



TESIS - KI142502

**HIBRIDISASI METODE *FUZZY LOCAL INFORMATION C-MEANS* DAN *RADIATING GRADIENT VECTOR FLOW SNAKE* UNTUK SEGMENTASI CITRA SMEAR SERVIKS**

Fitrah Maharani Humaira  
NRP. 5114201057

DOSEN PEMBIMBING  
Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom

PROGRAM MAGISTER  
BIDANG KEAHLIAN KOMPUTASI CERDAS DAN VISUALISASI  
JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA  
FAKULTAS TEKNOLOGI INFORMASI  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2016





THESIS - KI142502  
**HYBRID METHOD FUZZY LOCAL INFORMATION  
C-MEANS AND RADIATING GRADIENT VECTOR  
FLOW SNAKE FOR CERVICAL SMEAR IMAGES  
SEGMENTATION**

Fitrah Maharani Humaira  
NRP. 5114201057

SUPERVISOR  
Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom

MASTER PROGRAM  
THE EXPERTISE FIELD OF INTELLIGENT COMPUTING AND VISUALIZATION  
INFORMATICS ENGINEERING  
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY  
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER  
SURABAYA  
2016



Tesis disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar  
Magister Komputer (M.Kom.)  
di  
Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

oleh:  
FITRAH MAHARANI HUMAIRA  
Nrp. 5114201057

Dengan judul :  
HIBRIDISASI METODE FUZZY LOCAL INFORMATION C-MEANS DAN  
RADIATING GRADIENT VECTOR FLOW SNAKE UNTUK SEGMENTASI CITRA  
SMEAR SERVIKS

Tanggal Ujian : 28-6-2016  
Periode Wisuda : 2015 Genap

Disetujui oleh:

Dr. Eng. Chastine Fatchah, S.Kom, M.Kom  
NIP. 197512202001122002

  
(Pembimbing 1)

Dr. Agus Zainal Arifin, S.Kom, M.Kom  
NIP. 197208091995121001

  
(Penguji 1)

Bilqis Amaliah, S.Kom, M.Kom  
NIP. 197509172001122002

  
(Penguji 2)

Arya Yudhi Wijaya, S.Kom, M.Kom  
NIP. 198409042010121002

  
(Penguji 3)



Direktur Program Pasca Sarjana,

  
Prof. Dr. Djauhar Manfaat, M.Sc., Ph.D.  
NIP. 196012021987011001



# **Hibridisasi Metode *Fuzzy Local Information C-Means* dan *Radiating Gradient Vector Flow Snake* untuk Segmentasi Citra Smear Serviks**

Nama Mahasiswa : Fitrah Maharani Humaira  
NRP : 5114201057  
Pembimbing : Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom

## **ABSTRAK**

Kanker serviks disebabkan oleh virus HPV (*Human Papilloma Virus*). *Papanicolaou smear* merupakan pemeriksaan secara mikroskopik dari jaringan serviks uteri yang dapat mendeteksi sel-sel kanker. Segmentasi sel ke dalam nukleus dan sitoplasma adalah tugas yang menantang karena citra uji pap smear biasanya memiliki masalah pewarnaan tidak konsisten, kontras yang buruk, dan sel-sel yang tumpang tindih. Segmentasi terutama berfokus pada pemisahan sel dari latar belakang serta pemisahan inti dari sitoplasma dalam area sel. Deteksi batas sitoplasma sangat penting karena fitur sitoplasma sangat berguna untuk identifikasi sel-sel abnormal dan sel-sel normal. Pada tesis ini diusulkan metode segmentasi citra smear serviks menggunakan FLICM sebagai segmentasi awalnya dan RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma.

Setiap sel tunggal citra smear serviks yang berupa RGB dikonversi ke ruang warna CIELAB dan dimensi  $L^*$  dinormalkan untuk membentuk citra *grayscale*. Diusulkan algoritma clustering *Fuzzy Local Information C-Means* (FLICM) untuk segmentasi awal dan mengekstraksi kontur awal dari nukleus dan sitoplasma. Kontur awal ini digunakan untuk inisialisasi RGVF *snake* yang diusulkan. Kemudian dengan RGVF *snake* didapatkan batas akurat dari nukleus dan sitoplasma.

Untuk mengevaluasi performa metode yang diusulkan, digunakan *dataset* Herlev yang terdiri dari 917 sampel dan tersebar pada tujuh kelas berbeda. Kombinasi kedua metode mampu mensegmentasi citra smear serviks lebih akurat terutama area sitoplasma yang biasanya dianggap sebagai *background*. Hal ini dibuktikan oleh performa dari uji coba dilakukan. Performa metode yang diusulkan dibandingkan dengan *groundtruth* segmentasi manual menggunakan *Zijdenbos similarity index* (ZSI) dan akurasi. Nilai rata-rata ZSI pada semua uji coba menunjukkan hasil lebih dari 70% sehingga dapat disimpulkan terdapat similaritas yang tinggi antara citra *groundtruth* dengan citra hasil segmentasi. Nilai rata-rata akurasi pada semua kelas menunjukkan hasil sekitar 70% sampai dengan 90% sehingga dapat dikatakan hasil segmentasi sudah cukup baik. Dengan meningkatnya performa akurasi diharapkan dapat digunakan untuk membedakan sel normal dan abnormal serta identifikasi kanker serviks secara otomatis.

**Kata kunci:** segmentasi citra, citra smear serviks, *Radiating Gradient Vector Flow* (RGVF) *snake*, *Fuzzy Local Information C-Means* (FLICM)

# **Hybrid Method Fuzzy Local Information C-Means and Radiating Gradient Vector Flow Snake for Cervical Smear Images Segmentation**

Student Name : Fitrah Maharani Humaira  
NRP : 5114201057  
Supervisor : Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom

## **ABSTRACT**

Cervical cancer is caused by HPV (Human Papilloma Virus). Papanicolaou smear is a microscopic examination of cervical tissue which can detect cancer cells. Cell segmentation into the nucleus and cytoplasm is a challenging task for a pap smear test, the images typically have inconsistent coloring problems, poor contrast, and touching cell. Cell segmentation is the separation cells segmented into nucleus and cytoplasm area. Boundary detection of cell is very important because the cell feature is very useful for the identification of abnormal cells and normal cells. We propose cervical smear image segmentation method using FLICM (Fuzzy C-Means Local Information) as initial segmentation and RGVF (Radiating Gradient Vector Flow) snake to get nucleus and cytoplasm contour.

Every single cell of cervical smear image is converted from RGB to CIELAB color space and dimensional  $L^*$  normalized to a grayscale image. In this research propose Fuzzy Local Information C-Means (FLICM) for initial segmentation and extracting the initial contours of the nucleus and cytoplasm. This initial contour is used to initialize the RGVF snake. Then RGVF snake obtain the accurate boundary of the nucleus and cytoplasm.

To evaluate the performance of the proposed method, we use Herlev dataset consisting of 917 samples and spread in seven different classes. Combination of both methods can segment the image of cervical smear cell accurately, especially the cytoplasm areas. This is evidenced by the performance of the conducted trials. The performance of the proposed method compared with manual segmentation using groundtruth Zijdenbos similarity index (ZSI) and accuracy. The average value of ZSI in all trials showed the results of more than 70% so that it can be concluded that there is a high similarity between the Groundtruth with the image segmentation results. The average value of accuracy in all class showed a yield of about 70% to 90% so that it can be said the segmentation results are good enough. This method can increase the performance of distinguish between normal and abnormal cells and also identify the cervical cancer automatically.

**Keywords:** image segmentation, cervical smear images, Fuzzy Local Information C-Means (FLICM), Radiating Gradient Vector Flow (RGVF) snake

## KATA PENGANTAR

Alhamdulillah segala puji bagi Allah SWT. Penulis bersyukur atas rahmat dan pertolongan-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan Tesis ini. Tesis ini disusun untuk memenuhi salah satu persyaratan menyelesaikan studi di Program Magister di Jurusan Teknik Informatika, Fakultas Teknologi Informasi (FTIf), Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS) Surabaya.

Pada Kesempatan ini penulis ingin mengucapkan banyak terimakasih kepada :

1. Hj. Chusna Hidayati, S.Pd, MM selaku ibu kandung penulis dan Ir. H. Teger Basuki, MP selaku ayah kandung penulis yang selalu mendoakan serta tidak lelah memberikan dorongan semangat.
2. Kakak Citra Resmi Maria, SP beserta suami Hendarin Endriyan Dinata, Amd dan adik tercinta Syarifa Ramadhani Nurbaya, STP dan seluruh anggota keluarga yang selalu berdoa dan memberikan dukungan.
3. Ibu Dr. Eng. Chastine F., S.Kom, M.Kom selaku dosen pembimbing yang telah bersedia meluangkan waktu, membimbing dengan penuh kesabaran, serta memberikan saran dan kritik sehingga tesis ini dapat diselesaikan.
4. Tim Penguji Tesis, Bapak Dr. Agus Zainal Arifin, S.Kom., M.Kom., Ibu Bilqis Amaliah, S.Kom, M.Kom, dan Bapak Arya Yudhi Wijaya, S.Kom, M.kom atas segala masukan dan kritik yang membangun untuk Tesis ini.
5. Bapak Waskitho Wibisono, S.Kom, M.Eng, Ph.D selaku Ketua Program Studi Pascasarjana Informatika ITS, yang telah memberikan nasihat selama penulis menempuh pendidikan S2.
6. Bapak Dr. Darlis Herumurti, S.Kom, M.Kom selaku Ketua Jurusan Teknik Informatika ITS dan dosen wali penulis.
7. Segenap dosen Teknik Informatika ITS yang telah memberikan motivasi dan inspirasi pada saat proses belajar mengajar.
8. Teman seperjuangan, Mas Benny, Bang Ate, Pak Saiful, Supria, Mbak Rizqa, Mas Tri, Tegar, Mas Nur, Mbak Nita, Desmin, Mbak Siska, Mbak Shinta dan teman seangkatan lainnya yang tidak bisa disebutkan satu

persatu di sini, terima kasih atas bantuan, motivasi, kerja sama yang solid, maaf karena selalu merepotkan.

9. Rekan calon dosen Poltera yang sedang tugas belajar di ITS Mbak Ike, Mas Nur, dan Mbak Anna yang telah memberikan motivasi serta dukungan.
10. Mbak Lina dan staf administrasi lainnya atas bantuan informasi dan administrasi yang berkaitan dengan perkuliahan dan Tesis selama menempuh pendidikan S2.
11. Mas Kunto atas atas bantuan saat pengerjaan tesis di laboratorium Pascasarjana.
12. Teman-teman lain yang tidak bisa disebutkan satu-persatu atas dukungan doa serta kesediaanya untuk mendengarkan dan memberikan masukan kepada penulis.

Dengan segala keterbatasan, penulis menyadari bahwa tesis ini masih jauh dari kesempurnaan, oleh karena itu penulis mengharapkan saran atau kritik yang membangun dari para pembaca.

Akhir kata, penulis berharap semoga penelitian ini memberikan manfaat bagi berbagai pihak terutama bagi pengembangan ilmu pengetahuan dan teknologi di bidang Komputasi Cerdas dan Visualisasi

Surabaya, Juni 2016

Fitrah Maharani Humaira

## DAFTAR ISI

ABSTRAK.....	v
ABSTRACT.....	vii
KATA PENGANTAR .....	ix
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR GAMBAR .....	xv
DAFTAR TABEL.....	xvii
BAB 1 PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Perumusan Masalah.....	4
1.3 Tujuan dan Manfaat.....	4
1.4 Batasan Masalah.....	5
1.5 Kontribusi Penelitian.....	5
1.6 Sistematika Penulisan.....	5
BAB 2 DASAR TEORI.....	7
2.1 Kanker Serviks .....	7
2.2 Segmentasi Citra.....	8
2.3 <i>Clustering</i> .....	9
2.4 <i>Fuzzy C-Means (FCM)</i> .....	9
2.5 Fuzzy Local Information C-Means (FLICM).....	10
2.6 Metode Radiating Gradient Vector Flow (RGVF) Snake .....	12
2.7 Ruang Warna .....	13
2.7.1 Ruang Warna RGB.....	13
2.7.2 Ruang Warna CIE L*a*b* .....	14
BAB 3 METODE PENELITIAN .....	17
3.1 Tahapan Penelitian .....	17
3.1.1 Studi Literatur.....	17
3.1.2 Analisis Masalah dan Perancangan Metode .....	17
3.1.3 Implementasi Metode .....	18
3.1.4 Pengujian Metode dan Analisis Hasil Pengujian.....	18

3.1.5	Dokumentasi .....	18
3.2	<i>Dataset</i> Citra Smear Serviks .....	18
3.3	Rancangan Metode.....	19
3.3.1	Normalisasi CIELAB kanal L* .....	19
3.3.2	Segmentasi awal dengan FLICM .....	22
3.3.3	Segmentasi dengan RGVF <i>snake</i> .....	26
3.3.3.1.	Ekstraksi inisial kontur.....	26
3.3.3.2.	Pelabelan bobot intensitas <i>centroid</i> .....	27
3.3.3.3.	Perhitungan <i>Radiating Edge map</i> .....	27
3.3.3.4.	Deformasi GVF <i>snake</i> .....	28
3.4	Skenario Uji Coba.....	28
3.4.1	Uji coba untuk mengetahui hasil segmentasi tanpa dan dengan <i>median filtering</i> .....	28
3.4.2	Uji coba penggunaan segmentasi awal FLICM dibandingkan dengan penggunaan segmentasi awal dengan FCM konvensional.....	29
3.4.3	Uji coba penggunaan segmentasi awal FCM konvensional dengan tahapan filtering dibandingkan dengan FLICM tanpa melalui tahapan filtering.....	29
3.5	Evaluasi Hasil Segmentasi .....	29
BAB 4	UJI COBA DAN ANALISIS HASIL .....	31
4.1.	Lingkungan Uji Coba.....	31
4.2.	Data Uji Coba.....	31
4.3.	Hasil Uji Coba.....	32
4.3.1.	Hasil uji coba untuk mengetahui hasil segmentasi tanpa dan dengan <i>median filtering</i> .....	32
4.3.2.	Hasil uji coba penggunaan segmentasi awal FLICM dibandingkan dengan penggunaan segmentasi awal dengan FCM konvensional melalui tahapan <i>filtering</i> .....	36
4.3.3.	Hasil uji coba penggunaan segmentasi awal FCM konvensional dengan tahapan filtering dibandingkan dengan FLICM tanpa melalui tahapan filtering.....	37
4.4.	Analisis Hasil Uji Coba.....	41

BAB 5	PENUTUP .....	47
5.1	Kesimpulan.....	47
5.2	Saran.....	48
	DAFTAR PUSTAKA .....	49
	LAMPIRAN.....	51
	BIODATA PENULIS .....	61

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

## DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Perbandingan antara inti sel yang terserang kanker (kiri) dan inti sel normal (kanan) (Malm dkk., 2013).....	8
Gambar 2.2 Representasi ruang warna RGB. ....	14
Gambar 2.3 Diagram kromatisitas CIE.....	15
Gambar 3.1 Tahapan penelitian. ....	17
Gambar 3.2 Contoh sel serviks pada <i>dataset</i> Herlev <i>pap smear</i> . ....	19
Gambar 3.3 Rancangan metode yang diusulkan.....	20
Gambar 3.4 Perbandingan hasil konversi CIELAb dan <i>grayscale</i> . ....	21
Gambar 3.5 Konversi warna RGB ke ruang warna CIELAB (a) kanal L* (b) kanal a* (c) kanal b*. ....	22
Gambar 3.6 Normalisasi CIELAB kanal L*.....	22
Gambar 3.7 Diagram alir segmentasi awal dengan FLICM. ....	25
Gambar 3.8 Diagram alir proses segmentasi dengan RGVF <i>snake</i> . ....	26
Gambar 4.1 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba pertama .....	33
Gambar 4.2 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba kedua. 36	
Gambar 4.3 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba ketiga.39	
Gambar 4.4 Contoh citra smear serviks pada kelas <i>normal superficiel</i> .....	42

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

## DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Parameter segmentasi dengan RGVF <i>snake</i> .....	28
Tabel 3.2 <i>Confusion Matrix</i> .....	29
Tabel 4.1 Distribusi <i>dataset</i> Herlev .....	32
Tabel 4.2 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan FLICM- RGVF <i>snake</i> melalui dan tanpa melalui tahapan <i>median filtering</i> .....	34
Tabel 4.3 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan FLICM dan RGVF- <i>snake</i> melalui dan tanpa melalui tahapan <i>median filtering</i> .....	34
Tabel 4.4 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dan FLICM dengan RGVF <i>snake</i> melalui tahapan <i>filtering</i> .....	38
Tabel 4.5 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dan FLICM melalui tahapan <i>filtering</i> .....	38
Tabel 4.6 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dengan tahapan <i>filtering</i> dan FLICM tanpa <i>filtering</i> .....	40
Tabel 4.7 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dengan tahapan <i>filtering</i> dan FLICM tanpa <i>filtering</i> .....	41
Tabel 4.8 Rata-rata ZSI dari semua kelas citra smear serviks .....	45
Tabel 4.9 Rata-rata akurasi dari semua kelas citra smear serviks.....	45

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

# **BAB 1**

## **PENDAHULUAN**

### **1.1 Latar Belakang**

Kanker serviks disebabkan oleh virus HPV (*Human Papilloma Virus*). Virus ini memiliki lebih dari 100 tipe, di mana sebagian besar di antaranya tidak berbahaya dan akan lenyap dengan sendirinya. Jenis virus HPV yang menyebabkan kanker serviks dan paling fatal adalah virus HPV tipe 16 dan 18 (Nurwijaya, 2010). Selain disebabkan oleh virus HPV, sel-sel abnormal pada leher rahim juga bisa tumbuh akibat paparan radiasi atau pencemaran bahan kimia yang terjadi dalam jangka waktu cukup lama.

*Papanicolaou smear* merupakan pemeriksaan secara mikroskopik dari jaringan serviks uteri yang dapat mendeteksi sel-sel kanker. Kombinasi pap smear dan kolposkopi (peneropongan vagina) merupakan sarana diagnosis dalam mendeteksi kanker leher rahim secara dini. Kanker ini mulai ditemukan sejak usia 25-34 tahun, puncaknya pada usia 45-54 tahun (zoemanzie.blogspot.co.id). Tujuan dari metode *papanicolaou smear* adalah untuk mendiagnosis perubahan sel prakanker sebelum berkembang menjadi *carcinoma invasive* (Marinakis dkk, 2009). Analisis pap smear secara manual memakan waktu yang banyak dan rawan kesalahan serta kurangnya tenaga ahli bidang patologi. Oleh karena itu diperlukan sistem otomatis yang bermanfaat untuk pencegahan kanker serviks.

Segmentasi sel untuk mendapatkan area nukleus dan sitoplasma adalah tugas yang menantang karena citra uji pap smear biasanya memiliki masalah pewarnaan tidak konsisten, kontras yang buruk, dan sel-sel yang tumpang tindih. Fokus utama segmentasi adalah pada pemisahan sel dari latar belakang serta pemisahan inti dari sitoplasma dalam wilayah sel. Deteksi batas sitoplasma sangat penting karena fitur sitoplasma sangat berguna untuk identifikasi sel-sel abnormal dan sel-sel normal (Mbagha, 2013). *Thresholding* otomatis, operasi morfologi, dan model kontur aktif menjadi metode yang paling populer digunakan untuk segmentasi dalam beberapa literatur (Genctav dkk, 2012). Berbagai penelitian

telah diajukan untuk segmentasi citra smear serviks. Segmentasi citra dibagi menjadi 4 kategori: *thresholding*, *clustering*, *edge detection*, dan *region extraction*.

Chankong (2014) menggunakan metode FCM untuk segmentasi sel kanker serviks. Algoritma *Fuzzy-C-Means* (FCM) merupakan salah satu metode yang cocok digunakan dalam proses segmentasi citra. Algoritma clustering ini paling populer digunakan dalam segmentasi citra karena memiliki karakteristik yang kuat untuk menangani ambiguitas dan dapat menyimpan informasi lebih banyak daripada metode *hard segmentation*. Algoritma FCM membagi citra dengan mengelompokkan data titik-titik yang mirip pada fitur spasial ke dalam kluster-kluster. Akan tetapi algoritma ini memiliki kelemahan sensitifitas pada *noise* karena tidak mempertimbangkan informasi lokal dalam konteks spasial sehingga hasil pengklusterannya kurang akurat (Wulansari dkk., 2013).

Algoritma baru telah diajukan untuk perbaikan metode FCM yang diberi nama FLICM (*fuzzy local information C-Means*) (Krinidis dkk, 2010). Algoritma FLICM menggabungkan informasi lokal spasial dan informasi *gray level* dengan metode *Fuzzy C-Means*. FLICM dapat mengatasi kekurangan dari algoritma *Fuzzy-C-Means* dan pada saat yang sama meningkatkan kinerja clustering. FLICM memiliki beberapa karakteristik yang menarik yaitu : 1) relatif bebas dari berbagai tipe *noise* dan sebagai konsekuensinya, metode ini merupakan pilihan yang lebih baik untuk klusterisasi; 2) Batasan lokal fuzzy menggabungkan secara simultan baik lokal spasial dan hubungan lokal tingkat keabuan dengan cara fuzzy; 3) Batasan lokal fuzzy secara otomatis dapat ditentukan, sehingga tidak dibutuhkan penentuan berbagai parameter; 4) Keseimbangan antara detail citra dan *noise* secara otomatis dicapai oleh batasan lokal fuzzy sehingga meningkatkan kinerja klusterisasi.

Terdapat beberapa metode segmentasi untuk mendapatkan tepi sel secara lebih *smooth*. Salah satunya adalah metode *active contour*. *Active contour* adalah metode segmentasi menggunakan model kurva tertutup yang dapat bergerak melebar ataupun menyempit. *Active contour* yang juga dikenal sebagai deformable model atau snake adalah metode yang digunakan untuk melakukan proses segmentasi dengan cara menempatkan sebuah kurva inisial di dalam sebuah citra. Kurva inisial tersebut kemudian dibiarkan berevolusi untuk

meminimalisasi energi total yang didefinisikan pada objek tersebut. Idealnya, energi pada objek akan minimal apabila kontur mempunyai bentuk regular (halus) dan berada di objek yang akan dideteksi.

Ada dua metode untuk kontur aktif yaitu *edge-based* dan *region-based*. Kontur aktif yang menggunakan *edge-based* adalah metode yang menggunakan deteksi tepi yaitu tergantung pada gradien gambar untuk menghentikan kurva berkembang di perbatasan dari objek yang diinginkan. Sedangkan *region-based* bukan mencari tepi tetapi melakukan deteksi terhadap *foreground* dan *background* dari citra. Proses yang dilakukan adalah mulai dengan *mask* awal (misalnya persegi a) direpresentasikan dalam bentuk kurva tertutup, dan secara iteratif memodifikasi *mask* yang mengakibatkan operasi menyusut atau mengembang sampai dengan objek yang diinginkan.

Metode *Gradient Vector Flow* (GVF) snake merupakan pengembangan dari metode *active contour*. Metode GVF ini *robust* pada inisialisasi snake dan mampu konvergen sampai ke batas cekung. Namun metode ini masih sensitif terhadap *noise*. Hal ini menjadi alasan mengapa GVF snake terkadang menghasilkan performa yang buruk di skenario yang kompleks (Xu dkk., 2002).

Li, dkk (2012) menggunakan spasial *k-means* untuk segmentasi awal dari suatu citra ke dalam inti sel, sitoplasma, dan *background* kemudian dilakukan perbaikan berbasis *snake* untuk batas nukleus dan sitoplasma yang dinamakan *Radiating Gradient Vector Flow* (RGVF). RGVF *snake* digunakan untuk mengestimasi secara akurat batas dari nukleus dan sitoplasma. Susanti (2015) menggunakan *Fuzzy C-Means* sebagai segmentasi awal dari metode RGVF *snake*. Dari kedua paper di atas area nukleus sudah berhasil disegmentasi sedangkan di area sitoplasma ada beberapa citra smear serviks yang belum tersegmentasi dengan baik.

Kualitas citra smear serviks sensitif terhadap gangguan selama proses akuisisi. Hal ini disebabkan oleh intensitas dan distribusi dari warna yang dipengaruhi oleh beberapa faktor misalnya pewarnaan (*staining*) dan kondisi pada saat pengambilan citra. Sangat penting untuk penghalusan (*smoothing*) area yang tidak konsisten dan menghilangkan *noise* dari citra *grayscale* yang didapatkan dari normalisasi CIELAB. Metode FLICM yang menggabungkan informasi lokal

spasial dan informasi *gray level* menjadikan metode ini *robust* dari berbagai tipe *noise* (Krinidis dkk, 2010). Namun, metode FLICM ini belum menghasilkan kontur nukleus dan sitoplasma yang halus. Pada metode RGVF *snake* perlu dilakukan ekstraksi inisial kontur dari nukleus dan sitoplasma sehingga diperlukan segmentasi awal yang membagi citra smear serviks menjadi tiga area yaitu nukleus, sitoplasma dan *background*.

Pada tesis ini diusulkan hibridisasi metode untuk segmentasi citra smear serviks menggunakan FLICM sebagai segmentasi awalnya dan RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma. Dengan menggunakan gabungan kedua metode ini diharapkan mampu mensegmentasi citra smear serviks secara lebih akurat terutama area sitoplasma sel yang biasanya dianggap sebagai *background*.

## **1.2 Perumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah dipaparkan sebelumnya beberapa permasalahan utama yang diangkat dalam penelitian ini antara lain:

1. Bagaimana melakukan segmentasi awal (*rough segmentation*) menggunakan *Fuzzy Local Information C-Means* untuk menghasilkan area nukleus, sitoplasma, dan *background* dari sel tunggal smear serviks?
2. Bagaimana melakukan segmentasi akhir menggunakan *Radiating Gradient Vektor Flow snake*?
3. Bagaimana mengevaluasi performa dari metode segmentasi FLICM dan RGVF *snake*?

## **1.3 Tujuan dan Manfaat**

Penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk integrasi metode FLICM (*Fuzzy Local Information C- Means*) dengan RGVF (*Radiating Gradient Vector Flow*) *snake* untuk melakukan segmentasi sel kanker serviks.

Manfaat penelitian ini adalah mendapatkan fitur *region* sel kanker serviks beserta nukleus dan sitoplasma yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi kanker seviks secara otomatis serta membedakan sel normal dan abnormal. Segmentasi citra smear serviks selanjutnya dapat digunakan untuk diagnosa kanker serviks.

#### 1.4 Batasan Masalah

Permasalahan segmentasi citra merupakan proses yang cukup kompleks oleh sebab itu penelitian yang dilakukan dibatasi sebagai berikut:

1. Segmentasi dilakukan pada citra smear serviks
2. Penelitian ini dibatasi pada citra smear serviks berupa *single cell*
3. Implementasi menggunakan Matlab 2012 dan 2015.

#### 1.5 Kontribusi Penelitian

Kontribusi dari penelitian ini adalah mengusulkan metode FLICM sebagai segmentasi awal untuk mendapatkan informasi spasial pada FCM yang *robust* terhadap *noise* dengan tahapan awal normalisasi CIELAB pada kanal L dan tanpa tahapan filtering sehingga diharapkan dapat meningkatkan kinerja RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma yang lebih akurat.

#### 1.6 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan tesis ini adalah:

1. **BAB I PENDAHULUAN.** Bab ini berisi pendahuluan yang menjelaskan latar belakang, perumusan masalah, tujuan, hipotesis, batasan masalah, tujuan, manfaat, kontribusi penelitian dan sistematika penulisan terkait dengan penelitian.
2. **BAB II DASAR TEORI DAN TINJAUAN PUSTAKA.** Bab ini berisi tinjauan pustaka yang mengacu pada dasar-dasar teori terkait penelitian, diantaranya tentang kanker serviks, segmentasi citra, *clustering*, *Fuzzy C-Means*, *Fuzzy Local Information C-Means*, *Radiating Gradient Vector Flow Snake*, dan ruang warna.
3. **BAB III METODOLOGI PENELITIAN.** Bab ini berisi tahapan penelitian meliputi analisis dan rancangan sistem yang dikembangkan, skenario pengujian dan analisis pengujian terhadap penelitian ini.
4. **BAB IV IMPLEMENTASI DAN PEMBAHASAN.** Bab ini berisi implementasi penelitian dan pembahasan analisis mengenai hasil implementasi penelitian
5. **BAB V PENUTUP.** Bab ini berisi kesimpulan dan saran untuk pengembangan tesis.

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

## **BAB 2**

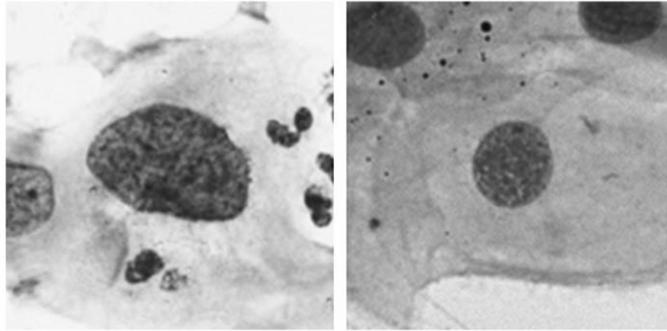
### **DASAR TEORI**

#### **2.1 Kanker Serviks**

Kanker serviks adalah kanker yang tumbuh dari sel-sel serviks, kanker serviks dapat berasal dari sel-sel di leher rahim tetapi dapat pula tumbuh dari sel-sel mulut rahim dan keduanya (Nurwijaya, 2010). Berdasarkan data World Health Organization (WHO) kanker serviks merupakan jenis kanker yang menempati peringkat kedua teratas penyebab kematian wanita di dunia. Di Indonesia, setiap tahunnya terdeteksi lebih dari 15.000 kanker serviks, sekitar 8.000 kasus di antaranya berakhir dengan kematian. Menurut WHO, Indonesia merupakan negara dengan jumlah penderita kanker serviks tertinggi di dunia.

Sel serviks yang abnormal mengalami perubahan pra kanker yang disebut sel dysplasia dan memiliki tiga fase utama. Fase pertama disebut *mildly dysplastic*, di mana nukleus menjadi lebih besar dan lebih terang dari sel normal. Fase kedua disebut *moderate dysplastic*, pada fase ini nukleus menjadi lebih besar dan lebih gelap. Fase terakhir disebut *severe dysplastic*, kedua nukleus dan sitoplasma berubah ukuran dan tekstur. Nukleus menjadi lebih besar dan lebih gelap dengan bentuk yang aneh, sedangkan sitoplasma biasanya semakin gelap dan mengecil (Jantzen dkk, 2006).

Sebagian besar kanker serviks dimulai pada lapisan sel-sel serviks. Sel-sel ini tidak secara tiba-tiba berubah menjadi kanker. Sel-sel normal serviks karena pengaruh zat karsinogen (zat yang dapat menyebabkan kanker) dapat berkembang secara bertahap menjadi sel pra-kanker dan kemudian berubah menjadi sel kanker. Dokter menggunakan beberapa istilah untuk menggambarkan perubahan pra-kanker, yaitu *cervical intraepithelial neoplasia* (CIN) atau *squamous intraepithelial lesion* (SIL), dan displasia atau neoplasia intraepitel serviks (NIS). Perubahan-perubahan ini pada awalnya tidak menimbulkan gejala tapi dapat dideteksi dengan tes pap smear (Nurwijaya, 2010). Perbedaan sel smear serviks normal dan abnormal ditunjukkan pada Gambar 2.1.



Gambar 2.1 Perbandingan antara inti sel yang terserang kanker (kiri) dan inti sel normal (kanan) (Malm dkk., 2013).

## 2.2 Segmentasi Citra

Segmentasi citra merupakan proses yang ditujukan untuk mendapatkan objek-objek yang terkandung di dalam citra atau membagi citra ke dalam beberapa daerah dengan setiap objek atau daerah memiliki kesamaan atribut (kadir dkk., 2013). Algoritma segmentasi citra umumnya didasarkan pada satu dari dua properti nilai intensitas: diskontinuitas dan similaritas. Dalam kategori pertama, pendekatannya adalah memecah/memilah citra berdasarkan perubahan kasar dalam intensitas, seperti tepi dalam citra. Pendekatan utama kategori kedua didasarkan pada pemecahan citra ke dalam region yang sama menurut sejumlah kriteria yang didefinisikan, seperti *thresholding*, *region growing*, *region splitting*, dan *merging* (Prasetyo, 2011).

Dalam perkembangan segmentasi citra, banyak metode-metode yang dikembangkan untuk meningkatkan hasil segmentasi menjadi lebih baik dan lebih akurat. Metode-metode segmentasi citra tersebut antara lain :

1. Metode *thresholding*, contohnya menggunakan metode Otsu.
2. Metode *clustering*, contohnya segmentasi menggunakan *Fuzzy C-Means* atau *K-Means*.
3. Metode transformasi, contohnya menggunakan *watershed*.
4. Metode *tekstur*, contohnya adalah segmentasi menggunakan filter *tekstur*.

Segmentasi citra otomatis untuk analisis sel umumnya merupakan masalah yang sulit karena variabilitas besar (mikroskop yang berbeda, pewarnaan (*stain*), jenis sel, kepadatan sel) dan kompleksitas data (kemungkinan citra *time-lapse*, diperoleh di beberapa panjang gelombang, menggunakan beberapa mikroskop,

dan mengandung sejumlah sel yang besar) (Meijering, 2012). Pada segmentasi sel smear serviks segmentasi terutama berfokus pada pemisahan sel dari latar belakang serta pemisahan inti dari sitoplasma dalam wilayah sel (Genctav dkk., 2012).

### 2.3 Clustering

Analisis kluster merupakan suatu analisis untuk mengelompokkan objek berdasarkan informasi deskriptif tentang objek tersebut dan relasi antar objek yang ada. Tujuan analisis kluster adalah membuat kelompok-kelompok objek sehingga objek dalam satu kelompok memiliki tingkat kemiripan tinggi dan objek antar kelompok memiliki tingkat kemiripan rendah (tingkat perbedaan tinggi). Secara umum, tipe klusterisasi dapat dibedakan menjadi dua yaitu klusterisasi secara partisi (*unnested*) dan hirarki (*nested*) (Tan, 2006).

Klustering berguna dalam beberapa analisis pola eksplorasi, pengelompokan, pengambilan keputusan, dan *machine learning*, termasuk data mining, temu kembali dokumen, segmentasi citra, dan klasifikasi pola. Metode klustering membagi satu set pengamatan  $N$  vektor menjadi  $c$  kelompok sehingga anggota kelompok yang sama lebih mirip satu sama lain daripada anggota kelompok yang lain. Secara umum metode kluster dapat dibagi menjadi: metode hirarki, teori graf, dekomposisi fungsi kepadatan, meminimumkan fungsi kriteria (Leski, 2016).

### 2.4 Fuzzy C-Means (FCM)

*Fuzzy C Means* (FCM) merupakan teknik pengklasteran dimana tiap-tiap data ditentukan oleh derajat keanggotaannya. Algoritma FCM merupakan metode klusterisasi secara iteratif yang menghasilkan  $c$  partisi dengan meminimalisasi fungsi objektif  $J_m$ . (Krinidis dkk, 2010). Pada kondisi awal pusat cluster masih belum akurat. Dengan memperbaiki pusat kluster dan nilai keanggotaan tiap-tiap data secara berulang, terlihat bahwa pusat kluster akan bergerak menuju lokasi yang tepat.

$$J_m = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^c u_{ji}^m d^2(x_i, v_j)$$

Dimana  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_N\} \subseteq \mathbb{R}^m$  adalah data set pada  $m$ - (2.1)  
dimensional *vector space*,  $N$  adalah banyaknya data item,  $c$  merupakan banyaknya  
klaster dengan  $2 \leq c < N$ ,  $u_{ji}$  derajat keanggotaan  $x_i$  pada  $j^{th}$  cluster,  $m$  adalah bobot  
eksponen setiap anggota fuzzy,  $v_j$  adalah bentuk dasar dari pusat klaster  $j$ ,  $d^2(x_i, v_j)$   
adalah jarak antara objek  $x_i$  dengan pusat cluster  $v_j$ . Solusi dari fungsi objektif  $J_m$   
bias didapatkan melalui proses iteratif, langkah-langkah *Fuzzy C Means* sebagai  
berikut:

- 1) Tentukan nilai untuk  $c$ ,  $m$ , dan  $\varepsilon$ . Nilai  $\varepsilon$  merupakan treshold
- 2) Inisialisasi matriks partisi fuzzy  $U^{(0)}$ .
- 3) Tentukan loop counter  $b = 0$
- 4) Hitung pusat klaster  $v_j^{(b)}$  dengan  $U^{(b)}$

$$v_j^{(b)} = \frac{\sum_{i=1}^N (u_{ji}^{(b)})^m x_i}{\sum_{i=1}^N (u_{ji}^{(b)})^m} \quad (2.2)$$

- 5) Hitung matriks keanggotaan  $U^{(b+1)}$

$$u_{ji}^{(b+1)} = \frac{1}{\sum_{k=1}^c \left(\frac{d_{ji}}{d_{ki}}\right)^{\frac{2}{m-1}}} \quad (2.3)$$

- 6) Jika  $\max \{U^{(b)} - U^{(b+1)}\} < \varepsilon$  maka hentikan iterasi, selainnya, atur  
 $b=b+1$  dan kembali ke step 4

## 2.5 *Fuzzy Local Information C-Means (FLICM)*

Termotivasi dari kekuatan individual dari FCM\_S1, FCM\_S2, EnFCM, dan FGFCM dan variasinya, terdapat metode novel dari FCM untuk klaster citra yang dinamakan algoritma klastering *Fuzzy Local Information C-Means (FLICM)* (Krinidis, 2010).

Maka diperkenalkan faktor *fuzzy*  $G_{ki}$  yang didefinisikan sebagai:

$$G_{ki} = \sum_{\substack{j \in N_i \\ i \neq j}} \frac{1}{d_{ij} + 1} (1 - u_{kj})^m \|x_j - v_k\|^2 \quad (2.4)$$

Dimana piksel ke- $i$  adalah pusat dari *local window* (contohnya 3x3),  $k$  adalah banyaknya klaster, dan piksel ke- $j$  termasuk dalam set ketetanggaan yang berada pada *window* yang mengelilingi piksel ke- $i$  ( $N_i$ ).  $d_{i,j}$  adalah jarak Euclidean spasial

antara piksel ke- $i$  dengan  $j$ ,  $u_{kj}$  adalah derajat keanggotaan dari piksel ke- $j$  pada kluster ke- $k$ ,  $m$  adalah komponen pembobot pada setiap keanggotaan fuzzy, dan  $v_k$  adalah prototype pusat kluster  $k$ .

Dapat dilihat bahwa faktor  $G_{ki}$  bebas dari parameter apapun yang mengontrol keseimbangan antara derau citra dan detail citra. Keseimbangan ini secara otomatis dicapai dengan definisi dari *fuzziness* dari setiap piksel citra (spasial dan level keabuan). Dengan menggunakan  $d_{ij}$ , faktor  $G_{ki}$  memberi pengaruh piksel dalam *local window*, untuk berubah secara fleksibel sesuai dengan jarak dari piksel pusat.

Algoritma FLICM sebagai berikut:

Langkah 1. Tentukan banyaknya kluster  $c$  sebagai dasar kluster, parameter fuzzifikasi  $m$  dan kondisi berhenti  $\varepsilon$

Langkah 2. Inisialisasi secara random matriks partisi fuzzy

Langkah 3. Atur *loop counter*  $b=0$

Langkah 4. Hitung prototipe kluster menggunakan persamaan:

$$v^k = \frac{\sum_{i=1}^N u_{ki}^m x_i}{\sum_{i=1}^N u_{ki}^m} \quad (2.5)$$

Langkah 5. Hitung nilai keanggotaan menggunakan persamaan:

$$u_{ki} = \frac{1}{\sum_{j=1}^c \left( \frac{\|x_i - v_k\|^2 + G_{ki}}{\|x_i - v_j\|^2 + G_{ji}} \right)^{1/(m-1)}} \quad (2.6)$$

Langkah 6.  $\text{Max} \{U^{(b)} - U^{(b+1)}\} < \varepsilon$  maka berhenti, selainnya  $b = b+1$  dan kembali ke langkah 4.

Pada saat algoritma sudah konvergen, proses defuzzifikasi dilakukan untuk mengkonversi matriks partisi fuzzy  $U$  ke partisi *crisp*. Prosedur keanggotaan maksimum adalah metode penting yang telah dikembangkan untuk defuzzifikasi matriks partisi  $U$ . Prosedur ini menetapkan piksel  $i$  ke dalam kelas  $C$  dengan keanggotaan tertinggi.

$$C_i = \arg\{\max\{U_{ki}\}\}, k = 1, 2, \dots, c. \quad (2.7)$$

Rumus ini digunakan untuk mengkonversi citra *fuzzy* yang dicapai dengan algoritma yang diusulkan untuk citra hasil segmentasi *crisp* (Krinidis, 2010).

## 2.6 Metode *Radiating Gradient Vector Flow (RGVF) Snake*

*Snake* atau *active contour* adalah kurva yang didefinisikan dalam domain citra yang bergerak karena pengaruh gaya internal dari kurva itu sendiri dan gaya eksternal yang dihitung dari data citra. Gaya internal dan eksternal dibuat sedemikian rupa sehingga *snake* akan menuju ke batas suatu objek atau fitur lain yang diinginkan. Kelemahan *snake* adalah kontur awal harus ditempatkan dekat dengan objek dan menunjukkan konvergensi yang lemah terhadap batas kecekungan objek. Sehingga dikembangkan menjadi *Gradient Vector Flow (GVF) snake* yang mengkombinasikan aliran *optic* dan gradient keabuan.

GVF  $\vec{v}(x, y) = (u(x, y), v(x, y))$  didefinisikan sebagai solusi yang menggantikan energi eksternal dengan *gradient vector flow* untuk meminimalkan fungsi energi:

$$E_{GVF} = \iint \mu(u_x^2 + u_y^2 + v_x^2 + v_y^2) + |\nabla f|^2 |\vec{v} - \nabla f|^2 dx dy \quad (2.8)$$

Pada saat menggunakan GVF, *snake* membentuk kontur nukleus seperti yang diinginkan. Area nukleus ini umumnya lebih gelap dari area sitoplasma, dan area sitoplasma umumnya lebih gelap dari *background*. Berdasarkan penjelasan tersebut, dikembangkan metode untuk menghitung *edge map* pada *radiating line*, dimulai dari centroid pada nukleus dan dilakukan pembobotan intensitas.  $I(x, y)$  adalah nilai piksel pada  $(x, y)$  dan  $(x_c, y_c)$  adalah bobot intensitas centroid. Tiap piksel  $(x_b, y_b)$  pada tepi citra dapat dibuat line  $I_{x_b, y_b}$  dari titik  $x_c, y_c$  ke  $x_b, y_b$ . Panjang dari  $I_{x_b, y_b}$  didapatkan dari:

$$len_b = \lfloor \sqrt{(x_b - x_c)^2 + (y_b - y_c)^2} \rfloor \quad (2.9)$$

Koordinat titik tidak selalu integer, sehingga nilai  $I_o(x, y)$  dihitung dengan interpolasi linear berdasarkan piksel citra. *Radiating difference*  $rd(x_i, y_i)$  pada titik  $(x_i, y_i)$  sepanjang  $I_{x_b, y_b}$  dapat dihitung dengan:

$$rd(x_i, y_i) = I_0(x_{i-1}, y_{i-1}) - I_0(x_i, y_i) \quad (2.10)$$

*Radiating gradient*  $rg(x_i, y_i)$  pada titik  $(x_i, y_i)$  dapat dihitung dengan:

$$rg(x_i, y_i) = \frac{|rd(x_i, y_i)| + |rd(x_{i+1}, y_{i+1})|}{2} \quad (2.11)$$

Normalnya, intensitas pada inti memiliki nilai terkecil dan nilai intensitas piksel akan semakin besar jika semakin jauh dari *centroid* di sepanjang *radiating line*. Oleh karena itu, *positive radiating difference* harus ditekan dengan fungsi:

$$F_s(x) = \begin{cases} x & x < 0 \\ \gamma x & x \geq 0 \end{cases} \quad (2.12)$$

Dimana  $\gamma$  adalah bobot  $< 1$ , persamaan perhitungan  $rg(x_i, y_i)$  menjadi

$$rg(x_i, y_i) = \frac{|F_s(rd(x_i, y_i))| + |F_s(rd(x_{i+1}, y_{i+1}))|}{2} \quad (2.13)$$

Dengan mengganti persamaan (2.8) dengan *Radiating Edge Map* (REM) yang telah diperoleh melalui proses di atas, citra RGVF didapat dengan meminimisasi fungsi

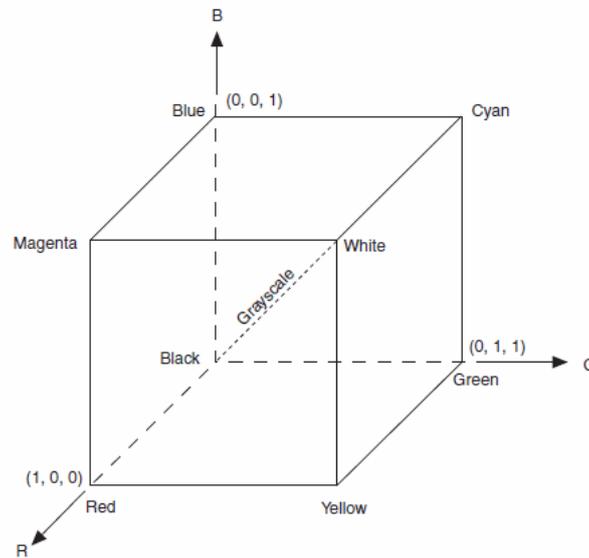
$$E_{RGVF} = \iint \mu(u_x^2 + u_y^2 + v_x^2 + v_y^2) + |\nabla REM|^2 |\vec{v} - \nabla REM|^2 dx dy \quad (2.14)$$

## 2.7 Ruang Warna

Gonzales dan Woods (2002) mendefinisikan ruang warna (atau terkadang disebut sistem warna atau model warna) sebagai suatu spesifikasi sistem koordinat dan suatu subruang dalam sistem tersebut dengan setiap warna dinyatakan dengan satu titik di dalamnya. Tujuan dibentuknya ruang warna adalah untuk memfasilitasi spesifikasi warna dalam bentuk standar. Ruang warna (*Color Space*) merupakan representasi matematis dari himpunan warna. Beberapa ruang warna yang digunakan pada visi komputer diantaranya adalah RGB dan CIE L\*a\*b\*.

### 2.7.1 Ruang Warna RGB

Ruang warna RGB biasa diterapkan pada monitor CRT dan kebanyakan sistem grafika komputer. Ruang warna ini menggunakan tiga komponen dasar yaitu merah (R), hijau (G), dan biru (B). Setiap piksel dibentuk oleh ketiga komponen tersebut. Model RGB biasa disajikan dalam bentuk kubus tiga dimensi, dengan warna merah, hijau, dan biru berada pada pojok sumbu. Warna hitam berada pada titik asal dan warna putih berada di ujung kubus yang berseberangan. Diagonal kubus menunjukkan variasi dari nilai *graylevel*. Nilai intensitas warna dari masing-masing layer adalah  $[0,255]$ . Ruang warna RGB ditunjukkan pada gambar 2.2.



Gambar 2.2 Representasi ruang warna RGB.

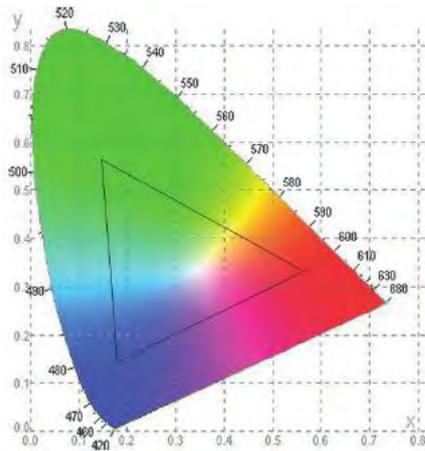
RGB biasa digunakan karena kemudahan dalam perancangan hardware, tetapi sebenarnya tidak ideal untuk beberapa aplikasi. Mengingat warna merah, hijau, dan biru sesungguhnya berkorelasi erat, sangat sulit untuk beberapa algoritma pemrosesan citra (Kadir, 2013).

### 2.7.2 Ruang Warna CIE L\*a\*b\*

Diagram kromatisitas CIE (*Commission Internationale de L'Eclairage*) adalah grafik dua dimensi yang mendefinisikan warna, ditunjukkan oleh Gambar 2.3 (Russ, 2011). Dua sumbu utama warna, yaitu  $x$  dan  $y$  selalu bernilai positif, dan perpaduannya menyatakan semua warna yang dapat dilihat. Segitiga dalam diagram CIE tersebut, dengan sudut-sudutnya pada area *red*, *green*, *blue*, digunakan pada monitor CRT dan panel LCD untuk mendefinisikan semua warna yang dapat ditampilkan monitor. Komponen  $L$  dalam ruang warna CIE L\*a\*b\* mendefinisikan *lightness*,  $a^*$  menyatakan nilai *red/green*, dan  $b^*$  menyatakan nilai *yellow/blue* (Scotti, 2006).

Tranformasi dari ruang warna RGB ke CIE L\*a\*b\* dilakukan dengan menghitung nilai XYZ sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 X &= 0,412453 \cdot R + 0,357580 \cdot G + 0,180423 \cdot B \\
 Y &= 0,212671 \cdot R + 0,715160 \cdot G + 0,072169 \cdot B \\
 Z &= 0,019334 \cdot R + 0,119193 \cdot G + 0,950227 \cdot B
 \end{aligned}
 \tag{2.15}$$



Gambar 2.3 Diagram kromatisitas CIE.

Sumber: (Russ, 2011)

Berdasarkan nilai XYZ, komponen  $L^*a^*b^*$  yaitu:

$$\begin{aligned}
 L^* &= 116 \cdot f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) - 16 \\
 a^* &= 500 \cdot \left[ f\left(\frac{X}{X_n}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) \right] \\
 b^* &= 200 \cdot \left[ f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_n}\right) \right]
 \end{aligned}
 \tag{2.16}$$

dengan fungsi  $f$  didefinisikan sebagai:

$$\begin{aligned}
 f(q) &= q^{\frac{1}{3}}, \text{ if } (q > 0.008856) \\
 f(q) &= 7.787 \cdot q + 0.137931 \text{ selainnya}
 \end{aligned}
 \tag{2.17}$$

$X_n, Y_n, Z_n$  diperoleh dengan  $R=G=B=100$  misalnya untuk temperatur warna 6500K (Russ, 2011).

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

## BAB 3

### METODE PENELITIAN

Bab ini menjelaskan metode penelitian yang akan digunakan. Dalam bab ini dipaparkan tahapan penelitian, *dataset* yang akan digunakan yaitu citra pap smear yang berasal dari *Herlev University Hospital*, rancangan metode yang diusulkan, skenario pengujian, evaluasi hasil segmentasi, dan jadwal penelitian.

#### 3.1 Tahapan Penelitian

Tahapan yang akan dilakukan pada penelitian ini terdiri dari: (1) studi literatur, (2) analisis masalah dan perancangan metode yang diusulkan, (3) implementasi metode yang diusulkan, (4) uji coba metode yang diusulkan dan analisis hasil uji coba, serta (5) dokumentasi. Alur tahapan penelitian ditunjukkan oleh Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Tahapan penelitian.

##### 3.1.1 Studi Literatur

Studi literatur bertujuan menggali informasi yang terdapat dalam pustaka. Pustaka dapat berupa buku atau publikasi ilmiah seperti jurnal, dokumentasi tesis, atau prosiding. Informasi yang digali berguna sebagai literatur yang menunjang perancangan dan implementasi metode. Pada penelitian ini, literatur yang dipelajari meliputi: kanker serviks, segmentasi citra, metode *clustering* pada segmentasi citra, ruang warna CIELAB, GVF *snake*, segmentasi dengan metode RGVF *snake* dengan spasial FCM (FLICM) sebagai *rough segmentation*.

##### 3.1.2 Analisis Masalah dan Perancangan Metode

Data dan proses yang akan dilakukan pada penelitian ini perlu dilakukan sedemikian rupa agar terjadi kesesuaian antara usulan penelitian dengan hasil penelitian berdasarkan tujuan dan luaran yang diharapkan. Pertama, setiap sel

tunggal citra smear serviks yang berupa RGB dikonversi ke ruang warna CIELAB dan dimensi  $L^*$  dinormalkan untuk membentuk citra *grayscale*. Kemudian diusulkan algoritma *clustering Fuzzy Local Information C-Means* (FLICM) untuk segmentasi awal dan mengekstraksi kontur awal dari nukleus dan sitoplasma. Kontur awal ini digunakan untuk inisialisasi RGVF *snake* yang diusulkan. Kemudian dengan RGVF *snake* didapatkan batas akurat dari nukleus dan sitoplasma.

### **3.1.3 Implementasi Metode**

Tahapan ini bertujuan mengimplementasikan rancangan metode. Rancangan yang telah dibuat akan diimplementasikan menggunakan aplikasi Matlab versi 2012 dan 2015a.

### **3.1.4 Pengujian Metode dan Analisis Hasil Pengujian**

Pada tahap ini dilakukan akan dilakukan pengujian terhadap sistem yang telah dibangun. Pengujian dilakukan sesuai dengan skenario yang telah dirancang. Analisis hasil pengujian dilakukan untuk mengetahui performa dari metode yang diusulkan.

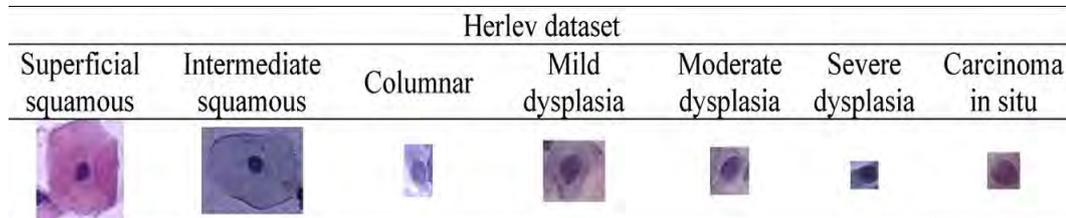
### **3.1.5 Dokumentasi**

Pada tahap ini akan dilakukan pendokumentasian tahapan metode yang diusulkan beserta hasil implementasi dan uji cobanya. Dokumentasi berupa laporan penelitian.

## **3.2 Dataset Citra Smear Serviks**

*Dataset* terdiri dari 917 sampel yang tersebar pada tujuh kelas berbeda. Tujuh kelas tersebut adalah *superficial squamous*, *intermediate squamous*, *columnar*, *mild dysplasia*, *moderate dysplasia*, *severe dysplasia*, dan *carcinoma in situ*. Data yang digunakan berasal dari *Herlev University Hospital* yang dikumpulkan dengan menggunakan kamera digital dan mikroskop. Ahli *cytology* dan dokter secara manual mengklasifikasikan setiap sel ke dalam salah satu dari tujuh kelas yang berbeda. Tiap sel diperiksa oleh dua ahli *cytology* dan sampel yang sulit diperiksa juga oleh dokter. Setiap *glass slide* dapat berisi 300.000 sel dan hal ini memakan waktu yang banyak dalam pengerjaannya sehingga diperlukan sistem semi otomatis yang dapat membantu ahli *cytology*. *Groundtruth*

dibuat menggunakan *software* CHAMP sehingga didapatkan tiga area utama yaitu nukleus, sitoplasma, dan *background*. Data bisa diakses di internet (<http://fuzzy.iau.dtu.dk/download/smear2005>). Gambar 3.2 merupakan contoh dari citra smear serviks pada setiap kelas.



Gambar 3.2 Contoh sel serviks pada *dataset* Herlev *pap smear*.

### 3.3 Rancangan Metode

Tujuan penelitian ini adalah merancang metode untuk segmentasi sel serviks pada citra pap smear menggunakan RGVF (*Radiating Gradient Vector Flow*) *snake* dengan segmentasi awal FLICM (*Fuzzy Local Information C-Means*). Rancangan metode yang akan dibangun ditunjukkan oleh Gambar 3.3. Metode segmentasi sel serviks dibagi menjadi tiga tahap sebagai berikut:

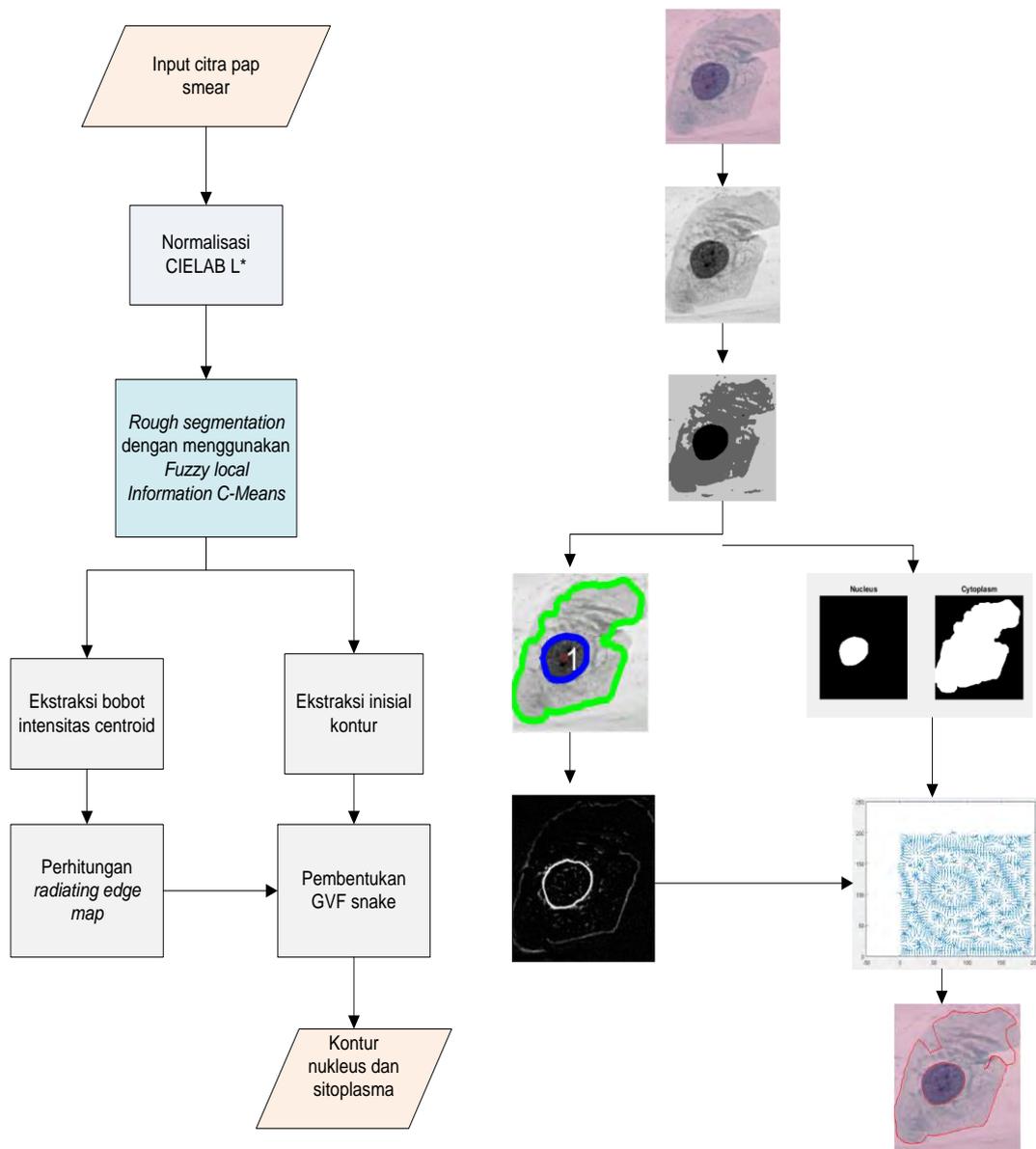
- Tahap I: Normalisasi CIELAB kanal L\*
- Tahap II: *Rough segmentation* (segmentasi awal) dengan FLICM (*Fuzzy Local Information C-Means*)
- Tahap III: Proses segmentasi dengan RGVF *snake* (*Radiating Gradient Vector Flow snake*).

#### 3.3.1 Normalisasi CIELAB kanal L\*

Citra smear serviks terdiri dari citra dengan kontras yang rendah sehingga diperlukan tahap awal sebelum dilakukan proses segmentasi. Citra dengan kontras rendah menyebabkan objek sulit didapatkan karena antara satu objek dengan objek lainnya mirip. Citra smear serviks yang awalnya berada di ruang warna RGB diubah dalam ruang warna CIELAB. Ruang warna ini terdiri dari tiga dimensi, L\* dimensi pencahayaan, a\* dan b\* dimensi warna. Komponen L dalam ruang warna CIE L\*a\*b\* mendefinisikan *lightness*, a\* menyatakan nilai *red/green*, dan b\* menyatakan nilai *yellow/blue*. CIELAB berhasil memisahkan kekонтarasan dari warnanya. Model warna ini dipilih karena terbukti memberikan

hasil yang lebih baik daripada model warna RGB dalam mengukur nilai kemiripan ciri dalam citra.

Model warna  $L^*a^*b^*$  juga dapat digunakan untuk membuat koreksi keseimbangan warna yang lebih akurat dan untuk mengatur kontras pencahayaan yang sulit dan tidak mungkin dilakukan oleh model warna RGB seperti pada citra smear serviks. Transformasi dari ruang warna RGB ke CIELAB dihitung dengan Persamaan (2.15) terlebih dahulu yaitu mencari nilai XYZ. Berdasarkan XYZ dihitung komponen  $L^*a^*b^*$  dengan Persamaan (2.16).

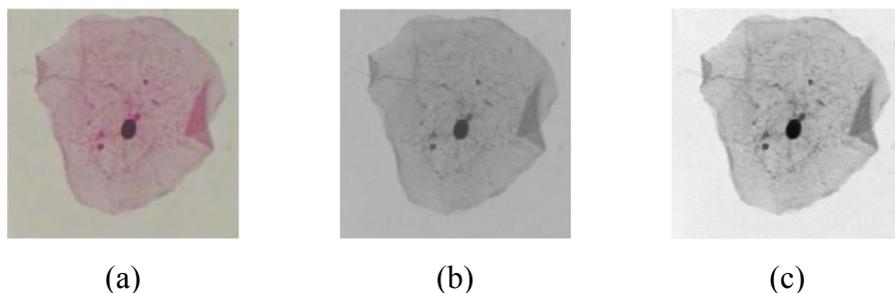


Gambar 3.3 Rancangan metode yang diusulkan.

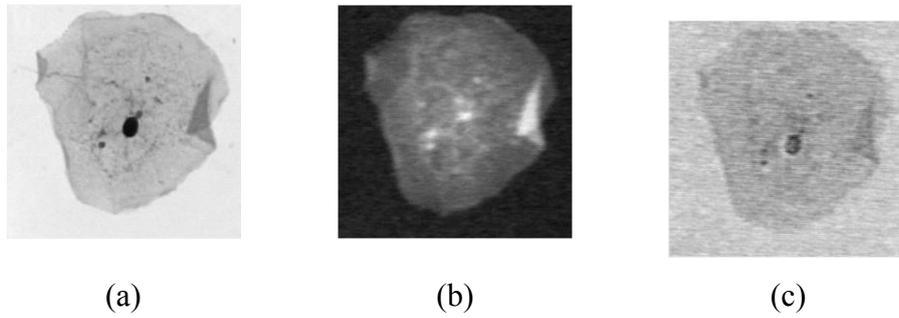
Setelah kekontrasan dan warna penyusun citra telah terpisah, selanjutnya adalah mengekstraksi dimensi L\* dan normalisasi ke *range* [0, 255] untuk membentuk citra keabuan. Kanal yang dipilih adalah L\* karena kanal ini merupakan pencahayaan yang bisa membedakan komponen warna. Hasil dari ekstraksi dimensi L\* ini mirip dengan *grayscale* namun hasil dari citra grayscale agak lebih gelap. Gambar 3.4 menunjukkan perbedaan antara hasil citra grayscale dengan citra dengan yang diubah ke CIELAB kanal L\*. Gambar 3.5 menunjukkan hasil konversi RGB ke CIELAB pada setiap kanal. Secara visual terlihat perbedaan antara nukleus, sitoplasma dan *background* pada kanal L\* sehingga mampu menggambarkan bentuk objek citra smear serviks dengan sangat baik dibandingkan dengan kanal a\* dan b\* (Gambar 3.5(b) dan 3.5(c)).

Normalisasi dilakukan karena hasil dari ekstraksi dimensi L\* tidak berada pada rentang 0-255. Perhitungan normalisasi dapat dilihat pada Persamaan (3.1). Dimana *norm* adalah normalisasi, *l* adalah nilai dari kanal *l* pada tiap piksel, *min<sub>l</sub>* adalah nilai minimum pada kanal L\*, dan *max<sub>l</sub>* adalah nilai maksimum pada kanal L\*. Normalisasi tersebut menghasilkan citra dengan rentang nilai 0-255. Tahap normalisasi CIELAB pada kanal L\* ini termasuk dalam tahap *enhancement* sebelum melakukan tahapan pengolahan citra selanjutnya. Setelah mendapatkan citra keabuan dilanjutkan dengan proses segmentasi awal dengan metode FLICM dan segmentasi dengan RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma. Tahapan normalisasi CIELAB kanal L\* dapat dilihat pada Gambar 3.6.

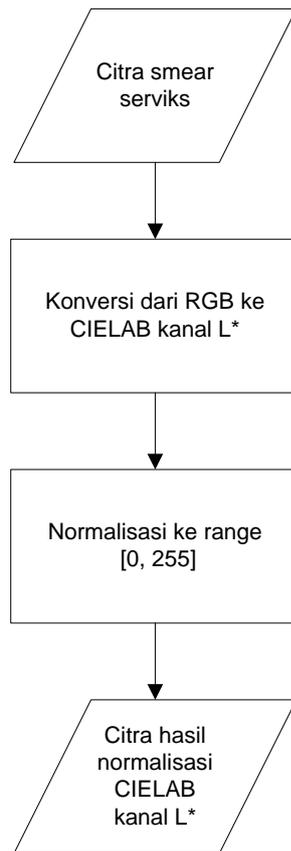
$$norm = \frac{l - min_l}{max_l - min_l} \quad (3.1)$$



Gambar 3.4 Perbandingan hasil konversi CIELAB dan grayscale (a) citra asli (b) citra grayscale (c) citra CIELAB kanal L\*.



Gambar 3.5 Konversi warna RGB ke ruang warna CIELAB (a) kanal L\* (b) kanal a\* (c) kanal b\*.



Gambar 3.6 Normalisasi CIELAB kanal L\*.

### 3.3.2 Segmentasi awal dengan FLICM

Li, dkk (2012) menggunakan spasial *k-means* untuk segmentasi awal dari suatu citra ke dalam inti sel, sitoplasma, dan *background* kemudian dilakukan perbaikan berbasis *snake* untuk batas nukleus dan sitoplasma yang dinamakan *Radiating Gradient Vector Flow* (RGVF). Susanti (2015) menggunakan *Fuzzy C-Means* sebagai segmentasi awal dari metode RGVF *snake*. Dengan menggunakan dua metode segmentasi awal tersebut, area nukleus sudah berhasil disegmentasi

dengan baik sedangkan di area sitoplasma ada beberapa citra smear serviks yang belum tersegmentasi dengan baik. Sehingga diusulkan penggunaan segmentasi awal yang membagi citra menjadi tiga area, yaitu *background*, nukleus, dan sitoplasma dengan metode *Fuzzy Local Information C-Means* (FLICM) yang menggabungkan informasi lokal spasial dan informasi *gray level*. Pada tahap ini digunakan citra smear serviks yang sudah dinormalisasi pada CIELAB kanal L\*. Adapun langkah- langkah metode FLICM dijelaskan pada Bab 2.

Algoritma *Fuzzy C-Means* yang dimodifikasi dengan informasi spasial merupakan pengembangan dari algoritma FCM. Perbedaannya dengan FCM konvensional terletak pada tahap menghitung nilai keanggotaan yang baru. FLICM melibatkan faktor intensitas dan jarak piksel-piksel tetangga untuk menghitung nilai keanggotaan piksel yang baru. Selain tahapan tersebut, tahapan lainnya sama dengan tahapan FCM konvensional.

Proses pertama dalam *clustering* adalah menentukan parameter-parameter yang digunakan di dalam proses *clustering*. Parameter-parameter tersebut adalah  $m$ ,  $c$ , dan *threshold*.  $m$  adalah nilai bobot yang digunakan untuk pembobotan pada proses pencarian titik pusat kluster, proses perhitungan nilai faktor ketetanggaan piksel, dan proses memperbarui nilai keanggotaan piksel dalam kluster. Nilai  $m$  yang digunakan pada penelitian ini adalah 2.  $c$  adalah banyaknya kluster yang diinginkan untuk segmentasi citra smear serviks. Pada segmentasi awal citra smear serviks ditentukan kluster sebanyak tiga yaitu kluster nukleus, sitoplasma, dan *background* sehingga nilai  $c$  adalah 3. *Threshold* adalah nilai kondisi yang harus dipenuhi dalam proses pengulangan *clustering*. Nilai *threshold* yang digunakan adalah  $10^{-5}$ .

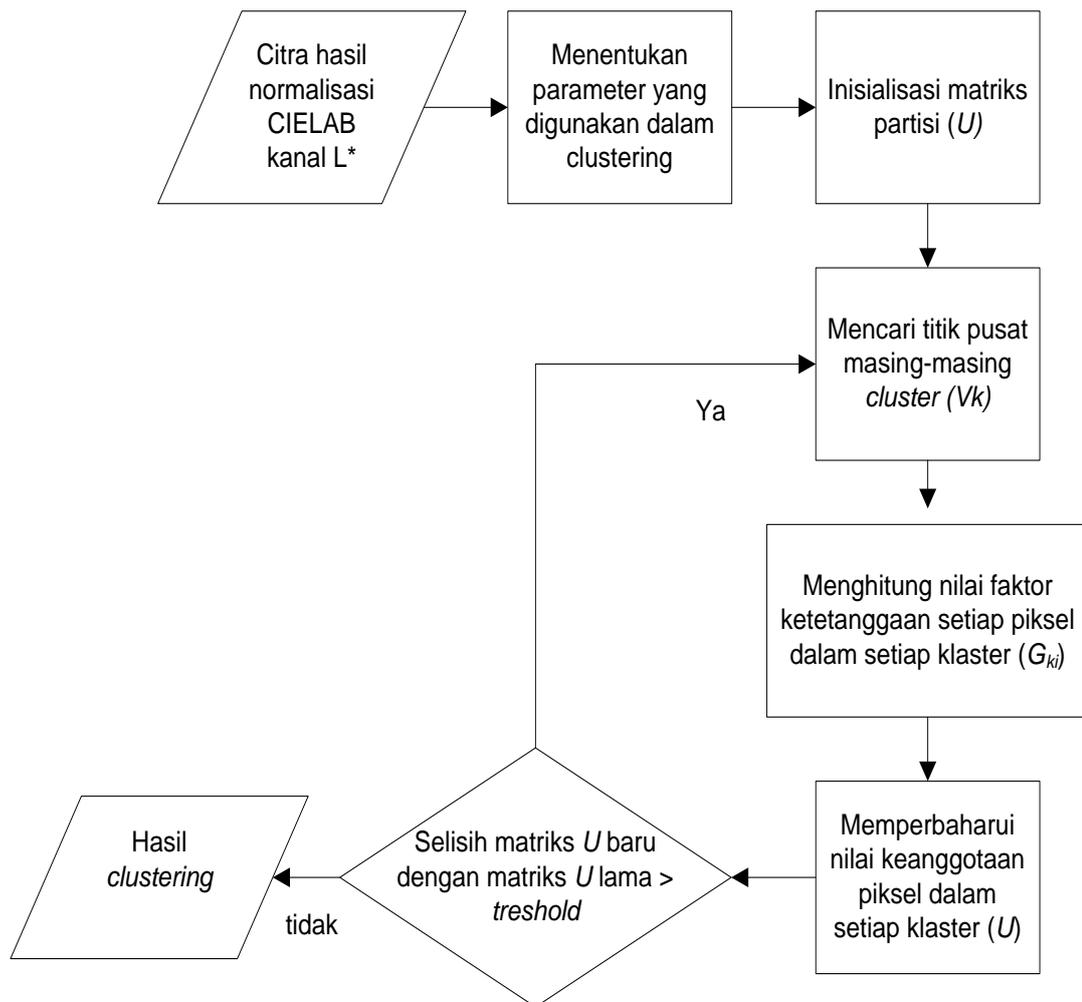
Setelah menentukan parameter, proses selanjutnya adalah menginisialisasi matriks  $U$ , matriks yang berisi nilai derajat keanggotaan piksel. Matriks  $U$  diinisialisasi secara random. Ukuran matriks  $U$  adalah jumlah piksel dikalikan 3 (jumlah kluster). Tiap-tiap piksel memiliki derajat keanggotaan pada tiap-tiap kluster. Tingkat keberadaan piksel dalam suatu kelas atau kluster ditentukan oleh derajat keanggotaannya. Nilai dari derajat keanggotaan awal ini apabila dijumlahkan per piksel dari ketiga kluster adalah 1.

Proses selanjutnya adalah mencari titik pusat kluster  $v_k$  dengan Persamaan (2.5). Pada kondisi awal pusat kluster ini masih belum akurat. Sehingga perlu dilakukan *update* derajat keanggotaan tiap piksel pada citra. Setelah mencari titik pusat kluster, berikutnya adalah menghitung  $G_{ki}$ , nilai faktor ketetanggaan untuk setiap piksel. Setiap piksel memiliki tiga nilai faktor ketetanggaan, nilai faktor ketetanggaan dalam kluster pertama, kedua dan ketiga. Ukuran dari  $G_{ki}$  sama dengan ukuran matriks  $U$ .

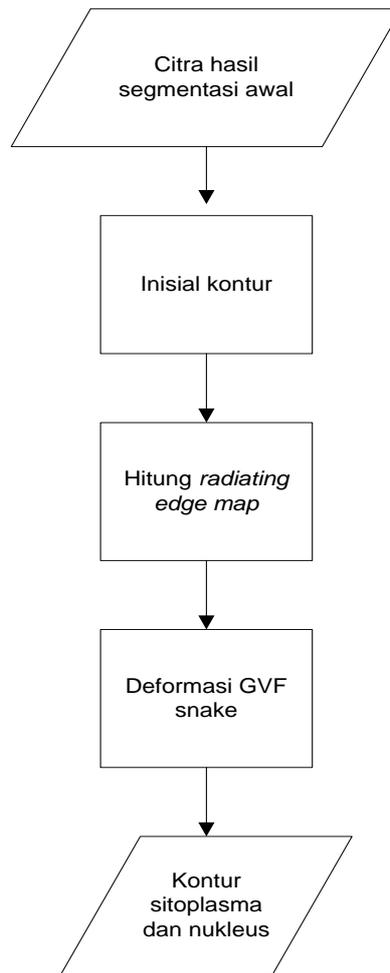
Penghitungan nilai  $G_{ki}$  untuk setiap piksel menggunakan *local window* berukuran 3x3. Sehingga tetangga yang didapatkan sebanyak 8. Pusat dari *local window* adalah piksel itu sendiri. Piksel di pusat *local window* tidak dilibatkan dalam penghitungan  $G_{ki}$ . Perhitungan  $G_{ki}$  dapat dilihat pada Persamaan (2.4). Dapat dilihat bahwa  $G_{ki}$  bebas dari penggunaan berbagai parameter yang mengatur keseimbangan antara *noise* citra dengan detail citra. Kontrol keseimbangan secara otomatis dicapai dengan mendefinisikan *fuzziness* pada tiap piksel citra (faktor spasial dan level keabuan). Dengan menggunakan *dij*, faktor  $G_{ki}$  berpengaruh pada piksel di dalam *local window* untuk berubah secara fleksibel menurut jaraknya dari pusat kluster. Dengan demikian, informasi lokal spasial dapat digunakan. Hal ini menunjukkan bahwa bentuk *local window* yang digunakan pada penelitian ini adalah persegi, akan tetapi *window* dengan bentuk lain seperti belah ketupat atau lingkaran dapat juga digunakan pada algoritma ini.

Faktor  $G_{ki}$  telah didapatkan, selanjutnya adalah meng-*update* derajat keanggotaan tiap piksel dengan menggunakan Persamaan (2.6). Setelah semua proses dilakukan, kemudian diperiksa apakah selisih nilai keanggotaan piksel yang baru dengan nilai keanggotaan piksel yang lama masih lebih dari *threshold*  $10^{-5}$ . Jika benar, maka proses mencari titik pusat kluster, proses mencari nilai faktor ketetanggaan piksel dan proses memperbarui nilai keanggotaan piksel diulang kembali sampai kondisi berhenti perulangan dipenuhi. Dengan cara memperbaiki pusat kluster dan nilai keanggotaan tiap-tiap data secara berulang, maka dapat dilihat bahwa pusat kluster akan menuju lokasi yang tepat. Dari *clustering* diperoleh hasil *clustering* berupa matriks  $U$  yang baru. Matriks  $U$  akan digunakan sebagai data masukan dalam proses defuzzifikasi. Proses defuzzifikasi dapat dilihat pada Persamaan (2.7). Proses ini dilakukan untuk mengkonversi

matriks partisi fuzzy  $U$  ke partisi *crisp*. Prosedur keanggotaan maksimum adalah metode penting yang telah dikembangkan untuk defuzzifikasi matriks partisi  $U$ . Prosedur ini menetapkan piksel  $i$  ke dalam kelas  $C$  dengan nilai keanggotaan tertinggi. Setelah proses defuzzifikasi didapatkan tiga area utama pada sel tunggal citra smear serviks yaitu nukleus, sitoplasma, dan *background*. Hasil segmentasi awal ini yang nantinya digunakan untuk inialisasi kontur pada RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma yang lebih halus. Diagram alir segmentasi awal dengan FLICM dapat dilihat pada Gambar 3.7.



Gambar 3.7 Diagram alir segmentasi awal dengan FLICM.



Gambar 3.8 Diagram alir proses segmentasi dengan RGVF *snake*.

### 3.3.3 Segmentasi dengan RGVF *snake*

Segmentasi dengan RGVF *snake* diawali dengan *rough segmentation* terlebih dahulu. Segmentasi awal yang digunakan yaitu FLICM menghasilkan tiga wilayah citra smear serviks. Wilayah tersebut adalah nukleus, sitoplasma, dan *background*. Selanjutnya proses segmentasi dengan RGVF *snake* ditunjukkan pada Gambar 3.8.

#### 3.3.3.1. Ekstraksi inisial kontur

Setelah didapatkan hasil segmentasi awal, selanjutnya adalah ekstraksi inisial kontur. Area dengan wilayah kecekungan terluas adalah sitoplasma, selanjutnya area nukleus dapat memiliki beberapa kemungkinan. Diasumsikan bahwa nukleus berada dalam wilayah sitoplasma dan kandidat area dengan batas kurang dari threshold  $\delta\%$  dari seluruh citra dianggap sebagai *noise* dan diabaikan.

Sisanya adalah semua kandidat wilayah nukleus. Karena ukuran nukleus dimungkinkan akan membesar pada sel yang berbeda, maka ditetapkan  $\delta=0.5$  untuk menghilangkan wilayah *noise* berdasarkan analisis statistika (Li dkk., 2012).

### 3.3.3.2. Pelabelan bobot intensitas *centroid*

Proses ini penting dalam pembentukan *Radiating Edge Map* dalam tahap segmentasi. Misal area nukleus terdiri dari k poin  $(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_k, y_k)$  dan  $I(x, y)$  adalah intensitas titik  $(x, y)$ . Maka bobot intensitas centroid  $(x_c, y_c)$  dari area nukleus didapatkan dengan Persamaan (3.2).

$$\begin{aligned} x_c &= \frac{\sum_{i=1}^k x_i(255 - I(x_i, y_i))}{\sum_{i=1}^k (255 - I(x_i, y_i))} \\ y_c &= \frac{\sum_{i=1}^k y_i(255 - I(x_i, y_i))}{\sum_{i=1}^k (255 - I(x_i, y_i))} \end{aligned} \quad (3.2)$$

### 3.3.3.3. Perhitungan *Radiating Edge map*

RGVF (*Radiating Gradient Vector Flow*) *snake* suatu citra diperoleh dengan meminimisasi fungsi energi seperti pada Persamaan (2.14). Perhitungan *radiating edge map* dilakukan dengan beberapa tahap. Tahap pertama adalah mengekstraksi setiap *radiating line*, dan menghitung *radiating differences* sepanjang garis sesuai dengan Persamaan (2.10). Tahap kedua adalah memperbaiki *radiating differences* menggunakan metode *stack-based refinement* dan menghitung *radiating gradient* menggunakan Persamaan (2.11). Citra smear serviks perlu diperbaiki karena kompleksitas citra yang mungkin diakibatkan dari adanya bercak sel, pada saat pewarnaan sel (*staining*), maupun ketidakjelasan dari bagian citra itu sendiri. Sehingga hanya memperbaiki nilai *radiating difference* yang positif saja tidak cukup. Gradien di dekat citra yang mengalami interferensi tersebut biasanya lebih besar atau sama dengan *radiating gradient* di dekat *boundary* objek yang sebenarnya, yang akan mengakibatkan kesalahan mendeteksi *boundary* yang benar, sehingga diperlukan perbaikan *radiating difference*. Tahap terakhir adalah membangun *radiating edge map*. *Snake* dapat dideformasi untuk mengestimasi batas sebenarnya.

### 3.3.3.4. Deformasi GVF snake

*Gradient vector flow* digunakan untuk mengatasi problem seperti kesulitan untuk mendapatkan batas kecekungan. Permasalahan utama dalam menggunakan GVF adalah penentuan koefisien smoothing ( $\mu$ ) yang menyebabkan pembulatan dari tepi kontur. Snake merupakan kontur yang kontinu yang dapat dihitung dengan meminimisasi fungsi internal dan eksternal. Fungsi eksternal telah dihitung menggunakan metode RGVF, untuk energi internal dihitung dengan langkah awal yaitu inialisasi kontur *snake* yang didapat dari segmentasi awal menggunakan FLICM. Parameter snake yang ditentukan adalah *alpha* (*elasticity parameter*), *beta* (*rigidity parameter*), *gamma* (*viscosity parameter*), dan *kappa* (*external force weight*). Tiap poin *snake* bergerak secara iteratif mencari ke semua lokasi yang terdapat energi *snake* paling minimum.

Tabel 3.1 Parameter segmentasi dengan RGVF *snake*

<b>GVF</b>	<b>Koefisien <math>\mu</math></b>	0.1
<b>Snake</b>	<b>Alpha</b>	1.0
	<b>Beta</b>	1.0
	<b>Gamma</b>	1.0
	<b>Kappa</b>	1.0

## 3.4 Skenario Uji Coba

Uji coba pada metode yang diusulkan dilakukan untuk mengetahui performa dari sistem yang telah dibangun. Performa ini dapat diketahui berdasarkan data hasil uji coba menggunakan skenario tertentu. Berikut ini adalah rancangan skenario uji coba performa sistem.

### 3.4.1 Uji coba untuk mengetahui hasil segmentasi tanpa dan dengan *median filtering*

Uji coba pertama untuk menguji performa metode FLICM sebagai segmentasi awal untuk mendapatkan inialisasi kontur tanpa melalui tahap *filtering* dan melalui tahap *filtering* citra smear serviks. *Filter* yang digunakan adalah dengan *median filter*.

### 3.4.2 Uji coba penggunaan segmentasi awal FLICM dibandingkan dengan penggunaan segmentasi awal dengan FCM konvensional

Uji coba kedua untuk menguji performa metode FLICM dalam mensegmentasi citra sebagai inialisasi kontur yang selanjutnya digunakan untuk metode RGFV *snake*. Metode ini dibandingkan dengan FCM konvensional.

### 3.4.3 Uji coba penggunaan segmentasi awal FCM konvensional dengan tahapan filtering dibandingkan dengan FLICM tanpa melalui tahapan filtering

Uji coba terakhir untuk menguji performa metode FLICM-RGVF *snake* tanpa melalui tahap filtering. Hasil dari uji coba ini dibandingkan dengan metode FCM sebagai segmentasi awal dari RGVF *snake* yang melalui tahap filtering citra.

## 3.5 Evaluasi Hasil Segmentasi

Evaluasi hasil segmentasi citra smear serviks dapat dilakukan dengan cara membandingkan hasil segmentasi dengan citra hasil segmentasi manual (*groundtruth*). *Groundtruth* didapat dari dataset *Herlev University*. Evaluasi dapat dilakukan dengan berbagai cara diantaranya menggunakan *confusion matrix* seperti pada Tabel 3.1.

Tabel 3.2 *Confusion Matrix*

<i>Confusion Matrix</i>		<i>Predicted</i>	
		<i>Negative</i>	<i>Positive</i>
<i>Actual</i>	<i>Negative</i>	TN	FP
	<i>Positive</i>	FN	TP

*True Positives* (TP) merupakan kondisi dimana prediksi bernilai benar, dan hasil sesungguhnya juga bernilai benar. *True negatives* (TN) adalah kondisi dimana prediksi bernilai salah dan yang sebenarnya bernilai salah. *False Positives* (FP) adalah kondisi dimana nilai prediksi adalah benar dan sebenarnya adalah salah (*Type I error*). *False Negatives* (FN) merupakan kondisi dimana prediksi bernilai salah dan sebenarnya bernilai benar (*Type II error*).

Performa hasil segmentasi dihitung menggunakan ZSI (*Zijbendos similarity index*). ZSI didefinisikan sebagai rasio dua kali interseksi wilayah antara hasil segmentasi dan citra *groundtruth* dengan jumlah dari keduanya.  $A$  adalah segmentasi otomatis dan  $M$  adalah segmentasi manual/*groundtruth*. ZSI dihitung dengan persamaan 3.2.

$$ZSI = \frac{2x|A \cap M|}{|A| + |M|} \quad (3.2)$$

Dimana  $ZSI \in [0,1]$ , batas segmentasi yang terdeteksi dan *groundtruth* dikatakan cocok apabila ZSI lebih besar dari 0.7.

Nilai akurasi menunjukkan seberapa besar yang terklasifikasi dengan benar secara keseluruhan. Nilai akurasi dapat dihitung dengan persamaan 3.3.

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+FP+TN+FN} \quad (3.3)$$

## **BAB 4**

### **UJI COBA DAN ANALISIS HASIL**

Pada bab ini dipaparkan uji coba berdasarkan skenario yang telah dijelaskan pada sub-bab 3.4, kemudian dilakukan analisis berdasarkan hasil uji coba tersebut.

#### **4.1. Lingkungan Uji Coba**

Lingkungan perangkat lunak yang digunakan dalam uji coba penelitian ini sebagai berikut:

- a. Sistem Operasi Windows 8.1 Pro 64-bit.
- b. Aplikasi MATLAB R2015a.

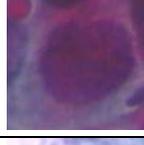
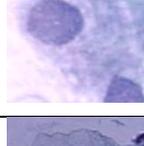
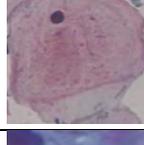
Lingkungan perangkat keras yang digunakan adalah komputer personal yang memiliki spesifikasi sebagai berikut:

- a. Prosesor AMD A10 1.9 GHz.
- b. RAM 4GB.

#### **4.2. Data Uji Coba**

Data masukan pada uji coba ini berupa citra mikroskopik citra sel tunggal smear serviks. Data yang digunakan berasal dari *Herlev University Hospital* yang dikumpulkan dengan menggunakan kamera digital dan mikroskop. Tiap sel diperiksa oleh dua ahli *cytology* dan sampel yang sulit diperiksa juga oleh dokter. Ahli *cytology* dan dokter secara manual mengklasifikasikan setiap sel. *Groundtruth* dibuat menggunakan *software* CHAMP sehingga didapatkan tiga area utama yaitu nukleus, sitoplasma, dan *background*. Data bisa diakses di internet (<http://fuzzy.iau.dtu.dk/download/smear2005>) (Jantzen, 2005). Dari 917 *dataset* Herlev tidak semua dapat dianalisis dikarenakan ada beberapa dataset yang tidak didapatkan inisial konturnya misalnya pada kelas *normal superficial*. Tabel 4.1 menunjukkan banyaknya data yang dipakai dalam analisis beserta contoh citra pada setiap kelas citra smear serviks.

Tabel 4.1 Distribusi *dataset* Herlev

No.	Nama kelas	Banyaknya data citra herlev	Banyaknya data citra yang dapat dianalisis	Contoh citra
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	150	64	
2.	<i>Light dysplastic</i>	182	58	
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	146	48	
4.	<i>Normal columnar</i>	98	32	
5.	<i>Normal intermediate</i>	70	17	
6.	<i>Normal superficial</i>	74	1	
7.	<i>Severe dysplastic</i>	197	86	

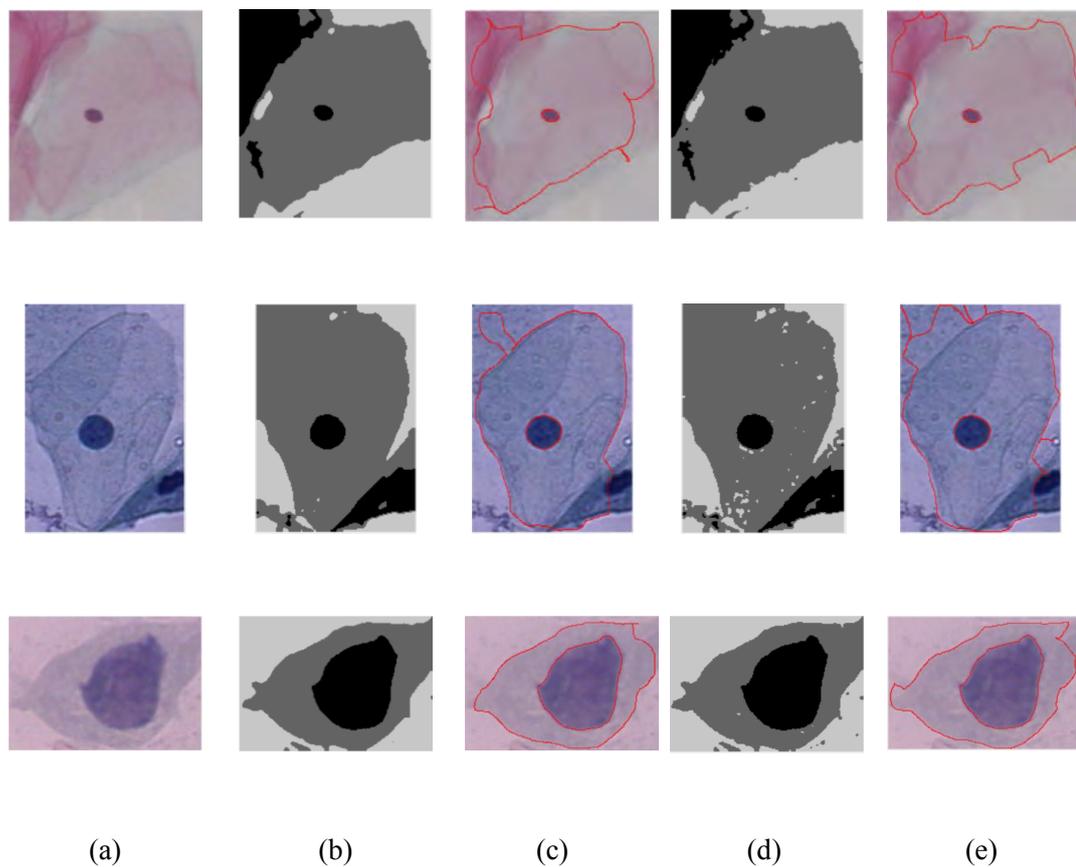
### 4.3. Hasil Uji Coba

Pada sub-bab ini dipaparkan hasil uji coba segmentasi citra smear serviks menggunakan metode yang diusulkan berikut dengan hasil uji coba berdasarkan skenario uji cobanya.

#### 4.3.1. Hasil uji coba untuk mengetahui hasil segmentasi tanpa dan dengan *median filtering*

Uji coba yang pertama yang dilakukan adalah segmentasi awal *Fuzzy Local Information C-Means* (FLICM) yang dilanjutkan segmentasi menggunakan

*Radiating Gradient Vector Flow snake (RGVF snake)* dengan dan tanpa *filtering*. Metode *filtering* untuk citra smear serviks yang digunakan adalah *median filtering* dengan *window 5x5*. Gambar 4.1 menunjukkan hasil segmentasi beberapa citra smear serviks menggunakan metode FLICM sebagai segmentasi awal dan RGVF *snake* melalui tahapan *filtering* dan tanpa tahapan *median filtering*. Performa metode yang diusulkan dibandingkan dengan *groundtruth* segmentasi manual menggunakan *Zijdenbos similarity index (ZSI)* dan akurasi. Evaluasi untuk mengetahui hasil segmentasi nukleus dan sitoplasma melalui proses *median filtering* dan tanpa melalui *median filtering* ditunjukkan pada Tabel 4.2 dan Tabel 4.3.



Gambar 4.1 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba pertama  
 (a) citra asli. (b) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FLICM dengan *median filtering*. (c) Hasil segmentasi FLICM-RGVF *snake* menggunakan *median filtering*. (d) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FLICM tanpa *median filtering*. (e) Hasil segmentasi FLICM-RGVF *snake* tanpa *median filtering*.

Secara visual dapat dilihat hasil segmentasi awal FLICM dengan *median filtering* lebih halus dibandingkan dengan tanpa *median filtering*. Namun hasil dari metode segmentasi FLICM tanpa melalui *filtering* sudah cukup baik sebagai inisial kontur RGVF *snake*. Hal ini dapat dilihat dari hasil akhir berupa garis merah yang menunjukkan kontur nukleus dan sitoplasma yang cukup akurat.

Tabel 4.2 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan FLICM-RGVF *snake* melalui dan tanpa melalui tahapan *median filtering*

No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		<i>median filtering</i>	Tanpa <i>filtering</i>	<i>median filtering</i>	Tanpa <i>filtering</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	<b>90,46</b>	90,27	<b>91,86</b>	91,71
2.	<i>Light dysplastic</i>	<b>89,94</b>	89,66	<b>95,80</b>	95,53
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	90,69	<b>90,74</b>	94,77	<b>94,79</b>
4.	<i>Normal columnar</i>	<b>79,78</b>	78,66	<b>87,98</b>	87,26
5.	<i>Normal intermediate</i>	<b>85,68</b>	85,59	99,26	<b>99,32</b>
6.	<i>Normal superficiel</i>	<b>87,40</b>	85,21	<b>99,86</b>	99,84
7.	<i>Severe dysplastic</i>	88,96	<b>89,09</b>	92,29	<b>92,41</b>
	Rata-rata semua kelas	<b>87,56</b>	87,03	<b>94,55</b>	94,41

Tabel 4.3 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan FLICM dan RGVF-*snake* melalui dan tanpa melalui tahapan *median filtering*.

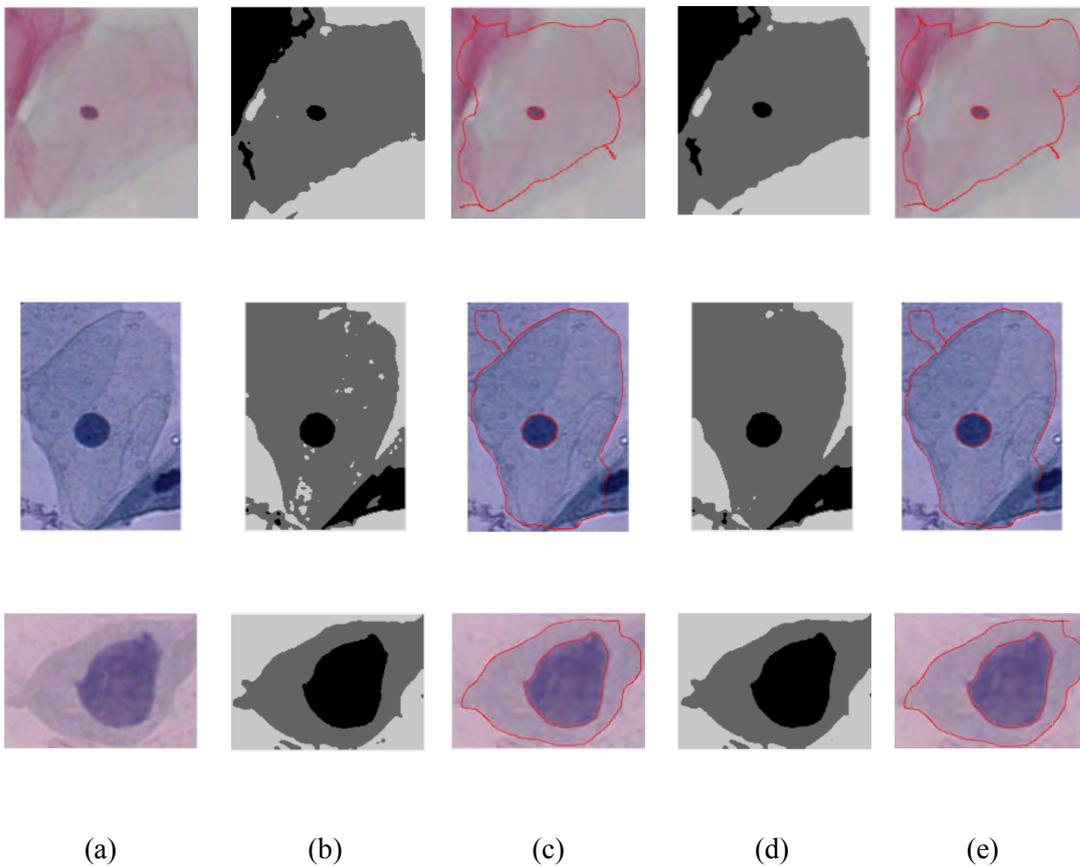
No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		<i>median filtering</i>	Tanpa <i>filtering</i>	<i>median filtering</i>	Tanpa <i>filtering</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	83,48	<b>83,99</b>	79,31	<b>79,84</b>
2.	<i>Light dysplastic</i>	81,56	<b>82,34</b>	78,33	<b>78,97</b>
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	83,70	<b>83,94</b>	79,73	<b>79,98</b>
4.	<i>Normal columnar</i>	<b>81,90</b>	81,53	<b>80,19</b>	79,87
5.	<i>Normal intermediate</i>	<b>93,54</b>	92,77	<b>91,97</b>	90,95
6.	<i>Normal superficiel</i>	86,75	<b>87,61</b>	82,01	<b>82,56</b>
7.	<i>Severe dysplastic</i>	<b>81,71</b>	81,70	<b>78,01</b>	77,84
	Rata-rata semua kelas	84,66	<b>84,84</b>	81,37	<b>81,43</b>

Pada evaluasi segmentasi citra smear serviks, digunakan rata-rata ZSI dan akurasi yang didapat dari setiap kelas. Pada Tabel 4.2 ditunjukkan hasil dari rata-rata ZSI dan akurasi dari segmentasi nukleus. Nilai ZSI yang lebih besar dari 70% mengindikasikan similaritas tinggi yaitu kemiripan (*good match*) antar dua *region* dalam hal ini citra *groundtruth* dan citra hasil segmentasi sistem. Nilai rata-rata ZSI pada semua kelas lebih dari 70% sehingga bisa dikatakan hasil segmentasi citra mirip dengan segmentasi manual atau *groundtruth*. Citra *groundtruth* pada beberapa citra smear serviks dapat dilihat pada lampiran 1-4. Pada kelas *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *normal columnar*, *normal intermediate*, dan *normal superficiel*, nilai rata-rata ZSI pada saat melalui proses *median filtering* lebih tinggi daripada tanpa melalui tahap *filtering*. Rata-rata ZSI segmentasi pada semua kelas sebesar 87,56% untuk proses segmentasi nukleus dengan *median filtering*. Sedangkan pada proses segmentasi nukleus tanpa *filtering*, nilai ZSI sebesar 87,03%. Nilai akurasi secara keseluruhan sebesar 94,55% untuk proses segmentasi nukleus melalui tahap *filtering* dan sebesar 94,41% untuk proses tanpa melalui tahap *filtering*.

Pada Tabel 4.3 ditunjukkan rata-rata ZSI segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan metode FLICM dan RGVF *snake* menggunakan *median filtering* dan tanpa menggunakan *filtering*. Pada empat kelas citra smear serviks yaitu *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *moderate dysplastic*, dan *normal superficiel* menghasilkan rata-rata ZSI lebih tinggi pada segmentasi tanpa melalui tahapan *filtering*. Begitu juga dengan nilai akurasi, pada keempat kelas tersebut nilai akurasi lebih tinggi pada proses segmentasi tanpa *filtering*. Rata-rata ZSI segmentasi pada semua kelas sebesar 84,66% untuk proses segmentasi sitoplasma dengan *median filtering*. Sedangkan pada proses segmentasi sitoplasma tanpa *filtering*, nilai ZSI sebesar 84,84%. Nilai akurasi secara keseluruhan sebesar 81,37% untuk proses segmentasi sitoplasma melalui tahap *filtering* dan sebesar 81,43% untuk proses tanpa melalui tahap *filtering*. Nilai rata-rata ZSI dan akurasi dari semua kelas pada segmentasi tanpa *filtering* lebih tinggi daripada dengan *median filtering* walaupun perbedaan keduanya tidak terlalu signifikan.

#### 4.3.2. Hasil uji coba penggunaan segmentasi awal FLICM dibandingkan dengan penggunaan segmentasi awal dengan FCM konvensional melalui tahapan *filtering*

Uji coba yang kedua melakukan segmentasi dengan membandingkan hasil berbagai segmentasi awal yaitu *Fuzzy C-Means* (FCM) dan FLICM jika digabungkan dengan *RGVF snake* dengan *median filter* sebagai pre-prosesing. Evaluasi yang digunakan sama dengan uji coba pertama yaitu menggunakan ZSI dan akurasi. Hasil secara visual dapat dilihat pada Gambar 4.2. Sedangkan nilai rata-rata ZSI serta akurasi pada segmentasi nukleus dan sitoplasma terdapat pada Tabel 4.4 dan Tabel 4.5.



Gambar 4.2 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba kedua (a) citra asli. (b) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FCM dengan *median filtering*. (c) Hasil segmentasi FCM-RGVF snake menggunakan *median filtering*. (d) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FLICM dengan *median filtering*. (e) Hasil segmentasi FLICM-RGVF snake dengan *median filtering*.

Dari Gambar 4.2 secara visual dapat dilihat pada segmentasi awal, banyak objek yang terkluster dengan baik pada metode FLICM daripada FCM. Hasil kontur akhir dengan metode RGVF *snake* memperlihatkan hasil yang sama, baik menggunakan FLICM sebagai segmentasi awal maupun FCM. Didapatkan kontur nukleus dan sitoplasma yang sama pada saat kedua metode segmentasi awal sama-sama melalui tahap *filtering* terlebih dahulu.

Evaluasi pada Tabel 4.4 menunjukkan bahwa metode FCM sebagai segmentasi awal menghasilkan segmentasi nukleus yang lebih baik daripada metode FLICM pada beberapa kelas. Kelas tersebut adalah *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *moderate dysplastic*, dan *severe dysplastic*. Selain kelas tersebut, metode FLICM menunjukkan hasil yang lebih baik dan ada hasil yang sama dengan metode FCM yaitu kelas *normal superficiel*. Rata-rata ZSI segmentasi pada semua kelas sebesar 87,54% untuk proses segmentasi nukleus dengan segmentasi awal FCM. Sedangkan pada proses segmentasi nukleus dengan FLICM, nilai ZSI sebesar 87,56%. Nilai akurasi secara keseluruhan sebesar 94,57% untuk proses segmentasi nukleus dengan FCM sebagai segmentasi awal dan sebesar 94,55% untuk metode segmentasi awal FLICM.

Evaluasi pada Tabel 4.5 menunjukkan bahwa metode FLICM sebagai segmentasi awal menghasilkan segmentasi sitoplasma yang lebih baik daripada metode FCM pada lima kelas. Kelas tersebut adalah *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *moderate dysplastic*, *normal intermediate*, dan *severe dysplastic*. Pada kelas *normal columnar* dan *normal superficiel* metode FCM menunjukkan hasil yang lebih baik sebagai segmentasi awal. Seperti halnya dengan nilai rata-rata ZSI, rata-rata akurasi juga menunjukkan performa yang baik di lima kelas dengan FLICM sebagai segmentasi awal. Untuk rata-rata keseluruhan kelas, baik nilai ZSI maupun akurasi menunjukkan sedikit peningkatan untuk segmentasi nukleus dengan metode FLICM-RGVF *snake* dibandingkan metode FCM-RGVF *snake*.

#### **4.3.3. Hasil uji coba penggunaan segmentasi awal FCM konvensional dengan tahapan filtering dibandingkan dengan FLICM tanpa melalui tahapan filtering**

Uji coba yang ketiga melakukan segmentasi dengan membandingkan hasil berbagai segmentasi awal yaitu *Fuzzy C-Means* (FCM) dengan tahapan *filtering*

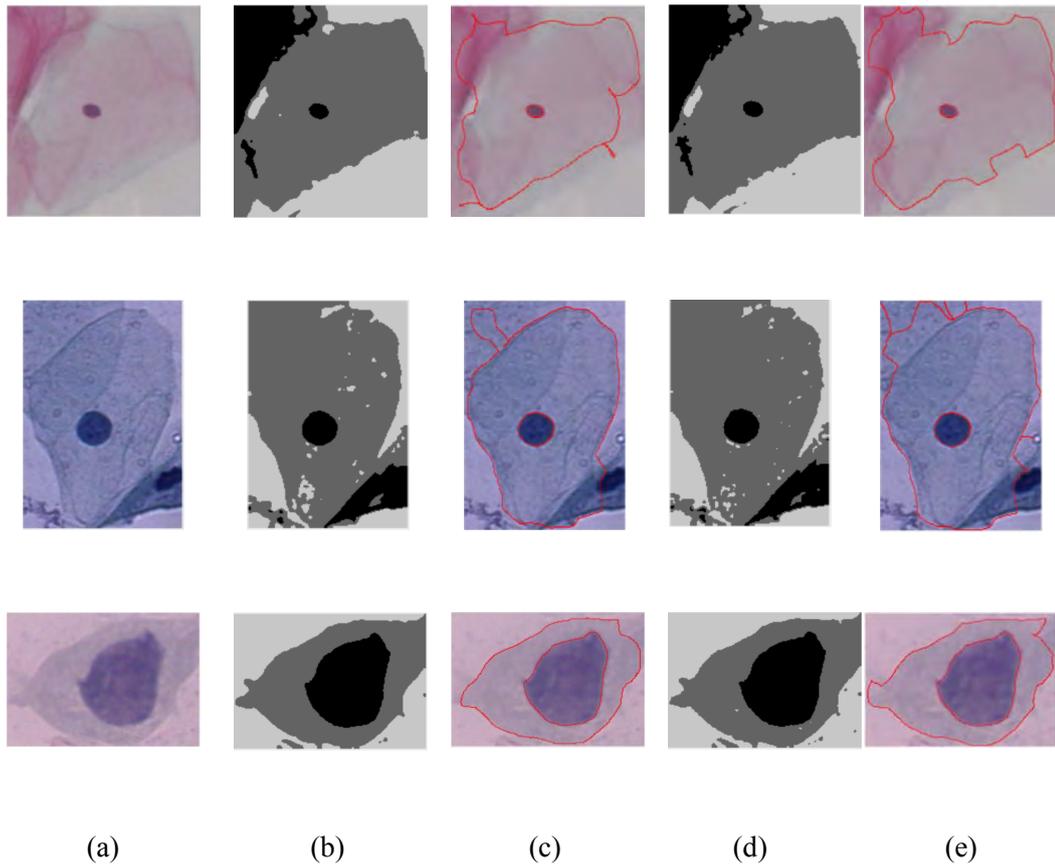
dan FLICM tanpa tahapan filtering jika digabungkan dengan RGVF-*snake*. Evaluasi yang digunakan menggunakan rata-rata ZSI dan akurasi.

Tabel 4.4 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dan FLICM dengan RGVF *snake* melalui tahapan *filtering*

No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		FCM- RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>	FCM- RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	<b>90,57</b>	90,46	<b>91,96</b>	91,86
2.	<i>Light dysplastic</i>	<b>90,33</b>	89,94	<b>95,98</b>	95,80
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	<b>90,76</b>	90,69	<b>94,92</b>	94,77
4.	<i>Normal columnar</i>	78,84	<b>79,78</b>	87,56	<b>87,98</b>
5.	<i>Normal intermediate</i>	85,65	<b>85,68</b>	99,22	<b>99,26</b>
6.	<i>Normal superficiel</i>	<b>87,40</b>	<b>87,40</b>	<b>99,86</b>	<b>99,86</b>
7.	<i>Severe dysplastic</i>	<b>89,26</b>	88,96	<b>92,45</b>	92,29
	Rata-rata semua kelas	87,54	<b>87,56</b>	<b>94,57</b>	94,55

Tabel 4.5 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dan FLICM melalui tahapan *filtering*

No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		FCM- RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>	FCM- RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	83,31	<b>83,47</b>	79,15	<b>79,31</b>
2.	<i>Light dysplastic</i>	81,28	<b>81,56</b>	78,15	<b>78,33</b>
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	83,13	<b>83,70</b>	79,27	<b>79,73</b>
4.	<i>Normal columnar</i>	<b>81,95</b>	81,90	<b>80,23</b>	80,19
5.	<i>Normal intermediate</i>	93,45	<b>93,54</b>	91,89	<b>91,98</b>
6.	<i>Normal superficiel</i>	<b>86,77</b>	86,75	<b>82,04</b>	82,01
7.	<i>Severe dysplastic</i>	81,14	<b>81,71</b>	77,51	<b>78,01</b>
	Rata-rata semua kelas	84,43	<b>84,66</b>	81,18	<b>81,37</b>



Gambar 4.3 Hasil segmentasi beberapa citra smear serviks pada uji coba ketiga (a) citra asli. (b) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FCM dengan *median filtering*. (c) Hasil segmentasi FCM- RGVF *snake* dengan *median filtering*. (d) Hasil segmentasi awal menggunakan metode FLICM tanpa *median filtering*. (e) Hasil segmentasi FLICM-RGVF *snake* tanpa *median filtering*.

Gambar 4.3 menunjukkan secara visual bahwa hasil segmentasi awal FLICM lebih baik daripada FCM. Pada segmentasi awal FLICM banyak objek terklastrer dengan baik, berbeda dengan FCM. Setelah menerapkan kedua tahapan segmentasi FLICM dan RGVF *snake*, kontur yang terbentuk sudah membatasi objek dengan baik terutama bagian sitoplasma ditunjukkan oleh (e). Hasil ini sudah mendekati *groundtruth* citra smear serviks. Metode FCM sebagai segmentasi awal belum mengklastrer dengan baik objek di bagian sitoplasma. Segmentasi sitoplasma ini penting karena sering dianggap sebagai *background*. Metode *hybrid* FLICM-RGVF *snake* berhasil mendapatkan kontur sel terutama sitoplasma dengan lebih akurat. Untuk segmentasi nukleus, kedua metode menghasilkan kontur yang sesuai dengan *groundtruth*.

Tabel 4.6 Evaluasi segmentasi nukleus citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dengan tahapan filtering dan FLICM tanpa filtering

No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM-RGVF <i>snake</i>	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM-RGVF <i>snake</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	<b>90,57</b>	90,27	<b>91,86</b>	91,71
2.	<i>Light dysplastic</i>	<b>90,33</b>	89,66	<b>95,80</b>	95,53
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	<b>90,76</b>	90,74	94,77	<b>94,79</b>
4.	<i>Normal columnar</i>	<b>78,84</b>	78,66	<b>87,98</b>	87,26
5.	<i>Normal intermediate</i>	<b>85,65</b>	85,59	99,26	<b>99,32</b>
6.	<i>Normal superficiel</i>	<b>87,40</b>	85,21	<b>99,87</b>	99,83
7.	<i>Severe dysplastic</i>	<b>89,26</b>	89,09	92,29	<b>92,41</b>
	Rata-rata semua kelas	<b>87,54</b>	87,03	<b>94,55</b>	94,41

Tabel 4.6 menunjukkan bahwa segmentasi nukleus lebih baik dengan segmentasi awal FCM-RGVF *snake* melalui tahapan *filtering* daripada FLICM-RGVF *snake* tanpa *filtering*. Hal ini ditunjukkan dari rata-rata ZSI ketujuh kelas yang lebih tinggi daripada metode FLICM-RGVF *snake* tanpa tahapan *filtering*. Perhitungan evaluasi dengan akurasi menunjukkan bahwa metode FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* memberikan hasil lebih baik di empat kelas yaitu kelas *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *normal columnar*, dan *normal superficiel*.

Tabel 4.7 menunjukkan bahwa FLICM-RGVF *snake* tanpa *filtering* memberikan performa lebih baik untuk segmentasi sitoplasma daripada metode FCM-RGVF *snake* dengan *filtering*. Hal ini ditunjukkan pada lima kelas citra smear serviks yang mempunyai nilai rata-rata ZSI maupun akurasi lebih tinggi pada metode FLICM-RGVF *snake* tanpa *filtering*. Kelima kelas tersebut antara lain *Carcinoma in situ*, *Light dysplastic*, *Moderate dysplastic*, *Normal superficiel*, dan *Severe dysplastic*. Rata-rata ZSI segmentasi pada semua kelas sebesar 84,43% untuk proses segmentasi sitoplasma dengan FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering*. Sedangkan pada proses segmentasi sitoplasma dengan FLICM-RGVF

*snake* tanpa *filtering*, nilai ZSI sebesar 84,84%. Nilai akurasi secara keseluruhan sebesar 81,18% untuk proses segmentasi sitoplasma dengan FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* dan sebesar 81,43% untuk proses segmentasi FLICM-RGVF *snake* tanpa tahap *filtering*. Nilai rata-rata ZSI dan akurasi dari semua kelas pada segmentasi FLICM-RGVF *snake* tanpa *filtering* lebih tinggi daripada FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* walaupun perbedaan keduanya tidak terlalu signifikan.

#### 4.4. Analisis Hasil Uji Coba

Data yang digunakan untuk uji coba adalah citra mikroskopik citra sel tunggal smear serviks. Data yang digunakan berasal dari *Herlev University Hospital* yang dikumpulkan dengan menggunakan kamera digital dan mikroskop. *Groundtruth* dibuat menggunakan *software* CHAMP sehingga didapatkan tiga area utama yaitu nukleus, sitoplasma, dan *background*. Dari 917 data yang ada, tidak semua bisa dianalisis. Terdapat data-data yang gagal didapatkan inisial konturnya sehingga tidak dapat dilanjutkan ke segmentasi akhir. Data yang paling banyak gagal ada pada kelas *normal superficiel* (kelas 6). Pada data ini nukleus pada citra berukuran kecil sehingga dengan *threshold* yang digunakan pada

Tabel 4.7 Evaluasi segmentasi sitoplasma citra smear serviks menggunakan segmentasi awal FCM dengan tahapan *filtering* dan FLICM tanpa *filtering*

No.	Kelas	Rata-rata ZSI (%)		Rata-rata akurasi (%)	
		FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM-RGVF <i>snake</i>	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM-RGVF <i>snake</i>
1.	<i>Carcinoma in situ</i>	83,31	<b>83,99</b>	79,15	<b>79,84</b>
2.	<i>Light dysplastic</i>	81,28	<b>82,34</b>	78,15	<b>78,97</b>
3.	<i>Moderate dysplastic</i>	83,13	<b>83,94</b>	79,27	<b>79,99</b>
4.	<i>Normal columnar</i>	<b>81,95</b>	81,53	<b>80,23</b>	79,87
5.	<i>Normal intermediate</i>	<b>93,45</b>	92,77	<b>91,89</b>	90,95
6.	<i>Normal superficiel</i>	86,77	<b>87,61</b>	82,04	<b>82,57</b>
7.	<i>Severe dysplastic</i>	81,14	<b>81,70</b>	77,51	<b>77,84</b>
	Rata-rata semua kelas	84,43	<b>84,84</b>	81,18	<b>81,43</b>



Gambar 4.4 Contoh citra smear serviks pada kelas *normal superficial*

parameter untuk mendapatkan inisial kontur, nukleus tersebut dianggap *noise* dan dihilangkan. Dataset citra yang tidak bisa dianalisis dapat juga disebabkan karena normalisasi CIELAB pada tahap pre prosesing. Pada tahap awal digunakan kanal  $L^*$  untuk normalisasi. Hasilnya beberapa data tidak dapat dilanjutkan ke proses selanjutnya, karena saat segmentasi awal nukleus, sitoplasma dan *background* tidak dapat terklaster dengan baik dan mengakibatkan inisial kontur tidak didapatkan sehingga proses berhenti. Pada saat normalisasi CIELAB diubah pada kanal  $a^*$  dan  $b^*$  maka beberapa data yang tadinya tidak bisa dianalisis dapat dilanjutkan ke tahap berikutnya yaitu segmentasi awal dan segmentasi akhir. Contoh citra pada kelas *normal superficial* ditunjukkan pada Gambar 4.4.

Segmentasi awal berfungsi untuk mendapatkan inisial kontur untuk metode RGVF *snake*. Pada tesis ini menggunakan metode FLICM sebagai segmentasi awal untuk mendapatkan inisial kontur yang nantinya akan digunakan pada metode selanjutnya yaitu RGVF *snake*. Metode FLICM mempertimbangkan informasi ketetanggaan (*local information*) dan level keabuan (*gray level*) yang ditunjukkan pada faktor  $G_{ki}$ . Dengan menggunakan informasi spasial ( $d_{ij}$ ) maka mempengaruhi piksel dalam *local window* yang berubah secara fleksibel sesuai jarak dari piksel pusat. Hal ini menyebabkan FLICM lebih baik daripada FCM karena *robust* terhadap *noise*.

Untuk membuktikan bahwa FLICM *robust* terhadap *noise* dilakukan uji coba yang pertama yaitu uji coba untuk mengetahui hasil segmentasi tanpa dan dengan *median filtering*. Uji coba ini menggunakan FLICM sebagai segmentasi awal dan RGVF *snake* untuk mendapatkan kontur nukleus dan sitoplasma yang lebih akurat. Pada tesis ini digunakan *median filtering* dengan *window* 5x5 untuk menghilangkan *noise*. Dari hasil uji coba yang pertama segmentasi nukleus pada

kelas *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *normal intermediate*, *normal superficiel*, dan *normal columnar* nilai rata-rata ZSI pada saat melalui proses *median filtering* lebih tinggi daripada tanpa melalui tahap *filtering*. Sedangkan pada segmentasi sitoplasma terdapat empat kelas yang menghasilkan rata-rata ZSI lebih tinggi pada segmentasi tanpa melalui tahapan *filtering*. Kelas tersebut adalah *carcinoma in situ*, *light dysplastic*, *moderate dysplastic*, dan *normal superficiel*. Nilai ZSI menghitung presentase rasio overlap di antara dua citra. Nilai  $ZSI > 70\%$  dianggap sebagai *excellent segmentation*. Perhitungan akurasi pada uji coba pertama menunjukkan bahwa pada segmentasi nukleus tanpa *filtering*, rata-rata akurasi pada kelas *moderate dysplastic*, *normal intermediate*, dan *severe dysplastic* lebih tinggi dibandingkan dengan *median filtering*. Nilai akurasi mengukur seberapa besar yang terklasifikasi dengan benar secara keseluruhan. Nilai akurasi dari semua kelas menunjukkan hasil sekitar 70% sampai dengan 90%, sehingga dapat disimpulkan bahwa hasil segmentasi sudah cukup baik.

Uji coba kedua dilakukan untuk mengetahui performa metode hibrid FLICM dan RGVF *snake* dibandingkan dengan FCM-RGVF *snake*. Untuk segmentasi nukleus, metode FCM sebagai segmentasi awal menunjukkan hasil yang lebih baik daripada metode FLICM. Sedangkan untuk segmentasi sitoplasma, FLICM menghasilkan performa yang lebih baik pada mayoritas kelas (lima kelas) dibandingkan dengan metode FCM sebagai segmentasi awal. Hal ini membuktikan dengan menggunakan metode FLICM sebagai segmentasi awal maka wilayah sitoplasma yang tadinya dianggap sebagai background dapat tersegmentasi dengan baik.

Uji coba ketiga dilakukan untuk membuktikan performa metode hibrida FLICM dan RGVF *snake* tanpa *filtering* lebih baik daripada FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering*. Untuk segmentasi nukleus, metode FCM sebagai segmentasi awal menunjukkan hasil yang lebih baik daripada metode FLICM. Sedangkan untuk segmentasi sitoplasma, FLICM menghasilkan performa yang lebih baik pada mayoritas kelas (empat kelas) dibandingkan dengan metode FCM sebagai segmentasi awal. Uji coba ini membuktikan bahwa tidak diperlukan tahap preprosesing dalam hal ini *median filtering* untuk menggunakan metode FLICM sebagai segmentasi awal.

Tabel 4.8 menunjukkan hasil dari rata-rata ZSI semua kelas citra smear serviks. Metode segmentasi FLICM-RGVF *snake* menghasilkan rata-rata ZSI lebih tinggi daripada metode FCM-RGVF *snake* baik pada segmentasi nukleus maupun sitoplasma. Pada metode FCM-RGVF *snake* tanpa *filtering* untuk segmentasi nukleus, rata-rata ZSI adalah sebesar 86,96% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 87,03%. Pada metode FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* untuk segmentasi nukleus, rata-rata ZSI adalah sebesar 87,54% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 87,56%. Pada metode FCM-RGVF *snake* tanpa *filtering* untuk segmentasi sitoplasma, rata-rata ZSI adalah sebesar 84,33% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 84,89%. Pada metode FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* untuk segmentasi sitoplasma, rata-rata ZSI adalah sebesar 84,43% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 84,66%.

Tabel 4.9 menunjukkan hasil dari rata-rata akurasi semua kelas citra smear serviks. Metode segmentasi FLICM-RGVF *snake* menghasilkan rata-rata akurasi lebih tinggi daripada metode FCM-RGVF *snake* baik pada segmentasi nukleus maupun sitoplasma. Pada metode FCM-RGVF *snake* tanpa *filtering* untuk segmentasi nukleus, rata-rata akurasi adalah sebesar 94,40% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 94,41%. Pada metode FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* untuk segmentasi nukleus, rata-rata akurasi adalah sebesar 94,57% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 94,55%. Pada metode FCM-RGVF *snake* tanpa *filtering* untuk segmentasi sitoplasma, rata-rata akurasi adalah sebesar 80,96% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 81,43%. Pada metode FCM-RGVF *snake* dengan *median filtering* untuk segmentasi sitoplasma, rata-rata akurasi adalah sebesar 81,18% sedangkan pada metode FLICM-RGVF *snake* sebesar 81,37%.

Rata-rata ZSI dan akurasi pada Tabel 4.8 dan Tabel 4.9 menunjukkan bahwa hasil dari FLICM-RGVF *snake* dengan *median filtering* maupun tanpa *filtering* tidak berbeda jauh. Hasil ini ditunjukkan pada segmentasi nukleus maupun sitoplasma. Sehingga pada tahap preprosesing pada segmentasi bisa direduksi satu tahap yaitu tahap *filtering*.

Hasil segmentasi dengan menggunakan segmentasi awal FLICM tanpa *filtering* hampir sama dengan FCM dengan *filtering* yang dapat dilihat dari nilai rata-rata ZSI dan akurasi yang tidak terlalu berbeda jauh baik pada segmentasi nukleus maupun sitoplasma. Penggunaan FLICM sebagai segmentasi awal menyebabkan sitoplasma tersegmentasi dengan baik pada saat dicari konturnya melalui metode segmentasi RGVF *snake*. Hal ini membuktikan FLICM *robust* terhadap *noise*.

Tabel 4.8 Rata-rata ZSI dari semua kelas citra smear serviks

<i>Filtering</i>	Rata-rata ZSI nukleus (%)		Rata-rata ZSI sitoplasma (%)	
	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>
tanpa <i>filtering</i>	86,96	<b>87,03</b>	84,33	<b>84,84</b>
<i>median filtering</i>	87,54	<b>87,56</b>	84,43	<b>84,66</b>

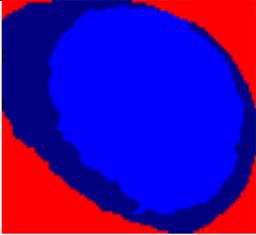
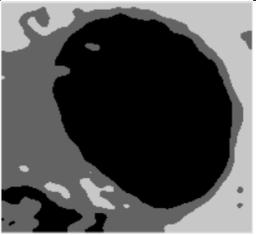
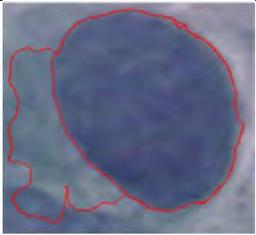
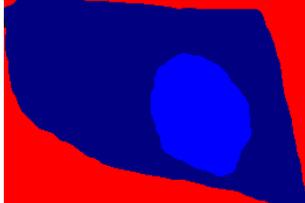
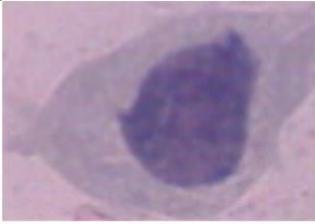
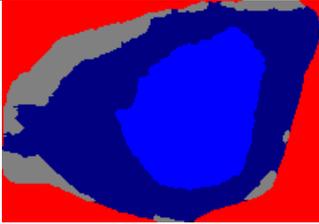
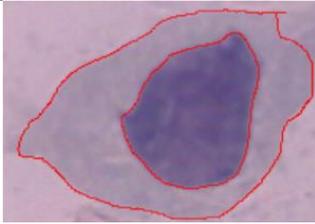
Tabel 4.9 Rata-rata akurasi dari semua kelas citra smear serviks

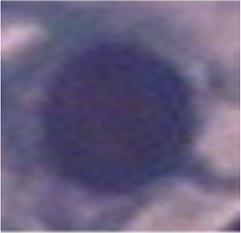
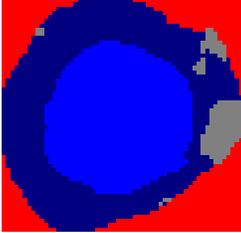
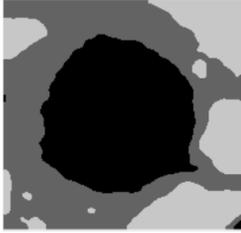
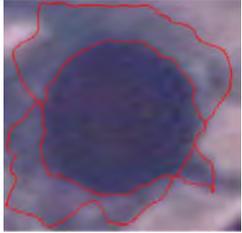
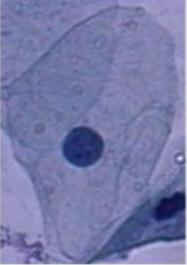
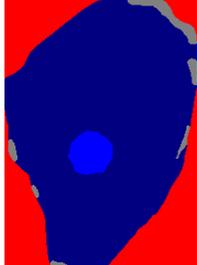
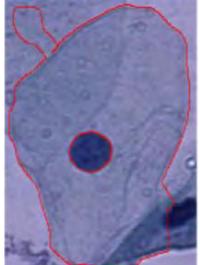
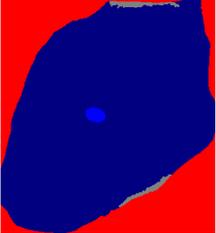
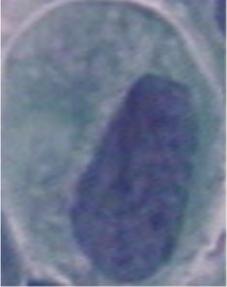
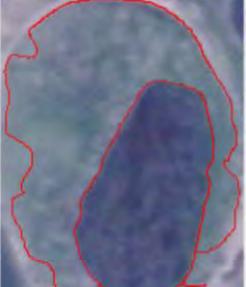
<i>Filtering</i>	rata-rata akurasi nukleus (%)		rata-rata akurasi sitoplasma (%)	
	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>	FCM-RGVF <i>snake</i>	FLICM- RGVF <i>snake</i>
tanpa <i>filtering</i>	94,40	<b>94,41</b>	80,96	<b>81,43</b>
<i>median filtering</i>	<b>94,57</b>	94,55	81,18	<b>81,37</b>

*[halaman ini sengaja dikosongkan]*

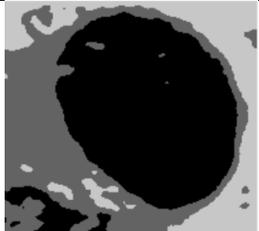
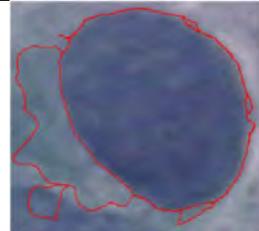
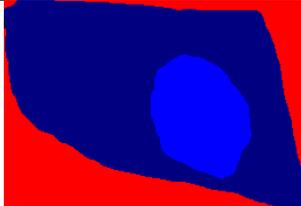
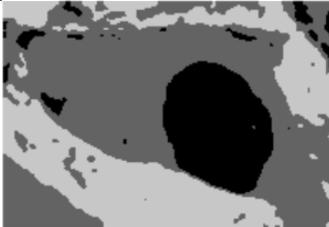
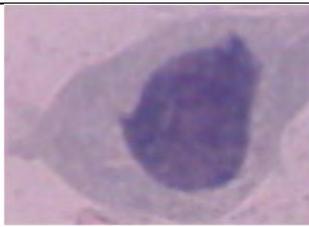
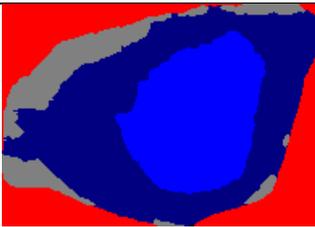
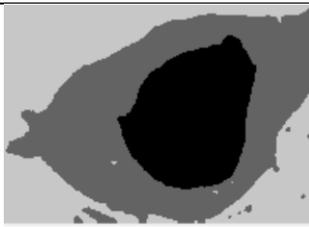
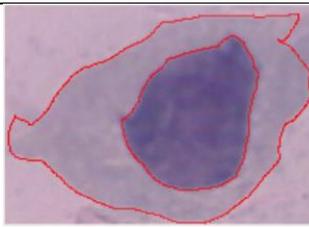
## LAMPIRAN

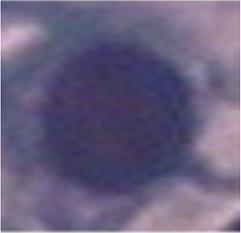
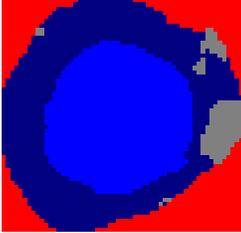
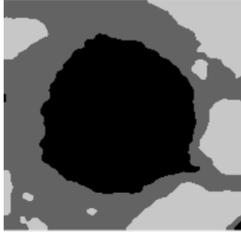
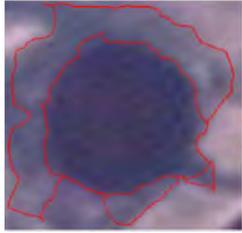
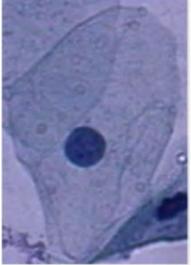
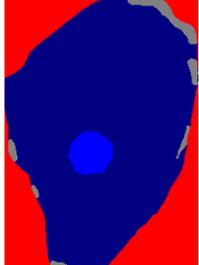
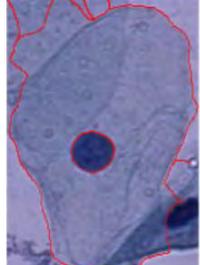
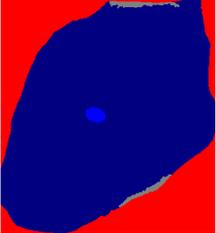
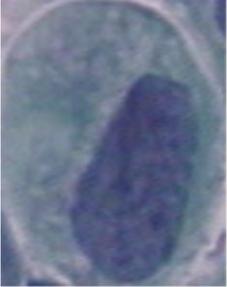
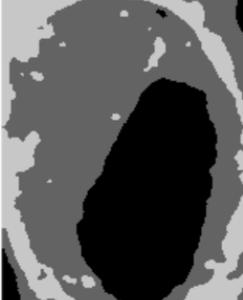
Lampiran 1. Hasil segmentasi citra smear serviks dengan metode *hybrid* FLICM dan RGVF *snake* melalui proses filtering (median filtering)

no	Kelas	Citra asli	Groundtruth	FLICM	FLICM-RGVF <i>snake</i>	ZSI
1.	<i>Carcinoma in situ</i>					Nukleus = 0.97649 Sitoplasma = 0.86172
2.	<i>Light dysplastic</i>					Nukleus = 0.95145 Sitoplasma = 0.85788
3.	<i>Moderate dysplastic</i>					Nukleus = 0.97892 Sitoplasma = 0.95593

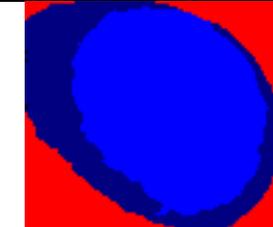
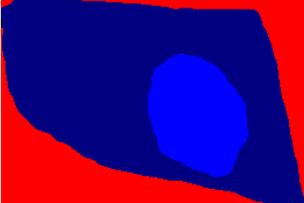
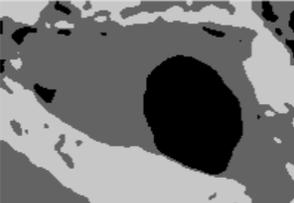
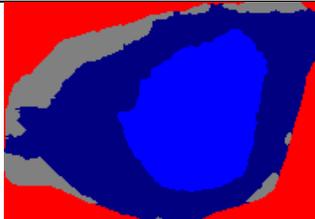
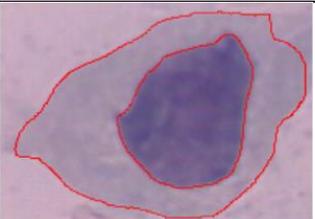
4.	<i>Normal columnar</i>					Nukleus = 0.92789  Sitoplasma = 0.92539
5.	<i>Normal intermediate</i>					Nukleus = 0.93349  Sitoplasma = 0.91783
6.	<i>Normal superficiel</i>					Nukleus = 0.87404  Sitoplasma = 0.86745
7.	<i>Severe dysplastic</i>					Nukleus = 0.94507  Sitoplasma = 0.94965

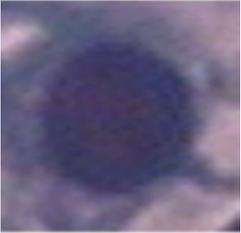
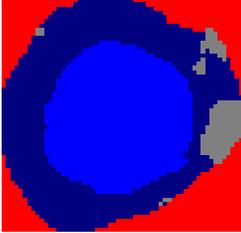
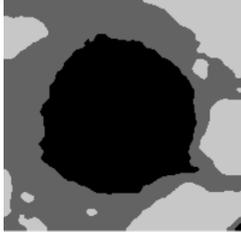
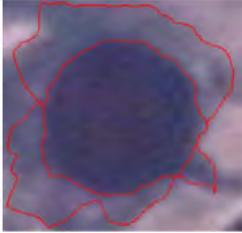
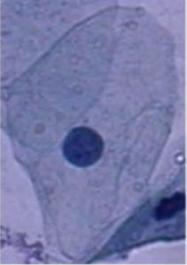
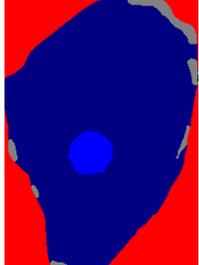
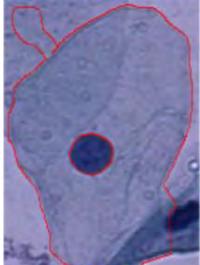
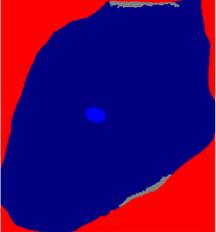
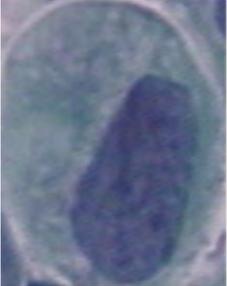
Lampiran 2. Hasil segmentasi citra smear serviks dengan metode *hybrid* FLICM dan RGVF *snake* tanpa melalui proses filtering

no	Kelas	Citra asli	Groundtruth	FLICM	FLICM-RGVF <i>snake</i>	ZSI
1.	<i>Carcinoma in situ</i>					Nukleus = 0.97514 Sitoplasma = 0.8758
2.	<i>Light dysplastic</i>					Nukleus = 0.92515 Sitoplasma = 0.88407
3.	<i>Moderate dysplastic</i>					Nukleus = 0.97914 Sitoplasma = 0.95739

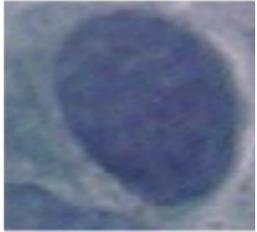
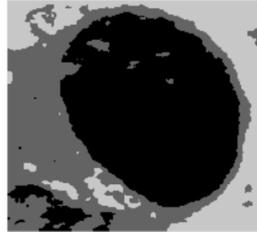
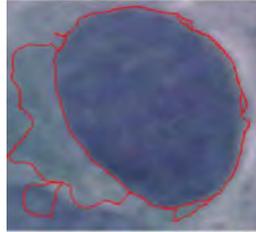
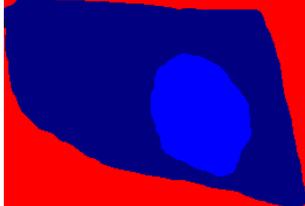
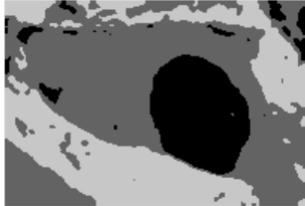
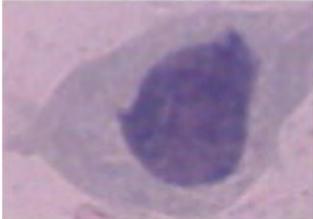
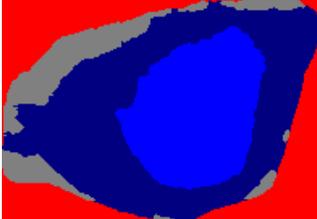
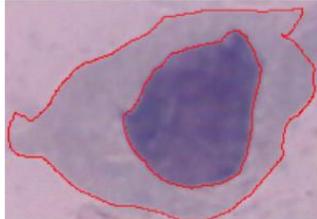
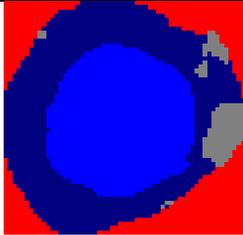
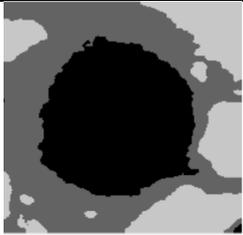
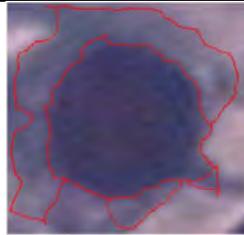
4.	<i>Normal columnar</i>					Nukleus = 0.90512  Sitoplasma = 0.91673
5.	<i>Normal intermediate</i>					Nukleus = 0.92736  Sitoplasma = 0.91783
6.	<i>Normal superficiel</i>					Nukleus = 0.85213  Sitoplasma = 0.91128
7.	<i>Severe dysplastic</i>					Nukleus = 0.94129  Sitoplasma = 0.95787

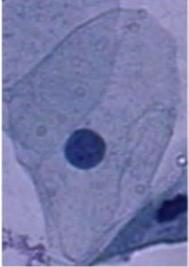
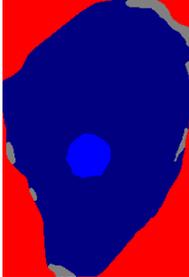
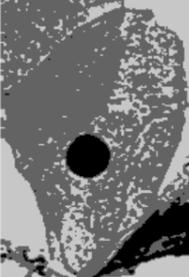
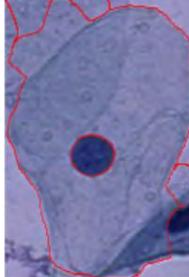
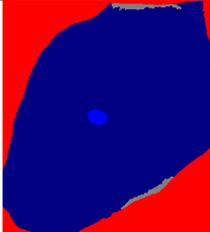
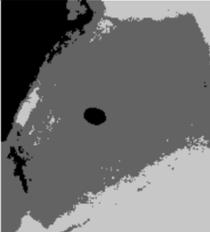
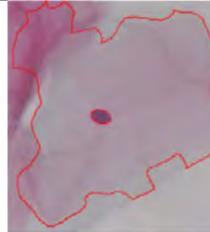
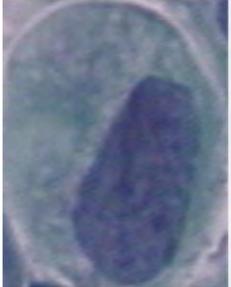
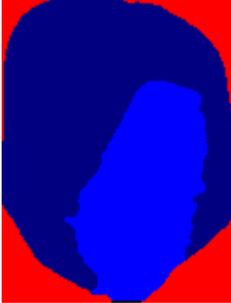
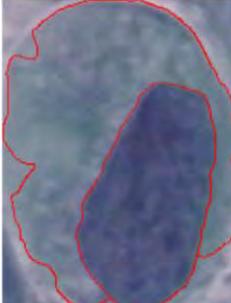
Lampiran 3. Hasil segmentasi citra smear serviks dengan metode *hybrid* FCM dan *RGVF snake* melalui proses filtering (median filtering)

no	Kelas	Citra asli	Groundtruth	FCM	FCM-RGVF <i>snake</i>	ZSI
1.	<i>Carcinoma in situ</i>					Nukleus = 0.97649 Sitoplasma = 0.86172
2.	<i>Light dysplastic</i>					Nukleus = 0.94734 Sitoplasma = 0.87158
3.	<i>Moderate dysplastic</i>					Nukleus = 0.97886 Sitoplasma = 0.95554

4.	<i>Normal columnar</i>					Nukleus = 0.92761  Sitoplasma = 0.92527
5.	<i>Normal intermediate</i>					Nukleus = 0.93643  Sitoplasma = 0.91792
6.	<i>Normal superficiel</i>					Nukleus = 0.87404  Sitoplasma = 0.86771
7.	<i>Severe dysplastic</i>					Nukleus = 0.94516  Sitoplasma = 0.94965

Lampiran 4. Hasil segmentasi citra smear serviks dengan metode *hybrid* FCM dan RGVF *snake* tanpa melalui proses filtering

no	Kelas	Citra asli	Groundtruth	FCM	FCM-RGVF <i>snake</i>	ZSI
1.	<i>Carcinoma in situ</i>					Nukleus = 0.97509 Sitoplasma = 0.87555
2.	<i>Light dysplastic</i>					Nukleus = 0.92515 Sitoplasma = 0.88407
3.	<i>Moderate dysplastic</i>					Nukleus = 0.97868 Sitoplasma = 0.95753
4.	<i>Normal columnar</i>					Nukleus = 0.90532 Sitoplasma = 0.91674

5.	<i>Normal intermediate</i>					Nukleus = 0.92736  Sitoplasma = 0.91154
6.	<i>Normal superficial</i>					Nukleus = 0.85000  Sitoplasma = 0.87513
7.	<i>Severe dysplastic</i>					Nukleus = 0.94156  Sitoplasma = 0.95773

Lampiran 5. Rata-rata nilai ZSI pada tiap kelas

Nama Kelas	Rata-rata Nilai ZSI Nukleus				Rata-rata ZSI Sitoplasma			
	Tanpa Filtering		Filtering		Tanpa Filtering		Filtering	
	FCM	FLICM	FCM	FLICM	FCM	FLICM	FCM	FLICM
<i>Carcinoma in Situ (64)</i>	0.90360	0.90270	0.90570	0.90459	0.83604	0.83997	0.83313	0.83478
<i>Light dysplastic (58)</i>	0.89207	0.89656	0.90326	0.89943	0.81644	0.82340	0.81283	0.81557
<i>Moderate dysplastic(48)</i>	0.91237	0.90743	0.90755	0.90689	0.82941	0.83942	0.83129	0.83704
<i>Normal columnar (32)</i>	0.78645	0.78656	0.78836	0.79780	0.81109	0.81531	0.81952	0.81903
<i>Normal intermediate(17)</i>	0.85625	0.85591	0.85649	0.85679	0.92092	0.92770	0.93446	0.93537
<i>Normal superficiel (1)</i>	0.85000	0.85213	0.87404	0.87404	0.87513	0.87606	0.86771	0.86745
<i>Severe dysplastic (86)</i>	0.88634	0.89094	0.89257	0.88955	0.81384	0.81703	0.81141	0.81710
<i>rata-rata</i>	<b>0.86958</b>	<b>0.87032</b>	<b>0.87542</b>	<b>0.87558</b>	<b>0.84327</b>	<b>0.84841</b>	<b>0.84434</b>	<b>0.84662</b>
<i>st deviasi</i>	0.043295	0.043001	0.042735	0.038712	0.040641	0.040641	0.044076	0.043088

Lampiran 6. Rata-rata nilai akurasi pada tiap kelas

Nama Kelas	Rata-rata Nilai akurasi Nukleus				Rata-rata akurasi Sitoplasma			
	Tanpa Filtering		Filtering		Tanpa Filtering		Filtering	
	FCM	FLICM	FCM	FLICM	FCM	FLICM	FCM	FLICM
<i>Carcinoma in Situ (64)</i>	0.91741	0.91708	0.91962	0.91864	0.79418	0.79837	0.79153	0.79313
<i>Light dysplastic (58)</i>	0.95419	0.95530	0.95983	0.95802	0.78308	0.78971	0.78149	0.78331
<i>Moderate dysplastic(48)</i>	0.95133	0.94786	0.94917	0.94769	0.79150	0.79985	0.79269	0.79734
<i>Normal columnar (32)</i>	0.87122	0.87259	0.87555	0.87978	0.79534	0.79868	0.80234	0.80191
<i>Normal intermediate(17)</i>	0.99320	0.99323	0.99262	0.99264	0.90227	0.90950	0.91894	0.91977
<i>Normal superficiel (1)</i>	0.99835	0.99838	0.99865	0.99865	0.82448	0.82566	0.82041	0.82011
<i>Severe dysplastic (86)</i>	0.92266	0.92413	0.92451	0.92293	0.77603	0.77838	0.77513	0.78008
<i>rata-rata</i>	<b>0.94405</b>	<b>0.94408</b>	<b>0.94571</b>	<b>0.94548</b>	<b>0.80955</b>	<b>0.81431</b>	<b>0.81179</b>	<b>0.81366</b>
<i>st deviasi</i>	0.044705	0.044237	0.043335	0.042345	0.043606	0.044335	0.049468	0.048605

## BAB 5

### PENUTUP

Bab ini berisi kesimpulan dari penelitian yang telah dilakukan beserta saran untuk penelitian lebih lanjut.

#### 5.1 Kesimpulan

Dari uji coba yang telah dilakukan maka dapat disimpulkan bahwa:

- Uji coba pertama adalah membandingkan performa antara metode FLICM-RGVF *snake* dengan dan tanpa melalui tahapan filtering. Uji coba kedua adalah membandingkan performa antara metode FCM-RGVF *snake* dengan FLICM-RGVF *snake*. Keduanya melalui tahapan *median filtering*. Uji coba ketiga adalah membandingkan performa antara metode FCM-RGVF *snake* melalui tahapan filtering dengan FLICM-RGVF *snake* tanpa melalui tahapan filtering.
- Metode yang diusulkan mencapai rata-rata ZSI sebesar 87,03% untuk segmentasi nukleus tanpa melalui median filtering dan sebesar 87,56% dengan tahapan *median filtering*. Untuk segmentasi sitoplasma, metode yang diusulkan mencapai rata-rata ZSI sebesar 84,84% tanpa melalui tahapan *filtering* dan sebesar 84,66% melalui tahapan *filtering*. Hasil ini lebih besar dari metode sebelumnya.
- Rata-rata akurasi dari metode yang diusulkan mencapai 94,41% untuk segmentasi nukleus tanpa melalui median filtering dan sebesar 94,55% dengan tahapan *median filtering*. Untuk segmentasi sitoplasma, metode yang diusulkan mencapai rata-rata akurasi sebesar 81,43% tanpa melalui tahapan *filtering* dan sebesar 81,37% melalui tahapan *filtering*. Hasil ini lebih besar dari metode sebelumnya kecuali pada segmentasi nukleus yang melalui *median filtering*.
- Nilai rata-rata ZSI pada semua uji coba menunjukkan hasil lebih dari 70% sehingga dapat disimpulkan terdapat similaritas yang tinggi antara citra *groundtruth* dengan citra hasil segmentasi.

- Nilai rata-rata akurasi pada semua kelas menunjukkan hasil sekitar 70% sampai dengan 90% sehingga dapat dikatakan hasil segmentasi sudah cukup baik.
- Penggunaan FLICM sebagai segmentasi awal menyebabkan sitoplasma tersegmentasi dengan baik dan dapat digunakan sebagai inisial kontur untuk metode segmentasi selanjutnya yaitu RGVF *snake*.
- Dari ketiga uji coba di atas dapat disimpulkan metode *hybrid* FLICM dan RGVF *snake* memberikan performa yang baik walaupun tanpa melalui proses *filtering*. Hal ini membuktikan bahwa metode yang diusulkan *robust* terhadap *noise*.

## 5.2 Saran

Saran untuk penelitian selanjutnya, dapat diterapkan pada citra smear serviks yang berupa *multiple cell* atau citra sel yang lain untuk mendapatkan kontur yang lebih akurat. Kemudian dapat digunakan metode lain untuk mendapatkan inisial kontur pada RGVF *snake* sehingga dataset yang belum bisa dianalisis dapat digunakan.

## DAFTAR PUSTAKA

- <http://zoemanzie.blogspot.co.id/2013/02/kanker-serviks-danpencegahannya.html>, diakses tanggal 23-2-2016 pukul 11.16
- Chankong T., Umpon, N.T., Auephanwiriyaikul S. (2014). “Automatic cervical cell segmentation and classification in Pap smears”, *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. hal. 539-556.
- Genctav, A., Aksoy, S., dan Onder, S. (2012), “Unsupervised segmentation and classification of cervical cell images”, *Pattern Recognition*, Vol. 45, hal. 4151–4168.
- Jantzen, J., Norup, J., Dounias, G., dan Bjerregaard B., (2005), *Pap-smear Benchmark Data For Pattern Classification*, Dept. of Pathology Herlev University Hospital, Herlev.
- Jantzen, J., dan G., Dounias, (2006), “Analysis of pap smear image data”, *Proceedings of the Nature-Inspired Smart Information Systems 2nd Annual Symposium, NISIS*
- Kadir, A., dan Susanto A., (2013), *Teori dan Aplikasi Pengolahan Citra*, Andi, Yogyakarta.
- Krinidis, S., dan Chatzis, V. (2010), “A Robust Fuzzy Local Information C-Means Clustering Algorithm”, *IEEE Transactions on Image Processing*, Vol. 19, No. 5, hal. 1328-1337.
- Leski, J.M. (2016), “Fuzzy-c-ordered-means clustering”, *Fuzzy Sets and System*, Vol. 286, hal. 114-133.
- Li, K., Lu, Z., Liu, W., dan Yin, J. (2012). “Cytoplasm and nucleus segmentation in cervical smear images using Radiating GVF Snake”, *Pattern Recognition*, Vol. 45, hal. 1255-1264.
- Malm, P., Balakrishnan, B.N., Sujathan, V.K., Kumar, R., dan Bengtsson, E. (2013). “Debris removal in Pap-smear images”, *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, Vol. 3, hal. 128–138.
- Mbaga, A.H., dan Zhijun, P. (2015), “Pap Smear Images Segmentation for Automatic Detection of Cervical Cancer”, *International Journal of Science and Research*, Vol. 4, No. 4, hal. 940-943.

- Meijering, E. (2012). “Cell Segmentation: 50 Years Down the Road”, *IEEE Signal Processing Magazine*, Vol. 29, No. 5, hal. 140–145.
- Nurwijaya, H., Andrijono, Suheimi, HK., (2010), *Cegah dan Deteksi Kanker Serviks*, Elex Media Computindo, Jakarta.
- Prasetyo, E., (2011), *Pengolahan Citra Digital dan Aplikasinya menggunakan Matlab*, Andi, Yogyakarta.
- Wulansari, S., Tjandrasa, H., dan Fatichah, C. (2013). “Segmentasi Tepi pada Citra Berwarna Menggunakan Deteksi Tepi dan Fuzzy C-Means yang Dimodifikasi Berdasarkan Informasi Ketetanggaan”, *Jurnal teknik Pomits*, Vol. 2, No. 1, hal. 1-4.
- Russ, J. C. (2011), *The Image Processing Handbook*, 6<sup>th</sup> edition, CRC press, Boca Raton, Florida.
- Scotti, F. (2006), “Robust Segmentation and Measurements Techniques of White Cells in Blood Microscope Images”, *Proceedings of the 2006 IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference*, Eds: Daponte, P. et al., IEEE Instrumentation and Measurement Society, Sorrento, hal. 43-48.
- Susanti, M.D.E., Tjandrasa, H., dan Fatichah, C. (2015), *Segmentasi Nukleus dan Sitoplasma pada Citra Smear Serviks menggunakan Kombinasi Metode Fuzzy C- Means Clustering dan Radiating Gradient Vector Flow Snake*, Tugas Akhir, Institut Teknologi Sepuluh Nopember, Surabaya.
- Tan, P.N., Stainbach, M., dan Kumar, V., (2006), *Introduction to Data Mining 4th edition*. Pearson Addison Wesley. New York.
- Xu, C dan Prince., J, (2002), “Snakes, Shape, and Gradient Vector Flow”, *IEEE Transactions on Image Processing*, Vol. 7, hal. 359-369.

## BIODATA PENULIS



Fitriah Maharani Humaira, S.Si adalah anak kedua dari tiga bersaudara. Lahir di Malang, 20 Juni 1989. Menempuh pendidikan Sekolah Dasar di SDN Kauman II Malang, Sekolah Menengah Pertama di SMPN 1 Malang dan lulus Sekolah Menengah Atas dari SMAN 1 Malang pada tahun 2007, dan melanjutkan studi S1 di Statistika Universitas Brawijaya hingga lulus pada tahun 2011.

Dalam studi S1-nya di Statistika Universitas Brawijaya penulis aktif di lembaga kemahasiswaan Studio Statistika sebagai Sekretaris I serta menjadi asisten dosen di beberapa mata kuliah Statistika. Selain beraktifitas di bidang pendidikan, penulis juga pernah aktif dalam kegiatan profesional di bank swasta serta menjadi tenaga pendidik. Saat ini penulis sedang mengabdikan diri di Politeknik Negeri Madura. Penulis bisa dihubungi melalui email di alamat [humaira1124@yahoo.com](mailto:humaira1124@yahoo.com).