

## BAB 2 LANDASAN TEORI

Pada bab ini akan dijelaskan mengenai landasan teori yang digunakan pada penelitian tugas akhir ini. Penjabaran ini bertujuan untuk memberikan pemahaman lebih mendalam kepada Penulis dan pembaca laporan tentang teori-teori yang melandasi selama penelitian tugas akhir. Teori yang digunakan antara lain: logika *fuzzy*, himpunan *fuzzy*, operator *fuzzy*, pengukuran *fuzzy*, DNA, DNA *Profiling*, tahapan pemrosesan sampel DNA, analisis STR, STR\_MatchSamples.

### 2.1. Logika *Fuzzy*

Logika matematika klasik hanya mempunyai dua nilai kebenaran, yaitu benar atau salah (nol atau satu). Namun disayangkan banyak masalah yang muncul dalam kehidupan sehari-hari tidak dapat dikomputasi dengan pendekatan logika klasik, terutama untuk lingkungan yang dinamis. Salah satu contoh masalahnya adalah mengenai pengaturan suhu yang dikeluarkan oleh mesin pendingin ruangan. Ketika suhu dalam suatu ruangan memiliki temperatur sebesar 30 derajat celsius, mesin pendingin dinyalakan dan suhunya diatur menjadi 19 derajat sehingga dapat mengurangi panasnya ruangan. Jika suhu yang dikeluarkan oleh mesin pendingin tersebut statis, sebesar 19 derajat secara terus menerus, maka suhu ruangan menjadi rendah dan orang yang berada didalamnya akan merasa semakin dingin. Namun jika mesin pendingin dimatikan maka ruangan akan panas kembali. Solusi tersebut merupakan contoh solusi dengan pendekatan nilai kebenaran yang *crisp*. Alternatif solusi lain adalah orang yang berada di dalam ruangan mengatur secara manual besarnya suhu yang dikeluarkan dengan mengubahnya pada periode waktu tertentu, tetapi cara ini dinilai tidak efisien. Oleh karena itu, diterapkan teknologi baru yang menerapkan logika *fuzzy*, dimana mesin dapat mengatur besarnya suhu yang dikeluarkan berdasarkan suhu ruangan yang dapat berubah-ubah. Suhu ruangan tidak dianggap sebagai suatu hal yang tegas (*crisp*), tinggi atau rendah. Operator *fuzzy* memetakan besarnya nilai suhu ruangan sehingga memiliki derajat kebenarannya tertentu (antara nol sampai

satu). Penerapan logika *fuzzy* pada kasus ini selain dapat meningkatkan otomasi pada sistem, juga dapat menghemat energi yang dibutuhkan sistem.

Logika *fuzzy* merupakan pengembangan dari logika klasik, dimana nilai kebenarannya berada pada interval  $[0,1]$ . Logika ini diperkenalkan pertama kali pada tahun 1965 oleh Lotfi A. Zadeh yang merupakan seorang professor dari University of California di Berkley melalui makalahnya yang berjudul “Fuzzy Sets”. Pada saat itu logika *fuzzy* diperkenalkan bukan sebagai metodologi untuk mengatur, tetapi merupakan suatu cara untuk memproses data dimana himpunan keanggotaan parsial diperbolehkan, sebagai pengganti himpunan keanggotaan atau bukan keanggotaan yang *crisp* [3]. Walau teori himpunan seperti ini mulai diperkenalkan pada tahun 1965, akan tetapi karena keterbatasan kemampuan komputasi komputer masa itu pendekatan seperti ini baru diterapkan pada sistem kendali ketika tahun 70-an [3].

Definisi formal logika *fuzzy* adalah seperti dibawah ini [4].

Definisi 2.1. Logika *Fuzzy*

Logika *fuzzy* merupakan sebuah logika yang direpresentasikan oleh ekspresi *fuzzy* (rumus) yang memenuhi kriteria sebagai berikut

- i. Nilai kebenaran, 0 dan 1, dan variabel  $x_i$  ( $\in [0,1], i = 1,2,\dots,n$ ) merupakan ekspresi *fuzzy*.
- ii. Jika  $f$  merupakan ekspresi *fuzzy*,  $\sim f$  juga merupakan ekspresi *fuzzy*.
- iii. Jika  $f$  dan  $g$  merupakan ekspresi *fuzzy*,  $f \wedge g$  dan  $f \vee g$  juga merupakan ekspresi *fuzzy*.

Penggunaan logika *fuzzy* dipilih karena memiliki kelebihan sebagai berikut [5]:

- Konsep logika *fuzzy* mudah dimengerti. Konsep matematika dibalik penalaran *fuzzy* sangat sederhana.
- Logika *fuzzy* sangat fleksibel.
- Logika *fuzzy* memiliki toleransi terhadap data yang tidak tepat. Setiap

**Universitas Indonesia**

apapun tidak tepat jika kita melihat lebih jauh, akan tetapi lebih dari itu, segala sesuatu tidak tepat walaupun dilakukan penelitian yang hati-hati. Penalaran *fuzzy* membangun pemahaman ini kedalam proses dibanding dengan memperhatikannya secara mendetil.

- Logika *fuzzy* mampu memodelkan fungsi nonlinier yang sangat kompleks.
- Pembuatan sistem *fuzzy* dapat dilakukan dengan memasangkan setiap himpunan masukan ke data keluaran. Proses ini mudah dilakukan dengan menggunakan teknik yang adaptif seperti Adaptive Neuro-Fuzzy Inference Systems (ANFIS).
- Dengan logika *fuzzy* dapat dibangun dan diaplikasikan pengalaman para pakar secara langsung tanpa melalui proses pelatihan.
- Sistem *fuzzy* dapat bekerjasama dengan teknik kendali secara konvensional. Sistem *fuzzy* tidak perlu menggantikan teknik kendali konvensional. Pada banyak kasus sistem *fuzzy* menambahkan serta menyederhanakan implementasi dengan sistem kendali konvensional.
- Logika *fuzzy* didasarkan pada bahasa alami. Dasar dari logika *fuzzy* merupakan dasar komunikasi manusia.

## 2.2. Himpunan *Fuzzy*

Melalui makalah pertamanya, Profesor Zadeh menjelaskan bahwa suatu himpunan *fuzzy*  $A$  dalam  $X$  memiliki ciri khusus yaitu adanya suatu fungsi keanggotaan  $f_A(x)$  yang memetakan setiap titik di  $X$  dengan bilangan riil pada interval  $[0, 1]$ . Nilai dari  $f_A(x)$  pada titik  $x$  merepresentasikan “derajat keanggotaan”  $x$  di  $A$  [6].

Berikut adalah definisi formal fungsi keanggotaan.

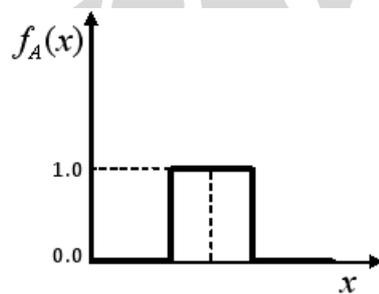
Definisi 2.2. Fungsi keanggotaan dari himpunan *fuzzy* [4].

Dalam himpunan *fuzzy*, setiap elemen dipetakan ke dalam daerah  $[0, 1]$  oleh fungsi keanggotaan.

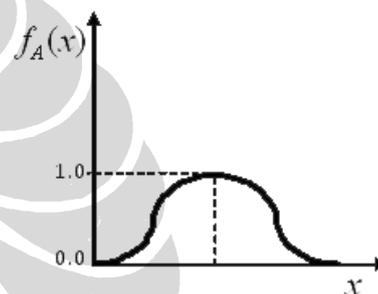
$$f_A(x) : X \rightarrow [0,1]$$

dimana  $[0, 1]$  merupakan bilangan riil antara 0 dan 1 (termasuk 0 dan 1).

Jika pada himpunan *crisp* nilai 0 dan 1 menunjukkan bahwa suatu elemen merupakan anggota himpunan tersebut atau bukan, maka himpunan *fuzzy* mempunyai definisi yang sedikit berbeda mengenai keanggotaan himpunannya. Fungsi keanggotaan  $f_A(x)$  yang bernilai 0 berarti bahwa  $x$  bukanlah anggota dari himpunan *fuzzy*  $A$ , sedangkan jika  $f_A(x)$  bernilai 1 maka  $x$  merupakan anggota penuh dari  $A$ . Jika  $f_A(x)$  memiliki nilai diantara 0 dan 1, berarti bahwa  $x$  merupakan anggota dari  $A$  secara parsial. Oleh karena itu, himpunan *fuzzy* merupakan ‘himpunan dengan batas yang samar’ jika dibandingkan dengan himpunan *crisp*. Perbandingan secara geometris antara keanggotaan *fuzzy* dan bukan *fuzzy* dapat dilihat pada Gambar 2-1 dan Gambar 2-2.



Gambar 2-1 Himpunan crisp



Gambar 2-2 Himpunan fuzzy

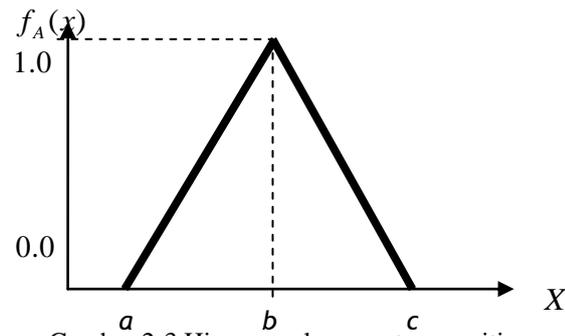
Terdapat sebelas macam fungsi keanggotaan, akan tetapi pada penelitian tugas akhir ini hanya akan dipakai dua macam fungsi keanggotaan. Kedua fungsi tersebut antara lain [5]:

1. Fungsi keanggotaan yang merupakan representasi kurva segitiga.

Definisi 2.3. Fungsi keanggotaan segitiga (parameter  $(a, b, c)$ ):

$$f_A(x) = \begin{cases} 0 & x \leq a \text{ atau } x \geq c \\ \frac{(x-a)}{(b-a)} & a \leq x \leq b \\ \frac{(c-x)}{(c-b)} & b \leq x \leq c \end{cases}$$

Untuk lebih jelasnya, bentuk geometris dari fungsi ini dapat dilihat pada Gambar 2-3.



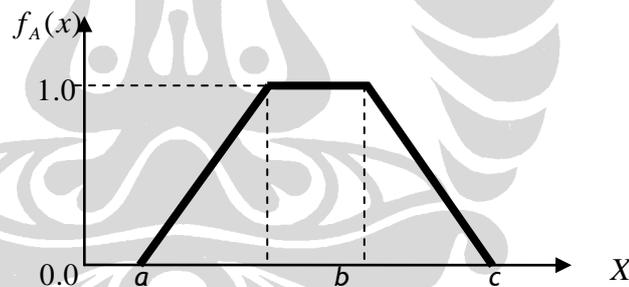
Gambar 2-3 Himpunan keanggotaan segitiga

2. Fungsi keanggotaan yang merupakan representasi kurva trapesoidal.

Definisi 2.4. Fungsi keanggotaan trapesoidal (parameter  $(a, b, c, d)$ ):

$$f_A(x) = \begin{cases} 0 & x \leq a \text{ atau } x \geq d \\ \frac{(x-a)}{(b-a)} & a \leq x \leq b \\ 1 & b \leq x \leq c \\ \frac{(d-x)}{(d-c)} & c \leq x \leq d \end{cases}$$

Untuk lebih jelasnya, bentuk geometris dari fungsi ini dapat dilihat pada Gambar 2-4.



Gambar 2-4 Himpunan keanggotaan trapesium

### 2.3. Operator Fuzzy

Terdapat beberapa operator yang dalam himpunan fuzzy  $A$ , seperti komplemen ( $\bar{A}$ ), irisan ( $A \cap B$ ), atau gabungan ( $A \cup B$ ). Makna dari setiap operator tersebut dapat berbeda, tergantung dari literatur yang dijadikan referensi. Walau dapat memiliki makna yang berbeda-beda, terdapat beberapa sifat operator yang merupakan standar dari operator himpunan fuzzy. Sifat-sifat dari operator pada himpunan fuzzy dapat dilihat pada Tabel 2-1.

Tabel 2-1 Sifat standar operator himpunan *fuzzy* [4]

No.	Sifat Operator	Penjelasan
(1)	Involusi	$\overline{\overline{A}} = A$
(2)	Komutatif	$A \cup B = B \cup A$ $A \cap B = B \cap A$
(3)	Asosiatif	$(A \cup B) \cup C = A \cup (B \cup C)$ $(A \cap B) \cap C = A \cap (B \cap C)$
(4)	Distributif	$A \cup (B \cap C) = (A \cup B) \cap (A \cup C)$
(5)	<i>Idempotency</i>	$A \cup A = A$ $A \cap A = A$
(6)	Absorpsi	$A \cup (A \cap B) = A$ $A \cap (A \cup B) = A$
(7)	Absorpsi oleh $X$ dan $\emptyset$	$A \cup X = X$ $A \cap \emptyset = \emptyset$
(8)	Identitas	$A \cap X = A$ $A \cup \emptyset = A$
(9)	Hukum De Morgan	$\overline{A \cap B} = \overline{A} \cup \overline{B}$ $\overline{A \cup B} = \overline{A} \cap \overline{B}$

#### 2.4. Operator Komplemen

Himpunan komplemen  $\overline{A}$  dari himpunan  $A$  membawa sifat negasi. Jika pada himpunan *crisp* komplemen dari nol adalah satu, dan komplemen dari satu adalah nol, maka definisi yang sedikit berbeda digunakan pada himpunan *fuzzy*. Fungsi komplemen pada himpunan *fuzzy* didesain untuk memetakan fungsi keanggotaan  $f_A(x)$  dari himpunan *fuzzy*  $A$  kedalam interval  $[0, 1]$  [4].

$$C : [0,1] \rightarrow [0,1]$$

$$x \in [0,1]$$

$$x^C \in [0,1]$$

Fungsi komplemen *fuzzy* memiliki karakteristik sebagai berikut:

- a) Terbatas. Jika  $C(0) = 1$ ,  $C(1) = 0$

- b) Monoton naik. Misal  $a, b \in [0,1]$ , jika  $a < b$  maka  $C(a) \geq C(b)$ . Simbol  $a$  dan  $b$  merupakan derajat keanggotaan  $x$  di  $A$ .

## 2.5. Operator T-norm

Jika dianalogikan dengan operator pada himpunan *crisp*, t-norm seperti operator AND yang dilakukan pada himpunan *fuzzy*. Definisi formal t-norm sebagai berikut [4].

$$T : [0,1] \times [0,1] \rightarrow [0,1]$$

Operator t-norm harus memenuhi empat aksioma, antara lain [4]:

$$\forall x, y, x', y', z \in [0,1]$$

- |              |   |
|--------------|---|
| a) Terbatas  | $T(x,0) = 0, T(x,1) = x$                                    |
| b) Komutatif | $T(x, y) = T(y, x)$   |
| c) Monoton   | $(x \leq x', y \leq y') \rightarrow T(x, y) \leq T(x', y')$ |
| d) Asosiatif | $T(T(x, y), z) = T(x, T(y, z))$                             |

Beberapa operator berikut ini memenuhi keempat kriteria diatas, sehingga dapat digolongkan sebagai operator t-norm yaitu [4]:

- |                             |                          |
|-----------------------------|--------------------------|
| a) <i>Logical product</i>   | $x_1 \wedge x_2$         |
| b) <i>Algebraic product</i> | $x_1 \bullet x_2$        |
| c) <i>Bounded product</i>   | $x_1 \odot x_2$          |
| d) <i>Drastic product</i>   | $x_1 \blacktriangle x_2$ |

## 2.6. Operator S-norm

Jika dianalogikan dengan operator pada himpunan *crisp*, s-norm seperti operator OR yang dilakukan pada himpunan *fuzzy*. Definisi formal s-norm sebagai berikut [4].

$$T : [0,1] \times [0,1] \rightarrow [0,1]$$

Operator s-norm harus memenuhi empat aksioma, antara lain [4]:

$$\forall x, y, x', y', z \in [0,1]$$

- a) Terbatas  $T(x,0) = x, T(x,1) = 1$
- b) Komutatif  $T(x, y) = T(y, x)$
- c) Monoton  $(x \leq x', y \leq y') \rightarrow T(x, y) \leq T(x', y')$
- d) Asosiatif  $T(T(x, y), z) = T(x, T(y, z))$

Beberapa operator berikut ini memenuhi keempat kriteria diatas, sehingga dapat digolongkan sebagai operator s-norm yaitu [4]:

- a) *Logical sum*  $x_1 \vee x_2$
- b) *Algebraic sum*  $x_1 \dot{+} x_2$
- c) *Bounded sum*  $x_1 \oplus x_2$
- d) *Drastic sum*  $x_1 \dot{\vee} x_2$

## 2.7. Sistem Fuzzy

Seperti yang telah diketahui bahwa pendekatan logika *fuzzy* didasarkan pada bahasa alami, maka selain atribut numerik (*numeric variable*) logika *fuzzy* juga memiliki atribut bahasa (*linguistic variable*). Atribut bahasa ini merupakan konsep bahasa yang sering digunakan dalam kehidupan sehari-hari. Atribut bahasa ini biasanya terdiri dua bagian, antara lain [4]:

- Predikat *fuzzy* (*primary term*): panas, dingin, adem, dan lain-lain.
- Fuzzy modifier*: sangat, sedikit, hampir, sekali, dan lain-lain.

*Modifier* biasa digunakan untuk merubah makna dari predikat dan dikelompokkan lagi menjadi dua kelas seperti berikut [4]:

- Fuzzy truth qualifier*: cukup benar, sangat benar, agak benar, agak salah, hampir salah, dan lain-lain.
- Fuzzy quantifier*: banyak, sedikit, hampir semua, semua, sering, jarang, dan lain-lain.

Dikarenakan oleh atribut himpunan *fuzzy* terdiri dari dua macam, maka proses pada sistem *fuzzy* dilakukan pada dua level yang berbeda, yaitu level *linguistic*

dan level numerik. Proses pada kedua level ini dibagi menjadi tiga tahapan, antara lain [4]:

1. Fuzzifikasi

Pada tahap ini akan ditentukan derajat keanggotaan dari masukan yang bernilai numerik.

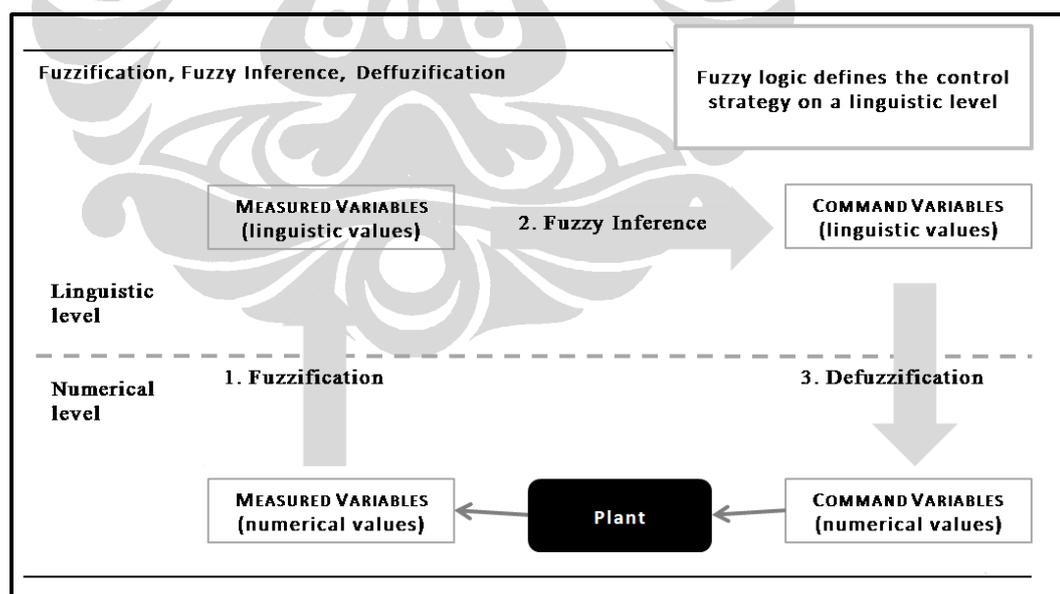
2. Inferensi *fuzzy*

Pada tahap ini dilakukan evaluasi aturan *fuzzy*. Masukan pada tahap ini adalah derajat keanggotaan yang dihasilkan pada tahap fuzzifikasi, sedangkan keluaran berupa nilai kebenaran sebagai konsekuensi dari fungsi keanggotaan. Jika diperlukan dapat digunakan operator *fuzzy* untuk mendapatkan hasil evaluasi aturan *fuzzy* yang berupa nilai tunggal.

3. Defuzzifikasi

Pada tahap ini dilakukan agregasi himpunan keluaran *fuzzy* tahap sebelumnya menjadi sebuah nilai numerik tunggal. Agregasi merupakan proses unifikasi dari semua keluaran pada tahap inferensi.

Diagram mengenai ketiga tahapan sistem *fuzzy* diatas dapat dilihat pada Gambar 2-5.



Gambar 2-5 Elemen dasar sistem *fuzzy* [4]

## 2.8. Inferensi *Fuzzy*

Inferensi *fuzzy* merupakan proses memetakan ruang masukan yang diberikan kedalam ruang keluaran menggunakan logika *fuzzy* [5]. Dari proses pemetaan ini dapat dilihat dasar dari keputusan yang dibuat atau dapat dilihat pola yang ada [5]. Pada penelitian tugas akhir ini akan dibandingkan penghitungan kemiripan profil DNA menggunakan dua metode inferensi *fuzzy* yang berbeda, yaitu metode Mamdani dan metode Sugeno. Kedua metode tersebut sudah ada dibuat oleh pengembang Matlab™, sehingga Penulis hanya menggunakannya.

### 2.8.1. Metode Mamdani

Metode inferensi *fuzzy* Mamdani merupakan metodologi *fuzzy* yang paling mudah dipahami [5]. Metode Mamdani merupakan sistem pengaturan pertama yang menggunakan teori himpunan *fuzzy* [5]. Metode ini pertama kali diusulkan di tahun 1975 oleh Ebrahim Mamdani [5]. Pembuatan metode ini berdasarkan karya ilmiah dari Lotfi Zadeh (tahun 1973) tentang algoritma *fuzzy* untuk sistem yang kompleks dan digunakan dalam proses pengambilan keputusan [5].

Metode Mamdani adalah satu jenis inferensi *fuzzy* dimana himpunan *fuzzy* yang merupakan konsekuensi dari setiap aturan dikombinasikan menggunakan operator agregasi dan menghasilkan himpunan *fuzzy* yang kemudian didefuzzifikasikan untuk menghasilkan keluaran tertentu dari suatu sistem [5]. Metode ini menggunakan operator minimum  $R_c$  sebagai implikasi *fuzzy* dan operator maksimum untuk komposisi [4]. Metode Mamdani biasanya digunakan untuk aturan *fuzzy* yang berbentuk seperti berikut [4]:

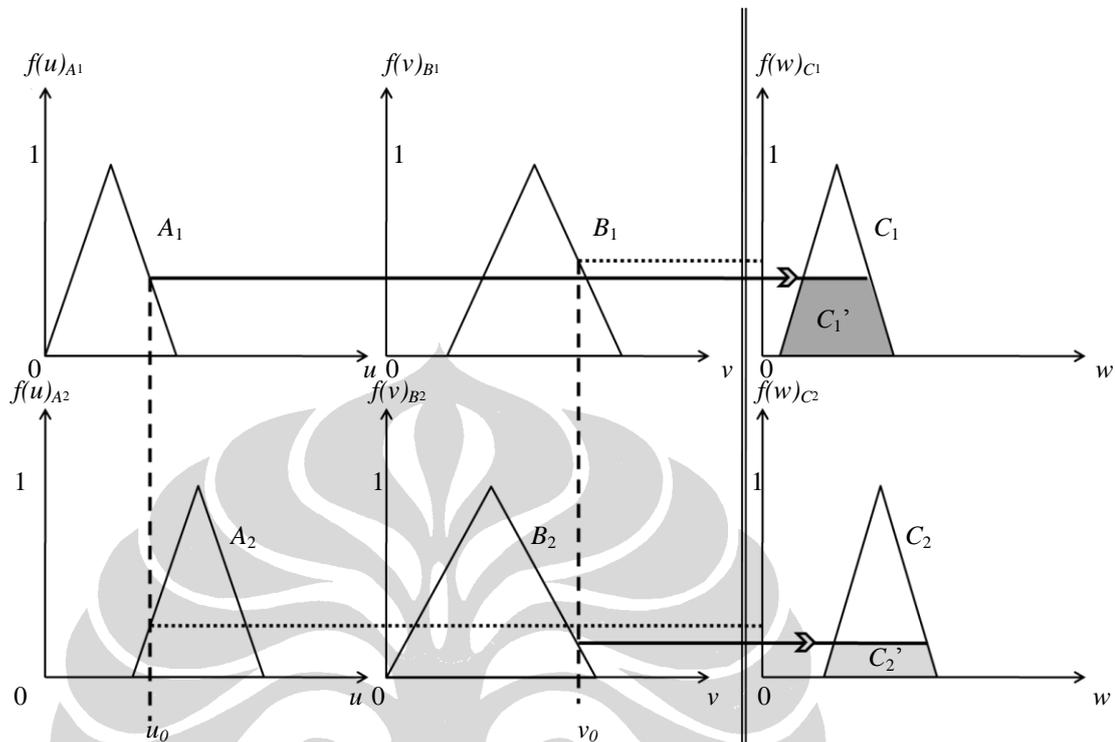
$R_i$ : jika  $u$  adalah  $A_i$  dan  $v$  adalah  $B_i$ , maka  $w$  adalah  $C_i$ ,  $i = 1, 2, \dots, n$

untuk  $u \in U$ ,  $v \in V$ , dan  $w \in W$

Metode Mamdani dapat digunakan untuk data masukan yang *singleton* (hanya terdiri dari satu masukan), maupun data masukan yang merupakan himpunan *fuzzy*. Pada Matlab™ telah terdapat *Fuzzy Logic Toolbox* dimana terdapat metode Mamdani yang hanya menggunakan satu data masukan dan sistem yang dibuat tidak memerlukan masukan data yang berupa himpunan *fuzzy*. Oleh karena itu,

**Universitas Indonesia**

Penulis hanya menggunakan data masukan yang *singleton*. Proses yang dilakukan pada inferensi *fuzzy* Mamdani dapat dilihat pada Gambar 2-6.

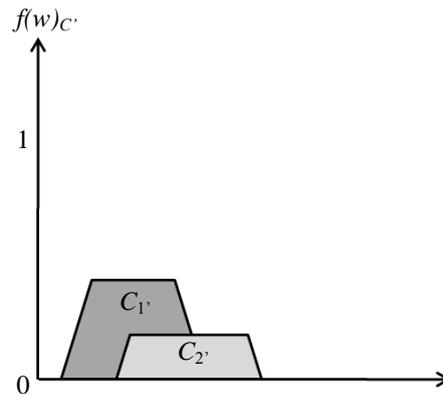


Gambar 2-6 Representasi geometris metode inferensi Mamdani dengan satu data masukan [4]

Misal data masukan adalah  $u$  dan  $v$ , dimana  $u = u_0$ ,  $v = v_0$ .

$$f(w)_{C_i} = [f(u_0)_{A_i} \text{ and } f(v_0)_{B_i}] \rightarrow f(w)_{C_i}$$

$f(w)_{C_i}$  adalah hasil implikasi dari aturan *fuzzy* ke  $i$ . Metode Mamdani melakukan operasi minimum untuk implikasi *fuzzy* [4], sehingga  $f(w)_{C_i}$  adalah nilai terkecil dari derajat keanggotaan masing-masing data masukan ( $\min(f(u_0)_{A_i}, f(v_0)_{B_i})$ ). Nilai tersebut kemudian dihitung derajat keanggotaannya berdasarkan himpunan keanggotaan keluaran  $C$ . Implikasi seperti ini dilakukan pada setiap aturan *fuzzy* yang ada. Setelah implikasi semua aturan selesai, dilakukan komposisi himpunan keanggotaan keluaran menggunakan operator maksimum. Untuk contoh (Gambar 2-6) dimana hanya terdapat dua dua aturan *fuzzy*, maka hasil dari metode inferensi Mamdani ini dapat dilihat pada Gambar 2-7.



Gambar 2-7 Hasil metode inferensi *fuzzy* Mamdani [4]

Pada penelitian tugas akhir ini, hasil tersebut kemudian didefuzzifikasi menggunakan teknik defuzzifikasi yang berbeda. Beberapa contoh teknik defuzzifikasi yang dapat dilakukan antara lain:

- *centroid*: metode penghitungan titik tengah dari luas daerah.
- *bisector*: metode penghitungan garis bagi dari luas daerah.
- *mom*: metode penghitungan rata-rata nilai dari nilai maksimum.
- *som*: metode nilai terkecil dari nilai maksimum.
- *lom*: metode nilai terbesar dari nilai maksimum.

Hasil dari defuzzifikasi adalah sebuah nilai numerik tunggal yang mencerminkan nilai matematis dari penghitungan dengan logika *fuzzy*.

Kelebihan dari metode inferensi Mamdani ini, antara lain [5]:

- Intuitif
- Dapat diterima lebih luas
- Cocok untuk masukan yang berasal dari manusia

### 2.8.2. Metode Sugeno

Metode Sugeno diperkenalkan oleh Takagi, Sugeno dan Kang pada tahun 1985 [5], sehingga disebut juga metode TSK. Bentuk dari aturan *fuzzy* yang menggunakan metode ini seperti berikut:

jika  $u$  adalah  $A$  dan  $v$  adalah  $B$ , maka  $w = f(u, v)$

$A$  dan  $B$  adalah anteseden, sedangkan  $w$  fungsi yang *crisp* sebagai konsekuensi. Metode ini hampir sama dengan metode Mamdani, perbedaan utama

keduanya terletak pada fungsi keanggotaan keluaran metode Sugeno berupa suatu konstanta atau fungsi linier. Oleh karena itu, metode ini lebih ringkas dan efisien secara komputasi daripada metode Mamdani, sehingga dapat digunakan sebagai teknik yang adaptif untuk pemodelan *fuzzy*.

Misal ada dua aturan *fuzzy* sebagai berikut [4]:

R<sub>1</sub>: jika  $u$  adalah  $A_1$  dan  $v$  adalah  $B_1$ , maka  $w = f_1(u, v) = p_1u + q_1v + r_1$

R<sub>2</sub>: jika  $u$  adalah  $A_2$  dan  $v$  adalah  $B_2$ , maka  $w = f_2(u, v) = p_2u + q_2v + r_2$

dimana  $p_1, p_2, q_1, q_2$  adalah konstanta.

Hasil dari inferensi derajat keanggotaan  $A$  dan  $B$  adalah sebuah derajat kemiripan  $\alpha_i$ . Nilai tersebut merupakan nilai minimum dari derajat keanggotaan  $A$  dan  $B$ .

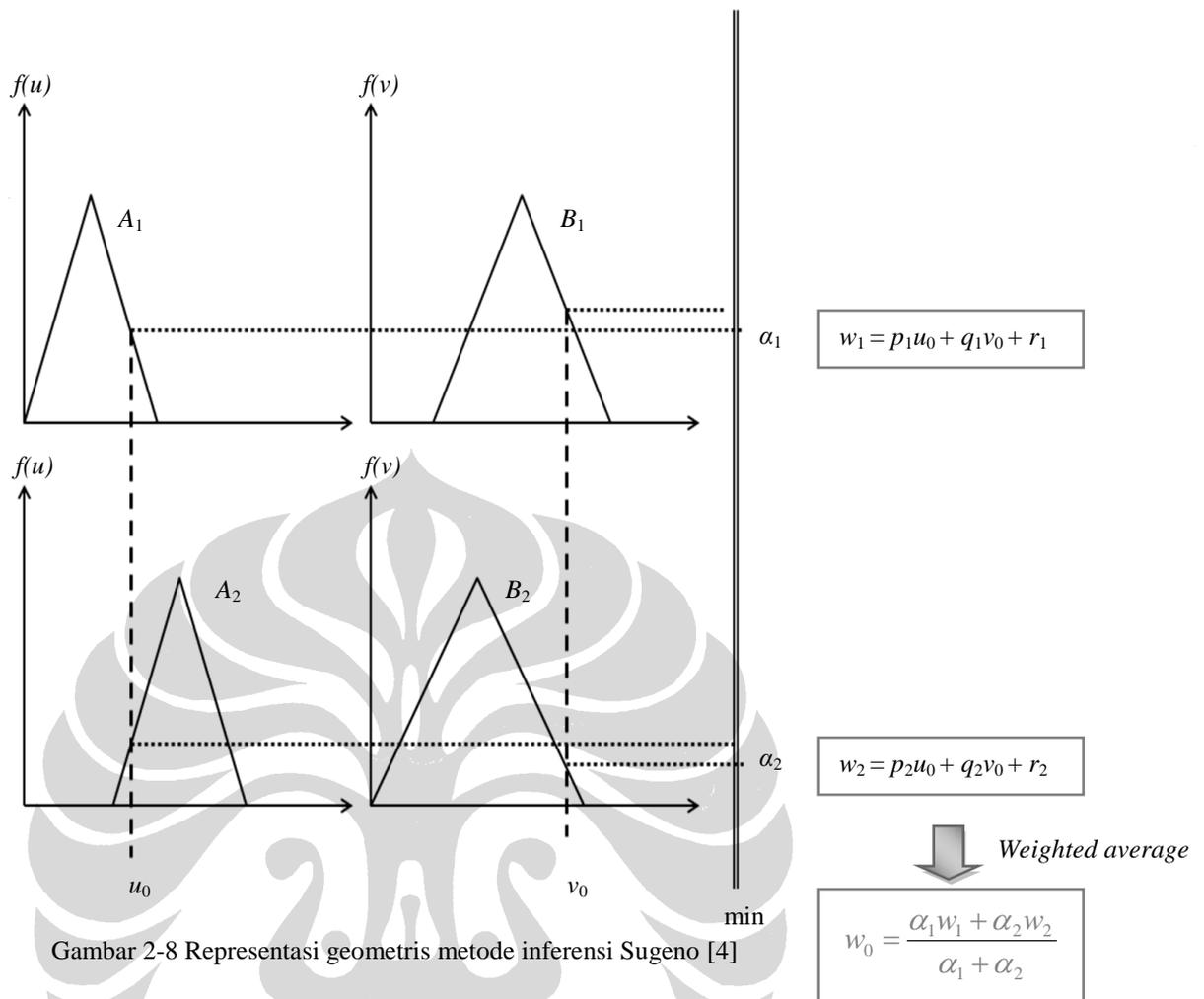
$$\alpha_i = f(u_0)_{A_i} \wedge f(v_0)_{B_i}$$

Semua derajat kemiripan aturan *fuzzy* tersebut adalah nilai yang *crisp*. Setelah itu, dilakukan agregasi hasil dengan menghitung *weighted average*. Metode ini tidak memerlukan waktu untuk melakukan defuzzifikasi karena hasil akhirnya  $w_0$  adalah suatu nilai yang *crisp*. Proses lebih ringkas dapat dilihat pada Gambar 2-8. Keuntungan menggunakan metode Sugeno, antara lain [5]:

- Efisien secara komputasi
- Bekerja dengan baik dalam teknik linier
- Bekerja dengan baik dalam optimisasi dan teknik adaptif
- Menjamin kontinuitas dari permukaan keluaran
- Cocok untuk analisis matematika

Untuk metode inferensi *fuzzy* Sugeno, teknik defuzzifikasi yang dapat dilakukan antara lain:

- *Weighted average*
- *Weighted sum*

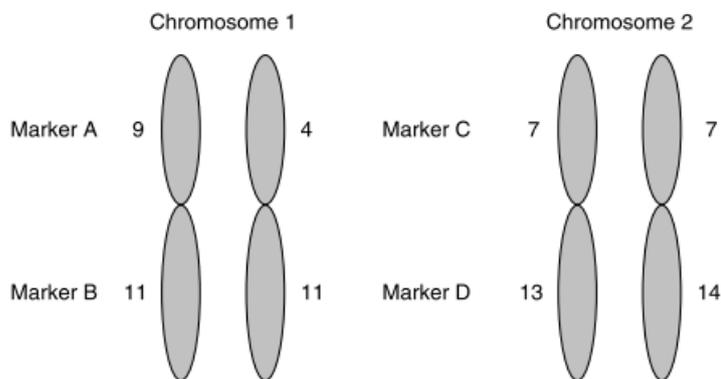


Gambar 2-8 Representasi geometris metode inferensi Sugeno [4]

## 2.9. DNA

DNA (Deoxyribonucleic acid) merupakan materi genetik yang menyimpan informasi unik setiap individu. DNA berbentuk heliks ganda. Dalam DNA manusia terdapat 23 pasang kromosom, dimana 22 pasang kromosom disebut autosom sedangkan sisanya disebut kromosom seks (XX atau XY). Orang tua (ayah atau ibu) menurunkan satu atau dua set kromosom kepada anaknya. Oleh karena itu, seorang anak memiliki satu set kromosom yang berasal dari ayah atau ibunya, dan satu set kromosom lainnya dari ayah atau ibunya juga [7]. Dikarenakan oleh DNA manusia yang berpasangan, maka setiap individu memiliki dua salinan dari setiap sekuens DNA, kecuali kromosom seks. Setiap

salinan dari sekuens tertentu disebut *allele* [7]. Jika kedua *alleles* sama disebut genotip homozigot untuk sekuens tersebut, sedangkan bila berbeda disebut heterozigot.



Gambar 2-9 Diagram yang menggambarkan profil DNA pada empat *markers* [7]

Keterangan gambar:

*Marker A:*

*Alleles* 4 dan 9

Genotip 4, 9

Heterozigot

*Marker B:*

Dua salinan *alleles* 11

Genotip 11, 11

Homozigot

Profil DNA Individu:

*Marker A* 4, 9

*Marker B* 11, 11

*Marker C* 7, 7

*Marker D* 13, 14

*Marker C:*

Dua salinan *alleles* 7

Genotip 7, 7

Homozigot

*Marker D:*

*Alleles* 13 dan 14

Genotip 13, 14

Heterozigot

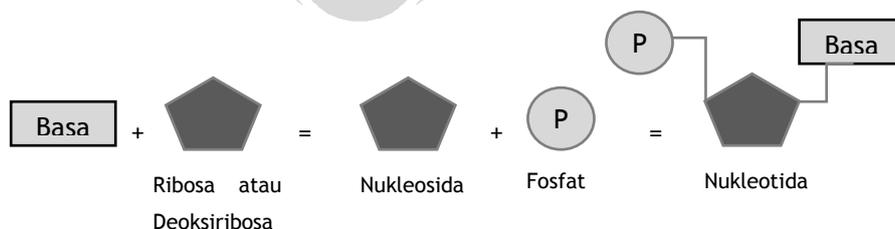
Dalam sel manusia DNA berada dalam inti dan di dalam mitokondria sel. Berdasarkan sumber keberadaannya tersebut, DNA dibagi menjadi dua tipe yaitu *nuclear DNA* dan *mitochondrial DNA*. Pada umumnya, setiap sel memiliki satu nukleus dan sepasang sampai ratusan pasang mitokondria, jumlahnya bisa mencapai 100.000 pasang [7]. Besarnya jumlah mitokondria ini tergantung dari energi yang diperlukan sel untuk melakukan fungsionalitas tubuh seperti pertumbuhan, perkembangan jaringan tubuh, metabolisme, dan lain-lain. Terdapat

**Universitas Indonesia**

pula sel yang tidak memiliki inti maupun mitokondria sel. Contoh sel tersebut (yang masih berkaitan dengan forensik) adalah sel darah merah [7]. Oleh karena itu, pada sampel DNA yang berasal dari darah yang dipergunakan adalah sel darah putih yang memiliki inti sel.

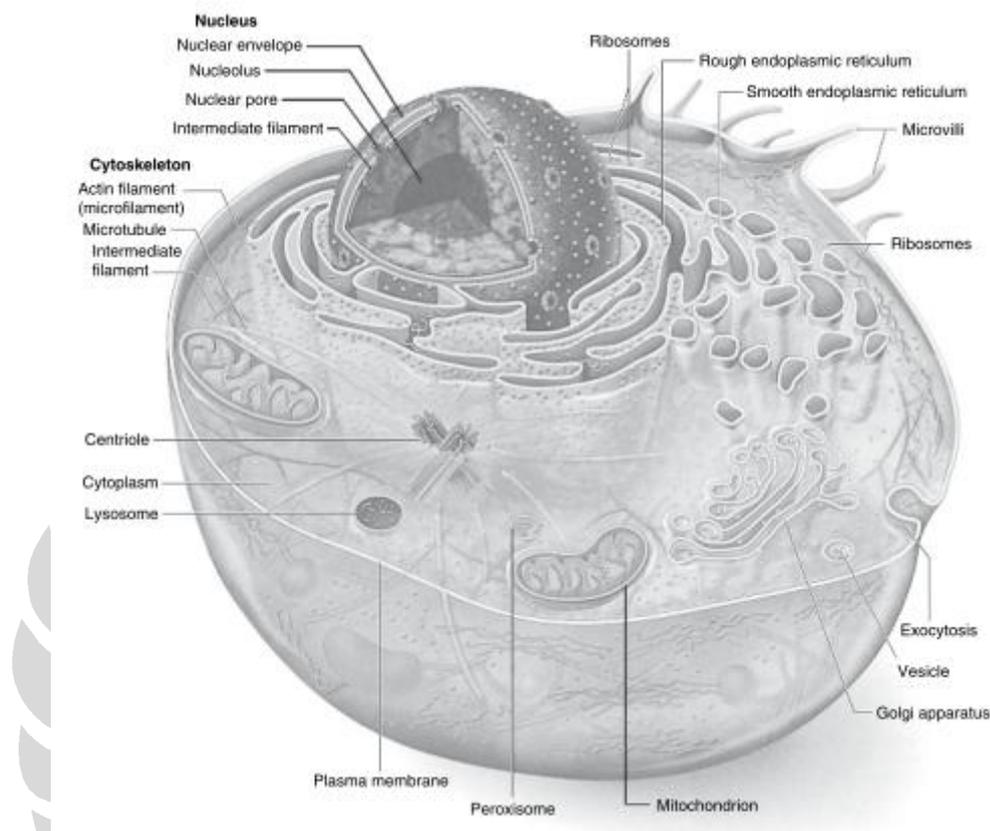
*Nuclear DNA* merupakan DNA yang berada dalam inti setiap sel individu, terdapat di dalam kromosom. *Mitochondrial DNA* yang memiliki peranan penting dalam pertumbuhan individu dapat digunakan untuk identifikasi dalam bidang forensik juga. Mitokondria lebih dikenal dengan fungsinya menyediakan energi dalam sel sehingga dalam melakukan fungsi khususnya. Seperti *nuclear DNA*, gen mitokondria memproduksi protein yang penting untuk pertumbuhan dan *mitochondrial DNA* juga dapat diturunkan dari generasi ke generasi [7]. Walau *mitochondrial DNA* dapat digunakan untuk identifikasi individu, akan tetapi yang sering digunakan adalah *nuclear DNA* karena *nuclear DNA* lebih beragam, sehingga lebih unik terhadap setiap individu.

Cetakan tempat DNA dibuat disebut nukleotida. Nukleotida mengandung basa nitrogen, suatu molekul gula deoksiribosa dan sekelompok fosfat [7]. Setiap nukleotida dalam DNA mengandung satu dari empat basa berikut: adenine, cytosine, guanine, atau thymine, yang biasa diberi simbol A, C, G, atau T. Sekuens dari A, C, G dan T berbeda antara satu orang dengan orang lainnya [7]. Perbedaan sekuens inilah yang akan berguna untuk *DNA profiling* (tes DNA) dan akan dijelaskan pada subbab 2.10.



Gambar 2-10 Nukleotida yang merupakan cetakan tempat DNA dan RNA dibuat [7]

Gambar 2-11 adalah gambar sel hewan pada umumnya, tempat dimana terdapat DNA.



Gambar 2-11 Sel hewan pada umumnya, menggambarkan inti sel (nukleus) dan mitokondria [7]

### 2.10. DNA Profiling (Tes DNA)

Gen membuat cetak biru dari tubuh kita, menentukan faktor seperti pertumbuhan, perkembangan, serta bermacam-macam kegiatan fungsional tubuh. Hampir setiap sel dalam tubuh manusia mengandung salinan cetak biru tersebut, disimpan dalam sebuah kantong khusus yang disebut nukleus (inti sel). Terdapat sekitar 30.000 gen yang tersebar sepanjang helaian yang terikat dalam zat kimia yang disebut *deoxyribunucleic acid* (DNA). Bagian tertentu dari DNA unik untuk setiap individu sehingga dapat membedakan satu individu dengan individu lainnya. *DNA profiling* atau tes DNA merupakan suatu cara untuk mengidentifikasi individu [1].

Kegunaan *DNA profiling* dalam identifikasi manusia, antara lain [8],[9]:

1. Berbagai macam tes hubungan kekerabatan antar-individu misalnya tes paternitas (untuk memeriksa apakah seseorang merupakan ayah biologis dari orang lainnya), tes maternitas (untuk memeriksa apakah seseorang merupakan ibu biologis dari orang lainnya), tes untuk memeriksa kembar identik atau bukan, tes untuk memeriksa hubungan kakak-adik (*siblingship*), atau tes pemeriksaan keturunan.
2. Imigrasi, beberapa pembuatan visa membutuhkan bukti hubungan kekerabatan
3. Kasus forensik
4. Pengembangan basisdata DNA
5. Identifikasi individu yang hilang, individu yang terkena dampak bencana alam, atau korban kejahatan
6. Monitoring transplantasi organ tubuh
7. Pemetaan penyakit turunan
8. Mempelajari keanekaragaman populasi manusia

Bagian atau daerah yang unik terhadap satu individu dalam DNA, terdiri dari dua *genetic type (allele)* yang diwarisi dari kedua orang tua tersebut [8]. Profil DNA seseorang dibuat dengan menginvestigasi sejumlah bagian ini. Dalam tes paternitas misalnya, profil DNA seorang ibu dibandingkan dengan anaknya untuk mencari bagian mana yang diperoleh dari ibunya. Bagian lainnya kemudian dibandingkan dengan *allele* profil DNA terduga ayahnya. Jika profil DNA tersebut cocok, maka *allele* tersebut akan diperhitungkan dan sebaliknya. Setelah proses penghitungan ini selesai dapat dianalisis apakah besar (lebih dari 99 persen) bahwa terduga ayah tersebut adalah ayah biologisnya. Tes DNA seperti ini tidak dapat menawarkan bukti seratus persen [8].

Sampel DNA bisa diperoleh dari berbagai sampel biologis manusia, akan tetapi yang umumnya digunakan berasal dari darah, sperma, air liur, urin, rambut, gigi, tulang dan jaringan tubuh [2]. Pada referensi lain disebutkan bahwa sampel DNA juga dapat diperoleh dari usapan kapas pada mulut bagian dalam (*buccal swab*)

**Universitas Indonesia**

dan kuku [1]. Terdapat kasus dimana seorang terduga bersalah mengelabui pihak penyidik yang melakukan tes DNA dengan melakukan transplantasi organ, transfusi darah atau penambahan senyawa kimia tertentu sehingga profil DNA-nya menjadi berubah. Oleh karena itu, walau DNA unik untuk tiap individu akan tetapi pada proses tes DNA diperlukan kehati-hatian yang cukup tinggi dan metode yang tepat.

Tes DNA saat ini sudah dapat dijadikan sebagai bukti dalam pengadilan, akan tetapi masih terdapat keterbatasan yang dapat dijadikan sebagai senjata untuk mematahkan bukti tersebut. Berikut adalah keterbatasan dalam tes DNA [8]:

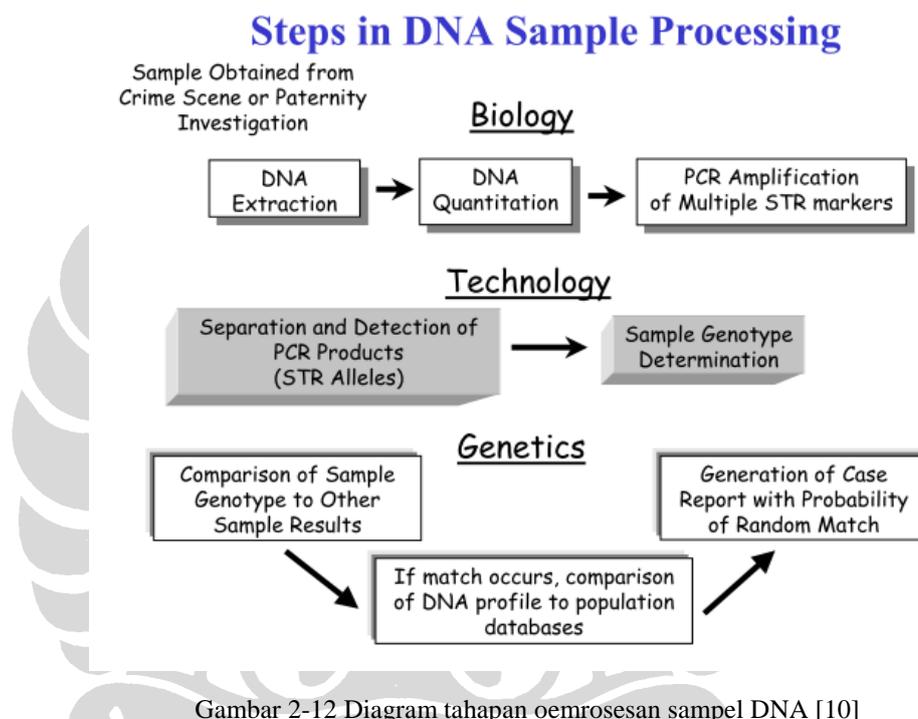
1. Teknologi dalam tes DNA terkini dapat memberikan hasil yang salah, dikarenakan oleh terjadinya kontaminasi pada sampel DNA.
2. Pada teknologi tes DNA terdahulu lebih mudah terjadi kesalahan yang dapat memberikan hasil negatif salah atau positif salah.
3. Profil DNA hanya dapat memberikan kemungkinan statistik, (misalnya satu dalam satu juta), daripada kepastian yang mutlak.
4. Semakin banyak orang yang dites, semakin rendah probabilitas statistiknya sehingga diperlukan data yang sangat banyak.
5. Teknologi ini mungkin mudah disalahgunakan. Sebagai contoh yaitu oleh perusahaan atau pihak asuransi, jika mereka mempunyai akses terhadap informasi (akan tetapi hal ini mungkin terjadi jika marker yang digunakan pada profil DNA adalah yang berhubungan dengan penyakit genetika, jadi memungkinkan adanya diskriminasi).
6. Basisdata yang disimpan dalam komputer dapat disalahgunakan oleh *hackers*.
7. DNA *evidence* pada tempat kejadian perkara dapat dipalsukan (seperti yang disebutkan pada kasus sebelumnya).

Umum diketahui bahwa tidak ada suatu teknologi pun yang sempurna, selalu terdapat kekurangan atau keterbatasan yang dapat dijadikan senjata untuk menyerang balik. Tetapi, keterbatasan merupakan kunci perbaikan dimasa mendatang. Dengan mengetahui segala keterbatasan tentang teknologi DNA saat

ini, maka di masa mendatang teknologi dapat semakin lebih baik dalam membantu hidup manusia.

### 2.11. Tahapan Pemrosesan Sampel DNA

Tahapan pemrosesan sampel DNA dibagi menjadi tiga yaitu tahapan biologi, tahapan teknologi dan tahapan genetika. Tahapan ini dapat dilihat secara singkat pada Gambar 2-12.



Gambar 2-12 Diagram tahapan pemrosesan sampel DNA [10]

Berikut adalah penjelasan tahapan diagram Gambar 2-12 [11]:

#### 1. Biologi

Pada tahap ini dilakukan pengumpulan materi biologis dari tempat kejadian perkara atau hasil investigasi hubungan kekerabatan dengan orang tua. Pertama kali dilakukan ekstraksi DNA dari sumber materi biologis, kemudian dilakukan quantifikasi untuk menghitung banyaknya DNA berhasil dipulihkan. Setelah dilakukan pemisahan DNA dari selnya (ekstraksi DNA), daerah tertentu dari DNA tersebut disalin dengan menggunakan teknik yang disebut *polymerase chain reaction* (PCR). PCR memproduksi jutaan salinan

dari setiap segmen dalam DNA sehingga dapat dihasilkan jumlah DNA yang cukup untuk diuji. Berbagai macam daerah STR dapat diuji secara bersamaan sehingga dapat meningkatkan jumlah informasi yang diperoleh dari tes DNA.

## 2. Teknologi

Hasil dari PCR kemudian dipisahkan dan dideteksi agar dapat menggolongkan daerah STR yang akan diteliti. Metode pemisahan yang digunakan saat ini menggunakan *slab gel* dan *capillary electrophoresis* (CE), sedangkan metode deteksi yang digunakan adalah metode *Flourescence*. Metode ini meningkatkan sensitifitas dan memudahkan pengukuran PCR, memperbesar STR alleles. Setelah mendeteksi STR *alleles*, jumlah pengulangan dalam rantai DNA dapat diketahui, proses ini dikenal dengan sebutan *sample genotyping*. Selain teknologi yang telah disebutkan tersebut, basisdata DNA juga merupakan alat bantu yang berharga dan memiliki peranan penting dalam upaya penegakan hukum.

## 3. Genetika

Hasil dari profil DNA yang merupakan kombinasi dari STR genotip individu kemudian dibandingkan dengan sampel lain. Dalam kasus forensik, sampel-sampel lain ini termasuk sampel referensi seperti korban atau individu terduga bersalah kemudian dibandingkan dengan fakta di tempat kejadian perkara. Dengan penyelidikan paternitas, genotip anak akan dibandingkan dengan kedua orang tuanya. Jika tidak ada kemiripan antara sampel yang masih dipertanyakan tersebut dengan sampel lain yang sudah diketahui, maka mungkin disimpulkan sampel tersebut berasal dari sumber yang berbeda. Jika terdapat kemiripan, maka akan dilakukan perbandingan antara profil DNA dengan basisdata populasi. Akhirnya laporan tentang kasus yang terjadi atau hasil dari tes paternitas akan di-*generate*. Laporan ini biasanya memiliki *random match probability* untuk kemiripan yang masih menjadi pertanyaan.

### 2.12. Analisis STR

Seiring dengan perkembangan teknologi dan ilmu pengetahuan, metode untuk analisis DNA juga semakin berkembang. Berberapa metode yang dapat dipakai

Universitas Indonesia

untuk menganalisis profil DNA, antara lain: analisis Restriction Fragment Length Polymorphism (analisis RFLP), analisis PCR, analisis Short Tandem Repeat (STR), Amplified Fragment Length Polymorphism (AmpFLP), analisis kromosom-Y, dan analisis mitokondria. Pada penelitian ini metode analisis DNA yang digunakan adalah analisis STR karena profil DNA yang dipergunakan Pusdokkes Polri untuk identifikasi individu berdasarkan penghitungan STR.

STR adalah pola berulang dari dua atau lebih nukleotida yang memiliki urutan yang sama tanpa adanya nukleotida lain yang mengintervensi (berada ditengahnya) [7]. Contoh kasusnya ketika ada sebuah *dinucleotide repeat*, dimana ada dua basa yang berulang beberapa kali (misal: CA). Rantai DNA-nya dapat berbentuk sebagai berikut:

$$\begin{array}{l} 5'—CTAGCTACTGCACACACACACACACACGTGCCGATGC—3' \\ 3'—GATCGATGACGTGTGTGTGTGTGTGTGCACGGCTACG—5' \end{array}$$

Maka nilai *allele* untuk *marker* tersebut adalah delapan, karena ada delapan pengulangan *dinucleotide repeat* [7]. Contoh hasil STR yang dimiliki ayah, ibu dan anaknya dapat dilihat pada Tabel 2-2.

Tabel 2-2 Contoh STR yang dimiliki suatu keluarga

SampleCode	08002_F (ayah)	08002_C (anak)	08002_M (ibu)
AMEL	X	X	X
	Y	Y	X
CSF1PO	12	11	11
	12	12	12
D13S317	8	10	12
	10	13	13
D16S539	9	9	13
	11	13	14
D18S51	14	16	16
	16	16	16
D19S433	9	9	14
	13	14	15.2
D21S11	28	31.2	31.2
	32	32	32

D2S1338	19	19	20
	25	22	22
D3S1358	16	17	16
	18	18	17
D5S818	12	7	7
	13	13	13
D7S820	11	11	11
	12	12	11
D8S1179	15	13	13
	16	16	14
FGA	21	20	20
	23	23	21
TH01	6	7	5
	7	9	9
TPOX	8	9	11
	9	13	13
vWA	16	14	14
	17	17	14

Analisis short tandem repeat (STR) adalah sebuah analisis forensik untuk mengevaluasi daerah tertentu (*loci*) yang ditemukan dalam *nuclear DNA* [12]. Polimorfisme (dari bahasa Latin poly = banyak dan morph = bentuk) dari STR dianalisis sehingga dapat membedakan antara profil DNA yang satu dengan lainnya. Sebagai contoh, kemungkinan terdapat kemiripan antara dua individu yang bukan merupakan kembar identik dapat mencapai satu antara satu juta orang atau lebih [12].

Pada tahun 1998-1999, The Federal Bureau of Investigation (FBI) telah memilih tiga belas *loci* STR tertentu yang menjadi standar untuk CODIS (Combined DNA Index System) [7]. Tujuan pembuatan hal tersebut adalah untuk menjamin bahwa semua laboratorium forensik memiliki basisdata DNA yang sama, dan yang paling penting adalah untuk berbagi informasi [12]. Ketiga belas *loci* tersebut dapat dilihat pada Tabel 2-3 nomor 1 – 13. Saat ini, jumlah STR *marker* telah

ditambahkan yaitu *locus* D19S433, D2S1338, serta Amelogenin untuk membedakan jenis kelamin (Tabel 2-3 nomor 14 – 16).

Tabel 2-3 Autosomal STR marker (*loci*) yang digunakan pada profil DNA manusia Indonesia

No.	Nama Locus (Marker)	Pola berulang (ISFG Format)
1.	CSF1PO	[TAGA] <sub>n</sub>
2.	FGA	[CTTT] <sub>n</sub>
3.	TH01	[TCAT] <sub>n</sub>
4.	TPOX	[GAAT] <sub>n</sub>
5.	vWA	[TCTG][TCTA]complex
6.	D21S11	[TCTA][TCTG]complex
7.	D3S1358	[TCTG][TCTA]complex
8.	D5S818	[AGAT] <sub>n</sub>
9.	D7S820	[GATA] <sub>n</sub>
10.	D8S1179	[TCTA][TCTG]complex
11.	D13S317	[TATC] <sub>n</sub>
12.	D16S539	[GATA] <sub>n</sub>
13.	D18S51	[AGAA] <sub>n</sub>
14.	D19S433	[AAGG] <sub>n</sub>
15.	D2S1338	[TGCC][TTCC]complex
16.	Amelogenin	NA (6bp deletion on X-chromosome)

Kurung siku dan angka *n* huruf kecil yang berada dibawah (*subscript*) menandakan bahwa sekuens berulang sebanyak *n* kali. *Subscript* “*n*” berarti bahwa elemen tersebut berulang dengan jumlah yang berbeda pada orang yang berbeda, maka dapat dijadikan sebagai basis untuk polimorfisme.

### 2.13. STR\_MatchSamples

STR\_MatchSamples merupakan suatu perangkat lunak berbasis Microsoft Excel yang dikembangkan oleh NIST Forensics/Human Identity Project Team [13].

Universitas Indonesia

Program ini dilengkapi dengan *macro* sehingga Pengguna hanya memasukkan nilai STR saja, kemudian sistem dapat melakukan penghitungan nilai kemiripan secara otomatis. Sistem ini didesain untuk membandingkan profil DNA yang berasal dari *electropherograms* yang diproses dengan perangkat lunak yang berbeda (biasanya berbeda “*Expert Systems*”) dan untuk himpunan sampel yang sama tetapi dianalisa pada waktu yang berbeda, dengan analisis yang berbeda, menggunakan *multiplexes* yang berbeda, dan lain-lain. Sistem ini juga terbukti berguna untuk mengevaluasi profil DNA dari individu yang memiliki hubungan kekeluargaan misalnya hubungan ayah-anak. Antarmuka sistem ini dapat dilihat pada Gambar 2-13.

STR\_MatchSamples memiliki sembilan lembar kerja, tetapi yang digunakan untuk analisis nilai kemiripan pada penelitian tugas akhir ini hanya lima lembar kerja, yaitu:

1. ControlPanel: Semua perintah untuk menjalankan STR\_MatchSamples berada dalam lembar kerja ini. Saat ini hanya terdapat enam perintah yang dapat diakses pada lembar kerja ini, antara lain: ReadMe, Clear, Add Data, Check Data, Best Match, Exit. Penjelasan lebih lanjut terdapat pada LAMPIRAN 1.
2. Data: Lembar kerja ini terdiri dari data yang sudah di-load
3. RepDetail: Pada lembar kerja ini terdapat data setiap profil yang dilengkapi dengan daftar sepuluh profil DNA yang tidak mirip dengan profil tersebut, tetapi memiliki nilai kemiripan paling tinggi dibandingkan profil DNA tidak mirip lainnya.
4. RepSummary: Pada lembar kerja ini terdapat data setiap profil yang dilengkapi dengan daftar dua profil DNA yang tidak mirip dengan profil tersebut, tetapi memiliki nilai kemiripan paling tinggi dibandingkan profil DNA tidak mirip lainnya.

5. RepProfile: Pada lembar kerja ini terdapat data setiap profil DNA yang tidak memiliki kemiripan tinggi beserta rincian data satu profil DNA lainnya yang memiliki nilai tertinggi diantara profil DNA tidak mirip lainnya.

Data yang dijadikan perbandingan dari hasil program ini setelah dijalankan adalah data besarnya presentase kemiripan keseluruhan *allele*. Data ini dapat mencerminkan besarnya kemiripan suatu profil dengan yang lainnya. Cara menghitung besarnya kemiripan tersebut adalah seperti rumus berikut:

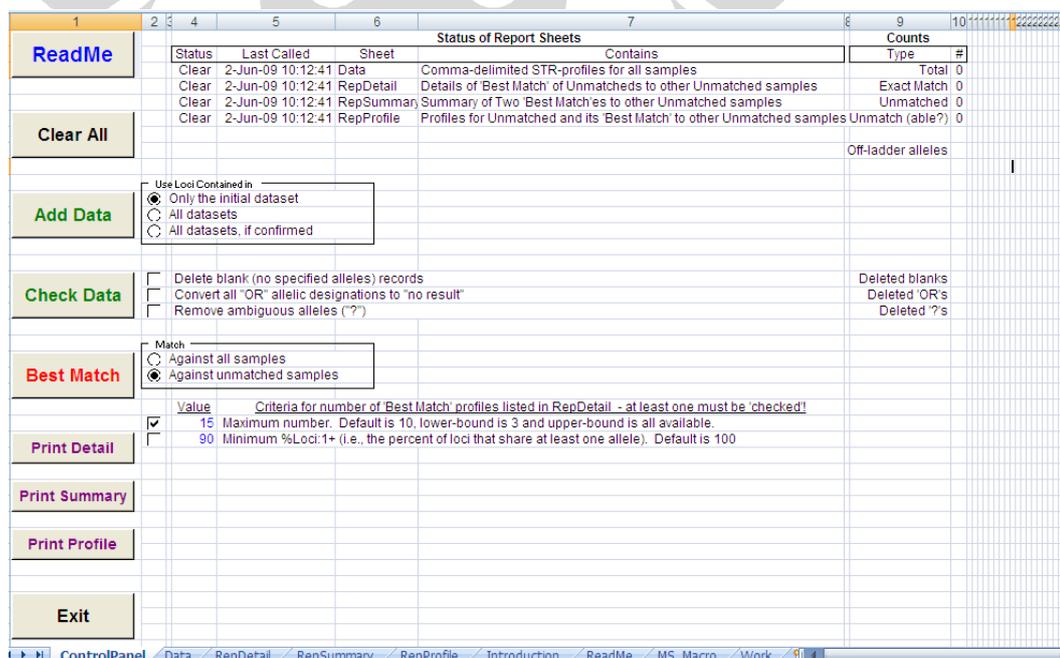
$$k(\%) = \frac{\sum sa}{\sum al}$$

dimana  $k$  = besarnya nilai kemiripan (dalam persen),

$sa$  = jumlah *allele* yang mirip untuk setiap *locus*

$al$  = jumlah keseluruhan *allele* dalam satu *locus*, jika dalam satu *locus* terdapat *allele* yang homozigot, maka *allele* dalam *locus* tersebut dihitung satu. Jika heterozigot maka jumlah *allele* tersebut adalah dua.

Informasi mengenai program ini lebih jelas dapat dilihat pada LAMPIRAN 1.



Gambar 2-13 Antarmuka program STR\_MatchSamples

Universitas Indonesia