

Deteksi Rasa Buah Jeruk Siam Kintamani Menggunakan SVM dengan Optimasi Algoritma Genetika

Ni Wayan Yulia Damayanti^{a1}, I Gede Arta Wibawa^{a2}, I Gede Santi Astawa^{b3},
Anak Agung Istri Ngurah Eka Karyawati^{b4}

^aProgram Studi Informatika, Universitas Udayana
Kuta Selatan, badung, Bali, Indonesia
¹yuliadamayanti2016@gmail.com
²Gede.arta@unud.ac.id

^bProgram Studi Informatika, Universitas Udayana
Kuta Selatan, badung, Bali, Indonesia
³santi.astawa@unud.ac.id@gmail.com
⁴eka.karyawati@unud.ac.id@unud.ac.id

Abstract

The Siam Kintamani orange is one of the vital commodities in Indonesian agriculture, particularly in Bangli Regency, Bali. However, the evaluation of orange taste quality often relies on subjective manual identification. In an effort to enhance objectivity and consistency in assessing orange quality, this research proposes the utilization of the Support Vector Machine (SVM) algorithm optimized with genetic algorithms. This study aims to discern the taste quality of Siam Kintamani oranges based on texture features in orange images. Test results indicate that SVM optimized with genetic algorithms achieves superior accuracy compared to SVM without optimization. For instance, SVM without optimization yields an accuracy of 0.78, while post-optimization with genetic algorithms increases accuracy to 0.80. These findings underscore the significant potential of genetic algorithms in enhancing the performance of SVM in detecting the taste quality of Siam Kintamani oranges, thereby facilitating the enhancement of efficiency and consistency in the orange industry.

Abstrak

Buah jeruk siam kintamani adalah salah satu komoditas penting dalam pertanian Indonesia, terutama di Kabupaten Bangli, Bali. Namun, menilai kualitas rasa jeruk masih sering mengandalkan identifikasi manual yang subjektif. Dalam upaya meningkatkan objektivitas dan konsistensi dalam menilai kualitas jeruk, penelitian ini mengusulkan penggunaan algoritma Support Vector Machine (SVM) yang dioptimalkan dengan algoritma genetika. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi kualitas rasa jeruk siam kintamani berdasarkan ciri tekstur pada citra jeruk. Hasil pengujian menunjukkan bahwa SVM yang dioptimalkan dengan algoritma genetika memiliki akurasi yang lebih baik daripada SVM tanpa optimasi. Sebagai contoh, SVM tanpa optimasi memberikan akurasi sebesar 0.78, sedangkan setelah dioptimalkan dengan algoritma genetika, akurasi meningkat menjadi 0.80. Hasil ini menunjukkan potensi besar algoritma genetika dalam meningkatkan kinerja SVM dalam mendeteksi kualitas rasa jeruk siam kintamani, yang dapat membantu meningkatkan efisiensi dan konsistensi dalam industri jeruk.

Keywords: Jeruk Siam Kintamani, Deteksi, SVM, GLCM, Genetic Algorithm, Parameter

1. Pendahuluan

Buah jeruk siam kintamani merupakan salah satu komoditas penting dalam sektor hortikultura Indonesia. Kabupaten Bangli, khususnya, memiliki peran signifikan dalam produksi jeruk, dengan Kecamatan Kintamani sebagai penyumbang utama [1][2]. Kualitas jeruk sangat penting dalam produksi buah, dengan rasa menjadi salah satu faktor utama. Saat ini berdasarkan hasil survey dan wawancara, identifikasi rasa jeruk kintamani masih dilakukan secara manual oleh petani, pedagang, dan konsumen. Metode manual ini melibatkan penilaian berdasarkan tekstur, warna, ketebalan kulit, dan pemeriksaan bagian bawah jeruk. Misalnya, jeruk kintamani yang masih muda cenderung memiliki warna kulit yang lebih gelap atau hijau tua dan rasa yang lebih asam, sedangkan yang

sudah matang memiliki warna yang lebih cerah atau oranye. Namun, konsumen sering kesulitan menentukan kualitas jeruk tanpa bantuan penjual, yang informasinya dapat bersifat subjektif dan tidak konsisten.

Dalam upaya meningkatkan konsistensi dan obyektivitas dalam penilaian kualitas buah jeruk, penelitian sebelumnya telah menunjukkan potensi machine learning, terutama algoritma Support Vector Machine (SVM). SVM, dengan prinsip Struktural Risk Minimization (SRM), telah terbukti efektif dalam mengklasifikasikan buah-buahan, seperti pisang dan melon, serta memberikan jaminan mutu atas produk pertanian. Namun, dalam mengimplementasikan SVM, menentukan parameter optimal menjadi tantangan. Algoritma Genetika telah diusulkan sebagai metode untuk mengoptimalkan parameter SVM, dan penelitian sebelumnya telah menunjukkan keberhasilan dalam hal ini.

Terdapat penelitian sebelumnya dilakukan dengan menggunakan algoritma genetika. Penelitian Harafani & Maulana (2019) menunjukkan akurasi optimal sebesar 89% setelah dilakukan optimasi menggunakan algoritma genetika. Penelitian Sudriyanto dkk. (2022) menemukan bahwa kombinasi algoritma support vector machine (SVM) dan algoritma genetika menghasilkan nilai root mean square error (RMSE) sebesar 101.208+/- 9.475 dan nilai root mean square error (SE) sebesar 10323.858+/- 1965.237. Algoritma genetika digunakan sebagai metode untuk mencari nilai optimal dan solusi dari berbagai permasalahan.

Berdasarkan konteks yang disebutkan, tujuan penelitian ini adalah untuk memanfaatkan algoritma genetika dalam menyesuaikan parameter SVM untuk mengidentifikasi kualitas rasa buah jeruk siam kintamani berdasarkan karakteristik tekstur pada citra jeruk tersebut. Harapannya, penelitian ini akan memberikan bantuan dalam meningkatkan keobjektifan dan konsistensi dalam menilai kualitas jeruk, serta memberikan solusi untuk tantangan optimasi dalam menerapkan SVM.

2. Metode Penelitian

2.1. Pengumpulan Data

Penelitian ini menggunakan data primer yang diperoleh melalui proses observasi lapangan. Metode pengumpulan data yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur dan studi observasi.

a. Studi literatur

Metode ini digunakan untuk mengumpulkan informasi dan memeriksa informasi yang terkait dengan teknik Gray Level Co-occurrence Matrix (GLCM) untuk menganalisis tekstur citra, K-Fold Cross Validation untuk pembagian data citra, algoritma Support Vector Machine (SVM) untuk mengklasifikasikan citra, serta jurnal yang membahas klasifikasi rasa buah jeruk siam kintamani yang dapat dijadikan referensi dalam penelitian ini. Peneliti merujuk pada sumber-sumber literatur berupa buku, jurnal, website, dan melakukan wawancara dengan petani jeruk untuk mendukung penelitian ini.




b. Studi Observasi

Metode ini dilakukan dengan mengumpulkan data secara langsung ke perkebunan jeruk di Kecamatan Kintamani, Kabupaten Bangli, Bali untuk melakukan penelitian dan menerapkannya. Jumlah data yang diambil terdiri dari 345 buah jeruk siam kintamani yang dipilih langsung oleh petani. Dalam penelitian dibagi menjadi 3 class yaitu asam, sedang dan manis. Jumlah data dari masing-masing label adalah 115 data. Dari 345 data tersebut dibagi menjadi 2, yaitu 80% data digunakan sebagai data latih untuk proses pencarian model SVM dengan optimasi dan tanpa optimasi. Dan 20% data digunakan digunakan sebagai data uji untuk menguji model SVM tersebut yang terbaik.

Cara pengambilan data dengan memetik buah jeruk dan diletakkan didalam sebuah kardus yang berada di dalam ruangan, setelah itu dilakukan pengambilan gambar pada buah jeruk menggunakan kamera *smartphone* Samsung A52 dengan jarak pengambilan 20 cm, dan tambahan pencahayaan serta angle gambar yang di terapkan sesuai kebutuhan. Pengambilan gambar dilakukan di dalam ruangan dan di dalam kardus bertujuan untuk memberikan perlakuan yang sama pada setiap data hal ini disebut dengan homogen. Berikut ini beberapa contoh data jeruk

Untuk melakukan pelabelan dan validasi data pada penelitian ini dilakukan dengan mengetes buah jeruk dengan menggunakan alat yang bernama refraktometer. Pada tabel 2.1. berikut ini contoh dataset yang digunakan setelah melakukan pelabelan.

Tabel 2.1. Pelabelan Data

Gambar	Nilai Brix	Label
	3.9%	Asam
	6.3%	Sedang
	12.2%	Manis

2.2. Preprocessing

Preprocessing merupakan langkah awal dalam pengolahan citra yang bertujuan untuk memastikan citra yang akan diproses memiliki kualitas yang optimal. Proses preprocessing ini dapat dilihat pada Gambar 2.1 di bawah ini.



Gambar 2.1 Preprocessing data

Pada tahap preprocessing data, dilakukan proses perubahan skala gambar pada citra kemudian dilakukan penghapusan background pada citra.

2.3. Ekstraksi Fitur dengan Gray Level Co-occurrence Matrix

Pada langkah ini, citra yang telah melalui tahap preprocessing akan diteruskan ke tahap ekstraksi fitur menggunakan GLCM. Studi ini memanfaatkan nilai-nilai ekstraksi fitur GLCM orde kedua, termasuk kontras, korelasi, energi, entropi, dan homogenitas. Hasil ekstraksi fitur ini akan disimpan dalam format file .csv yang akan digunakan dalam proses klasifikasi berikutnya. Gambar 2.2 berikut ini merupakan tahapan dari proses ekstraksi fitur dengan GLCM.



Gambar 2.2. Ekstraksi Fitur

GLCM adalah teknik yang membantu menganalisis dan mengekstrak fitur gambar. GLCM bekerja dengan membentuk matriks yang mencerminkan hubungan antara dua piksel pada jarak dan arah tertentu pada gambar yang dianalisis [3]. Proses ekstraksi fitur di GLCM dilakukan dengan mempertimbangkan empat arah sudut: 0, 45, 90, dan 135 derajat. Fitur-fitur yang dapat diekstraksi menggunakan GLCM adalah:

1. Contrast
 merupakan sebuah ciri yang dipakai untuk menilai seberapa besar perbedaan intensitas dalam sebuah citra.

$$\text{Contrast} = \sum \sum (i - j)^2 P_{ij} \quad k \ j=1 \ k \ i=1 \dots \dots \dots (1)$$
2. Correlation
 adalah ciri yang digunakan untuk menilai hubungan antar piksel dalam citra.

$$\text{Correlation} = \sum \sum (i - m) (j - m) p_{ij} \quad \sigma_i \sigma_j \quad k \ j=1 \ k \ i=1 \dots \dots (2)$$
3. Energy
 Energy adalah fitur untuk mengukur keseragaman intensitas pada citra.

$$\text{Energy} = \sum \sum p^2_{ij} \quad k \ j=1 \ k \ i=1 \dots \dots \dots (3)$$
4. Entropy
 adalah ciri yang mengukur tingkat ketidakaturan dalam distribusi intensitas citra.

$$\text{Entropy} = \sum \sum p_{ij} \log_2 p_{ij} \quad k \ j=1 \ k \ i=1 \dots \dots \dots (4)$$
5. Homogeneity
 adalah ciri yang mengevaluasi seberapa seragam variasi intensitas dalam citra.

$$\text{Homogeneity} = \sum \sum P_{ij} \frac{1}{1+|i-j|} \quad k \ j=1 \ k \ i=1 \dots \dots \dots (5)$$

2.4. Penentuan Parameter Optimal pada SVM menggunakan Algoritma Genetika

2.4.1. Konsep Algoritma Genetika

Algoritma genetika merupakan teknik pencarian yang terinspirasi dari prinsip seleksi alam. Digunakan untuk memecahkan masalah optimasi pencarian. Algoritma genetika mempunyai tahapan yang umum yaitu: [3].

- 1) Pembentukan Populasi Awal

Langkah pertama dalam algoritma genetika adalah membuat populasi awal sebanyak N individu yang dihasilkan secara acak. Setiap individu memiliki kromosom yang mewakili solusi yang diinginkan. Dalam penelitian ini, jumlah kromosom per

individu sesuai dengan jumlah parameter yang akan dioptimasi dengan SVM. Evaluasi.

2) Penentuan Nilai Fitness

Setiap individu dalam suatu populasi dievaluasi dengan menghitung nilai fitness. Dalam penelitian ini akurasi model klasifikasi SVM digunakan untuk mengukur nilai kebugaran. Akurasi setiap individu dievaluasi hingga kriteria keluar terpenuhi. Jika tidak, maka akan terbentuk kelompok-kelompok baru.

3) Seleksi

Salah satu metode seleksi yang bisa Anda gunakan adalah roda roulette. Langkah pertama dalam menggunakan route roulette adalah membuat interval nilai kumulatif peringkat kebugaran individu dibagi dengan total peringkat setiap orang. Kemudian nilai acak dihasilkan. Jika nilai acak berada dalam nilai kumulatif untuk orang tersebut, orang tersebut dipilih.

4) Crossover

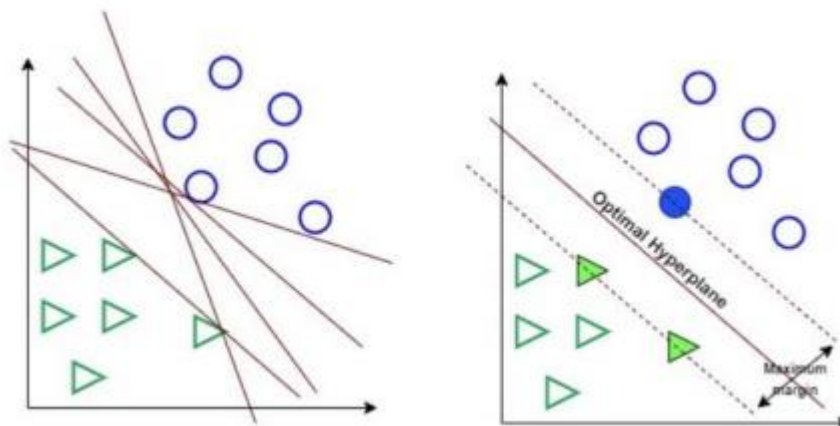
Perkawinan silang Induk yang terpilih pada proses seleksi disilangkan untuk menghasilkan individu baru. Sebelumnya, terjadinya persilangan ditentukan dengan membandingkan bilangan acak yang dihasilkan dengan probabilitas persilangan (pc) yang ditentukan.

5) Mutasi

Mutasi adalah proses perubahan nilai gen suatu individu. Proses mutasi dilakukan bila kondisi tertentu terpenuhi, yaitu ketika bilangan acak yang dihasilkan suatu individu kurang dari probabilitas mutasi yang telah ditentukan (pm) [4].

2.5. Konsep Support Vector Machine (SVM)

SVM merupakan teknik klasifikasi yang membuat garis pemisah untuk membedakan kelas positif (+1) dan negatif (-1). Garis pemisah yang dimaksud ini yakni hyperplane. Gambar 2.3 di bawah menunjukkan penentuan hyperplane pada SVM.



Gambar 2.3. Hyperplane Support Vector Machine

Untuk mencari hyperplane yang optimal, yang perlu dilakukan yakni mengukur atau mencari tepi terbesar dari hyperplane tersebut. Margin adalah jarak antara hyperplane dan support vector untuk setiap kelas [5]. Pada gambar 2.3. di atas, segitiga hijau dan lingkaran biru merupakan vektor pendukung. SVM memungkinkan Anda melakukan klasifikasi dalam kasus linier dan nonlinier. Dalam kasus nonlinier, SVM menggunakan konsep kernel untuk memproyeksikan data ke dalam ruang berdimensi tinggi[6].

Berikut adalah beberapa pilihan fungsi kernel yang digunakan dalam penghitungan mesin vektor dukungan nonlinier (SVM):

a) Kernel Linear

$$(x, y) = x \cdot y \dots \dots \dots (2.11)$$

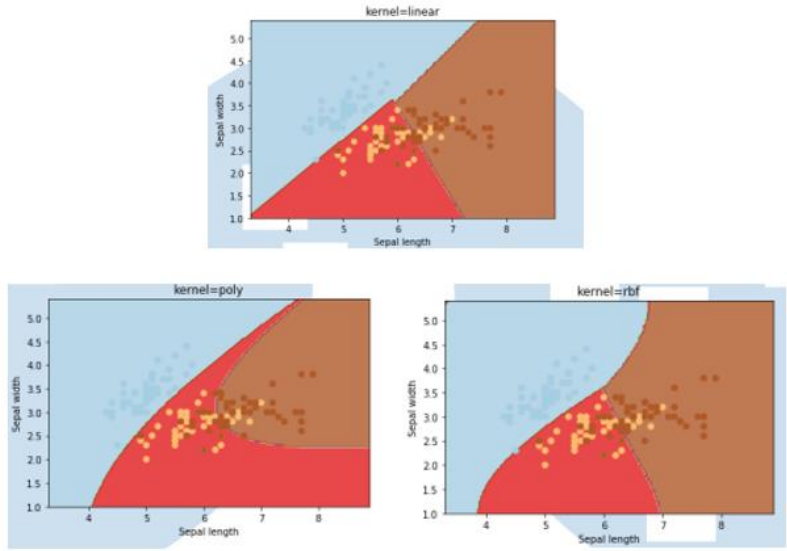
b) Kernel Polynomial

$$(x, y) = (\gamma x \cdot y + r)^d \dots \dots \dots (2.12)$$

c) Kernel Radial Basis Function (RBF)

$$K(x_i, y_j) = \exp(-\gamma ||x_i - y_j ||^2) \dots \dots \dots (2.13)$$

Pemilihan fungsi kernel ini memiliki dampak yang signifikan terhadap akurasi model yang dihasilkan. Gambar 2.4. berikut adalah perbedaan bentuk kernel pada SVM:



Gambar 2.4. Perbedaan Bentuk Kernel pada SVM

3. Hasil dan Pembahasan

Pada pengujian ini dihitung akurasinya melalui proses klasifikasi dengan SVM menggunakan algoritma genetika. Selanjutnya bandingkan hasilnya dengan SVM tanpa optimasi. Nilai k yang digunakan pada validasi k-fold cross adalah 5 dan kernel SVM yang diuji adalah kernel RBF. Kernel RBF memiliki beberapa parameter yaitu C dan Gamma.

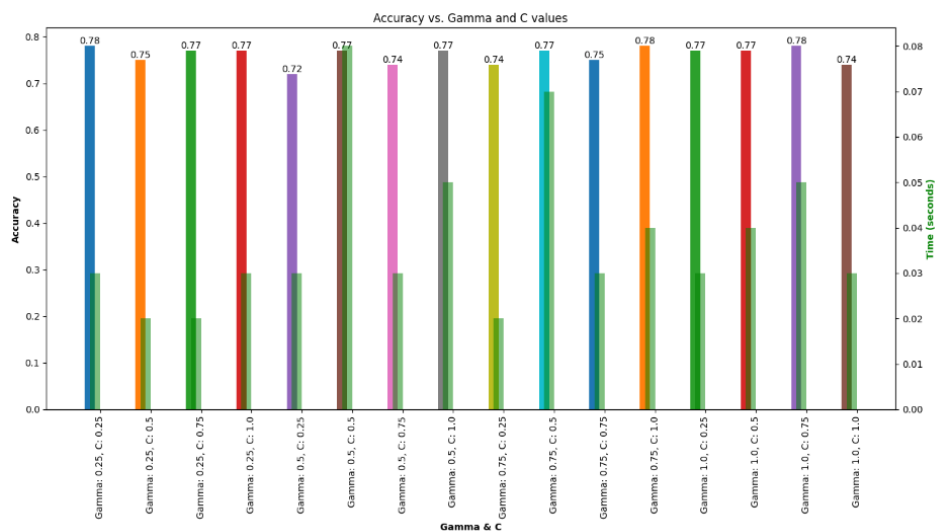
3.4. Pengujian Tanpa Optimasi

Pengujian ini menguji model SVM dengan kernel RBF menggunakan beberapa kombinasi nilai parameter yang ditentukan. Tabel 3.1 menunjukkan model SVM dengan kernel RBF menggunakan 16 kombinasi nilai parameter. Setiap iterasi menghasilkan nilai akurasi yang berbeda-beda untuk setiap kombinasi parameter. Dari tabel 3.1 tersebut, dapat dilihat bahwa nilai akurasi tertinggi adalah 0.78, diperoleh dengan menggunakan kombinasi parameter gamma = 0.25 dan C = 0.25, dengan waktu komputasi sekitar 0.03 detik.

Tabel 3.1. Pengujian Tanpa Optimasi

Gamma	C	Accuracy	Time
0.25	0.25	0.78	0.03 detik
0.25	0.50	0.75	0.02 detik
0.25	0.75	0.77	0.02 detik
0.25	1.00	0.77	0.03 detik
0.50	0.25	0.72	0.03 detik
0.50	0.50	0.77	0.08 detik
0.50	0.75	0.74	0.03 detik
0.50	1.00	0.77	0.05 detik
0.75	0.25	0.74	0.02 detik
0.75	0.50	0.77	0.07 detik
0.75	0.75	0.75	0.03 detik
0.75	1.00	0.78	0.04 detik
1.00	0.25	0.77	0.03 detik
1.00	0.50	0.77	0.04 detik
1.00	0.75	0.78	0.05 detik
1.00	1.00	0.74	0.03 detik

Pada gambar diagram berikut ini menunjukkan bahwa akurasi terbaik 0.78 terletak pada kombinasi nilai gamma = 0.25, C = 0.25, dengan waktu yang dibutuhkan 0.03 detik.



Gambar 3.1. Diagram Akurasi Pengujian Tanpa Optimasi

3.5. Pengujian dengan Optimasi

Pengujian ini menguji model SVM dengan kernel RBF menggunakan beberapa kombinasi nilai parameter tertentu yang dioptimalkan menggunakan algoritma genetika. Tabel 3.2 berikut menampilkan hasil 16 kombinasi parameter untuk model SVM dengan kernel RBF. Setiap iterasi menghasilkan nilai akurasi yang bervariasi untuk setiap kombinasi parameter. Dari tabel 3.2 tersebut, terlihat bahwa nilai akurasi tertinggi adalah 0.80, diperoleh dengan menggunakan kombinasi parameter gamma = 0.0478515625 dan C = 0.365234375, dengan waktu komputasi sekitar 16.09 detik.

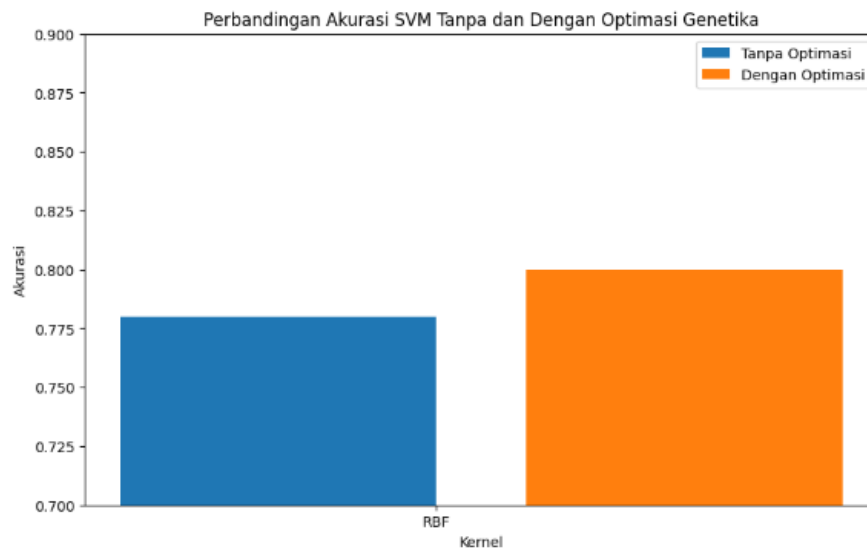
Tabel 3.2. Pengujian dengan Optimasi

Pop	Tingkat Mutasi	Probabilitas Crossover	Jml. Gen	Gamma	C	Akurasi	Time
30	0.1	0.6	20	0.0478515625	0.365234375	0.80	16.09 detik
30	0.1	0.7	20	0.017578125	0.5966796875	0.80	16.51 detik
30	0.1	0.8	20	0.00390625	0.423828125	0.72	16.10 detik
30	0.1	0.9	20	0.0595703125	0.48046875	0.80	16.85 detik
30	0.2	0.6	20	0.04296875	0.529296875	0.80	16.77 detik
30	0.2	0.7	20	0.08203125	0.349609375	0.80	16.22 detik
30	0.2	0.8	20	0.015625	0.3408203125	0.77	16.86 detik
30	0.2	0.9	20	0.0166015625	0.2373046875	0.71	17.81 detik
30	0.3	0.6	20	0.01171875	0.5478515625	0.78	16.18 detik
30	0.3	0.7	20	0.0146484375	0.626953125	0.80	17.12 detik
30	0.3	0.8	20	0.0751953125	0.2607421875	0.80	17.45 detik
30	0.3	0.9	20	0.0498046875	0.3017578125	0.80	16.26 detik
30	0.4	0.6	20	0.0146484375	0.3974609375	0.77	17.74 detik

30	0.4	0.7	20	0.06347656 25	0.2265625	0.80	16.35 detik
30	0.4	0.8	20	0.04492187 5	0.18164062 5	0.78	16.31 detik
30	0.4	0.9	20	0.0625	0.29003906 25	0.80	16.60 detik

3.6. Perbandingan Nilai Akurasi SVM Tanpa Optimasi dan Dengan Optimasi Algoritma Genetika

Dapat dilihat perbedaan nilai akurasi SVM dengan SVM +Algoritma Genetika pada gambar 3.2 berikut, dimana nilai akurasi SVM tanpa optimasi memperoleh nilai 0.78 sedangkan nilai akurasi SVM dengan optimasi Algoritma Genetika itu memperoleh akurasi sebesar 0.80. Sehingga bisa dikatakan algoritma genetika mampu mengoptimalkan parameter yang ada pada SVM khususnya pada kernel RBF.



Gambar 3.2. Perbandingan Akurasi SVM dan SVM+GA

4. Kesimpulan

Dari hasil penelitian yang didapatkan, dapat diambil beberapa kesimpulan yakni akurasi model *Support Vector Machine* (SVM) yang dihasilkan dengan optimasi nilai parameter menggunakan algoritma genetika untuk menentukan kualitas rasa buah jeruk siam kintamani adalah untuk kernel RBF memperoleh akurasi sebesar 0.80 dengan nilai populasi = 30, tingkat mutasi = 0.1, probabilitas *crossover* = 0.6, jumlah gen = 20, *gamma* = 0.0478515625 dan C = 0.365234375. sehingga bisa dikatakan bahwa algoritma genetika mampu meningkatkan akurasi pada kernel *Support Vector Machine* (SVM).

Referensi

- [1] BPS Provinsi Bali. (2022, Maret 1). Produksi Buah Jeruk Provinsi Bali Menurut Kabupaten/Kota. Diakses pada 2 April 2023, dari <https://bali.bps.go.id/indicator/55/200/1/produksi-buah-jeruk-provinsi-bali-menurut-kabupaten-kota.html>
- [2] Balitoursclub. (2019, September 19). Jeruk Kintamani Bali. Retrieved April 4, 2023, from <https://www.balitoursclub.net/jeruk-kintamani-bali/>
- [3] Widodo, R., Widodo, A. W., & Supriyanto, A. (2018). Pemanfaatan Ciri Gray Level Co-Occurrence Matrix (GLCM) Citra Buah Jeruk Keprok (*Citrus reticulata* Blanco) untuk Klasifikasi Mutu. *Jurnal Pengembangan Teknologi Informasi Dan Ilmu Komputer*, 2(11), 5769–5776. <https://j-ptiik.ub.ac.id/index.php/j-ptiik/article/view/3420>
- [4] Fadilah, N. I., Rahayudi, B., & Furqon, M. T. (2018). Implementasi Algoritme Support Vector Machine (SVM) Untuk Klasifikasi Penyakit Dengan Gejala Demam. *Jurnal Pengembangan*

Teknologi Informasi Dan Ilmu Komputer, 2(11), 5619–5625.

- [5] Gunawan, V. A., Fitriani, I. I., & Putra, L. S. A. (2020). Sistem Diagnosis Otomatis Identifikasi Penyakit Jantung Coroner Menggunakan Ekstraksi Ciri GLCM dan Klasifikasi SVM. *Informatika Mulawarman : Jurnal Ilmiah Ilmu Komputer*, 15(1), 13. <https://doi.org/10.30872/jim.v15i1.2495>
- [6] Neneng, N., Adi, K., & Isnanto, R. (2016). Support Vector Machine Untuk Klasifikasi Citra Jenis Daging Berdasarkan Tekstur Menggunakan Ekstraksi Ciri Gray Level Co-Occurrence Matrices (GLCM). *Jurnal Sistem Informasi Bisnis*, 6(1), 1. <https://doi.org/10.21456/vol6iss1pp1-10>

This page is intentionally left blank.