : Hsu, 2007



Gambar 2.13 Metode Klasifikasi SVM *one against one*  
 Sumber : *Krisantus, 2007*

Dari gambar 2.13 jika data  $x_i$  dimasukkan ke dalam fungsi yang didapatkan dari tahap pelatihan di atas :

$$f(x) = (w^j)^T \phi(x) + b \dots\dots\dots (2.11)$$

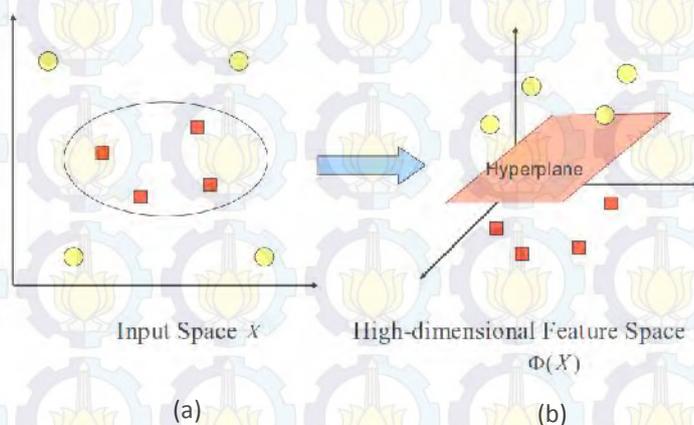
dan hasil yang didapatkan  $x$  adalah kelas termasuk kelas  $i$ , maka kelas  $i$  mendapatkan satu suara (*vote*). Dan selanjutnya data  $x_i$  diujikan ke semua model klasifikasi yang didapatkan dari tahap pelatihan. Dan pada akhirnya kelas dari data  $x$  ditentukan dari jumlah perolehan suara terbanyak. Apabila terdapat dua buah kelas yang memiliki jumlah suara yang sama, maka kelas dengan indeks yang lebih kecil dinyatakan sebagai kelas dari data yang diujikan (Jiawey Hand, 2006).

### 2.9.3 Klasifikasi Spermatozoa dengan Support Vector Machine

Klasifikasi adalah proses untuk mengelompokkan sejumlah data ke dalam kelas-kelas yang sudah ditentukan dan diberikan sesuai kesamaan sifat dan pola yang terdapat dalam kata-kata tersebut. Secara umum, proses klasifikasi dimulai dengan diberikannya sejumlah data yang menjadi acuan untuk membuat aturan klasifikasi data. Data tersebut biasanya dikenal dengan nama *training sets*. Dari *training sets* tersebut kemudian dibuat suatu model untuk mengklasifikasikan

data. Model tersebut kemudian digunakan sebagai acuan untuk mengklasifikasi data-data yang belum diketahui kelasnya yang dikenal dengan sebutan *test sets*.

Pada umumnya masalah dalam domain dunia nyata (real world problem) jarang bersifat linear separable, kebanyakan bersifat non linear. Dalam kasus penelitian klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom x atau y yang terjadi adalah bersifat non linear. Untuk menyelesaikan problem non linear, svm dimodifikasi dengan memasukkan fungsi kernel.



Gambar 2.14 Fungsi  $\Phi$  memetakan data ke ruang vektor yang berdimensi lebih tinggi, sehingga kedua class dapat dipisahkan secara linear oleh sebuah hyperplane

Sumber : Anto Satriyo Nugroho dan kawan, 2003

Dalam non linear SVM, pertama-tama data  $\vec{x}$  dipetakan oleh fungsi  $\Phi \vec{x}$  ke ruang vektor yang berdimensi lebih tinggi. Pada ruang vektor yang baru ini, hyperplane yang memisahkan kedua class tersebut dapat dikonstruksikan. Hal ini sejalan dengan teori cover yang menyatakan “*Jika suatu transformasi bersifat non linear dan dimensi dari feature space cukup tinggi, maka data pada input space dapat dipetakan ke feature space yang baru, dimana pattern-pattern tersebut pada probabilitas tinggi dapat dipisahkan secara linear*”.

Ilustrasi dari konsep ini dapat dilihat pada gambar 2.14 Pada gambar 2.14 (a) diperlihatkan data pada class kuning dan data pada class merah yang berada pada input space berdimensi dua tidak dapat dipisahkan secara linear. Selanjutnya gambar 2.14 (b) menunjukkan bahwa fungsi  $\Phi$  memetakan tiap data pada input space tersebut ke ruang vektor baru yang berdimensi lebih tinggi (dimensi 3),

dimana kedua class dapat dipisahkan secara linear oleh sebuah hyperplane. Notasi matematika dari mapping ini adalah sbb :

$$\Phi : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^q \quad d < q \quad \dots\dots\dots$$

Tabel 2.8 Kernel yang umum dipakai dalam SVM

Jenis Kernel	Definisi
Polynomial	$K(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = (\vec{x}_i \cdot \vec{x}_j + 1)^p$
Gaussian	$K(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = \exp\left(-\frac{\ \vec{x}_i - \vec{x}_j\ ^2}{2\sigma^2}\right)$
Sigmoid	$K(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = \tanh(\alpha \vec{x}_i \cdot \vec{x}_j + \beta)$

Sumber : Anto Satriyo Nugroho dan kawan, 2003

Pemetaan ini dilakukan dengan menjaga topologi data, dalam artian dua data yang berjarak dekat pada input space akan berjarak dekat juga pada feature space, sebaliknya dua data yang berjarak jauh pada input space akan juga berjarak jauh pada feature space. Selanjutnya proses pembelajaran pada SVM dalam menemukan titik-titik support vector, hanya bergantung pada *dot product* dari data yang sudah ditransformasikan pada ruang baru yang berdimensi lebih tinggi, yaitu  $\Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}_j)$  (S.Kerthi S, 2000).

Karena umumnya transformasi  $\Phi$  ini tidak diketahui, dan sangat sulit difahami secara mudah, maka perhitungan dot product tersebut sesuai teori Mercer dapat digantikan dengan fungsi kernel  $K(\vec{x}_i, \vec{x}_j)$  yang mendefinisikan secara implisit transformasi  $\Phi$ .

Hal ini disebut sebagai *Kernel Trick*, yang dirumuskan :

$$K(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = \Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}_j) \quad \dots\dots\dots (2.14)$$

*Kernel trick* memberikan berbagai kemudahan, karena dalam proses pembelajaran SVM, untuk menentukan support vector, kita hanya cukup mengetahui fungsi *kernel* yang dipakai, dan tidak perlu mengetahui wujud dari

fungsi non linear  $\Phi$ . Berbagai jenis fungsi *kernel* dikenal, sebagaimana dirangkumkan pada tabel 2.8.

Selanjutnya hasil klasifikasi dari data  $\bar{x}$  diperoleh dari persamaan berikut :

$$f(\Phi(\bar{x})) = \bar{w} \cdot \Phi(\bar{x}) + b \quad \dots\dots\dots (2.15)$$

$$= \sum_{i=1, \bar{x}_i \in SV}^n \alpha_i y_i \Phi(\bar{x}) \cdot \Phi(\bar{x}_i) + b \quad \dots\dots\dots (2.16)$$

$$= \sum_{i=1, \bar{x}_i \in SV}^n \alpha_i y_i K(\bar{x}, \bar{x}_i) + b \quad \dots\dots\dots (2.17)$$

$SV$  pada persamaan di atas dimaksudkan dengan subset dari training set yang terpilih sebagai support vector, dengan kata lain data  $\bar{x}_i$  yang berkorespondensi pada  $\alpha_i \geq 0$ .

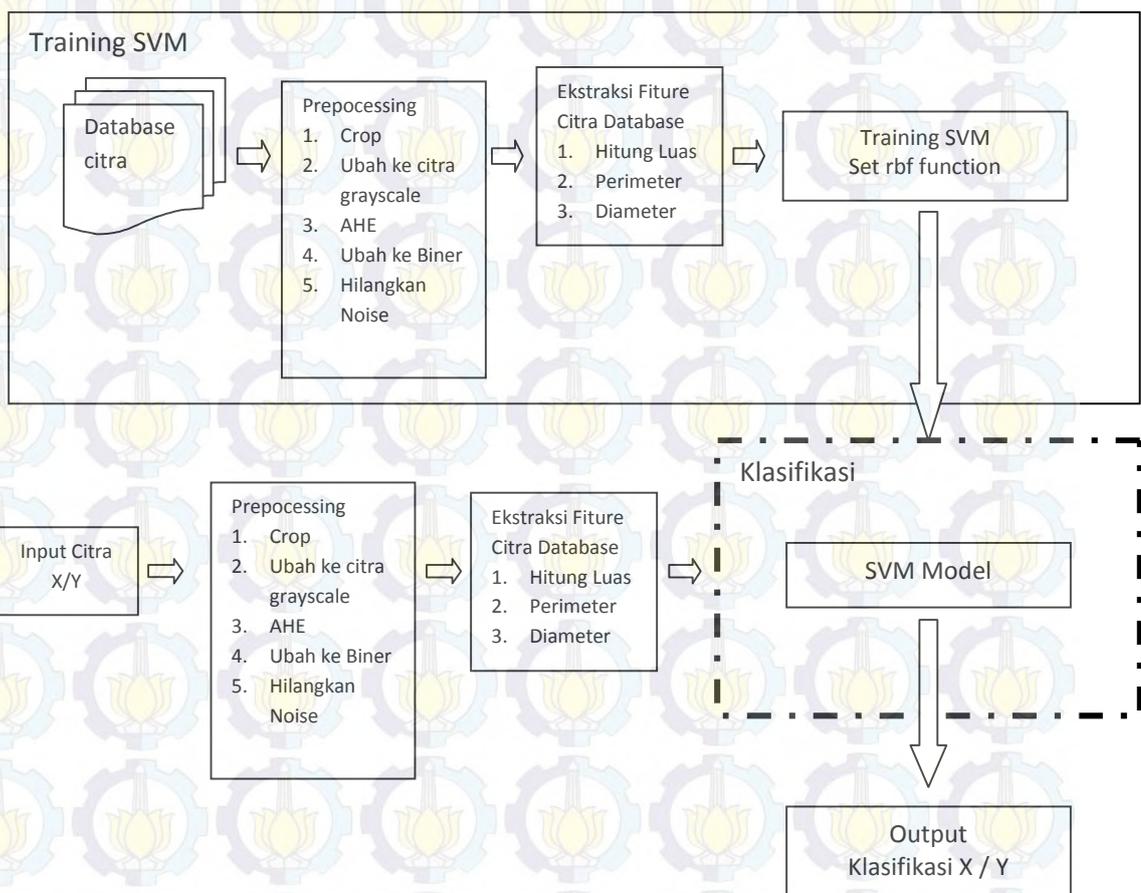
Pada penelitian ini fungsi *kernel* yang peneliti gunakan adalah fungsi *kernel gaussian Radial Basis Function* (rbf) dengan rentang nilai 0,01 sampai dengan 1. Rbf ini adalah sebuah fungsi kernel pada model SVM untuk membatasi area klasifikasi. Biasanya menggunakan linier, namun tentu tidak sebaik rbf yang dapat membatasi area sampai pada lingkup yang luas. Jika kita set rbf mendekati angka 1 , maka batas area akan membentuk garis lurus/linier. Sebaliknya jika menjauhi angka 1 maka garis akan membentuk area melingkar.

## BAB 3 METODE PENELITIAN

Penelitian ini untuk mengidentifikasi dan mengklasifikasikan jenis spermatozoa pembawa kromosom X dan Y yang dimulai dengan desain sistem perangkat keras. Pencahayaan LED dengan iluminasi *Bright Field* pada sampel spermatozoa yang telah diberi pewarna.

### 3.1 Desain Sistem

Tahapan yang dilakukan pada penelitian identifikasi dan klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom X dan Y ditunjukkan dalam Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Tahapan-tahapan penelitian

Data yang digunakan pada penelitian ini terdiri dari data *real* yang diperoleh dari Balai Besar Inseminasi Buatan Singosari, Malang dalam bentuk straw spermatozoa sapi pembawa kromosom X / betina dan straw spermatozoa sapi pembawa kromosom Y / jantan. Straw tersebut adalah hasil olahan dari Badan Peneliti *BBIB* Singosari dengan menggunakan metode sentrifugasi/putaran dengan campuran putih telur sebagai kolom albumen yang dilarutkan dalam medium *Brckett-Oliphant* (BO) (Garner, D.L, et al, 1993). Kemudian semen sapi tersebut peneliti olah bersama penalti ahli Bidang Peternakan di Balai Pengolahan dan Penelitian Bangsa Sapi Grati, Pasuruan menjadi peraparat ulas dengan metode pembakaran dengan api Bunsen.

Selanjutnya hasil olahan preperat tersebut peneliti capture dengan mikroskop camera flea3 tipe FL3-U3-13S2C-CS, Point Grey. yang dimiliki oleh Institut Teknologi Sepuluh Nopember. Perekaman sampel dilakukan di bawah mikroskop yang diatur menggunakan obyektif perbesaran 100 kali sehingga morfologi besaran kepala spermatozoa terlihat jelas pada satu layar pandang *Setting* kamera dan program diatur supaya citra mempunyai kontras, *brightness* dan *white balance* yang sama. Ruang pandang mikroskop diatur tidak bergerak selama proses pengambilan citra dan hasilnya disimpan dan kemudian dikonversi untuk kemudian dapat diproses.

Dari sample citra yang dihasilkan, selanjutnya dilakukan segmentasi pada kepala spermatozoa untuk dapat mengetahui lebih jelas ukuran kepala spermatozoa tersebut.

### **3.2 Akuisisi Data**

Sampel yang digunakan pada penelitian ini adalah sel spermatozoa x dan y yang diambil dari semen sapi PO di kandang Balai Besar Inseminasi Buatan (BBIB) Singosari, Malang. Kemudian bahan tersebut peneliti olah bersama peneliti lain dalam bidang peternakan di LOLITBANG sapi di Grati, Pasuruan. Kemudian peneliti mempersiapkan bahan lain yang digunakan dalam pembuatan preperat penelitian diantaranya: minyak emersi, formalin berfungsi untuk meluruskan leher dan ekor sel spermatozoa dan membunuh sel spermatozoa agar mudah diwarnai, Pengencer NaCl fisiologis, eosin negrosin sebagai zat warna

yang digunakan untuk mewarnai sel spermatozoa. Persiapan yang dilakukan sebelum penelitian adalah penyediaan alat, persiapan vagina buatan, pembuatan dan pengujian larutan NaCl dan formalin, dan pemeriksaan baku. Pengambilan semen sapi dilakukan dengan menggunakan vagina buatan. Alat-alat pemeriksaan semen disiapkan dalam kondisi bersih dan siap untuk digunakan. Penelitian yang peneliti lakukan pada saat ini adalah mengklasifikasikan mana yang termasuk spermatozoa pembawa kromosom x, dan mana spermatozoa pembawa kromosom y untuk memberikan informasi tentang perbedaan spermatozoa pembawa kromosom x dan y, sehingga dapat mempercepat dalam penentuan kolom albumen pada proses sexing. Dalam penelitian ini peneliti membuat larutan formalin dan NaCl dengan konsentrasi perbandingan 3:2 pada tabung reaksi 1, tabung reaksi 2 (2:1), tabung reaksi 3 (3:1), tabung reaksi 4 (6:5) kemudian dilakukan pengujian larutan dengan perbandingan yang mana yang dapat memperoleh hasil sel spermatozoa dengan posisi, bentuk yang utuh dan sempurna. Pada penelitian ini diperoleh larutan formalin dan NaCl dengan perbandingan 6:5 sebagai pengencer yang dapat menghasilkan sampel sesuai harapan. Dari perbandingan pengencer tersebut di atas mengandung 1% formalin. Pembuatan preparat ulas diusahakan setipis mungkin. Dilakukan fiksasi di atas api bunsen, setelah itu dilakukan pemeriksaan di mikroskop dengan perbesaran 1000X. dilakukan pengambilan gambar sebanyak 30 sel spermatozoa pada mikroskop camera flea3 tipe FL3-U3-13S2C-CS, Point Grey.

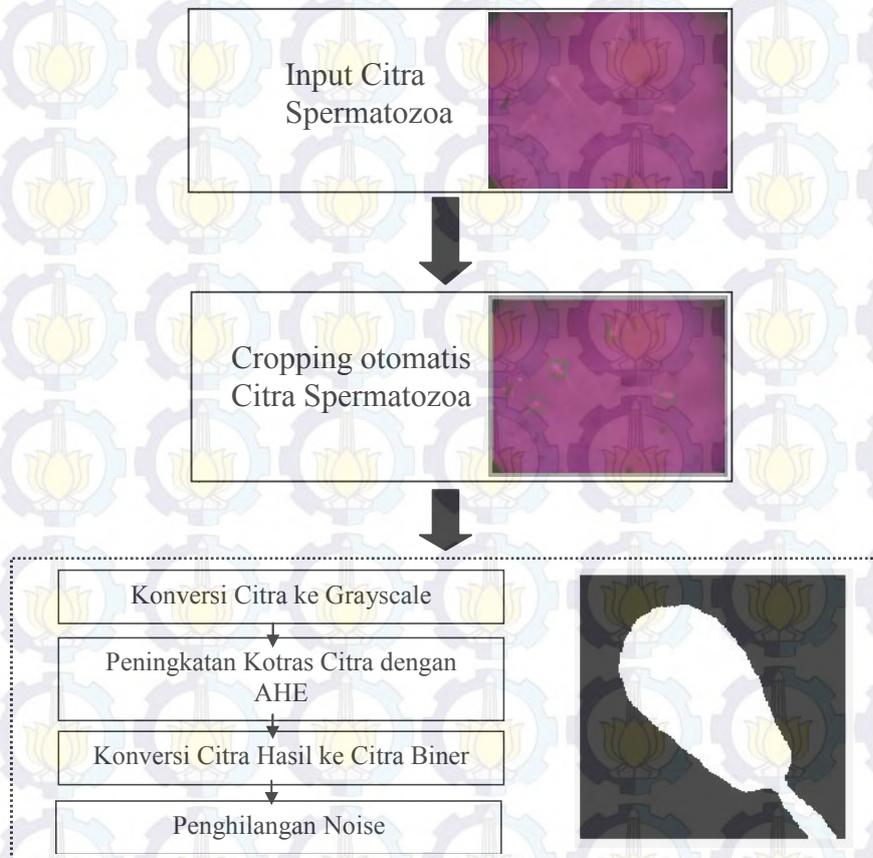


Gambar 3.2 Blog Diagram Alur Akuisisi Data

### 3.3 Preprocessing

Data yang telah didapat dari hasil perekaman tidak langsung diseleksi, tapi data tersebut haruslah dilakukan pengaturan luminansi antara background dan foreground. Intensitas cahaya yang dihasilkan setelah pengaturan memudahkan identifikasi spermatozoa dengan background, sehingga segmentasi kepala spermatozoa menjadi lebih mudah.

Pada penelitian ini preprocessing dilakukan pada saat training data set dan uji data. Proses preprocessing citra pertama adalah cropping, karena dengan cropping dapat memudahkan mensegmentasi antara foreground dan background. Setelah dilakukan cropping kepala spermatozoa, kemudian citra tersebut diubah menjadi citra keabuan. Karena citra tersebut terlihat blur maka dilakukan kontras dengan menggunakan Adaptif Histogram Equalization. Setelah mendapatkan citra high kontras, citra tersebut diubah menjadi citra biner (hitam putih). Karena masih terdapat noise, maka diatasi dengan filter Gaussian.



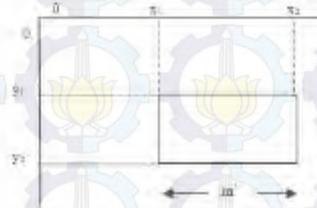
Gambar 3.3 Blog Diagram Alur Preprocessing

Pada penelian ini, data preparat ulas spermatozoa sapi pembawa kromosom X dan Y *dicapture* dengan mikroskop kamera flea3 tipe FL3-U3-13S2C-CS, Point Grey dan menghasilkan ukuran citra spermatozoa sapi pembawa kromosom X dan Y pada satu layang pandang dengan ukuran tetap 2560 x 1920. Untuk mempercepat proses analisis citra kepala spermatozoa sapi, maka perlu dilakukan terlebih dulu pemotongan bagian area citra yang ingin diproses. Area yang dimaksud adalah bagian kepala spermatozoa yang melingkup pada satu layang pandang. Untuk melakukan hal ini maka perlu dilihat karakteristik mana yang mungkin digunakan untuk melakukan pemotongan citra secara otomatis. Pada citra spermatozoa pada satu layang pandang terlihat adanya sejumlah kepala dan ekor spermatozoa sapi yang terekam berada melingkupi objek spermatozoa selayang pandang. Kepala dan ekor ini memiliki intensitas yang jauh lebih cerah dari objek lain/background layang pandang sperma. Karakteristik ini dapat digunakan untuk memotong area citra secara otomatis. Algoritma dikembangkan untuk mencari titik-titik potong  $(X_1, Y_1)$ ,  $(X_2, Y_1)$ ,  $(X_1, Y_2)$ ,  $(X_2, Y_2)$

1. Baca setiap piksel baris per baris dari baris awal hingga bertemu kepala spermatozoa sapi berwarna cerah, tentukan posisi tersebut sebagai titik  $y_1$ .
2. Baca setiap piksel baris per baris dari baris bawah ke atas hingga bertemu kepala spermatozoa sapi berwarna cerah, tentukan posisi tersebut sebagai titik  $y_2$ .
3. Baca setiap piksel kolom per kolom dari kiri hingga bertemu bertemu kepala spermatozoa sapi berwarna cerah, tentukan posisi tersebut sebagai titik  $x_1$ .
4. Baca setiap piksel kolom per kolom dari kanan hingga bertemu kepala spermatozoa sapi berwarna cerah, tentukan posisi tersebut sebagai titik  $x_2$ .
5. Hasil algoritma ini akan menemukan 4 buah titik potong  $(x_1, y_1)$ ,  $(x_2, y_1)$ ,  $(x_1, y_2)$  dan  $(x_2, y_2)$  yang selanjutnya digunakan untuk proses cropping citra. Dengan demikian didapatkan ukuran baru citra pada persamaan 1 dan persamaan 2. Gambar 3.4 merupakan koordinat untuk proses cropping citra kepala spermatozoa sapi.

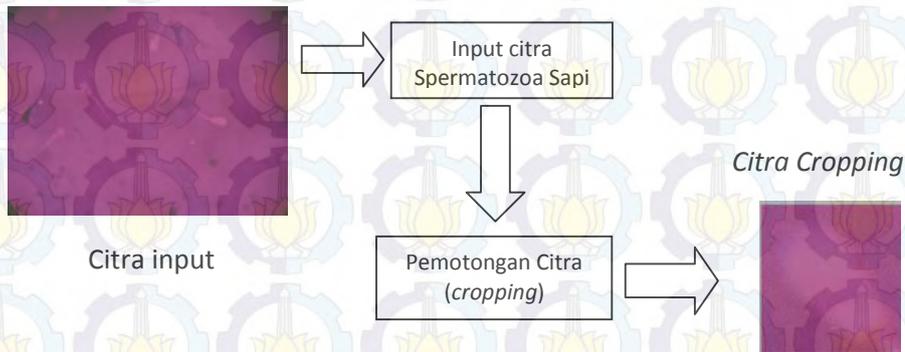
$$m' = X_2 - X_1 \dots\dots\dots (3.1)$$

$$n' = Y_2 - Y_1 \dots\dots\dots (3.2)$$



Gambar 3.4 Koordinat untuk Cropping Citra Kepala Spermatozoa

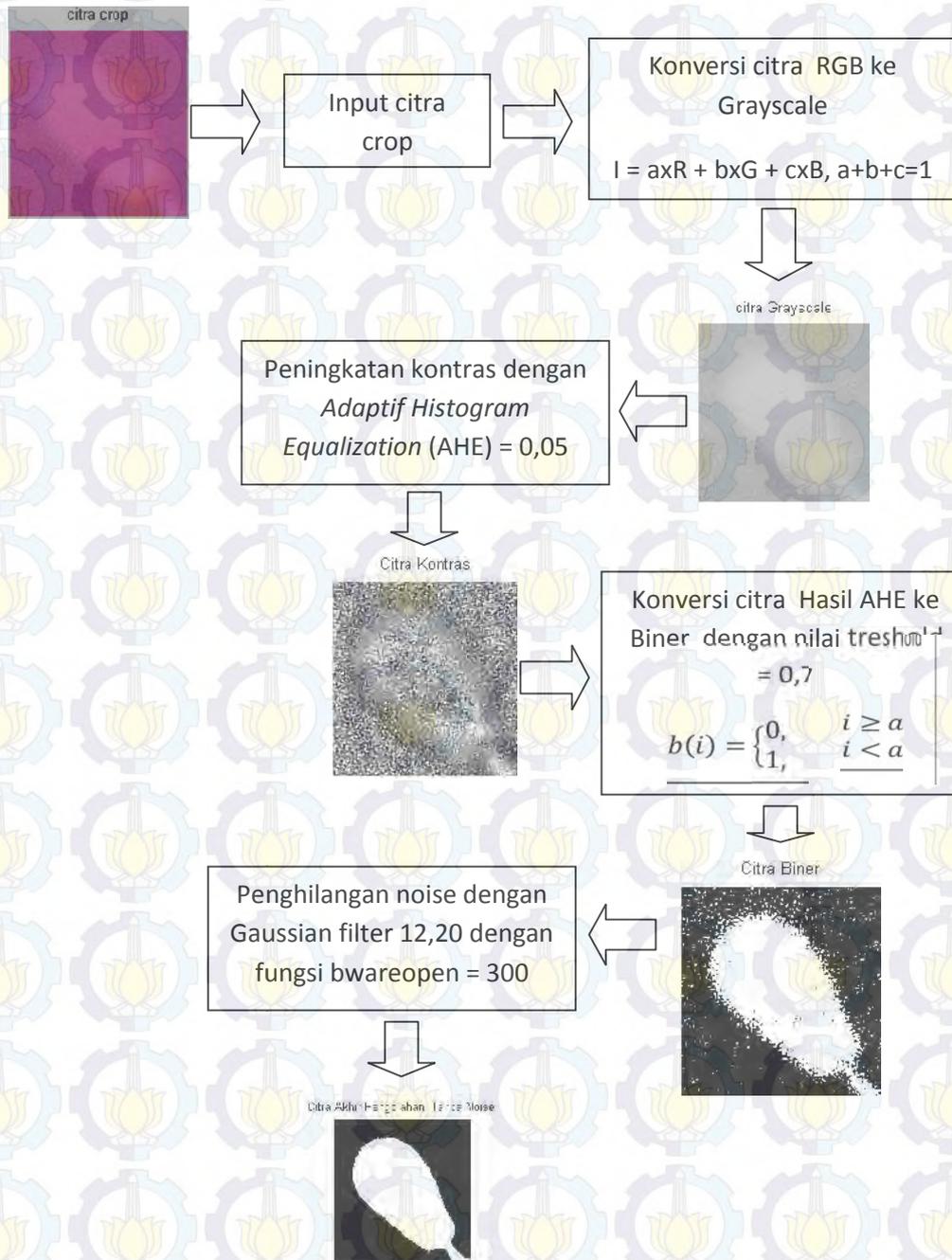
Proses umum algoritma cropping tersebut diperlihatkan pada gambar 3.5, dimana input adalah citra asli spermatozoa sapi dalam satu layang pandang dan keluarannya adalah citra hasil cropping.



Gambar 3.5 Bagan Umum Proses *Cropping* Citra Kepala Spermatozoa Sapi

Proses selanjutnya setelah dilakukan pemotongan (*cropping*) terhadap citra spermatozoa adalah bagaimana mengetahui spermatozoa pada satu layang pandang diindikasikan sebagai spermatozoa pembawa kromosom X atau Y dengan cara menghitung luasan kepala spermatozoa sapi pada satu layang pandang. Untuk menghitung luasan kepala spermatozoa sapi tersebut, citra spermatozoa pada satu layang pandang dikonversi ke grayscale. Kemudian dilakukan peningkatan kontras citra spermatozoa dengan background dengan adaptif histogram equalization (AHE) 0,05 yang selanjutnya dilakukan proses binerisasi pada citra tersebut dengan peningkatan treshold 0,7 . Karena hasil binerisasi pada citra

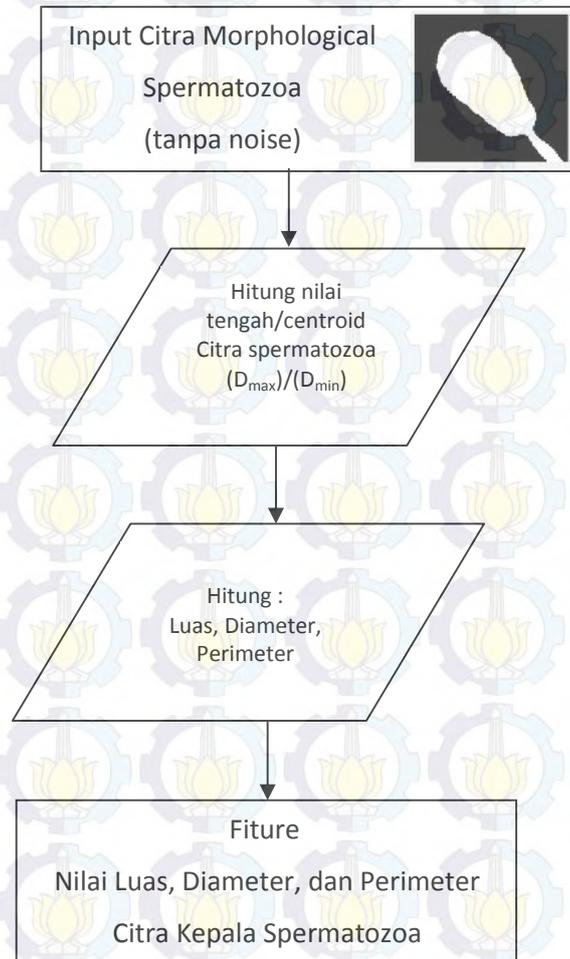
tersebut masih terdapat noise yang mengganggu informasi luasan pada kepala spermatozoa, maka perlu dilakukan proses penghilangan noise dengan filter Gaussian (12,20) atau dengan fungsi bwareopen sehingga dalam proses perhitungan luasan kepala pada spermatozoa sapi tidak terjadi error training.



Gambar 3.6 Bagan Umum Eliminasi Noise Citra Kepala Spermatozoa Sapi

### 3.4 Ekstraksi Fiture

Setelah mendapatkan citra biner tanpa noise, dilakukan perhitungan Luas, Perimeter, dan diameter. Pada proses training parameter tersebut disimpan sebagai database fitur.



Gambar 3.7 Blog Diagram Alur Ekstraksi Fiture

Dalam ekstraksi fitur yang dilakukan, nilai yang diperoleh adalah nilai ukuran luas, diameter, dan perimeter atau keliling kepala spermatozoa sapi dalam satuan pixel. Pada proses ini dilakukan perhitungan luasan, diameter, dan perimeter kepala spermatozoa pada sapi.

Proses ekstraksi fitur melalui pendekatan bentuk geometri dan intensitas dilakukan menggunakan citra input citra hasil tanpa noise seperti pada gambar

3.6. algoritma yang peneliti gunakan dalam mengekstraksi fitur dapat diuraikan sebagai berikut :

1. Ekstraksi area spermatozoa pada satu layang pandang, orde pertama dilakukan secara matematis, dengan membaca sejumlah irisan citra kepala spermatozoa satu per satu dari sekelompok citra input berukuran 320 x 250 piksel pada persamaan berikut :

$$NB=NI-NA+1 \dots\dots\dots(3.3)$$

Dimana :     NA= file citra irisan pertama  
              NI = file citra irisan terakhir  
              NB = jumlah irisan

Citra input yang digunakan untuk pemrosesan adalah citra hasil binerisasi yang sudah di eliminasi noisenya. Kemudian melakukan invers terhadap citra input dimana nilai piksel 0 pada citra awal akan berubah menjadi putih dengan nilai piksel 1.

2. Ekstraksi/pisahkan objek-objek berwarna putih dalam paru dan hitung luas area masing-masing berdasarkan jumlah piksel pembentuknya. Kemudian petakan ke citra aslinya
3. Tentukan bentuk objek dan bedakan antara objek kepala spermatozoa dengan objek yang bukan kepala spermatozoa. Ekstraksi luasan kepala spermatozoa dalam citra spermatozoa satu layang pandang berdasarkan bentuknya dan intensitasnya. Kemudian petakan ke citra aslinya
4. Hitung luas Kepala spermatozoa yang sesuai dengan ukuran aslinya.

Ekstraksi area citra spermatozoa didasarkan pada bentuk pengukuran dengan menggunakan pendekatan geometri objek yang digunakan meliputi : Nilai Area (*Area Value*), *BoundingBox* yang merupakan persegi panjang terkecil yang mengandung region Q sebagai jumlah dimensi gambar dengan parameter sudut dan lebar dalam citra spermatozoa pada satu layang pandang dan rasio dimana citra kepala spermatozoa direpresentasikan sebagai objek dengan bentuk

lingkaran, dengan bentuk simetris yang dapat diketahui luas, diameter dan keliling dari sebuah lingkaran (Saveliev Peter, 2011) melalui persamaan berikut ini :

$$A = \pi r^2 \dots\dots\dots (3.4)$$

$$A = 2\pi \cdot r = \pi \cdot \dots\dots\dots (3.5)$$

$$grad1 = \frac{(y_2 - y_1)}{(x_2 - x_1)} \dots\dots\dots (3.6)$$

$$kebulatan(R) \approx 4\pi \frac{A(R)}{p^2(R)} \dots\dots\dots (3.7)$$

$$cf = 1 - \frac{4\pi A}{p^2} \dots\dots\dots (3.8)$$

Luas dan nilai perimeter sebagai properti lingkaran ini dapat dilakukan pada region-region citra nodul yang terekstraksi sebagai bentuk dasar dari ukuran

kebundaran. Rasio  $\frac{p^2}{A}$  untuk sebuah lingkaran adalah  $4\pi$  yang merupakan nilai

minimum untuk setiap region sehingga didapatkan rumus ukuran kebundaran suatu objek sesuai dengan pada persamaan 3.7. Objek dalam citra spermatozoa pada satu layang pandang yang memiliki bentuk bulat akan memiliki rasio 1, dimana panjang sumbu major sebanding dengan panjang sumbu minor. Rasio yang mendekati 1 pada objek yang terdeteksi dan memiliki intensitas sama atau mendekati intensitas kepala spermatozoa akan diekstraksi atau dipertahankan.

Untuk objek-objek yang tidak memiliki karakteristik yang sama dengan kepala spermatozoa, maka objek tersebut dihapus.

### 3.5 Klasifikasi Spermatozoa dengan Support Vector Machine

Pada proses klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom x atau y, peneliti menggunakan 3 fitur parameter ; yakni, luas, perimeter dan diameter dengan dilakukan trining data dari kumpulan atribut yang dihasilkan dari proses ekstraksi fitur. Selanjutnya dari hasil ekstraksi fitur tersebut dilakukan training *support vector*, sehingga terdapat garis pemisah atau hyperplane dari 2 golongan spermatozoa (spermatozoa pembawa kromosom x dan spermatozoa pembawa kromosom y) untuk memudahkan pengklasifikasian dari uji data yang akan dilakukan.

Pada penelitian klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom x atau y, metode yang dipilih peneliti adalah *support vector machine (SVM)* non linear. Pada metode ini SVM dimodifikasi dengan memasukkan fungsi *kernel*. Dalam non linear SVM ini, pertama-tama data dipetakan oleh fungsi  $\Phi$  ke ruang vektor yang berdimensi lebih tinggi. Pada ruang vektor yang baru ini, hyperplane yang memisahkan kedua class tersebut dapat dikonstruksikan. Dengan kata lain, jika suatu transformasi bersifat non linear dan dimensi fitur space cukup tinggi, maka data dapat dipetakan ke fitur space yang baru, dimana pattern-pattern tersebut pada probabilitas tinggi dapat dipisahkan secara linear. Adapun notasi pemetaan dari hyperplane tersebut adalah sebagai berikut :

$$\Phi : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^q \quad d < q \quad \dots\dots\dots (3.9)$$

Selanjutnya proses pembelajaran pada SVM dalam menemukan titik-titik support vector, hanya bergantung pada *dot product* dari data yang sudah ditransformasikan pada ruang baru yang berdimensi lebih tinggi, yaitu

$\Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}_j)$ . Pada penelitian ini SVM yang digunakan memanfaatkan fungsi kernel *radial basis function (rbf)*, sehingga fungsi  $\Phi$  dapat digantikan dengan  $K(\vec{x}_i, \vec{x}_j)$  yang mendefinisikan secara implicit transformasi  $\Phi$ , sehingga dapat diartikan sebagai *Kernel Trick* yang dirumuskan sbb:

$$K(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = \Phi(\vec{x}_i) \cdot \Phi(\vec{x}_j) \quad \dots\dots\dots (3.10)$$

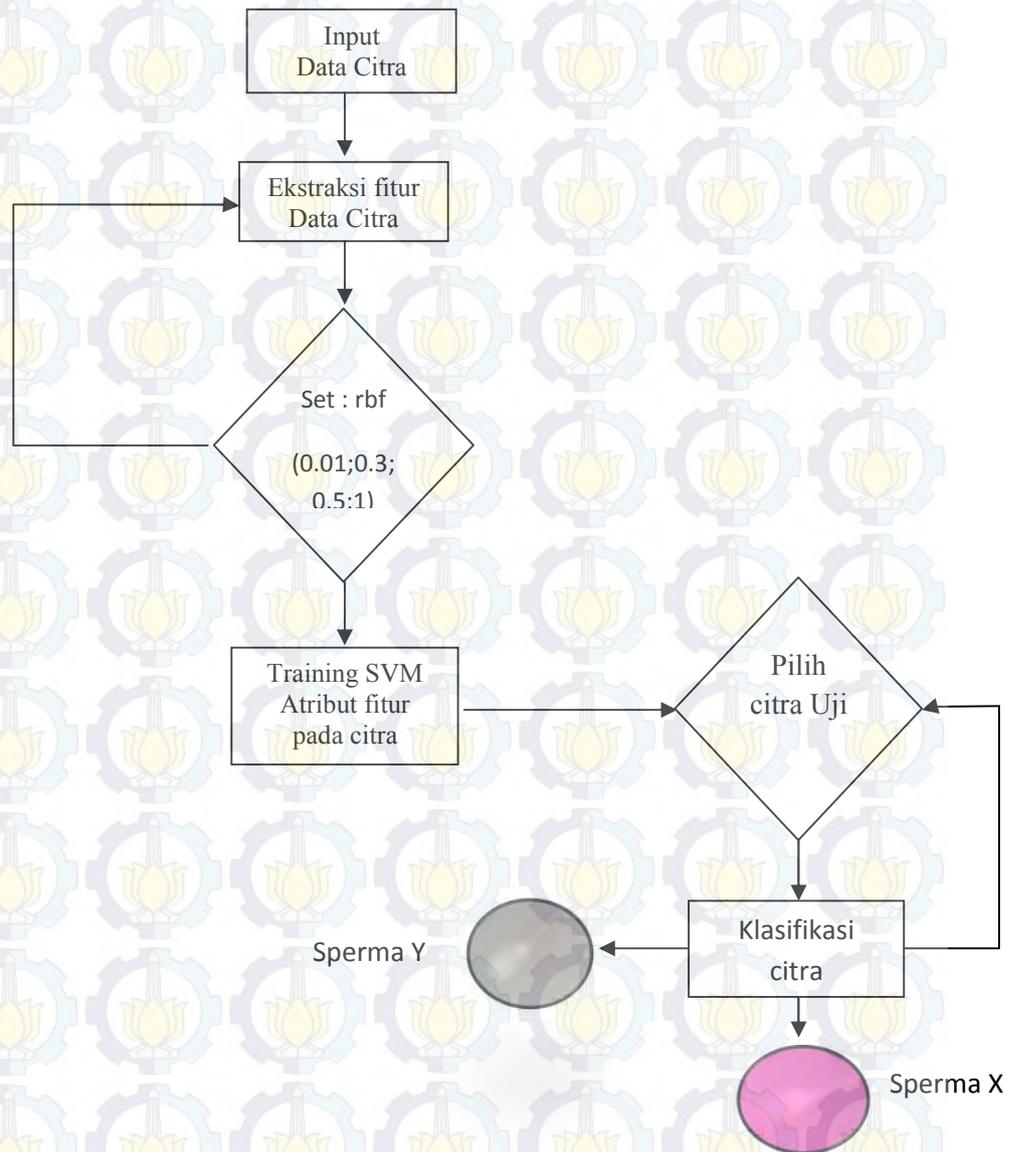
Selanjutnya hasil klasifikasi dari dat  $\vec{x}$  diperoleh dari persamaan berikut

$$f(\Phi(\vec{x})) = \vec{w} \cdot \Phi(\vec{x}) + b \quad \dots\dots\dots (3.11)$$

$$= \sum_{i=1, \vec{x}_i \in SV}^n \alpha_i y_i \Phi(\vec{x}) \cdot \Phi(\vec{x}_i) + b \quad \dots\dots\dots (3.12)$$

$$= \sum_{i=1, \vec{x}_i \in SV}^n \alpha_i y_i K(\vec{x}, \vec{x}_i) + b \quad \dots\dots\dots (3.13)$$

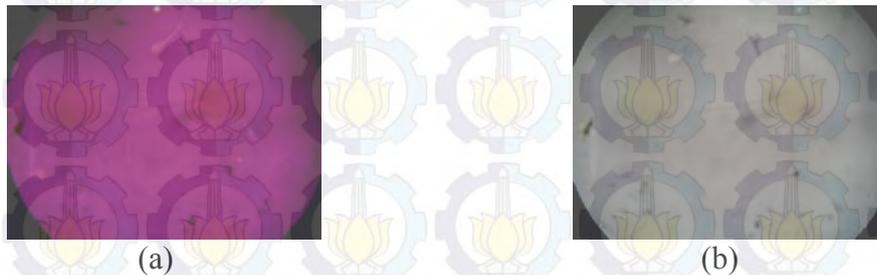
$SV$  pada persamaan di atas dimaksudkan dengan subset dari training set yang terpilih sebagai support vector, dengan kata lain data  $\bar{x}_i$  yang berkorespondensi pada  $\alpha_i \geq 0$ .



Gambar 3.8 Blog Diagram Klasifikasi SVM

## BAB 4 PERCOBAAN DAN HASIL

Pada bagian ini menjabarkan proses ekstraksi yang digunakan untuk mengklasifikasi spermatozoa pembawa kromosom x atau y. ekstraksi fitur yang digunakan berdasarkan luasan kepala spermatozoa, perimeter, dan diameter sehingga didapatkan vektor fitur yang digunakan sebagai masukan pada tahap selanjutnya. Support vector machine digunakan sebagai metode klasifikasi terhadap vector fitur luasan, perimeter, dan diameter yang diperoleh. Pada penelitian ini data citra yang digunakan terdiri dari citra spermatozoa pembawa kromosom x dan spermatozoa pembawa kromosom y yang selanjutnya diklasifikasi berdasarkan kelas spermatozoa tersebut.

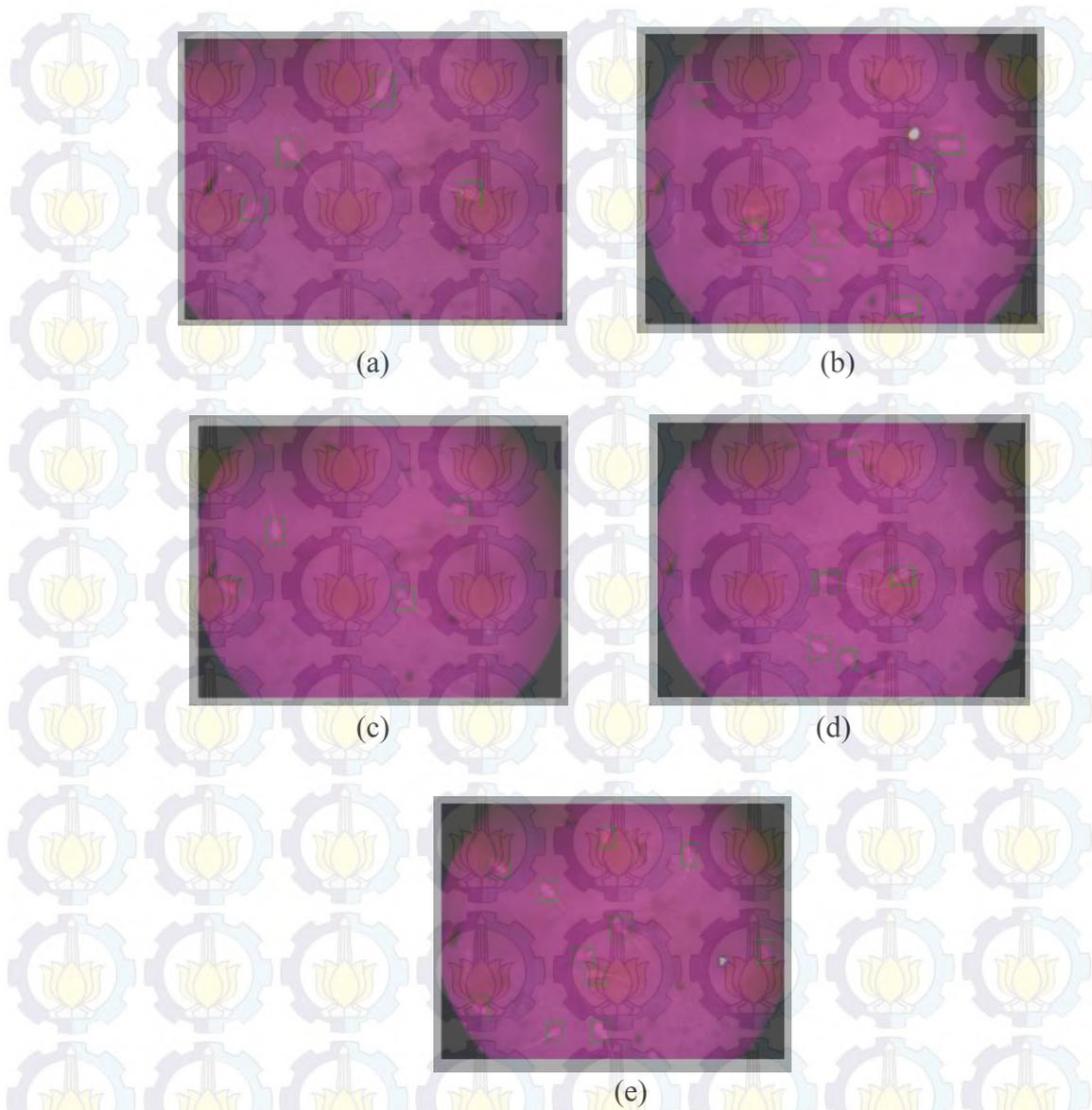


Gambar 4.1 Data citra yang diklasifikasi

(a) Citra spermatozoa x ,(b) Citra spermatozoa y

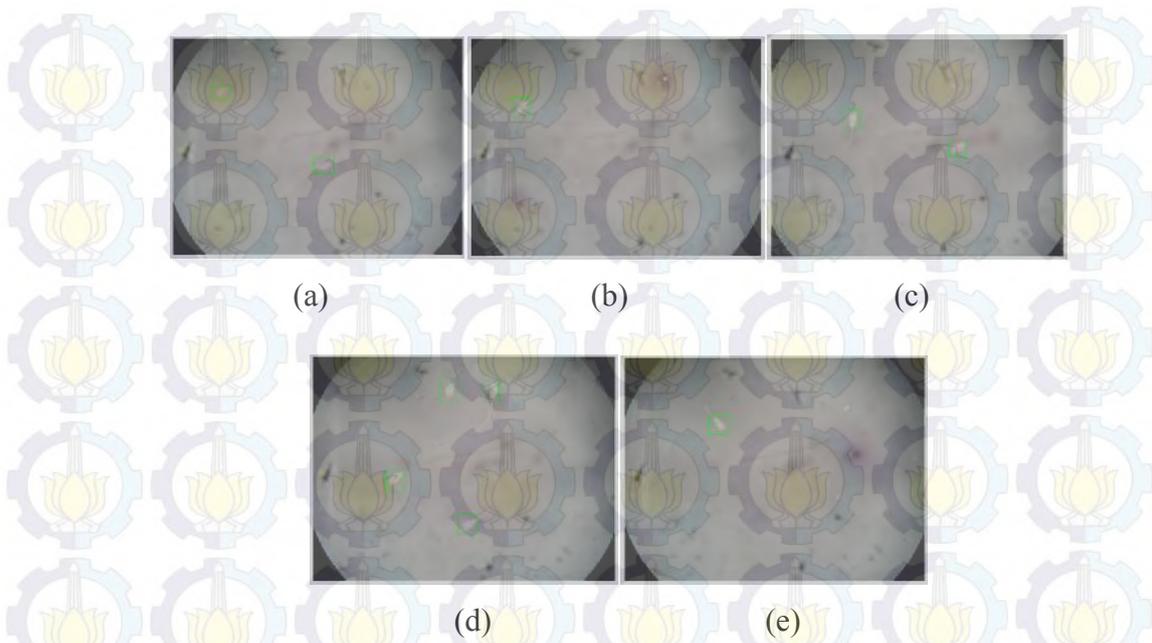
### 4.1 Hasil Segmentasi Citra

Pada penelitian ini, segmentasi dilakukan dengan cara cropping otomatis terhadap citra kepala spermatozo sapi. Hasil segmentasi citra yang masih dalam bentuk RGB di transformasikan ke dalam bentuk Grayscale, kemudian dari citra grayscale tersebut dilakukan preprosesing peningkatan kontras dengan *adaptif histogram equalization* (AHE) dan citra hasil dibinerkan. Kemudian setelah itu citra tersebut dilakukan proses penghilangan noise dengan filter Gaussian.



(a) Cropping otomatis layang pandang 1 dengan n jumlah citra = 4, (b) Cropping otomatis layang pandang 2 dengan n jumlah citra = 8, (c) Cropping otomatis layang pandang 3 dengan n jumlah citra = 4, (d) Cropping otomatis layang pandang 4 dengan n jumlah citra = 5, dan (e) Cropping otomatis layang pandang 5 dengan n jumlah citra = 11

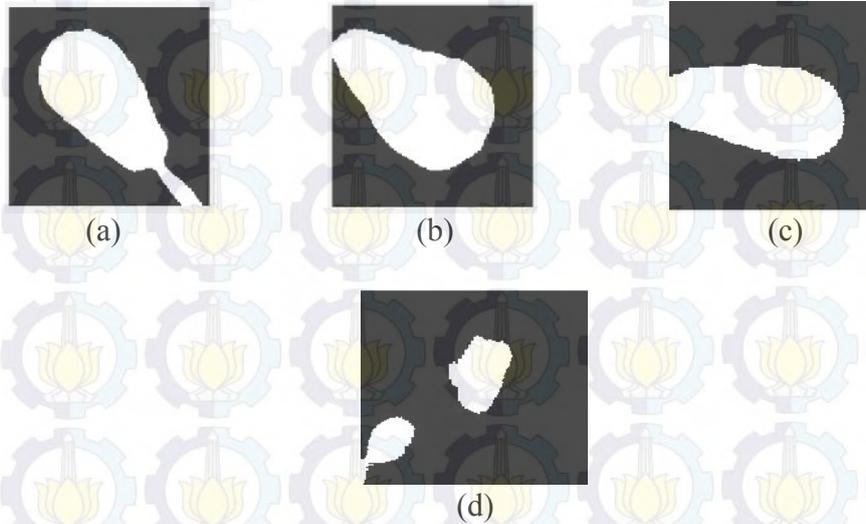
Gambar 4.2 Citra Spermatozoa x pada sapi sebelum disegmentasi cropping



- (a) Cropping otomatis layang pandang 1 dengan n jumlah citra = 2 , (b) Cropping otomatis layang pandang 2 dengan n jumlah citra = 1, (c) Cropping otomatis layang pandang 3 dengan n jumlah citra = 2, (d) Cropping otomatis layang pandang 4 dengan n jumlah citra = 4, dan (e) Cropping otomatis layang pandang 5 dengan n jumlah citra = 1

Gambar 4.3 Citra Spermatozoa y pada sapi sebelum disegmentasi cropping

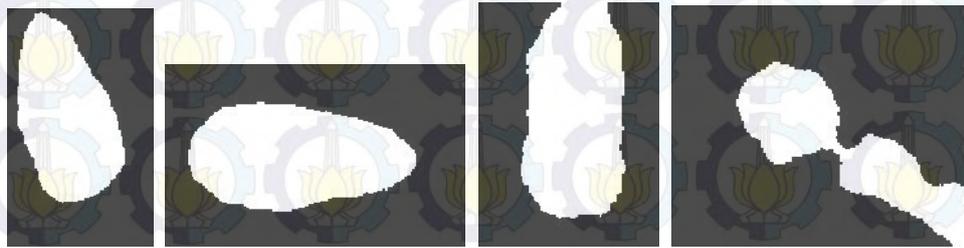
## 4.2 Hasil Preprocessing Citra



(a) Hasil cropping otomatis layang pandang 1 ke-1 (b) Hasil cropping otomatis layang pandang 1 ke-2 (c) Hasil cropping otomatis layang pandang 1 ke-3 (d) Hasil cropping otomatis layang pandang 1 ke-4

Gambar 4.4 Citra Spermatozoa sapi x pada layang pandang 1 setelah disegmentasi cropping otomatis

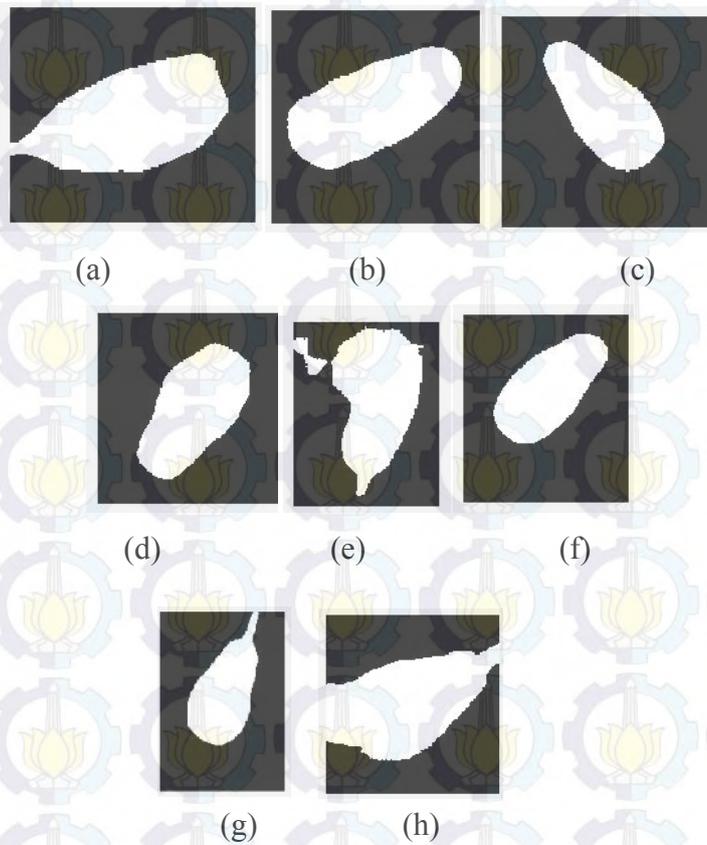
Pada gambar tersebut di atas merupakan hasil dari proses preprocessing citra spermatozoa, dimulai dengan cropping otomatis yang selanjutnya citra tersebut diubah menjadi citra keabuan. Karena citra tersebut terlihat blur maka dilakukan kontras dengan menggunakan *adaptif histogram equalization 0,5*. Setelah mendapatkan citra high kontras, citra tersebut diubah menjadi citra biner (hitam putih). Karena masih terdapat noise, maka diatasi dengan filter Gaussian. Pada layang pandang satu, citra hasil cropping otomatis tersebut di atas masih terdapat citra kepala yang tidak sempurna/terputus. Sehingga pada saat ekstraksi fitur terdapat error.



(a) Hasil cropping otomatis layang pandang 2 citra ke-1 (b) Hasil cropping otomatis layang pandang 2 citra ke-2 (c) Hasil cropping otomatis layang pandang 2 citra ke-3 (d) Hasil cropping otomatis layang pandang 2 citra ke-4

Gambar 4.5 Citra Spermatozoa sapi x pada layang pandang 2 setelah disegmentasi cropping otomatis

Pada citra hasil segmentasi cropping di atas, terdapat satu citra kepala spermatozoa x yang tidak sempurna. Sehingga hasil pada saat ekstraksi fitur nilai yang didapat tidak sesuai dengan hasil yang ingin dicapai.



Gambar 4.6 Hasil Segmentasi Cropping otomatis Citra Spermatozoa y pada sapi

### 4.3 Hasil Ekstraksi Fitur Luasan Kepala Spermatozoa Sapi

#### 4.3.1 Fitur Luasan Kepala Spermatozoa

Dalam menentukan luasan kepala spermatozoa x dan y peneliti menggunakan algoritma perhitungan luasan berdasarkan jumlah pixel ketetangaan dari pengukuran centroid atau pusat masa pada objek citra kepala hasil segmentasi yang telah dilakukan.

Pada pencarian fitur luas kepala spermatozoa, peneliti menggunakan metode *pixel account area*. Metode ini adalah sebuah metode menghitung luas wilayah objek dari jumlah pixel di dalam objek dan boundary pixel ( $A = \sum_x \sum_y$ ). Selain itu terdapat metode field area dan convex area dengan bantuan shape measurement shape descriptors eccentricity. Hasil perhitungan dapat dilihat pada table sbb :

Tabel 4.1 Fitur Luasan Kepala Spermatozoa x dan y pada sapi

No.	Data	Ukuran Luas (pixel) x	Ukuran Luas (pixel) y
1.	Citra 1	9917	8720
2.	Citra 2	10589	6979
3.	Citra 3	7636	7121
4.	Citra 4	6342	7372
5.	Citra 5	6360	11765
6.	Citra 6	7118	5606
7.	Citra 7	5432	8282
8.	Citra 8	8322	7021
9.	Citra 9	7213	
10.	Citra 10	5127	
11.	Citra 11	6077	
12.	Citra 12	3418	
13.	Citra 13	6764	
14.	Citra 14	6248	
15.	Citra 15	6135	
16.	Citra 16	5423	
17.	Citra 17	7532	
18.	Citra 18	2495	
19.	Citra 19	7557	
20.	Citra 20	5935	
21.	Citra 21	7711	
22.	Citra 22	6398	
23.	Citra 23	4604	

### 4.3.2 *Fitur Perimeter Kepala Spermatozoa*

Perimeter atau keliling menyatakan panjang tepi suatu objek. Dalam menentukan perimeter kepala spermatozoa  $x$  dan  $y$ , peneliti menggunakan algoritma perhitungan perimeter berdasarkan jumlah pixel ketetanggaan dari pengukuran centroid atau pusat masa pada objek citra kepala hasil segmentasi yang telah dilakukan. Hasil perhitungan dapat dilihat pada tabel sbb :

Tabel 4.2 Fitur Perimeter Kepala Spermatozoa  $x$  dan  $y$  pada sapi

No.	Data	Perimeter (pixel) spermatozoa $x$	Perimeter (pixel) spermatozoa $y$
1.	Citra 1	519,127	411,5046
2.	Citra 2	471,2031	343,8894
3.	Citra 3	360,4508	345,2031
4.	Citra 4	338,1493	409,1615
5.	Citra 5	336,2498	503,3036
6.	Citra 6	364,1076	314,8183
7.	Citra 7	478,1737	369,0782
8.	Citra 8	423,8478	356,8183
9.	Citra 9	355,5046	
10.	Citra 10	316,8356	
11.	Citra 11	330,4924	
12.	Citra 12	242,6934	
13.	Citra 13	375,5462	
14.	Citra 14	386,3503	
15.	Citra 15	327,0193	
16.	Citra 16	357,8478	
17.	Citra 17	408,5341	
18.	Citra 18	194,7523	
19.	Citra 19	428,2153	
20.	Citra 20	379,4214	
21.	Citra 21	549,931	
22.	Citra 22	372,3503	
23.	Citra 23	301,9066	

### 4.3.3 *Fitur Diameter Kepala Spermatozoa*

Diameter adalah jarak terpanjang antara dua titik dalam tepi objek. Pada penelitian ini perhitungan dimulai dengan penentuan nilai pusat masa (centroid) panjang matrik [x] dan [y], kemudian dilanjutkan perhitungan diameter dengan fungsi *equivdiameter*. Hasil perhitungan diameter dapat dilihat pada tabel sbb :

Tabel 4.3 Fitur Diameter Kepala Spermatozoa x dan y pada sapi

No.	Data	Diameter (pixel) Spermatozoa x	Diameter (pixel) Spermatozoa y
1.	Citra 1	112,3687	105,3691
2.	Citra 2	116,1135	94,26526
3.	Citra 3	98,60252	95,21942
4.	Citra 4	89,86036	96,88303
5.	Citra 5	89,9878	122,3914
6.	Citra 6	95,19936	84,48539
7.	Citra 7	83,16392	102,6887
8.	Citra 8	102,9364	94,54848
9.	Citra 9	95,83255	
10.	Citra 10	80,79542	
11.	Citra 11	87,96293	
12.	Citra 12	65,96918	
13.	Citra 13	92,8019	
14.	Citra 14	89,19193	
15.	Citra 15	88,3817	
16.	Citra 16	83,09499	
17.	Citra 17	97,92875	
18.	Citra 18	56,36251	
19.	Citra 19	98,09114	
20.	Citra 20	86,92915	
21.	Citra 21	99,08557	
22.	Citra 22	90,25623	
23.	Citra 23	76,56367	
24.	Citra 24	99,93006	

#### 4.4 Percobaan klasifikasi dengan *Support Vector machine (SVM)*

Data hasil ekstraksi ciri citra kepala spermatozoa tanpa noise yang berukuran 164 x 156. Data sampel citra kepala spermatozoa x dan y yang telah tersegmentasi otomatis dengan tanpa noise terdapat 42 buah. Akan tetapi pada percobaan pertama, peneliti melakukan training dan pengujian data secara bersilang dengan 8 kali percobaan dengan perbandingan penggunaan nilai rbf.

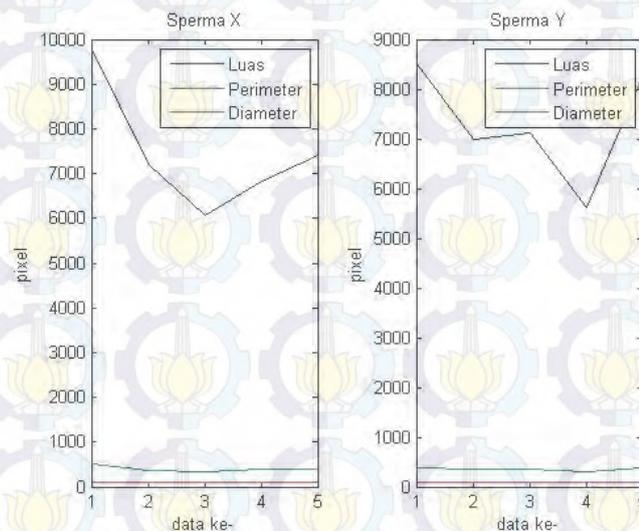
Adapun data set training berjumlah 10, 5 buah data training dari golongan sperma x dan 5 buah dari golongan spermatozoa y. Adapun fitur pelatihan pada spermatozoa x dan y dapat dilihat pada plot diagram dan tabel di bawah ini :

Luas	Perimeter	Diameter	Luas	Perimeter	Diameter
9798	505,4701	111,6924	8520	383,1198	104,1537
7207	352,6762	95,79268	6979	343,8894	94,26526
6077	330,4924	87,96293	7121	345,2031	95,21942
6824	384,6173	93,21259	5606	314,8183	84,48539
7405	404,6589	97,09963	8282	369,0782	102,6887

(a)

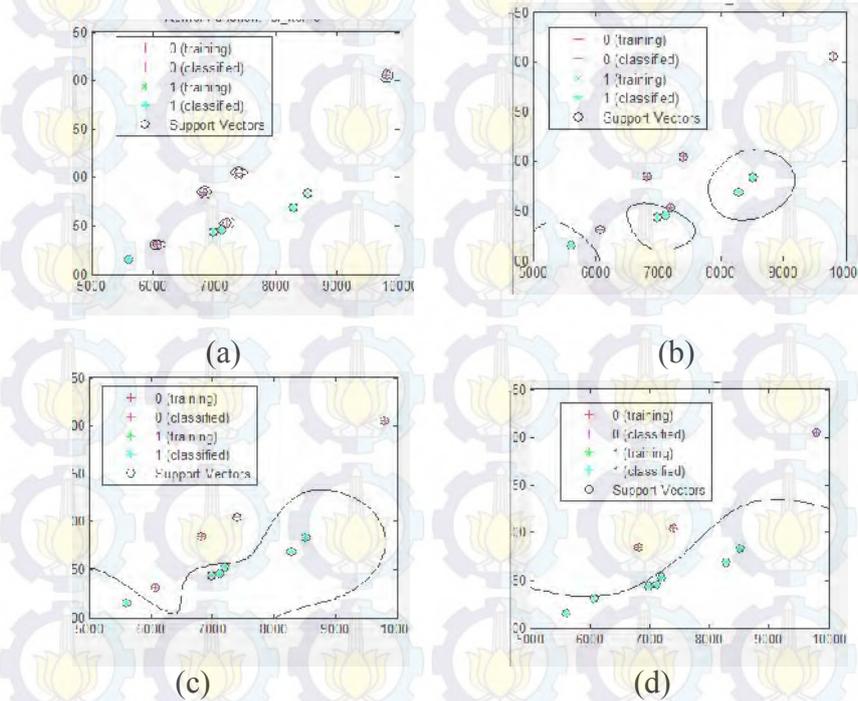
(b)

Tabel 4.4 (a) Tabel fitur data training citra spermatozoa x pada sapi, dan (b) Tabel fitur data training citra spermatozoa y pada sapi



Gambar 4.7 Plot diagram fitur data training sperma x dan y

Dari training data yang dilakukan seperti tabel dan plot digram di atas, selanjutnya dilakukan klasifikasi dengan beberapa pengujian dengan menggunakan fungsi basis radial kernel (rbf). Dari beberapa pelatihan dengan nilai  $\alpha = 0.01$ ,  $\alpha = 0.3$ ,  $\alpha = 0.5$ , dan  $\alpha = 1$  dapat dilihat hasil plot digram klasifikasinya.



(a) Kurva keputusan pengklasifikasi SVM, dengan fungsi Kernel secara radial ( $\alpha=0.01$ ), (b) Kurva keputusan pengklasifikasi SVM, dengan fungsi Kernel secara radial ( $\alpha=0.3$ ), (c) Kurva keputusan pengklasifikasi SVM, dengan fungsi Kernel secara radial ( $\alpha=0.5$ ), dan (d) Kurva keputusan pengklasifikasi SVM, dengan fungsi Kernel secara radial ( $\alpha=1$ ).

Gambar 4.8 Plot grafik klasifikasi dari pelatihan dengan fungsi kernel radial

Pada gambar 4.8 (a) terdapat hyperplane yang melingkari beberapa kelas pada kelas (+), sehingga ditemukan support vector yang dominan adalah kelas (+) sebagai data yang akan dipilih sebagai training set, sehingga kemungkinan kesalahan uji semakin besar. Sedangkan pada gambar 4.8 (b) menunjukkan bahwa, dengan pengaturan nilai *radial basis function (rbf)* sebesar 0,3 sudah

terdapat hyperplane sebagai pemisah kelas (+) dan kelas (-), tetapi hyperplane tersebut masih belum cukup linear sebagai pemisah yang akan dijadikan training pembagian kelas, sehingga masih terdapat banyak kesalahan paa saat uji. Pada gambar 4.8 (c) telah menunjukkan sebuah hyperplane yang cukup akurat/linear sebagai pemisah kelas (+) dan (-), sehingga error data uji semakin kecil pada setiap percobaan. Sedangkan pada gambar 4.8 (d) terlihat sebuah hyperplane yang lebih linear sebagai pemisah kelas (+) dan (-) yang akan digunakan sebagai training. Pada penelitian ini, peneliti melakukan 8 kali percobaan dengan 5 kali eksperimen penggunaan fungsi kernel gaussian radial dengan 4 kali jenis yang berbeda, seperti yang terlihat pada grafik plot pelatihan di atas. Adapun hasil tingkat akurasi pada klasifikasi tersebut, dapat dijelaskan pada tabel sebagai berikut :

Tabel 4.5 Hasil Eksperimen

Eksperimen	rbf kernel	$\Sigma$ data pelatihan		$\Sigma$ data pengujian		$\Sigma$ error data pengujian	Tingkat Keakuratan
		Kls (+)	Kls (-)	Kls (+)	Kls (-)		
1	0.01	5	5	6	5	6	50%
2	0.01	5	5	5	6	6	50%
3	0.3	5	5	6	5	4	70%
4	0.3	5	5	5	6	5	60%
5	0.5	5	5	6	5	2	90%
6	0.5	5	5	5	6	2	90%
7	1	5	5	6	5	2	90%
8	1	5	5	5	6	2	90%
Rata-rata tingkat akurasi							75%

Pada penelitian klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom X atau Y dengan *Support Vector Machine* yang dilakukan peneliti seperti yang terlihat pada plot diagram pelatihan dan tabel hasil eksperimen telah menunjukkan bahwa dengan pengaturan *fungsi gaussian kernel* (rbf) 0,01 dan 0,5 masih belum dapat menemukan hyperplane pemisah yang terbaik dalam mengelompokkan kelas (+) dan (-) dikarenakan jarak antara hyperplane tersebut dengan pattern terdekat dari

masing-masing class masih kurang baik. Sedangkan pada gambar 4.8 (c) dan (b) telah dapat memberikan support vector terbaik dalam training data. Sehingga dapat disimpulkan bahwa, dengan bantuan pengaturan *rbf* sebagai fungsi kernel pada model SVM untuk membatasi area klasifikasi dapat membatasi area sampai pada lingkup yang luas dan jika set *rbf* mendekati angka 1, maka batas area akan membentuk garis lurus/linier. Sebaliknya jika menjauhi angka 1 maka garis akan membentuk area melingkar.

#### 4.5 Analisa

Berdasarkan data eksperimen, data yang diklasifikasikan salah sebanyak 2-6 data dari 11 data pengujian. Jika dilihat dari bentuk citra yang diklasifikasikan salah, ternyata citra-citra tersebut muncul dengan bentuk yang kurang sempurna (terputus/error) dikarenakan data yang didapat kurang bagus pada golongan spermatozoa x. Dan ada sedikit data yang salah dikarenakan ukurannya tidak sesuai pelatihan. Mengingat tingkat kesamaan antara background dan foreground pada golongan spermatozoa x yang relatif sama, maka bisa dimaklumi seandainya SVM tidak mampu mengklasifikasikan dengan benar.

## BAB 5

### PENUTUP

#### 5.1 Simpulan

Bagian ini menjelaskan kesimpulan dari hasil penelitian tentang klasifikasi spermatozoa pembawa kromosom x atau y berdasarkan luasan kepala spermatozoa sapi dengan tiga parameter fitur (luas, perimeter, dan diameter) yang menggunakan metode *Support Vending Machine (SVM)*. Hasil analisis Berdasarkan data eksperimen, data yang diklasifikasikan salah sebanyak 2-6 data dari 11 data pengujian. Jika dilihat dari bentuk citra yang diklasifikasikan salah, ternyata citra-citra tersebut muncul dengan bentuk yang kurang sempurna (terputus/error) dikarenakan data yang didapat kurang bagus pada golongan spermatozoa x. Dan ada sedikit data yang salah dikarenakan ukurannya tidak sesuai pelatihan. Mengingat tingkat kesamaan antara background dan foreground pada golongan spermatozoa x yang relatif sama, maka bisa dimaklumi seandainya SVM tidak mampumengklasifikasikan dengan benar. Meskipun demikian hasil akurasi yang didapat dalam percobaan penelitian ini menunjukkan nilai 75% tingkat akurasi dalam pencocokan spermatozoa pembawa kromosom x atau y.

#### 5.2 Penelitian Selanjutnya

Penelitian selanjutnya yang dapat dilakukan pengembangan ialah pada penambahan data training dan uji dengan sebuah data yang mempunyai patern yang bagus dari Dinas Peternakan. Data training diharapkan mempunyai perlakuan yang sama antara spermatozoa pembawa kromosom x dan y, sehingga dapat dilanjutkan dengan pengembangan metode preprosesing dan segmentasi yang sesuai. Dan selanjutnya dapat dikembangkan pula dengan beebagai metode klasifikasi untuk efisiensi dan akurasi yang lebih bagus.



*Halaman ini sengaja dikosongkan*