



TESIS-KI142502

**Penggabungan Fitur Tekstur yang *Invariant*
terhadap Iluminasi dan Fitur Bentuk untuk
Deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia***

RIZAL ADI SAPUTRA
5113201002

Dosen Pembimbing
Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
Dr. Eng. Nanik Suciati, S.Kom., M.Kom.

PROGRAM MAGISTER
JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA
FAKULTAS TEKNOLOGI INFORMASI
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2015



THESIS-KI142502

Combination of Illumination Invariant Texture Feature and Shape Feature for Acute Lymphoblastic Leukemia Detection

RIZAL ADI SAPUTRA
5113201002

Supervisor

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

Dr. Eng. Nanik Suciati, S.Kom., M.Kom.

MAGISTER PROGRAM
DEPARTMENT OF INFORMATICS ENGINEERING
FACULTY OF INFORMATION TECHNOLOGY
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER SURABAYA
2015

Tesis disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar
Magister Komputer (M.Kom.)

di

Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

oleh:

Rizal Adi Saputra

Nrp. 5113 201 002

Tanggal Ujian : 9 Juli 2015

Periode Wisuda : September 2015

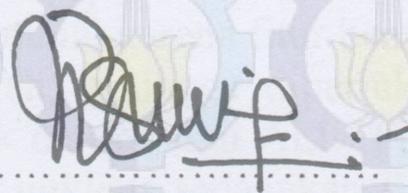
Disetujui oleh:

1. Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
NIP.19751220 200112 2 002



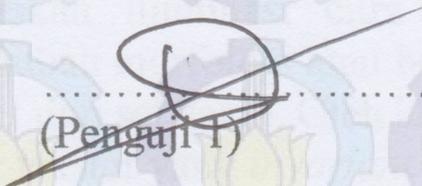
.....
(Pembimbing1)

2. Dr. Eng. Nanik Suciati, S.Kom., M.Kom.
NIP. 19710428 199412 2 001



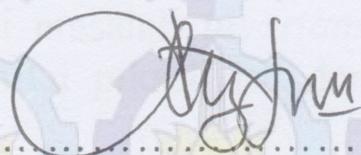
.....
(Pembimbing 2)

3. Prof.Dr.Ir. Joko Lianto Buliali, M.Sc.
NIP. 19670727 199203 1 002



.....
(Penguji 1)

4. Anny Yuniarti, S.Kom, M.Comp.Sc.
NIP. 19810622 200501 2 002



.....
(Penguji 2)

5. Arya Yudhi Wijaya, S.Kom. M.Kom.
NIP. 19840904 201012 1 002



.....
(Penguji 3)



Direktur Program Pasca Sarjana

Prof. Dr. Ir. Adi Soeprijanto, MT

NIP. 19640405 199002 1 001

KATA PENGANTAR

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Alhamdulillahirabbil'alamin, segala puji bagi Allah SWT, yang telah melimpahkan rahmat dan hidayah-Nya sehingga penulis bisa menyelesaikan Tesis yang berjudul ***“Penggabungan Fitur Tekstur yang Invariant terhadap Iluminasi dan Fitur Bentuk untuk Deteksi Acute Lymphoblastic Leukemia”*** dengan tepat waktu.

Pengerjaan Tesis ini merupakan suatu kesempatan yang sangat berharga bagi penulis, karena dengan pengerjaan Tesis ini, penulis bisa memperdalam, meningkatkan, serta mengimplementasikan apa yang telah didapatkan penulis selama menempuh perkuliahan di Teknik Informatika ITS.

Terselesaikannya buku Tesis ini, tidak terlepas dari bantuan dan dukungan semua pihak. Oleh karena itu, penulis ingin menyampaikan rasa terima kasih kepada:

1. Bapak dan ibu nomor satu sedunia, Bapak Katirin dan Ibu Rasmiati, adikku Rizka dan seluruh keluarga besar yang telah memberikan semangat, kasih sayang, perhatian serta dukungan dan doa untuk penulis.
2. Ibu Dr.Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom. dan Dr.Eng. Nanik Suciati, S.Kom, M.Kom., selaku Dosen Pembimbing I dan II yang telah banyak meluangkan waktu dan pikiran sampai terselesaikannya tesis ini. Semoga Allah SWT senantiasa merahmati ibu dan keluarga.
3. Bapak Prof.Dr.Ir. Joko Lianto Buliali, M.Sc., Ibu Anny Yuniarti, S.Kom, M.Comp.Sc, dan Bapak Arya Yudhi Wijaya, S.Kom. M.Kom., selaku penguji tesis yang telah memberikan banyak masukan.
4. Bapak Prof.Ir.Supeno Djanali, MSc,PhD, selaku dosen wali yang telah memberikan nasehat dan masukan selama saya menempuh studi di Teknik Informatika.
5. Seluruh dosen S2 Teknik Informatika ITS yang telah memberikan wawasan serta ilmu pengetahuan baru bagi saya selama menempuh masa studi pascasarjana.

6. Teman-teman seperjuangan dari zaman SMA sampai S2, Lala, Yayan, Mb Yuw dan Kk Muth, serta teman diskusi yang selalu direpotin Mbak Laili dan Mas Eka. Terima kasih atas segala bantuan dan kebersamaannya selama perkuliahan. Semoga segala cita-cita dan impian kita dapat tercapai.
7. Dias, Afin, Doni, Adit, Ditra, Bonar, Arie, Hasbi, Lio, Raka, Faris, Billy, Peter, Hilmi, Kevin, Nabil, Eldwin, Hans, Arif, Christ, Frans, Samsul, Ianzie, dan seluruh GRIA PENA. Terima kasih telah saling berbagi suka duka, dan kebersamaan sebagai anak rantau. Semoga persaudaraan ini terus berlanjut dan sukses semua buat kita.
8. Calon dokter cantik Arudita dan Kiki Amelia terima kasih atas bantuan pemahamannya tentang *Acute Lymphoblastic Leukemia*. Semoga cepat jadi dokter, Indonesia sudah menunggu sumbangsih kalian dalam bidang kedokteran.
9. Teman-teman S2 Teknik Informatika angkatan 2013 yang saling mendukung serta menyemangati dalam masa masa perkuliahan hingga masa penulisan thesis. Semoga ilmu yang kita dapatkan bisa bermanfaat dan penuh berkah.
10. Keluarga MG, GenksBook, Gerakan Kendari Mengajar, Earth Hour Surabaya, Klub Buku Surabaya, dan Limited Edition 08 terima kasih atas dukungannya selama penulis melanjutkan studi di Pascasarjana ITS.
11. Juga tidak lupa kepada semua pihak yang belum sempat disebutkan satu per satu disini yang telah membantu terselesaikannya Tesis ini.

Sebagai manusia biasa, penulis menyadari bahwa Tesis ini masih jauh dari kesempurnaan dan memiliki banyak kekurangan. Sehingga dengan segala kerendahan hati, penulis mengharapkan saran dan kritik yang membangun dari pembaca.

Surabaya, 10 Juli 2015

Penulis

Penggabungan Fitur Tekstur yang *Invariant* terhadap Iluminasi dan Fitur Bentuk untuk Deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia*

Nama Mahasiswa : Rizal Adi Saputra
NRP : 5113201002
Pembimbing : 1. Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.
2. Dr. Eng. Nanik Suciati, S.Kom., M.Kom.

ABSTRAK

Deteksi dini *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) pada anak-anak sangat penting dilakukan karena tingkat kesembuhannya lebih tinggi dibandingkan pada orang dewasa. Namun, deteksi ALL secara manual oleh tenaga ahli medis cenderung kurang presisi dan membutuhkan waktu yang lama. Oleh karena itu, beberapa penelitian telah menggunakan teknik pengolahan citra dengan memanfaatkan fitur bentuk atau morfologi pada citra mikroskopik sel darah untuk deteksi ALL secara otomatis. Namun, hasilnya kurang optimal karena fitur bentuk saja tidak cukup untuk mendeskripsikan fitur sel darah, sehingga diperlukan penggabungan antara fitur bentuk dan fitur tekstur untuk deteksi dini ALL. Fitur tekstur dapat mendeskripsikan distribusi kromatin pada nukleus sedangkan fitur bentuk dapat merepresentasikan perbedaan morfologi sel darah.

Dataset ALL_IDB1, merupakan *dataset* citra mikroskopik sel darah yang proses akuisisinya menggunakan kamera dengan panjang sensor dan variasi pencahayaan yang berbeda sehingga menyebabkan iluminasi citra menjadi beragam. Perubahan iluminasi tersebut tidak mengubah morfologi atau bentuk sel darah namun dapat mempengaruhi intensitas tekstur dari sel darah. Oleh karena itu, dibutuhkan metode yang dapat mengekstraksi fitur tekstur yang *invariant* terhadap iluminasi. Salah satu pengembangan dari metode LBP, yaitu *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP) mampu menangani masalah *invariant* terhadap iluminasi dengan mengganti nilai *threshold* dari nilai piksel asli dengan nilai *Weighted Local Gray-Level* (WLG).

Penelitian ini mengusulkan penggabungan fitur tekstur yang *invariant* terhadap iluminasi dan fitur bentuk untuk deteksi dini ALL. Untuk menangani iluminasi citra yang beragam, fitur tekstur diekstraksi dengan menggunakan metode CRLBP. Adapun fitur bentuk yang diekstraksi meliputi rasio ukuran dan geometri dari sel darah putih. Metode yang diusulkan diuji coba pada dataset citra mikroskopik sel darah ALL_IDB1. Uji coba dilakukan dengan variasi penggabungan fitur tekstur dan fitur bentuk yang berbeda-beda. Penggabungan fitur CRLBP8 dan fitur bentuk merupakan kombinasi fitur yang menghasilkan persentase paling tinggi. Pada pengujian sel tunggal diperoleh akurasi sebesar 95,11%, dengan sensitifitas 97,97% dan spesifisitas 80,44%. Adapun pada pengujian citra ALL diperoleh akurasi 93,00%, dengan sensitifitas 89,58% dan spesifisitas 100%.

Kata kunci: *Complete Robust Local Binary Pattern*, deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia*, *Local Binary Pattern*, fitur bentuk, fitur tekstur

Combination of Illumination Invariant Texture Feature and Shape Feature for Acute Lymphoblastic Leukemia Detection

Student's Name : Rizal Adi Saputra
Student's ID : 5113201002
Supervisor I : Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom
Supervisor II : Dr.Eng. Nanik Suciati, S.Kom, M.Kom

ABSTRACT

Early detection of Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) in children is a very important thing to do since the recovery rate of ALL in children is higher compare to recovery rate in adult. However, manual detection of ALL which rely on medical experts tends to be less precise and requires a long time. Therefore, some studies have applied image processing technique by using shape and morphological features of blood cell for automatic ALL detection. However, the results were less than optimal, because the shape feature alone is not enough to describe the feature of blood cells, so it is necessary to combine shape features and texture features for early detection of ALL. Texture feature could describe the distribution of chromatin in nucleus, while shape feature could represent the differences appeared in blood cell morphology.

ALL_IDB1 dataset is a microscopic blood cell's image dataset acquired by using a camera with various sensor lengths and various lighting conditions, causing the illumination of each images become vary. The illumination change does not alter the morphology or shape of the blood cell, but it affects the blood cell's texture intensity. Therefore, it is necessary to employ a method that able to extract a texture feature which invariant towards illumination. One development of LBP method, *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP), is capable of handling the various illumination problem by substitute the threshold value of each original value with *Weighted Local Gray-Level* (WLG) value.

This study proposed a combination of illumination invariant texture feature and shape feature for early detection of ALL. To handle various illumination problem, the texture feature was extracted by using CRLBP methods. As for the shape feature, the aspect ratio and the geometry of white blood cell were extracted. The proposed method was tested in microscopic blood cell image from ALL_IDB1 dataset. The experiment was conducted by various combinations of different texture and shape features. The combination of CRLBP8 and shape feature produces the best accuracy. For experiment using single cell, accuracy reach 95,11% with sensitivity 97,97% and specificity 80,44%. As for experiment with ALL image, accuracy reach 93,00% with sensitivity 89.58% and specificity 100%.

Keywords: *Acute Lymphoblastic Leukemia detection, Complete Robust Local Binary Pattern, Local Binary Pattern, shape feature, texture feature.*

DAFTAR ISI

ABSTRAK	vii
ABSTRACT	ix
KATA PENGANTAR.....	xi
DAFTAR ISI.....	XIII
DAFTAR GAMBAR.....	xvii
DAFTAR TABEL.....	xix
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	4
1.3 Tujuan Penelitian	4
1.4 Manfaat Penelitian	4
1.5 Kontribusi Penelitian.....	5
1.6 Batasan Masalah.....	5
BAB II KAJIAN PUSTAKA	7
2.1 <i>Acute Lymphoblastic Leukemia</i>	7
2.2 Segmentasi dengan Algoritma Zack	9
2.3 Ekstraksi Fitur Bentuk.....	10
2.3.1 Fitur Rasio Ukuran (<i>Size Ratio</i>).....	11
2.3.2 Fitur Geometri	11
2.4 <i>Local Binary Pattern</i>	13
2.5 <i>Complete Robust Local Binary Pattern</i>	14
2.5.1 <i>Complete Local Binary Pattern</i>	14
2.5.2 <i>Weighted Local Gray-Level</i>	15
2.5.3 <i>Robust Local Binary Pattern</i>	15
2.6 <i>Support Vector Machine</i>	17
2.7 Evaluasi Performansi Klasifikasi	18
2.8 <i>k-fold Cross Validation System</i>	19

BAB III METODOLOGI PENELITIAN.....	21
3.1 Analisis dan Perancangan Sistem	21
3.1.1 Deskripsi Dataset	22
3.1.2 Deteksi Sel Darah Putih.....	23
3.1.3 Identifikasi Sel Bersentuhan (<i>Touching Cell</i>).....	24
3.1.4 Pra-Proses (<i>Image Cleaning</i>)	25
3.1.5 Seleksi Nukleus dan Sitoplasma	26
3.1.6 Ekstraksi Fitur Bentuk dan Fitur Tekstur.....	27
3.1.7 Klasifikasi Menggunakan <i>Support Vector Machine</i>	30
3.2 Implementasi Sistem.....	30
3.3 Uji Coba dan Analisis.....	30
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	32
4.1 Lingkungan Uji Coba	32
4.2 Data Input	32
4.3 Deteksi Sel Darah Putih.....	32
4.4 Identifikasi Limfosit	34
4.5 Seleksi Nukleus dan Sitoplasma.....	37
4.6 Ekstraksi Fitur.....	39
4.6.1 Ekstraksi Fitur Bentuk	39
4.6.2 Ekstraksi Fitur Tekstur.....	39
4.7 Hasil Uji Coba Klasifikasi	39
4.7.1 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Bentuk.....	40
4.7.2 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur LBP.....	40
4.7.3 Hasil Pengujian Klasifikasi Penggabungan Fitur Bentuk dan LBP	41
4.7.4 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur CRLBP1	42
4.7.5 Hasil Pengujian Klasifikasai Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP1	42
4.7.6 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur CRLBP8	43
4.7.7 Hasil Pengujian Klasifikasi Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP8	44
4.7.8 Rekapitulasi Pengujian Klasifikasi Sel	45

4.7.9	Hasil Pengujian Citra ALL	47
4.8	Analisis dan Pembahasan	49
4.8.1	Analisis Identifikasi Sel Darah Putih	49
4.8.2	Analisis Klasifikasi Berdasarkan Sel	51
4.8.3	Analisis Klasifikasi Citra	54
4.8.4	Perbandingan dengan Penelitian Sebelumnya	56
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN		59
5.1	Kesimpulan	59
5.2	Saran.....	60
DAFTAR PUSTAKA		61
LAMPIRAN.....		65
BIOGRAFI PENULIS		75

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Fungsi kernel SVM	18
Tabel 2.2 Evaluasi kinerja dengan <i>confusion matrix</i>	19
Tabel 4.1 Hasil Identifikasi Limfosit	36
Tabel 4.2 Hasil pengujian klasifikasi fitur bentuk.....	40
Tabel 4.3 Hasil pengujian klasifikasi fitur LBP.....	41
Tabel 4.4 Hasil pengujian klasifikasi gabungan fitur bentuk dan LBP.....	41
Tabel 4.5 Hasil pengujian klasifikasi fitur CRLBP1.....	42
Tabel 4.6 Hasil pengujian klasifikasi kombinasi fitur bentuk dan CRLBP1	43
Tabel 4.7 Hasil pengujian klasifikasi fitur CRLBP8.....	43
Tabel 4.8 Hasil pengujian klasifikasi kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8.....	44
Tabel 4.9 Hasil klasifikasi sel menggunakan SVM	45
Tabel 4.10 Hasil klasifikasi citra	48
Tabel 4.11 Perbandingan SVM Linear pada pengujian berdasarkan klasifikasi citra dan klasifikasi sel	54
Tabel 4.12 Perbandingan dengan metode sebelumnya.....	56

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Citra mikroskopik sel darah..	7
Gambar 2.2 Contoh citra individual sel darah putih.)	9
Gambar 2.3 Ilustrasi Algoritma Zack.	10
Gambar 2.4 Ilustrasi perhitungan <i>Local Binary Pattern</i> (LBP).	13
Gambar 2.5 Ilustrasi mencari <i>hyperplane</i> pada <i>Support Vector Machine</i> .	17
Gambar 3.1 Langkah-langkah metodologi penelitian.	21
Gambar 3.2 Rancangan sistem deteksi <i>Acute Lymphoblastic Leukemia</i> (ALL)..	22
Gambar 3.3 Dataset ALL_IDB1 dalam variasi iluminasi	23
Gambar 3.4 Rancangan sistem proses deteksi sel darah putih.	24
Gambar 3.5 Rancangan sistem pra-proses (<i>image cleaning</i>).	26
Gambar 3.6 Rancangan sistem proses seleksi nukleus dan sitoplasma.	26
Gambar 3.7 Rancangan sistem ekstraksi fitur bentuk.	27
Gambar 3.8 Rancangan sistem ekstraksi fitur tekstur.	29
Gambar 4.1 Identifikasi Sel Darah Putih.	34
Gambar 4.2 Identifikasi limfosit	35
Gambar 4.3 Korespondensi citra hasil image cleaning pada citra RGB.	35
Gambar 4.4 Citra limfosit tunggal setelah di- <i>cropping</i> .	36
Gambar 4.5 Perbandingan jumlah sel limfosit yang terdeteksi dan <i>ground turth</i> .	37
Gambar 4.6 Akurasi identifikasi sel leukosit	37
Gambar 4.7 Hasil seleksi nukleus dan sitoplasma	38
Gambar 4.8 Persentase akurasi kombinasi fitur terhadap kernel SVM.	46
Gambar 4.9 Persentase sensitifitas kombinasi fitur terhadap kernel SVM	46
Gambar 4.10 Persentase spesifisitas kombinasi fitur terhadap kernel SVM.	47
Gambar 4.11 Grafik perbandingan sensitifitas, spesifisitas, dan akurasi tiap kombinasi fitur	48
Gambar 4.12 Citra ALL dengan berbagai jumlah sel limfosit.	50
Gambar 4.13 Kesalahan identifikasi limfosit citra Non ALL.	50
Gambar 4.14 Perbandingan akurasi CRLBP 1 dengan CRLBP8.	52
Gambar 4.15 Kesalahan klasifikasi citra Non-ALL.	55

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyakit leukemia merupakan penyakit kanker darah yang disebabkan produksi sel darah putih berlebih dan tidak terkontrol sehingga menyebabkan fungsi normal darah menjadi terganggu. *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) atau yang biasa juga dikenal dengan *acute lymphocytic leukemia* merupakan kanker yang paling umum diderita anak-anak. Setiap tahun, sekitar 1 dari 50.000 orang terdiagnosis ALL dengan 70% di antaranya anak-anak (Paolini dkk, 2011). Usia anak-anak terdeteksi ALL paling banyak antara rentang umur 1 sampai 9 tahun dan ALL akan berpotensi kembali menyerang orang dewasa pada usia di atas 55 tahun serta akan berakibat fatal (Acute Lymphocytic Leukemia Age-Specific SEER Incidence Rates, 2011). Sebanyak 80% dari anak-anak yang terdiagnosis ALL dapat sembuh setelah menjalani perawatan dan pengobatan. Namun untuk pasien dewasa persentasinya tersebut menurun menjadi 40%-50% (Bassan dkk, 2009; Bassan dan Hoelzer, 2011). Oleh karena itu deteksi dini penting dilakukan untuk pemulihan pasien khususnya pada anak-anak.

Gejala yang ditunjukkan penderita ALL hampir mirip dengan penderita penyakit lainnya. Dalam bidang kedokteran ada beberapa cara yang dapat dilakukan untuk deteksi ALL mulai dari *Full Blood Counts* (FBC), pemeriksaan sumsum tulang, pemeriksaan *Cerebro Spinal Fluid* (CSF) dan tes laboratorium atau X-Rays lainnya (Raje dan Rangole, 2014). Keseluruhan jenis pemeriksaan ini dilakukan oleh operator khusus yang handal namun membutuhkan waktu yang lama dan berulang-ulang. Selain itu, kemampuan mata manusia dalam mendiagnosa melalui mikroskop cenderung kurang presisi dikarenakan ciri fitur dari ALL susah untuk dilihat langsung secara kasat mata. Teknik pengolahan citra dapat digunakan untuk membantu membaca morfologi dari citra mikroskopik darah. ALL didiagnosis dengan cara deteksi sel darah putih untuk dipisahkan dari citra keseluruhan dan kemudian dilakukan ekstraksi fitur lalu diklasifikasikan.

Citra mikroskopik darah memiliki banyak ciri khusus yang bisa digunakan sebagai fitur dalam proses deteksi ALL. Di antaranya yaitu warna, bentuk, tekstur, atau kombinasi dari fitur-fitur tersebut. Beberapa penelitian untuk mendiagnosis ALL dengan menggunakan teknik pengolahan citra pada citra mikroskopik sel darah sudah dilakukan oleh peneliti sebelumnya. Untuk melakukan deteksi ALL melalui citra mikroskopik darah fokus fitur yang menjadi pembeda adalah fitur bentuk dan fitur tekstur dan tidak melibatkan fitur warna. Hal ini disebabkan pewarnaan (*staining*) pada citra mikroskopik sel darah hanya digunakan untuk mengenali sel darah putih dan tidak ada perbedaan warna limfoblast antara penderita ALL dengan orang sehat. Sedangkan fitur tekstur dapat mendeskripsikan distribusi kromatin pada nukleus dan fitur bentuk dapat merepresentasikan perbedaan morfologi sel darah.

Fokus ekstraksi fitur bentuk salah satunya dengan memanfaatkan fitur morfologi (Scotti, 2005; Raje dan Rangole, 2014). Namun sebagian besar peneliti menggabungkan berbagai fitur karena fitur bentuk saja tidak cukup mewakili fitur sel darah putih. Contoh penggabungan fitur yakni dengan menggabungkan fitur bentuk (dimensi fraktal), tekstur (*Haushdorff Dimension* dan *Contour Signature*) serta fitur warna (Mohapatra dan Patra, 2010), fitur tekstur (*Gray Level Statistic* dan *Matrix Co-Occurance*), bentuk, dan warna (Mohapatra dkk, 2011), serta fitur bentuk dan fitur tekstur GLCM (Madholm, 2012). Penelitian berikutnya banyak difokuskan pada ekstraksi fitur tekstur untuk deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) menggunakan Wavelet, GLCM, dan Transformasi Fourier (Mohapatr dkk, 2014) serta menggunakan GLCM (Putzu, 2014).

Database citra mikroskopik sel darah ALL_IDB1 (*Database ALL_IDB1*, 2005) yang digunakan pada penelitian ini diakuisisi dengan menggunakan panjang sensor kamera yang berbeda dan variasi pencahayaan yang berbeda pula saat akuisisi. Sensor yang berukuran lebih besar pada umumnya lebih peka terhadap cahaya, sehingga intensitas cahaya yang diterimanya dapat lebih besar. Hal ini menyebabkan citra mikroskopik sel darah yang ada pada *database ALL_IDB1* memiliki iluminasi yang berbeda-beda (Putzu, 2014). Secara umum, rata-rata hasil klasifikasi pada *database* dengan iluminasi yang beragam menurun 25% dibandingkan pada *database* yang iluminasinya seragam (Mäenpää dan

Pietikäinen, 2004). Hanbury (2005) menyebutkan perubahan iluminasi tidak merubah isi dari tekstur namun mempengaruhi intensitas tekstur dan sebagian besar dari analisis tekstur sensitif terhadap perubahan iluminasi. Sehingga untuk mengatasi masalah iluminasi beragam pada citra akan lebih baik menggunakan ekstraksi fitur tekstur pada citra keabuan.

Ojala, dkk (1996), mengusulkan penggunaan *Local Binary Pattern* (LBP) untuk klasifikasi tekstur. LBP merupakan operator yang efisien untuk mendeskripsikan pola lokal sebuah citra dan mencapai hasil yang optimal untuk klasifikasi tekstur pada beberapa *database* dan *invariant* terhadap rotasi (Ojala dkk, 2002). LBP konvensional dan turunannya telah banyak digunakan untuk deskriptor fitur seperti pada identifikasi kanker payudara (Oliver dkk, 2007), fitur tekstur pada deteksi kelenjar tiroid (Keramidas dkk, 2008), dan juga deteksi ALL (Singhal dan Singh, 2014).

Pola biner dari LBP menurut Nanni, dkk (2010) adalah fitur tekstur dengan komputasi sederhana sehingga cocok sebagai deskriptor tekstur untuk citra medis. Akan tetapi, performa LBP konvensional pada citra dengan iluminasi beragam masih kurang stabil. Guo, dkk (2010) melakukan pengembangan LBP dengan mengusulkan *Complete Local Binary Pattern* (CLBP) yang menggabungkan LBP dengan *Local Different Sign-Magnitude Transform* (LDSMT) sehingga akan dihasilkan tiga nilai fitur yakni CLBP-*Sign* (CLBP_S), CLBP-*Magnitude* (CLBP_M) dan CLBP-*Center* (CLBP-C). Walaupun menunjukkan hasil yang cukup bagus, namun sebagai deskriptor tekstur CLBP sensitif terhadap *noise* karena nilai piksel digunakan sebagai nilai *threshold* secara langsung. Selain itu, walaupun CLBP dapat menyelesaikan masalah pola yang berbeda, namun tidak semua pola itu dapat dibedakan. Contohnya adalah dengan nilai piksel atau pola yang berbeda namun memiliki kode CLBP yang sama.

Zhao, dkk (2013) mengusulkan *framework* baru yang dinamakan *Complete Robust LBP* (CRLBP) untuk mengatasi kekurangan tersebut. CRLBP menggunakan *Weighted Local Gray-Level* (WLG) yang merepresentasikan nilai level keabuan dari tekstur lokal untuk mengganti nilai *threshold*. CRLBP juga mengadaptasi penelitian Guo, dkk sehingga fitur yang dihasilkan ada tiga yaitu RLBP, RLBP_M dan RLBP_C. Hasil dari CRLBP diujicobakan pada data dengan

iluminasi beragam menunjukkan metode tersebut dapat menunjukkan performa lebih stabil pada *invariant* iluminasi daripada CLBP.

Penelitian ini menawarkan penggabungan fitur tekstur yang *invariant* terhadap iluminasi dan fitur bentuk untuk deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL). Fitur bentuk yang digunakan terdiri fitur rasio ukuran serta fitur geometri dan fitur tekstur menggunakan *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP). Penggabungan fitur ini diharapkan akan menghasilkan fitur yang dapat meningkatkan hasil akurasi untuk deteksi penyakit ALL.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian tesis ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana melakukan segmentasi sel darah putih menggunakan Algoritma Zack.
2. Bagaimana mengekstraksi fitur bentuk pada citra mikroskopik sel darah.
3. Bagaimana mengekstraksi fitur tekstur citra mikroskopik sel darah dengan *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP).
4. Bagaimana menggabungkan fitur bentuk dan tekstur untuk deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) menggunakan metode klasifikasi *Support Vector Machine* (SVM).
5. Bagaimana melakukan deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) dengan data *input* berdasarkan data sel dan berdasarkan citra.

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah melakukan deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) dengan menggunakan fitur tekstur yang *invariant* terhadap iluminasi dan fitur bentuk pada citra mikroskopik sel darah.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini memberikan referensi berupa pemilihan kombinasi fitur bentuk dan fitur tekstur dari citra mikroskopik sel darah putih yang dapat digunakan untuk deteksi dini penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL).

1.5 Kontribusi Penelitian

Penelitian ini memberikan kontribusi berupa penggabungan metode ekstraksi fitur tekstur menggunakan *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP) dan fitur bentuk untuk mengekstraksi citra mikroskopik sel darah yang diharapkan *invariant* terhadap iluminasi sehingga mendapatkan akurasi yang baik pada deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukimia* (ALL).

1.6 Batasan Masalah

Batasan masalah dalam penelitian ini yaitu sebagai berikut :

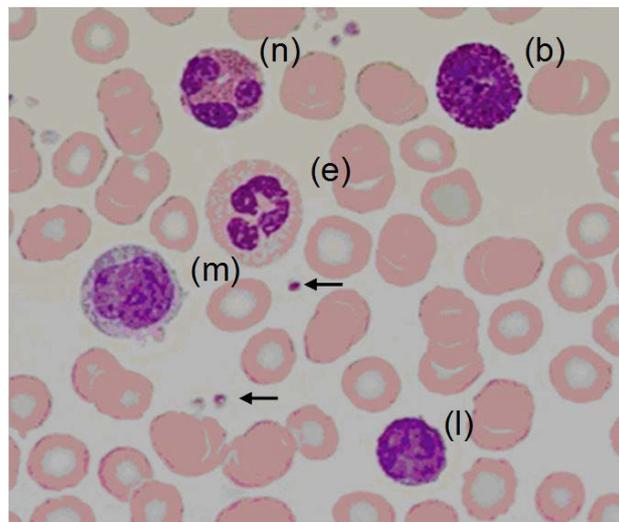
1. Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan citra mikroskopik sel darah ALL_IDB1 dari *Department of Information Technology* - Università degli Studi di Milano yang dapat diunduh di <http://www.dti.unimi.it/fscotti/all/>.
2. Citra ALL_IDB1 akan diklasifikasikan ke dalam dua kelas yaitu positif ALL dan negatif ALL.
3. Implementasi sistem dilakukan dengan menggunakan MATLAB versi R2011b.

BAB II

KAJIAN PUSTAKA

2.1 Acute Lymphoblastic Leukemia

Evaluasi sel darah melalui citra mikroskopik memudahkan dalam evaluasi dan diagnosis dari munculnya banyak penyakit. Leukimia merupakan kanker darah yang bisa dideteksi melalui analisis mikroskopik pada sel darah putih atau leukosit. Penyakit leukimia merupakan penyakit kanker darah yang disebabkan oleh produksi sel darah putih berlebih dan tidak terkendali sehingga menyebabkan fungsi normal darah menjadi terganggu. Terdapat dua tipe leukemia, yaitu *Acute* dan *Chronic*. Berdasarkan *American–British (FAB) classification model* (Bennet dkk, 1976). *Acute Leukemia* diklasifikasi dalam dua sub-tipe, yaitu *Acute Lymphoblastic Leukaemia (ALL)* and *Acute Myeloid Leukaemia (AML)*. ALL atau yang biasa juga dikenal dengan *acute lymphocytic leukemia* merupakan kanker yang paling umum diderita anak-anak di dunia. Setiap tahun, sekitar 1 dari 50.000 orang terdiagnosa ALL dengan 70% diantaranya anak-anak (Paolini dkk, 2011). Usia anak-anak terdeteksi ALL paling banyak antara rentang umur



Gambar 2.1 Citra mikroskopik sel darah. Sel darah putih ditandai dengan: *basophil* (b), *eosinophil* (e), *lymphocyte* (l), *monocyte* (m) dan *neutrophil* (n) (Labati Dkk,2011).

1 sampai 9 tahun dan ALL akan berpotensi menyerang orang dewasa pada usia di atas 55 tahun dan akan berakibat fatal (Data SERR ALL Cancer, 2011).

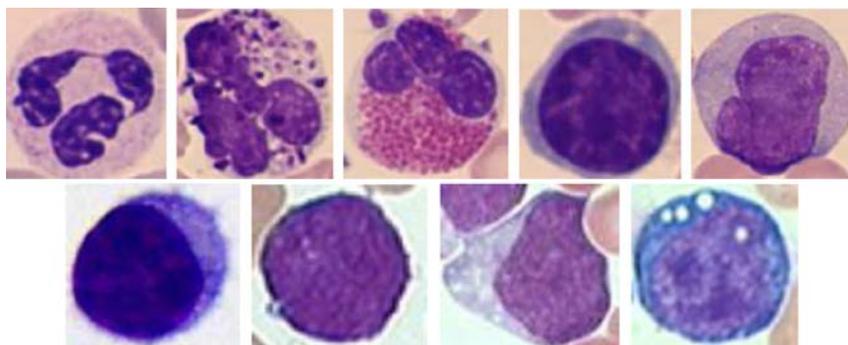
Gambar citra mikroskopik darah ditunjukkan pada Gambar 2.1 yang terdiri dari sel darah merah dan sel darah putih (leukosit). Sel leukosit mengandung granula yang disebut dengan granulosit (terdiri atas *neutrophil*, *basophil*, dan *eosinophil*). Sel tanpa granula disebut *agranulocytes* (*lymphocyte* dan *monocyte*). Persentasi leukosit pada darah manusia berkisar antara nilai berikut : *neutrophils* 50-70%, *esinophils* 1-5%, *basophils* 0-1%, *monocytes* 2-10%, dan *lymphocytes* 20.45% (Labati, 2011). Secara umum, limfosit (*lymphocytes*) menunjukkan bentuk yang teratur, dan nukleus yang juga teratur dengan tepi yang bersambung. Sedangkan limfoblast (*lymphoblast*) menunjukkan bentuk yang tidak teratur. Ciri dari limfosit yang mengandung blast antara lain sitoplasma yang hampir tidak kelihatan, bentuk nukleus yang tidak regular, adanya nucleoli, dan distribusi kromatin pada nukleus.

Dalam kaitannya dengan ALL, kandidat limfoblast dianalisis dengan menggunakan klasifikasi FAB sebagai berikut (Bennet dkk, 1976):

- (a) L1- sel limfoblast berukuran kecil dan homogen. Nukleus berbentuk bulat dan teratur dengan sedikit *nucleoli* yang tidak menyolok. Sitoplasma hanya sedikit dan tanpa *vacuola*.
- (b) L2 – sel limfoblast besar dan heterogen. Nukleus bersifat tidak teratur dan kadang terbelah. Terkadang satu atau lebih *nucleoli* yang besar muncul. Volume sitoplasma bervariasi, tapi biasanya berjumlah banyak dan mengandung *vacuola*.
- (c) L3- sel limfoblast berukuran sedang hingga besar, serta homogen. Nukleus berbentuk regular dan bulat oval. Satu atau dua *nucleoli* cukup jelas terlihat. Volume sitoplasma normal dan mengandung *vacuola* yang nampak jelas.

Saat ini, pengujian mikroskopik pada sampel darah (sumsum tulang belakang) merupakan prosedur standar dalam *screening* terhadap untuk mengetahui kemunculan ALL pada seseorang. Meskipun telah ada beberapa metode yang lebih berkembang seperti *flow cytometer*, *immunophenotyping*, and *molecular probing*, evaluasi morfologi dari *blood film* melalui pengamatan mikroskopik masih merupakan prosedur yang berbiaya mahal pada awal *screening* ALL di seluruh

dunia. Diagnosis ALL dilakukan dengan membedakan sebuah *lymphocyte* yang sehat dengan yang tidak lain berupa proses pengumpulan sampel yang kurang tepat, diagnosa secara visual yang juga bersifat *time-consuming* dan tidak praktis, serta terkadang hasil diagnosa bisa berbeda jika ahli yang mengamati juga berbeda (Mohapatra dkk, 2014).



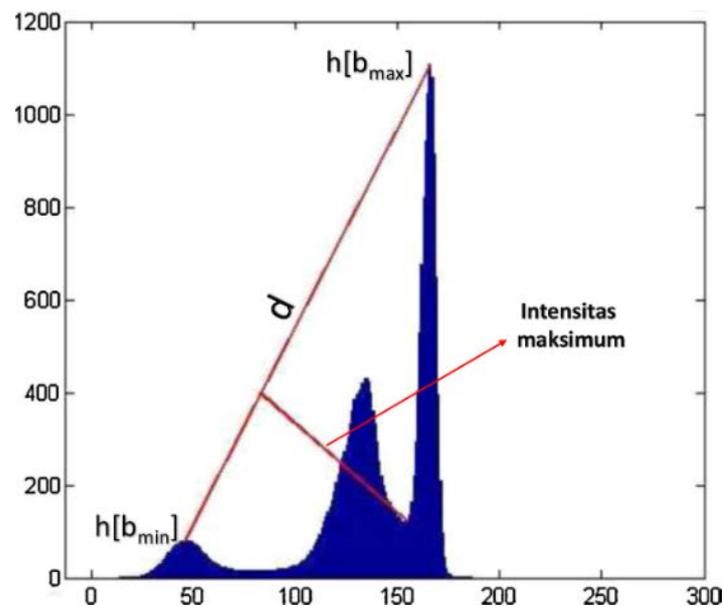
Gambar 2.2 Contoh citra individual sel darah putih. (Atas) Perbandingan antara beberapa tipe *white blood cell* (sel darah putih): *neutrophils*, *basophils*, *eosinophils*, *lymphocytes* dan *monocytes*. (Bawah) Perbandingan antara limfosit penderita all: limfosit orang normal, limfoblast yang diklasifikasikan dengan L1, L2 dan L3, berturut-turut berdasarkan FAB (Labati dkk,2011).

Semua masalah yang sering dijumpai dalam proses *screening* manual dari ALL tersebut bisa diminimalkan dengan penambahan proses otomatisasi pada proses evaluasi darah secara konvensional. Teknik pengolahan citra dapat digunakan untuk membantu membaca morfologi dari citra mikroskopik darah. ALL didiagnosa dengan cara deteksi sel darah putih untuk dipisahkan dari citra keseluruhan dan kemudian dilakukan ekstraksi fitur lalu diklasifikasikan. Dengan adanya otomatisasi ini, proses *biopsy* yang menimbulkan rasa sakit bisa dihindari dan bisa memfasilitasi diagnosis ALL yang lebih cepat dan presisi (Mohapatra dkk, 2014).

2.2 Segmentasi dengan Algoritma Zack

Untuk segmentasi citra dapat dilakukan dengan menggunakan metode *thresholding* otomatis. Salah satunya adalah dengan penentuan nilai *threshold* berdasarkan metode segitiga (*triangle*) atau algoritma Zack (Zack dkk, 1977). Metode segitiga diaplikasikan pada histogram citra (h), menghasilkan garis lurus

yang menghubungkan nilai histogram tertinggi ($h[b_{max}]$) dan nilai histogram terendah ($h[b_{min}]$), dengan b_{max} dan b_{min} adalah nilai *gray level* saat histogram $h[x]$ mencapai nilai maksimum dan minimum. Selanjutnya, jarak (d) antara garis yang telah dihubungkan dan nilai histogram antara b_{min} dan b_{max} dihitung (Putzudkk, 2014). Nilai intensitas pada saat jarak (d) mencapai nilai maksimum, merupakan nilai *threshold*-nya (Gambar 2.3). Algoritma ini digunakan secara efektif ketika histogram menunjukkan puncak yang jelas antara puncak yang tinggi dan rendah, seperti yang terdapat pada histogram komponen Y dari sel darah putih dan sel darah merah.



Gambar 2.3 Ilustrasi Algoritma Zack.

2.3 Ekstraksi Fitur Bentuk

Objek atau citra direpresentasikan sebagai kumpulan piksel dalam Gambar. Dengan demikian, untuk tujuan pengenalan atau deteksi perlu menjelaskan sifat-sifat kelompok piksel di mana salah satunya dengan bentuk objek tersebut. Secara umum menurut Nixon dan Aguado, (Nixon dan Aguado, 2012) representasi suatu objek melalui fitur bentuk dibagi menjadi dua yakni *boundary descriptor* dan *region descriptor*. Untuk membedakan citra mikroskopik sel darah, fitur bentuk memegang peranan penting karena dapat mendeskripsikan struktur dan ukuran dari leukosit. *Area* dan *perimeter* dari leukosit adalah fitur umum yang

digunakan untuk merepresentasikan ukuran dari leukosit. Sedangkan secara struktur dapat menggunakan *region* maupun *boundary descriptor*. Untuk ekstraksi bentuk pada citra mikroskopik sel darah dapat dibagi atas dua yaitu dengan menggunakan rasio ukuran dan geometri (Putzu dkk, 2014; Faticah dkk, 2012).

2.3.1 Fitur Rasio Ukuran (*Size Ratio*)

Untuk analisis leukosit selain perhitungan fitur geometri dapat ditambahkan dua pengukuran spesifik rasio ukuran dengan memanfaatkan *area* dan *perimeter* (Putzu dkk, 2014). Ukuran rasio dari *area* antara nukleus dan membran sel dapat didefinisikan dengan permukaan luas area atau sama dengan jumlah piksel dari masing-masing *binary mask* yakni S_{nu} yang merepresentasikan nukleus dan S_{cell} untuk representasi sel. Selain itu untuk *perimeter* antara nukleus dan sel dapat didefinisikan sebagai rata-rata perimeter atau sama dengan jumlah batas piksel (*boundary pixel*) dari masing masing *binary mask* yakni P_{nu} dan P_{cell} (Faticah dkk, 2012). Rasio ukuran dari *area* dan *perimeter* dirumuskan sebagai berikut :

$$NCR_{area} = \frac{S_{nu}}{S_{cell}}, \quad (2.1)$$

$$NCR_{perimeter} = \frac{P_{nu}}{P_{cell}}, \quad (2.2)$$

dengan S_{nu} adalah *area* nukleus, S_{cell} adalah *area* sel, P_{nu} adalah *perimeter* nukleus, dan P_{cell} adalah *perimeter* sel.

2.3.2 Fitur Geometri

Fitur geometri banyak macamnya dan dapat digunakan tergantung jenis citra dan kebutuhan dari peneliti. Berikut ini adalah beberapa fitur geometri yang dapat digunakan untuk ekstraksi fitur citra mikroskopik sel darah (Mohapatra dkk, 2014; Sakaswat dan Arya, 2014; Putzu dkk, 2014; dan Faticah dkk, 2012) :

1. *Area*, merupakan area dari sel yang direpresentasikan oleh jumlah piksel yang berada di dalam batas sel (*boundary*).

2. *Perimeter*, merupakan jumlah piksel dari *binary mask* atau dengan kata lain panjang keliling dari objek.
3. *Solidity*, adalah rasio antara luas sel yang sebenarnya terhadap luas *convex hull area* sebagaimana dirumuskan pada persamaan (2.3).

$$Solidity = \frac{area}{convex_area}, \quad (2.3)$$

dengan *convex_area* adalah jumlah piksel pada *convex* citra (*convex hull* dengan semua piksel yang berada dalam *hull* yang terisi). *Convex hull* sendiri adalah *convex polygon* terkecil yang dapat berisi region.

4. *Eccentricity*, adalah rasio antara panjang *major axis* dan *minor axis* yang dapat dirumuskan sebagai berikut :

$$Eccentricity = \frac{panjang\ major\ axis}{panjang\ minor\ axis}, \quad (2.4)$$

dengan panjang *major axis* merupakan segmen garis yang menghubungkan dua titik terjauh pada diameter. Sedangkan panjang *minor axis* adalah garis tegak lurus terhadap *major axis*.

5. *Equivdiameter*, merupakan diameter lingkaran pada *area* yang sama dengan *region*. *Equivdiameter* dapat dituliskan dengan persamaan berikut :

$$Equivdiameter = \frac{4 \times area}{\pi} \quad (2.5)$$

6. *Circularity*, merupakan rasio batas keliling lingkaran yang paling rapat terhadap keliling nucleus. *Circularity* juga kadang disebut dengan *form factor* dan dapat dihitung dengan menggunakan persamaan berikut :

$$Circularity = \frac{4 \times \pi \times Area}{Perimeter^2} \quad (2.6)$$

7. *Roundness*, adalah pengukuran seberapa bulat bentuk sel. Untuk menghitung *roundness* dengan menggunakan formula berikut :

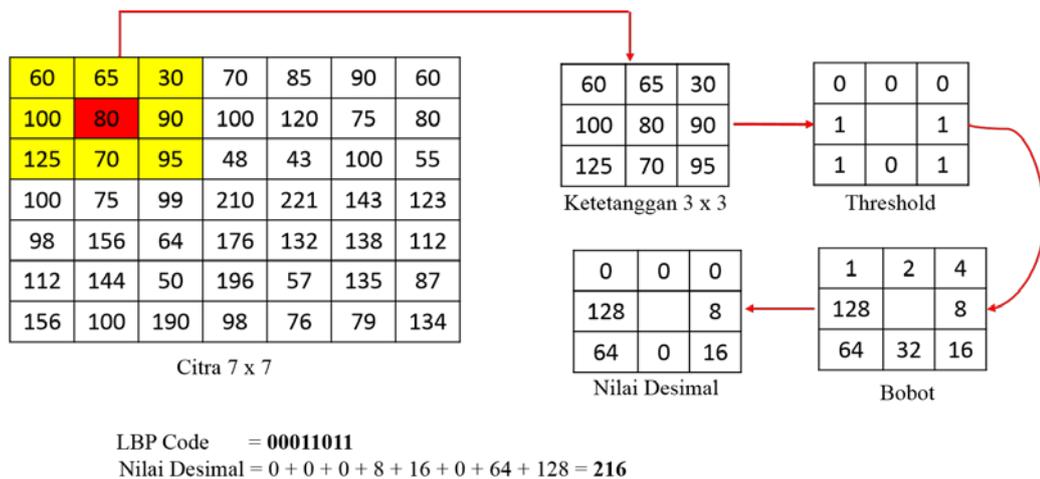
$$Roundness = \frac{4 \times area}{\pi \times major_axis_length^2} \quad (2.7)$$

2.4 Local Binary Pattern

Ojala, dkk (1996) mengajukan penggunaan *Local Binary Pattern* (LBP) untuk klasifikasi tekstur. LBP adalah operator simpel namun efisien dalam mendeskripsikan pola lokal pada citra, dan telah berhasil menunjukkan performa yang baik dalam klasifikasi. LBP juga telah diadaptasi pada banyak aplikasi, seperti pengenalan wajah, pengenalan tekstur dinamis, *shape localization* dan juga pada berbagai citra medis. Jika diberikan sebuah piksel dalam sebuah citra, maka rumus LBP dapat dihitung melalui perbandingan ke tetangganya.

$$LBP_{P,R} = \sum_{p=0}^{P-1} s(g_p - g_c) 2^p, \quad s(x) = \begin{cases} 1, & x \geq 0 \\ 0, & x < 0 \end{cases} \quad (2.8)$$

dengan g_c adalah nilai keabuan pada piksel tengah, g_p adalah nilai piksel tetangganya, P adalah tetangga yang terlibat, dan R adalah nilai radius ke tetangganya (Ojala dkk, 2002). Setiap piksel tetangga dilabeli nilai 1 atau 0. Jika nilai tetangganya lebih besar dari nilai tengahnya maka akan dilabeli 1 dan jika



Gambar 2.4 Ilustrasi perhitungan *Local Binary Pattern* (LBP).

sebaliknya akan diberi nilai 1. Sehingga *threshold* ketetangga merepresentasikan kode biner yang menggantikan nilai tengah. Kode biner ini akan dikonversi ke angka desimal dengan cara mengalikan nilai biner dengan bobotnya. Ilustrasi dari perhitungan LBP dapat dilihat pada Gambar 2.4.

2.5 Complete Robust Local Binary Pattern

2.5.1 Complete Local Binary Pattern

Untuk meningkatkan kemampuan diskriminatif struktur lokal dari LBP, Guo, dkk mengusulkan metode yang diberi nama *Complete Local Binary Pattern* (CLBP) (Guo dkk, 2010). Pada CLBP citra asli direpresentasikan sebagai *center gray level* (c) dan perbedaan lokal citra didekomposisi ke dalam 2 komponen pengganti yakni *sign* (s_p) dan *magnitude* (m_p) dengan menggunakan *Local Difference Sign- Magnitude Transform* (LDSMT). Selanjutnya fitur-fitur tersebut diberi nama CLBP-*Sign* (CLBP_S), CLBP-*Magnitude* (CLBP_M), dan CLBP-*Center* (CLBP_C). CLBP-*Sign* (CLBP_S) memiliki rumus yang sama dengan LBP konvensional seperti pada persamaan (2.8). Untuk CLBP_M dapat dirumuskan sebagai berikut.

$$m_p = |g_p - g_c|, \quad (2.9)$$

$$CLBP_M_{PR} = \sum_{p=0}^{p-1} s(m_p - c)2^p, \quad s(x) = \begin{cases} 1, & x \geq 0 \\ 0, & x < 0 \end{cases}, \quad (2.10)$$

dengan m_p adalah nilai *magnitude*, c adalah nilai *threshold* rata rata dari m_p keseluruhan citra, dan g_c , g_p , P , dan R seperti didefinisikan pada persamaan (2.8).

CLBP-*Center* (CLBP_C) yang merupakan nilai piksel titik pusat juga dijadikan fitur karena memiliki informasi lokal yang signifikan sebagai pembeda. CLBP_C diformulasikan sebagai berikut (Guo dkk, 2010):

$$CLBP_C = s(g_c - c_l), \quad (2.11)$$

dengan *threshold* c_l adalah nilai *Average Local Gray-Level* (ALG) dari keseluruhan citra. Selanjutnya ketiga fitur tersebut akan digabungkan menjadi fitur CLBP. Walaupun CLBP dapat mengatasi masalah kebingungan pada pola yang berbeda namun tidak semua pola tersebut dapat dibedakan secara sempurna. Kemungkinan yang dapat terjadi yakni citra berbeda pola namun memiliki *sign* dan *magnitude* yang sama.

2.5.2 Weighted Local Gray-Level

Weighted Local Gray-Level (WLG) merupakan metode untuk menemukan nilai *threshold* yang dikembangkan dari *Average Local Gray-Level* (ALG). Penghitungan nilai *threshold* dengan ALG mengabaikan nilai spesifik dari piksel individual. Sementara itu, informasi spesifik dari piksel individual terutama piksel pusat terkadang dibutuhkan. Untuk menyeimbangkan informasi pada piksel individual maka Zhao, dkk (2013) mengusulkan penggunaan WLG.

$$ALG = \frac{\sum_{i=1}^8 g_i + g}{9}, \quad (2.12)$$

$$WLG = \frac{\sum_{i=1}^8 g_i + \alpha g}{8 + \alpha}, \quad (2.13)$$

dengan g merepresentasikan nilai keabuan dari piksel tengah dan $g_i (i = 1, \dots, 8)$ menunjukkan nilai keabuan pada piksel tetangga dan α parameter yang ditentukan oleh user (Zhao dkk, 2013). Dengan penambahan α , nilai piksel pusat sebagai *threshold* yang digunakan bukan berasal dari nilai asli piksel namun berdasarkan piksel ketetanggan dan juga pembobotan piksel pusat itu sendiri yang diharapkan mampu untuk meratakan intensitas tekstur pada citra dengan iluminasi beragam. Perlu diperhatikan bahwa WLG akan sama dengan ALG ketika nilai $\alpha = 1$. Selanjutnya proses LBP diterapkan dengan menggunakan WLG sebagai nilai *threshold*.

2.5.3 Robust Local Binary Pattern

Robust Local Binary Pattern (RLBP) mengganti nilai piksel pusat dari LBP dengan nilai hasil perhitungan WLG. Sehingga didapatkan persamaan sebagai berikut (Zhao dkk, 2013) :

$$RLBP_{P,R} = \sum_{p=0}^{P-1} S(g_p - WLG_c) 2^p = \sum_{p=0}^{p-1} S\left(g_p - \frac{\sum_{i=1}^8 g_{ci} + \alpha g_c}{8 + \alpha}\right) 2^p \quad (2.14)$$

dengan g_c , g_p , P , dan R seperti didefinisikan pada (2.8) dan $g_{ci} (i = 1, \dots, 8)$ menunjukkan nilai keabuan dari piksel ketetanggan g_c . Pada uji coba dengan menggunakan database CURET dengan $R=1$ dan $P=8$, RLBP mendapatkan hasil

yang baik dengan menggunakan nilai $\alpha = 1$ dan $\alpha = 8$. RLBP $\alpha = 1$ menunjukkan hasil yang lebih bagus ketika diujicobakan pada citra *anti-noise* dan iluminasi beragam. Sedangkan RLBP $\alpha = 8$ menunjukkan performa yang stabil pada citra yang memiliki iluminasi beragam (Zhao dkk, 2013).

Untuk menyelesaikan masalah nilai LBP yang sama dari pola yang berbeda, RLBP mengadaptasi kerangka kerja dari CLBP. Sehingga nilai m_p dapat dirumuskan sebagai berikut (Zhao dkk, 2013):

$$m_p = |WLG_p - WLG_c|,$$

$$m_p = \left| \frac{\sum_{i=1}^8 g_{pi} + \alpha g_p}{8 + \alpha} - \frac{\sum_{i=1}^8 g_{ci} + \alpha g_c}{8 + \alpha} \right|, \quad (2.15)$$

dengan g_c , g_p , P , dan R seperti didefinisikan pada (2.8), g_{ci} ($i = 1, \dots, 8$) menunjukkan nilai keabuan dari piksel ketetanggan g_c dan α nilai parameter pada WLK. RLBP_Magnitude mengukur nilai lokal varian dari WLK, sehingga dapat diformulasikan sebagai berikut (Zhao dkk, 2013) :

$$RLBP_{M_{P,R}} = \sum_{p=0}^{P-1} s(m_p - c)2^p, \quad (2.16)$$

dengan *threshold* c menunjukkan nilai rata rata m_p dari keseluruhan citra.

Titik pusat citra yang mewakili nilai keabuan titik pusat, juga memiliki informasi yang signifikan sehingga Zhao, dkk (2013) membuat operator RLBP-Center (RLBP_C) untuk mengekstraksi informasi lokal yang berada di titik pusat. Adapapun RLBP_C dirumuskan dengan persamaan berikut:

$$RLBP_{C_{P,R}} = s(WLGC - c_l), \quad (2.17)$$

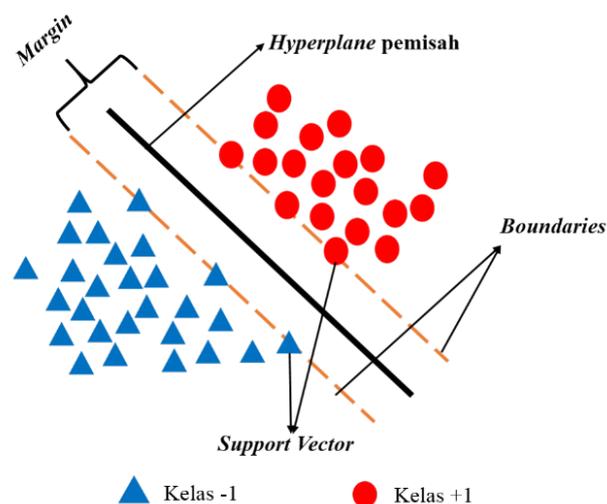
dengan *threshold* c_l menunjukkan nilai *average local gray-level* dari keseluruhan citra. Mengadaptasi dari penelitian Guo, dkk (2010), Zhao, dkk (2013) mengkombinasikan ketiga fitur RLBP, RLBP_M, dan RLBP_C sebagai CRLBP.

Ekstraksi fitur dengan CRLBP mampu menghasilkan akurasi klasifikasi yang baik pada klasifikasi dengan menggunakan database dengan iluminasi yang beragam. Hal ini dikarenakan penambahan parameter α yang digunakan untuk mengganti nilai level keabuan dari piksel pusat maupun ketetanggaan (Zhao, 2013).

2.6 Support Vector Machine

Support Vector Machine (SVM) adalah suatu teknik yang diajukan oleh Vapnik dan masih relatif baru (Vapnik, 1995). SVM digunakan dalam melakukan prediksi, baik dalam kasus klasifikasi maupun regresi. SVM berada dalam satu kelas dengan *Artificial Neural Network (ANN)* dalam hal fungsi dan kondisi permasalahan yang bisa diselesaikan. Keduanya masuk dalam kelas *supervised learning*. Baik para ilmuwan maupun praktisi telah banyak menerapkan teknik ini dalam menyelesaikan masalah-masalah nyata dalam kehidupan sehari-hari. Berbeda dengan strategi *neural network* yang berusaha mencari *hyperplane* pemisah antar class, SVM berusaha menemukan *hyperplane* yang terbaik pada *input space* (Nugroho dkk, 2003).

Prinsip dasar SVM adalah *linear classifier*, dan selanjutnya dikembangkan agar dapat bekerja pada problem *non-linear* dengan memasukkan konsep kernel pada ruang kerja berdimensi tinggi. Pada dasarnya kerja SVM adalah dengan mencari pemisah *hyperplane* yang paling baik antar dua kelas dengan memaksimalkan margin antar titik terdekat dari masing-masing kelas.



Gambar 2.5 Ilustrasi mencari *hyperplane* pada *Support Vector Machine (SVM)*.

Seperti yang diilustrasikan pada Gambar 2.5, terdapat dua kelas yang masing-masing direpresentasikan dengan simbol berbeda, di mana setiap kelas memiliki batas atau *boundaries* (diilustrasikan dengan garis putus-putus). Data yang tepat berada pada batas (*boundaries*) disebut dengan *support vector* dan jarak antara *boundary* kelas -1 dan kelas +1 disebut dengan *margin*. Di tengah *margin* merupakan pemisah *hyperplane* terbaik (diilustrasikan dengan garis tebal). Fungsi kernel dalam SVM yang sering digunakan disajikan pada Tabel 2.1 (Prasetyo, 2014).

Tabel 2.1 Fungsi kernel SVM

Nama Kernel	Formula Fungsi
Linear	$K(x, y) = x \cdot y$
Polynomial	$K(x, y) = (x \cdot y + c)^d$
Gaussian RBF	$K(x, y) = \exp\left(\frac{-\ x - y\ ^2}{2 \cdot \sigma^2}\right)$

Keterangan :

x dan y adalah pasangan dua data dari semua bagian data latih. Parameter $d, c, \sigma > 0$, merupakan konstanta, $\|x - y\|^2$ merupakan kuadrat jarak antara vektor x dan y .

2.7 Evaluasi Performansi Klasifikasi

Evaluasi kinerja sistem wajib dilakukan termasuk pada sistem otomatisasi deteksi atau pengenalan penyakit. Evaluasi kinerja dapat dilakukan dengan menghitung akurasi, sensitifitas, dan spesifisitas dengan menggunakan tabel *confusion matrix* seperti pada Tabel 2.2. Akurasi adalah tingkat kedekatan pengukuran kuantitas terhadap nilai yang sebenarnya. *Sensitivity* dapat ditunjuk sebagai *true positives (recognition) rate* (proporsi dari *tuple* positif yang diidentifikasi dengan benar). Sedangkan *specificity* adalah *true negatives rate* (proporsi *tuple* negatif yang diidentifikasi secara benar).

Tabel 2.2 Evaluasi kinerja dengan *confusion matrix*.

Output Klasifikasi	Positif	Negatif
Positif	TP	FP
Negatif	FN	TN

Dengan menggunakan tabel *confusion matrix*, akurasi, *sensitvity*, dan *specificity* dapat dihitung dengan menggunakan persamaan berikut :

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FP + FN + TN} \times 100\% \quad (2.19)$$

$$Sensitvity = \frac{TP}{TP + FN} \times 100 \% \quad (2.20)$$

$$Specificity = \frac{TN}{FP + TN} \times 100 \% \quad (2.21)$$

dengan TP adalah *true positive* yakni data positif teridentifikasi benar ke dalam kelas positif, FP adalah *false positive* yakni data positif namun teridentifikasi negatif, FN adalah *false negative* yakni data negatif yang teridentifikasi positif dan TN adalah *true negative* yakni data negatif yang teridentifikasi benar ke dalam kelas negatif.

2.8 *k-fold Cross Validation System*

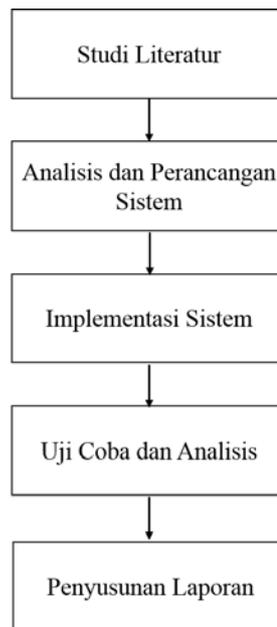
Cross Validation merupakan salah satu teknik untuk menilai/memvalidasi keakuratan sebuah model yang dibangun berdasarkan dataset tertentu. Pembuatan model biasanya bertujuan untuk melakukan prediksi maupun klasifikasi terhadap suatu data baru yang boleh jadi belum pernah muncul di dalam dataset. Pada *k-fold cross validation*, kadang juga disebut dengan estimasi rotasi, dataset D secara acak dibagi ke dalam k buah subset berukuran sama yang disebut dengan *fold* D_1, D_2, \dots, D_k . (Kohavi, 1995). Kemudian dilakukan sejumlah k -kali eksperimen, dimana masing-masing eksperimen menggunakan satu data partisi ke- k sebagai data uji dan memanfaatkan sisa partisi lainnya sebagai data latih. *10-cross validation* merupakan metode yang paling umum digunakan. Namun demikian, belum ada ketentuan baku mengenai nilai k yang paling tepat. Untuk mendapatkan nilai

akurasi ataupun ukuran penilaian lainnya dari hasil eksperimen yang dilakukan, dapat diambil nilai rata-rata dari seluruh eksperimen tersebut.

BAB III

METODOLOGI PENELITIAN

Bab ini memaparkan langkah-langkah metodologi penelitian yang digunakan untuk melakukan diagnosa penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia*. Adapun langkah-langkah dalam penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 3.1.

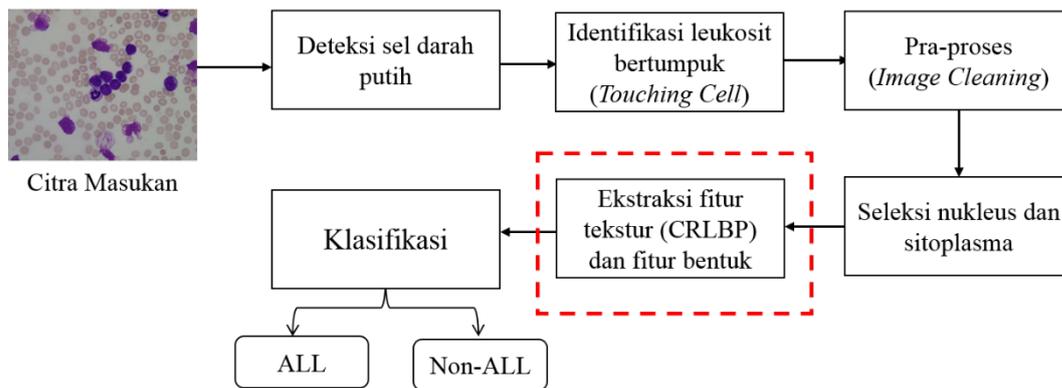


Gambar 3.1 Langkah-langkah metodologi penelitian.

3.1 Analisis dan Perancangan Sistem

Tahap analisis dalam penelitian ini meliputi perumusan masalah, batasan masalah, dan penyelesaiannya. Permasalahan yang akan diselesaikan adalah bagaimana mengekstraksi tekstur fitur dengan metode yang *invariant* terhadap iluminasi serta menggabungkan dengan tekstur bentuk untuk deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL). Setelah dilakukan analisis selanjutnya akan dilakukan perancangan sistem deteksi penyakit ALL menggunakan fitur tekstur hasil *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP) dan fitur bentuk berdasarkan rasio ukuran dan geometri.

Tujuan dilakukannya proses perancangan dalam sebuah sistem adalah agar sistem dapat diimplementasikan sesuai dengan tujuan penelitian. Perancangan sistem menjelaskan proses atau tahapan apa saja yang berlangsung pada sistem. Secara garis besar, perancangan sistem deteksi yang diajukan terdiri atas enam proses, yaitu pengumpulan *dataset*, deteksi sel darah putih, pra-proses, seleksi nukleus dan sitoplasma, ekstraksi fitur, dan klasifikasi. Gambar 3.2 menunjukkan rancangan sistem dalam penelitian ini.



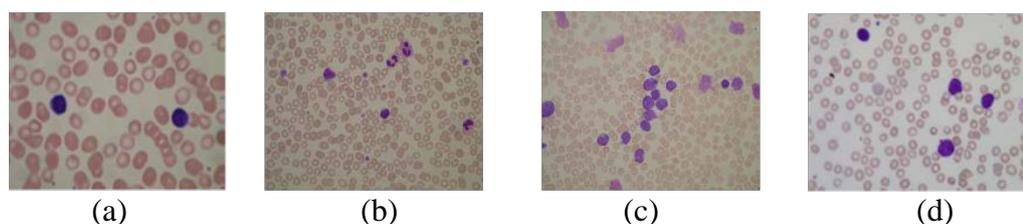
Gambar 3.2 Rancangan sistem deteksi *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL).

3.1.1 Deskripsi Dataset

Dataset yang digunakan merupakan Dataset ALL_IDB1 yang diakuisisi dan dikumpulkan oleh ahli dari M.Tettamanti Research Centre for childhood leukaemia and haemato-logical diseases, Monza, Italia dan selanjutnya dapat diunduh pada database *Department of Information Technology - Università degli Studi di Milano* (Dataset ALL_IDB1, 2005). *Dataset* ini dapat diunduh di <http://www.dti.unimi.it/fscotti/all/> dengan memohon persetujuan terlebih dahulu kepada pihak terkait. Sebagian besar citra ini diakuisisi dengan menggunakan mikroskop optikal laboratoium yang diintegrasikan dengan kamera Canon PowerShot G5. Citra yang dihasilkan merupakan RGB 24-bit dengan resolusi 2592 x 1944 piksel dengan format JPG. Citra diambil dengan berbagai perbesaran mikroskop mulai dari 300 – 500 kali perbesaran. Sedangkan citra lainnya diakuisisi pada mikroskop dengan perbesaran yang konstan, menggunakan kamera Olympus C2500L (resolusi 1712 x 1368 piksel). Karena perbedaan kamera yang digunakan

dan variasi pencahayaan maka citra ALL_IDB1 memiliki iluminasi yang berbeda-beda.

Keseluruhan *dataset* ALL_IDB1 mengandung sekitar 39000 komponen darah, dimana limfosit telah diberi label oleh ahli onkologi dengan jumlah limfoblast sebanyak 510. ALL_IDB1 diberi nama dengan menggunakan notasi *lmXXX_Y.jpg*, dengan XXX adalah 3 digit bilangan bulat dan Y adalah bilangan *boolean* yang bernilai 0 atau 1. Nilai Y=0 menunjukkan bahwa individu tidak terdeteksi ALL atau sehat sedangkan Nilai Y=1 berarti citra berasal dari individu yang terkena ALL. Contoh *dataset* dari ALL_IDB1 dapat dilihat pada Gambar 3.3.



Gambar 3.3 Dataset ALL_IDB1 dalam variasi iluminasi (a) (b) citra darah individu sehat (c) (d) citra darah individu terdeteksi ALL (ALL-IDB1, 2005)

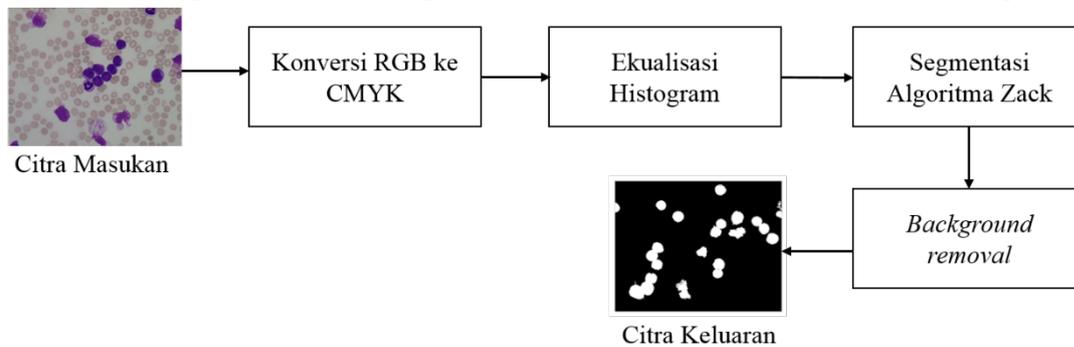
3.1.2 Deteksi Sel Darah Putih.

Pendekatan yang digunakan untuk deteksi sel darah putih pada penelitian ini mengadopsi pendekatan yang diusulkan oleh Putzu, dkk (Putzu dkk, 2014) . Berbeda dengan pendekatan lain yang melakukan segmentasi sel darah putih dengan mendeteksi nukleus pertama kali, pendekatan yang digunakan oleh Putzu melakukan segmentasi sel darah putih dengan terlebih dahulu mendeteksi membran sel atau keseluruhan sel darah putih. Secara umum proses untuk deteksi sel darah putih dapat dilihat pada Gambar 3.4. Identifikasi membran sel darah putih dilakukan pada ruang warna CMYK. Membran sel darah putih lebih kontras pada komponen Y dari model warna CMYK karena warna kuning terdapat pada semua elemen citra, kecuali sel darah putih (Putzu dkk, 2014). Redistribusi *grey level* citra

perlu dilakukan agar proses segmentasi lebih mudah sehingga selanjutnya ekualisasi histogram atau *contrast stretching* dapat digunakan.

Gambar 3.4 Rancangan sistem proses deteksi sel darah putih.

Pada penelitian ini dilakukan segmentasi dengan penentuan nilai *threshold* berdasarkan metode segitiga (*triangle*) atau Algoritma Zack (Zack dkk, 1977). Untuk meningkatkan hasil segmentasi, *background* citra harus dihilangkan.



Beberapa pendekatan ekstraksi *background* telah dilakukan, contohnya Scotti, dkk (2006) menggunakan sekumpulan citra untuk mengestimasi piksel *background* yang selanjutnya dilakukan *clustering*. Pendekatan lain juga menghilangkan *background* dengan teknik *clustering* (Mohapatra dkk, 2014). Pada penelitian ini, pendekatan yang digunakan untuk ekstraksi *background* melibatkan penggunaan algoritma *threshold* otomatis berdasarkan komponen *green* atau *G* dari ruang warna RGB. Selanjutnya komponen *green* akan disegmentasi dengan Algoritma Zack dan dilakukan substraksi dengan komponen *Y* dari hasil konversi CMYK yang sudah disegmentasi sebelumnya. Penghilangan komponen selain sel darah putih (*background*) dengan perhitungan *opening area* yakni dengan menghapus objek yang memiliki ukuran lebih kecil dari area *structuring element*. *Structuring element* yang digunakan berbentuk lingkaran dan ukurannya dihitung berdasarkan rata-rata objek (sel darah putih) yang berada pada citra.

3.1.3 Identifikasi Sel Bersentuhan (*Touching Cell*)

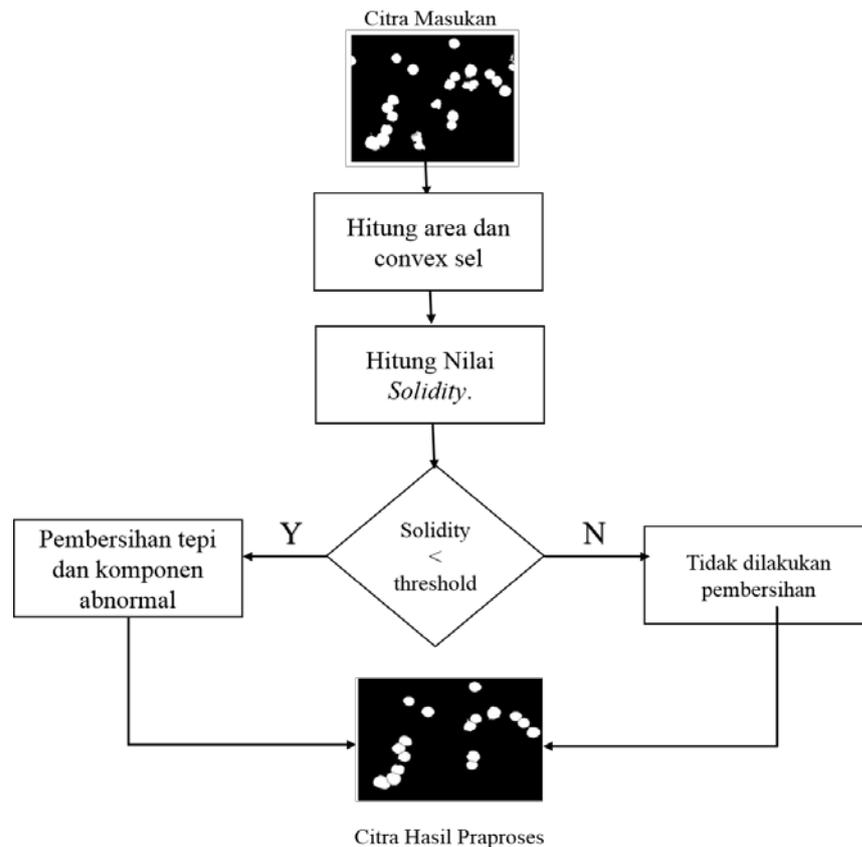
Untuk mengidentifikasi sel individual dan sel yang bersentuhan dilakukan analisis *roundness* dengan menggunakan persamaan (2.8). Analisis *roundness* merupakan pengukuran seberapa bulat bentuk sel. Sel individual akan memiliki bentuk lebih bulat (*round*) dibandingkan sel yang bersentuhan. *Roundness* bernilai

1 untuk objek yang bundar dan kurang dari 1 untuk objek yang menjauhi bentuk bundar; pengukuran ini relatif insensitif terhadap *boundary* yang *irregular* .

Berdasarkan penelitian Putzu, dkk (2014) pada citra mikroskopik sel darah yang telah dilakukan, nilai *roundness* 0.8 dapat digunakan untuk membedakan sel darah putih tunggal dengan sel darah putih yang bersentuhan (*grup*), sehingga nilai tersebut digunakan sebagai *threshold*. Komponen yang terhubung (*connected component* atau *region*) dengan *roundness* lebih besar dari nilai *threshold* diklasifikasikan sebagai sel darah putih individual, selanjutnya diproses ke tahap analisis berikutnya. Sedangkan *region* yang bernilai *roundness* kurang dari nilai *threshold*, digolongkan sebagai sel yang bersentuhan atau grup sel dan akan diproses pada tahapan selanjutnya

3.1.4 Pra-Proses (*Image Cleaning*)

Pra-proses pada penelitian ini fokus pada *image cleaning* yakni penghapusan semua sel darah putih yang terdapat pada tepi citra dan semua

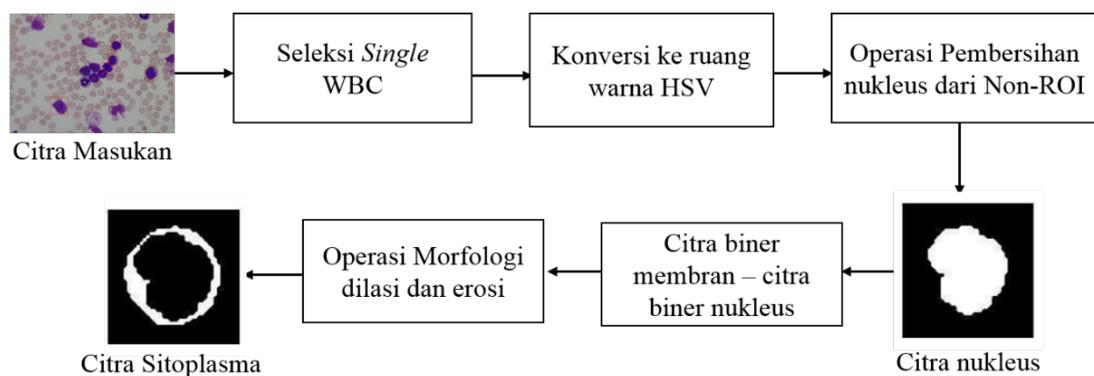


Gambar 3.5 Rancangan sistem pra-proses (*image cleaning*)

komponen abnormal (non-sel darah putih). Tahapan ini bertujuan untuk mengurangi *error* pada tahap analisis akhir. Pertama, ukuran *area* dan *convex area* dihitung untuk masing-masing sel darah putih. *Area* dan *convex area* akan digunakan untuk menghitung *solidity* atau kepadatan objek yang akan digunakan untuk memisahkan komponen abnormal. Selanjutnya akan dihitung nilai *threshold* dari citra. Komponen yang nilai *solidity*-nya di bawah nilai *threshold* akan dianggap sebagai komponen abnormal dan dibuang. Setelah dilakukan proses *image cleaning* citra hasil praproses akan dikorespondesikan dengan citra RGB aslinya untuk dilakukan identifikasi sel individual. Tahapan proses *image cleaning* dapat dilihat pada Gambar 3.5.

3.1.5 Seleksi Nukleus dan Sitoplasma

Seleksi nukleus dan sitoplasma yang dilakukan mengadaptasi dari penelitian yang dilakukan oleh Putzu, dkk (2014). Tahapan ini diawali dengan melakukan seleksi sel darah putih tunggal menggunakan *bounding box*, yaitu *rectangle* terkecil yang mencakup komponen terhubung, bertujuan untuk mengisolasi sel darah putih tunggal atau individual sehingga menjadi sub-sub citra. Citra biner nukleus diperoleh dari komponen *S* pada ruang warna HSV melalui operasi *threshold*. Selanjutnya dilakukan operasi pembersihan tepi citra dengan membersihkan citra tepi yang memiliki *area region* kurang dari rata-rata sel darah putih, objek yang bukan ROI pun ikut dihilangkan. Selanjutnya, setelah citra biner nukleus terekstrak, sitoplasma dapat diperoleh dengan pengurangan antara citra biner membran sel dengan citra nukleus.

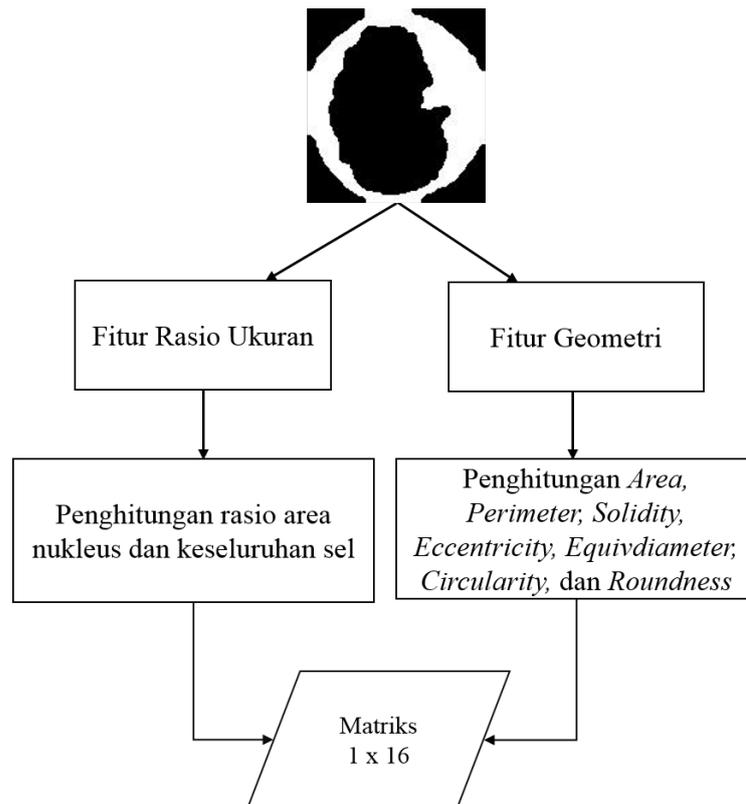


Gambar 3.6 Rancangan sistem proses seleksi nukleus dan sitoplasma.

3.1.6 Ekstraksi Fitur Bentuk dan Fitur Tekstur

Untuk menghitung fitur bentuk dilakukan perhitungan dari citra hasil pra-proses yang terdiri dari citra biner nukleus dan citra biner sitoplasma. Fitur bentuk yang dihitung meliputi 2 fitur rasio ukuran dan 14 fitur geometri. Fitur rasio ukuran yang dihitung adalah area dan perimeter antara nukleus dan keseluruhan sel. Tujuh fitur geometri yang dihitung yaitu *area*, *perimeter*, *solidity*, *eccentricity*, *equivdiameter*, *circularity*, dan *roundness* yang masing-masing merepresentasikan geometri dari nukleus dan sitoplasma sehingga akan ada 14 fitur geometri.

Langkah pertama rasio area dan perimeter nukleus terhadap membran sel akan dihitung dan disimpan pada matriks berukuran 1 x 2. Fitur ini merepresentasikan perbandingan antara nukleus dan membran sel. Dengan perbandingan area nukleus dan membran sel maka dapat diidentifikasi salah satu ciri limfoblast yakni bentuk nukleus yang hampir menutupi keseluruhan membran sel. Selanjutnya fitur bentuk yang diekstraksi dengan menggunakan citra biner nukleus dan sitoplasma hasil pra-proses berjumlah 7 jenis fitur yang merepresentasikan geometri dari masing-masing nukleus dan sitoplasma, sehingga



Gambar 3.7 Rancangan sistem ekstraksi fitur bentuk.

hasilnya akan terdapat 14 nilai yang juga akan disimpan pada matriks berukuran 1×14 . Fitur bentuk yang terdiri dari fitur rasio dan fitur geometri ini kemudian digabungkan dan membentuk matriks fitur berukuran 1×16 . Diagram ekstraksi fitur bentuk dapat dilihat pada Gambar 3.7.

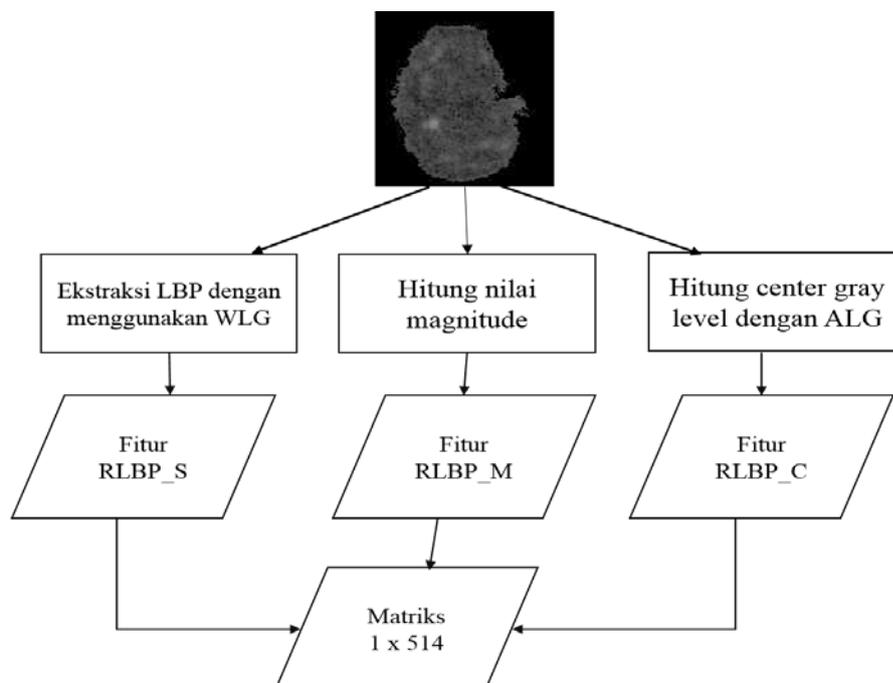
Untuk menghitung fitur tekstur dilakukan dengan menggunakan metode *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP) yang akan menghasilkan 3 jenis fitur yakni RLBP, RLBP_M, dan RLBP C. Untuk ekstraksi fitur tekstur yang digunakan adalah citra level keabuan dari nukleus. Hal ini dikarenakan citra tekstur digunakan untuk memperoleh informasi sebaran distribusi kromatin pada nukleus. RLBP merupakan fitur pertama yang akan diekstraksi dengan menggunakan persamaan (2.14). Pada penelitian ini radius yang dipakai 1 dengan ketetanggaan 8 ($R=1, P=8$) sehingga matriks yang dihitung berukuran 3×3 . Pada dasarnya RLBP memiliki konsep yang sama dengan LBP yang membedakan adalah pada RLBP titik pusat dari ketetanggaan digantikan dengan nilai level keabuan lokal yang sudah diberi bobot dengan nilai parameter tertentu atau yang disebut dengan WLJ seperti pada persamaan (2.13). Hal ini bertujuan agar nilai piksel pusat tidak diabaikan dalam pengolahan piksel. Dari masing-masing ketetanggaan akan diperoleh nilai desimal RLBP yang memiliki nilai rentang $1 - 256$. Histogram dari nilai desimal ini yang selanjutnya menjadi fitur RLBP dan disimpan dalam matriks berukuran 1×256 .

Salah satu kelemahan dari LBP konvensional adalah pola yang berbeda dapat menghasilkan nilai LBP yang sama (Guo, 2010). Untuk menyelesaikan permasalahan tersebut diusulkan penggunaan selisih dari ketetanggaan yang selanjutnya disebut dengan RLB_Magnitude (RLBP_M). Perhitungannya secara konsep sama dengan RLBP biasa, namun pada RLBP_M tidak hanya piksel pusat yang diganti dengan nilai WLJ melainkan piksel ketetanggaan pun dilakukan perhitungan nilai WLJ. Setelah nilai ketetanggaan dan piksel pusat digantikan dengan hasil perhitungan WLJ maka dihitung selisihnya dipetakan untuk menjadi matriks baru dengan ukuran yang sama. Nilai piksel pusat kemudian digantikan dengan nilai rata-rata dari piksel ketetanggaan pada matriks baru. Selanjutnya setelah masing-masing nilai piksel pada matriks baru lengkap maka dilakukan perhitungan seperti yang ditunjukkan pada persamaan (2.16). RLBP_M juga menghasilkan

histogram dari nilai desimal dan disimpan dalam bentuk matriks fitur berukuran 256

RLBP_C merupakan fitur yang diambil berdasarkan titik pusat pada matriks 3x3 hal ini dikarenakan titik pusat individual memiliki informasi yang diskriminatif sehingga dapat dijadikan sebuah fitur. RLBP_C dihitung dengan menggunakan persamaan (2.17), dimana nilai piksel pusat terlebih dahulu dihitung menggunakan WLG dan kemudian dikurangkan dengan nilai rata-rata level keabuan lokal dari keseluruhan citra. Fitur RLBP_C merupakan histogram dari 0 atau 1 sehingga fitur ini hanya memiliki dua nilai fitur. Secara keseluruhan RLBP, RLBP_M dan RLBP_C akan digabung menjadi fitur CRLBP yang berukuran 1 x 514.

Berdasarkan penelitian Zhao,dkk (2013) nilai parameter (α) pada *weighted local gray level* yang paling optimal untuk citra dengan iluminasi yang beragam adalah 1 dan 8, maka pada penelitian ini kedua nilai tersebut akan digunakan dalam uji coba skenario CRLBP. Selanjutnya hasil dari ekstraksi fitur bentuk dan tekstur ini akan digabungkan sebagai fitur untuk deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL). Sehingga fitur yang dihasilkan dalam satu citra adalah $N \times 530$ dengan N adalah banyaknya jumlah sel tunggal dalam satu citra.



Gambar 3.8 Rancangan sistem ekstraksi fitur tekstur.

3.1.7 Klasifikasi Menggunakan *Support Vector Machine*

Deteksi penyakit *Acute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) diuji dengan cara klasifikasi menggunakan *Support Vector Machine* (SVM). Pada dasarnya SVM merupakan jenis pengklasifikasi untuk dua kelas karena metode ini mengoptimalkan *margin* antar kelas. Selain itu SVM digunakan karena model ini sangat cocok untuk masalah klasifikasi biner yang pemisahan antara kelas tergantung pada jumlah variabel atau fitur yang beragam (Putzu dkk, 2014).

3.2 Implementasi Sistem

Pada tahapan ini, rancangan sistem yang telah dibuat sebelumnya akan diimplementasikan dalam bentuk *Graphical User Interface* (GUI) dengan menggunakan perangkat lunak Matlab R2011b dan beberapa *library* yang telah tersedia.

3.3 Uji Coba dan Analisis

Pengujian metode ini akan dihitung dengan menggunakan matriks konfusi. Matriks ini berisi informasi tentang nilai aktual dan prediksi citra uji yang didapat dari *classifier*. *True Positive* (TP) adalah jumlah *blast* yang diklasifikasikan secara benar sebagai *blast*. *False Negative* (FN) adalah jumlah *blast* yang diklasifikasikan sebagai limfosit normal. *False Positive* (FP) adalah jumlah limfosit normal yang diklasifikasikan sebagai *blast* dan *True Negative* (TN) adalah jumlah limfosit normal yang diklasifikasikan secara benar sebagai limfosit normal. Informasi ini selanjutnya akan digunakan untuk menghitung nilai *sensitivity*, *specificity*, dan akurasi

Pada tahap pengujian akan dihitung akurasi jumlah sel limfosit yang berhasil dideteksi untuk selanjutnya dibandingkan dengan *ground truth* atau jumlah limfosit yang telah dihitung secara manual. Uji coba klasifikasi secara garis besar akan dibagi menjadi dua tahap yaitu pengujian klasifikasi per-sel dan yang kedua akan dilakukan pengujian klasifikasi per citra. Untuk klasifikasi pada sel tunggal termasuk ALL atau Non-ALL akan dilihat dari hasil sel tunggal tersebut saja. Sedangkan untuk klasifikasi pengujian citra, seluruh sel tunggal dalam citra

akan diklasifikasi. Citra akan terklasifikasi sebagai ALL jika paling tidak ada 1 sel tunggal yang terklasifikasi sebagai ALL (Labati dkk, 2011).

Adapun skenario percobaan pada masing-masing pengujian sel dan citra akan dilakukan kombinasi ekstraksi fitur yang meliputi :

1. Menggunakan fitur bentuk
2. Menggunakan fitur tekstur LBP
3. Menggunakan fitur tekstur LBP + fitur bentuk
4. Menggunakan fitur tekstur CRLBP ($\alpha = 1$)
5. Menggunakan fitur tekstur CRLBP ($\alpha = 1$) + fitur bentuk
6. Menggunakan fitur tekstur CRLBP ($\alpha = 8$)
7. Menggunakan fitur tekstur CRLBP ($\alpha = 8$) + fitur bentuk.

Pada pengujian klasifikasi sel, classifier yang akan digunakan adalah *Support Vector Machine* dengan 3 kernel yakni Linear, Polynomial 2 dan *Radial Basis Function* (RBF). Sedangkan pada pengujian klasifikasi citra hanya akan menggunakan SVM dengan salah satu kernel yang memberikan hasil performansi paling tinggi berdasarkan pengujian sel. Pada tahapan ini pula akan dilakukan analisis perbandingan hasil deteksi antara fitur hasil ekstraksi metode usulan dan fitur hasil ekstraksi metode penelitian-penelitian sebelumnya.

Cross validation digunakan untuk validasi keakuratan dalam pengujian penelitian ini dalam penelitian ini dikarenakan data yang tidakimbang pada jumlah sel. Dimana jumlah data sel ALL lebih banyak dibandingkan jumlah data sel Non-ALL. Metode cross validation yang digunakan adalah dengan jumlah fold = 10. *k-cross validation*

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Lingkungan Uji Coba

Untuk melakukan implementasi dan pengujian CRLBP untuk deteksi ALL, pada penelitian ini penulis menggunakan beberapa perangkat yang terdiri dari perangkat keras dan perangkat lunak.

Perangkat keras yang digunakan untuk implementasi dan pengujian adalah satu buah laptop dengan spesifikasi *processor* Intel Core i5-4210U 1.70 GHz RAM 2 GB. Sedangkan perangkat lunak yang digunakan pada tahapan implementasi dan pengujian adalah sistem operasi Windows 8.1 64 bit dan aplikasi Matlab R2011b.

4.2 Data Input

Dataset yang digunakan berjumlah 98 data citra darah yang terdiri dari 49 citra dengan label terinfeksi ALL dan 49 citra lainnya tidak terinfeksi ALL (Non-ALL). Sebanyak 65 citra merupakan citra yang diakuisisi menggunakan kamera Canon PowerShot G5 RGB 24-bit dengan resolusi 2592 x 1944 piksel dengan format JPG. Sedangkan 33 citra lainnya diakuisi dengan kamera Olympus C2500L menghasilkan resolusi 1712 x 1368 piksel. Data dari ALL-IDB1 yang digunakan memiliki beragam iluminasi dikarenakan tidak meratanya pencahayaan saat akuisi dan juga panjang sensor dari kamera yang digunakan berbeda sehingga mempengaruhi intensitas cahaya yang diterima. Perbedaan iluminasi pada citra *input* ditunjukkan pada Gambar 3.3.

Selain klasifikasi berdasarkan citra, dalam penelitian ini juga dilakukan klasifikasi berdasarkan sel yang diambil dari hasil deteksi pada masing-masing citra.

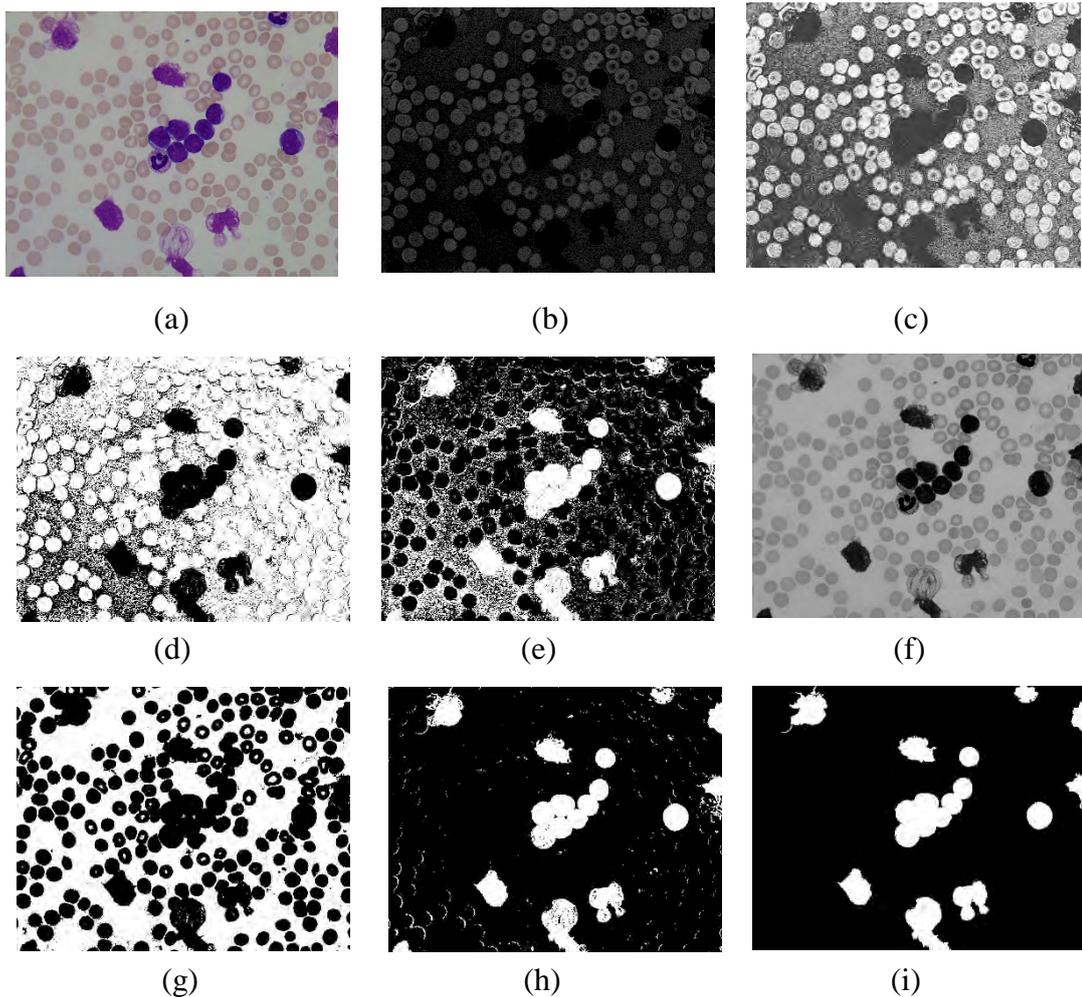
4.3 Deteksi Sel Darah Putih

Deteksi sel darah putih adalah langkah pertama dalam penelitian ini. Komponen sel darah putih merupakan bagian yang berwarna ungu yang disebabkan oleh pewarna giemsa seperti yang ditunjukkan pada Gambar 3.3. Deteksi sel darah putih dilakukan pada ruang warna CMYK dan memanfaatkan komponen Y.

Membran sel darah putih lebih kontras pada komponen Y karena warna kuning terdapat pada semua komponen citra kecuali darah putih. Selanjutnya dilakukan proses histogram ekualisasi dan segmentasi menggunakan Algoritma Segitiga (Algoritma Zack). Hasil algoritma ini sangat efektif karena histogram menunjukkan batas yang jelas antara titik puncak tertinggi dan puncak terendah yang ditunjukkan oleh nilai histogram komponen Y, sehingga antara leukosit dan sel darah merah dapat dipisahkan dengan jelas. Untuk membuat sel darah putih memiliki *background* gelap maka hasil segmentasi dari histogram komponen Y dilakukan komplemen.

Untuk meningkatkan hasil identifikasi sel darah putih dilakukan proses penghilangan *background* dengan menggunakan *thresholding* otomatis pada citra gray level dengan menggunakan komponen *green* (G) dari citra RGB. Komponen *green* ini pun akan di histogram untuk selanjutnya disegmentasi menggunakan algoritma Zack. Hasil yang ditunjukkan memang tidak begitu akurat pada semua aspek seperti yang ditunjukkan pada Gambar 4.1 (g). Sebagai contoh pusat dari sel darah merah dapat terdeteksi sebagai *background*. Namun, hal ini tidak mengurangi efektivitas penghilangan *background* karena tujuan dari tahap ini agar hanya sel darah putih saja yang tetap berada pada citra. Selanjutnya, hasil segmentasi komponen *green* akan disubstraksi dengan komplemen dari komponen Y.

Hasil penghilangan *background* ini tidak menghasilkan hasil yang bersih untuk keseluruhan citra sehingga dibutuhkan proses *opening* untuk menghilangkan semua objek yang ukurannya lebih kecil dari *structuring element*. *Structuring element* yang digunakan memiliki bentuk lingkaran dan ukurannya dihitung berdasarkan rata-rata ukuran objek pada citra. Citra hasil *opening* masih menunjukkan adanya *noise* berupa titik-titik putih yang merupakan bagian dari komponen sel darah merah. Untuk menghilangkannya dilakukan penghitungan *area*. Jika nilai *area* lebih besar dari ambang yang ditentukan maka termasuk sel darah putih sedangkan jika tidak maka akan dihilangkan dari citra. Citra hasil tiap tahapan pada deteksi sel darah putih dapat dilihat pada Gambar 4.1.

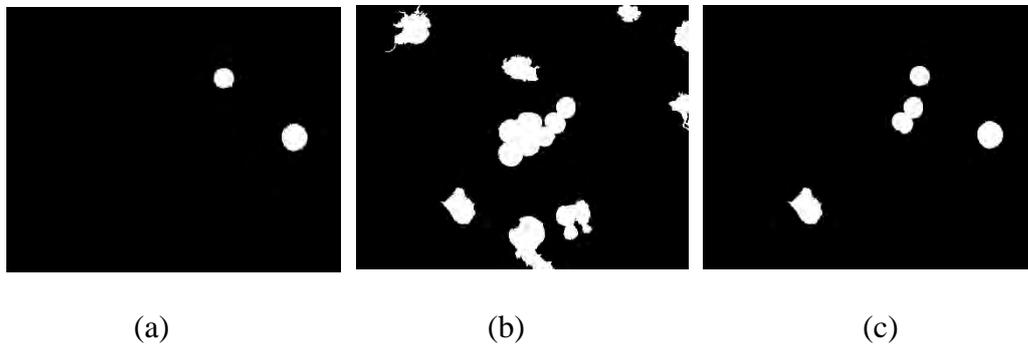


Gambar 4.1 Identifikasi Sel Darah Putih: (a) citra asli, (b) komponen Y citra, (c) histogram ekualisasi Y, (d) segmentasi Zack Y, (e) komplemen dari segmentasi Y, (f) komponen G citra, (g) segmentasi Zack G, (h) hasil opening, (i) hasil final penghilangan *background*.

4.4 Identifikasi Limfosit

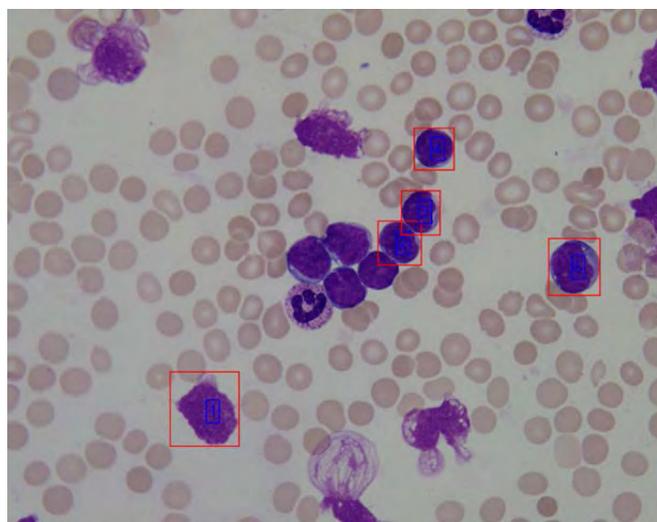
Limfosit merupakan komponen dari sel darah putih yang menjadi acuan dalam penelitian ini apakah seseorang terkena ALL atau tidak. Setelah deteksi sel darah putih maka selanjutnya akan dilakukan deteksi limfosit. Citra sel darah yang sudah dihilangkan *background*-nya akan diidentifikasi limfosit dengan memisahkan antara sel tunggal dan sel yang bersentuhan. Identifikasi menggunakan analisis roundness dengan nilai ambang 0,8. Sel dengan roundness diatas 0,8 merupakan sel leukosit sedangkan dibawah 0,8 berarti bukan sel limfosit atau termasuk sel limfosit namun bersentuhan (*touching cell*). Karena tidak dilakukan

pemisahan sel yang bersentuhan, maka untuk meningkatkan hasil penelitian dilakukan *image cleaning* yang bertujuan untuk menghilangkan sel yang berada di tepi dan sel abnormal.



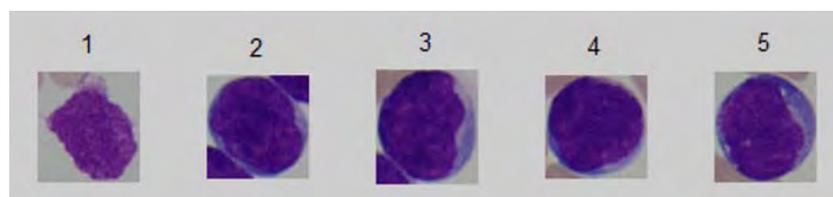
Gambar 4.2 Identifikasi leukosit : (a) limfosit tunggal, (b) limfosit bersentuhan dan komponen abnormal lain, (c) sel limfosit final setelah image cleaning

Image cleaning penghilangan sel abnormal dilakukan dengan mengukur kepadatan sel dengan menggunakan nilai ambang 0,87. Hasil dari *solidity* ini dapat membuat beberapa sel bersentuhan akan terbaca sebagai sel tunggal. Namun masih kurang akurat karena komponen sel darah putih yang bukan limfosit pun bisa terdeteksi sebagai limfosit tunggal seperti yang terlihat pada Gambar 4.2 (c). Citra limfosit final hasil *image cleaning* akan dikorespondensikan dengan citra asli RGB untuk dilakukan *cropping* untuk memperoleh sel pada citra limfosit final tersebut.



Gambar 4.3 Korespondensi citra hasil image cleaning pada citra RGB.

Dari Gambar 4.3 dan 4.4 dapat terlihat proses identifikasi limfosit tunggal setelah proses *image cleaning* dapat menyebabkan kesalahan identifikasi. Contohnya adalah Gambar no.1 pada Gambar 4.4. Komponen darah tersebut seharusnya bukan termasuk limfosit namun terklasifikasi limfosit dikarenakan kepadatan (*density*) dari sel tersebut yang mirip dengan limfosit.



Gambar 4.4 Citra limfosit tunggal setelah di-*cropping*.

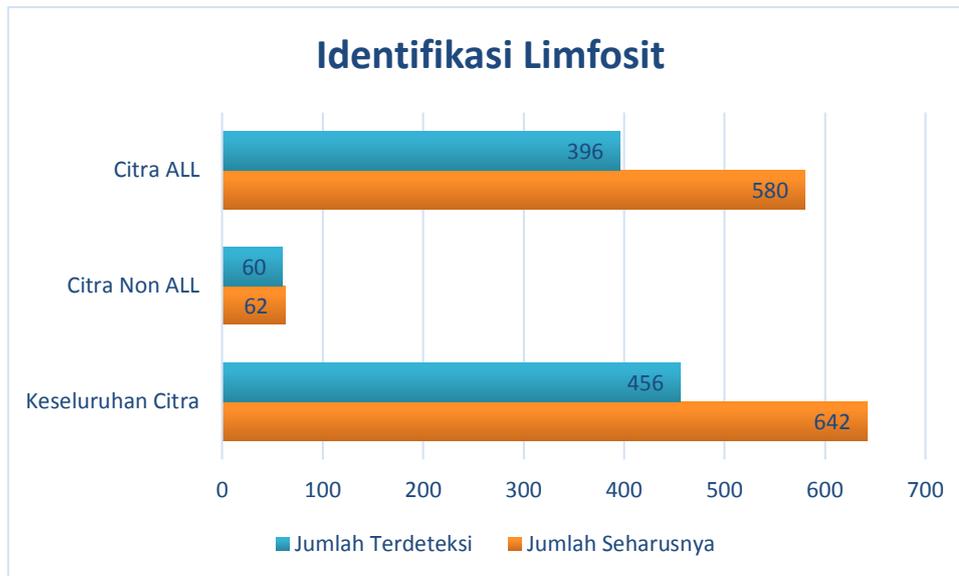
Sebanyak 98 citra yang terdiri 49 citra ALL dan 49 citra non-ALL dilakukan proses identifikasi sel sebelum dilakukan proses selanjutnya. Deteksi otomatis dengan menggunakan aplikasi akan dibandingkan dengan *ground turth* atau jumlah asli limfosit yang telah dihitung secara manual. Namun dikarenakan *ground turth* limfosit dari dataset ini hanya sel limfosit yang terkena ALL saja maka penulis melakukan penghitungan manual untuk digunakan sebagai perbandingan. Penghitungan manual dengan menggunakan panduan ciri-ciri sel limfosit dibandingkan dengan jenis sel lain sel darah putih.

Tabel 4.1 Hasil Identifikasi Limfosit

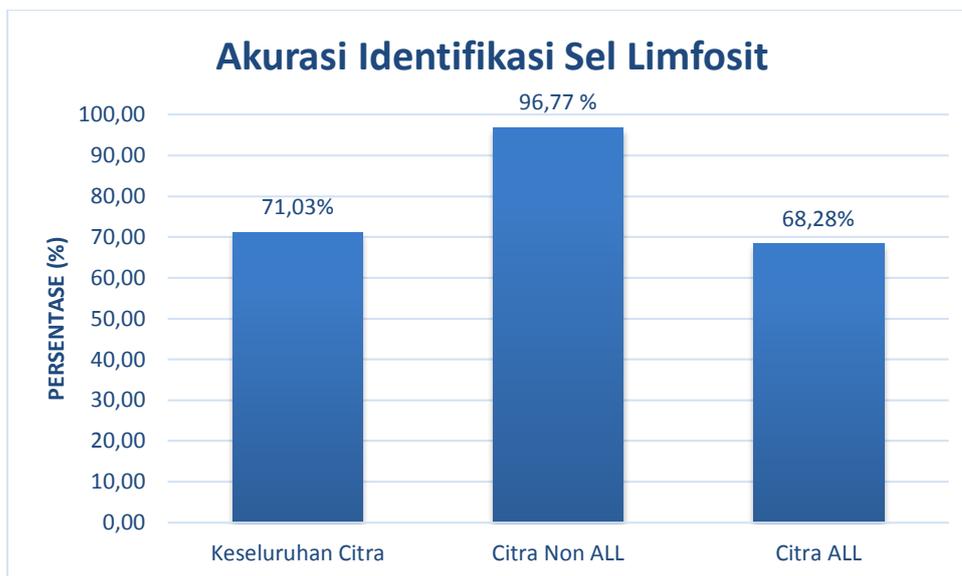
Jenis Citra	Jumlah Sel Seharusnya	Jumlah Sel Terdeteksi	Akurasi (%)
Citra ALL	580	396	68,28
Citra Non ALL	62	60	96,77
Citra Total	642	456	71,03

Dari 49 citra yang terkategori ALL terdeteksi 396 sel limfosit dari jumlah seharusnya ada 580 sel limfosit pada citra ALL. Sedangkan dari 49 citra non ALL terdeteksi 60 sel dari jumlah sel seharusnya 62 sel limfosit. Keseluruhan dari 98

citra ada 642 sel limfosit namun dalam penelitian ini hanya ada 456 sel limfosit saja yang terdeteksi atau sekitar 71,03%.



Gambar 4.5 Perbandingan jumlah sel limfosit yang terdeteksi dan *ground truth*.

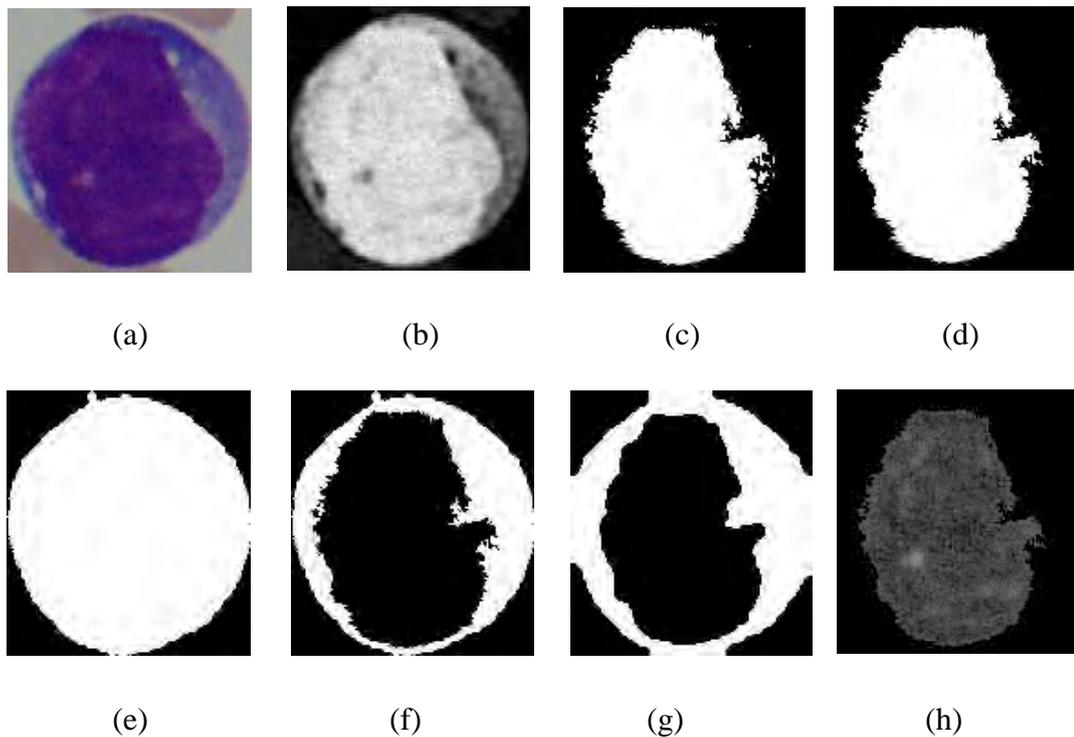


Gambar 4.6 Akurasi identifikasi sel leukosit

4.5 Seleksi Nukleus dan Sitoplasma

Setelah limfosit tunggal teridentifikasi langkah berikutnya adalah segmentasi untuk mendapatkan nukleus dan sitoplasma dari sel. Pendekatan seleksi nukleus memanfaatkan komponen warna *green* (G) dari citra warna RGB yang kemudian

dilakukan *thresholding* dengan metode Otsu. Namun karena hasil citra yang biner tidak menghasilkan hasil yang baik karena adanya granulosit yang ikut terseleksi sebagai nukleus, maka hasil citra biner dari komponen *green* (G) dikombinasikan dengan hasil biner komponen S dari HSV yang juga telah di-*thresholding* dengan Otsu. Pada Gambar 4.7 (c) terlihat adanya titik-titik putih di sekitar nukleus yang merupakan bagian dari sitoplasma namun terbaca sebagai nukleus. Pada Gambar 4.7(d) setelah biner komponen *green* (G) dikombinasikan dengan biner dari komponen S ruang warna HSV titik-titik putih disekitar nukleus sudah tidak nampak.



Gambar 4.7 Hasil seleksi nukleus dan sitoplasma (a) Sel individual limfosit, (b) citra level keabuan, (c) citra biner hasil Otsu pada komponen G, (d) citra biner hasil Otsu kombinasi dengan komponen S dari HSV, (e) Citra biner membran sel, (f) citra sitoplasma sel, (g) citra sitoplasma hasil dilasi dan erosi, (h) citra tekstur nukleus pada komponen G

Setelah nukleus didapatkan maka sitoplasma pun dapat didapatkan dengan cara mengurangi citra biner membran atau sel keseluruhan dengan citra biner nukleus seperti pada Gambar 4.7(f). Citra sitoplasma yang telah terekstrak kadang

dijumpai *region* atau garis yang tidak terhubung, sehingga harus ditutup dengan operasi morfologi, dilasi dilanjutkan dengan erosi dengan elemen penstruktur berbentuk *disk*, agar memudahkan proses ekstraksi fitur bentuk (Gambar 4.7 (g)).

4.6 Ekstraksi Fitur

Ekstraksi fitur pada penelitian ini meliputi ekstraksi fitur bentuk dan fitur tekstur. Fitur bentuk akan diekstraksi menggunakan citra biner (Gambar 4.7 (g)) untuk menghitung beberapa fitur geometri dari nukleus dan juga sitoplasma.

4.6.1 Ekstraksi Fitur Bentuk

Fitur bentuk yang diekstraksi meliputi 2 fitur rasio ukuran dan 14 fitur geometri. Masing-masing 7 fitur geometri nukleus dan 7 fitur geometri sitoplasma, sehingga totalnya ada 16 fitur bentuk. Hasil fitur bentuk berupa data matriks berukuran 1×16 .

4.6.2 Ekstraksi Fitur Tekstur

Fitur tekstur yang digunakan pada penelitian adalah *Complete Robust Local Binary Pattern* (CRLBP). CRLBP terdiri dari RLBP_Sign (RLBP_S), RLBP_Magnitude (RLBP_M) dan RLBP_Center (RLBP_C). RLBP_S dan RLBP_M masing-masing menghasilkan 256 nilai fitur yang merupakan nilai histogram dari masing-masing fitur tersebut. Sedangkan fitur RLBP_C hanya menghasilkan 2 nilai fitur. Sehingga total keseluruhan fitur tekstur dengan menggunakan CRLBP untuk satu sel sebanyak 514. Data fitur berupa matriks berukuran 1×514 .

4.7 Hasil Uji Coba Klasifikasi

Uji coba dilakukan dengan beberapa skenario pengujian. Pengujian pertama yaitu pengujian klasifikasi masing-masing sel limfosit yang terdeteksi (456 sel) dalam 7 skenario kombinasi fitur dengan menggunakan 3 kernel SVM yang berbeda yakni Linear, Polynomial dengan nilai order 2 dan *Radial Basis Function* (RBF). Untuk klasifikasi per sel data input berupa matriks dari citra yang sudah diekstraksi sehingga data inputnya berupa matriks berukuran $456 \times$ panjang fitur. Pengujian selanjutnya adalah klasifikasi per citra (98 citra) dengan menggunakan klasifikasi

SVM dengan kernel terbaik berdasarkan dari pengujian pada tingkat sel. Uji coba dilakukan menggunakan 10-fold setiap percobaan dan selanjutnya dilakukan penghitungan *confusion matrix*. Input untuk pengujian ini berupa citra RGB. Pada uji coba klasifikasi sel karena *k-cross validationnya* acak maka penulis melakukan percobaan sampai 10 kali untuk tiap skenarionya untuk mengambil nilai rata-ratanya.

4.7.1 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Bentuk

Data input pada pengujian ini berupa data matriks berukuran 456 x 16. Klasifikasi menggunakan SVM untuk 3 kernel yang berbeda dengan masing-masing menggunakan 10 fold. Dalam 10 fold yang terbentuk terdapat 411 data training dan 45 sisanya sebagai data uji.

Tabel 4.2 Hasil pengujian klasifikasi fitur bentuk

Kernel SVM	Sensitivity (%)	Specificity (%)	Accuracy (%)
Linear	98,14	43,20	82,67
Polynomial 2	97,06	43,10	82,89
RBF	91,96	51,37	86,22

Pada pengujian dengan menggunakan fitur bentuk akurasi tertinggi adalah dengan menggunakan kernel RBF yakni 86,22%. Dengan menggunakan kernel Linear dan Polynomial 2 secara berturut-turut akurasinya adalah 82,67% dan 82,89%. Sebaliknya nilai sensitifitas dengan menggunakan kernel Linear adalah yang tertinggi dengan persentase 98,14%. Sedangkan untuk nilai spesifisitas dengan menggunakan fitur bentuk berada pada kisaran 40%-52%, dengan nilai spesifisitas tertinggi yakni 51,37% dengan menggunakan kernel RBF.

4.7.2 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur LBP

Local Binary Pattern (LBP) merupakan dasar dari CRLBP. Pengujian dengan menggunakan fitur ini untuk membandingkan dengan metode usulan. LBP yang digunakan adalah LBP konvensional dengan jumlah 256 fitur untuk masing-masing sel. Data input untuk pengujian ini adalah data matriks berukuran 456 x 256.

Tabel 4.3 Hasil pengujian klasifikasi fitur LBP

Kernel SVM	Sensitivity (%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	91,43	32,20	80,44
Polynomial 2	89,19	26,04	81,78
RBF	87,45	40,00	87,56

Dengan klasifikasi hanya menggunakan fitur tekstur LBP , pengklasifikasi SVM dengan kernel RBF juga menunjukkan hasil akurasi yang paling tinggi dibandingkan kernel Linear dan Polynomial 2. Secara berturut-turut persentasenya adalah 87,56%, 80,44% dan 81,78%. Hasil sensitifitas tertinggi adalah klasifikasi SVM dengan kernel Linear yakni 91,43%. Untuk hasil spesifisitas persentasenya menurun dibanding pada pengujian dengan menggunakan fitur bentuk. Rentang persentase spesifisitas untuk pengujian dengan LBP adalah 32%-40% dengan hasil tertinggi dengan menggunakan kernel RBF yakni sebesar 40%.

4.7.3 Hasil Pengujian Klasifikasi Penggabungan Fitur Bentuk dan LBP

Kombinasi fitur selanjutnya adalah dengan menggabungkan fitur bentuk dan fitur tekstur LBP. Total kesuruhan untuk satu sel terdapat 272 fitur, sehingga data input pada percobaan ini berupa matriks berukuran 456 x 272.

Tabel 4.4 Hasil pengujian klasifikasi gabungan fitur bentuk dan LBP

Kernel SVM	Sensitivity(%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	93,23	60,90	88,44
Polynomial 2	91,74	55,24	87,33
RBF	87,26	30,00	87,33

Pada pengujian dengan penggabungan fitur ini, kernel Linear SVM menunjukkan persentase yang paling tinggi dalam hal akurasi, sensitifitas, dan spesifisitas dibandingkan dua kernel lainnya. Akurasi dengan kernel Linear sebesar 88,44% sedangkan Polynomial 2 dan RBF sama-sama hanya mencapai 87,33%. Untuk sensitifitas, kernel Linear mencapai 93,23% disusul polynomial 2 dengan

91,74% dan RBF 87,26%. Nilai spesifitas juga meningkat setelah penggabungan yakni 60,90%. Paling besar jika dibandingkan dengan menggunakan Polynomial 2 yang mencapai 55,24% atau RBF yang hanya mencapai 30,00%.

4.7.4 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur CRLBP1

Uji coba klasifikasi dengan fitur CRLBP1 adalah kombinasi keseluruhan fitur CRLBP dengan menggunakan nilai parameter $\alpha = 1$ yang merupakan nilai parameter dari *Weighted Local Gray-level* (WLG) yang digunakan dalam perhitungan nilai ambang pada CRLBP. Jumlah fitur CRLBP adalah 514 sehingga data inputan berupa data matriks berukuran 456 x 514.

Tabel 4.5 Hasil pengujian klasifikasi fitur CRLBP1

Kernel SVM	Sensitivity(%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	93,42	48,55	85,78
Polynomial 2	95,56	47,12	85,11
RBF	86,86	10,00	86,89

Pada pengujian ini akurasi tertinggi didapatkan dengan menggunakan SVM kernel RBF yakni sebesar 86,89%. Kernel Linear dan kernel Polynomial menunjukkan hasil yang tidak jauh berbeda berturut-turut sebesar 85,78% dan 85,11%. Nilai sensitifitas terbaik adalah dengan menggunakan kernel Polynomial 2 dengan persentase 95,56% disusul kernel Linear 93,42% dan kernel RBF sebesar 86,86%. Untuk nilai spesifisas, SVM Linear yang paling tinggi dengan nilai persentase 48,55% sedangkan menggunakan kernel RBF menunjukkan hasil paling rendah hanya 10,00%.

4.7.5 Hasil Pengujian Klasifikasai Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP1

Pada uji coba dengan kombinasi penggabungan fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP1 dihasilkan 530 fitur yang berasal dari 16 fitur bentuk dan 514 fitur tekstur CRLBP1. Data inputan pada skenario ini merupakan matriks dengan ukuran 456 x 530.

Tabel 4.6 Hasil pengujian klasifikasi kombinasi fitur bentuk dan CRLBP1

Kernel SVM	Sensitivity(%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	94,24	64,82	90,89
Polynomial 2	95,79	54,86	87,11
RBF	87,26	30,00	87,33

Hasil pengujian dengan penggabungan fitur bentuk dan CRLBP1 menunjukkan performa dari SVM kernel Linear lebih baik dibanding dua kernel lainnya. Hasil akurasi dengan kernel Linear mencapai 90,89%, sedangkan dengan kernel polynomial mencapai 87,11% dan menggunakan kernel RBF adalah 87,33%. Hasil sensitifitas yang paling baik ditunjukkan oleh SVM dengan kernel polynomial 2 dengan persentase sebesar 95,79% disusul kernel Linear dengan persentase 92,24% dan paling rendah kernel RBF dengan 87,26%. Nilai spesifitas SVM dengan kernel RBF juga kembali menunjukkan hasil yang sangat rendah yakni 30,00% . Sedangkan SVM kernel Linear menunjukkan hasil yang paling baik dari sisi spesifisitas sebesar 64,82% dan Polynomial 2 dengan 54,86%.

4.7.6 Hasil Pengujian Klasifikasi Menggunakan Fitur Tekstur CRLBP8

Pengujian dengan fitur tekstur CRLBP8 pada dasarnya sama dengan seperti pada pengujian dengan fitur tekstur CRLBP1 yakni dengan jumlah data inputan 456 x 530. Yang membedakan adalah nilai parameter pada WLG yang digunakan yakni $\alpha = 8$. Pemilihan parameter α yang digunakan didasarkan pada penelitian sebelumnya yang menyebutkan nilai 1 dan 8 adalah yang paling optimal untuk percobaan dengan citra iluminasi berbeda.

Tabel 4.7 Hasil pengujian klasifikasi fitur CRLBP8

Kernel SVM	Sensitivity(%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	98,19	65,37	91,11
Polynomial 2	96,76	59,80	89,11
RBF	87,06	20,00	87,11

Dengan menggunakan fitur CRLBP8, SVM dengan kernel Linear menunjukkan hasil persentasi yang lebih tinggi dalam hal akurasi, sensitifitas, dan spesifisitas dibanding kernel yang lainnya. Secara berturut persentase akurasi, sensitifitas dan spesifitas untuk SVM dengan kernel linear yakni 91,11%, 98,19% dan 65,37%. Untuk kernel Polynomial akurasi mencapai 89,11% dengan sensitifitas 96,76% dengan spesifisitas 59,80%. Sedangkan SVM dengan menggunakan kernel RBF menunjukkan persentase akurasi 87,11% dengan sensitifitas 87,06% dan nilai spesifisitas yang cukup rendah yakni 20,00%.

4.7.7 Hasil Pengujian Klasifikasi Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP8

Pengujian terakhir pada klasifikasi per sel limfosit adalah penggabungan fitur bentuk dan fitur CRLBP8. Data input untuk percobaan ini berupa matriks berukuran 456 x 530.

Tabel 4.8 Hasil pengujian klasifikasi kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8

Kernel Klasifikasi	Sensitivity(%)	Specificity(%)	Accuracy(%)
Linear	97,97	80,44	95,11
Polynomial 2	97,85	59,67	89,33
RBF	86,67	0,00	86,67

Pengujian kombinasi antara fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP8 menunjukkan akurasi dari SVM dengan kernel Linear adalah yang paling tinggi dengan persentase 95,11%. Sedangkan kernel Polynomial 2 mencapai 89,33% dan kernel RBF yang paling rendah yakni 86,67%. Sensitifitas tertinggi juga ditunjukkan oleh kernel Linear dengan persentase 97,97% disusul SVM kernel Polynomial 2 dengan persentase 97,85% dan terendah adalah 86,67% dengan menggunakan kernel RBF. Nilai spesifisitas kernel RBF kembali menunjukkan hasil yang kurang baik yakni 0 % . Sangat jauh dibandingkan dengan kernel Polynomial 2 yang persentase spesifisitasnya mencapai 59,67% atau kernel Linear yang menunjukkan nilai spesifitas tertinggi yakni 80,44%.

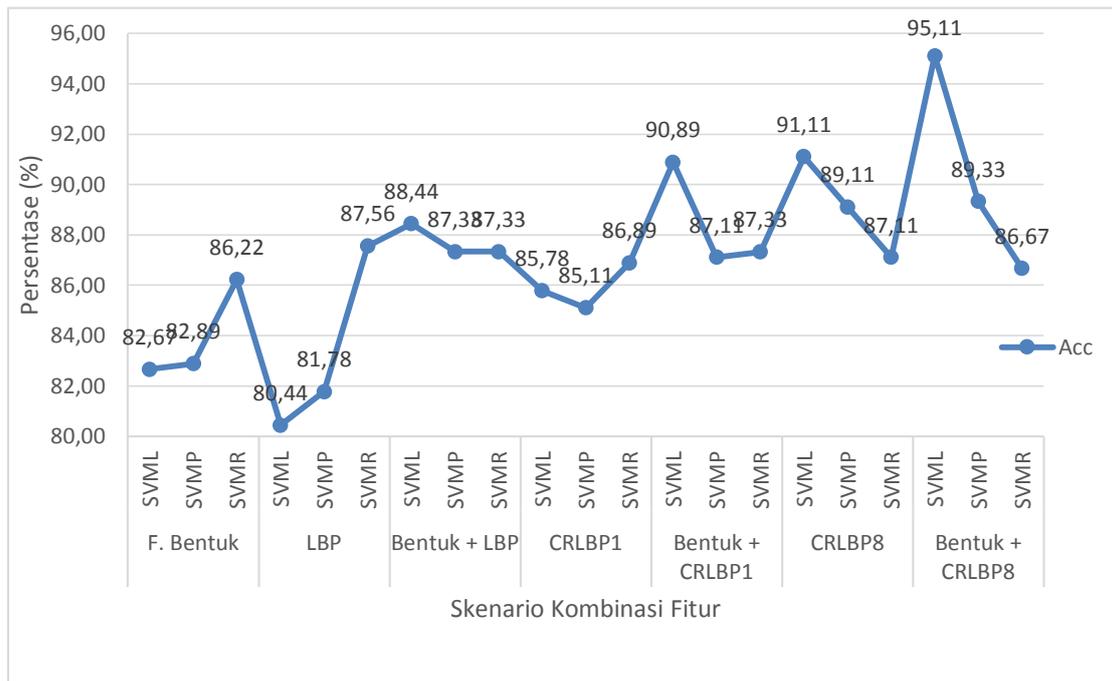
4.7.8 Rekapitulasi Pengujian Klasifikasi Sel

Tabel 4.9 menunjukkan nilai sensitifitas, spesifisitas, dan akurasi dari hasil klasifikasi 456 sel limfosit yang diekstraksi dari 98 data citra.

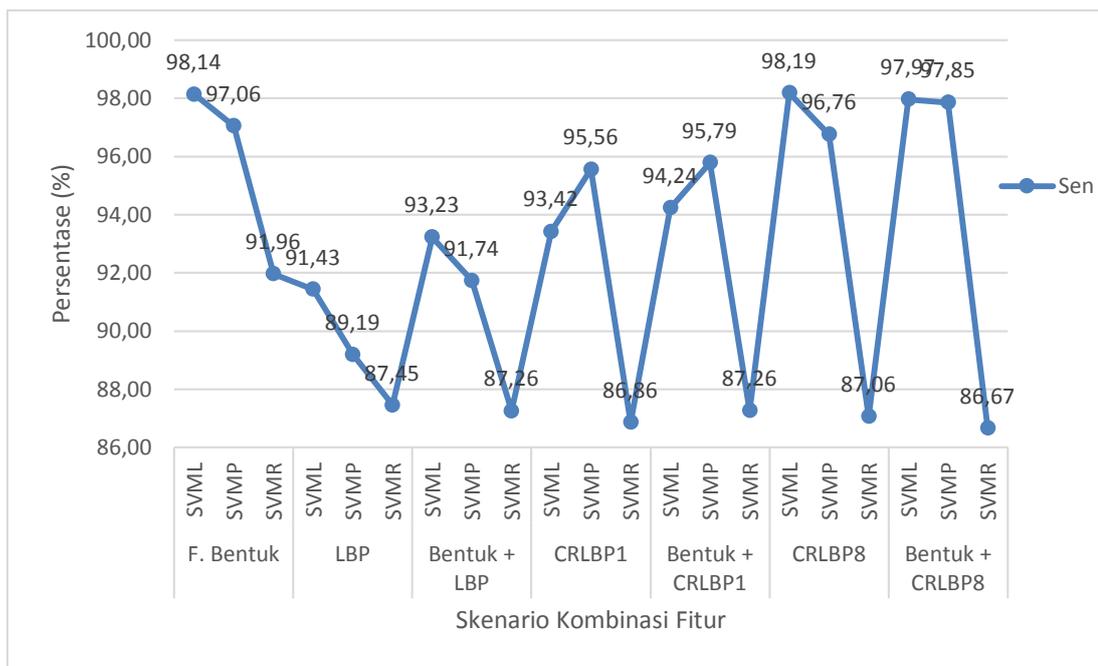
Tabel 4.9 Hasil klasifikasi sel menggunakan SVM

Kombinasi Fitur	Kernel	Sen (%)	Spe (%)	Acc (%)
Bentuk	Linear	98,14	43,20	82,67
	Poly 2	97,06	43,10	82,89
	RBF	91,96	51,37	86,22
LBP	Linear	91,43	32,20	80,44
	Poly 2	89,19	26,04	81,78
	RBF	87,45	40,00	87,56
Bentuk + LBP	Linear	93,23	60,90	88,44
	Poly 2	91,74	55,24	87,33
	RBF	87,26	30,00	87,33
CRLBP1	Linear	93,42	48,55	85,78
	Poly 2	95,56	47,12	85,11
	RBF	86,86	10,00	86,89
Bentuk + CRLBP1	Linear	94,24	64,82	90,89
	Poly 2	95,79	54,86	87,11
	RBF	87,26	30,00	87,33
CRLBP8	Linear	98,19	65,37	91,11
	Poly 2	96,76	59,80	89,11
	RBF	87,06	20,00	87,11
Bentuk + CRLBP8	Linear	97,97	80,44	95,11
	Poly 2	97,85	59,67	89,33
	RBF	86,67	0,00	86,67

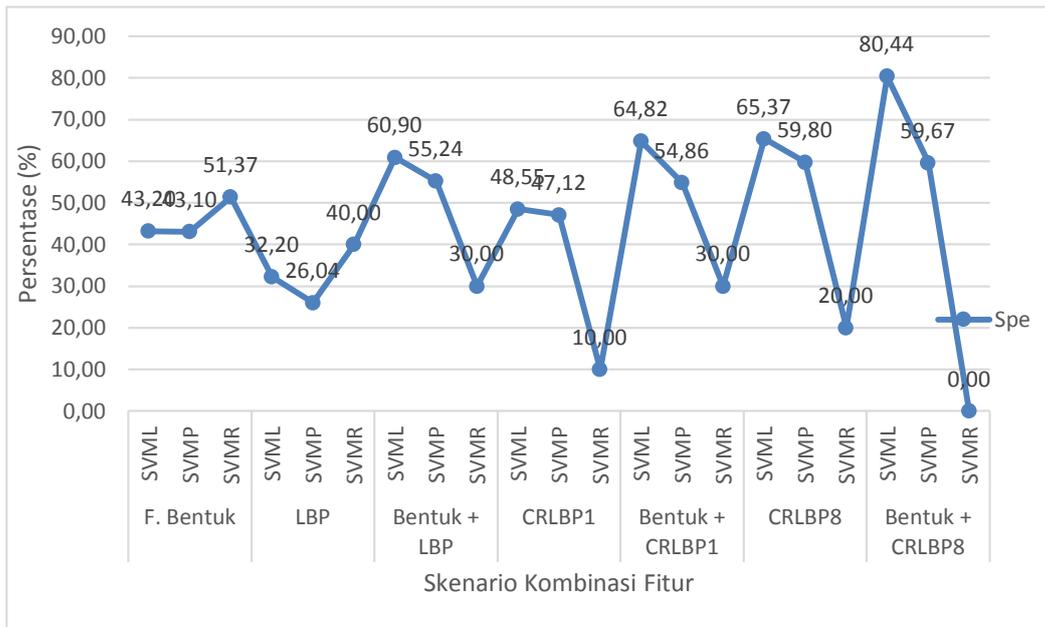
Hasil dari klasifikasi sel menunjukkan kernel Linear memiliki performansi yang paling baik dengan persentasi akurasi tertinggi adalah 95,11% pada kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 dengan nilai sensitifitas 97,97% dan spesifisitas 80,44%. Dari hasil pengujian tiap sel menunjukkan bahwa kernel Linear adalah yang paling baik dan selanjutnya kernel tersebut yang akan digunakan pada pengujian dengan data input masing-masing citra. Gambar 4.8, 4.9 dan 4.10 menunjukkan perbandingan persentase nilai akurasi, sensitifitas, dan spesifisitas dalam bentuk grafik untuk tiap skenario kombinasi fitur pada kernel SVM Linear, Polynomial 2 dan RBF.



Gambar 4.8 Persentase akurasi pengujian kombinasi fitur terhadap kernel SVM



Gambar 4.9 Persentase sensitifitas pengujian kombinasi fitur terhadap kernel SVM



Gambar 4.10 Persentase spesifisitas pengujian kombinasi fitur terhadap kernel SVM

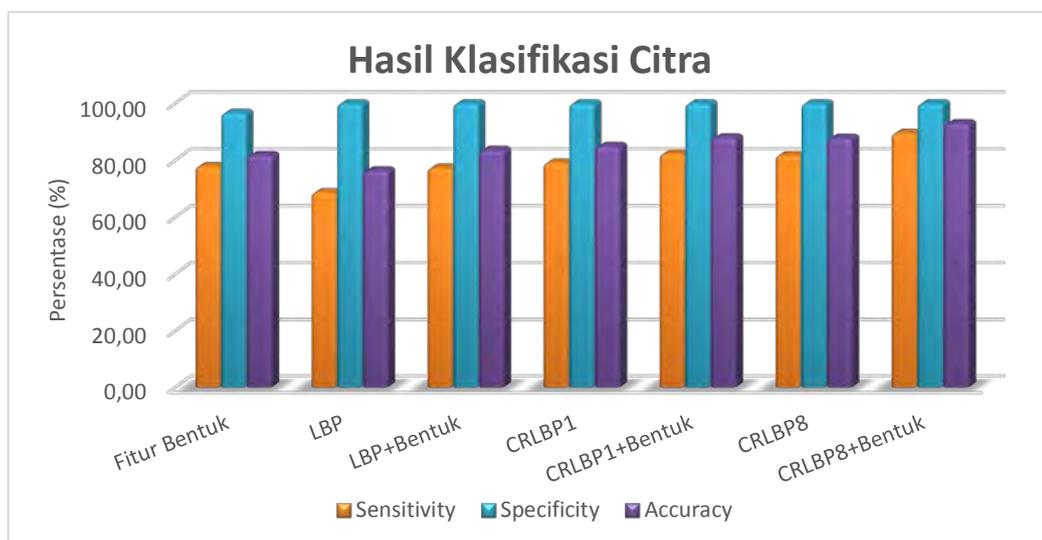
4.7.9 Hasil Pengujian Citra ALL

Pada pengujian ini setiap citra akan diklasifikasikan satu persatu. Sebanyak 98 citra dengan iluminasi beragam akan menjadi data input dengan menggunakan kfold 10. Sehingga pada setiap foldnya akan terdapat 88 atau 89 citra training dengan 10 atau 9 citra uji. Citra akan diklasifikasikan menggunakan *Support Vector Machine* (SVM) kernel Linear. Dalam pengujian citra, klasifikasi termasuk ke dalam kelas ALL atau Non-ALL berbeda dibanding dengan pengujian sel. Dikarenakan dalam citra bisa terdapat beberapa sel, maka penentuan suatu citra tergolong ALL atau Non ALL berdasarkan aturan jika dalam suatu citra paling sedikitnya ada 1 sel yang teridentifikasi sel ALL maka citra tersebut akan terklasifikasi sebagai ALL. Namun jika dalam citra tersebut tidak ada satupun sel yang teridentifikasi sebagai ALL maka citra tersebut akan terklasifikasi sebagai Non-ALL. Klasifikasi citra ini juga menggunakan 7 skenario kombinasi fitur seperti pada klasifikasi sel yakni fitur bentuk, fitur LBP, penggabungan fitur bentuk dan LBP, fitur CRLBP1, penggabungan fitur bentuk dan CRLBP1, fitur CRLBP8 serta penggabungan fitur bentuk dengan fitur CRLBP8.

Tabel 4.10 Hasil klasifikasi citra

Kombinasi Fitur	Sensitivity (%)	Specificity (%)	Accuracy(%)
Fitur Bentuk	77,98	96,67	81,89
LBP	68,77	100,00	76,44
LBP+Bentuk	77,38	100,00	83,67
CRLBP1	79,17	100,00	85,00
CRLBP1+Bentuk	82,35	100,00	88,00
CRLBP8	81,87	100,00	87,89
CRLBP8+Bentuk	89,58	100,00	93,00

Dari pengujian tiap citra didapatkan nilai akurasi paling tinggi adalah dengan menggunakan kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 yakni 93%, sedangkan yang terendah adalah dengan menggunakan fitur tekstur LBP saja yakni 76,44%. Demikian halnya dengan aspek sensitifitas, yang paling terendah adalah pengujian dengan menggunakan LBP yakni 68,77% dan kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 menghasilkan persentase sensitifitas paling tinggi yakni 89,58%. Pada perhitungan spesifisitas semua pengujian kecuali pengujian dengan menggunakan fitur bentuk saja menghasilkan persentase 100%. Sedangkan pengujian fitur bentuk nilai spesifisitas mencapai 96,67%.



Gambar 4.11 Grafik perbandingan sensitifitas, spesifisitas, dan akurasi tiap kombinasi fitur

Berdasarkan Gambar 4.11 maka dapat dilihat bahwa kombinasi fitur yang paling baik untuk klasifikasi citra ALL adalah dengan mengfabungkan fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP dengan nilai $\alpha = 8$.

4.8 Analisis dan Pembahasan

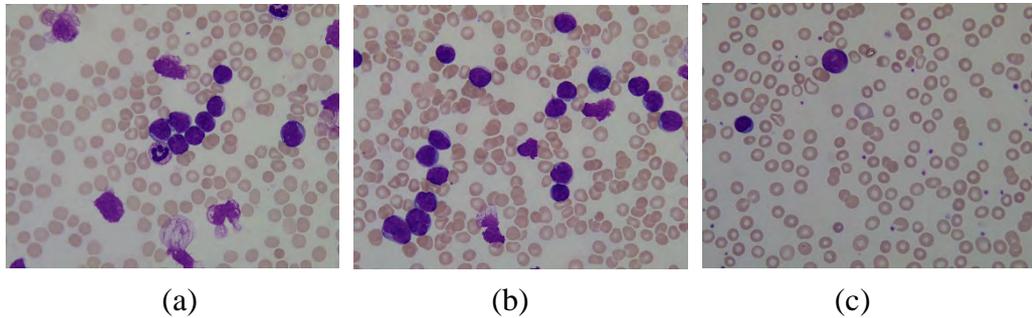
4.8.1 Analisis Identifikasi Sel Darah Putih

Identifikasi sel darah putih secara keseluruhan menghasilkan hasil yang bagus. Pewarnaan dengan giemsa sebelum akuisisi citra menjadikan komponen darah putih berwarna ungu sehingga cukup kontras dibandingkan komponen sel darah lainnya. Identifikasi sel limfosit tunggal menggunakan analisis roundness dengan nilai ambang 0,8 juga berhasil dengan baik. Nilai ambang yang dipilih adalah nilai ambang optimal. Nilai ambang default yakni 1 tidak dipilih dikarenakan bentuk sel limfosit yang tidak sepenuhnya berbentuk lingkaran sempurna. Sebagai contoh, pada Gambar 4.1 (a) yang merupakan citra asli secara manual terlihat ada 2 jumlah sel limfosit tunggal dan berhasil dikenali terdapat 2 sel tunggal setelah tahapan segmentasi dan hasilnya terdapat pada Gambar 4.2 (a).

Dari total jumlah keseluruhan perhitungan manual, dari 98 citra terdapat 642 sel limfosit namun dalam penelitian ini hanya berhasil mengidentifikasi 456 sel limfosit saja atau sebanyak 71,03%. Hal ini dikarenakan pada penelitian ini tidak dilakukan pemisahan sel sehingga sel-sel yang bersentuhan tidak dapat teridentifikasi. Berdasarkan Tabel 4.1, terlihat hasil akurasi identifikasi yang kontras antara identifikasi sel limfosit pada citra ALL dan citra non ALL. Pada citra ALL dari sebanyak 580 sel namun hanya 396 sel limfosit saja yang teridentifikasi atau sekitar 68,28%, sedangkan dengan jumlah citra yang sama citra Non-ALL dari 62 sel teridentifikasi sebanyak 60 sel atau 96,77%.

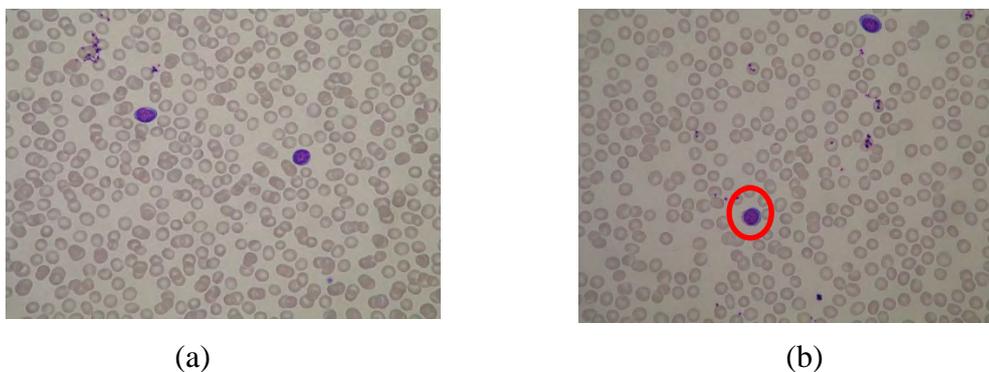
Citra ALL memiliki jumlah kandidat limfosit yang lebih banyak dikarenakan pada umumnya penderita ALL akan memiliki jumlah kandidat limfosit lebih banyak dibandingkan yang tidak terkena ALL. Namun tidak selamanya demikian, karena terdapat pula beberapa penderita yang terkena ALL walaupun hanya terdapat sel limfosit di dalam darahnya namun mengandung blast. Pada Gambar 4.12 yang merupakan dataset dari ALL-IDB1 dapat dilihat

bahwa jumlah limfosit tidak menentukan seseorang terkena ALL atau tidak. Namun berdasarkan jumlah sel limfosit yang mengandung blast dengan ciri-ciri seperti yang sudah dijelaskan pada sub-bab 2.1



Gambar 4.12 Citra ALL dengan berbagai jumlah sel limfosit (a) 8 sel limfosit, (b) 17 sel limfosit, (c) 2 sel limfosit.

Pada citra ALL banyak sel yang bersentuhan seperti contohnya pada Gambar 4.12 (a) terdapat 6 sel bersentuhan pada citra asli. Walaupun setelah praproses hanya tinggal 4 sel bersentuhan (Gambar 4.2 (c)) namun masih ada 4 sel lainnya yang bersentuhan sehingga tidak dapat untuk digunakan pada proses berikutnya. Hal inilah yang menyebabkan akurasi identifikasi limfosit pada sel ALL hanya mencapai 68,28% saja. Sedangkan pada citra sel Non-ALL kandidat limfositnya cenderung tidak bersentuhan satu sama lain sehingga akurasi identifikasi sel dapat lebih tinggi.



Gambar 4.13 Kesalahan identifikasi limfosit citra Non ALL (a) Identifikasi limfosit benar (b) Citra Non-ALL dengan kesalahan identifikasi limfosit.

Walaupun pada citra Non-ALL tidak terdapat sel yang bersentuhan, namun terdapat beberapa sel yang tidak teridentifikasi. Dari total 62 sel ada 2 sel yang tidak teridentifikasi sebagai limfosit. Contohnya adalah pada gambar 4.13 (b) dimana sel yang tidak teridentifikasi sebagai limfosit ditandai dengan lingkaran merah. Kesalahan identifikasi ini disebabkan sel limfosit tersebut memiliki bentuk dan tekstur yang mirip dengan komponen sel darah putih lain. Penghitungan manual jumlah limfosit bisa saja ada kesalahan dikarenakan bukan dilakukan oleh ahli sel, namun sudah dilakukan berdasarkan panduan mengenai bagian-bagian dalam sel darah putih

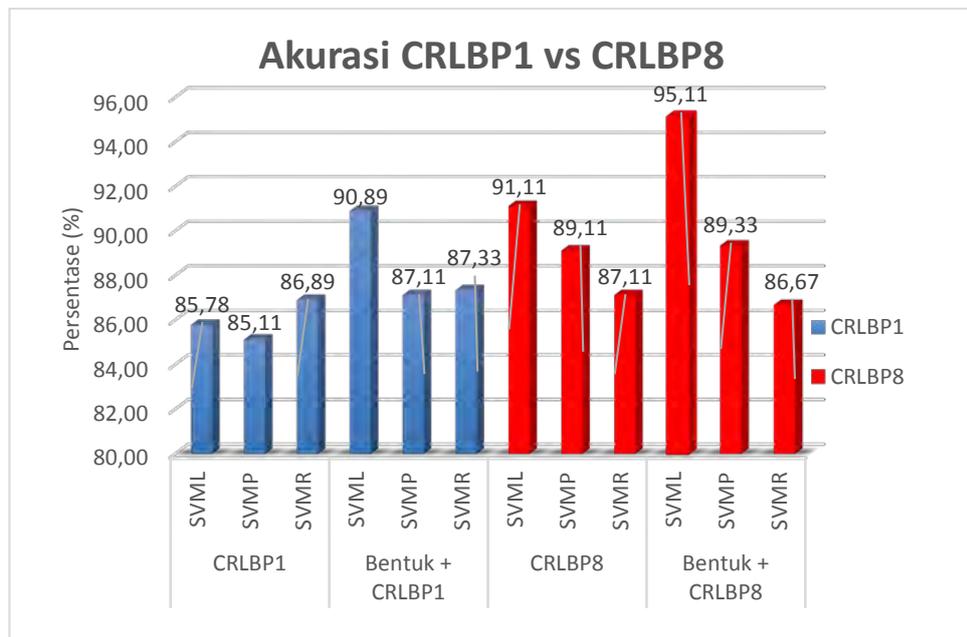
4.8.2 Analisis Klasifikasi Berdasarkan Sel

Pada uji coba berdasarkan sel terdapat 456 data input dengan panjang fitur yang berbeda-beda bergantung pada skenario pengujian. Berdasarkan tabel 4.8 dapat dilihat bahwa metode yang diusulkan yakni penggabungan fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP memiliki akurasi yang lebih baik dibandingkan metode yang sudah ada sebelumnya. Akurasi tertinggi didapatkan pada kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 yakni 95,11 %, terpaut 4% jika fitur CRLBP8 tidak digabungkan dengan fitur bentuk yakni 91,11%. Penggabungan dengan fitur tekstur terbukti cukup efektif karena mampu meningkatkan akurasi, karena cukup dengan fitur tekstur sendiri pun sudah cukup bagus klasifikasinya dengan akurasi tertinggi 86,22%. Nilai sensitifitas dan spesifisitas dari penggabungan antara fitur bentuk dan fitur CRLBP8 pun lebih tinggi dibanding skenario lainnya yakni berturut 97,97% dan 80,44% berturut-turut.

Penggabungan fitur bentuk dan fitur tekstur sangat baik hasilnya dikarenakan dengan fitur bentuk mampu mengekstraksi kandidat limfoblast yang memiliki sitoplasma yang hampir tidak kelihatan dan bentuk nukleus yang tidak regular. Sedangkan dengan fitur tekstur mampu untuk melihat distribus kromatin pada nukleus dan adanya nucleoli pada membran sel. Sehingga dengan menggabungkan keempat ciri tersebut akan mendapatkan hasil akurasi, sensitifitas, dan spesifisitas dibanding jika hanya mengekstraksi beberapa ciri saja.

Berdasarkan penelitian Yang Zhao, dkk (Zhao dkk, 2013) nilai α yang terbaik untuk CRLBP adalah 1 dan 8. Dalam penelitian ini kedua nilai α tersebut

digunakan dan CRLBP dengan $\alpha=8$ memiliki nilai akurasi tertinggi 91,11% dan 95,11% jika digabungkan dengan fitur bentuk. Hal ini lebih baik dibandingkan CRLBP dengan $\alpha=1$ yang memiliki akurasi 86,89% dan 90,89% jika digabungkan dengan fitur bentuk. Sehingga dapat disebutkan bahwa CRLBP dengan $\alpha=8$ lebih stabil untuk digunakan pada citra dengan iluminasi yang beragam.



Gambar 4.14 Perbandingan akurasi CRLBP 1 dengan CRLBP8

Pada dasarnya penggunaan nilai $\alpha=1$ sebagai paramater WLG dalam CRLBP sama dengan menggunakan *Average Local Gray-Level* (ALG). Dengan konsep yang sama dengan ALG, menggunakan nilai $\alpha=1$ menyebabkan nilai spesifik dari piksel individual (piksel pusat) akan diabaikan. Sedangkan terkadang informasi spesifik dari piksel pusat dibutuhkan. Dengan menggunakan nilai $\alpha = 8$ pada citra dengan iluminasi beragam hasilnya akan lebih baik karena mengekstraksi informasi level keabuan ketetangaan dan juga piksel individualnya. Hal ini pulalah yang menyebabkan CRLBP8 tanpa penggabungan dengan fitur bentuk mampu menghasilkan klasifikasi yang lebih baik daripada CRLBP1 yang digabungkan dengan fitur bentuk. Perbandingannya dapat dilihat pada Gambar 4.14. Secara keseluruhan metode CRLBP baik itu menggunakan $\alpha=1$ maupun $\alpha=8$

memiliki performa lebih baik dibandingkan metode konvensional LBP seperti yang dapat dilihat pada Gambar 4.8, 4.9 dan 4.10.

Walaupun menunjukkan nilai sensitifitas yang tinggi untuk semua skenario pengujian yakni rata-rata diatas 90%, namun spesifisitas pengujian sel ini cukup rendah. Tercatat hanya 3 pengujian yang memiliki nilai sensitifitas diatas 60% yakni fitur bentuk dan CRLBP8 dengan 80,44% pada SVML, fitur CRLBP8 pada SVML 65,37% serta kombinasi fitur bentuk dan CRLBP1 pada SVML dengan 64,82%. Hal ini dikarenakan banyaknya sel ALL yang terklasifikasi sebagai Non-ALL dalam setiap kfold pengujian. Sedangkan jumlah sel Non-ALL yang terklasifikasi benar sebagai Non-ALL juga jumlahnya sedikit dikarenakan adanya ketidakseimbangan data.

Dalam setiap pengujian dari 456 sel dengan perbandingan data training dan data uji 90:10 maka akan terdapat 411 data training dengan 45 data uji. Dari 45 data uji tersebut terdiri dari 39 data sel ALL dan hanya 6 data sel yang Non-ALL. Sehingga misal dalam satu pengujian ada 6 data sel ALL yang terklasifikasi sebagai Non-ALL dan dari 6 data sel Non-ALL hanya 4 data yang terklasifikasi benar sebagai Non-ALL, maka sudah pasti nilai spesifisitasnya akan menjadi rendah yakni 4/10 atau 40%. Bahkan dalam penghitungan nilai spesifisitas pada skenario kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 dengan menggunakan SVM kernel RBF nilainya adalah 0%. Hal ini disebabkan pada pengujian tersebut keseluruhan sel Non-ALL terklasifikasi sebagai citra ALL.

Pengujian sel menggunakan klasifikasi SVM dengan menggunakan 3 kernel berbeda yakni Linear, Polynomial 2, dan juga RBF. Tujuannya adalah untuk melihat kernel apakah yang memiliki performansi paling baik yang selanjutnya akan digunakan untuk klasifikasi gambar. Berdasarkan tabel 4.8 dapat terlihat bahwa dengan klasifikasi SVM kernel Linear menghasilkan akurasi, sensitifitas dan spesifisitas dibandingkan kedua kernel lainnya dengan persentase berturut-turut 95,11%, 98,19% dan 80,44%. Hal ini disebabkan secara default kernel Linear di desain untuk klasifikasi dengan dua kelas. Kernel RBF adalah yang paling rendah bahkan nilai spesifisitas RBF ada yang mencapai 0% di salah satu pengujian. Hal ini disebabkan kernel RBF lebih didesain untuk *one-class learning* atau *one-class classification* yakni untuk mengidentifikasi objek dari suatu kelas tertentu dari

keseluruhan objek dengan *learning* dari data *training* yang berisi objek dari kelas tersebut saja.

4.8.3 Analisis Klasifikasi Citra

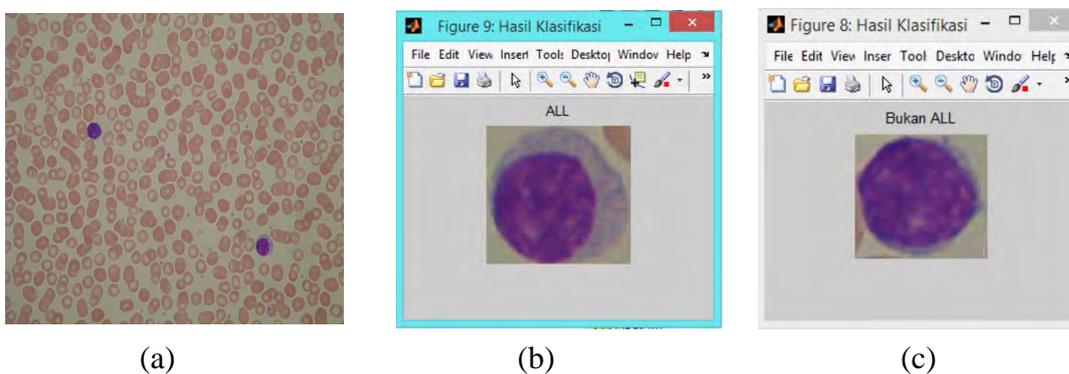
Jika data input pada pengujian sebelumnya berupa sel, maka pada pengujian ini data input berupa citra. Berdasarkan Tabel 4.11 citra pengujian dengan menggunakan SVM kernel Linear untuk citra mendapatkan hasil akurasi paling tinggi yakni 93,00% dengan sensitifitas 89,58% dan spesifisitas 100% pada proses penggabungan antara fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP8. Ini menunjukkan bahwa pada dataset dengan variasi iluminasi citra yang beragam CRLBP8 dapat menunjukkan performansi stabil dibandingkan CRLBP1 dan juga LBP. Pada pengujian ini hampir semua nilai spesifisitas kecuali pada skenario pengujian fitur bentuk bernilai 100%. Hal ini dikarenakan semua citra ALL secara keseluruhan terklasifikasi benar ke dalam kelas ALL, sehingga nilai *true negative* dari tabel *confusion matrix* bernilai 0.

Tabel 4.11 Perbandingan SVM Linear pada pengujian berdasarkan klasifikasi citra dan klasifikasi sel

Pengujian	Klasifikasi Citra			Klasifikasi Sel		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fitur Bentuk	77,98	96,67	81,89	98,14	43,20	82,67
LBP	68,77	100,00	76,44	91,43	32,20	80,44
LBP+Bentuk	77,38	100,00	83,67	93,23	60,90	88,44
CRLBP1	79,17	100,00	85,00	93,42	48,55	85,78
CRLBP1+Bentuk	82,35	100,00	88,00	94,24	64,82	90,89
CRLBP8	81,87	100,00	87,89	98,19	65,37	91,11
CRLBP8+Bentuk	89,58	100,00	93,00	97,97	80,44	95,11

Nilai akurasi dan sentifitas pada klasifikasi citra lebih rendah dibandingkan pada pengujian klasifikasi sel (Tabel 4.11). Hal ini dikarenakan aturan yang berbeda pada kedua pengujian tersebut. Pada pengujian sel, masing-masing sel akan diklasifikasikan sesuai kelasnya. Jika sel tersebut mengandung blast maka akan

teridentifikasi sebagai sel ALL sedangkan jika tidak mengandung blast dikategorikan sebagai Non-ALL. Berbeda halnya aturan pada klasifikasi citra yang didalamnya terdapat beberapa sel. Jika dalam suatu citra terdapat paling sedikit satu sel saja maka citra tersebut akan dikategorikan sebagai ALL. Sebagai contoh citra 'Im_044_0' merupakan citra non ALL yang memiliki dua limfosit. Berdasarkan pelabelan yang sudah dilakukan oleh ahli, maka seharusnya citra tersebut termasuk Non-ALL namun saat klasifikasi citra salah satu sel dari citra terklasifikasi sebagai ALL dan yang lain adalah Non-ALL. Berdasarkan aturan dari Labati (Labati, 2005) karena salah satu dari sel dalam citra tersebut terklasifikasi ALL, sehingga citranya juga secara otomatis terklasifikasi ALL.



Gambar 4.15 Kesalahan klasifikasi citra Non-ALL (a) image asli 'Im_044_0.jpg', (b) sel yang terklasifikasi salah sebagai ALL, (c) sel yang terklasifikasi benar sebagai Non-ALL

Dengan aturan yang sedemikian rupa, menyebabkan beberapa citra dari kelas Non-ALL terklasifikasi sebagai citra ALL. Hal ini yang menyebabkan akurasi dan sensitifitas dari pengujian klasifikasi citra lebih rendah dibandingkan klasifikasi per sel. Akurasi dan sensitifitas mengalami penurunan karena berdasarkan tabel confusion matriks maka kasus yang seperti ini akan masuk ke dalam *kolom false negative*. Sebaliknya, pada pengujian citra nilai spesifisitas lebih tinggi dibandingkan dengan pengujian sel bahkan mencapai sampai 100%, dikarenakan keseluruhan citra ALL terdeteksi benar sebagai citra ALL.

4.8.4 Perbandingan dengan Penelitian Sebelumnya

Beberapa penelitian sebelumnya yang melakukan klasifikasi ALL antara lain oleh Singhal dan Singh (Singhal dan Singh, 2014) dan Putzu, dkk (Putzu dkk, 2014). Walaupun dataset yang digunakan sama-sama mengambil dari ALL-IDB, namun penelitian ini tidak dapat dikaukan analisis perbandingan dengan penelitian tersebut dikarenakan Putzu hanya melakukan klasifikasi pada citra dengan iluminasi yang seragam dan berasal dari satu kelas (menggunakan 33 citra) serta Singhal dan Singh yang menggunakan data ALL-IDB2 yang merupakan klasifikasi sel dan juga citra memiliki iluminasi seragam.

Tabel 4.12 Perbandingan dengan metode sebelumnya

Ekstraksi Fitur	Kernel	Sen (%)	Spe(%)	Acc(%)
Metode usulan (klasifikasi sel)	Linear	97,97	80,44	95,11
	Poly 2	97,85	59,67	89,33
	RBF	86,67	0,00	86,67
Metode usulan (klasifikasi citra)	Linear	89,58	100,00	93,00
Putzu, dkk (GLCM, Bentuk, Warna)	Linear	-	-	90,10
	Poly 2	-	-	90,10
	RBF	-	-	93,20
Singhal dan Singh (LBP)	Linear	80,43	95,08	89,72

Walaupun tidak dapat dibandingkan secara analisis dikarenakan penelitian lain dilakukan pada citra dengan iluminasi seragam, namun dapat dilihat pada Tabel 4.12 bahwa metode usulan memiliki nilai akurasi dan sensitifitas lebih tinggi dibandingkan penelitian sebelumnya. Pada klasifikasi sel, metode usulan memiliki akurasi lebih baik dibandingkan penelitian oleh Singhal dan Singh. Dengan klasifikasi kernel Linear metode usulan mencapai akurasi 95,11% dengan sensitifitas 97,97% dan spesifisitas 80,44%, sedangkan Singhal dan Singh hanya mencapai akurasi 89,72% dengan sensitifitas 80,43% dan spesifisitas 95,08%. Pada klasifikasi citra ALL, akurasi lebih rendah dari penelitian Putzu, dkk yakni 93,00% sedangkan Putzu akurasi tertinggi adalah 93,20%. Namun hal ini dikarenakan

penelitian ini dilakukan pada citra ALL dengan iluminasi beragam sedangkan Putzu, dkk pada citra ALL dengan iluminasi seragam. Secara keseluruhan penggabungan fitur bentuk dengan CRLBP8 dapat digunakan untuk deteksi penyakit *Accute Lymphoblastic Leukemia* (ALL) dan mampu bekerja dengan baik pada citra dengan iluminasi yang beragam sekalipun.

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan uji coba dan analisis hasil, maka dapat ditarik beberapa kesimpulan yakni sebagai berikut :

1. Deteksi sel limfosit pada citra menghasilkan akurasi 71,03% jika dibandingkan dengan penghitungan manual. Dari citra ALL hanya bisa dideteksi 396 dari 580 sel dan dari citra Non-ALL 60 dari 62 Sel. Rendahnya akurasi pada citra ALL yang hanya mencapai 68,28% disebabkan pada penelitian ini tidak memproses sel darah putih yang bersentuhan (*touching cell*).
2. Berdasarkan pengujian per sel, kombinasi fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP8 merupakan yang paling baik dibandingkan kombinasi fitur lainnya dengan akurasi 95,11%, sensitifitas 97,97% dan spesifisitas 80,44%. Sedangkan pada klasifikasi berdasarkan citra ALL dengan menggunakan klasifikasi SVM kernel Linear, kombinasi fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP8 lebih baik dibandingkan uji coba lainnya dengan akurasi 93,00%, sensitifitas 89,58 dan spesifisitas 100%.
3. Ekstraksi fitur dengan menggunakan kombinasi fitur bentuk dan CRLBP8 menghasilkan akurasi klasifikasi lebih tinggi dibandingkan metode LBP konvensional dengan peningkatan 14%-17% pada citra dengan variasi iluminasi.
4. Fitur CRLBP8 memiliki hasil performansi lebih baik dibandingkan CRLBP1 dikarenakan CRLBP 1 mengabaikan informasi piksel tunggal pada titik pusat, sedangkan CRLBP8 tidak mengabaikan dan juga tetap menghitung nilai level keabuan dari tetangganya.
5. Metode usulan penggabungan fitur bentuk dan fitur tekstur CRLBP8 menghasilkan akurasi dan sensitifitas lebih tinggi jika dibandingkan penelitian sebelumnya. Pada penelitian Putzu, dkk akurasi tertinggi mencapai 93,2% dan pada penelitian Singhal dan Singh akurasi tertinggi

adalah 89,72%. Sedangkan dalam penelitian ini akurasi tertinggi klasifikasi sel mencapai 95,11% dan klasifikasi citra mencapai 93,00%

5.2 Saran

Penelitian ini masih memiliki beberapa kekurangan yang dapat dikembangkan untuk penelitian lebih lanjut. Adapun saran untuk penelitian selanjutnya antara lain :

1. Dilakukan segmentasi untuk pemisahan sel yang bersentuhan (*touching cell*) agar semua sel limfosit yang terdapat pada citra dapat diproses dan *ground truth* penghitungan sel limfosit dilakukan oleh ahli dalam bidangnya.
2. Perlunya dilakukan seleksi fitur, karena walaupun hasil klasifikasi dengan menggunakan CRLBP pada citra ALL dengan variasi iluminasi sudah cukup bagus, namun waktu yang dibutuhkan untuk klasifikasi cukup lama yakni rata-rata 7 menit per citra. Hal ini diakibatkan oleh panjang fitur CRLBP yang mencapai 514 fitur.

DAFTAR PUSTAKA

- Acute Lymphoblastic Leukemia Image *Database* for Image Processing (2005, September). Department of Information Technology - Università degli Studi di Milano <http://www.dti.unimi.it/fscotti/all/>.
- Acute Lymphocytic Leukemia, Age-Specific SEER Incidence Rates, 2007-2011, http://seer.cancer.gov/csr/1975_2011. Diakses 23 Maret 2015. Pukul 20.00
- Bassan, R., & Hoelzer, D. (2011). Modern therapy of acute lymphoblastic leukemia. *Journal of clinical oncology*, 29(5), 532-543.
- Bassan, R., Spinelli, O., Oldani, E., Intermesoli, T., Tosi, M., Peruta, B., ... & Rambaldi, A. (2009). Improved risk classification for risk-specific therapy based on the molecular study of minimal residual disease (MRD) in adult acute lymphoblastic leukemia (ALL). *BLOOD*, 113(18).
- Bennett, J. M., Catovsky, D., Daniel, M. T., Flandrin, G., Galton, D. A. G., Gralnick, H. T., & Sultan, C. (1976). Proposals for the Classification of the Acute Leukaemias French-American-British (FAB) Co-operative Group. *British journal of haematology*, 33(4), 451-458.
- Fatichah, C., Tangel, M. L., Widyanto, M. R., Dong, F., & Hirota, K. (2012). Parameter Optimization of Local Fuzzy Patterns Based on Fuzzy Contrast Measure for White Blood Cell Texture Feature Extraction. *JACIII*, 16(3), 412-419.
- Guo, Z., & Zhang, D. (2010). A completed modeling of local binary pattern operator for texture classification. *Image Processing, IEEE Transactions on*, 19(6), 1657-1663.
- Hanbury, A., Kandaswamy, U., & Adjero, D. A. (2005). Illumination-invariant morphological texture classification. In *Mathematical Morphology: 40 Years On*(pp. 377-386). Springer Netherlands.
- Keramidas, E. G., Iakovidis, D. K., Maroulis, D., & Dimitropoulos, N. (2008, June). Thyroid texture representation via noise resistant image features.

- In *Computer-Based Medical Systems, 2008. CBMS'08. 21st IEEE International Symposium on* (pp. 560-565). IEEE
- Kohavi, R. (1995, August). A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection. In *Ijcai* (Vol. 14, No. 2, pp. 1137-1145).
- Labati, R. D., Piuri, V., & Scotti, F. (2011, September). All-IDB: The acute lymphoblastic leukemia image *Database* for image processing. In *Image processing (ICIP), 2011 18th IEEE international conference on* (pp. 2045-2048). IEEE
- Madhloom, H. T., Kareem, S. A., & Ariffin, H. (2012, November). A Robust Feature Extraction and Selection Method for the Recognition of Lymphocytes versus Acute Lymphoblastic Leukemia. In *Advanced Computer Science Applications and Technologies (ACSAT), 2012 International Conference on* (pp. 330-335). IEEE.
- Mäenpää, T., & Pietikäinen, M. (2004). Classification with color and texture: jointly or separately?. *Pattern recognition*, 37(8), 1629-1640.
- Mohapatra, S., & Patra, D. (2010, December). Automated leukemia detection using hausdorff dimension in blood microscopic images. In *Emerging Trends in Robotics and Communication Technologies (INTERACT), 2010 International Conference on* (pp. 64-68). IEEE.
- Mohapatra, S., Patra, D., & Satpathy, S. (2014). An ensemble classifier system for early diagnosis of acute lymphoblastic leukemia in blood microscopic images. *Neural Computing and Applications*, 24(7-8), 1887-1904.
- Mohapatra, S., Samanta, S. S., Patra, D., & Satpathi, S. (2011, February). Fuzzy based blood image segmentation for automated leukemia detection. In *Devices and Communications (ICDeCom), 2011 International Conference on* (pp. 1-5). IEEE.
- Nanni, L., Lumini, A., & Brahmam, S. (2010). Local binary patterns variants as texture descriptors for medical image analysis. *Artificial intelligence in medicine*, 49(2), 117-125
- Nixon, M., & Aguado, A. S. *Feature Extraction and Image Processing for Computer Vision*.

- Nugroho, A. S., Witarto, A. B., & Handoko, D. (2003). Support Vector Machine Teori dan Aplikasinya dalam Bioinformatika. *Kuliah Umum IlmuKomputer. Com.*
- Ojala, T., Pietikäinen, M., & Harwood, D. (1996). A comparative study of texture measures with classification based on featured distributions. *Pattern recognition*, 29(1), 51-59.
- Ojala, T., Pietikainen, M., & Maenpaa, T. (2002). Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, 24(7), 971-987.
- Oliver, A., Lladó, X., Freixenet, J., & Martí, J. (2007). False positive reduction in mammographic mass detection using local binary patterns. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2007* (pp. 286-293). Springer Berlin Heidelberg
- Paolini, S., Gazzola, A., Sabbatini, E., Bacci, F., Pileri, S., & Piccaluga, P. P. (2011, May). Pathobiology of acute lymphoblastic leukemia. In *Seminars in diagnostic pathology* (Vol. 28, No. 2, pp. 124-134). WB Saunders.
- Putzu, L., Caocci, G., & Di Ruberto, C. (2014). Leucocyte classification for leukaemia detection using image processing techniques. *Artificial intelligence in medicine*, 62(3), 179-191.
- Raje, C., & Rangole, J. (2014, April). Detection of Leukemia in microscopic images using image processing. In *Communications and Signal Processing (ICCSP), 2014 International Conference on* (pp. 255-259). IEEE.
- Saraswat, M., & Arya, K. V. (2014). Automated microscopic image analysis for leukocytes identification: A survey. *Micron*, 65, 20-33
- Scotti, F. (2005, July). Automatic morphological analysis for acute leukemia identification in peripheral blood microscope images. In *Computational Intelligence for Measurement Systems and Applications, 2005. CIMSA. 2005 IEEE International Conference on* (pp. 96-101). IEEE.
- Scotti, F. (2006, April). Robust segmentation and measurements techniques of white cells in blood microscope images. In *Instrumentation and*

Measurement Technology Conference, 2006. IMTC 2006. Proceedings of the IEEE (pp. 43-48). IEEE.

Singhal, V., & Singh, P. (2014, February). Local Binary Pattern for automatic detection of Acute Lymphoblastic Leukemia. In *Communications (NCC), 2014 Twentieth National Conference on* (pp. 1-5). IEEE.

Vapnik, V. N. (1995). *The nature of statistical learning theory*. Springer Verlag

Zack, G. W., Rogers, W. E., & Latt, S. A. (1977). Automatic measurement of sister chromatid exchange frequency. *Journal of Histochemistry & Cytochemistry*, 25(7), 741-753.

Zhao, Y., Jia, W., Hu, R. X., & Min, H. (2013). Completed robust local binary pattern for texture classification. *Neurocomputing*, 106, 68-76.

LAMPIRAN

A. Hasil Identifikasi Sel Limfosit

Nama Image	Limfosit Asli	Limfosit Teridentifikasi	Akurasi (%)	Kelas
Im_001	8	5	62,50	ALL
Im_002	10	7	70,00	ALL
Im_003	12	11	91,67	ALL
Im_004	7	4	57,14	ALL
Im_005	24	15	62,50	ALL
Im_006	18	11	61,11	ALL
Im_007	9	8	88,89	ALL
Im_008	17	11	64,71	ALL
Im_009	7	6	85,71	ALL
Im_010	12	10	83,33	ALL
Im_011	15	13	86,67	ALL
Im_012	12	12	100,00	ALL
Im_013	10	6	60,00	ALL
Im_014	5	5	100,00	ALL
Im_015	17	17	100,00	ALL
Im_016	16	15	93,75	ALL
Im_017	3	2	66,67	ALL
Im_018	16	12	75,00	ALL
Im_019	12	10	83,33	ALL
Im_020	2	2	100,00	ALL
Im_021	3	3	100,00	ALL
Im_022	5	4	80,00	ALL
Im_023	6	6	100,00	ALL
Im_024	4	4	100,00	ALL
Im_025	3	2	66,67	ALL
Im_026	5	5	100,00	ALL
Im_027	3	3	100,00	ALL
Im_028	2	2	100,00	ALL
Im_029	4	3	75,00	ALL
Im_030	3	3	100,00	ALL
Im_031	2	1	50,00	ALL
Im_032	2	1	50,00	ALL
Im_033	2	1	50,00	ALL

Nama Image	Limfosit Asli	Limfosit Teridentifikasi	Akurasi (%)	Kelas
Im_035	1	1	100,00	Non-ALL
Im_036	1	1	100,00	Non-ALL
Im_038	1	1	100,00	Non-ALL
Im_039	1	1	100,00	Non-ALL
Im_041	1	1	100,00	Non-ALL
Im_042	1	1	100,00	Non-ALL
Im_043	2	2	100,00	Non-ALL
Im_044	2	2	100,00	Non-ALL
Im_046	1	1	100,00	Non-ALL
Im_047	2	2	100,00	Non-ALL
Im_048	16	8	50,00	ALL
Im_049	13	10	76,92	ALL
Im_050	12	7	58,33	ALL
Im_051	17	9	52,94	ALL
Im_052	26	11	42,31	ALL
Im_053	32	25	78,13	ALL
Im_054	10	5	50,00	ALL
Im_055	20	12	60,00	ALL
Im_056	12	5	41,67	ALL
Im_057	11	8	72,73	ALL
Im_058	21	12	57,14	ALL
Im_059	31	18	58,06	ALL
Im_060	11	8	72,73	ALL
Im_061	28	13	46,43	ALL
Im_062	25	11	44,00	ALL
Im_063	19	14	73,68	ALL
Im_064	1	1	100,00	Non-ALL
Im_065	2	2	100,00	Non-ALL
Im_067	2	2	100,00	Non-ALL
Im_068	2	1	50,00	Non-ALL
Im_069	1	1	100,00	Non-ALL
Im_070	1	1	100,00	Non-ALL
Im_071	1	1	100,00	Non-ALL
Im_072	1	1	100,00	Non-ALL
Im_073	1	1	100,00	Non-ALL
Im_074	1	1	100,00	Non-ALL
Im_076	2	1	50,00	Non-ALL
Im_077	1	1	100,00	Non-ALL
Im_078	1	1	100,00	Non-ALL

Nama Image	Limfosit Asli	Limfosit Teridentifikasi	Akurasi (%)	Kelas
Im_ 079	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 080	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 081	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 082	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 083	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 084	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 085	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 086	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 087	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 088	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 089	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 090	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 091	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 092	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 093	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 096	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 097	2	2	100,00	Non-ALL
Im_ 098	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 099	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 100	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 101	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 103	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 104	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 105	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 106	1	1	100,00	Non-ALL
Im_ 108	1	1	100,00	Non-ALL

B. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Fitur Bentuk

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	100,00	46,15	84,44	100,00	50,00	86,67	88,10	33,33	84,44
2	100,00	46,15	84,44	97,06	45,45	84,44	90,24	50,00	86,67
3	97,06	45,45	84,44	96,77	35,71	77,78	90,70	100,00	91,11
4	97,06	45,45	84,44	94,12	36,36	80,00	97,14	50,00	86,67
5	93,55	28,57	73,33	100,00	60,00	91,11	90,24	50,00	86,67
6	100,00	42,86	82,22	94,29	40,00	82,22	92,31	50,00	86,67
7	96,77	35,71	77,78	100,00	40,00	80,00	91,89	37,50	82,22
8	100,00	50,00	86,67	100,00	46,15	84,44	92,11	42,86	84,44
9	96,97	41,67	82,22	97,14	50,00	86,67	92,31	50,00	86,67
10	100,00	50,00	86,67	91,18	27,27	75,56	94,59	50,00	86,67
Rata-rata	98,14	43,20	82,67	97,06	43,10	82,89	91,96	51,37	86,22

C. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Fitur LBP

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	87,50	20,00	80,00	90,00	40,00	84,44	88,64	100,00	88,89
2	94,59	50,00	86,67	89,74	33,33	82,22	88,64	100,00	88,89
3	87,18	16,67	77,78	86,05	0,00	82,22	86,67	0,00	86,67
4	92,11	42,86	84,44	91,67	33,33	80,00	86,67	0,00	86,67
5	91,43	30,00	77,78	87,50	20,00	80,00	88,64	100,00	88,89
6	94,29	40,00	82,22	89,74	33,33	82,22	86,67	0,00	86,67
7	96,77	35,71	77,78	92,11	42,86	84,44	86,67	0,00	86,67
8	92,11	42,86	84,44	91,89	37,50	82,22	86,67	0,00	86,67
9	91,18	27,27	75,56	87,50	20,00	80,00	88,64	100,00	88,89
10	87,18	16,67	77,78	85,71	0,00	80,00	86,67	0,00	86,67
Rata-rata	91,43	32,20	80,44	89,19	26,04	81,78	87,45	40,00	87,56

D. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Penggabungan Fitur Bentuk dan LBP

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	95,00	80,00	93,33	92,11	42,86	84,44	88,64	100,00	88,89
2	92,11	42,86	84,44	90,48	66,67	88,89	88,64	100,00	88,89
3	90,24	50,00	86,67	94,74	57,14	88,89	86,67	0,00	86,67
4	94,87	66,67	91,11	92,50	60,00	88,89	86,67	0,00	86,67
5	94,74	57,14	88,89	90,70	100,00	91,11	86,67	0,00	86,67
6	92,50	60,00	88,89	90,24	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
7	88,64	100,00	88,89	100,00	85,71	88,89	86,67	0,00	86,67
8	92,11	42,86	84,44	90,24	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
9	100,00	66,67	93,33	90,00	40,00	84,44	86,67	0,00	86,67
10	92,11	42,86	84,44	86,36	0,00	84,44	88,64	100,00	88,89
Rata-rata	93,23	60,90	88,44	91,74	55,24	87,33	87,26	30,00	87,33

E. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Fitur CRLBP1

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	90,24	50,00	86,67	92,11	42,86	84,44	88,64	100,00	88,89
2	96,97	41,67	82,22	100,00	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
3	92,31	50,00	86,67	96,97	41,67	82,22	86,67	0,00	86,67
4	97,37	71,43	93,33	93,94	33,33	77,78	86,67	0,00	86,67
5	92,31	50,00	86,67	94,44	44,44	84,44	86,67	0,00	86,67
6	94,74	57,14	88,89	97,37	71,43	93,33	86,67	0,00	86,67
7	91,67	33,33	80,00	97,14	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
8	92,31	50,00	86,67	91,89	37,50	82,22	86,67	0,00	86,67
9	94,44	44,44	84,44	94,59	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
10	91,89	37,50	82,22	97,14	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
Rata-rata	93,42	48,55	85,78	95,56	47,12	85,11	86,86	10,00	86,89

F. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP1

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	100,00	66,67	93,33	100,00	75,00	95,56	86,67	0,00	86,67
2	92,31	50,00	86,67	97,14	50,00	86,67	88,64	100,00	88,89
3	88,64	100,00	88,89	96,77	35,71	77,78	86,67	0,00	86,67
4	86,67	0,00	86,67	97,37	71,43	93,33	86,67	0,00	86,67
5	90,48	66,67	88,89	96,88	38,46	80,00	86,67	0,00	86,67
6	100,00	85,71	97,78	97,30	62,50	91,11	88,64	100,00	88,89
7	97,50	100,00	97,78	96,97	41,67	82,22	86,67	0,00	86,67
8	94,87	66,67	91,11	90,48	66,67	88,89	86,67	0,00	86,67
9	94,59	50,00	86,67	94,74	57,14	88,89	88,64	100,00	88,89
10	97,30	62,50	91,11	90,24	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
Rata-rata	94,24	64,82	90,89	95,79	54,86	87,11	87,26	30,00	87,33

G. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Fitur CRLBP8

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	95,12	100,00	95,56	94,12	36,36	80,00	86,67	0,00	86,67
2	97,37	71,43	93,33	97,30	62,50	91,11	86,67	0,00	86,67
3	100,00	75,00	95,56	97,30	62,50	91,11	88,64	100,00	88,89
4	100,00	60,00	91,11	97,14	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
5	97,37	71,43	93,33	94,59	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
6	94,74	57,14	88,89	94,74	57,14	88,89	86,67	0,00	86,67
7	97,30	62,50	91,11	100,00	46,15	84,44	86,67	0,00	86,67
8	100,00	60,00	91,11	94,87	66,67	91,11	86,67	0,00	86,67
9	100,00	50,00	86,67	97,50	100,00	97,78	86,67	0,00	86,67
10	100,00	46,15	84,44	100,00	66,67	93,33	88,64	100,00	88,89
Rata-rata	98,19	65,37	91,11	96,76	59,80	89,11	87,06	20,00	87,11

H. Hasil Pengujian Klasifikasi Sel dengan Penggabungan Fitur Bentuk dan CRLBP8

Percobaan ke-	SVM Linear			SVM Polynomial 2			SVM RBF		
	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
1	97,30	62,50	91,11	97,22	55,56	88,89	86,67	0,00	86,67
2	100,00	85,71	97,78	94,59	50,00	86,67	86,67	0,00	86,67
3	97,44	83,33	95,56	100,00	66,67	93,33	86,67	0,00	86,67
4	100,00	85,71	97,78	100,00	40,00	80,00	86,67	0,00	86,67
5	97,44	83,33	95,56	96,97	41,67	82,22	86,67	0,00	86,67
6	100,00	66,67	93,33	95,00	80,00	93,33	86,67	0,00	86,67
7	95,00	80,00	93,33	100,00	60,00	91,11	86,67	0,00	86,67
8	97,37	71,43	93,33	97,37	71,43	93,33	86,67	0,00	86,67
9	95,12	100,00	95,56	97,37	71,43	93,33	86,67	0,00	86,67
10	100,00	85,71	97,78	100,00	60,00	91,11	86,67	0,00	86,67
Rata-rata	97,97	80,44	95,11	97,85	59,67	89,33	86,67	0,00	86,67

I. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur Bentuk pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	100,00	83,33	90,00
Fold2	62,50	100,00	70,00
Fold3	100,00	83,33	90,00
Fold4	71,43	100,00	80,00
Fold5	62,50	100,00	70,00
Fold6	57,14	100,00	70,00
Fold7	71,43	100,00	80,00
Fold8	71,43	100,00	80,00
Fold9	100,00	100,00	100,00
Fold10	83,33	100,00	88,89
Rata - Rata	77,98	96,67	81,89

J. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur LBP pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	71,43	100,00	80,00
Fold2	71,43	100,00	80,00
Fold3	55,56	100,00	60,00
Fold4	62,50	100,00	70,00
Fold5	71,43	100,00	80,00
Fold6	66,67	100,00	80,00
Fold7	71,43	100,00	80,00
Fold8	83,33	100,00	90,00
Fold9	71,43	100,00	77,78
Fold10	62,50	100,00	66,67
Rata-Rata	68,77	100,00	76,44

K. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur Bentuk dan LBP pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	83,33	100,00	90,00
Fold2	71,43	100,00	80,00
Fold3	71,43	100,00	80,00
Fold4	71,43	100,00	80,00
Fold5	100,00	100,00	100,00
Fold6	50,00	100,00	60,00
Fold7	100,00	100,00	100,00
Fold8	71,43	100,00	80,00
Fold9	83,33	100,00	88,89
Fold10	71,43	100,00	77,78
Rata-Rata	77,38	100,00	83,67

L. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur CRLBP1 pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	100,00	100,00	100,00
Fold2	71,43	100,00	80,00
Fold3	71,43	100,00	80,00
Fold4	62,50	100,00	70,00
Fold5	83,33	100,00	90,00
Fold6	57,14	100,00	70,00
Fold7	83,33	100,00	90,00
Fold8	62,50	100,00	70,00
Fold9	100,00	100,00	100,00
Fold10	100,00	100,00	100,00
Rata-Rata	79,17	100,00	85,00

M. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur Bentuk dan CRLBP1 pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	100,00	100,00	100,00
Fold2	83,33	100,00	90,00
Fold3	62,50	100,00	70,00
Fold4	71,43	100,00	80,00
Fold5	83,33	100,00	90,00
Fold6	80,00	100,00	90,00
Fold7	71,43	100,00	80,00
Fold8	71,43	100,00	80,00
Fold9	100,00	100,00	100,00
Fold10	100,00	100,00	100,00
Rata-Rata	82,35	100,00	88,00

N. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur CRLBP8 pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	100,00	100,00	100,00
Fold2	83,33	100,00	90,00
Fold3	71,43	100,00	80,00
Fold4	71,43	100,00	80,00
Fold5	83,33	100,00	90,00
Fold6	80,00	100,00	90,00
Fold7	83,33	100,00	90,00
Fold8	62,50	100,00	70,00
Fold9	83,33	100,00	88,89
Fold10	100,00	100,00	100,00
Rata-Rata	81,87	100,00	87,89

O. Hasil Pengujian Klasifikasi Citra ALL dengan Fitur Bentuk dan CRLBP8 pada 10-fold

Fold	Sen(%)	Spe(%)	Acc(%)
Fold1	100,00	100,00	100,00
Fold2	100,00	100,00	100,00
Fold3	62,50	100,00	70,00
Fold4	83,33	100,00	90,00
Fold5	83,33	100,00	90,00
Fold6	100,00	100,00	100,00
Fold7	83,33	100,00	90,00
Fold8	83,33	100,00	90,00
Fold9	100,00	100,00	100,00
Fold10	100,00	100,00	100,00
Rata-Rata	89,58	100,00	93,00

BIOGRAFI PENULIS



Rizal Adi Saputra, lahir di Kendari 6 April 1991 merupakan anak pertama dari dua bersaudara. Penulis menempuh pendidikan dari SDN Silea Jaya, SMPN 1 Andoolo, dan SMAN 4 Kendari. Pada tahun 2008 penulis melanjutkan pendidikan ke jenjang S1 Teknik Informatika Universitas Halu Oleo. Kemudian pada tahun 2013 penulis diterima di Magister Teknik Informatika dan berhasil menyelesaikan studi pada tahun 2015 dengan bidang minat KCV (Komputasi Cerdas dan Visualisasi). Penulis memiliki ketertarikan dalam bidang *digital image processing*, *artificial intelligence* dan *computer vision*. Selain sebagai mahasiswa, penulis aktif di kegiatan *volunteering* seperti Gerakan Kendari Mengajar (GKM) dan Earth Hour Surabaya. Selain itu *travelling* dan fotografi menjadi pilihan aktifitas yang digemari penulis. Penulis dapat dihubungi melalui email : rizaladisaputraa@gmail.com.