

BAB 4 HASIL UJI COBA DAN ANALISIS

Pada bab ini akan dijelaskan hasil dari uji coba yang dilakukan pada sistem. Dari hasil uji coba dilakukan analisis sehingga dapat diketahui metode yang tepat untuk sistem *fuzzy* yang telah dibuat.

4.1. Uji Coba

Terdapat delapan buah data sampel DNA yang digunakan pada uji coba sistem. Data tersebut diperoleh dari Laboratorium Forensik Polri. Kedelapan buah data tersebut merupakan data yang memiliki hubungan kekeluargaan langsung (ayah atau ibu). Selain itu, digunakan pula data simulasi yang dapat berguna untuk menghitung kemiripan yang berada di dalam daerah abu-abu. Maksud dari daerah abu-abu adalah data tersebut masih diragukan kemiripannya karena nilai kemiripannya yang berada diantara angka 0.5 (skala 1). Untuk besarnya nilai kemiripan yang dihasilkan sistem akan dibandingkan dengan program yang tidak menerapkan logika *fuzzy* (STR_MatchSamples).

Pada saat melakukan uji coba, Penulis menggunakan metode inferensi *fuzzy* dan teknik defuzzifikasi yang berbeda. Metode inferensi yang digunakan adalah Sugeno dan Mamdani, sedangkan teknik defuzzifikasi yang digunakan antara lain: Centroid, Bisector, LOM, MOM, SOM, Weighted Average dan Weighted Sum. Ketujuh teknik tersebut dapat dipilih berdasarkan metode inferensi yang digunakan. Dari hasil uji coba akan dibandingkan beberapa hal berikut:

1. Apakah teknik defuzzifikasi dan metode inferensi *fuzzy* yang berbeda akan menghasilkan nilai yang tetap benar jika dibandingkan dengan metode yang tidak *fuzzy*.
2. Nilai yang dihasilkan oleh sistem dengan teknik defuzzifikasi dan metode inferensi *fuzzy* yang berbeda.

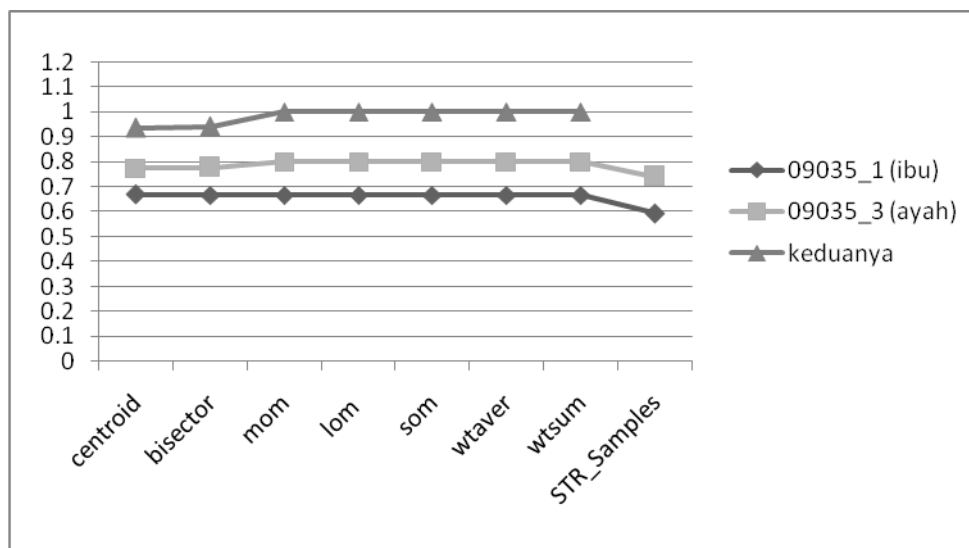
4.2. Hasil Uji Coba I

Pada tahap ini yang data yang diujicobakan adalah profil-profil DNA yang diduga memiliki hubungan kekeluargaan langsung dan data tersebut bagus. Kedua nilai kemiripan antarprofil DNA yang dibandingkan dengan profil DNA pembanding diatas 0.5 berdasarkan STR_MatchSamples, berarti minimal delapan dari enam belas *locus* memiliki kemiripan yang tinggi. Contoh data sampel yang digunakan seperti pada Tabel 4-1:

Tabel 4-1 Nilai STR anak, ayah dan ibu kelompok sampel I

SampleCode	09035_1 (ibu)	09035_2 (anak)	09035_3 (ayah)
AMEL	X	X	X
	X	X	Y
CSF1PO	11	10	10
	12	11	11
D13S317	9	10	10
	11	11	12
D16S539	11	11	10
	11	11	11
D18S51	13	15	15
	15	18	18
D19S433	14	13	12
	14	14	13
D21S11	29	31	31
	31,2	31,2	32,2
D2S1338	22	22	19
	25	23	23
D3S1358	15	16	17
	16	17	17
D5S818	10	10	10
	11	10	10
D7S820	11	10	10
	11	11	11
D8S1179	11	15	13
	15	16	16
FGA	21	21	24
	22	24	24
TH01	9	9	9
	9	10	10
TPOX	8	8	8
	11	8	8
vWA	18	18	14
	19	18	18

Gambar 4-1 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-1 Perbandingan hasil uji kemiripan I

Dari Gambar 4-1 diketahui bahwa hasil perhitungan dengan teknik defuzzifikasi apapun tetap bernilai benar untuk kasus dimana nilai kemiripan dari dua profil pembanding dengan satu profil yang dibandingkan tinggi. Dapat dilihat bahwa hasil perbandingan menggunakan STR_MatchSamples cenderung nilai lebih kecil, dibandingkan hasil dari pengukuran *fuzzy*. Nilai kemiripan yang dihasilkan dari teknik *mom*, *lom*, *som*, *weighted average* dan *weighted sum* sama.

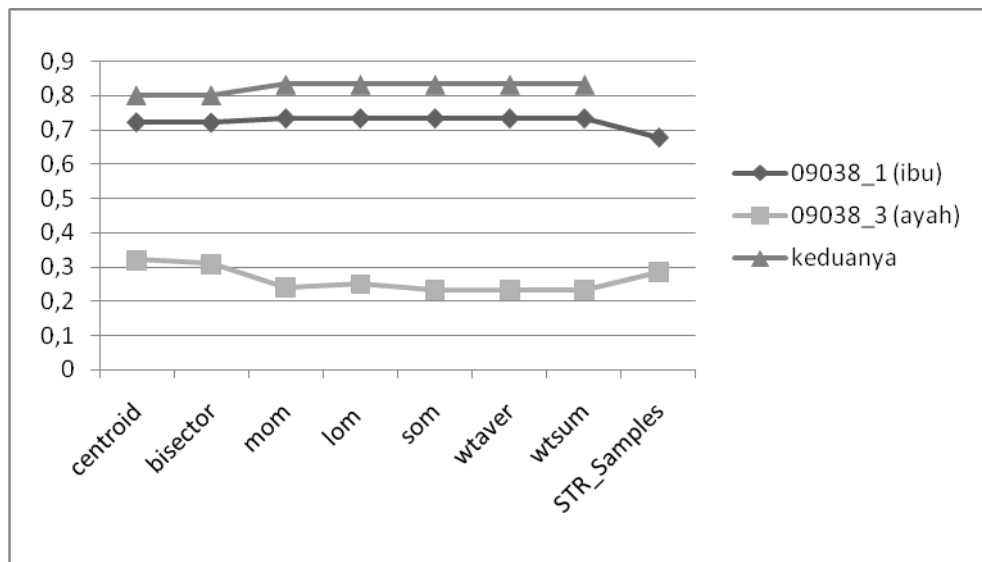
4.3. Hasil Uji Coba II

Pada tahap ini yang data yang diujicobakan adalah profil-profil DNA yang memiliki hubungan kekeluargaan langsung dan data tersebut bagus. Nilai kemiripan antarprofil DNA yang dibandingkan dengan profil DNA pembanding diatas 0.5 dan nilai yang lain adalah 0.28 berdasarkan STR_MatchSamples. Contoh data sampel yang digunakan seperti pada Tabel 4-2:

Tabel 4-2 Nilai STR anak, ayah dan ibu kelompok sampel II

SampleCode	09038_1 (ibu)	09038_2 (anak)	09038_3 (ayah)
AMEL	X	X	X
	X	X	Y
CSF1PO	11	11	12
	12	12	12
D13S317	11	9	10
	12	11	?
D16S539	9	9	11
	11	9	11
D18S51	13	17	14
	?	17	16
D19S433	15,2	13	13
	15,2	15,2	15,2
D21S11	32,2	32	29
	32,2	32,2	30
D2S1338	16	16	19
	20	24	25
D3S1358	17	16	15
	18	18	16
D5S818	11	11	10
	13	13	12
D7S820	8	9	7
	10	10	11
D8S1179	14	14	13
	17	17	14
FGA	22	22	19
	22	22	20
TH01	9,3	9,3	9
	10	10	9
TPOX	8	8	9
	8	9	11
vWA	14	16	17
	19	19	19

Gambar 4-2 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-2 Perbandingan hasil uji kemiripan II

Dari Gambar 4-2 diketahui bahwa hasil perhitungan dengan teknik defuzzifikasi tetap bernilai benar karena nilai kemiripan dengan profil Ayah tetap tidak mirip (< 0.5). Dapat dilihat bahwa hasil perbandingan menggunakan STR_MatchSamples cenderung nilai lebih tinggi, dibandingkan nilai kemiripan yang dihasilkan dari teknik *mom*, *lom*, *som*, *weighted average* dan *weighted sum*. Sedangkan nilai dari *bisector* dan *centroid* lebih tinggi dibandingkan dengan STR_MatchSamples.

4.4. Hasil Uji Coba III

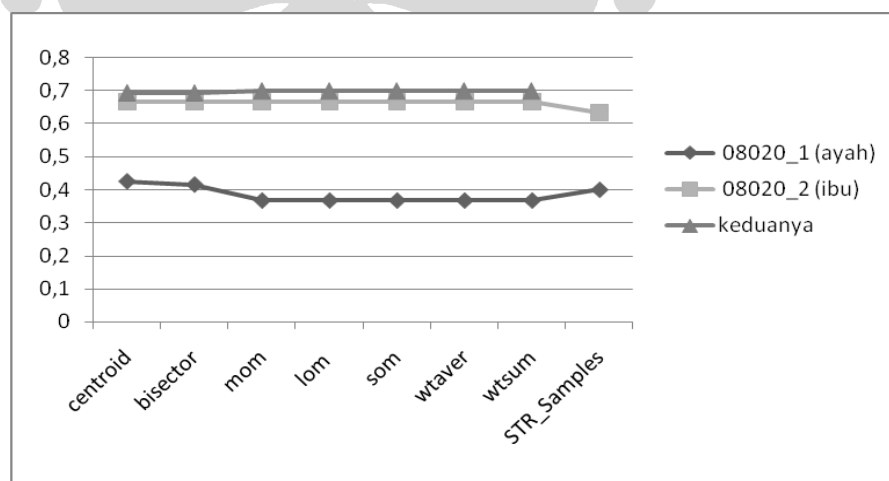
Pada tahap ini yang data yang diujicobakan adalah profil-profil DNA yang memiliki hubungan kekeluargaan langsung dan data tersebut bagus. Nilai kemiripan antarprofil DNA yang dibandingkan dengan profil DNA pembanding diatas 0.5 dan nilai yang lain adalah 0.4 berdasarkan penghitungan STR_MatchSamples. Contoh data sampel yang digunakan seperti pada Tabel 4-3:

Tabel 4-3 Nilai STR anak, ayah dan ibu kelompok sampel III

SampleCode	08020_1 (ibu)	08020_2 (anak)	08020_3 (ayah)
AMEL	X	X	X
	X	Y	Y
CSF1PO	11	10	10
	13	11	11

D13S317	10	10	11
	11	12	11
D16S539	11	11	10
	12	12	11
D18S51	13	13	13
	15	15	15
D19S433	13	12	14,2
	15,2	15,2	15,2
D21S11	29	29	30
	30	29	30
D2S1338	23	17	20
	24	23	24
D3S1358	15	16	15
	17	17	15
D5S818	10	10	9
	12	12	13
D7S820	8	8	11
	11	12	11
D8S1179	13	13	11
	15	16	13
FGA	21	21	23
	21	26	27
TH01	9	8	9
	9,3	9,3	9,3
TPOX	11	8	9
	11	11	11
vWA	17	17	17
	17	17	17

Gambar 4-3 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-3 Perbandingan hasil uji kemiripan III

Universitas Indonesia

Dari Gambar 4-3 diketahui bahwa hasil perhitungan dengan teknik defuzzifikasi tetap bernilai benar karena nilai kemiripan dengan profil Ayah tetap tidak mirip (< 0.5). Dapat dilihat bahwa hasil perbandingan menggunakan STR_MatchSamples cenderung nilai lebih tinggi, dibandingkan nilai kemiripan yang dihasilkan dari teknik *mom*, *lom*, *som*, *weighted average* dan *weighted sum* yang besarnya sama. Sedangkan nilai dari *bisector* dan *centroid* lebih tinggi dibandingkan dengan STR_MatchSamples.

4.5. Hasil Uji Coba IV

Pada tahap ini yang data yang diujicobakan adalah profil-profil DNA yang memiliki hubungan kekeluargaan langsung dan data tersebut bagus. Nilai kemiripan antarprofil DNA yang dibandingkan dengan profil DNA pembanding diatas 0.5 dan nilai yang lain adalah 0.428 berdasarkan penghitungan STR_MatchSamples. Contoh data sampel yang digunakan seperti pada

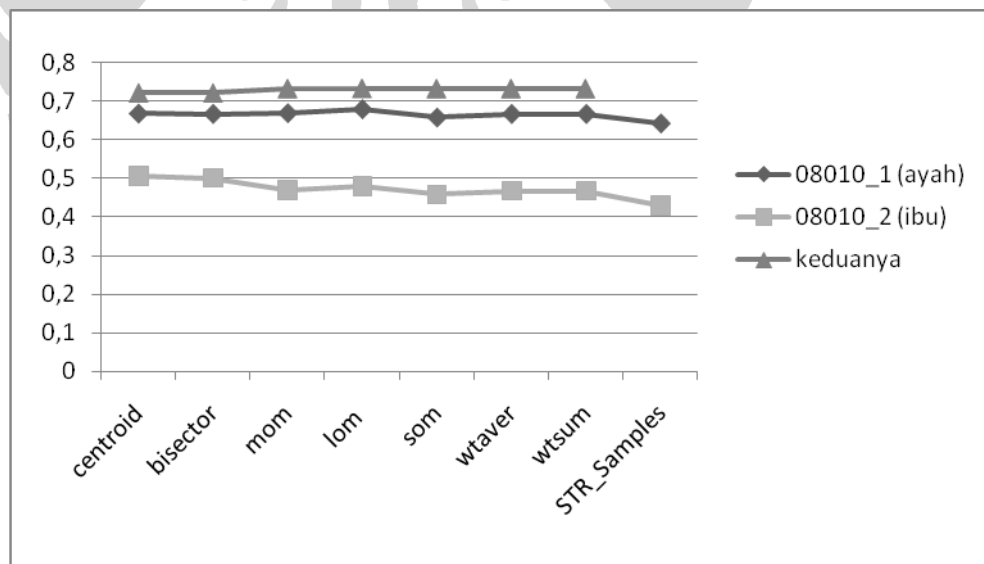
Tabel 4-4:

Tabel 4-4 Nilai STR anak, ayah dan ibu kelompok sampel IV

SampleCode	08010_2	08010_1	08010_3
AMEL	X	X	X
	Y	X	X
CSF1PO	11	10	10
	11	11	10
D13S317	9	9	8
	9	11	11
D16S539	11	11	9
	12	11	11
D18S51	15	13	13
	15	15	15
D19S433	13	14	14.2
	14	14.2	15
D21S11	29	29	30
	30	31.2	31.2
D2S1338	20	22	22
	22	23	25

D3S1358	15	14	15
	16	15	17
D5S818	10	10	10
	10	13	13
D7S820	8	10	10
	10	13	11
D8S1179	12	13	14
	13	16	16
FGA	23	21.2	19
	23	23	23
TH01	9	7	9
	9	9	9.3
TPOX	8	8	8
	8	8	8
vWA	14	14	14
	19	17	14

Gambar 4-4 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-4 Perbandingan hasil uji kemiripan IV

Dari Gambar 4-4 diketahui bahwa hasil perhitungan dengan teknik defuzzifikasi bisa bernilai benar ataupun salah dimana nilai kemiripan dengan profil Ibu berada pada interval $[0.4, 0.51]$. Untuk kasus seperti ini sebaiknya dilakukan analisis

Universitas Indonesia

lebih dalam oleh laboran Forensik sehingga dapat ditentukan apakah data pembandingan dan dibandingkan memiliki hubungan kekerabatan atau tidak. Dapat dilihat bahwa hasil perbandingan menggunakan STR_MatchSamples cenderung nilai lebih rendah, dibandingkan nilai kemiripan yang dihasilkan dari penghitungan *fuzzy* lainnya.

4.6. Hasil Uji Coba V

Pada tahap ini dilakukan uji coba antara profil-profil DNA yang tidak memiliki hubungan biologis orang tua dan anak. Profil DNA JT21 dibandingkan dengan profil DNA JT28, dan profil DNA JT72 dibandingkan dengan profil DNA JT64. Setelah dilakukan penghitungan dengan STR_MatchSamples diketahui bahwa nilai kemiripan JT21 dan JT28 sebesar 0.46, sedangkan JT72 dan JT64 sebesar 0.48. Kedua nilai tersebut merupakan nilai ambang hasil pengukuran dengan *fuzzy* diperkirakan akan meningkat. Jika hasil tersebut meningkat terlalu tinggi, maka pengukuran *fuzzy* dapat menyebabkan terjadinya *error* ketika analisis karena jika peningkatan menyebabkan nilai kemiripan berada diatas nilai 0.5, laboran dapat menyimpulkan bahwa mungkin ada hubungan biologis orang tua dan anak padahal sudah diketahui bahwa tidak ada hubungan biologis. Rincian nilai STR pada keempat profil DNA tersebut dapat dilihat pada Tabel 4-5.

Tabel 4-5 Nilai STR JT21, JT28, JT72, JT64

SampleCode	JT21	JT28	JT72	JT64
AMEL	X	X	X	X
	Y	X	X	X
CSF1PO	11	10	9	10
	12	12	10	12
D13S317	8	9	8	8
	10	10	13	11
D16S539	12	10	12	10
	13	11	13	12
D18S51	14	11	16	15
	14	14	16	16
D19S433	14	14.2	14	13
	15	15	14	15.2

Universitas Indonesia

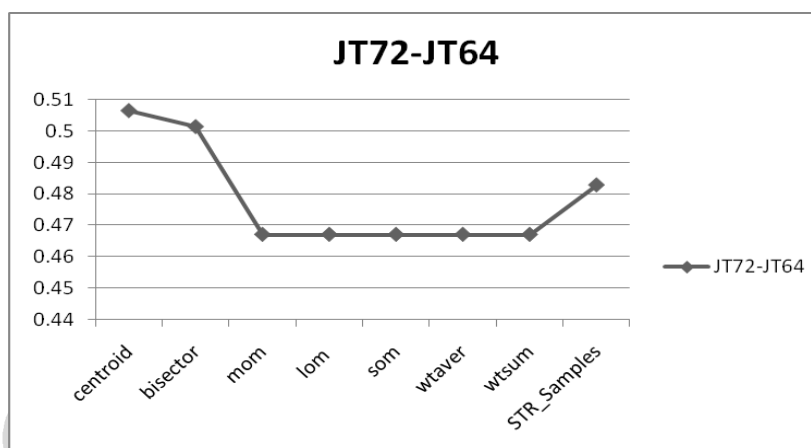
D21S11	29	31.2	29	29
	32.2	32.2	30	29
D2S1338	23	19	19	19
	24	23	23	19
D3S1358	16	15	15	15
	16	15	17	15
D5S818	13	10	9	12
	13	10	12	13
D7S820	8	8	12	10
	10	8	14	11
D8S1179	13	13	13	12
	16	14	14	13
FGA	19	19	20	22
	21.2	25	22	24
TH01	7	9	7	7
	9	10	9	10
TPOX	8	8	8	7
	8	9	9	8
vWA	17	17	18	16
	19	18	19	18

Gambar 4-5 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-5 Perbandingan hasil uji kemiripan antara profil DNA JT21 dengan JT28

Gambar 4-6 adalah grafik dari hasil uji coba yang dibandingkan dengan program STR_MatchSamples:



Gambar 4-6 Perbandingan hasil uji kemiripan antara profil DNA JT72 dengan JT64

Dari kedua hasil percobaan diketahui bahwa teknik defuzzifikasi *centroid* dan *bisector* cenderung menghasilkan nilai kemiripan diatas 0,5 sehingga dapat menghasilkan penghitungan yang salah. Teknik defuzzifikasi lainnya bisa menghasilkan nilai yang menyebabkan hasil tetap benar maupun nilai yang salah akan tetapi besar kesalahan tersebut tidak lebih besar daripada nilai yang dihasilkan dari teknik defuzzifikasi *centroid* dan *bisector*. Nilai yang menyebabkan hasil tetap benar tersebut bisa kurang atau lebih dari nilai STR_MatchSamples, tetapi belum diketahui berapa batas pergantian nilai yang kurang dari dengan nilai yang lebih dari STR_MatchSamples. Sepertinya hal tersebut bisa dilakukan pada penelitian selanjutnya.

4.7. Analisis

Pada saat nilai kemiripan tinggi (> 0.51) teknik defuzzifikasi *mom*, *lom*, *som*, *weighted sum* dan *weighted average* bernilai sama. Pada metode inferensi fuzzy Mamdani, hal ini dapat disebabkan oleh nilai maksimum dari fungsi keanggotaan yang telah diaggregasi sama. Untuk metode inferensi Sugeno, nilai dari hasil

Universitas Indonesia

defuzzifikasi *weighted sum* dan *weighted average* selalu sama karena fungsi keanggotaan keluaran dari inferensi Sugeno yang dibandingkan adalah sebuah konstanta.

Metode defuzzifikasi *centroid* dan *bisector* lebih *smooth* hasil penghitungannya karena pergeseran nilainya juga cenderung kecil dan kedua teknik tersebut memiliki batas bawah serta batas atas. Batas atas nilai kemiripan dua profil DNA untuk teknik *centroid* adalah 0.9367, sedangkan *bisector* adalah 0.94. Batas bawah nilai kemiripan dua profil untuk teknik *centroid* adalah 0.13, sedangkan *bisector* 0.11. Hal tersebut terjadi karena data untuk metode *centroid* dia akan mengambil nilai *center of gravity* dari luas daerah, dan luas daerah agregasi keluaran tidak mungkin nilai keanggotaan keluaran yang minimum atau maksimum. Untuk metode *bisector* akan mengambil garis bagi yang membelah luas daerah menjadi dua daerah yang sama sehingga juga tidak mungkin nol dan luas daerah agregasi keluaran tidak mungkin nilai keanggotaan keluaran yang minimum atau maksimum.

4.8. Pencarian Pada Basisdata

Proses pencarian dengan basisdata adalah dengan menghitung profil DNA yang dibandingkan dengan profil DNA pada basisdata. Nilai kemiripan dari setiap perbandingan nilai profil tersebut kemudian diurutkan, kemudian hasil yang diambil adalah n data yang mempunyai nilai kemiripan terbesar. Dalam basisdata terdapat data profil yang berhubungan dengan data profil yang dibandingkan dan yang tidak berhubungan. Tabel 4-6 adalah hasil pencarian kedelapan profil anak dalam basisdata dengan mengambil empat nilai terbesar:

Tabel 4-6 Hasil penghitungan kemiripan dengan basisdata

ID Profil yang Dibandingkan	1: nilai kemiripan	2: nilai kemiripan	3: nilai kemiripan	4: nilai kemiripan
08002_C	08002_M: 0.641	08002_F: 0.587	JT02: 0.5333	08126643665: 0.5333
08004_03	08004_02: 0.668	08004_01: 0.587	09035_3: 0.583	JT64: 0.56
08006_03	08006_02: 0.668	08006_01: 0.668	JT06: 0.533	JT05: 0.533
08009_02	08009_01: 0.695	JT29: 0.668	08122311347: 0.668	08010_2: 0.614
08010_3	08010_1: 0.668	JT29: 0.614	08122311347: 0.614	JT59: 0.587
08020_2	08020_1: 0.668	JT23: 0.588	081266035036: 0.558	08010_1: 0.536
09035_2	09035_3: 0.775	09035_1: 0.668	08010_1: 0.641	JT38: 0.614
09038_2	09038_1: 0.722	JT79: 0.536	JT18: 0.533	08120093904: 0.533

*catatan: kolom yang diberi gradasi abu-abu berarti masih memiliki hubungan kekeluargaan.

Hasil pencarian dengan basisdata menunjukkan bahwa sistem dapat mencari data-data yang sebenarnya masih memiliki hubungan kekeluargaan. Jika data keluarga yang dicari tidak memiliki nilai kemiripan yang tinggi, maka data keluarga tersebut tidak akan muncul. Selain itu, sistem melakukan pengurutan tanpa ada preferensi tertentu (hanya berdasarkan nilai mana yang lebih besar) sehingga bisa saja data keluarga sebenarnya memiliki nilai yang sama dengan data hasil yang ditampilkan, akan tetapi urutannya berada dibawah data hasil yang ditampilkan, sehingga tidak terdeteksi. Oleh karena itu, perlu dilakukan penyempurnaan dalam pengurutan sehingga pencarian dapat menampilkan data yang lebih relevan.