



ITS
Institut
Teknologi
Sepuluh Nopember

TUGAS AKHIR - KI141502

SEGMENTASI DAN KLASIFIKASI CITRA SEL DARAH PUTIH MENGGUNAKAN METODE PRE- PROCESSING SELF-DUAL MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE

MUHAMMAD HILMAN FAIZ
5113100129

Dosen Pembimbing
Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc., Ph.D.
Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.

DEPARTEMEN INFORMATIKA
Fakultas Teknologi Informasi dan Komunikasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember
Surabaya 2018



TUGAS AKHIR - KI141502

SEGMENTASI DAN KLASIFIKASI CITRA SEL DARAH PUTIH MENGGUNAKAN METODE PRE-PROCESSING SELF-DUAL MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE

MUHAMMAD HILMAN FAIZ
5113100129

Dosen Pembimbing I
Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc., Ph.D.

Dosen Pembimbing II
Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.

DEPARTEMEN INFORMATIKA
Fakultas Teknologi Informasi dan Komunikasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember
Surabaya, 2018

[Halaman ini sengaja dikosongkan]



FINAL PROJECT - KI141502

**WHITE BLOOD CELL IMAGES SEGMENTATION
AND CLASSIFICATION USING SELF-DUAL
MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE AS PRE-
PROCESSING METHOD**

MUHAMMAD HILMAN FAIZ
5113100129

Supervisor I
Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc., Ph.D.

Supervisor II
Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.

DEPARTMENT OF INFORMATICS
Faculty of Information and Communication Technology
Sepuluh Nopember Institute of Technology
Surabaya, 2018

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

LEMBAR PENGESAHAN

SEGMENTASI DAN KLASIFIKASI CITRA SEL DARAH PUTIH MENGGUNAKAN METODE PRE-PROCESSING SELF-DUAL MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE

TUGAS AKHIR

Diajukan Untuk Memenuhi Salah Satu Syarat
Memperoleh Gelar Sarjana Komputer
pada
Rumpun Mata Kuliah Komputasi Cerdas dan Visi
Program Studi S-1 Departemen Informatika
Fakultas Teknologi Informasi dan Komunikasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh:

MUHAMMAD HILMAN FAIZ
NRP: 5113 100 129

Disetujui oleh Dosen Pembimbing Tugas Akhir:

Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc., Ph.D.
NIP. 194908231976032001



Dr. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
NIP. 197512202001122002

SURABAYA
Januari, 2018

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

SEGMENTASI DAN KLASIFIKASI CITRA SEL DARAH PUTIH MENGGUNAKAN METODE PRE-PROCESSING SELF-DUAL MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE

Nama Mahasiswa : Muhammad Hilman Faiz
NRP : 5113 100 129
Departemen : Informatika, FTIK ITS
Dosen Pembimbing 1 : Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc.,
Dosen Pembimbing 2 : Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom.,
M.Kom.

Abstrak

Kemajuan teknologi memberikan kemudahan untuk menyelesaikan permasalahan. Dengan adanya pengolahan citra digital, penghitungan dan identifikasi jenis sel darah putih pada blood smear image yang sebelumnya dilakukan secara konvensional kini dapat dilakukan secara otomatis. Meskipun demikian, hingga saat ini belum ada standar metode yang diakui dunia.

Tugas akhir ini mengusulkan sebuah metode self-dual multiscale morphological toggle (SMMT) sebagai metode preprocessing dari blood smear image. Nukleus dan sitoplasma sel darah putih dideteksi dan disegmentasi secara terpisah. Segmentasi nukleus dilakukan menggunakan metode level set. Segmentasi sitoplasma dilakukan menggunakan metode-metode morfologi matematika, yaitu bottom hat, flood fill, dan watershed. Kemudian citra hasil segmentasi diekstrak fitur-fiturnya dan diklasifikasi menggunakan metode decision tree. Data akhir yang didapat adalah jumlah sel darah putih dalam blood smear image dan jenis dari masing-masing sel darah putih yang telah tersegmentasi.

Uji coba yang dilakukan terhadap 247 citra training dan 30 citra testing menunjukkan bahwa metode ini dapat memberikan

hasil segmentasi hapusan darah dan klasifikasi sel darah putih yang akurat dengan rata-rata akurasi, specificity dan sensitivity sebesar 87,78%, 71,94%, dan 88,64%.

Kata kunci: SMMT, morfologi matematika, segmentasi, level-set, sel darah putih.

WHITE BLOOD CELL IMAGES SEGMENTATION AND CLASSIFICATION USING SELF-DUAL MULTISCALE MORPHOLOGICAL TOGGLE AS PRE-PROCESSING METHOD

Student Name : Muhammad Hilman Faiz
Registration Number : 5113 100 129
Department : Informatics, FTIK ITS
First Supervisor : Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc.,
Ph.D.
Second Supervisor : Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom.,
M.Kom.

Abstract

Using digital image processing, counting and identification of white blood cell types, which previously performed conventionally, now can be done automatically. However, there is no standard method that is recognized worldwide yet.

In this undergraduate thesis, we propose self-dual multiscale morphological toggle (SMMT) as pre-processing method. Nucleus and cytoplasm of white blood cell will be detected and segmented separately. Nucleus segmentation will be performed using level-set method. Cytoplasm segmentation will be done using mathematical morphology methods, namely bottom hat, flood fill, and watershed. Then, segmented image's features will be extracted and classified using decision tree method. Data produced through these processes will be white blood cell counting and types of each segmented white blood cell.

The experiment was performed for 247 training images and 30 testing images. The result shows that these methods give accurate white blood cell classification with the average accuracy, specificity, and sensitivity of 87,78%, 71,94%, and 88,64%.

Keywords: SMMT, mathematical morphology, segmentation, level-set, white blood cell.

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

KATA PENGANTAR

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Segala puji bagi Allah ﷻ yang telah melimpahkan nikmat, rahmat, dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan tugas akhir yang berjudul **“Segmentasi dan Klasifikasi Citra Sel Darah Putih Menggunakan Metode Pre-Processing Self-Dual Multiscale Morphological Toggle”**.

Tujuan dari penyusunan skripsi ini adalah guna memenuhi salah satu syarat untuk bisa menempuh ujian sarjana pendidikan pada Fakultas Teknologi Informasi dan Komunikasi (FTIK) Program Studi Departemen Informatika di Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS) Surabaya.

Melalui lembar ini, penulis ingin menyampaikan ucapan terima kasih dan penghormatan yang sebesar-besarnya kepada:

1. Ayah, Ibu, Mbak Litha, Mas Imron, Najib, Faizah, Fauziyah, dan keluarga besar yang selalu memberikan dukungan penuh untuk menyelesaikan tugas akhir ini.
2. Ibu Prof. Ir. Handayani Tjandrasa, M.Sc., Ph.D. selaku dosen pembimbing tugas akhir pertama yang telah membimbing dan memberikan banyak masukan dalam pengerjaan tugas akhir ini.
3. Ibu Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom. selaku dosen pembimbing tugas akhir kedua yang selalu memberikan koreksi serta banyak masukan-masukan yang dapat penulis kembangkan dari tugas akhir ini.
4. Bapak dan Ibu dosen Departemen Informatika ITS yang telah banyak menyampaikan ilmu dan bimbingan yang tak ternilai harganya bagi penulis.
5. Arifoel Hajat, dr., Sp.PK (K), selaku pembimbing lapangan yang telah membimbing dalam penelitian dan pengambilan data di RSUD Dr. Soetomo Surabaya.
6. Para dokter yang membantu penulis dalam penelitian di laboratorium Patologi Klinik RSUD Dr. Soetomo.

7. Pihak RSUD Dr. Soetomo Surabaya yang telah memberi kemudahan kepada penulis untuk memperoleh data yang dibutuhkan untuk tugas akhir ini.
8. Ery, Ihsan, Wicak, Irsyad, dan Fahmi yang selalu menemani, mengingatkan dan menyemangati dalam pengerjaan tugas akhir ini.
9. Teman-teman TC13 yang telah memberikan banyak dukungan moral kepada penulis.
10. Administrator Laboratorium Komputasi Cerdas Visi yang memberikan ruang dan semangat untuk mengerjakan tugas akhir.
11. Teman-teman C1D yang telah menemani sepanjang masa perkuliahan.
12. Serta pihak-pihak lain yang namanya tidak dapat penulis sebutkan satu per satu.

Bagaimanapun juga penulis telah berusaha sebaik-baiknya dalam menyusun tugas akhir ini, namun penulis mohon maaf apabila terdapat kekurangan yang penulis lakukan. Kritik dan saran yang membangun dapat disampaikan sebagai bahan perbaikan selanjutnya.

Surabaya, Januari 2018

Muhammad Hilman Faiz

DAFTAR ISI

LEMBAR PENGESAHAN.....	v
<i>Abstrak</i>	vii
<i>Abstract</i>	ix
KATA PENGANTAR.....	xi
DAFTAR ISI.....	xiii
DAFTAR GAMBAR	xvii
DAFTAR TABEL	xix
DAFTAR KODE SUMBER	xxi
1 BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Batasan Masalah	2
1.4 Tujuan Tugas Akhir	2
1.5 Manfaat Tugas Akhir	3
1.6 Metodologi	3
1.7 Sistematika Laporan.....	4
2 BAB II DASAR TEORI	7
2.1 Sel Darah Putih	7
2.2 Blood Smear Image.....	7
2.3 <i>Mathematical Morphology</i>	8
2.3.1 Dilasi.....	9
2.3.2 Erosi.....	11
2.3.3 <i>Area Opening</i>	12
2.3.4 <i>Area Closing</i>	12
2.3.5 <i>Bottom Hat</i>	13
2.4 <i>Flood Fill</i>	13
2.5 <i>Watershed Transformation</i>	14
2.6 <i>Scale-Space</i>	15
2.7 <i>Level Set</i>	16
2.8 <i>Supervised Learning</i>	18
3 BAB III ANALISIS DAN PERANCANGAN	19
3.1 Tahap Analisis.....	19

3.1.1	Deskripsi Umum.....	19
3.1.2	Spesifikasi Kebutuhan Sistem	19
3.2	Tahap Perancangan	20
3.2.1	Perancangan Sistem.....	20
3.2.2	Perancangan Data	21
3.2.3	Perancangan Proses	22
4	BAB IV IMPLEMENTASI.....	29
4.1	Lingkungan Implementasi.....	29
4.1.1	Perangkat Keras.....	29
4.1.2	Perangkat Lunak.....	29
4.2	Implementasi Tahap <i>Preprocessing</i>	30
4.2.1	Implementasi Pengaturan Kecerahan Citra	30
4.2.2	Implementasi SMMT.....	31
4.3	Implementasi Proses Segmentasi	32
4.3.1	Implementasi Segmentasi Nukleus.....	32
4.3.2	Implementasi Segmentasi Sitoplasma	33
4.4	Implementasi Ekstraksi Fitur	35
4.4.1	Implementasi Ekstraksi Kebulatan Nukleus.....	35
4.4.2	Implementasi Ekstraksi Warna Sitoplasma	36
4.4.3	Implementasi Ekstraksi Rasio Luas.....	36
4.5	Implementasi Proses Klasifikasi	37
4.5.1	Implementasi <i>Decision Tree Training</i>	37
4.5.2	Implementasi Klasifikasi Citra <i>Testing</i>	37
5	BAB V UJI COBA DAN EVALUASI.....	39
5.1	Lingkungan Uji Coba.....	39
5.2	Data Uji Coba.....	39
5.3	Skenario Uji Coba.....	40
5.4	Uji Coba Penentuan Parameter SMMT.....	40
5.5	Uji Coba Penentuan Nilai <i>Threshold</i> pada Nukleus.....	43
5.6	Uji Coba Penentuan Parameter DRLSE.....	44
5.7	Uji Coba Penentuan Parameter <i>Decision Tree</i>	44
5.8	Analisis Uji Coba	45
6	BAB VI KESIMPULAN DAN SARAN.....	49

6.1	Kesimpulan	49
6.2	Saran	49
	DAFTAR PUSTAKA.....	51
	LAMPIRAN	55
	BIODATA PENULIS.....	67

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 <i>Blood Smear Image</i> dengan <i>Wright staining</i> yang diamati melalui mikroskop dengan perbesaran 1000x.	8
Gambar 2.2 (Kiri) gambar sebelum dilakukan dilasi. (Kanan) gambar setelah dilakukan dilasi [10].	10
Gambar 2.3 Ilustrasi dilasi pada gambar biner. (Kiri) gambar input. (Kanan) gambar output.	10
Gambar 2.4 Ilustrasi dilasi pada gambar <i>grayscale</i> . (Kiri) gambar input. (Kanan) gambar output.	11
Gambar 2.5 (Kiri) gambar sebelum dilakukan erosi. (Kanan) gambar setelah dilakukan erosi [10].	12
Gambar 2.6 Ilustrasi transformasi <i>watershed</i> pada citra 1D [15].	14
Gambar 2.7 Ilustrasi SMMT. (Kiri) Citra asli dan citra hasil SMMT dengan skala filter (σ) = 1. (Tengah) Perbandingan <i>contour</i> . (Kanan) Perbandingan hasil segmentasi [2].	16
Gambar 2.8 Kerucut biru dalam 3D bersinggungan dengan lingkaran merah tepat pada <i>level zero</i> [18].	17
Gambar 3.1 Diagram alir program.	21
Gambar 3.2 Contoh citra masukan.	22
Gambar 3.3 Contoh citra keluaran.	22
Gambar 3.4 Diagram Alir <i>Preprocessing</i>	23
Gambar 3.5 Contoh perbandingan citra sebelum dan sesudah pengolahan SMMT. (Kiri) sebelum. (Kanan) sesudah.	24
Gambar 3.6 Contoh perbandingan citra sebelum dan sesudah penghapusan piksel keabuan dan konversi menjadi citra keabuan.	25
Gambar 3.7 Diagram Alir Segmentasi Nukleus.	25
Gambar 3.8 Diagram Alir Segmentasi Sitoplasma.	26
Gambar 5.1 <i>Perbandingan hasil parameter SMMT</i> . (Kiri Atas) $\sigma = 0,25$; (Kanan Atas) $\sigma = 0,5$; (Kiri Bawah) $\sigma = 0,75$; (Kanan Bawah) $\sigma = 1,0$	41

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Peran dan Karakteristik Sel Darah Putih [9].	9
Tabel 5.1 Hasil Uji Coba Parameter SMMT	42
Tabel 5.2 Perbandingan Akurasi Menggunakan SMMT dan Tanpa SMMT	42
Tabel 5.3 Hasil Uji Coba Nilai <i>Threshold</i> pada Nukleus	43
Tabel 5.4 Hasil Uji Coba Nilai <i>Threshold</i> pada Nukleus	44
Tabel 5.5 Hasil Uji Coba Level <i>Pruning</i>	45
Tabel 5.6 Detail Hasil Segmentasi & Klasifikasi	46
Tabel 5.7 Contoh Kelima Jenis WBC dan Hasil Segmentasi Nukleusnya	47

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

DAFTAR KODE SUMBER

Kode Sumber 4.1 Implementasi Pengaturan Kecerahan Citra	30
Kode Sumber 4.2 Implementasi SMMT	31
Kode Sumber 4.3 Implementasi Menghilangkan Warna Keabuan	32
Kode Sumber 4.4 Implementasi Deteksi Nukleus.....	33
Kode Sumber 4.5 Implementasi Deteksi Nukleus.....	34
Kode Sumber 4.6 Implementasi Metode Morfologi.....	35
Kode Sumber 4.7 Implementasi <i>Watershed</i>	35
Kode Sumber 4.8 Implementasi Ekstraksi Kebulatan Nukleus...	36
Kode Sumber 4.9 Implementasi Ekstraksi Warna Sitoplasma.....	36
Kode Sumber 4.10 Implementasi Ekstraksi Rasio Luas	36
Kode Sumber 4.11 Implementasi <i>Decision Tree Training</i>	37
Kode Sumber 4.12 Implementasi Klasifikasi Citra <i>Testing</i>	37

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Blood smear image atau citra hapusan darah adalah citra mikroskopis dua dimensi (2-D) dari tetes darah yang meliputi sel darah merah, sel darah putih, dan terkadang terdapat trombosit dalam satu citra. Sel darah putih, atau yang disebut juga dengan leukosit, terdiri dari nukleus dan sitoplasma dan dibagi menjadi lima jenis, yaitu neutrofil, eosinofil, basofil, limfosit, dan monosit [1]. Sebagai sel yang berperan dalam sistem imun, jumlah sel darah putih menunjukkan indikasi terhadap berbagai penyakit [2]. Namun, penghitungan sel darah putih pada *blood smear image* secara konvensional membutuhkan waktu yang lama dan bersifat subjektif, membutuhkan kemampuan dari para ahli.

Berbagai metode segmentasi sel darah putih telah dikemukakan. Teknik segmentasi nukleus dan sitoplasma secara otomatis menggunakan algoritma *fuzzy C-means* dan operasi *mathematical morphology* telah dilakukan oleh Theera-Umpon [3]. Shitong [4] mensegmentasi sel darah putih dengan *thresholding* dan *mathematical morphology* lalu digabungkan dengan *fuzzy cellular neural networks* untuk menutupi kekurangan masing-masing metode. Jiang dkk [5] mensegmentasi nukleus sel darah putih dengan *scale-space filtering* lalu mengekstrak sitoplasma menggunakan *watershed clustering* pada histogram HSV 3-D. Dorini dkk [2] mensegmentasi nukleus dengan metode *preprocessing self-dual multiscale morphological toggle* (SMMT), modifikasi dari *scale-space filtering*, dan metode segmentasi *watershed*.

Pada tugas akhir ini akan diterapkan penggabungan metode SMMT dan *mathematical morphology* untuk melakukan segmentasi sel darah putih pada *blood smear image*. Tugas akhir ini terbagi menjadi beberapa tahapan. Pertama citra masukan disederhanakan menggunakan SMMT. Kemudian, hasil penyederhanaan akan disegmentasi menggunakan transformasi

level set untuk mengekstrak nukleus dari citra asal. Setelah itu, untuk mengekstrak sitoplasma dilakukan operasi *mathematical morphology*. Lalu, dari nukleus dan sitoplasma akan dilakukan ekstraksi fitur yang pada akhirnya digunakan untuk mengklasifikasi sel darah putih menjadi neutrofil, eosinofil, basofil, limfosit, atau monosit menggunakan metode *decision tree*. Tugas akhir ini diharapkan dapat memberikan hasil segmentasi dan klasifikasi sel darah putih yang cepat dan akurat.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah yang diangkat dalam tugas akhir ini dirumuskan sebagai berikut:

1. Bagaimana melakukan segmentasi sel darah putih pada *blood smear image*?
2. Bagaimana mengklasifikasi sel darah putih dari *blood smear image*?
3. Bagaimana menghitung performa hasil segmentasi dan klasifikasi sel darah putih?

1.3 Batasan Masalah

Permasalahan yang dibahas dalam tugas akhir ini memiliki beberapa batasan antara lain:

1. Citra pengujian yang digunakan adalah *blood smear image* bertipe *true colour* (RGB).
2. Citra pembelajaran yang digunakan adalah citra sel darah putih bertipe *true colour* (RGB) berisi hanya satu sel tiap citra.
3. Metode diimplementasikan menggunakan MATLAB.

1.4 Tujuan Tugas Akhir

Tujuan tugas akhir ini adalah melakukan segmentasi sel darah putih pada *blood smear image* menggunakan metode *preprocessing self-dual multiscale morphological toggle*.

1.5 Manfaat Tugas Akhir

Manfaat dari tugas akhir ini adalah memudahkan penghitungan dan klasifikasi sel darah putih pada citra hapusan darah.

1.6 Metodologi

Tahapan-tahapan yang dilakukan dalam pengerjaan tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

1. Studi Literatur

Pada studi literatur dipelajari sejumlah referensi yang diperlukan dalam pembuatan tugas akhir. Masalah *preprocessing scale-space filtering* dipelajari pada penelitian Witkin [19], Babaud dkk [20], Dorini [21], dan Dorini dkk [2]. Masalah SMMT dipelajari pada penelitian Dorini dkk [2]. Masalah segmentasi nukleus pada *blood smear image* dengan metode level set dipelajari pada penelitian Dorini dkk [2] dan Mukherjee dkk [22]. Masalah segmentasi sitoplasma dengan metode *mathematical morphology* dipelajari pada penelitian Kumar dkk [23] dan Dorini dkk [2]. Masalah klasifikasi dengan metode *decision tree* dipelajari melalui penelitian Kasim [24] dan Tantikitti dkk [17].

2. Analisis dan Desain Perangkat Lunak

Pada tahap ini disusun rancang bangun dari perangkat lunak yang dibangun. Pengguna memasukkan citra mikroskopis hapusan darah ke dalam sistem. Kemudian, sistem akan memproses masukan dengan melakukan *preprocessing*, segmentasi, ekstraksi fitur, dan klasifikasi. Setelah proses selesai, sistem akan menampilkan citra sel darah putih yang telah tersegmentasi dan jenisnya.

3. Implementasi Perangkat Lunak

Sistem segmentasi sel darah putih pada citra mikroskopis hapusan darah akan dibuat dengan bahasa pemrograman MATLAB menggunakan kaskas bantu IDE MATLAB 9.1 (R2016b) pada platform *desktop*.

4. Uji Coba dan Evaluasi

Dalam tahap ini, dilakukan pengujian parameter-parameter yang dibutuhkan pada proses ekstraksi fitur dan klasifikasi. Citra keluaran yang telah tersegmentasi dibandingkan dengan citra *ground truth* untuk dihitung performanya dengan menghitung nilai akurasi, *specificity*, dan *sensitivity*.

1.7 Sistematika Laporan

Buku tugas akhir ini merupakan laporan dari tugas akhir yang telah dikerjakan baik dari sisi teori, rancangan, maupun implementasi sehingga diharapkan dapat memudahkan pembaca memahami dan mengembangkan lebih lanjut. Secara garis besar, sistematika laporan buku tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

Bab I Pendahuluan

Bab yang berisi mengenai latar belakang, tujuan, dan manfaat dari pembuatan tugas akhir. Selain itu permasalahan, batasan masalah, metodologi yang digunakan, dan sistematika penulisan juga merupakan bagian dari bab ini.

Bab II Dasar Teori

Bab ini berisi penjelasan secara detail mengenai dasar-dasar penunjang dan teori-teori yang digunakan untuk mendukung pembuatan tugas akhir ini.

Bab III Analisis dan Perancangan

Bab ini berisi tentang analisis dan perancangan desain sistem segmentasi dan klasifikasi sel darah putih.

Bab IV Implementasi

Bab ini membahas implementasi dari desain yang telah dibuat pada bab sebelumnya. Penjelasan berupa kode yang digunakan untuk proses implementasi.

Bab V Uji Coba dan Evaluasi

Bab ini membahas tahap-tahap uji coba. Kemudian hasil uji coba dievaluasi untuk kinerja dari aplikasi yang dibangun.

Bab VI Kesimpulan dan Saran

Bab ini merupakan bab terakhir yang menyampaikan kesimpulan dari hasil uji coba yang dilakukan dan saran untuk pengembangan aplikasi ke depannya.

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB II

DASAR TEORI

Pada bab ini diuraikan mengenai dasar-dasar teori yang digunakan dalam pengerjaan tugas akhir dengan tujuan untuk memberikan gambaran secara umum terhadap penelitian yang dikerjakan. Bab ini berisi penjelasan mengenai sel darah putih sebagai ruang lingkup dan studi kasus, metode *Self-dual Multiscale Morphological Toggle* untuk *pre-processing*, *Level-set* dan *Mathematical Morphology* untuk proses segmentasi, dan metode *Decision Tree* untuk klasifikasi.

2.1 Sel Darah Putih

Sel darah putih adalah sel yang berfungsi sebagai sistem imunitas tubuh. Sel darah putih dibentuk dari sel multipoten di sumsum tulang belakang yang bernama *hematopoietic stem cell*. Sel darah putih dapat ditemukan di dalam darah dan sistem limfa [6].

Tidak seperti sel darah merah, sel darah putih memiliki nukleus. Nukleus pada sel darah putih cenderung berwarna ungu ketika diberi *Wright staining*. Hal ini menyebabkan sel darah putih mudah dibedakan dengan sel darah merah, dimana warna sel darah putih akan menjadi keabuan.

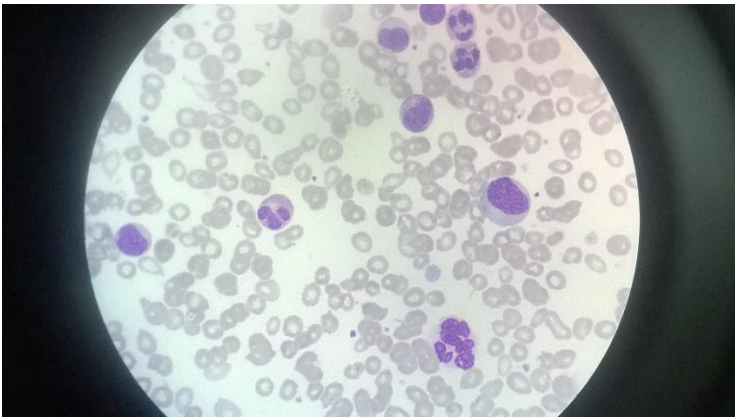
Berdasarkan ada tidaknya granula pada sitoplasma, sel darah putih dapat diklasifikasikan menjadi 2, yaitu granulosit dan agranulosit. Granulosit terdiri dari 3 jenis sel darah putih, yaitu neutrofil, eosinofil, dan basofil. Agranulosit terdiri dari 2 jenis sel darah putih, yaitu limfosit dan monosit. Jenis-jenis sel darah putih dibedakan berdasarkan fungsi dan karakteristiknya dan dijelaskan pada **Tabel 2.1**.

2.2 Blood Smear Image

Blood Smear Image atau citra hapusan darah adalah citra mikroskopis dari sebuah hapusan darah. Hapusan darah adalah darah yang diteteskan pada kaca preparat dan diratakan sehingga

menjadi lapisan tipis. Citra hapusan darah dapat digunakan untuk mengamati kandungan darah seperti sel darah merah, sel darah putih, dan trombosit. Contoh citra mikroskopis dari citra hapusan darah ditunjukkan pada **Gambar 2.1**.

Staining adalah teknik pewarnaan suatu zat untuk memperjelas suatu bagian yang akan diamati. Pada darah, staining dapat dilakukan untuk memperjelas karakteristik sel darah putih. Zat yang digunakan bergantung pada metode *staining* yang digunakan. Pada tugas akhir ini, metode *staining* yang digunakan adalah metode *Wright staining*. *Wright staining* menggunakan kombinasi larutan *eosin Y* dengan *methylthionium chloride* untuk mewarnai sel darah [7].



Gambar 2.1 *Blood Smear Image* dengan *Wright staining* yang diamati melalui mikroskop dengan perbesaran 1000x.

2.3 *Mathematical Morphology*

Mathematical Morphology (MM) adalah teknik menganalisa dan mengolah struktur geometri pada sebuah struktur spasial seperti citra. MM umumnya digunakan untuk deteksi tepi, pengurangan noise, peningkatan kualitas citra, dan segmentasi citra. Dua operasi MM paling sederhana adalah dilasi dan erosi.

Hampir seluruh operasi MM lainnya dapat didefinisikan sebagai kombinasi dari dilasi dan erosi serta operasi himpunan seperti irisan dan gabungan. Operasi MM yang digunakan adalah dilasi, erosi, area opening, dan area closing [8].

Tabel 2.1 Peran dan Karakteristik Sel Darah Putih [9].

Jenis Sel Darah Putih	Fungsi	Jumlah dalam Darah Manusia (sel/liter)	Karakteristik
Granulosit			Memiliki granula
Neutrofil	Melawan bakteri	5×10^9	Granula transparan
Eosinofil	Melawan parasit besar.	2×10^8	Granula berwarna kemerahan
Basofil	Memproduksi Histamin	4×10^7	Granula berwarna keunguan
Agranulosit			Tidak memiliki granula
Monosit	Berubah menjadi sel makrofag	4×10^8	Nukleus berbentuk seperti kacang
Limfosit	Membentuk antibodi	3×10^9	Nukleus berbentuk bulat

2.3.1 Dilasi

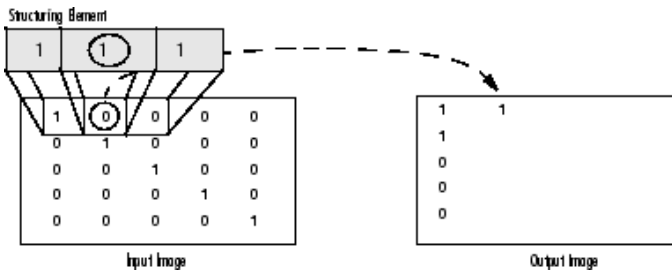
Dilasi adalah operasi matematika yang bertujuan untuk melilitkan gambar A dengan sebuah kernel (B) yang bentuknya bebas, umumnya berbentuk persegi atau lingkaran. Ketika kernel

B menyusuri seluruh gambar A, hitung nilai pixel maksimal antara gambar A yang tertutup B dengan B itu sendiri [10]. Hal ini menyebabkan objek dengan warna cerah akan terlihat ‘tumbuh’ sebagaimana pada contoh Gambar 2.2.



Gambar 2.2 (Kiri) gambar sebelum dilakukan dilasi.
(Kanan) gambar setelah dilakukan dilasi [10].

Ilustrasi cara kerja dilasi pada gambar biner dapat dilihat pada Gambar 2.3, sedangkan ilustrasi cara kerja dilasi pada gambar abu-abu (*greyscale*) dapat dilihat pada Gambar 2.4.



Gambar 2.3 Ilustrasi dilasi pada gambar biner [11].
(Kiri) gambar input. (Kanan) gambar output.

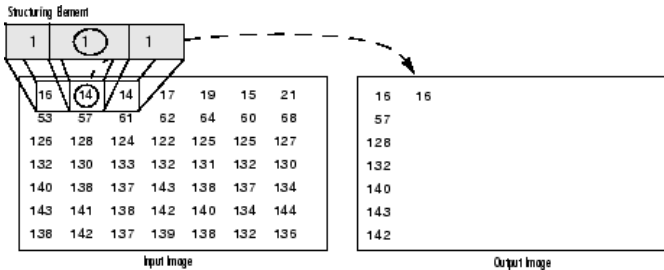
Dari Gambar 2.3 dapat dilihat fungsi dilasi mengaplikasikan aturan kepada piksel-piksel input yang bertetangga saja. Pada [2],

dilasi dari sebuah fungsi $f(x)$ dengan fungsi penyusun $g_\sigma(x)$, $(f \oplus g_\sigma)(x)$, didapatkan melalui persamaan

$$(f \oplus g_\sigma)(x) = \sup_{t \in \mathcal{G} \cup \mathcal{D}_x} \{f(x-t) + g_\sigma(t)\} \quad (2.1)$$

dimana $f: \mathcal{D} \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ adalah persamaan citra, \mathcal{D}_x adalah translasi dari \mathcal{D} , $\mathcal{D}_x = \{x+t; t \in \mathcal{D}\}$, dan $g_\sigma: \mathcal{G}_\sigma \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ adalah fungsi penyusun berskala

$$g_\sigma(x) = |\sigma|g(|\sigma|^{-1}x) \quad x \in \mathcal{G}_\sigma \forall \sigma \neq 0. \quad (2.2)$$



Gambar 2.4 Ilustrasi dilasi pada gambar *grayscale* [11].
(Kiri) gambar input. (Kanan) gambar output.

2.3.2 Erosi

Erosi adalah operasi matematika yang bertujuan untuk mereduksi gambar A dengan sebuah kernel (B) yang bentuknya bebas, umumnya berbentuk persegi atau lingkaran. Ketika kernel B menyusuri seluruh gambar A, hitung nilai pixel minimal antara gambar A yang tertutup B dengan B itu sendiri [10]. Hal ini menyebabkan objek dengan warna cerah akan terlihat ‘tumbuh’ sebagaimana pada contoh Gambar 2.5.

Pada [2], erosi dari sebuah fungsi $f(x)$ dengan fungsi penyusun $g_\sigma(x)$, $(f \ominus g_\sigma)(x)$, didapatkan melalui persamaan

$$(f \ominus g_\sigma)(x) = \sup_{t \in \mathcal{G} \cup \mathcal{D}_x} \{f(x+t) - g_\sigma(t)\} \quad (2.3)$$

dimana $f: \mathcal{D} \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ adalah persamaan citra, \mathcal{D}_x adalah translasi dari \mathcal{D} , $\mathcal{D}_x = \{x + t; t \in \mathcal{D}\}$, dan $g_\sigma: \mathcal{G}_\sigma \subset \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ adalah fungsi penyusun berskala.



Gambar 2.5 (Kiri) gambar sebelum dilakukan erosi.
(Kanan) gambar setelah dilakukan erosi [10].

2.3.3 Area Opening

Area opening adalah erosi yang diikuti dengan dilasi menggunakan struktur elemen atau matriks yang sama untuk kedua operasi tersebut. *Area opening* bertujuan untuk mengatasi permasalahan erosi, misalkan ketika menghilangkan noise pada citra, yang menyebabkan keseluruhan objek pada gambar terkikis karena erosi tanpa terkecuali. Dengan menerapkan dilasi setelah erosi, *noise* yang terkena erosi akan hilang dan tidak terkena dilasi, sedangkan objek bukan *noise* yang terkena erosi akan direkonstruksi dengan adanya dilasi [12].

2.3.4 Area Closing

Area closing adalah kebalikan dari *area opening*, yaitu penerapan dilasi yang diikuti dengan erosi menggunakan struktur elemen atau matriks yang sama untuk kedua operasi tersebut. *Area closing* bertujuan untuk mengatasi permasalahan dilasi, misalkan ketika mengisi warna latar belakang yang kecil pada citra, yang menyebabkan keseluruhan objek akan membesar karena dilasi tanpa terkecuali. Dengan menerapkan erosi setelah dilasi, lubang

kecil yang tertutup setelah dilasi tidak akan terbuka kembali setelah erosi, sedangkan objek yang membesar karena dilasi akan direduksi kembali dengan adanya erosi [13].

2.3.5 *Bottom Hat*

Transformasi *bottom hat* adalah pengolahan yang digunakan untuk memperjelas bagian gelap pada suatu citra. Transformasi ini dilakukan dengan cara menghitung selisih antara suatu citra f dengan hasil dari *area closing* $f \oplus g \ominus g$ pada citra tersebut terhadap fungsi penyusun g [14] dengan persamaan

$$T(f) = (f \oplus g \ominus g) - f \quad (2.4)$$

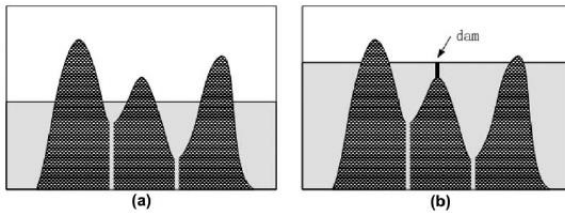
2.4 *Flood Fill*

Flood fill adalah algoritma untuk mendeteksi area yang terhubung dengan suatu titik pada citra. Untuk mendeteksi area yang terhubung, *flood fill* umumnya memeriksa apakah titik di atas, kanan, bawah, dan kiri (4 arah) dari titik awal memiliki warna yang sama dengan titik awal. Apabila sama maka dianggap sebagai area yang terhubung, namun apabila tidak maka titik tersebut dianggap sebagai tepi. Pada *flood fill* 8 arah, metode ini tidak hanya memeriksa titik yang ada di atas, kanan, bawah, dan kiri tetapi juga titik yang berada di titik diagonal dengan titik semula. Algoritma *flood fill* 4 arah dijelaskan sebagai berikut.

1. Jika *target-color* = *replacement-color*, *return*.
2. Jika warna dari *node* ≠ *target-color*, *return*.
3. Ubah warna *node* menjadi *replacement-color*.
4. Hitung ***flood-fill*** dengan *node* = *node* di atas *node* semula.
5. Hitung ***flood-fill*** dengan *node* = *node* di kanan *node* semula.
6. Hitung ***flood-fill*** dengan *node* = *node* di bawah *node* semula.
7. Hitung ***flood-fill*** dengan *node* = *node* di kiri *node* semula.
8. *return*.

2.5 Watershed Transformation

Watershed transformation adalah metode segmentasi yang didasari oleh teori *mathematical morphology*. Ide dasar untuk membuat batas air (*dam*) diilustrasikan pada Gambar 8. Dengan analogi geografis, cara kerja transformasi *watershed* dimulai dengan memberi lubang pada *minima* regional pada sebuah permukaan. Kemudian secara perlahan membenamkan citra dengan air (lihat Gambar 2.6 (a)). Untuk mencegah dua air yang berbeda yang bersumber dari dua *minima* yang berbeda bersatu, dibuatlah batas air (lihat Gambar 2.6 (b)). Ketika permukaan telah terendam seluruhnya oleh air, himpunan dari bendungan yang telah terbuat adalah hasil dari transformasi *watershed* [15].



Gambar 2.6 Ilustrasi transformasi *watershed* pada citra 1D [15].

Apabila $f \in C(D)$ memiliki *minima* $\{m_k\}_{k \in I}$ pada himpunan I dan daerah tangkapan air $CB(m_i)$ dengan nilai minimal m_i didefinisikan sebagai himpunan dari suatu titik $x \in D$ yang secara topologi lebih dekat dengan m_i dibandingkan dengan minimal regional yang lain m_j [16] maka

$$CB(m_i) = \{x \in D \mid \forall j \in I \setminus \{i\} : f(m_i) + T_f(x, m_i) < f(m_j) + T_f(x, m_j)\} \quad (2.5)$$

dan *Watershed* dari f adalah himpunan titik yang tidak berada pada daerah tangkapan air manapun [16]:

$$Wshed(f) = D \cap (\cup_{i \in I} CB(m_i)) \quad (2.6)$$

2.6 Scale-Space

Scale-space filtering adalah metode untuk merepresentasikan struktur citra atau sinyal dalam skala *filter* yang berbeda-beda. *Scale-space filtering* bekerja dengan merubah skala *filter* secara kontinu dan memisahkan permukaan kasar secara perlahan. Representasi ini memungkinkan sinyal untuk diketahui *feature of interest* dari hasil reduksi sinyal tanpa perlu data sinyal secara keseluruhan. Representasi ini juga menghasilkan penyederhanaan citra, mengurangi konten citra dengan mengurangi struktur citra secara bertahap dengan tetap menjaga fitur-fitur yang penting. Pada konteks *mathematical morphology*, *scale-space* didapatkan dengan melakukan operasi dilasi dan erosi [17].

Self-dual multiscale morphological toggle (SMMT) adalah hasil modifikasi dari *scale-space filtering* yang menghasilkan citra *multiscale* yang tetap menjaga tepian objek pada gambar. Disebut *self-dual* karena antara objek/*foreground* dan *background* dikenai perlakuan yang sama dan simetris. Dengan dua hal tersebut, SMMT dapat mencegah terjadinya *leaking* sehingga dapat memberikan hasil citra yang lebih baik untuk diolah [2] sebagaimana yang diilustrasikan pada Gambar 2.7.

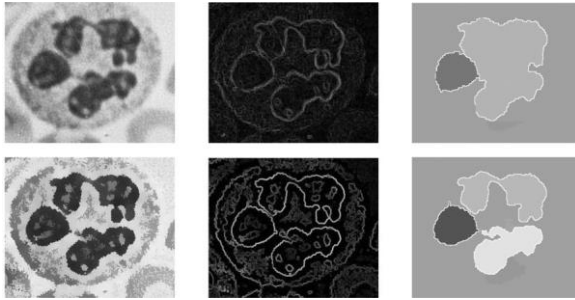
SMMT menggunakan sebuah *kernel*/elemen penyusun sebagaimana pada dilasi dan erosi. Elemen penyusun yang akan digunakan pada tugas akhir ini berbentuk piramida dengan persamaan

$$g_{\sigma}(x) = |\sigma|g(|\sigma|^{-1}x), \quad x \in \mathcal{G}_{\sigma} \forall \sigma \neq 0. \quad (2.7)$$

Apabila $\phi_1^k(x) = (f \oplus g_{\sigma})^k(x)$ dan $\phi_2^k(x) = (f \ominus g_{\sigma})^k(x)$ adalah dilasi dan erosi, secara berturut-turut, dari $f(x)$ dengan fungsi penyusun g_{σ} sejumlah k kali, maka SMMT didefinisikan sebagai

$$(f \oslash g_\sigma)^k(x) = \begin{cases} \phi_1^k(x), & \phi_1^k(x) - f(x) < f(x) - \phi_2^k(x) \\ f(x), & \phi_1^k(x) - f(x) = f(x) - \phi_2^k(x) \\ \phi_2^k(x), & \phi_1^k(x) - f(x) > f(x) - \phi_2^k(x) \end{cases} \quad (2.8)$$

sebagaimana yang disebutkan pada [2].



Gambar 2.7 Ilustrasi SMMT. (Kiri) Citra asli dan citra hasil SMMT dengan skala filter (σ) = 1. (Tengah) Perbandingan *contour*. (Kanan) Perbandingan hasil segmentasi [2].

2.7 Level Set

Level set method adalah konsep yang diperkenalkan oleh Osher dan Sethian untuk melakukan segmentasi dengan cara membuat sebuah kurva awal (dalam hal ini 2D) yang dijadikan sebagai patokan. Kemudian, ada permukaan dengan dimensi yang lebih tinggi (dalam hal ini 3D dan berbentuk kerucut) yang bersinggungan tepat dengan kurva. Ketinggian awal kerucut ketika bersinggungan dengan kurva awal ini disebut dengan *zero level set* [18]. Ilustrasi kurva 2D ditunjukkan dengan lingkaran berwarna merah dan permukaan 3D berbentuk kerucut ditunjukkan dengan warna hijau pada Gambar 2.8.

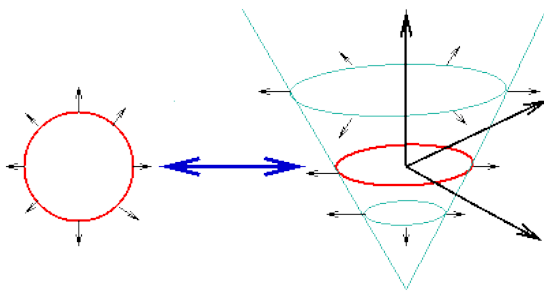
Kerucut hijau kemudian dapat digeser ketinggiannya untuk mendapatkan luasan permukaan yang lebih kecil atau lebih besar [18]. Pengaruh pergeseran ketinggian kerucut terhadap luas permukaan yang didapat dapat dilihat pada Gambar 2.7.

Metode *level set* melihat permukaan yang bergerak (*interface*, pada Gambar 2.7 adalah lingkaran merah) sebagai *zero level set* dari fungsi $\phi(x, t = 0)$. Persamaan evolusi *interface* bergerak dengan kecepatan F didapatkan [19] melalui persamaan

$$\phi_t + F|\nabla\phi| = 0, \quad (2.9)$$

permukaan $\phi = 0$ dapat berubah topologinya dan membentuk sudut yang tajam. Kunci utama metode *level set* adalah memperkirakan gradien pada persamaan *level set* yang memenuhi kondisi entropi yang benar. Salah satu persamaan yang memenuhi permasalahan tersebut adalah

$$\phi_{ij}^{n+1} = \phi_{ij}^n - \Delta t F_{ij} (\max(D_{ij}^{-x}\phi, 0)^2 + \min(D_{ij}^{+x}\phi, 0)^2 + \max(D_{ij}^{-y}\phi, 0)^2 + \min(D_{ij}^{+y}\phi, 0)^2)^{1/2} \quad (2.10)$$



Gambar 2.8 Kerucut biru dalam 3D bersinggungan dengan lingkaran merah tepat pada *level zero* [18].

Distance Regularized Level Set Evolution (DRLSE) adalah pengembangan dari metode *level set* oleh Chunming Li dkk. DRLSE memperbaiki kekurangan *level set* biasa yang menampilkan ketidakteraturan pada evolusi level set. Selain itu, DRLSE juga lebih efisien secara komputasional karena bisa menggunakan kecepatan F yang relatif besar sehingga mengurangi

kebutuhan jumlah iterasi tanpa berpengaruh besar terhadap akurasi [20].

DRLSE didefinisikan sebagai

$$\begin{aligned} \frac{\partial \phi}{\partial t} = \mu \operatorname{div}(d_p(|\nabla \phi|)\nabla \phi) + \\ \lambda \delta_\varepsilon(\phi) \operatorname{div}\left(g \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|}\right) + \alpha g \delta_\varepsilon(\phi), \end{aligned} \quad (2.11)$$

dimana $\operatorname{div}(d_p(|\nabla \phi|)\nabla \phi)$ adalah *distance regularization energy* $\mathcal{R}_p(\phi)$, sedangkan $\delta_\varepsilon(\phi) \operatorname{div}\left(g \frac{\nabla \phi}{|\nabla \phi|}\right)$ dan $\alpha g \delta_\varepsilon(\phi)$ adalah persamaan energi $\mathcal{L}_g(\phi)$ dan $\mathcal{A}_g(\phi)$ secara berturut-turut sebagaimana yang dijelaskan dengan mendalam pada [20].

2.8 Supervised Learning

Supervised learning adalah algoritma *machine learning* yang menggunakan dataset *training* untuk menarik kesimpulan. Dataset *training* berisi data *input* dan label. Dari dataset *training* tersebut, algoritma *supervised learning* menyusun sebuah model/rule sebagai acuan untuk menentukan nilai label dataset lain (dataset *test*). *Supervised learning* yang digunakan adalah *Decision Tree*.

Decision tree memiliki struktur seperti sebuah pohon (*tree*) yang memiliki *root node*, *leaf node*, dan *branch node*. Fitur suatu citra kemudian dibagi di setiap *branch node* hingga mencapai *leaf node*. Pembagian ini dihasilkan dengan memperoleh *information gain* $\operatorname{Gain}(S, A)$ dan menyusun *tree* berdasarkan *information gain* yang didapat [21]. *Information gain* didapat melalui persamaan

$$\operatorname{Gain}(S, A) = E(s) - \sum_{v \in \operatorname{Values}(A)} \frac{|Sv|}{S} E(Sv) \quad (2.12)$$

dengan $E(s)$ adalah entropy dengan persamaan

$$E(s) = \sum_{i=1}^n -P(V_i) \log_2 P(V_i) \quad (2.13)$$

BAB III

ANALISIS DAN PERANCANGAN

Bab analisis dan perancangan berisi analisis kebutuhan dan perancangan aplikasi yang akan dibangun. Tahap analisis membahas mengenai analisis kebutuhan yang menjadi dasar dari tahap perancangan.

3.1 Tahap Analisis

Tahap analisis mendefinisikan kebutuhan yang akan dipenuhi dalam pembangunan aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih pada citra hapusan darah. Selain itu dijelaskan pula alasan pengerjaan masing-masing tahap pada tugas akhir ini.

3.1.1 Deskripsi Umum

Pada tugas akhir ini dibangun aplikasi untuk melakukan segmentasi dan klasifikasi sel darah putih pada *blood smear image* (BSI). Sel darah putih diklasifikasikan menjadi 5 jenis, yaitu neutrofil, eosinofil, basofil, limfosit, dan monosit. Data masukan yang digunakan adalah citra mikroskopis dari sebuah hapusan darah. Data keluaran dari aplikasi merupakan jumlah sel darah putih, citra sel darah putih, dan jenisnya. Aplikasi ini diharapkan dapat digunakan untuk membantu proses penghitungan dan klasifikasi sel darah putih.

3.1.2 Spesifikasi Kebutuhan Sistem

Pada aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih dibutuhkan beberapa proses untuk dapat memenuhi kebutuhan sistem dalam menghasilkan segmentasi yang akurat. Proses tersebut antara lain:

1. *Preprocessing*

Preprocessing dilakukan untuk memperbaiki citra masukan.

2. Segmentasi

Segmentasi dilakukan untuk mengambil objek yang akan dianalisis.

3. Ekstraksi Fitur

Ekstraksi fitur dilakukan untuk mendapatkan data yang representatif terhadap bentuk objek dalam citra.

4. Klasifikasi

Klasifikasi dilakukan untuk menentukan jenis sel darah putih.

3.2 Tahap Perancangan

Tahap perancangan dilakukan untuk merancang proses secara keseluruhan berdasarkan fungsionalitas dan kebutuhan dari aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih.

3.2.1 Perancangan Sistem

Perancangan sistem dilakukan untuk menggambarkan proses secara keseluruhan dari aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih. Untuk dapat menggunakan aplikasi ini, pengguna harus memiliki citra mikroskopis hapusan darah sebagai data masukan. Data masukan diperoleh dari hapusan darah yang difoto melalui mikroskop dengan perbesaran 1.000x.

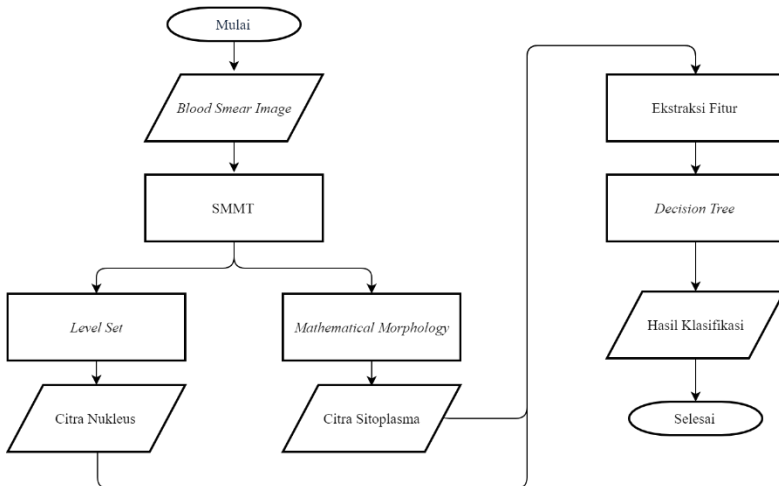
Sistem pada tugas akhir ini memiliki empat proses utama. Proses pertama adalah *pre-processing*. Proses kedua adalah segmentasi. Proses ketiga adalah ekstraksi fitur. Proses keempat adalah klasifikasi. Diagram alir dari sistem ditunjukkan pada Gambar 3.1.

Tahap *preprocessing* ada proses untuk memperbaiki kualitas gambar sehingga dapat menghasilkan gambar yang lebih baik untuk diolah.

Tahap segmentasi adalah proses untuk memisahkan antara nukleus sel darah putih, sitoplasma sel darah putih, dan selainnya. Tahap segmentasi menghasilkan citra sel darah putih dan sedikit dari citra yang ada di sekitarnya agar memudahkan pengguna mengamati sel darah putih yang didapat. Apabila program mendeteksi lebih dari 1 sel darah putih maka masing-masing sel darah putih akan diolah secara terpisah pada proses-proses berikutnya.

Proses ekstraksi fitur adalah proses untuk mendapatkan nilai fitur tiap citra sel darah putih. Nilai fitur tersebut digunakan

sebagai data masukan pada proses klasifikasi. Fitur-fitur yang didapat pada tugas akhir ini adalah: kebulatan nukleus, warna sitoplasma, dan perbandingan luas sel dengan sitoplasma.



Gambar 3.1 Diagram alir program.

Proses klasifikasi adalah proses untuk mengklasifikasi sel darah putih. Pada tugas akhir ini digunakan metode klasifikasi *Decision Tree*.

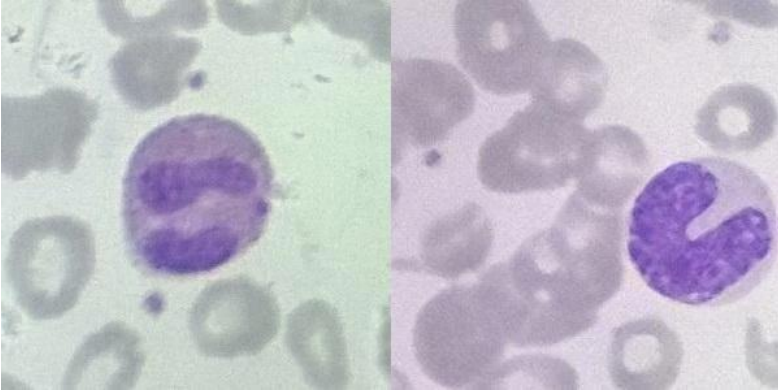
3.2.2 Perancangan Data

Perancangan data dilakukan untuk memastikan pengoperasian aplikasi berjalan dengan benar. Data masukan (*input*) adalah data yang diperlukan dalam pengoperasian aplikasi dan data keluaran (*output*) adalah data yang akan digunakan oleh pengguna.

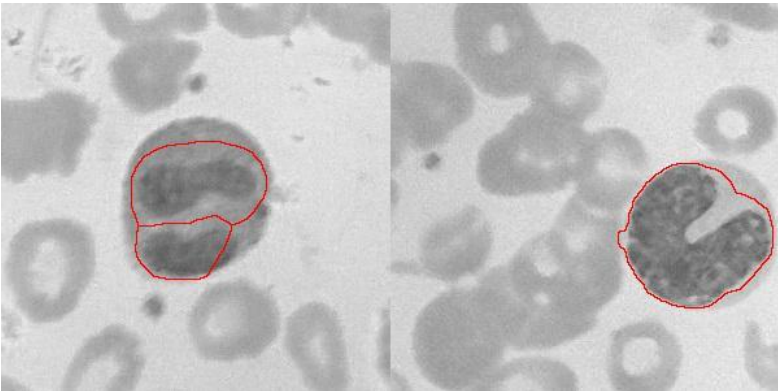
Data yang digunakan sebagai masukan adalah citra dari hapusan darah yang diberikan *Wright staining* dan diambil melalui mikroskop dengan nilai perbesaran 1.000x. Contoh citra yang digunakan sebagai data masukan ditunjukkan pada Gambar 3.2.

Data keluaran aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih merupakan jumlah sel darah putih, citra tiap sel darah putih,

dan jenis masing-masing sel darah putih yang terdeteksi. Contoh citra keluaran ditunjukkan pada Gambar 3.3.



Gambar 3.2 Contoh citra masukan.



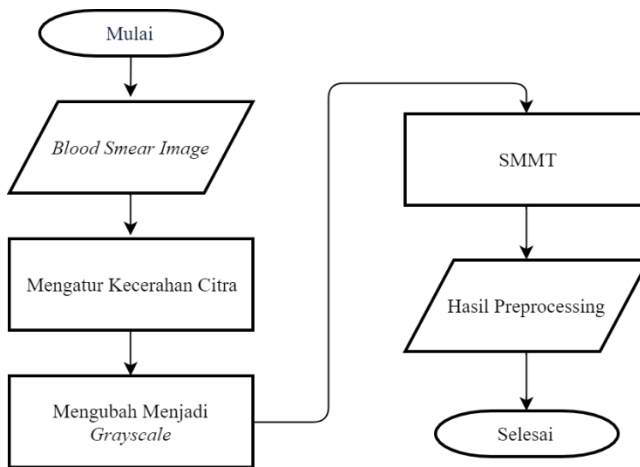
Gambar 3.3 Contoh citra keluaran.

3.2.3 Perancangan Proses

Perancangan proses dilakukan untuk memberikan gambaran mengenai setiap proses yang terdapat pada aplikasi segmentasi dan klasifikasi sel darah putih. Bagan dari garis besar proses aplikasi dapat dilihat pada Gambar 3.1.

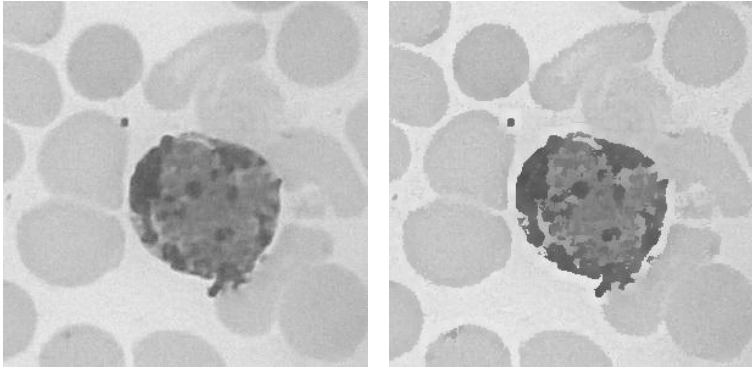
3.2.3.1 Preprocessing

Supaya aplikasi dapat berjalan optimal, diperlukan persiapan data terlebih dahulu pada tahap *preprocessing*. Pada tugas akhir kali ini, tahap *preprocessing* yang dilakukan adalah mengatur kecerahan citra, mengubah citra menjadi citra keabuan (*grayscale*), dan memperjelas perbedaan antara objek (sel darah putih) dengan *background* (selain sel darah putih) menggunakan metode *Self-dual Multiscale Morphological Toggle* (SMMT). Diagram alir *preprocessing* ditunjukkan pada Gambar 3.4.



Gambar 3.4 Diagram Alir *Preprocessing*.

Metode SMMT diharapkan dapat menghasilkan citra yang memiliki tepi objek yang lebih jelas sehingga mencegah terjadinya *leaking* pada segmentasi tanpa mengurangi kualitas gambar. *Leaking* adalah kejadian dimana citra hasil segmentasi tidak hanya mengambil citra yang diinginkan (dalam hal ini nukleus) tetapi juga menganggap citra di sekitarnya (seperti sitoplasma) merupakan bagian dari citra yang diinginkan. Perbandingan antara citra awal dengan citra hasil pengolahan SMMT ditunjukkan pada Gambar 3.5.



Gambar 3.5 Contoh perbandingan citra sebelum dan sesudah pengolahan SMMT. (Kiri) sebelum. (Kanan) sesudah.

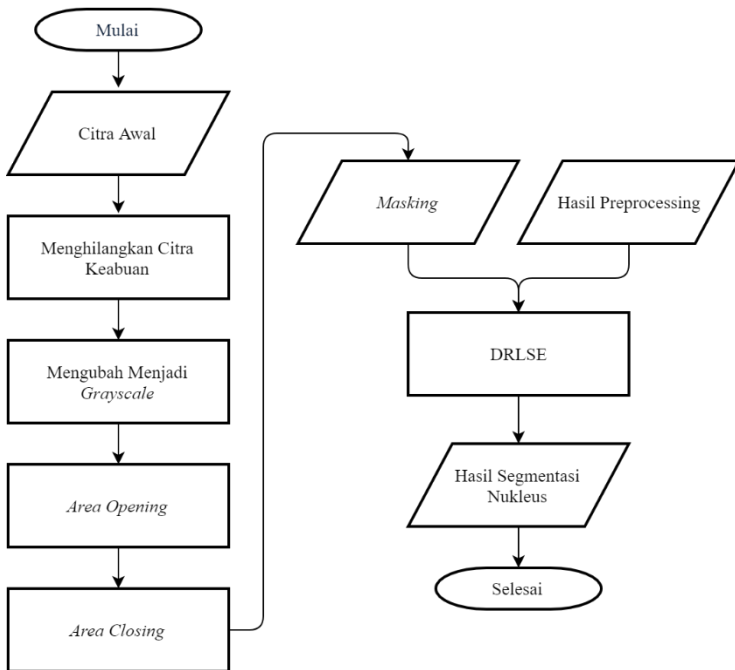
3.2.3.2 Segmentasi

Segmentasi dalam tugas akhir ini dibagi menjadi 2, yaitu segmentasi nukleus dan segmentasi sitoplasma. Kedua segmentasi tersebut menggunakan metode yang berbeda karena nukleus dan sitoplasma memiliki karakteristik yang berbeda. Segmentasi nukleus dilakukan menggunakan metode *Distance Regularized Level Set Evolution* (DRLSE), sedangkan segmentasi sitoplasma dilakukan menggunakan metode *Mathematical Morphology* dan *Watershed*.

Pada segmentasi nukleus, DRLSE membutuhkan suatu *masking* sebagai titik awal penghitungan *level set*. *Masking* didapat melalui beberapa tahap. Pertama, citra awal dihilangkan warna piksel yang cenderung keabuan, yaitu piksel dengan selisih *red*, *green*, dan *blue* pada nilai RGB yang kecil. Kemudian, citra dikonversi menjadi citra keabuan. Contoh hasil tahap menghilangkan warna keabuan dan konversi menjadi citra keabuan ditunjukkan pada Gambar 3.6. Terakhir, citra diolah menggunakan *area opening* dan *area closing* secara berturut-turut. *Masking* yang didapat kemudian dikembangkan terhadap citra hasil SMMT. Diagram alir segmentasi nukleus ditunjukkan pada Gambar 3.7.

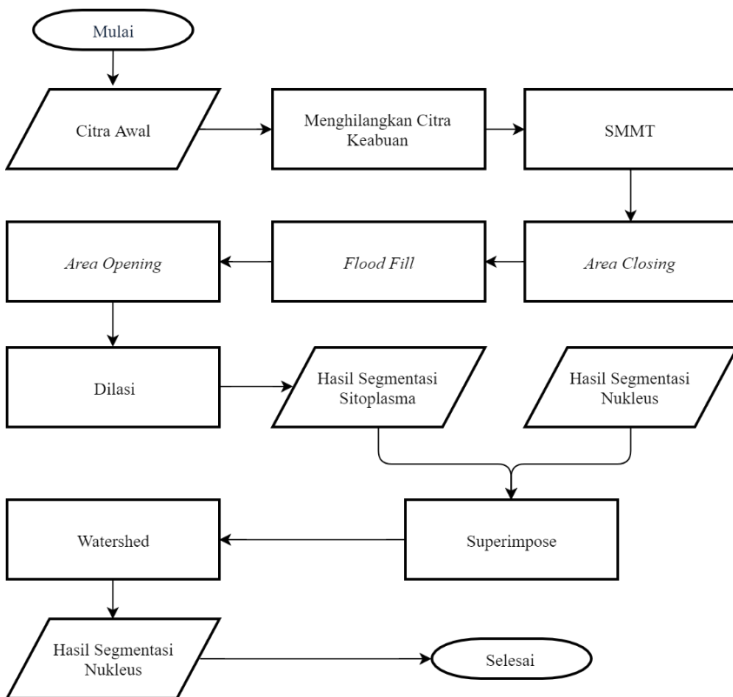


Gambar 3.6 Contoh perbandingan citra sebelum dan sesudah penghapusan piksel keabuan dan konversi menjadi citra keabuan. (Kiri) sebelum. (Kanan) sesudah.



Gambar 3.7 Diagram Alir Segmentasi Nukleus.

Pada segmentasi sitoplasma, metode *Mathematical Morphology* yang digunakan adalah transformasi *bottom hat* pada citra hasil SMMT dari citra yang sudah dihilangkan piksel keabuannya, lalu *area closing*, kemudian diikuti oleh *flood fill*, kemudian *area opening*, dan yang terakhir adalah dilasi. Hasil akhir dari *mathematical morphology* kemudian digabung dengan hasil segmentasi nukleus (*superimpose*) lalu ditransformasi menggunakan *watershed* yang digunakan untuk memisahkan sel darah putih yang saling bersinggungan. *Watershed* juga berfungsi untuk mengabaikan hasil *mathematical morphology* yang mendeteksi adanya sitoplasma tetapi didalamnya tidak terdapat nukleus. Diagram alir segmentasi sitoplasma ditunjukkan pada Gambar 3.8.



Gambar 3.8 Diagram Alir Segmentasi Sitoplasma.

3.2.3.3 Ekstraksi Fitur

Fitur-fitur yang diekstrak dalam tugas akhir ini adalah kebulatan nukleus, warna sitoplasma, dan rasio luas sel dengan sitoplasma. Ketiga fitur tersebut diekstrak untuk kemudian digunakan sebagai fitur penentu klasifikasi yang akan membedakan jenis-jenis sel darah putih.

Kebulatan nukleus digunakan untuk membedakan granulosit dengan agranulosit. Nukleus pada agranulosit cenderung berbentuk bulat, sedangkan pada granulosit bentuk nukleus tidak beraturan. Kebulatan nukleus didefinisikan sebagai

$$Kebulatan = 4 \times \pi \times \frac{A_i}{P_i^2}, \quad (3.1)$$

dimana A_i adalah luas sel dan P_i adalah keliling nukleus. Nilai kebulatan 1.0 menunjukkan bahwa nukleus berbentuk lingkaran sempurna. Semakin nilai mendekati nilai 0.0 semakin menunjukkan bahwa bentuknya semakin pipih dan memanjang [22].

Warna sitoplasma digunakan untuk membedakan tiga jenis granulosit, yaitu basofil, eosinofil, dan neutrofil. Ketiga jenis ini memiliki nilai hue (H) pada jenis warna HSV yang berbeda. Nilai H didapatkan dengan persamaan

$$H = \cos^{-1} \left[\frac{[(R-G)+(R-B)]}{2\sqrt{(R-G)^2+(R-B)(G-B)}} \right], \quad (3.2)$$

dimana (R,G,B) adalah nilai komponen warna pada piksel.

Rasio luas sel dengan sitoplasma digunakan untuk membedakan dua jenis agranulosit, yaitu monosit dan limfosit. Kedua jenis ini memiliki rasio luas sel dengan sitoplasma yang cenderung berbeda. Hal ini disebabkan oleh bentuk nukleus pada limfosit yang bulat penuh sedangkan nukleus pada monosit terdapat cekungan sehingga berbentuk seperti biji kacang. Rasio luas sel dengan sitoplasma didefinisikan sebagai

$$Rasio = \frac{C_i}{A_i}, \quad (3.3)$$

dimana A_i adalah luas sel dan C_i adalah luas sitoplasma.

3.2.3.4 Klasifikasi

Pada tugas akhir ini, sel darah putih yang telah disegmentasi akan diklasifikasikan menjadi 5 jenis, yaitu neutrofil, eosinofil, basofil, limfosit, dan monosit. Klasifikasi tersebut dilakukan menggunakan metode klasifikasi *Decision Tree*.

247 data berupa gambar sel darah putih yang telah diidentifikasi jenisnya oleh dokter ahli dimasukkan sebagai data *training*. Proses klasifikasi ini menghasilkan data *rule* dari *decision tree* yang dibuat yang kemudian digunakan untuk mengklasifikasi data *testing* sejumlah 30 gambar. Klasifikasi data *testing* menggunakan *rule* dari *decision tree* yang telah dibuat menghasilkan prediksi jenis sel darah putih dari data *testing* yang diberikan.

BAB IV IMPLEMENTASI

Pada bab ini diuraikan mengenai implementasi perangkat lunak dari rancangan metode yang telah dibahas pada Bab III meliputi kode program dalam perangkat lunak. Selain itu, implementasi dari tiap proses, parameter masukan, keluaran, dan beberapa keterangan yang berhubungan dengan program juga dijelaskan.

4.1 Lingkungan Implementasi

Objek citra yang akan diolah pada implementasi tugas akhir ini adalah sebuah citra mikroskopis sel darah putih dari sebuah hapusan darah. Dalam implementasi algoritma pengolahan citra tersebut, digunakan perangkat-perangkat sebagai berikut:

4.1.1 Perangkat Keras

Lingkungan implementasi pada tugas akhir ini adalah sebuah *personal computer* (PC). Perangkat PC yang digunakan adalah tipe desktop bertipe Acer Aspire M3970 dengan sebuah layar monitor.

PC yang digunakan pada tugas akhir ini bekerja menggunakan prosesor Intel Core i3 3240 dengan kecepatan 3,4 GHz dan *Random Access Memory* (RAM) untuk proses menjalankan program sebesar 4,00 GB.

Citra mikroskopis yang digunakan pada tugas akhir ini didapat menggunakan kamera *smartphone* Microsoft Lumia yang berkekuatan *2 megapixel* dan melalui mikroskop Olympus CX23 dengan model CS23LEDRFS1.

4.1.2 Perangkat Lunak

Lingkungan implementasi pada tugas akhir ini adalah sebuah *personal computer* (PC). Spesifikasi PC dari sisi perangkat lunak menggunakan *software* MATLAB R2016b. Penggunaan MATLAB didukung dengan dua *toolbox* utama yaitu *statistical*

and machine learning toolbox dan image processing toolbox. Selain itu, pada tugas akhir ini dalam melakukan pengolahan angka didukung dengan software Microsoft Excel.

4.2 Implementasi Tahap Preprocessing

Tahap *preprocessing* pada tugas akhir ini terdiri dari dua tahap. Pertama adalah mengatur kecerahan citra, lalu mengubah citra menjadi citra keabuan (*grayscale*) dan menerapkan metode SMMT. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.2.1 Implementasi Pengaturan Kecerahan Citra

Tahap ini mengatur kecerahan citra dengan cara mengubah nilai *Value* pada model warna *Hue Saturation Value* (HSV). Terkadang HSV juga disebut dengan *Hue Saturation Brightness* (HSB), karena *Value* pada HSV mempresentasikan tingkat kecerahan (*brightness*) suatu warna. *Value* (V) didapatkan dengan menghitung nilai maksimal dari komponen warna pada RGB.

Implementasi pengaturan kecerahan citra ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.1**. Pada baris 1 dilakukan pembacaan citra dari direktori file. Pada baris 2 dilakukan konversi citra dari model warna RGB menjadi HSV. Pada baris 3 dihitung rata-rata nilai V pada suatu citra. Pada baris 4 dibuat nilai V yang diinginkan. Pada baris 5 mengubah kecerahan citra menjadi kecerahan yang diinginkan. Terakhir, pada baris 6 mengembalikan model warna citra menjadi RGB.

1	<code>Imoriginal=</code> <code>imread('database/nama_file.jpg');</code>
2	<code>IMhsv = rgb2hsv(IMoriginal);</code>
3	<code>vMean = mean(mean(IMhsv(:, :, 3)));</code>
4	<code>brightness_target = 0.8;</code>
5	<code>IMhsv(:, :, 3) =</code> <code>IMhsv(:, :, 3)+brightness_target-vMean;</code>
6	<code>IM = im2uint8(hsv2rgb(IMhsv));</code>

Kode Sumber 4.1 Implementasi Pengaturan Kecerahan Citra

4.2.2 Implementasi SMMT

Penerapan SMMT dilakukan pada citra *grayscale*. Untuk itu, citra yang sudah diatur kecerahannya diubah menjadi citra *grayscale* terlebih dahulu. Konversi ini dilakukan dengan menghitung rata-rata dari nilai RGB. Kemudian, citra diolah menggunakan metode SMMT dengan parameter yang telah ditentukan.

Implementasi SMMT ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.2**. Pada baris 1 citra diubah menjadi citra *grayscale*. Baris 4 membuat sebuah elemen penyusun berbentuk piramida menggunakan persamaan (7) dengan parameter yang telah didefinisikan pada baris 2 dan 3. Elemen penyusun yang telah dibuat kemudian digunakan untuk menghitung citra dilasi dan erosi pada baris 5 dan 6. Baris 7 sampai 19 menghitung citra SMMT pada citra *grayscale*.

1	<code>img = rgb2gray(IM);</code>
2	<code>scale = 1;</code>
3	<code>SEsize = 10;</code>
4	<code>SE = scaledstrel(scale, SEsize);</code>
5	<code>imdilasi = imdilate(img, SE, 'same');</code>
6	<code>imerosi = imerode(img, SE, 'same');</code>
7	<code>img2 = img;</code>
8	<code>[x,y] = size(img);</code>
9	<code>for i = 1:x</code>
10	<code> for j = 1:y</code>
11	<code> If((imdilasi(i,j)-img2(i,j)<img2(i,j)- imerosi(i,j)))</code>
12	<code> img(i,j) = imdilasi(i,j);</code>
13	<code> elseif((imdilasi(i,j)- img2(i,j)==img2(i,j)-imerosi(i,j)))</code>
14	<code> img(i,j) = img2(i,j);</code>
15	<code> else</code>
16	<code> img(i,j) = imerosi(i,j);</code>
17	<code> end</code>
18	<code> end</code>
19	<code> end</code>

Kode Sumber 4.2 Implementasi SMMT

4.3 Implementasi Proses Segmentasi

Segmentasi nukleus dan sitoplasma suatu sel darah putih pada tugas akhir ini dilakukan secara terpisah. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.3.1 Implementasi Segmentasi Nukleus

Segmentasi nukleus memiliki 2 tahapan, yaitu menghilangkan piksel yang memiliki warna yang mendekati keabuan dan mendeteksi nukleus menggunakan metode DRLSE. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.3.1.1 Implementasi Menghilangkan Warna Keabuan

Tahap ini menghilangkan piksel keabuan pada citra awal yang diketahui melalui selisih *red*, *green*, dan *blue* pada nilai RGB yang kecil. Tujuan dari proses ini adalah untuk menghilangkan objek selain sel darah putih pada citra yang memiliki warna yang cenderung keabuan

Implementasi proses menghilangkan warna keabuan ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.3**. Pada baris 1 sampai 3 didapatkan nilai *red*, *green*, dan *blue* pada nilai RGB. Pada baris 4 ditentukan selisih maksimal suatu piksel dikatakan berwarna keabuan.. Pada baris 5 dihitung selisih antara nilai *red*, *green*, dan *blue* pada nilai RGB. Pada baris 6 dan 7 piksel yang teridentifikasi sebagai warna keabuan diubah menjadi warna putih.

1	<code>r = IM(:, :, 1);</code>
2	<code>g = IM(:, :, 2);</code>
3	<code>b = IM(:, :, 3);</code>
4	<code>max_selisih = 15;</code>
5	<code>idx=abs(double(r)-double(g))<= max_selisih &abs(double(g)-double(b))<= max_selisih &abs(double(r)-double(b))<= max_selisih;</code>
6	<code>IMnogray = rgb2gray(IM);</code>
7	<code>IMnogray(idx==1) = 255;</code>

**Kode Sumber 4.3 Implementasi
Menghilangkan Warna Keabuan**

4.3.1.2 Implementasi Deteksi Nukleus

Deteksi nukleus dilakukan dengan metode DRLSE. Metode DRLSE membutuhkan suatu *masking*, yaitu penanda dari mana pencarian objek dimulai. *Masking* didapat dari pengolahan citra *grayscale* menggunakan *thresholding*, *area opening*, dan *area closing*.

Implementasi deteksi nukleus ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.4**. Pada baris 1 dan 2 citra diubah menjadi citra biner. Baris 3 dan 4 citra ditransformasi menggunakan *area closing* dan *area opening* secara berturut-turut. Pada baris 5 citra hasil *area open* ditransformasi menggunakan proses dilasi sebagai persiapan DRLSE dimana DRLSE cenderung mencari objek yang ada di dalam *masking*. Pada baris 6 metode DRLSE dilakukan terhadap citra hasil SMMT menggunakan citra hasil transformasi dilasi dari *area opening* sebagai *masking*.

1	IMbin=imbinarize(IMnogray,NucleusThreshol d/255);
2	IMbin = ~IMbin;
3	IMNclose = imclose(IMbin, strel('disk', 11));
4	IMNopen = imopen(IMNclose, strel('disk',9));
5	IMNopenLS = imdilate(IMNopen, strel('disk',9));
6	IMNLS = dslre(imsmt, IMNopenLS);

Kode Sumber 4.4 Implementasi Deteksi Nukleus

Nilai *threshold* pada proses ini dibuat dinamis sebagai antisipasi apabila program tidak mendeteksi nukleus karena nilai *threshold* yang terlalu kecil. Implementasi nilai *threshold* yang dinamis ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.5**.

4.3.2 Implementasi Segmentasi Sitoplasma

Segmentasi sitoplasma memiliki 2 tahapan, yaitu metode morfologi dan *watershed*. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.3.2.1 Implementasi Metode Morfologi

Metode morfologi yang digunakan adalah transformasi *bottom hat* pada citra hasil SMMT dari citra yang sudah dihilangkan piksel keabuannya, lalu *area closing*, kemudian diikuti oleh *flood fill*, kemudian *area opening*, dan yang terakhir adalah dilasi.

1	NucleusThresholdDefault = 120;
2	ThresholdDelta = 30;
3	if no nucleus == 0
4	NucleusThreshold = NucleusThresholdDefault;
5	else
6	NucleusThreshold = NucleusThreshold + ThresholdDelta;
7	end

Kode Sumber 4.5 Implementasi Deteksi Nukleus

Implementasi metode morfologi ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.6**. Pada baris 1, citra yang sudah dihilangkan piksel keabuannya ditransformasi menggunakan SMMT. Pada baris 2-5 citra hasil SMMT ditransformasi menggunakan metode *bottom hat*. Baris 6 dan 7 citra hasil *bottom hat* diubah menjadi citra biner. Pada baris 8 citra biner ditransformasi menggunakan metode *area closing* dan diikuti *flood fill* pada baris 9. Setelah itu, dilakukan *area opening* untuk menghilangkan objek yang kecil pada baris 10. Terakhir, citra ditransformasi menggunakan dilasi pada baris 11.

4.3.2.2 Implementasi Watershed

Watershed dilakukan sebagai tahap akhir segmentasi sitoplasma. Pertama, citra biner sitoplasma dan nukleus digabung terlebih dahulu dengan citra biner sitoplasma bernilai 1 dan citra biner nukleus bernilai 0. Proses ini disebut dengan *superimpose*. *Superimpose* dilakukan agar bagian dari citra yang terdeteksi sebagai sitoplasma tetapi tidak terdeteksi nukleus di dalamnya akan diabaikan. Berikutnya, citra hasil *superimpose* ditransformasi menggunakan *Euclidean distance transform*. Terakhir, citra transformasi disegmentasi menggunakan metode *watershed*.

Implementasi metode morfologi ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.7**. Pada baris 1 citra biner sitoplasma dan nukleus digabung (*superimpose*). Pada baris 2 citra hasil *superimpose* ditransformasi menggunakan *Euclidean distance transform*. Pada baris 3 citra hasil transformasi disegmentasi menggunakan metode *watershed*.

1	IMCsmmt = im2smmt(IMnogray, scale, SEsmmt);
2	SE = strel('disk', 10);
3	imdilasi = imdilate(imsmt, SE, 'same');
4	imclosing = imerode(imdilasi, SE, 'same');
5	imbottomhat = imsubtract(imclosing, imsmmt);
6	cytoThres = 10;
7	IMCbin=imbinarize(imbottomhat, cytoThresd/255);
8	IMCclose = imclose(IMCbin, strel('disk', 3));
9	IMCfill = imfill(IMCclose, 'holes');
10	IMCopen = imopen(IMCfill, strel('disk', 25));
11	IMCdilate=imdilate(IMCopen+IMNLS, strel('disk', 3));

Kode Sumber 4.6 Implementasi Metode Morfologi

1	IMSup = double(IMCdilate) - double(IMNLS);
2	Dist = bwdist(~IMSup);
3	Wts = watershed(Dist);

Kode Sumber 4.7 Implementasi Watershed

4.4 Implementasi Ekstraksi Fitur

Tahap ekstraksi fitur pada tugas akhir ini terdiri dari tiga tahap. Pertama adalah ekstraksi fitur kebulatan, kemudian ekstraksi fitur warna sitoplasma, dan terakhir ekstraksi fitur rasio luas sitoplasma dengan luas sel secara keseluruhan. Hasil ekstraksi fitur kemudian dijadikan satu pada suatu matriks. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.4.1 Implementasi Ekstraksi Kebulatan Nukleus

Implementasi ekstraksi kebulatan nukleus ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.8**. Pada baris 1 dan 2 dihitung keliling nukleus. Pada baris 3 dihitung luas nukleus. Pada baris 3 dihitung kebulatan nukleus.

1	<code>Nucleus_Perimeter = bwperim(RoINucleus);</code>
2	<code>Perimeter_of_Nucleus = sum(sum(Nucleus_Perimeter==1));</code>
3	<code>Area_of_Nucleus = sum(sum(RoINucleus==1));</code>
4	<code>feature(index_feature,1) = 4 * 22/7 * Area_of_Nucleus / (Perimeter_of_Nucleus^2);</code>

Kode Sumber 4.8 Implementasi Ekstraksi Kebulatan Nukleus

4.4.2 Implementasi Ekstraksi Warna Sitoplasma

Implementasi ekstraksi warna sitoplasma ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.9**. Pada baris 1 citra sitoplasma dikonversi dari nilai RGB menjadi nilai HSV. Pada baris 2 dan 3 didapat rata-rata dari nilai *hue*.

1	<code>IMChsv = rgb2hsv(RoICytoplasm);</code>
2	<code>IMChue = IMChsv(:, :, 1);</code>
3	<code>feature(index_feature, 2) = mean2(IMChue(IMChue~=0));</code>

Kode Sumber 4.9 Implementasi Ekstraksi Warna Sitoplasma

4.4.3 Implementasi Ekstraksi Rasio Luas

Implementasi ekstraksi rasio luas sitoplasma dengan luas sel ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.10**. Pada baris 1, 2, dan 5 didapatkan luas dari sitoplasma. Pada baris 3, 4, dan 6 didapatkan luas keseluruhan sel. Rasio luas sitoplasma dengan luas sel dihitung pada baris 7.

1	<code>IMLabelCytoplasm = IMChue;</code>
2	<code>IMLabelCytoplasm(IMLabelCytoplasm~=0) = 1;</code>
3	<code>IMLabelCell = rgb2gray(RoI);</code>
4	<code>IMLabelCell(IMLabelCell~=0) = 1;</code>
5	<code>AoCy = sum(sum(IMLabelCytoplasm==1));</code>
6	<code>AoCe = sum(sum(IMLabelCell==1));</code>
7	<code>feature(index_feature, 3) = AoCy / AoCe ;</code>

Kode Sumber 4.10 Implementasi Ekstraksi Rasio Luas

4.5 Implementasi Proses Klasifikasi

Tahap klasifikasi pada tugas akhir ini terdiri dari dua tahap. Pertama dilakukan proses *training* data sel darah putih dan jenisnya menggunakan metode *Decision Tree*, dan kedua dilakukan klasifikasi citra *testing* menggunakan *decision tree* yang dihasilkan. Penjelasan dari masing-masing tahapan tersebut adalah sebagai berikut:

4.5.1 Implementasi *Decision Tree Training*

Proses *training* dilakukan untuk membentuk suatu *decision tree* sebagai *rule* untuk melakukan klasifikasi. Implementasi perulangan penyusunan *tree* untuk ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.11**.

1	<code>tree=fitctree(feature,class,'PredictorNames',{'Area','Colour','Ratio'});</code>
2	<code>view(tree,'mode','graph')</code>

Kode Sumber 4.11 Implementasi *Decision Tree Training*

4.5.2 Implementasi Klasifikasi Citra *Testing*

Proses klasifikasi citra *testing* dilakukan menggunakan *rule* dari *decision tree* yang telah dibuat. Implementasi klasifikasi citra *testing* ditunjukkan pada **Kode Sumber 4.12**.

1	<code>label = predict(tree,datatrain)</code>
---	--

Kode Sumber 4.12 Implementasi Klasifikasi Citra *Testing*

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB V

UJI COBA DAN EVALUASI

Dalam bab ini dibahas mengenai hasil uji coba sistem yang telah dirancang dan dibuat. Uji coba dilakukan untuk mengetahui kinerja sistem dengan lingkungan uji coba yang telah ditentukan.

5.1 Lingkungan Uji Coba

Lingkungan uji coba pada tugas akhir ini adalah sebuah *personal computer* (PC). Perangkat PC yang digunakan adalah tipe desktop bertipe Acer Aspire M3970 dengan sebuah layar monitor.

PC yang digunakan pada tugas akhir ini bekerja menggunakan prosesor Intel Core i3 3240 dengan kecepatan 3,4 GHz dan *Random Access Memory* (RAM) untuk proses menjalankan program sebesar 4,00 GB.

Citra mikroskopis yang digunakan pada tugas akhir ini didapat menggunakan kamera *smartphone* Microsoft Lumia yang berkekuatan 2 *megapixel* dan melalui mikroskop Olympus CX23 dengan model CS23LEDRFS1.

Pada sisi perangkat lunak, uji coba pada tugas akhir ini dilakukan dengan menggunakan *software* MATLAB R2016b. Penggunaan MATLAB didukung dengan dua *toolbox* utama yaitu *statistical and machine learning toolbox* dan *image processing toolbox*. Selain itu, pada tugas akhir ini dalam melakukan pengolahan angka didukung dengan *software* Microsoft Excel.

5.2 Data Uji Coba

Data yang digunakan sebagai masukan adalah citra dari hapusan darah yang diberikan *Wright staining* dan diambil melalui mikroskop dengan nilai perbesaran 1.000x. Citra tersebut kemudian dilakukan proses *cropping* secara manual sebesar 300x300 piksel untuk mendapatkan citra yang berisi 1 buah sel darah putih. Seluruh citra yang digunakan pada tugas akhir ini didapatkan dari pengambilan gambar secara langsung oleh penulis di laboratorium Patologi Klinik RSUD Dr. Soetomo Surabaya.

Jumlah citra yang digunakan sebagai data *training* sejumlah 247 citra yang terbagi menjadi 5, yaitu basofil sejumlah 53 citra, eosinofil sejumlah 15 citra, limfosit sejumlah 44 citra, monosit sejumlah 17 citra, dan neutrofil sejumlah 103 citra. Citra yang digunakan sebagai data *testing* sejumlah 30 citra yang terbagi menjadi 5, yaitu basofil sejumlah 6 citra, eosinofil sejumlah 4 citra, limfosit sejumlah 5 citra, monosit sejumlah 4 citra, dan neutrofil sejumlah 11 citra.

Ground truth yang digunakan untuk membuat *decision tree* adalah label yang menunjukkan jenis sel darah putih masing-masing citra. Label ini ditentukan oleh dokter ahli.

5.3 Skenario Uji Coba

Uji coba dilakukan untuk mengetahui nilai-nilai parameter yang tepat untuk digunakan pada masing-masing proses. Dengan mengetahui nilai parameter yang tepat, diharapkan program dapat memberikan hasil segmentasi dan klasifikasi yang terbaik.

Skenario uji coba yang dilakukan terdiri dari empat macam, yaitu:

1. Uji coba penentuan parameter SMMT.
2. Uji coba penentuan nilai *threshold* pada nukleus.
3. Uji coba penentuan parameter DRLSE.
4. Uji coba penentuan parameter *decision tree*.

Pada awalnya, parameter metode *preprocessing* dan segmentasi dipilih berdasarkan hasil pengolahan yang terbaik secara visual pada beberapa gambar. Setelah parameter terbaik secara visual didapat, kemudian parameter tersebut digunakan dan diubah berdasarkan skenario uji coba masing-masing metode. Hal ini dikarenakan penulis tidak memiliki *ground truth* segmentasi sel darah putih. Sehingga, pengujian masing-masing metode dihitung sampai tahap klasifikasi untuk mendapatkan akurasinya.

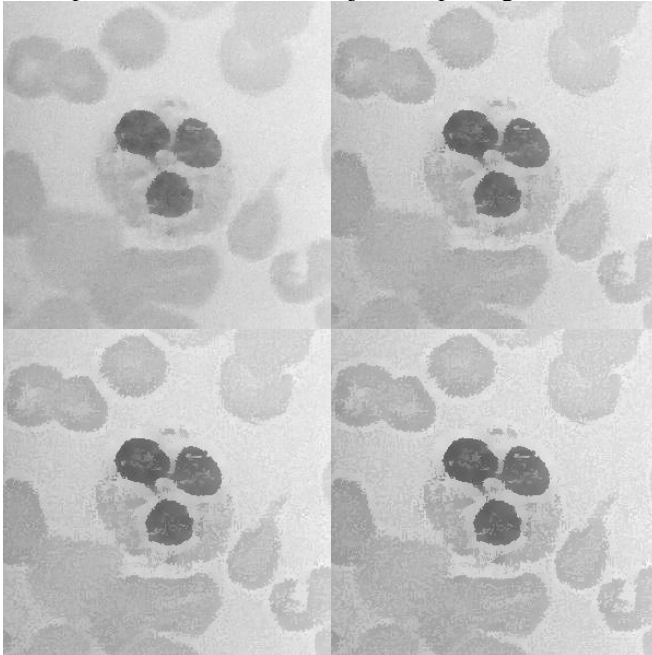
5.4 Uji Coba Penentuan Parameter SMMT

Uji coba penentuan parameter SMMT dilakukan untuk mendapatkan nilai parameter yang menghasilkan citra pra-

pemrosesan yang baik. Hal ini penting dilakukan karena hasil pra-pemrosesan yang baik akan menghasilkan segmentasi yang baik.

Terdapat 2 parameter pada SMMT, yaitu skala (σ) dan lebar elemen penyusun yang digunakan. Nilai skala yang diuji adalah 0,25, 0,5, 0,75, dan 1. Nilai lebar yang diuji adalah 6, 8, 10, 12, dan 14. Akan diambil nilai yang terbaik dari kombinasi kedua parameter berdasarkan akurasi klasifikasi tertinggi yang dihasilkan.

Hasil uji coba parameter skala dan lebar elemen penyusun ditunjukkan pada **Tabel 5.1**. Dari tabel tersebut terlihat bahwa kombinasi nilai skala dan lebar elemen penyusun terbaik adalah 0,5 dan 14 secara berturut-turut. Perbandingan antara beberapa kombinasi parameter SMMT ditunjukkan pada gambar.



Gambar 5.1 Perbandingan hasil parameter SMMT.

(Kiri Atas) $\sigma = 0,25$; (Kanan Atas) $\sigma = 0,5$;
(Kiri Bawah) $\sigma = 0,75$; (Kanan Bawah) $\sigma = 1,0$.

Tabel 5.1 Hasil Uji Coba Parameter SMMT

Skala (σ)	Lebar	Akurasi (%)
0,25	6	61,67
0,25	8	56,67
0,25	10	63,33
0,25	12	84,67
0,25	14	84,89
0,5	6	60,56
0,5	8	64,44
0,5	10	58,22
0,5	12	81,11
0,5	14	85,78
0,75	6	60,22
0,75	8	57,44
0,75	10	58,00
0,75	12	60,89
0,75	14	84,11
1	6	62,22
1	8	58,44
1	10	57,22
1	12	64,44
1	14	82,44

Perbandingan akurasi tanpa menggunakan SMMT dan dengan menggunakan SMMT yang optimal ditunjukkan pada **Tabel 5.2**. Dari tabel tersebut terlihat bahwa SMMT meningkatkan akurasi klasifikasi dengan selisih 5,11%.

Tabel 5.2 Perbandingan Akurasi Menggunakan SMMT dan Tanpa SMMT

Metode	Akurasi (%)
Tanpa SMMT	80,67
Dengan SMMT	85,78

5.5 Uji Coba Penentuan Nilai *Threshold* pada Nukleus

Uji coba penentuan nilai *threshold* dilakukan untuk mendapatkan hasil segmentasi yang baik. Dengan hasil segmentasi yang baik diharapkan akan memberikan hasil ekstraksi fitur yang baik pada tahap selanjutnya.

Terdapat 2 parameter pada penentuan nilai *threshold*, yaitu nilai *threshold* semula (*initial threshold*) dan besar nilai *threshold* yang ditambahkan apabila program gagal mendeteksi nukleus (*delta*). Nilai *initial threshold* yang diuji adalah 110, 120, dan 130. Nilai *delta* yang diuji adalah 10, 20, dan 30. Kombinasi kedua parameter ini akan diambil yang terbaik berdasarkan jumlah terbanyak dari segmentasi yang benar, yaitu banyaknya sel darah putih yang terdeteksi sesuai dengan banyaknya sel darah putih yang sebenarnya. Apabila ada beberapa kombinasi yang menghasilkan jumlah segmentasi tertinggi, kombinasi akan dipilih berdasarkan akurasi klasifikasi tertinggi yang dihasilkan.

Hasil uji coba ditunjukkan pada **Tabel 5.3**. Dari tabel tersebut terlihat bahwa nilai *initial threshold* dan *delta* terbaik adalah 130 dan 10 secara berturut-turut. Dari total 277 citra, 247 citra training dan 30 citra testing, program dengan kombinasi *initial threshold* 130 dan *delta* 10 mendeteksi 275 sel darah putih dan dengan akurasi sebesar 84,67%.

Tabel 5.3 Hasil Uji Coba Nilai *Threshold* pada Nukleus

<i>Initial Threshold</i>	<i>Delta</i>	Jumlah segmentasi yang benar	Akurasi (%)
110	10	275	73,33
110	20	275	71,44
110	30	275	72,89
120	10	275	82,22
120	20	275	80,22
120	30	275	79,33
130	10	275	84,67

130	20	275	84,00
130	30	275	84,00
140	10	269	84,78
140	20	269	84,78
140	30	269	84,78
150	10	260	87,22
150	20	260	87,22
150	30	260	87,22

5.6 Uji Coba Penentuan Parameter DRLSE

Uji coba penentuan parameter DRLSE dilakukan untuk mendapatkan hasil segmentasi nukleus yang baik. Dengan hasil segmentasi yang baik diharapkan akan memberikan hasil segmentasi sitoplasma dan ekstraksi fitur yang baik pada tahap selanjutnya.

Terdapat 4 parameter pada penentuan parameter DRLSE, yaitu nilai lambda (λ), alfa (α), epsilon (ϵ), dan sigma (σ). Kombinasi keempat parameter ini akan diambil yang terbaik berdasarkan akurasi klasifikasi tertinggi yang dihasilkan.

Hasil uji coba ditunjukkan pada **Tabel 5.3 Hasil Uji Coba Nilai Threshold pada Nukleus** **Tabel 5.4**. Dari tabel tersebut terlihat bahwa kombinasi terbaik parameter DRLSE adalah 1, 1, 1, dan 1 secara berturut-turut yang menghasilkan akurasi sebesar 87,78%.

Tabel 5.4 Hasil Uji Coba Nilai Threshold pada Nukleus

<i>Lambda</i> (λ)	<i>Alfa</i> (α)	<i>Epsilon</i> (ϵ)	<i>Sigma</i> (σ)	<i>Akurasi</i> (%)
1	1	1	1	87,78
2	2	1.5	1.5	85,89
3	3	2	2	85,89

5.7 Uji Coba Penentuan Parameter Decision Tree

Uji coba penentuan parameter *decision tree* dilakukan untuk mengetahui nilai parameter *decision tree* yang optimal sehingga

dapat menghasilkan pembuatan *tree* yang optimal. Hal ini penting ditentukan karena *tree* yang baik akan menghasilkan akurasi klasifikasi yang baik.

Parameter yang diuji pada *decision tree* adalah nilai *pruning* yang digunakan. Nilai *pruning* yang digunakan adalah 0 (tidak dilakukan *pruning*), 4, 5, 6, dan 7. Hasil uji coba ditunjukkan pada **Tabel 5.5**. Dari tabel tersebut terlihat bahwa *decision tree* yang tidak dilakukan proses *pruning*, *pruning* dengan level 6, dan *pruning* dengan level 7 memberikan hasil yang terbaik pada klasifikasi *decision tree*.

Tabel 5.5 Hasil Uji Coba Level *Pruning*

Level <i>Pruning</i>	Akurasi (%)
0	87,78
4	85,11
5	87,56
6	87,78
7	87,78

5.8 Analisis Uji Coba

Dari skenario uji coba di atas, kombinasi parameter SMMT, *threshold*, *level set*, dan *decision tree* terbaik menghasilkan nilai akurasi rata-rata sebesar 87,78%, sensitivitas rata-rata sebesar 71,94%, dan spesifisitas sebesar 88,64%. Hal ini menunjukkan bahwa metode-metode yang digunakan berhasil mensegmentasi dan mengklasifikasi citra sel darah putih. Akurasi, sensitivitas, dan spesifisitas masing-masing jenis sel darah putih ditunjukkan pada **Tabel 5.6**.

Dari tabel tersebut, dapat dilihat bahwa program dapat mendeteksi limfosit dengan sempurna. Tidak ada *false positive* maupun *false negative* yang terjadi pada deteksi limfosit. Dengan kata lain, seluruh citra limfosit terdeteksi sebagai limfosit, dan seluruh citra selain limfosit terdeteksi sebagai bukan limfosit. Pada

deteksi basofil, program dapat mendeteksi dengan baik. Hal ini ditunjukkan dengan nilai sensitivitas dan spesifisitas yang relatif tinggi.

Tabel 5.6 Detail Hasil Segmentasi & Klasifikasi

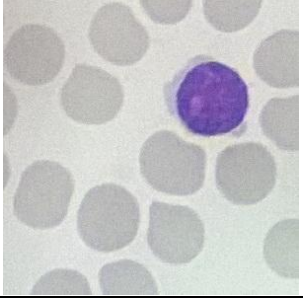
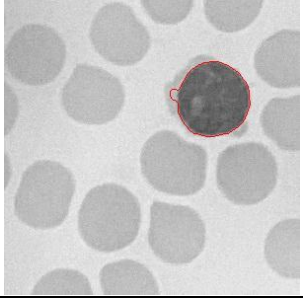
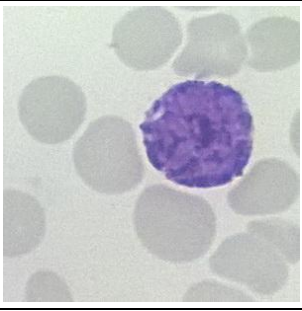
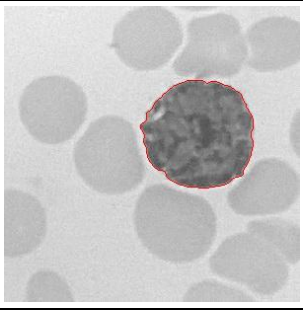
Jenis Sel Darah Putih	Akurasi (%)	Sensitivitas (%)	Spesifisitas (%)
Limfosit	100	100	100
Basofil	93.33	83.33	95.83
Monosit	86.67	25	96.15
Eosinofil	86.67	25	96.15
Neutrofil	80	90.91	73.68

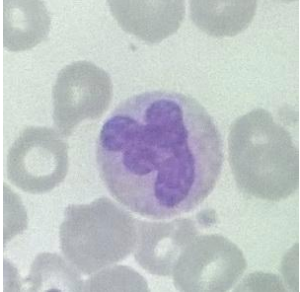
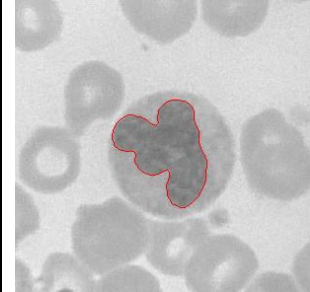



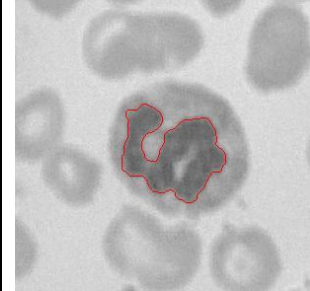
Pada deteksi neutrofil, program dapat mendeteksi dengan sensitivitas yang tinggi namun spesifisitas yang dimiliki rendah. Hal ini menunjukkan bahwa banyak citra bukan neutrofil yang terdeteksi sebagai neutrofil sebagaimana yang ditunjukkan pada lampiran. Hal yang dapat menyebabkan buruknya spesifisitas pada neutrofil adalah karena jumlah data *training* yang tidak seimbang dengan neutrofil mendominasi sebesar 41,7% dari keseluruhan data *training* yang dibagi menjadi 5 jenis sel darah putih. Dengan jumlah yang tidak seimbang, keberagaman neutrofil menyebabkan sel selain neutrofil terdeteksi sebagai neutrofil.

Pada deteksi monosit dan eosinofil, program kurang mampu mendeteksi dengan baik. Hal ini ditunjukkan dengan nilai sensitivitas yang rendah, yang menunjukkan bahwa seringkali program menganggap citra yang semestinya monosit/eosinofil sebagai selain monosit/eosinofil. Hal yang dapat menyebabkan buruknya sensitivitas pada monosit dan eosinofil antara lain adalah karena jumlah *training* monosit dan eosinofil yang sedikit, yaitu 17 untuk monosit dan 15 untuk eosinofil, dibandingkan dengan neutrofil yang berjumlah 103 citra. Jumlah data *training* yang jauh lebih besar menyebabkan 2 dari 4 citra *testing* monosit maupun eosinofil terdeteksi sebagai neutrofil, sebagaimana yang ditunjukkan pada lampiran.

Hal lain yang dapat mempengaruhi adalah segmentasi basofil yang kurang baik. Pada segmentasi basofil, program tidak mampu membedakan antara nukleus basofil yang tersebar dalam sel dengan sitoplasma basofil yang memiliki granula dengan warna mirip dengan nukleus. Dengan segmentasi basofil yang kurang baik, fitur yang didapat kurang dapat merepresentasikan basofil dengan baik, sehingga hasil klasifikasi yang didapat kurang maksimal. Tentunya, klasifikasi salah satu jenis sel darah putih yang kurang baik akan mempengaruhi klasifikasi jenis yang lainnya. Pada lampiran, 1 dari 4 monosit teridentifikasi sebagai basofil. Padahal, secara visual monosit dan basofil mudah dibedakan. Contoh gambar kelima jenis sel darah putih dan segmentasi nukleusnya ditunjukkan pada **Tabel 5.7**.

Tabel 5.7 Contoh Kelima Jenis WBC dan Hasil Segmentasi Nukleusnya.

Jenis	Citra Asli	Segmentasi Nukleus
Limfosit		
Basofil		

Monosit		
Eosinofil		
Neutrofil		

BAB VI

KESIMPULAN DAN SARAN

Bab ini membahas mengenai kesimpulan yang dapat diambil dari hasil uji coba yang telah dilakukan sebagai jawaban dari rumusan masalah. Selain itu juga terdapat saran yang ditujukan untuk pengembangan penelitian lebih lanjut.

6.1 Kesimpulan

Kesimpulan yang diperoleh dari uji coba dan evaluasi adalah sebagai berikut:

1. Metode SMMT berhasil digunakan untuk memperbaiki kualitas citra dan meningkatkan akurasi klasifikasi sebesar 5,11% dengan parameter skala 0,5 dan lebar elemen penyusun 14.
2. Metode *Level Set* dan *Watershed* berhasil digunakan untuk segmentasi nukleus dan sitoplasma dengan rata-rata akurasi, *sensitivity* dan *specificity* masing-masing sebesar 87,78%, 71,94%, dan 88,64% dengan parameter threshold segmentasi nukleus 130 dan delta 10 serta parameter lambda, alfa, epsilon, dan sigma DRLSE seluruhnya 1.
3. Metode *Decision Tree* dapat digunakan untuk klasifikasi sel darah putih dan memberikan hasil yang optimal dengan level *pruning* 0 (tanpa *pruning*), 6, dan 7 yang menghasilkan akurasi sebesar 87,78%.

6.2 Saran

Saran yang dapat diberikan dalam metode segmentasi dan klasifikasi sel darah putih adalah sebagai berikut:

1. Memperbaiki *preprocessing* untuk menyeragamkan komposisi warna pada citra sel darah putih agar tidak memberikan bias pada ekstraksi fitur khususnya nilai *hue*.
2. Menggunakan metode klasifikasi lain untuk memperbaiki deteksi nukleus dan sitoplasma khususnya untuk jenis sel

darah putih basofil, dimana *level set* tidak dapat membedakan nukleus dan sitoplasma pada sel darah putih.

3. Menggunakan metode segmentasi sitoplasma selain *watershed* karena mengabaikan sebagian piksel dari sitoplasma yang semestinya.
4. Menyeimbangkan jumlah data *training* maupun *testing* 5 jenis sel darah putih.
5. Menggunakan metode segmentasi yang dapat digunakan untuk segmentasi berbagai jenis *staining*.
6. Menggunakan metode segmentasi yang dapat digunakan untuk segmentasi berbagai jenis sel darah putih.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] F. T. Fischbach and M. B. Dunning, *A Manual of Laboratory and Diagnostic Tests*. Lippincott Williams & Wilkins, 2009.
- [2] L. B. Dorini, R. Minetto, and N. J. Leite, "Semiautomatic White Blood Cell Segmentation Based on Multiscale Analysis," *IEEE J. Biomed. Health Inform.*, vol. 17, no. 1, pp. 250–256, Jan. 2013.
- [3] N. Theera-Umpon and S. Dhompongsa, "Morphological Granulometric Features of Nucleus in Automatic Bone Marrow White Blood Cell Classification," *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.*, vol. 11, no. 3, pp. 353–359, May 2007.
- [4] W. Shitong and W. Min, "A new detection algorithm (NDA) based on fuzzy cellular neural networks for white blood cell detection," *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.*, vol. 10, no. 1, pp. 5–10, Jan. 2006.
- [5] K. Jiang, Q.-M. Liao, and S.-Y. Dai, "A novel white blood cell segmentation scheme using scale-space filtering and watershed clustering," in *Proceedings of the 2003 International Conference on Machine Learning and Cybernetics (IEEE Cat. No.03EX693)*, 2003, vol. 5, p. 2820–2825 Vol.5.
- [6] A. Maton and P.-H. inc, *Human biology and health*. Prentice Hall, 1997.
- [7] B. J. Bain, "4 - Preparation and Staining Methods for Blood and Bone Marrow Films," in *Dacie and Lewis Practical Haematology (Twelfth Edition)*, Elsevier, 2017, pp. 50–60.
- [8] "Glossary - Mathematical Morphology." [Online]. Available: <http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/HIPR2/matmorph.htm>. [Accessed: 15-Dec-2016].
- [9] "Table 22-1, Blood Cells - Molecular Biology of the Cell - NCBI Bookshelf." [Online]. Available: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK26919/table/A4143/>. [Accessed: 17-Jan-2018].
- [10] "Eroding and Dilating — OpenCV 2.4.13.1 documentation." [Online]. Available:


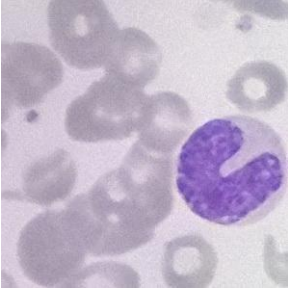
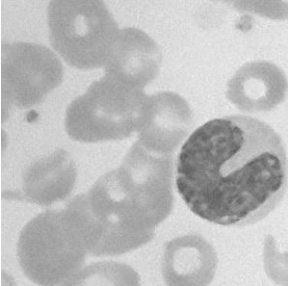
- http://docs.opencv.org/2.4/doc/tutorials/imgproc/erosion_dilatation/erosion_dilatation.html. [Accessed: 14-Dec-2016].
- [11]“Morphological Dilation and Erosion - MATLAB & Simulink.” [Online]. Available: <https://www.mathworks.com/help/images/morphological-dilation-and-erosion.html>. [Accessed: 14-Dec-2016].
- [12]“Morphology - Opening.” [Online]. Available: <http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/HIPR2/open.htm>. [Accessed: 15-Dec-2016].
- [13]“Morphology - Closing.” [Online]. Available: <http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/HIPR2/close.htm>. [Accessed: 15-Dec-2016].
- [14]“Top-Hat and Bottom-Hat Filters.” [Online]. Available: http://utam.gg.utah.edu/tomo03/03_mid/HTML/node120.html. [Accessed: 19-Dec-2016].
- [15]D. Wahyudi, A. Z. Arifin, and R. Soelaiman, “Cortical Bone Segmentation On Dental Panoramic Radiograph Using Watershed And Active Contour GGVF Snake.”
- [16]J. B. T. M. Roerdink and A. Meijster, “The Watershed Transform: Definitions, Algorithms and Parallelization Strategies.” [Online]. Available: <http://www.cs.rug.nl/roe/publications/parwshed.pdf>. [Accessed: 19-Dec-2016].
- [17]P. T. Jackway and M. Deriche, “Scale-space properties of the multiscale morphological dilation-erosion,” *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 18, no. 1, pp. 38–51, Jan. 1996.
- [18]“Level Set Methods: An initial value formulation.” [Online]. Available: https://math.berkeley.edu/~sethian/2006/Explanations/level_set_explain.html. [Accessed: 15-Dec-2016].
- [19]R. Malladi and J. A. Sethian, “Level set and fast marching methods in image processing and computer vision,” in *Proceedings of 3rd IEEE International Conference on Image Processing*, 1996, vol. 1, pp. 489–492 vol.1.

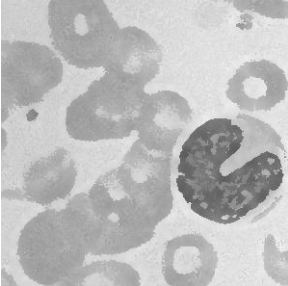
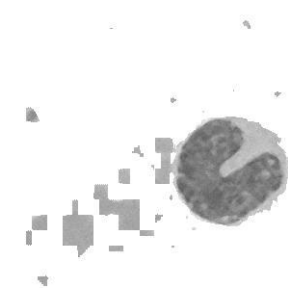
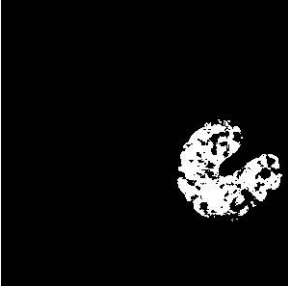
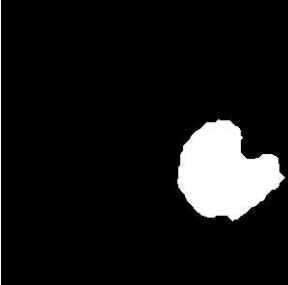
- [20] C. Li, C. Xu, C. Gui, and M. D. Fox, “Distance Regularized Level Set Evolution and Its Application to Image Segmentation,” *IEEE Trans. Image Process.*, vol. 19, no. 12, pp. 3243–3254, Dec. 2010.
- [21] S. Tantikitti, S. Tumswadi, and W. Premchaiswadi, “Image processing for detection of dengue virus based on WBC classification and decision tree,” in *2015 13th International Conference on ICT and Knowledge Engineering (ICT Knowledge Engineering 2015)*, 2015, pp. 84–89.
- [22] W. L. Tai, R. M. Hu, H. C. W. Hsiao, R. M. Chen, and J. J. P. Tsai, “Blood Cell Image Classification Based on Hierarchical SVM,” in *2011 IEEE International Symposium on Multimedia*, 2011, pp. 129–136.

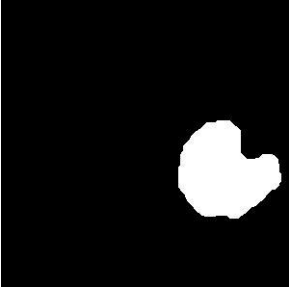
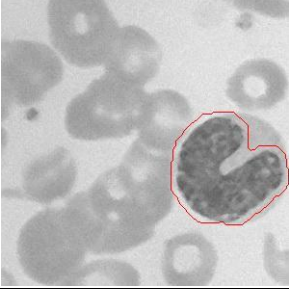
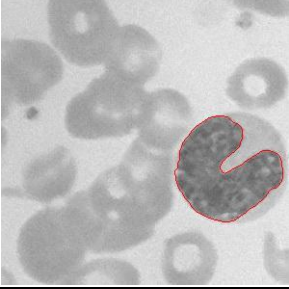
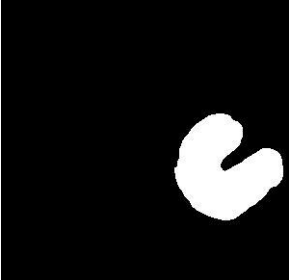
[Halaman ini sengaja dikosongkan]

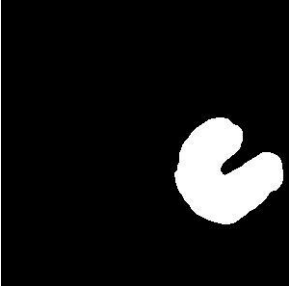
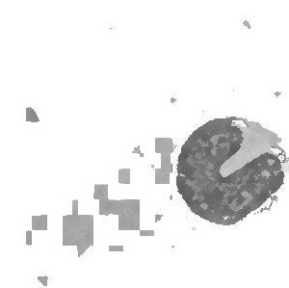
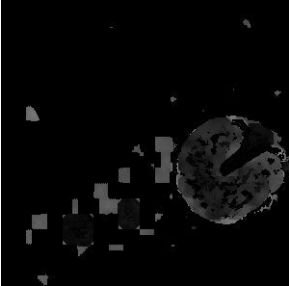

LAMPIRAN


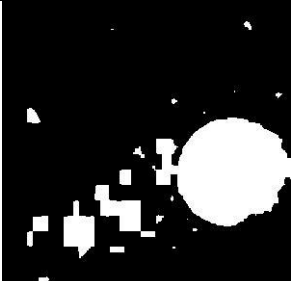
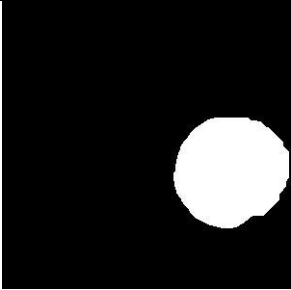
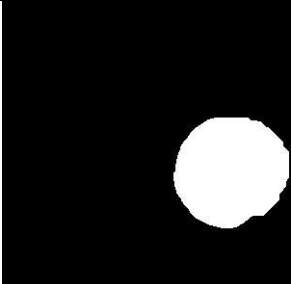
A. Contoh Hasil Pengolahan Tiap Proses

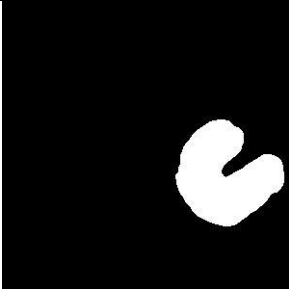
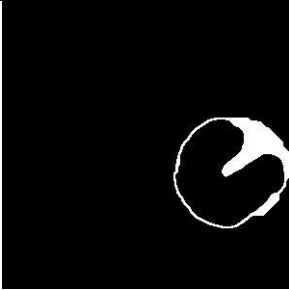
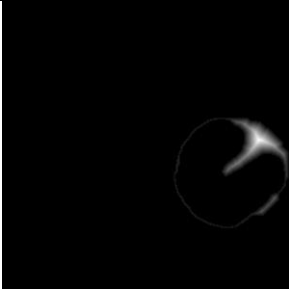
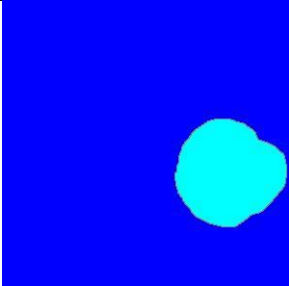
No.	Nama Proses	Contoh Hasil Proses
1	Citra Masukan	
2	Pengaturan Kecerahan Citra	
3	Konversi <i>Grayscale</i>	

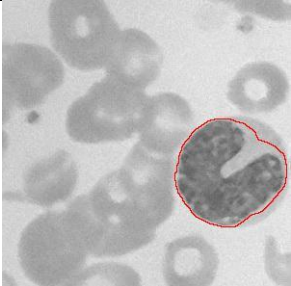



4	SMMT	
5	Menghilangkan Citra Keabuan Keabuan	
6	(Nukleus) Konversi Biner	
7	(Nukleus) <i>Area Closing</i>	




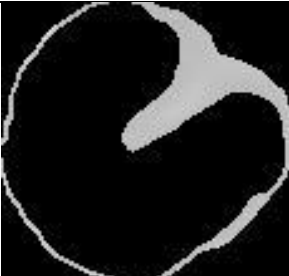
8	(Nukleus) <i>Area Opening</i>	
9	(Nukleus) DRLSE Awal	
10	(Nukleus) DRLSE Akhir	
11	(Nukleus) DRLSE Biner	

12	(Nukleus) <i>DRLSE Area Opening</i>	
13	(Sitoplasma) SMMT	
14	(Sitoplasma) <i>Bottom Hat</i>	
15	(Sitoplasma) Konversi Biner	

16	(Sitoplasma) <i>Area Closing</i>	 A binary image showing a white circular region on a black background. The region has a small dark spot inside it, which is being filled in by the area closing operation.
17	(Sitoplasma) <i>Flood Fill</i>	 A binary image showing a white circular region on a black background. The region is completely filled with white, representing the result of a flood fill operation.
18	(Sitoplasma) <i>Area Opening</i>	 A binary image showing a white circular region on a black background. The region is completely white, representing the result of an area opening operation.
19	Hasil Segmentasi Sitoplasma	 A binary image showing a white circular region on a black background. The region is completely white, representing the final segmentation result of the cytoplasm.

20	Hasil Segmentasi Nukleus	 A binary image showing a single, bright, irregularly shaped nucleus against a black background.
21	Superimpose	 A binary image showing the nucleus from row 20 superimposed on a white circular boundary against a black background.
22	<i>Distance Transform</i>	 A grayscale image showing the distance transform of the nucleus, with the brightest area at the center of the nucleus and fading to black at the boundary.
23	<i>Watershed Transform</i>	 A color image showing the watershed transform of the nucleus, with the nucleus area in red and the background in blue.

24	Hasil Segmentasi Sel	 A grayscale microscopic image of a blood smear. Numerous red blood cells are visible. One white blood cell is highlighted with a red circle, showing its characteristic multi-lobed nucleus.
25	WBC yang terdeteksi	 A binary (black and white) image of a white blood cell. The cell is centered against a solid black background, showing its segmented nucleus and surrounding cytoplasm.
26	<i>Cropping</i>	 A close-up binary image of a white blood cell. The cell is larger and more detailed than in the previous image, showing the texture of its segmented nucleus and the surrounding cytoplasm.
27	Nukleus	 A binary image of the nucleus of a white blood cell. The nucleus is the central focus, showing its characteristic multi-lobed shape and granular texture.

28	Sitoplasma	
29	Keliling Nukleus	
30	Konversi HSV pada Sitoplasma	
31	<i>Hue</i> pada Sitoplasma	

B. Tabel Hasil Klasifikasi *Data Testing*

No. Gambar	No. Sel	Ground Truth	Hasil Prediksi
1	1	Limfosit	Limfosit
2	2	Limfosit	Limfosit
3	3	Limfosit	Limfosit
4	4	Limfosit	Limfosit
5	5	Limfosit	Limfosit
6	6	Basofil	Basofil
7	7	Basofil	Basofil
8	8	Basofil	Basofil
9	9	Basofil	Neutrofil
10	10	Basofil	Basofil
11	11	Basofil	Basofil
12	12	Monosit	Neutrofil
13	13	Monosit	Neutrofil
14	14	Monosit	Basofil
15	15	Monosit	Monosit
16	16	Eosinofil	Monosit
17	17	Eosinofil	Eosinofil
18	18	Eosinofil	Neutrofil
19	19	Eosinofil	Neutrofil
20	20	Neutrofil	Neutrofil
21	21	Neutrofil	Neutrofil
22	22	Neutrofil	Neutrofil

23	23	Neutrofil	Neutrofil
24	24	Neutrofil	Neutrofil
25	25	Neutrofil	Neutrofil
26	26	Neutrofil	Neutrofil
27	27	Neutrofil	Neutrofil
28	28	Neutrofil	Eosinofil
29	29	Neutrofil	Neutrofil
30	30	Neutrofil	Neutrofil

C. Lembar Pengesahan

LEMBAR PENGESAHAN

**SEGMENTASI DAN KLASIFIKASI CITRA SEL
DARAH PUTIH MENGGUNAKAN METODE
PRE-PROCESSING SELF-DUAL MULTISCALE
MORPHOLOGICAL TOGGLE**

TUGAS AKHIR

Diajukan Untuk Memenuhi Salah Satu Syarat
Memperoleh Gelar Sarjana Komputer
pada
Rumpun Mata Kuliah Komputasi Cerdas dan Visi
Program Studi S-1 Departemen Informatika
Fakultas Teknologi Informasi dan Komunikasi
Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh:
MUHAMMAD HILMAN FAIZ
NRP: 5113 100 129

Disetujui oleh Dosen Pembimbing Tugas Akhir:

Handayani Tjandrasa, M.S., M.Pd.
4908231976032001

Christine Fatchah, S.Kom., M.Ts.
07512202001122002



(Pembimbing 1)

(Pembimbing 2)

SURABAYA
Januari, 2018

v

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BIODATA PENULIS



Muhammad Hilman Faiz, lahir di Jakarta pada tanggal 16 April 1996. Lulusan SMAN 15 Surabaya pada tahun 2013 dan sedang menempuh pendidikan sarjana di Informatika Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya tahun angkatan 2013. Pernah terlibat dalam organisasi kemahasiswaan diantaranya Himpunan Mahasiswa Teknik Computer-Informatika (HMTC) dan Staff Bidang Dana dan Usaha SCHEMATICS 2015.

Dalam menyelesaikan pendidikan sarjana, penulis mengambil bidang minat Komputasi Cerdas dan Visi (KCV) dan memiliki ketertarikan di bidang komputer visi dan komputasi biomedik. Penulis dapat dihubungi melalui alamat *e-mail*: hilmanfaiz96@gmail.com.