

# Pengenalan Gangguan Ginjal Melalui Iridologi Menggunakan *Hidden Markov Model* (HMM)

Reza Satria Rinaldi<sup>1\*</sup>, Wagiasih<sup>1\*\*</sup>, Ika Novia Anggraini<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Teknik Elektro Fakultas Teknik Universitas Bengkulu

\*E-mail: reza\_s\_r@unib.ac.id, \*\*E-mail: wagiasih87@gmail.com

## ABSTRACT

Iridology has not been widely applied for the recognition of kidney disorders. Identification of kidney disorders through iris image using iridology chart, can make it easier to make diagnosis to find out about kidney disorders. The method used in the process of recognition of kidney disorders through iridology is the *Hidden Markov Model* (HMM) method, with a HMM parameter determination system using the calculation of the koefisien Singular Value Decomposition (SVD) coefficient. The size of the codebook used is 7, i.e. 16, 32, 64, 128, 256, 512 and 1024. Different sizes of codebooks will result in different recognition times. The time needed will be longer when the size of the codebook is getting bigger. The accuracy of the process of recognition of kidney disorders through iridology using the HMM method in this study is 68.75% for codebook 16, 87.5% for codebook 32, 100% for codebook 128 and 100% for codebook 512.

**Keywords :** *iridology, codebook, image processing, singular value decomposition (SVD), Hidden Markov Model (HMM).*

## ABSTRAK

Iridologi belum banyak diaplikasikan untuk pengenalan gangguan ginjal. Pengenalan penyakit ginjal melalui citra iris mata menggunakan chart iridologi, dapat mempermudah dalam melakukan diagnosis untuk mengetahui adanya gangguan ginjal. Metode yang digunakan dalam proses pengenalan gangguan ginjal melalui iridologi adalah metode *Hidden Markov Model* (HMM), dengan sistem penentuan parameter HMM menggunakan perhitungan koefisien *Singular Value Decomposition* (SVD). Ukuran *codebook* yang digunakan ada 7, yaitu 16, 32, 64, 128, 256, 512 dan 1024. Ukuran *codebook* yang berbeda akan menghasilkan waktu pengenalan yang berbeda. Waktu yang dibutuhkan akan semakin lama ketika ukuran *codebook* semakin besar. Akurasi proses pengenalan gangguan ginjal melalui iridologi menggunakan metode HMM pada penelitian ini adalah 68.75% untuk *codebook* 16, 87.5% untuk *codebook* 32, 100% untuk *codebook* 128 dan 100% untuk *codebook* 512.

**Kata kunci:** *iridologi, codebook, pengolahan citra, singular value decomposition (SVD), Hidden Markov Model (HMM).*

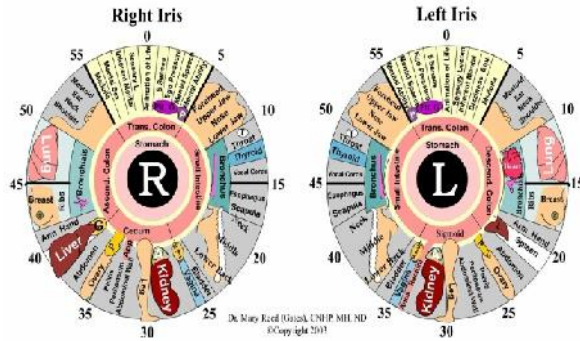
## 1. PENDAHULUAN

Penderita Gangguan ginjal tidak dapat diketahui secara langsung dan gejala yang ditimbulkan sering kali diabaikan. Hal ini menyebabkan banyaknya penderita gangguan ginjal di Indonesia. Pada tahun 2013 ada 504.248 jiwa yang menderita gagal ginjal kronis [1]. Keadaan ini menunjukkan bahwa penderita gangguan ginjal di Indonesia masih sangat tinggi. Penyebabnya tidak hanya dari pola hidup yang kurang mengonsumsi air, namun kurangnya kesadaran untuk mengetahui gejala-gejala gangguan ginjal dan memeriksakan keadaan ginjal.

Iridologi adalah ilmu yang mendiagnosis berbagai penyakit sistemik melalui analisis warna, struktur, karakteristik, dan perubahan iris pada mata manusia. Sebuah penelitian melakukan analisis terhadap total 36 kajian terkait iridologi yang diterbitkan tahun 1980 hingga 2012. Berdasarkan hasil penelitian tersebut, kajian tentang hubungan susunan iris dengan penyakit memiliki hasil yang signifikan. Karakteristik iris secara struktural berhubungan dengan kepribadian tertentu [2].

Sebuah penelitian yang bertujuan untuk mengembangkan basis data gangguan usus besar berdasarkan peta iridologi telah dilakukan. Subjek untuk memverifikasi basis data adalah sejumlah sukarelawan mahasiswa secara acak. Setelah sistem memperoleh hasil, subjek divalidasi melalui pemeriksaan medis di rumah sakit. Persentase kesalahan basis data iris untuk gangguan usus besar sebesar 8%. Basis data iris ini diusulkan untuk membantu dokter dalam mendeteksi gangguan usus besar menggunakan pengolahan citra. Untuk mendapatkan hasil yang lebih baik, diperlukan lebih banyak basis data iris [3].

Sebuah sistem untuk mengidentifikasi iris mata individu dilakukan dengan memanfaatkan metode *Hidden Markov Model* (HMM). Uji coba menggunakan 50 buah citra mata kanan dari 10 individu yang berbeda. Tingkat keberhasilan dihitung dengan memvariasikan ukuran *codebook* dan jumlah *ujiing* masing-masing citra iris mata. Tingkat akurasi yang dihasilkan untuk jumlah *ujiing* 3 sebesar 95% pada ukuran *codebook* 32 dan



Gambar 1. Chart Iridologi [8]

100% pada ukuran *codebook* 64. Untuk jumlah *ujiing* 4, tingkat akurasi yang dihasilkan sebesar 100% pada ukuran *codebook* 32 dan 64 [4].

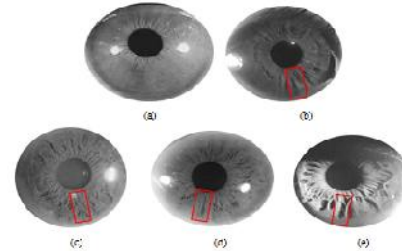
Penelitian untuk memvalidasi penggunaan iridologi untuk mendiagnosis kelainan ginjal telah dilakukan. Dalam penelitian dilakukan evaluasi terhadap dua kelompok subjek, yaitu 168 subjek yang tanpa kelainan ginjal dan 172 subjek dengan gagal ginjal kronis. Analisis wavelet dan sistem inferensi Neuro-Fuzzy Adaptif digunakan dalam memproses dan mengklasifikasikan citra iris. Hasil penelitian menunjukkan tingkat kebenaran diagnosis sebesar 82% untuk subjek dengan gagal ginjal kronis dan sebesar 93% untuk subjek yang tanpa kelainan ginjal [5].

Berdasarkan penelitian-penelitian di atas, maka gangguan ginjal dapat juga didiagnosis menggunakan iridologi. Dalam penelitian ini, diagnosis gangguan ginjal dilakukan menggunakan pengolahan citra terhadap iris mata. Citra iris mata digitalisasi dan selanjutnya diolah dengan menggunakan metode HMM untuk proses analisis hasil.

## 2. MATERIAL DAN METODE

### A. Iridologi

Iridologi telah ada selama sekitar 100 tahun. Meskipun demikian, masih banyak kontroversi terkait kegunaannya dalam menentukan masalah kesehatan [6]. Terdapat 2 hipotesis utama iridologi. Pertama, "Iris terlihat melalui perubahan pigmen dan struktur, kondisi abnormal jaringan dalam tubuh manusia. Kedua, "Iris secara reflect sesuai dengan topografi organisasi sistematis jaringan utama tubuh [7]. Chart Iridologi seperti pada Gambar 1, digunakan oleh praktisi iridologi. Iris kanan (*right iris*) digunakan untuk mendiagnosis jaringan tubuh sebelah kanan dan iris kiri (*left iris*) digunakan untuk mendiagnosis jaringan tubuh sebelah kiri.



Gambar 2. Sampel Pengujian (a) Sampel Normal (b) Sampel KM Mata Kanan (c) Sampel BG Mata Kanan (d) Sampel GGK Mata Kiri (e) Sampel GGA mata Kiri

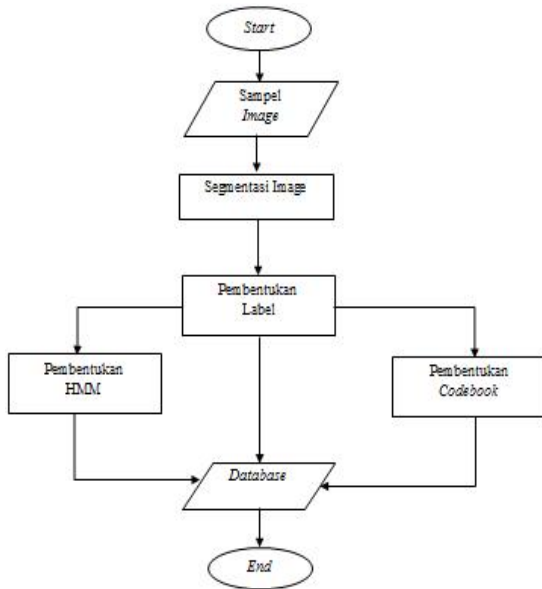
### B. Sampel Pengujian

Gangguan ginjal sering terjadi akibat dari ginjal yang sudah tidak berfungsi dengan normal. Beberapa gangguan ginjal yang sering terjadi adalah sebagai berikut [9]:

1. Gagal Ginjal Kronik (GGK)
2. Gagal Ginjal Akut (GGA)
3. Diabetes Mellitus (DM)
4. Batu Saluran Kemih (BSK)

Pada Gambar 2. dapat dilihat sampel pengujian citra iris mata. Penentuan sampel ini didasarkan pada 2 hal, yaitu sampel diambil dari orang yang menderita gangguan ginjal dan berdasarkan chart iridologi. Gangguan ginjal ditunjukkan pada bagian kotak merah. Sampel pada Gambar 2.(a) merupakan sampel mata normal normal, yaitu yang tidak mengalami gangguan ginjal. Pada iris normal tidak terdapat kerusakan atau garis-garis. Sampel pada Gambar 2.(b) merupakan sampel mata dengan gangguan kencing manis (KM) atau diabetes mellitus (DM). Kerusakan pada sampel iris ini hanya berupa lipatan-lipatan. Untuk gangguan batu ginjal (BG) atau batu saluran kemih (BSK), kerusakan iris dapat dilihat pada Gambar 2.(c) dan untuk iris mata dengan gangguan gagal ginjal dapat dilihat pada Gambar 2.(d) dan (e), dapat dilihat pada iris kerusakannya parah dan seperti terbentuk lubang-lubang. Semua sampel iris mata pada Gambar 2.(b)-(e) merupakan sampel yang diambil dari orang yang menderita gangguan ginjal. Pasien-pasien tersebut memang sudah terdiagnosa sebagai penderita gangguan ginjal.

Sampel yang digunakan merupakan citra grayscale dari iris mata sebenarnya. Citra adalah representasi, kemiripan atau imitasi dari suatu objek atau benda. Citra terbagi 2 yaitu ada citra yang bersifat analog dan ada citra yang bersifat digital. Citra analog adalah citra yang bersifat kontinu seperti gambar pada monitor televisi, foto sinar X, hasil CT Scan dan lain-lain. Sedangkan pada citra digital adalah citra yang dapat diolah oleh



Gambar 3. Diagram Alir Pembentukan Basis Data



Gambar 4. Tampilan Proses Pelabelan

komputer [10]. *Grayscale* merupakan proses mengubah citra warna menjadi citra dengan skala keabuan digunakan dalam *image processing* untuk menyederhanakan model citra agar berukuran lebih kecil dibandingkan dengan citra sebelumnya. Citra hasil *grayscale* memiliki format *grayscale* 8 bit ( $2^8=256$  derajat keabuan) yang memiliki level intensitas yang sama untuk tiap-tiap layernya [11]

### C. Basis Data

Basis data (*database*) merupakan data yang akan digunakan sebagai acuan pada saat proses pengenalan gangguan ginjal saat pengujian. Basis data dapat terbentuk dengan melakukan beberapa tahap, yaitu pelabelan, pembentukan *codebook* dan pembentukan HMM. Masing-masing tahapan tersebut akan menghasilkan basis data, yaitu basis data sampel, basis data *codebook* dan basis data HMM. Diagram alir pembentukan basis data dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 5. Tampilan GUI pembentukan *codebook*

### D. Pembentukan Label

Proses pelabelan akan dilakukan di Matlab dengan menggunakan GUI Matlab. Pada program pelabelan terdapat tiga *input*, yaitu nomor label, nomor *ujiing* dan nama label. Tampilan proses pelabelan dapat dilihat pada Gambar 4.

Pada proses pelabelan, *input* gambar iris adalah iris dalam bentuk *grayscale* dan *output* yang dihasilkan adalah data matrik dari iris yang sudah dalam bentuk polarisasi. Data matrik yang dihasilkan akan disimpan dalam bentuk *\*.mat* dan dijadikan sebagai *basis data* untuk proses selanjutnya.

### E. Pembentukan *Codebook*

Pembentukan *codebook* bertujuan untuk membandingkan *output* pengenalan gangguan ginjal, yaitu sebagai pembanding dengan mengubah ukuran dari *codebook* itu sendiri. Pada penelitian ini, ukuran *codebook* yang akan digunakan ada 7, yaitu 16, 32, 64, 128, 256, 512 dan 1024.

Pembentukan *codebook* dibuat di GUI Matlab dengan 4 *input*, yaitu nama sampel, jumlah label, jumlah iterasi dan ukuran *codebook*. Nama sampel yang digunakan harus sama dengan nama yang sudah tertera pada saat proses pelabelan dan jumlah label adalah banyaknya label yang akan diproses sedangkan iterasi adalah jumlah perulangan yang akan dilakukan dalam satu proses untuk satu sampel. Tampilan GUI pembentukan *codebook* dapat dilihat pada Gambar 5.

### F. Parameter HMM

HMM adalah model statistik dimana suatu sistem yang dimodelkan diasumsikan berupa proses *Markov* dengan parameter-parameter yang belum diketahui dan parameter-parameter yang tersembunyi tersebut harus ditentukan dari parameter yang *observable*. Parameter model yang diambil kemudian dapat digunakan untuk keperluan analisa selanjutnya, misalnya untuk aplikasi pengolahan citra[12].

Parameter HMM ditentukan menggunakan perhitungan koefisien *Singular Value Decomposition*

(SVD). Algoritma SVD dapat dilihat dalam persamaan (1) dan persamaan (2) [13].

$$X = USV^T \quad (1)$$

$$X_{m \times n} = [U]_{m \times n} \cdot [S]_{n \times n} \cdot [V^T]_{n \times n} \quad (2)$$

dengan: U = matrik ortogonal berukuran m x n  
S = matrik diagonal berukuran n x n  
V<sup>T</sup> = matrik ortogonal berukuran n x n

Dalam perhitungan SVD, pertama-tama perlu dilakukan penentuan banyaknya blok yang akan digunakan. Proses ini disebut juga dengan ekstraksi blok, yang dapat dilakukan menggunakan persamaan (3) [13].

$$T = \frac{H-L}{L-P} + 1 \quad (3)$$

dengan: P = Panjang piksel yang *overlap* dari dua blok  
L = Panjang piksel dalam blok  
H = Panjang piksel gambar

Pemilihan ukuran L dan P dapat mempengaruhi keakuratan dalam sistem pengenalan. Setelah menghitung nilai T, maka dapat dihitung nilai eigen dan vektor eigen dari  $XX^T$  dan  $X^T X$ . Vektor eigen dari  $XX^T$  bentuk kolom dari U, sedangkan vektor eigen dari  $X^T X$  suatu bentuk kolom V. Selain itu, nilai-nilai singular ( $SV_S$ ) di S adalah akar kuadrat dari nilai eigen  $XX^T$  atau  $X^T X$  [13].

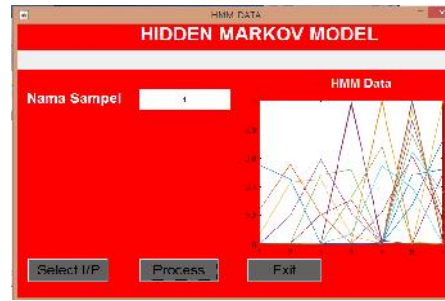
Koefisien SVD akan membangun vektor observasi  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ , tetapi koefisien tersebut belum bisa dimodelkan oleh HMM sehingga perlu dilakukan kuantisasi vektor. Hal ini biasa dilakukan dengan proses pembulatan, pemotongan, atau proses yang lain. Misalkan sebuah barisan akan dikuantisasi ke dalam tingkat yang berbeda, sehingga perbedaan antara dua nilai kuantitatif akan menjadi persamaan (4) [13].

$$\Delta_i = \frac{(x_i \max - x_i \min)}{D_i} \quad (4)$$

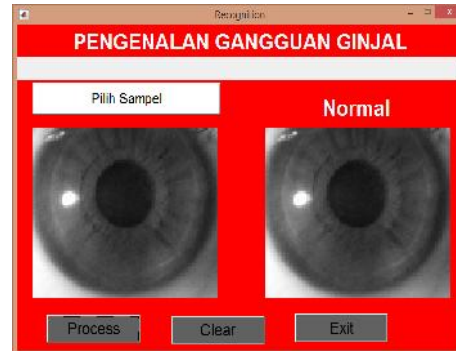
Setelah diketahui  $\Delta_i$  komponen  $x_i$  akan digantikan dengan nilai kuantisasi seperti pada persamaan (5) [13].

$$q_i = \frac{x_i - x_i \min}{\Delta_i} \quad (5)$$

Pada proses HMM di GUI Matlab ini, saat nama sampel diisi dan *Select I/P*, maka akan terkonfirmasi apakah *codebook* dalam keadaan aktif atau tidak aktif. Ketika *codebook* aktif, maka dapat dilanjutkan ke proses selanjutnya yaitu dengan mengklik proses dan akan didapat hasil seperti pada Gambar 6.



Gambar 6. Hasil Proses Hidden Markov Model



Gambar 7. GUI Pengenalan pada Saat Dijalankan

## G. Proses Pengenalan

Proses pengenalan merupakan proses uji untuk sampel itu sendiri atau sampel yang baru. Pada proses ini akan ada 3 *input*, yaitu *input* sampel, file *codebook* dan file HMM. Gambar 7. memperlihatkan Tampilan GUI untuk proses ini.

Ketika proses dijalankan, maka akan ditampilkan sampel dan hasil berupa nama gangguan ginjal dari sampel tersebut dengan waktu pengenalan bergantung pada besar ukuran *codebook* yang digunakan. Pada Gambar 7. terdapat tiga tombol, yaitu *process*, *clear* dan *exit*. Tombol *process* berfungsi untuk eksekusi sampel yang sudah dipilih, *clear* berfungsi untuk menghapus sampel yang telah dieksekusi dan *exit* berfungsi untuk menutup GUI pengenalan gangguan ginjal





















## 3. HASIL DAN PEMBAHASAN

### A. Hasil Segmentasi Sampel

Segmentasi merupakan proses pertama untuk menjadikan sampel iris mata lebih jelas dan lebih tampak garis-garis pada iris mata. Setiap sampel harus melalui proses segmentasi agar dihasilkan sampel dengan citra keabuan yang sama sehingga memudahkan untuk proses pengujian selanjutnya. Data sampel ini merupakan sampel train yang akan dijadikan basis data.



TABEL 1  
HASIL SEGMENTASI SAMPEL TRAIN

Kategori	Sampel Grayscale			
GGA (S1)				
GGK (S2)				
BG (S3)				
KM (S4)				
Normal (S5)				

TABEL 2  
BASIS DATA PENGUJIAN CODEBOOK 16 DAN 32

Codebook 16					Codebook 32				
S1	S2	S3	S4	S5	S1	S2	S3	S4	S5
1238	1238	1244	1242	1243	1244	1249	1244	1249	1237
406	406	405	410	411	405	410	405	416	405
398	398	404	410	473	405	409	404	409	405
398	398	397	410	403	397	409	397	409	397
390	390	396	402	402	397	402	397	402	396
390	390	396	402	395	390	402	396	402	389
390	313	389	402	395	389	395	389	402	389
383	312	388	395	395	389	394	389	394	389
382	312	388	395	395	389	394	389	394	381
382	305	381	395	388	381	387	382	394	311
382	305	311	388	458	381	387	381	394	304
375	375	381	387	389	381	387	311	387	303
445	375	374	457	389	451	387	304	387	373
444	444	374	457	458	450	379	374	457	373
514	513	443	457	451	520	380	443	457	373
514	512	442	457	450	520	450	443	457	435

TABEL 3  
BASIS DATA PENGUJIAN CODEBOOK 128 DAN 512

Codebook 128					Codebook 512				
S1	S2	S3	S4	S5	S1	S2	S3	S4	S5
1238	1243	1249	1244	1249	1249	1238	1255	1243	1205
406	411	418	405	410	417	406	485	411	443
399	403	412	404	410	410	399	485	403	443
398	403	335	397	402	410	398	416	403	513
321	403	334	396	402	333	391	411	396	513
321	396	396	396	402	326	321	335	395	513
313	395	396	389	395	326	313	334	388	443
313	395	389	388	395	388	313	326	388	373
305	388	318	388	395	388	305	389	388	296
235	388	312	381	388	388	235	318	381	366
157	388	242	311	387	381	228	311	311	435
87	388	304	381	388	381	157	241	310	435
10	381	304	374	381	381	10	234	373	436
291	380	374	374	381	374	10	304	373	436
780	450	443	443	450	374	149	374	443	436
779	450	512	442	450	443	358	436	443	505

Data sampel train terdiri dari 5 sampel, yaitu gagal ginjal akut (GGA/S1), gagal ginjal kronis (GGK/S2), batu ginjal (BG/S3), kencing manis (KM/S4) dan normal (S5). Hasil segmentasi yang diambil ini adalah hasil

TABEL 4  
PENGARUH WAKTU TERHADAP UKURAN CODEBOOK

No	Kategori	Waktu Pengenalan (detik)				
		Codebook (bit)				
		16	32	128	256	512
1	GGA (S1)	1.6	1.8	2.0	3.9	21.1
		1.7	1.7	2.2	3.8	20.9
		1.6	1.7	2.0	3.8	20.8
		1.6	1.6	2.0	3.8	20.6
	<b>Rata-rata</b>	<b>1.6</b>	<b>1.7</b>	<b>2.1</b>	<b>3.8</b>	<b>20.8</b>
2	GGK (S2)	2.4	2.5	2.7	4.6	26.7
		2.4	2.4	2.8	4.9	25.7
		2.3	2.3	2.7	5.2	26.6
		2.4	2.4	2.7	5.0	26.5
	<b>Rata-rata</b>	<b>2.4</b>	<b>2.4</b>	<b>2.7</b>	<b>5.0</b>	<b>26.8</b>
3	BG (S3)	3.6	3.7	3.6	5.4	25.6
		3.7	3.7	3.8	5.6	25.2
		3.7	3.5	3.7	5.6	24.8
		3.7	3.2	3.7	5.7	25.5
	<b>Rata-rata</b>	<b>3.7</b>	<b>3.5</b>	<b>3.7</b>	<b>5.6</b>	<b>25.3</b>
4	KM (S4)	4.0	4.4	5.4	6.3	29.4
		4.0	4.6	5.5	6.3	28.8
		4.0	4.5	5.5	6.2	28.7
		4.1	4.5	5.6	6.2	28.8
	<b>Rata-rata</b>	<b>4.0</b>	<b>4.5</b>	<b>5.5</b>	<b>6.2</b>	<b>28.9</b>

*grayscale*. Masing-masing sampel *grayscale* terdiri dari empat sampel yang diambil dari orang yang normal dan penderita gangguan ginjal. Proses ini menggunakan matlab dan hasilnya dapat dilihat pada Tabel 1.

### B. Hasil Uji Coba Codebook

Hasil dari pengujian ini diambil dari 5 buah sampel, yaitu S1, S2, S3, S4 dan S5 dengan variasi ukuran *codebook* 16, 32, 128 dan 512. Hasil pengujian ini diperlihatkan dalam Tabel 2 dan Tabel 3.

Pada masing-masing tabel dapat dilihat angka-angka dari proses pembentukan basis data *codebook*. Pada masing-masing tabel memiliki nilai maksimum, yaitu berkisar 1200-1255. Nilai ini merupakan nilai yang diambil dari masing-masing sampel.

### C. Hasil Pengujian Waktu

Pengujian ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh ukuran *codebook* terhadap proses pengenalan gangguan ginjal. Pengujian dilakukan pada sampel S1, S2, S3, dan S4 menggunakan *stopwatch* dan masing-masing sampel dilakukan pengulangan sebanyak 5 kali. Selanjutnya dicari nilai rata waktu yang diperlukan untuk satu buah sampel dan variasi ukuran *codebook*. Pada pengujian ini digunakan ukuran *codebook* 16, 32, 128, 256 dan 512. Hasil pengujian waktu ini dapat dilihat pada Tabel 4.

Berdasarkan Tabel 4. dapat dilihat bahwa semakin besar ukuran *codebook*, maka waktu yang diperlukan untuk menyelesaikan proses akan semakin lama. Hal ini karena semakin besar ukuran *codebook*, maka nilai dari bit yang digunakan akan semakin besar pula sehingga membutuhkan waktu yang lebih lama. Berdasarkan

Tabel 4. dapat dilihat juga bahwa perbedaan sampel juga mempengaruhi waktu. Sampel S1 memiliki waktu penyelesaian proses yang relatif cepat dan sampel S4 memiliki data waktu yang relatif lebih lama daripada dengan sampel S1, S2 dan S3. Hal ini karena saat proses sampel S1 hanya akan terbentuk *database* untuk sampel S1, sementara saat proses sampel S4 akan terbentuk *database* sampel S4 yang disertai dengan sampel S1, S2 dan S3

**D. Hasil Perhitungan Parameter HMM**

Parameter yang akan digunakan adalah 2 koefisien matrik S dan koefisien pertama matrik U, yaitu fitur (U<sub>11</sub>, S<sub>11</sub>, S<sub>22</sub>) untuk blok\_1 sampai dengan blok\_9. Nilai fitur yang terbentuk adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_1 &= [0 \quad 255.0863 \quad 38.5746] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_2 &= [0.2841 \quad 286.8763 \quad 45.1109] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_3 &= [0.2351 \quad 310.0145 \quad 46.9893] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_4 &= [0.2373 \quad 106.7848 \quad 14.3527] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_5 &= [0.2313 \quad 114.7127 \quad 15.1658] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_6 &= [0.2539 \quad 121.8483 \quad 16] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_7 &= [0.2881 \quad 128.4017 \quad 17.2916] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_8 &= [0.2929 \quad 134.2051 \quad 17.2627] \\ [U_{11}, S_{11}, S_{22}]_9 &= [0.3204 \quad 128.3394 \quad 15.5885] \end{aligned}$$

Koefisien SVD di atas akan digunakan untuk membangun vektor observasi, namun nilai tersebut belum bisa dimodelkan oleh HMM sehingga harus dikuantisasi vektor menggunakan persamaan (4).

$$\begin{aligned} \Delta_i &= \frac{([0.3204 \quad 3100145 \quad 469893] - [0 \quad 1067848 \quad 14.3527])}{[18 \quad 10 \quad 7]} \\ \Delta_i &= \frac{[0.3204 \quad 203.2297 \quad 32.6366]}{[18 \quad 10 \quad 7]} \\ \Delta_i &= [0.03204 \quad 20.32297 \quad 4.66237] \end{aligned}$$

Setelah diketahui nilai  $\Delta_i$ , komponen  $x_i$  akan digantikan dengan nilai kuantisasi yang diperoleh menggunakan persamaan (5).

$$\begin{aligned} q_1 &= \frac{[0 \quad 255.0863 \quad 38.5746] - [0 \quad 106.7848 \quad 14.3527]}{[0.03204 \quad 20.32297 \quad 4.66237]} \\ q_1 &= \frac{[0 \quad 148.3015 \quad 24.2219]}{0.03204 \quad 20.32297 \quad 4.66237} \\ q_1 &= [0 \quad 7.3 \quad 5.2] \\ q_1 &= [0 \quad 7 \quad 5] \end{aligned}$$

TABEL 5  
BASIS DATA HMM SAMPEL S1

Codebook 16	Codebook 32	Codebook 128	Codebook 512
[17 6 5]	[17 7 4]	[17 6 5]	[17 8 2]
[5 7 6]	[5 7 5]	[5 7 6]	[5 9 3]
[5 6 5]	[5 7 5]	[5 6 6]	[5 8 3]
[5 6 5]	[5 6 4]	[5 6 5]	[5 8 3]
[5 5 4]	[5 6 4]	[4 5 5]	[4 7 3]
[5 5 4]	[5 5 4]	[4 5 5]	[4 6 3]
[5 5 4]	[5 5 3]	[4 4 4]	[4 6 3]
[5 4 4]	[5 5 3]	[4 4 4]	[5 5 2]
[5 4 3]	[5 5 3]	[4 3 3]	[5 5 2]
[5 4 3]	[5 4 2]	[3 3 3]	[5 5 2]
[5 4 3]	[5 4 2]	[2 2 2]	[5 4 2]
[5 3 3]	[5 4 2]	[1 2 2]	[5 4 2]
[6 3 3]	[6 4 2]	[0 1 2]	[5 4 2]
[6 3 2]	[6 4 1]	[4 1 3]	[5 3 2]
[7 3 2]	[7 4 1]	[11 1 2]	[5 3 2]
[7 3 2]	[7 4 1]	[11 1 1]	[6 3 1]

Dengan cara perhitungan sama, maka didapatkan nilai kuantisasi blok\_2 sampai blok\_9 sebagai berikut.

$$\begin{aligned} q_2 &= [9 \quad 9 \quad 7] & q_3 &= [7 \quad 10 \quad 7] \\ q_4 &= [7 \quad 0 \quad 0] & q_5 &= [7 \quad 0 \quad 0] \\ q_6 &= [8 \quad 1 \quad 0] & q_7 &= [9 \quad 1 \quad 1] \\ q_8 &= [9 \quad 1 \quad 1] & q_9 &= [10 \quad 1 \quad 0] \end{aligned}$$

Proses perhitungan yang terakhir adalah perhitungan nilai *label* sesuai dengan persamaan yang sudah dimasukkan ke dalam program dari blok\_1 sampai dengan blok\_9, yaitu:

$$label = q_{i_1} \times 10 \times 7 + q_{i_2} \times 7 + q_{i_3} + 1 \tag{6}$$

Dengan menggunakan persamaan (6), nilai *label* blok\_1 sampai blok\_9 adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} label_1 &= 0 \times 10 \times 7 + 7 \times 7 + 5 + 1 = 55 \\ label_2 &= 9 \times 10 \times 7 + 9 \times 7 + 7 + 1 = 701 \\ label_3 &= 7 \times 10 \times 7 + 10 \times 7 + 7 + 1 = 708 \\ label_4 &= 7 \times 10 \times 7 + 0 \times 7 + 0 + 1 = 491 \\ label_5 &= 7 \times 10 \times 7 + 0 \times 7 + 0 + 1 = 491 \\ label_6 &= 8 \times 10 \times 7 + 1 \times 7 + 0 + 1 = 568 \\ label_7 &= 9 \times 10 \times 7 + 1 \times 7 + 1 + 1 = 702 \\ label_8 &= 9 \times 10 \times 7 + 1 \times 7 + 1 + 1 = 702 \\ label_9 &= 10 \times 10 \times 7 + 1 \times 7 + 0 + 1 = 708 \end{aligned}$$

**E. Hasil Pengujian HMM**

Pengujian HMM berkaitan erat dengan *codebook*. Pada saat pengujian parameter HMM, maka *codebook* harus dalam keadaan aktif. Sampel yang digunakan di HMM juga harus sama dengan sampel yang tertera di *codebook*. Hasil pengujian HMM berupa basis data matrik dari sampel yang sesuai dengan ukuran *codebook*

TABEL 6  
HASIL PENGUJIAN PENGENALAN GANGGUAN GINJAL  
SAMPEL TRAIN

No	Code book Sampel	16	32	128	512
1	T1	GGK	GGA	GGA	GGA
2	T2	GGA	GGA	GGA	GGA
3	T3	GGA	GGA	GGA	GGA
4	T4	GGA	GGA	GGA	GGA
5	T5	GGK	GGK	GGK	GGK
6	T6	GGA	GGK	GGK	GGK
7	T7	GGK	GGK	GGK	GGK
8	T8	GGK	GGK	GGK	GGK
9	T9	Negatif	BG	BG	BG
10	T10	BG	BG	BG	BG
11	T11	BG	BG	BG	BG
12	T12	Negatif	BG	BG	BG
13	T13	KM	KM	KM	KM
14	T14	BG	BG	KM	KM
15	T15	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
16	T16	BG	Negatif	Negatif	Negatif

yang digunakan. Basis data yang akan ditampilkan adalah basis data berupa matrik dari sampel S1, S2, S3, S4 dan S5. Basis data pada proses ini dapat dilihat pada Tabel 5 untuk sampel S1.

#### F. Hasil Pengujian Pengenalan

Tabel 6 menampilkan hasil pengujian akhir, yaitu proses pengenalan. Dapat dilihat bahwa 16 sampel yang diuji dikenali dengan baik oleh *software* pengenalan gangguan ginjal. Pada pengujian juga digunakan variasi ukuran *codebook*, yaitu 16, 32, 128 dan 512. Pada saat ukuran *codebook* 16, ada 5 sampel tes yang salah dikenali (gagal dikenali). Begitupula pada saat ukuran *codebook* 32, ada 2 buah kesalahan, yaitu pada sampel T5 dan T14. Pada T5 seharusnya dikenali sebagai GGK namun saat pengenalan dikenali sebagai GGA. Hal ini dikarenakan sampel GGA dan GGK ada kemiripan, sehingga pada saat ukuran *codebook* yang kecil tidak dikenali dengan baik. Sedangkan T14 adalah sampel dengan gangguan KM, namun pada saat pengujian dikenali sebagai BG. Hal ini bisa saja disebabkan oleh sampel yang kurang jelas. Saat ukuran *codebook* 128 dan 512 tidak ada kesalahan dalam proses pengenalan. Hal ini menunjukkan bahwa semakin besar ukuran *codebook* hasil pengenalan akan semakin baik. Hal ini karena *codebook* akan mempengaruhi matrik HMM. Semakin besar ukuran *codebook*, maka akan semakin detail matrik yang dihasilkan oleh metode HMM, sehingga proses pengenalan juga semakin baik. Namun penggunaan ukuran *codebook* yang semakin besar akan berakibat pada waktu proses pengenalan yang akan semakin lama.

Tabel 7 adalah hasil pengujian untuk sampel uji yang diambil dari orang-orang yang belum pernah

TABEL 7  
HASIL PENGUJIAN PENGENALAN GANGGUAN GINJAL SAMPEL UJI

No	Code book Sampel	16	32	128	512
1	Uji 1	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
2	Uji 2	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
3	Uji 3	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
4	Uji 4	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
5	Uji 5	Negatif	Negatif	Negatif	Negatif
6	Uji 6	Negatif	Negatif	KM	KM
7	Uji 7	KM	KM	KM	KM
8	Uji 8	KM	KM	KM	KM
9	Uji 9	GGK	GGK	GGK	GGK
10	Uji 10	GGA	GGK	GGK	GGK
11	Uji 11	GGA	GGK	GGK	GGK
12	Uji 12	KM	KM	KM	KM

berkonsultasi tentang kesehatan ginjal dengan variasi umur. Berdasarkan hasil tersebut, seseorang dengan rentang umur 36-60 tahun (sampel uji 7-16) berpotensi lebih tinggi terkena gangguan ginjal, sedangkan pada

rentang umur 10-35 tahun (sampel uji 1-6) ginjal dalam kondisi normal, kecuali sampel uji 6. Pada sampel uji 6 dengan rentang umur 26-35 tahun, menunjukkan hasil yang berbeda. Ketika *codebook* 16 dan 32 hasil menunjukkan negatif, sedangkan ketika *codebook* 128 dan 512 hasilnya adalah KM. Hal ini dapat dikatakan sebagai kegagalan pengenalan gangguan ginjal. Begitupula dengan sampel uji 10 dan 11, ada salah pengenalan pada saat ukuran *codebook* 16. Hal ini dapat disebabkan oleh adanya kemiripan sampel GGA dan GGK, namun ketika *codebook* diperbesar sampel dapat dikenali dengan baik.

Berdasarkan hasil uji pengenalan gangguan ginjal pada Tabel 6, maka dapat dihitung tingkat akurasi proses pengenalan untuk masing-masing ukuran *codebook*, dengan jumlah sampel train 16 sampel, seperti pada Tabel 8. Pada Tabel 8 dapat dilihat bahwa saat ukuran *codebook* 16, akurasi yang didapat adalah 68.75% dan saat ukuran *codebook* 32, akurasi yang didapat adalah 87.5%. Hal ini menunjukkan bahwa dengan menggunakan ukuran *codebook* kecil, maka kemungkinan proses pengenalan mengalami banyak kegagalan. Hal ini karena bit-bit yang dihasilkan adalah bit dengan *range* kecil, sehingga kurang detail dalam proses pengenalan. Namun dengan penggunaan ukuran *codebook* yang kecil tidak memerlukan waktu yang lama dalam proses pengenalan. Pada Tabel 8 dapat dilihat bahwa semakin besar ukuran *codebook*, maka persentasi akurasi pengenalan akan semakin besar pula, walaupun membutuhkan waktu yang cukup lama dalam proses pengenalan.

TABEL 8  
TINGKAT AKURASI PENGENALAN SAMPEL TRAIN

Codebook	16	32	128	512
Tingkat Akurasi (%)	68.75	87.5	100	100

TABEL 9  
TINGKAT AKURASI PENGENALAN SAMPEL UJI

Codebook	16	32	128	512
Tingkat Akurasi (%)	75	91.67	100	100

Berdasarkan hasil uji pengenalan gangguan ginjal pada Tabel 7, maka dapat dihitung tingkat akurasi proses pengenalan untuk masing-masing ukuran *codebook*, dengan jumlah sampel uji 12 sampel, seperti pada Tabel 9. Pada Tabel 9 dapat dilihat bahwa nilai akurasi pengenalan dengan sampel uji cukup tinggi meskipun masih ada kesalahan pengenalan pada saat ukuran *codebook* 16 dan *codebook* 32. Namun kesalahan yang terjadi tidak terlalu besar dibandingkan dengan pengujian sampel train.

#### 4. PENUTUP

##### A. Kesimpulan

1. Waktu yang dibutuhkan untuk proses pengenalan gangguan ginjal pada sampel train rata-rata untuk ukuran *codebook* 16, 32, 128, 256 dan 512 masing masing adalah 2.925 detik, 3.025 detik, 3.5 detik, 5.15 detik, dan 25.45 detik.
2. Waktu yang dibutuhkan untuk proses pengenalan gangguan ginjal GGA, GGK, BG, KM pada sampel train rata-rata masing masing adalah 6 detik, 7.86 detik, 8.36 detik, dan 9.82 detik.
3. Akurasi yang diperoleh pada pengenalan sampel train dengan variasi ukuran *codebook* 16, 32, 128 dan 512 adalah 68.75%, 87.5%, 100%, dan 100%.
4. Akurasi yang diperoleh pada pengenalan sampel uji dengan variasi ukuran *codebook* 16, 32, 128 dan 512 adalah 75%, 91.67%, 100% dan 100%.

##### B. Saran

1. Pengambilan sampel sebaiknya menggunakan kamera yang lebih canggih untuk menghasilkan *basis data* yang lebih baik.
2. Penggunaan metode selain *Hidden Markov Model* dalam proses pengujian dan penambahan sampel pengujian.

#### REFERENSI

- [1] Trihono, "Riset Kesehatan Dasar", Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan Kementerian Kesehatan RI, Jakarta, 2013.
- [2] Y-W Lim, S-I Park, Y-J Park, Y-B Park, "A Review of Iridology", The Journal of The Society of Korean Medicine Diagnostics, Volume 17, No.1, halaman 1-16, 2013.
- [3] R. Passarella, Erwin, M. Fachrurrozi, Sutarno, "Development of Iridology Basis data for Colon Disorder Identification Using Image Processing", Indian Journal of Bioinformatics and Biotechnology, Vol 2(6), halaman 100-103, 2013.
- [4] B. Setiawan, "Identifikasi Iris Mata Menggunakan Metode Hidden Markov Model", Skripsi, Program Studi Teknik Elektro, Fakultas Teknik, Universitas Indonesia, Depok, 2009.
- [5] Sherif E. Hussein, Osama A. Hassan, Malcolm H. Granat, "Assesment of the Potential Iridology for Diagnosing Kidney Disease Using Wavelet Analysis and Neural Networks", Biomedical Signal Processing and Control 8, halaman 534-541, Elsevier Ltd., 2013.
- [6] Rita M. Holl, "Iridology: Another Look", Alternative Health Practitioner, Vol. 5, No. 1, Springer Publishing Company, 1999.
- [7] B. Jensen, "What is Iridology", Ben Jensen Enterprise Publishers, California, 1982.
- [8] \_\_\_\_\_, "Iridology Chart", Maikong Industry, <http://www.iriscopes.org/iridology-chart/iridology-chart-2>, diakses Oktober 2019.
- [9] Basuki P. Purnomo, "Dasar-dasar Urologi", Edisi Ketiga, Sagung Seto, Jakarta, 2014.
- [10] R. C. Gonzalez, R.E. Woods, "Digital Image Processing Second Edition", Prentice Hall, New Jersey, 2002.
- [11] T. Sutoyo, E. Mulyanto, V. Suhartono, O. D. Nurhayati, "Teori Pengolahan Citra Digital", Penerbit ANDI, Yogyakarta, 2009.
- [12] A. P. Lestari, "Rancang Bangun Pengenalan Penyakit Darah Menggunakan Metode Hidden Markov Model", Tesis, Universitas Indonesia, Depok, 2008.
- [13] H. Miari-Naimi, P. Davari, "A New Fast and Efficient HMM-Bassed Face Recognition System Using a 7-State HMM Along With SVD Coefficien", Iranian Journal of Electrical and Electronic Engineering, Vol 4, Nos. 1 & 2, halaman 46-57, 2008.