

## PENDUGAAN KANDUNGAN AIR, PROTEIN, LISIN DAN METIONIN TEPUNG IKAN DENGAN JARINGAN SYARAF TIRUAN BERDASARKAN ABSORBSI NEAR INFRARED

*(Predicting of Moisture, Protein, Lysine and Methionine Contents of Fishmeal  
by Artificial Neural Network based on Near Infrared Absorbance)*

Adrizal<sup>1</sup>, Hadi K. Purwadaria<sup>2</sup>, Suroso<sup>2</sup>, I Wayan Budiastara<sup>2</sup>, dan Wiranda G. Piliang<sup>3</sup>

### ABSTRACT

*The objective of this study was to apply artificial neural network (ANN) to enable accurate and fast prediction of moisture, protein, lysine and methionine contents of fishmeal. The several wavelengths of near infrared absorbance, range from 900 to 2,000 nm, were selected for training and validating ANN on each chemical component by stepwise multiple linear regression analysis. The ANN with three, five, seven and nine nodes at hidden layer were trained using 35 samples for moisture and protein, 33 samples for lysine and 30 samples for methionine. Validating was conducted on 10 independent samples. The results of validating indicated that the best of protein prediction was achieved by ANN with seven nodes at hidden layer for moisture, five nodes for protein and methionine, and three nodes for lysine. The standard error of prediction, coefficient of variation and ratio of standard deviation and standard error of prediction respectively were 0.61%, 4.81%, and 6.89 for moisture contents; 2.99%, 6.43% and 3.34 for protein contents; 0.14%, 11.32% and 3.04 for lysine contents; and 0.07%, 10.50% and 2.16 for methionine contents. With the same data entry, the ANN could predict with better performance than did by multiple linear regression.*

**Keywords:** artificial neural network; near infrared; fishmeal

Diterima: 25 September 2007; Disetujui: 9 Nopember 2007

### LATAR BELAKANG

Tepung ikan merupakan sumber protein hewani utama pada makanan ternak, sehingga kualitasnya membutuhkan perhatian yang intensif dalam industri pakan. Idealnya setiap bahan pakan dievaluasi pada setiap kedatangan. Menurut Leeson dan Summers (1997) kandungan air dan

protein tepung ikan harus dievaluasi pada setiap kedatangan bahan, sedangkan kandungan asam aminonya dilakukan setiap bulan. Dengan tingginya frekuensi analisis kandungan kimia tersebut maka diperlukan metode yang cepat, murah dan akurat.

Metode konvensional untuk menentukan komposisi kimia bahan pakan membutuhkan biaya yang mahal

<sup>1</sup> Staf Pengajar Jurusan Ilmu Nutrisi dan Makanan Ternak FATERNA, UNAND

<sup>2</sup> Staf Pengajar Departemen Ilmu Keteknikan Pertanian FATETA IPB

<sup>3</sup> Staf Pengajar Departemen Ilmu Nutrisi dan Teknologi Pakan FAPET IPB

dan waktu yang lama. Penentuan kandungan air membutuhkan pengeringan dalam oven pada suhu 95°C sampai 100°C selama 5 jam. Penentuan kandungan protein menggunakan metode Kjeldhal membutuhkan pelarut kimia dan proses pendidihan dan destilasi serta titrasi yang membutuhkan waktu sekitar lima jam. Penentuan kadar asam amino dengan HPLC membutuhkan oksidasi dan hidrolisis protein dan diikuti *ion exchange chromatography*. Prosedur kimia tersebut sangat kompleks, membutuhkan tenaga kerja yang intensif dan membutuhkan waktu minimum tiga hari (Fontaine et al., 2001).

Pada saat ini sejumlah teknik instrumentasi telah dikembangkan untuk menentukan kandungan kimia dengan cepat. Salah satu teknik tersebut adalah pengukuran *near infrared* (NIR) *reflectance* yang dipancarkan ke bahan. Saputra et al (1995) telah mengaplikasikan NIR untuk mengklasif

rasa manis dan asam. Hubungan antara NIR dengan kandungan gula dan asam pada penelitian tersebut dipelajari dengan kalibrasi menggunakan *multiple linear regression* (MLR) Persamaan regresi hasil kalibrasi tersebut digunakan untuk menduga kandungan gula dan asam mangga. Metode yang sama juga telah diterapkan untuk pendugaan kandungan kimia makanan kelinci (Xiccato et al, 1998). Dengan menggunakan persamaan regresi tersebut untuk melakukan pendugaan berarti mengasumsikan hubungan antara NIR dengan kandungan kimia bersifat linier, pada hal menurut Williams dan Norris (1990) hubungan tersebut tidak linier. Berdasarkan kondisi tersebut, untuk lebih meningkatkan akurasi pendugaan, sebaiknya digunakan model yang dapat memfasilitasi hubungan yang tidak linear. Salah satu metode yang berkembang saat ini yang dapat menjawab tantangan tersebut adalah jaringan syaraf tironan (JST). JST

mengolah input secara adaptif sehingga *error* yang disebabkan linearitas tidak terjadi. Efektifitas aplikasi JST ini telah diteliti oleh Horimoto et al. (1997) untuk mengklasifikasikan kerusakan susu yang disebabkan mikroba. Pada penelitian tersebut terbukti bahwa model JST dapat memprediksi lebih akurat dibandingkan dengan persamaan regresi. Informasi tentang penerapan JST untuk memprediksi kandungan kimia bahan pakan khususnya tepung ikan belum ada.

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengembangkan metode penentuan komposisi kimia tepung ikan terutama protein dan asam amino secara cepat dan akurat dengan menerapkan JST berdasarkan NIR. Hasil penelitian ini diharapkan dapat membantu industri tepung ikan dan industri makanan ternak dalam pengendalian kualitas produk.

## BAHAN DAN METODE

### Bahan

Bahan penelitian yang digunakan adalah tepung ikan yang beredar di pasaran, sehingga kalibrasi dan validasi sesuai dengan kondisi faktual. Sampel tepung ikan diperoleh dari produsen tepung ikan, pedagang (poultry shop) dan pabrik pakan ternak. Pengambilan sampel pada produsen tepung ikan meliputi pengolah tradisional dan modern di Tuban, Muncar Banyuwangi dan Jembran Bali. Sampel juga diperoleh dari pedagang makanan ternak di Bogor. Pengambilan sampel pada pabrik makanan ternak dilakukan di Serang Banten. Jumlah sampel yang dikumpulkan sebanyak 50 macam tepung ikan, namun yang dapat digunakan dalam pengolahan data hanya 45 sampel yang dipakai untuk kalibrasi sebanyak 35 sampel dan validasi sebanyak 10 sampel.

### Analisis kimia sampel

Sebagai nilai acuan dalam *training*

JST, kandungan kimia tepung ikan ditentukan dengan metode analisis kimia standar. Kadar air ditentukan prosedur AOAC 934.01 (AOAC,1999). Analisis standar untuk penentuan kadar protein adalah metode Kjeldhal menurut prosedur AOAC 954.01 (AOAC,1999). Sedangkan penentuan kandungan asam amino dilakukan dengan HPLC menurut prosedur AOAC 994.12 (AOAC, 1999). Asam amino yang dipelajari pada penelitian ini adalah metionin dan lisin.

**Scanning NIR**

Instrumen dan prosedur untuk *scanning* NIR sama seperti yang dilakukan Saputra et al (1995) dan Budiastira et al (1998), dengan kisaran yang lebih besar yakni 900 sampai 2,000 nm dari sebelumnya 1,400 sampai 2,000 nm. Pelebaran kisaran ini bertujuan untuk memfasilitasi prediksi protein dan asam amino yang berkorelasi dengan beberapa panjang gelombang yang berada antara 900 sampai 1,400 nm. Pembacaan dilakukan setiap 5 nm, dengan demikian setiap sampel mempunyai 220 data NIR.

**Treatment Data**

Data reflektan dikonversi menjadi

absorpsi NIR dengan Persamaan 1 berikut:

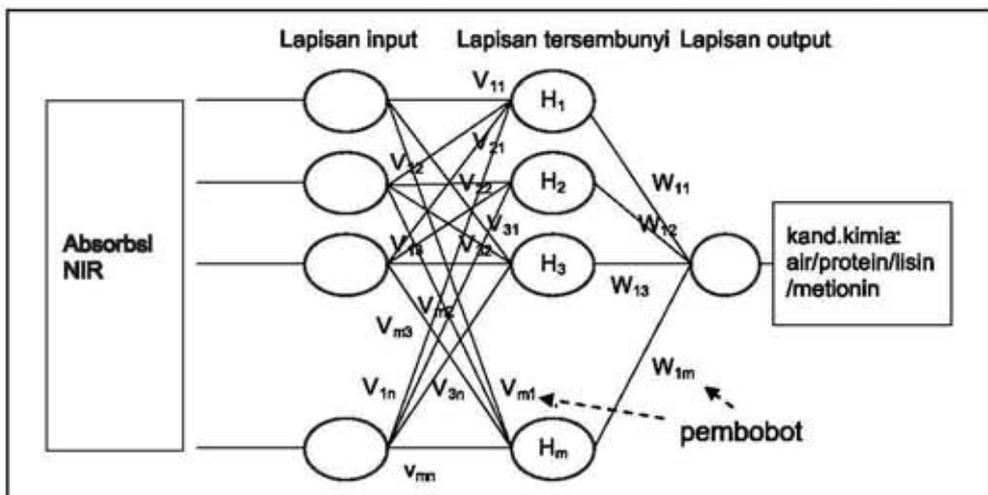
$$A = \log \left( \frac{I}{R} \right) \tag{1}$$

dimana *A* absorpsi dan *R* reflektan NIR

Kurva absorpsi memerlukan pemulusan untuk mengurangi *noise*. Metode pemulusan menggunakan *running mean* (Williams dan Norris, 1990). Data yang terlalu ekstrim yakni diluar kisaran antara tiga kali standar deviasi di bawah dan di atas rata-rata dieliminasi. Untuk menghindari terjadinya *overfitting* dalam kalibrasi, maka jumlah variabel data harus dikurangi. Metode untuk mengurangi jumlah variabel tersebut dilakukan melalui analisis *stepwise multiple linear regression* (SMLR) menggunakan perangkat lunak *Minitap® for windows release 11.12*.

**Training JST**

Model JST terdiri dari tiga lapisan yakni lapisan *input*, lapisan *output* dan lapisan tersembunyi (Gambar 1). Lapisan input berguna untuk menerima masukan yang berupa data absorpsi NIR pada beberapa panjang gelombang yang terpilih melalui SMLR, sedangkan lapisan *output* terdiri



Gambar 1. Model JST untuk pendugaan kandungan air, protein, lisin dan metionin tepung ikan

dari kriteria kandungan kimia yang dievaluasi. Lapisan tersembunyi terdiri dari beberapa noda (simpul) yang berguna untuk menampung nilai antara. Hubungan antara masing-masing simpul pada setiap lapisan disimpan dalam bentuk nilai pembobot.

*Training* JST bertujuan untuk memperoleh nilai pembobot hubungan antara simpul-simpul yang ada pada setiap lapisan. Nilai pembobot tersebut selanjutnya digunakan untuk menduga kandungan kimia pada saat validasi. Kinerja hasil *training* dapat diketahui melalui nilai *standard error of calibration* (SEC) yang ditentukan dengan Persamaan 2 (Osborne et al, 1993).

$$SEC = \sqrt{\frac{\sum (y - \hat{y})^2}{n_k - 1}} \quad (2)$$

dimana  $y$  adalah kandungan nutrisi aktual,  $\hat{y}$  kandungan nutrisi hasil perhitungan dan  $n_k$  jumlah sampel yang digunakan untuk kalibrasi.

Berapa jumlah simpul pada lapisan tersembunyi JST dan jumlah iterasi *training* yang optimum dipelajari untuk memperoleh pendugaan yang paling akurat.

#### Validasi Model JST

Nilai pembobot yang diperoleh pada saat *training* bersama dengan absorpsi NIR pada panjang gelombang yang terpilih melalui analisis SMLR digunakan untuk menduga kandungan kimia tepung ikan. Validasi bertujuan untuk menguji kemampuan JST dalam memprediksi kandungan air, protein dan asam amino. Parameter keberhasilan dilihat dari *standard error of prediction* (SEP), *Coefficient of variation* (CV) dan rasio antara standar deviasi (SD) dan SEP (SD/SEP). SEP dan CV ditentukan berturut-turut dengan persamaan 3 dan 4 (Osborne et al, 1993) berikut:

$$SEP = \sqrt{\frac{\sum (y_i - \hat{y}_i)^2}{n_v - 1}} \quad (3)$$

dimana  $n_v$  adalah jumlah sampel validasi.

$$CV = \frac{SEP}{\bar{y}} \times 100 \% \quad (4)$$

dimana  $\bar{y}$  adalah rata-rata kandungan nutrisi aktual sampel.

Hasil pendugaan yang baik ditunjukkan dengan SEP dan CV yang rendah dan SD/SEP yang tinggi. Kinerja pendugaan menggunakan JST dibandingkan dengan hasil yang diperoleh dengan menggunakan persamaan regresi yang didapatkan melalui *multiple linear regression* (MLR) dengan masukan data yang sama.

#### Tempat dan Waktu Penelitian

Pengambilan data spectra NIR dilakukan di Laboratorium Teknologi Pengolahan Pangan dan Hasil Pertanian, Fakultas Teknologi Pertanian, Institut Pertanian Bogor. Penelitian dilaksanakan mulai Juli 2005 sampai Maret 2007.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

#### Variasi kandungan kimia sampel

Kandungan kimia tepung ikan sangat bervariasi (Tabel 1). Pada tabel terlihat bahwa standar deviasi masing-masing kandungan kimia cukup besar dengan kisaran angka yang lebar. Besarnya variasi ini disebabkan beragamnya bahan baku dan teknologi pengolahan. Bahan baku berupa ikan kecil (ruca) dan limbah pengolahan ikan berupa bagian kepala, sirip dan sisik proporsi tulangnya lebih banyak, sehingga proteinnya rendah. Tepung ikan yang diolah secara tradisional tidak melalui proses pengempaan dan dikeringkan dengan penjemuran matahari, sehingga kandungan airnya tinggi, sedangkan kandungan protein dan asam aminonya rendah.

#### Absorpsi NIR

Absorpsi NIR pada panjang

Tabel 1. Statistik komposisi kimia sampel tepung ikan

Jenis Nutrien	Tahap penelitian	Jumlah sampel	Kandungan nutrien (%)			
			rata-rata	SD	minimum	maksimum
Air	kalibrasi	35	12.38	3.89	7.25	21.56
	validasi	10	12.61	4.18	7.99	20.88
	total	45	12.43	3.91	7.25	21.56
Protein	kalibrasi	35	47.31	10.36	20.99	61.68
	validasi	10	46.56	10.00	24.34	59.31
	total	45	47.14	10.18	20.99	61.68
Lisin	kalibrasi	33	1.09	0.44	0.51	2.18
	validasi	10	1.22	0.40	0.60	2.00
	total	43	1.12	0.43	0.51	2.18
Metionin	kalibrasi	30	0.68	0.20	0.39	1.03
	validasi	10	0.70	0.16	0.45	0.95
	total	40	0.68	0.19	0.39	1.03

Tabel 2. Absorpsi NIR dan korelasinya dengan struktur kimia

No	Panjang Gelombang (nm)	Struktur kimia*
1	915 nm	CH <sub>2</sub>
2	1,185 - 1,215	CH <sub>2</sub> dan CH <sub>3</sub>
3	1,465 - 1,535	RNH <sub>2</sub> dan Protein
4	1,725 - 1,735	CH <sub>2</sub>
5	1,945 - 1,980	Protein

\* Sumber Osborne et al (1993)

gelombang 900 nm sampai 2 000 nm berkisar antara 0,1 sampai 0,6 (Gambar 2). Gambar 2 menunjukkan puncak-puncak penyerapan terjadi pada panjang gelombang 915 nm, 1185 nm - 1215 nm, 1465 nm - 1535 nm, 1725 nm - 1735 nm dan 1945 nm - 1980 nm. Absorpsi NIR pada panjang gelombang tersebut menurut Osborne et al (1993) berkorelasi dengan CH<sub>2</sub>, CH<sub>3</sub>, protein dan RNH<sub>2</sub> (Tabel 2). CH<sub>2</sub> dan CH<sub>3</sub> merupakan kerangka karbon pembentuk semua senyawa organik diantaranya karbohidrat, lemak, sedangkan RNH<sub>2</sub> merupakan struktur pembentuk senyawa organik yang mengandung N diantaranya asam amino dan protein.

### Hasil Analisis SMLR

Hubungan kandungan kimia dengan absorpsi NIR hasil analisis SMLR disajikan pada Tabel 3. Pada tabel terlihat bahwa variable terpilih untuk masing-masing komponen kimia berkisar antara 3 sampai 6 panjang gelombang dengan koefisien korelasi antara 0,78 sampai 0,85.

Pada Tabel 3 terlihat bahwa absorpsi NIR yang berkorelasi dengan kandungan air terjadi pada panjang gelombang 1,915 nm, 1,215 nm, 1,285 nm. Hal ini sesuai dengan Williams dan Norris (1990) yang menyatakan bahwa air menyerap NIR pada panjang gelombang antara 1,910 nm sampai 1,950 nm dan 1,030 nm sampai 1,330 nm.

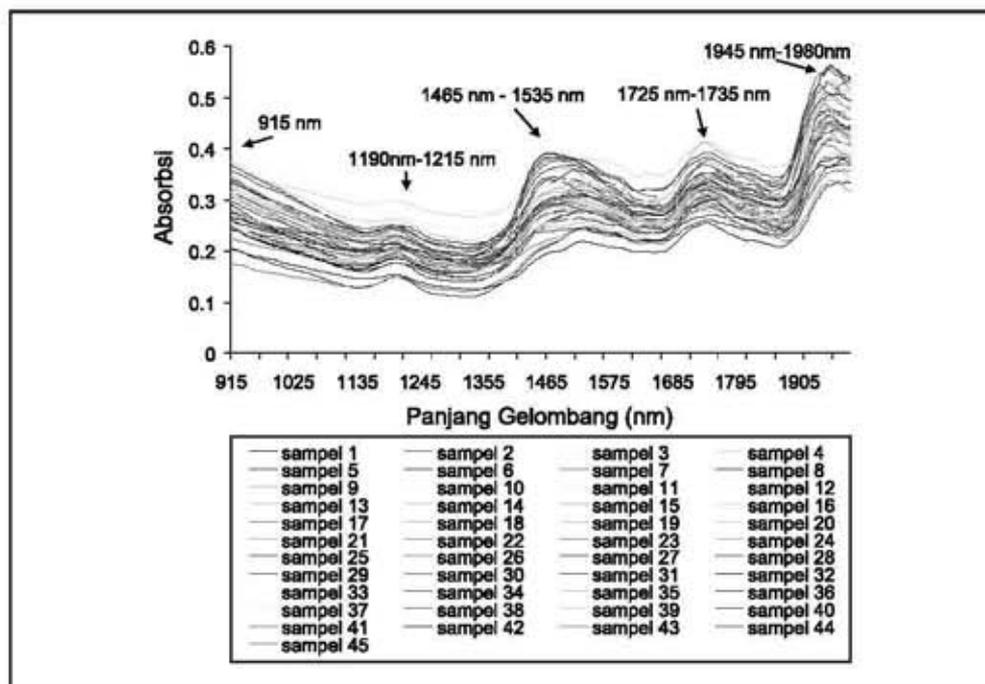
Absorpsi NIR yang berkorelasi dengan protein terjadi pada panjang gelombang 1,725 nm, 1,785 nm, 1,130 nm, 1,530 nm dan 1,495 nm. Absorpsi pada panjang gelombang 1,725 nm berhubungan erat dengan ikatan C-H pada CH<sub>2</sub>, pada panjang gelombang 1,530 nm berhubungan dengan ikatan N-H pada RNH<sub>2</sub> (Osborne et al, 1993). Pada Tabel 3 terlihat bahwa koefisien regresi pada panjang gelombang 1,785 nm, 1,130 nm, dan 1,495 nm bernilai negatif. Hal ini menunjukkan bahwa semakin besar penyerapan pada panjang gelombang

Tabel 3. Korelasi kandungan kimia dengan absorpsi *near infrared* pada tepung ikan hasil analisis SMLR

No	Komponen kimia	Persamaan regresi	Koefisien regresi (r)
1	Air	$\text{Air} = 73.38(A_{1,915\text{nm}}) - 180.12(A_{1,215\text{nm}}) + 120.14(A_{1,285\text{nm}})$	0.81
2	Protein	$\text{Protein} = 943.94(A_{1,725\text{nm}}) - 1172.71(A_{1,785\text{nm}}) - 131.77(A_{1,130\text{nm}}) + 734.63(A_{1,530\text{nm}}) - 373.78(A_{1,495\text{nm}})$	0.84
3	Lisin	$\text{Lisin} = -309.88(A_{1,020\text{nm}}) - 111.74(A_{1,325\text{nm}}) + 62.91(A_{1,745\text{nm}}) + 225.92(A_{1,025\text{nm}}) + 149.61(A_{1,100\text{nm}}) + 49.68(A_{1,650\text{nm}})$	0.85
4	Metionin	$\text{Metionin} = -40.44(A_{1,415\text{nm}}) - 106.12(A_{1,325\text{nm}}) - 8.03(A_{1,920\text{nm}}) + 18.65(A_{1,645\text{nm}})$	0.78

tersebut, maka kandungan proteinnya semakin rendah. Osborne et al (1993) menjelaskan bahwa pada panjang gelombang 1,780 nm (berdekatan dengan 1,785 nm) dan 1,490 nm (berdekatan dengan 1,495 nm), spektrum NIR diabsorpsi oleh selulosa. Pada kenyataannya tepung ikan yang berkualitas rendah dimana komponen serat kasarnya tinggi mengandung protein yang rendah.

Pada Tabel 2 terlihat bahwa lisin berkorelasi dengan absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,020 nm, 1,325 nm, 1,745 nm, 1,025 nm, 1,100 nm dan 1,620 nm. Absorpsi pada pada panjang gelombang 1,020 nm dan 1,325 nm berkorelasi negative dengan kandungan lisin, sedangkan dengan panjang gelombang 1,745 nm, 1,025 nm, 1,100 nm dan 1,650 nm berkorelasi positif. Williams dan Norris (1990) menyatakan



Gambar 2. Absorpsi NIR dari 45 sampel tepung ikan.

bahwa panjang gelombang 1,020 nm, 1,745 nm, 1,025 nm, 1,100 nm dan 1,650 nm berkorelasi dengan ikatan N-H, pada 1,325 nm berhubungan dengan ikatan O-H. Pada dasarnya semua komponen tersebut merupakan penyusun lisin, namun secara spesifik masing-masingnya mempunyai pengaruh yang berbeda-beda.

Analisis SMLR pada metionin menghasilkan kombinasi yang melibatkan panjang gelombang 1,415 nm, 1,325 nm, 1,920 nm dan 1,645 nm. Absorpsi pada panjang gelombang 1,415 dan 1,325 nm berhubungan dengan ikatan O-H dan panjang gelombang 1,920 nm berhubungan dengan ikatan C=O (Williams dan Norris, 1990). Osborne et al (1993) menyatakan bahwa absorpsi pada panjang gelombang 1,645 nm berhubungan dengan ikatan C-H. Berdasarkan panjang gelombang terpilih terlihat bahwa ikatan kimia yang berhubungan dengannya merupakan komponen-komponen penyusun asam amino metionin, namun kuantifikasi hubungan tersebut perlu dilakukan melalui kalibrasi.

#### Hasil Pendugaan Kandungan Air

Pendugaan kandungan air dilakukan dengan variabel *input* absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,915 nm, 1,215 nm dan 1,285 nm. Kalibrasi dilakukan dengan *training* JST yang mempunyai 3, 5, 7 dan 9 simpul pada lapisan tersembunyi. Hasil *training* dengan iterasi 40,000 sampai 65,000 pada masing-masing model JST menunjukkan penurunan nilai SEC (Tabel 4). Akan tetapi penurunan nilai SEC tidak selalu seiring dengan penurunan SEP. Hal ini disebabkan *overfitting* yang terjadi karena penyesuaian nilai pembobot melalui *training* yang berlebihan, sehingga pembobot tersebut hanya cocok untuk sampel kalibrasi, tetapi tidak sesuai untuk sampel yang lain. Hasil terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai 5 simpul pada lapisan tersembunyi dengan iterasi

60,000 kali. Hasil terbaik tersebut menghasilkan SEP sebesar 0.61%, CV sebesar 4.81% dan rasio SD/SEP sebesar 6.89.

Dengan masukan data yang sama, hasil pendugaan menggunakan JST ini memberikan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan yang diperoleh menggunakan persamaan regresi yang didapatkan melalui MLR. Gambar 3 memperlihatkan perbandingan plot data hasil pendugaan JST dan persamaan regresi. Berdasarkan rasio SD/SEP terlihat bahwa pendugaan layak diterapkan karena nilainya lebih dari 3.00 sesuai dengan kriteria Fontaine et al (2001).

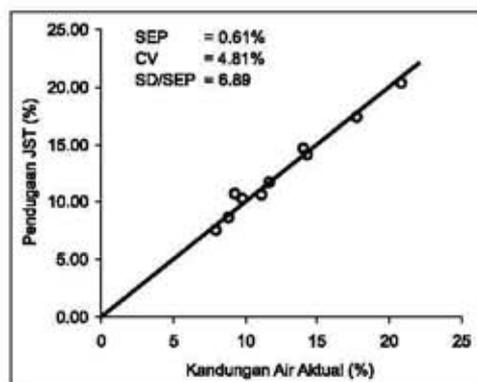
#### Hasil Pendugaan Kandungan Protein

Pendugaan kandungan protein menggunakan masukan data absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,725 nm, 1,785 nm, 1,915 nm, 1,130 nm, 1,530 nm dan 1,495 nm. *Training* JST menghasilkan SEC yang semakin menurun dengan bertambahnya iterasi (Tabel 5). Rendahnya SEC pada saat *training* belum menjamin bahwa pembobot yang dihasilkan akan mampu menduga kandungan protein dengan akurasi yang baik. Hasil pendugaan terbaik diperoleh JST yang mempunyai 5 simpul pada lapisan tersembunyi dengan iterasi 35,000.

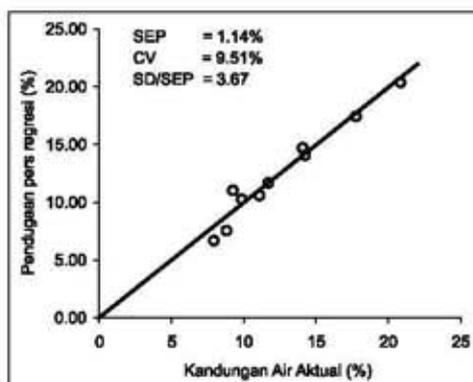
Hasil pendugaan tersebut memberikan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut sebesar 2.99%, 6.43% dan 3.34. Berdasarkan rasio SD/SEP terlihat bahwa pendugaan ini layak diterapkan, karena nilainya di atas 3.00. Dengan masukan data yang sama, persamaan regresi memberikan hasil dengan *error* yang lebih tinggi yakni SEP, CV dan rasio SD/SEP sebesar 3.75%, 7.95% dan 2.70. Plot data hubungan antara kandungan protein aktual dengan hasil pendugaan menggunakan JST dan persamaan regresi disajikan pada Gambar 4.

Tabel 4. Hasil *training* dan validasi JST dengan berbagai jumlah simpul pada lapisan tersembunyi dan jumlah iterasi untuk pendugaan air.

Jumlah simpul	Jumlah iterasi (ribu)	Kalibrasi SEC (%)	Validasi		
			SEP (%)	CV (%)	SD/SEP
3	40	2.38	0.63	5.00	6.63
	45	2.38	0.62	4.95	6.69
	50	2.37	0.62	4.95	6.69
	55	2.37	0.63	4.99	6.64
	60	2.37	0.64	5.05	6.56
	65	2.37	0.65	5.13	6.46
5	40	2.39	0.64	5.09	6.50
	45	2.38	0.63	4.97	6.67
	50	2.38	0.62	4.90	6.76
	55	2.38	0.62	4.88	6.79
	60	2.38	0.61	4.81	6.89
	65	2.37	0.62	4.93	6.72
7	40	2.39	0.65	5.17	6.41
	45	2.38	0.63	5.03	6.58
	50	2.38	0.62	4.94	6.70
	55	2.37	0.62	4.90	6.76
	60	2.37	0.62	4.91	6.74
	65	2.37	0.63	4.96	6.68
9	40	2.38	0.64	5.10	6.49
	45	2.37	0.63	5.03	6.59
	50	2.37	0.63	5.01	6.61
	55	2.37	0.64	5.05	6.56
	60	2.36	0.64	5.11	6.48
	65	2.36	0.66	5.20	6.37



a

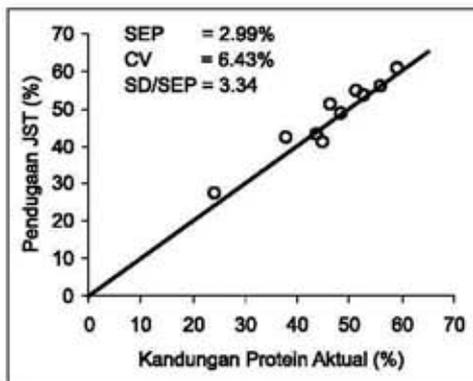


b

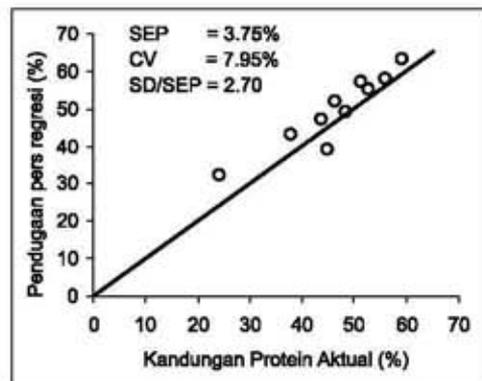
Gambar 3. Hubungan kandungan air aktual dengan hasil pendugaan JST (a) dan persamaan regresi (b).

Tabel 5. Hasil *training* dan validasi JST dengan berbagai jumlah simpul pada lapisan tersembunyi dan jumlah iterasi untuk pendugaan protein

Jumlah simpul	Jumlah iterasi (ribu)	Kalibrasi SEC (%)	Validasi		
			SEP (%)	CV (%)	SD/SEP
3	5	6.48	3.98	8.56	2.51
	10	5.81	3.56	7.65	2.81
	15	5.51	3.41	7.32	2.93
	20	5.33	3.29	7.07	3.04
	25	5.15	3.25	6.97	3.08
	30	5.00	3.32	7.12	3.02
5	5	5.67	3.59	7.71	2.79
	10	5.00	3.07	6.60	3.25
	15	4.62	<b>2.99</b>	<b>6.43</b>	<b>3.34</b>
	20	4.40	3.13	6.72	3.20
	25	4.27	3.39	7.28	2.95
	30	4.18	3.71	7.96	2.70
7	5	5.73	4.25	9.13	2.35
	10	5.01	3.63	7.80	2.76
	15	4.70	3.60	7.73	2.78
	20	4.56	3.74	8.03	2.67
	25	4.53	3.89	8.36	2.57
	30	4.50	4.01	8.61	2.49
9	5	5.52	3.75	8.05	2.67
	10	5.01	3.42	7.35	2.92
	15	4.65	3.31	7.11	3.02
	20	4.44	3.38	7.27	2.96
	25	4.33	3.51	7.54	2.85
	30	4.26	3.62	7.77	2.76



a

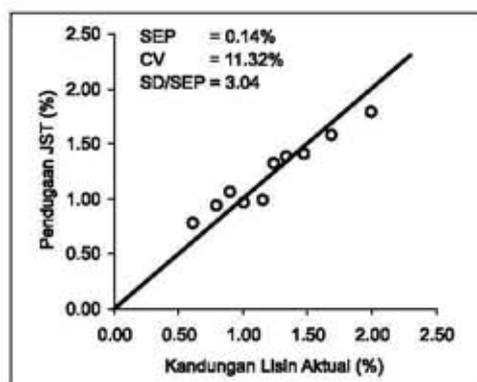


b

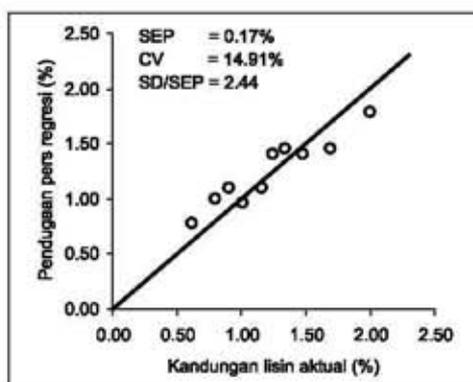
Gambar 4. Hubungan kandungan protein aktual dengan hasil pendugaan JST (a) dan persamaan regresi (b)

Tabel 6. Hasil *training* dan validasi JST dengan berbagai jumlah simpul pada lapisan tersembunyi dan jumlah iterasi untuk pendugaan lisin

Jumlah simpul	Jumlah iterasi (ribu)	Kalibrasi SEC (%)	Validasi		
			SEP (%)	CV (%)	SD/SEP
3	7	0.30	0.17	13.56	2.54
	8	0.28	0.16	3.11	2.63
	9	0.27	0.15	12.36	2.79
	10	0.27	0.14	11.76	2.93
	11	0.26	<b>0.14</b>	<b>11.32</b>	<b>3.04</b>
	12	0.26	0.15	11.86	2.90
5	7	0.29	0.17	14.18	2.43
	8	0.28	0.17	13.76	2.50
	9	0.27	0.16	12.97	2.65
	10	0.26	0.16	12.86	2.68
	11	0.26	0.15	12.61	2.73
	12	0.25	0.16	12.95	2.66
7	7	0.29	0.20	16.16	2.13
	8	0.28	0.18	14.32	2.40
	9	0.26	0.17	13.82	2.49
	10	0.25	0.17	13.52	2.55
	11	0.25	0.16	13.40	2.57
	12	0.24	0.16	13.45	2.56
9	7	0.28	0.17	13.49	2.55
	8	0.27	0.16	12.91	2.67
	9	0.26	0.15	12.25	2.81
	10	0.25	0.16	12.75	2.70
	11	0.25	0.16	12.99	2.65
	12	0.25	0.17	13.49	2.55



a

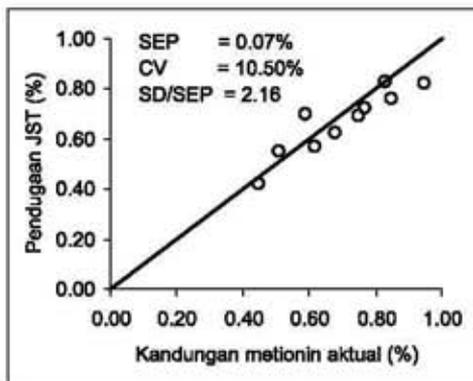


b

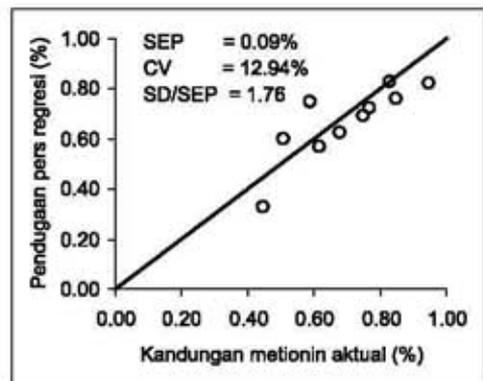
Gambar 5. Hubungan kandungan lisin aktual dengan hasil pendugaan JST (a) dan persamaan regresi (b)

Tabel 7. Hasil *training* dan validasi JST dengan berbagai jumlah simpul pada lapisan tersembunyi dan jumlah iterasi untuk pendugaan metionin

Jumlah simpul	Jumlah iterasi (ribu)	Kalibrasi SEC (%)	Validasi		
			SEP (%)	CV (%)	SD/SEP
3	5	0.15	0.13	18.30	1.24
	10	0.13	0.09	12.68	1.79
	15	0.12	0.08	10.74	2.11
	20	0.12	0.08	10.85	2.09
	25	0.12	0.08	11.10	2.04
	30	0.12	0.08	11.38	1.99
5	5	0.15	0.11	16.35	1.39
	10	0.13	0.08	11.06	2.05
	15	0.12	<b>0.07</b>	<b>10.50</b>	<b>2.16</b>
	20	0.12	0.07	10.67	2.13
	25	0.12	0.08	10.81	2.10
	30	0.12	0.08	10.99	2.06
7	5	0.14	0.10	13.94	1.63
	10	0.12	0.08	10.84	2.09
	15	0.12	0.08	10.75	2.11
	20	0.12	0.08	10.91	2.08
	25	0.12	0.08	11.01	2.06
	30	0.12	0.08	11.28	2.01
9	5	0.14	0.10	13.94	1.63
	10	0.12	0.08	10.84	2.09
	15	0.11	0.08	10.75	2.11
	20	0.11	0.08	10.91	2.08
	25	0.11	0.08	11.01	2.06
	30	0.11	0.08	11.28	2.01



a



b

Gambar 6. Hubungan kandungan metionin aktual dengan hasil pendugaan JST (a) dan persamaan regresi (b)

### Hasil Pendugaan Kandungan Lisin

Masukan data untuk pendugaan lisin adalah turunan ke tiga absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,020 nm, 1,325 nm, 1,745 nm, 1,025 nm, 1,100 nm dan 1,650 nm. *Training* JST dilakukan dengan iterasi 7,000, 8,000, 9,000, 10,000, 11,000 dan 12,000 kali. Hasil *training* untuk setiap skenario JST menunjukkan penurunan SEC dengan meningkatnya jumlah iterasi (Tabel 6). Namun umumnya pada iterasi 12,000 kali terjadi *overtraining* yang ditunjukkan dengan meningkatnya SEP dan CV pada saat validasi.

Hasil terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai tiga simpul lapisan tersembunyi dengan 11,000 kali iterasi pada saat *training*. Hal tersebut ditunjukkan dengan paling rendahnya SEP (0.14%), CV (11.32%) dan paling tingginya rasio SD/SEP (3.04) pada perlakuan tersebut. Hasil ini lebih baik dibandingkan prediksi menggunakan persamaan regresi yang menghasilkan SEP dan CV yang tinggi (berturut-turut 0.17 g/100g dan 14.91%) dan rasio SD/SEP yang rendah yakni 2.44. Berdasarkan rasio SD/SEP pendugaan dengan JST layak diterapkan, sedangkan menggunakan persamaan regresi belum layak diterapkan karena rasio SD/SEP di bawah 3.00. Gambar 5 memperlihatkan hubungan antara kadar lisin aktual dengan hasil prediksi menggunakan JST dan persamaan regresi.

### Hasil Pendugaan Kandungan Metionin

Data turunan ke tiga absorpsi NIR yang digunakan untuk memprediksi kandungan metionin adalah pada panjang gelombang 1,415 nm, 1,325 nm, 1,920 nm dan 1,645 nm. *Training* JST dilakukan dengan iterasi 5,000 kali sampai 35,000 kali. Sama halnya dengan penentuan kandungan kimia yang lain, peningkatan jumlah iterasi dapat menurunkan SEC (Tabel 7).

Hasil terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai lima simpul pada

lapisan tersembunyi dengan iterasi 15,000 kali. Pendugaan tersebut menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut 0.07%, 10.50% dan 2.16. Hasil ini belum layak diterapkan karena rasio SD/SEP di bawah nilai 3.00, namun demikian bila dibandingkan dengan pendugaan menggunakan persamaan regresi hasil ini lebih baik. Dengan masukan data yang sama, menggunakan persamaan regresi menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut sebesar 0.09%, 12.94% dan 1.76. Fontaine et al (2001) dengan jumlah sampel yang lebih banyak (204 sampel) mampu menduga metionin tepung ikan dengan hasil yang lebih baik yakni CV sebesar 4.39% dan rasio SD/SEP sebesar 3.48. Rendahnya akurasi penelitian ini diduga disebabkan masih sedikitnya unit sampel yang digunakan (hanya 40 sampel), dengan demikian untuk memperbaikinya sebaiknya jumlah sampel ditingkatkan. Gambar 6 memperlihatkan plot antara kandungan metionin acuan dengan hasil prediksi menggunakan JST dan menggunakan persamaan regresi.

## KESIMPULAN

1. Model JST dapat diterapkan untuk pendugaan kandungan air, protein, lisin dan metionin tepung ikan berdasarkan absorpsi NIR.
2. Pendugaan kandungan air terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai tujuh simpul pada lapisan tersembunyi dengan *training* 60,000 kali iterasi dengan masukan data absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,915 nm, 1,215 nm, dan 1,285 nm, menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut 0.61%, 4.81% dan 6.89.
3. Pendugaan kandungan protein terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai lima simpul pada lapisan

tersembunyi dengan *training* 35,000 kali iterasi dengan masukan data absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,725 nm, 1,785 nm, 1,915 nm, 1,530 nm dan 1,495 nm, menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut 2.99%, 6.43% dan 3.34.

4. Pendugaan kandungan lisin terbaik diperoleh dengan JST yang mempunyai tiga simpul pada lapisan tersembunyi dengan *training* 11,000 kali iterasi dengan masukan data turunan ke tiga dari absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,020 nm, 1,325 nm, 1,745 nm, 1,025 nm, 1,100 nm dan 1,650 nm, menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut 0.14%, 11,32% dan 3.04.
5. Pendugaan kandungan metionin terbaik dicapai dengan JST yang mempunyai lima simpul pada lapisan tersembunyi dengan *training* 15,000 kali iterasi dengan masukan data turunan ke tiga dari absorpsi NIR pada panjang gelombang 1,415 nm, 1,325 nm, 1,920 nm, 1,645 nm dan 1,405 nm, menghasilkan SEP, CV dan rasio SD/SEP berturut-turut 0.07%, 10.50% dan 2.16.
6. JST mampu menduga kandungan air, protein, lisin dan metionin tepung ikan dengan akurasi yang lebih baik dibandingkan dengan menggunakan persamaan regresi yang didapatkan melalui MLR.

#### UCAPAN TERIMAKASIH

Terimakasih disampaikan kepada DP2M Direktorat Pendidikan Tinggi Departemen Pendidikan Nasional yang telah mendanai penelitian ini melalui proyek Hibah Bersaing Perguruan Tinggi tahun anggaran 2005.

#### DAFTAR PUSTAKA

- AOAC. 1999. Official methods of Analysis. 16<sup>th</sup> ed.; AOAC International, Maryland USA.
- Budiastra IW., Y. Ikeda, T. Nishizu. 1998. Optical Methods for Quality Evaluation of Fruits (Part 2): Prediction of individual Sugars and Malic Acid Concentrations of Apples and Manggos by the Developed NIR Reflectance System. *Journal of JSAM* 60 (3): 117-127.
- Chan DE, Walker PN, Mills EW. 2002. Predicting of pork quality characteristics using visible and near infrared spectroscopy. *Trans. ASAE* 45(5):1519-1527.
- Fontaine, J., J. Horr, and B. Schirmer. 2001. Near-Infrared reflectance spectroscopy enables the fast and accurate prediction of essential amino acid contents in soy, rapeseed meal, sunflower meal, peas, fishmeal, meat meal products, and poultry meal. *J. Agric. Food Chem.* 2001. 49, 57-66.
- Horimoto, Y., K. Lee, and S. Nakai. 1997. Classification of microbial defects in milk using a dynamic headspace gas chromatograph and computer-aided data processing 2; artificial neural networks, partial least-squares regression analysis, and principal component regression analysis. *J. Agric. Food Chem.* 45; 743-747.
- Leeson, S., and J.D. Summers. 1997. *Commercial Poultry Nutrition*. Department of Animal and Poultry Science University of Guelph, Ontario, Canada.
- Patterson, D.W. 1996. *Artificial Neural Networks; Theory and Application*. Prentice Hall, Singapore.
- Osborne BG, Fearn T, Hindle PH. 1993. *Practical NIR Spectroscopy with Applications in Food and Beverage Analysis*. Singapore: Longman Publishers.

- Patterson DW. 1996. *Artificial Neural Networks; Theory and Application*. Singapore: Prentice Hall.
- Saputra D, Budiastira IW, Purwadania HK. 1995. Classification of mango by near infrared diffuse reflectance. *Proceedings of the FPAC IV Conference*; Chicago, Illinois, 3-5 November 1995; *Trans. ASAE*.197-203.
- Williams, P., and K. Norris. 1990. *Near-Infrared Technology in the Agricultural and Food Industries*. American Association of Cereal Chemist, Inc. St.Paul, Minnesota, USA.
- Xiccato G, Trocino A, Carazzolo A, Meurens M, Maertens L, Carabano R. 1999. Nutritive evaluation and ingredient prediction of compound feeds for rabbits by Near-Infrared reflectance spectroscopy (NIRS). *Anim. Feed Sci. and Tech.* 77:201-212.