



TESIS - KI142502

**PERHITUNGAN DAN PEMISAHAN SEL DARAH PUTIH
BERDASARKAN *CENTROID* DENGAN MENGGUNAKAN METODE
MULTI PASS VOTING DAN *K-MEANS* PADA CITRA SEL *ACUTE*
*LEUKEMIA***

**NURSANTI NOVI ARISA
5115201032**

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

**PROGRAM MAGISTER
BIDANG KEAHLIAN INTERAKSI GRAFIKA DAN SENI
JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA
FAKULTAS TEKNOLOGI INFORMASI
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2017**

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

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

Di

Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

Oleh:

Nursanti Novi Arisa

NRP. 5115201032

Dengan judul :

Perhitungan dan Pemisahan Sel Darah Putih Berdasarkan Centroid Dengan
Menggunakan Metode Multi Pass Voting Dan K-Means Pada Citra
Sel Acute Leukemia

Tanggal Ujian : 6-7-2017

Periode Wisuda : 2016 Genap

Disetujui oleh:

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

NIP.197512202001122002



(Pembimbing 1)

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

NIP. 197104281994122001



(Penguji 1)

Dr. Eng. Darlis Herumurti, S.Kom., M.Kom.

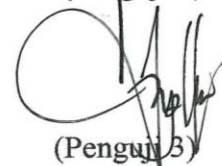
NIP. 197712172003121001



(Penguji 2)

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

NIP.198409042010121002



(Penguji 3)

Dekan Fakultas Teknologi Informasi,

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

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

PERHITUNGAN DAN PEMISAHAN SEL DARAH PUTIH BERDASARKAN *CENTROID* DENGAN MENGGUNAKAN METODE MULTI PASS VOTING DAN K-MEANS PADA CITRA SEL ACUTE LEUKEMIA

Nama : Nursanti Novi Arisa
NRP : 5115201032
Pembimbing : Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.

ABSTRAK

Leukemia merupakan salah satu jenis penyakit berbahaya yang dapat menyebabkan kematian. Salah satu tipe leukemia adalah jenis Acute leukemia yang terdiri dari ALL (Acute Lymphoblastic Leukemia) dan AML (Acute Myeloid Leukemia). Identifikasi tercepat yang dapat dilakukan terhadap penyakit ini adalah melakukan perhitungan dan analisa jenis sel darah putih. Namun perhitungan dan analisa jenis sel darah putih yang dilakukan secara manual masih terbatas oleh waktu. Oleh karena itu perlu dilakukan proses secara otomatis untuk mendapatkan hasil yang lebih cepat dan akurat. Pada penelitian sebelumnya, proses perhitungan yang dilakukan secara otomatis pada citra sel Acute Leukemia masih terdapat kendala, yaitu keberadaan sel bersentuhan dan penggunaan fitur geometri yang belum bisa menghasilkan perhitungan yang akurat, karena bentuk sel yang beragam.

Penelitian ini mengusulkan sebuah metode untuk perhitungan dan pemisahan sel darah putih yang bersentuhan pada citra sel Acute Leukemia dengan metode Multi Pass Voting (MPV) berdasarkan deteksi *seed (centroid)* dan metode K-Means. Deteksi awal region sel darah putih menggunakan deteksi tepi canny. Dilanjutkan deteksi *seed (centroid)* menggunakan metode Multi Pass Voting dan perhitungan jumlah sel darah putih dilakukan berdasarkan *centroid* yang dihasilkan. Keberadaan sel bersentuhan akan dipisahkan dengan metode K-Means, dengan penentuan *centroid* awal berdasarkan hasil dari metode Multi Pass Voting.

Dari hasil evaluasi yang dilakukan terhadap 40 citra pada dataset Acute Leukemia, metode yang diusulkan melakukan perhitungan berdasarkan *centroid* dengan baik dan memisahkan sel bersentuhan menjadi sel-sel tunggal. Hasil akurasi perhitungan jumlah sel darah putih yaitu sebesar 98,6%.

Kata Kunci: Sel Darah Putih, *Acute Leukemia*, *centroid*, *Multi Pass Voting*, *K-Means*

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

WHITE BLOOD CELL COUNTING AND SEPARATION BASED ON *CENTROID* USING MULTI PASS VOTING METHOD AND K-MEANS ON ACUTE LEUKEMIA IMAGE

Name : Nursanti Novi Arisa
Student Identity Number : 5115201032
Advisor : Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom., M.Kom.

ABSTRACT

Leukemia is one of the dangerous diseases that can cause death. One of the types of leukemia is acute leukemia that includes ALL (Acute Lymphoblastic Leukemia) and AML (Acute Myeloid Leukemia). The fastest identification against this disease can be done by computing and analysing white blood cell types. However, the manual counting and identification of the white blood cell types are still limited by time. Therefore, automatic counting process is necessary to be conducted in order to get the results more quickly and accurately. Previous studies showed that automatic counting process in the image of Acute Leukemia cells faced some obstacles, the existence of touching cell and the implementation of geometry feature that cannot produce an accurate counting. It is because the shapes of the cell are various.

This study proposed a method for the counting of white blood cells and the separation of touching cells on Acute Leukemia cells image by using Multi Pass Voting method (MPV) based on seed detection (centroid) and K-Means method. Initial segmentation used for separating foreground and background area is canny edge detection. The next stage is seed detection (centroid) using Multi Pass Voting method. The counting of white blood cells is based on the results of the *centroid* produced. The existence of the touching cells are separated using K-Means method, the determination of the initial centroid is based on the results of the Multi Pass Voting method.

Based on the evaluation results of 40 images of Acute Leukemia dataset, the proposed method is capable to properly compute based on the *centroid*. It is also able to separate the touching cell into a single cell. The accuracy of the white blood cell counting result is about 98,6%.

Keywords: White Blood Cell, Acute Leukemia, *Centroid*, Multi Pass Voting, K-Means

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

KATA PENGANTAR

Alhamdulillahirabbil'alamin. Puji dan syukur penulis panjatkan kehadirat Allah SWT atas berkat, rahmat dan hidayah-Nya, sehingga tesis ini dapat diselesaikan. Tesis ini dibuat sebagai salah satu syarat dalam menyelesaikan Program Studi Magister di Institut Teknologi Sepuluh November Surabaya. Penulis menyadari bahwa Tesis ini dapat diselesaikan karena dukungan dari berbagai pihak, baik dalam bentuk dukungan moral dan material.

Melalui kesempatan ini dengan kerendahan hati penulis mengucapkan terima kasih dan penghargaan setinggi-tingginya kepada semua orang untuk semua bantuan yang telah diberikan, antara lain kepada:

1. Ayahanda tercinta Nurhadi dan Ibunda tercinta Ardatin untuk semua doa, pengorbanan dan usaha yang tak kenal lelah telah mendidik dan membimbing dengan penuh ketulusan untuk keberhasilan penulis.
2. Nurvita Arumsari, Feby Agung Pamuji dan Agustin Nurcahyanti serta seluruh keluarga yang selalu berdoa dan memberikan dukungan.
3. Ibu Dr. Eng. Chastine Fatichah, S.Kom, M.Kom selaku pembimbing yang senantiasa memberikan arahan dan bimbingan kepada penulis. Semoga Allah SWT senantiasa merahmati Ibu dan keluarga.
4. Ibu Dr. Eng. Nanik Suciati, S. Kom, M. Kom, Bapak Dr. Darlis Heru Murti, S. Kom, M. Kom, serta Arya Yudhi Wijaya, S. Kom., M.Kom. selaku dosen penguji yang telah banyak memberikan ilmu, arahan, perbaikan dan saran pada tesis ini.
5. Seluruh dosen S2 Teknik Informatika yang telah memberikan ilmu dan pengetahuan kepada penulis selama menempuh studi.
6. Teman seperjuangan, Ihsan Alfani, Bayu Nurseno, Abdi, Deny, dan teman seangkatan lainnya yang tidak dapat disebutkan satu persatu, terima kasih atas bantuan dan motivasi yang telah diberikan.
7. Keluarga, kerabat, rekan dan teman dekat yang tidak dapat disebutkan satu-persatu.

Akhirnya dengan segala kerendahan hati penulis menyadari masih banyak terdapat kekurangan pada Tesis ini. Oleh karena itu, kritik dan saran dari pembaca dibutuhkan untuk memperbaiki dan mengembangkan penelitian ini. Penulis berharap semoga perbuatan baik dari semua orang yang dengan tulus memberikan kontribusi terhadap penyusunan Tesis ini mendapatkan pahala dari Allah. *Aamiin Alluhamma Aamiin.*

Surabaya, Juli 2017

Nursanti Novi Arisa

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

DAFTAR ISI

ABSTRAK	v
ABSTRACT.....	vii
KATA PENGANTAR	ix
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR GAMBAR	xiii
DAFTAR TABEL.....	xv
BAB 1 PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Perumusan Masalah	6
1.3 Batasan Masalah Penelitian.....	7
1.4 Tujuan Penelitian	7
1.5 Manfaat Penelitian.....	7
1.6 Kontribusi Penelitian.....	7
1.7 Kontribusi Penelitian.....	8
BAB 2 KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI	9
2.1 Citra Digital.....	9
2.2 Sel Darah Putih	10
2.3 <i>Acute Leukemia</i>	11
2.3.1 <i>Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL)</i>	11
2.3.2 <i>Acute Myeloid Leukemia (AML)</i>	12
2.4 Segmentasi Citra Sel <i>Acute Leukemia</i>	13
2.4.1 Deteksi Tepi.....	13
2.4.2 Algoritma <i>Multi Pass Voting (MPV)</i>	15
2.4.3 Ruang Warna CIELAB.....	18
2.4.4 <i>Adaptive Thresholding</i>	19
2.4.5 Operasi Morfologi Matematika	19
2.4.6 Analisis Klaster K-Means.....	20
BAB 3 METODE PENELITIAN	23
3.1 Tahapan Penelitian	23
3.1.1 Studi Literatur	23
3.1.2 Analisis Masalah dan Desain Sistem.....	24

3.1.3 Implementasi Metode	24
3.1.4 Uji Coba Analisis Hasil Penelitian	24
3.1.5 Penyusunan Laporan.....	24
3.2 Dataset Citra <i>Acute Leukemia</i>	24
3.2.1 Dataset Citra ALL-IDB1	24
3.2.2 Dataset Citra AML	25
3.3 Rancangan Metode Penelitian	26
3.3.1 Deteksi Tepi <i>Canny</i>	26
3.3.2 Deteksi <i>Seed (Centroid)</i> dengan Metode <i>Multi Pass Voting</i>	27
3.3.3 Adaptive Thresholding	29
3.3.4 <i>Image Cleaning</i>	30
3.3.5 Pemisahan Sel Darah Putih Bersentuhan dengan Metode K-Means ..	32
3.4 Skenario Uji Coba.....	32
3.5 Analisis Hasil.....	33
BAB 4 UJI COBA DAN PEMBAHASAN.....	35
4.1 Lingkungan Uji Coba.....	35
4.2 Data Uji Coba	35
4.3 Hasil Uji Coba	36
4.3.1 Hasil Uji Coba Deteksi (<i>Seed</i>) pada Citra <i>Acute Leukemia</i>	36
4.3.2 Skenario Uji Coba.....	41
5.1 Kesimpulan	55
5.2 Saran	56
DAFTAR PUSTAKA.....	57
LAMPIRAN I.....	59
BIOGRAFI PENULIS	65

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Representasi Citra Digital 2D	9
Gambar 2.2 Struktur Sel Darah Putih	11
Gambar 2.3 Ilustrasi Area Voting	15
Gambar 2.4 Ilustrasi Kernel Voting Area pada Tiap Iterasi	15
Gambar 2.5 Ilustrasi <i>Region</i> dengan Kemungkinan Memiliki Nilai Vote Tinggi	16
Gambar 2.6 Ilustrasi Koordinat L, a^* , dan b^*	18
Gambar 3.1 Tahapan Penelitian	23
Gambar 3.2 Citra ALL-IDB	25
Gambar 3.3 Citra AML	26
Gambar 3.4 Rancangan Metode yang Diusulkan	27
Gambar 3.5 Proses Deteksi Tepi Canny pada Citra Acute Leukemia	27
Gambar 3.6 Proses Pencarian Centroid dengan Multi Pass Voting	29
Gambar 3.7 Segmentasi Sel Darah Putih Menggunakan Adaptive Thresholding	30
Gambar 3.8 Proses Cleaning Citra Biner Sel Darah Putih	31
Gambar 3.9 Proses Pemisahan Sel Bersentuhan dengan Metode K-Means	33
Gambar 4.1 Hasil Uji Coba Penentuan Area Sel Darah Putih untuk deteksi <i>seed</i> pada citra ALL	36
Gambar 4.2 Hasil Uji Coba Penentuan Area Sel Darah Putih untuk deteksi <i>seed</i> pada citra AML	37
Gambar 4.3 Hasil dari Metode Multi Pass Voting pada Citra ALL	38
Gambar 4.4 Hasil dari Metode Multi Pass Voting pada Citra AML	38
Gambar 4.5 Proses Cleaning	39
Gambar 4.6 Proses Pemisahan Sel Bersentuhan pada Citra ALL	40
Gambar 4.7 Proses Pemisahan Sel Bersentuhan pada Citra AML	40
Gambar 4.8 Grafik Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (Multi Pass Voting)	43
Gambar 4.9 Grafik Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (F.Chastine, dkk)	45
Gambar 4.10 Grafik Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (Nazlibilek, dkk)	46
Gambar 4.11 Grafik Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (<i>watershed</i>)	48
Gambar 4.12 Grafik Akurasi Masing-Masing Metode	49
Gambar 4.13 Hasil Centroid dan Pemisahan Metode Multi Pass Voting	53

Gambar 4.14 Hasil Pemisahan dengan Menggunakan Analisis Klaster K-Means	54
Gambar 4.15 Perbandingan Hasil Pemisahan Sel Darah Putih	54
Gambar 4.16 Hasil Pemisahan yang Mengalami <i>Over Segmentation</i>	54

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Sub Tipe AML Menurut Sistem Klasifikasi FAB	13
Tabel 4.1 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual dan yang teridentifikasi menggunakan metode yang diusulkan.....	42
Tabel 4.2 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual dan yang teridentifikasi menggunakan metode berdasarkan geometri (F.Chastine, dkk)	43
Tabel 4.3 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual dan yang teridentifikasi menggunakan metode berdasarkan geometri (Nazlibilek, dkk).....	45
Tabel 4.4 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual dan yang teridentifikasi menggunakan metode watershed	47
Tabel 4.5 Hasil Iterasi Pada Metode Klaster K-Means.....	50

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Leukemia merupakan salah satu jenis penyakit berbahaya yang dapat menyebabkan kematian. Penyakit ini biasa dikenal dengan sebutan kanker darah. Terdapat 2 jenis leukemia yaitu akut dan kronis, salah satunya yang akan dibahas pada penelitian ini adalah jenis leukemia *Acute*, yang terdiri dari *Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL)* dan *Acute Myelogenous Leukemia (AML)*. ALL dan AML merupakan jenis kanker yang ditandai dengan meningkatnya jumlah sel darah putih abnormal yang menekan pembentukan sel darah normal sehingga fungsi sel menjadi terganggu (Larson, dkk. 2008). Penyakit ini akan berakibat fatal jika tidak segera mendapatkan penanganan lebih lanjut karena penyebarannya yang cepat ke dalam darah.

Berdasarkan French-American-British (FAB) terdapat 3 jenis ALL yang dapat dibedakan dari segi morfologi yaitu L1, L2, dan L3 (Bhattacharjee, dkk. 2015). Sedangkan pada AML terdapat 8 jenis sub tipe, mulai dari tipe M0, M1, M2, M3, M4, M5, M6, dan M7. Leukemia jenis ALL paling sering menyerang anak-anak pada rentang umur 1 sampai 9 tahun. Selanjutnya ALL akan berpotensi menyerang orang dewasa pada usia di atas 55 tahun dan akan berakibat fatal (Data SERR ALL Cancer, 2011). Sedangkan untuk AML termasuk penyakit yang relatif jarang, di Amerika Serikat kasus ini memiliki persentase sebesar 1,2% untuk kasus kematian yang disebabkan oleh kanker dan diprediksi akan meningkat seiring dengan penambahan umur penduduk (Jemal A. dkk, 2002). Semakin tinggi umur penderita yang mengidap penyakit ini semakin berkurang pula persentase kesembuhan. Penderita yang memiliki umur lebih tua yang tidak dapat menahan kemoterapi secara intensif memiliki peluang bertahan sekitar 5-10 bulan (Dohner, dkk. 2015).

Salah satu cara awal yang dapat dilakukan sebagai rujukan untuk tindakan selanjutnya adalah melakukan diagnosa terhadap penderita. Diagnosa ini diperlukan sebagai langkah awal dilakukannya tindakan penyembuhan. Salah satu

cara terbaik dalam melakukan tindakan diagnosa adalah dengan melakukan observasi mikroskopik slide darah. Observasi ini dilakukan hanya pada citra darah yang diperlukan untuk dianalisis. Identifikasi tercepat yang dapat dilakukan adalah dengan perhitungan dan analisis jenis sel darah secara keseluruhan. Jika hasil identifikasi terlihat tidak normal, maka akan disarankan melakukan pemeriksaan pada sumsum tulang untuk mendapatkan hasil yang lebih akurat (Bhattacharjee, dkk. 2015).

Pengambilan gambar sumsum tulang dan kanker darah dilakukan dengan mikroskop dan selanjutnya akan dianalisis oleh seorang hematologi. Namun perhitungan yang dilakukan terbatas oleh waktu mengingat karakteristik bentuk sel yang beragam dari tipe sel tunggal sampai sel bersentuhan, karena perhitungan dilakukan secara manual. Untuk mendapatkan perhitungan yang akurat terhadap sel bersentuhan dapat dilakukan melalui proses segmentasi terlebih dahulu. Penerapan teknik pengolahan citra untuk menganalisis citra sel kanker darah khususnya untuk segmentasi telah banyak dilakukan. Segmentasi citra merupakan salah satu proses yang paling banyak diangkat dan dikembangkan untuk penelitian. Mengingat bahwa hasil dari segmentasi citra mempresentasikan citra asli dengan membagi objek citra menjadi beberapa *region* (wilayah). Namun, tidak sedikit kendala yang dialami pada saat melakukan segmentasi khususnya pada citra sel kanker darah bersentuhan. Proses segmentasi dan pemisahan sel bersentuhan menjadi salah satu tahapan penting, dimana dari proses tersebut akan menentukan akurasi kuantisasi dari citra sel kanker darah.

Beberapa penelitian terkait segmentasi sel darah putih pada citra mikroskopis diantaranya adalah metode berbasis tepi (*boundary*) untuk segmentasi pada sel darah putih yang dikenalkan oleh (Piuri, dkk. 2004). Metode yang diusulkan melakukan segmentasi dengan mendeteksi tepi citra dan dilanjutkan dengan operasi morfologi untuk memperbaiki hasil segmentasi. Namun, pada metode yang diusulkan masih terdapatnya garis tepi yang tidak terhubung sehingga batas dari *region* tidak dapat diketahui.

Metode berbasis thresholding untuk segmentasi sel darah putih diusulkan oleh Scotti (2008), dimana segmentasi dilakukan dengan menggunakan *automatic threshold* untuk citra keabuan. Hal ini dilakukan untuk menampilkan perbedaan

antara intensitas minimum dan maksimum. Penelitian lain juga dilakukan oleh Putzu, dkk (2014) dengan menggunakan nilai threshold berbasis *triangle method* atau *algoritma zack*. Dimana metode ini diaplikasikan pada histogram citra dengan membuat garis lurus yang berhubungan dengan nilai tertinggi dan terendah dari histogram. Kemudian dihitung jarak antar garis dan nilai histogram antara nilai *gray level* maksimum dan minimum. Jarak maksimum yang didapat didefinisikan sebagai nilai *threshold*. Pada metode ini menunjukkan hasil yang cukup efektif untuk melakukan segmentasi pada citra global sel darah putih. Namun, metode ini masih kurang efektif untuk citra sel darah putih yang bersentuhan (*touching*) sehingga akurasi yang didapat belum maksimal. Keberadaan dari sel bersentuhan tersebut perlu dideteksi dan dipisahkan (Putzu, dkk. 2014). Keberadaan sel bersentuhan harus dipisahkan untuk dapat meningkatkan akurasi perhitungan dari citra sel darah putih.

Beberapa penelitian telah dilakukan terkait identifikasi sel darah putih bersentuhan atau bertumpuk umumnya menggunakan metode berbasis informasi bentuk (Fathichah, dkk. 2014; Nazlibilek, dkk. 2014). Pendekatan menggunakan informasi bentuk umumnya lebih cepat, akan tetapi sensitif terhadap bentuk sel darah putih yang bervariasi. (Fathichah, dkk. 2014) menggunakan fitur geometri *eccentricity* dan area dalam mendeteksi keberadaan sel darah putih bertumpuk. Sel darah putih bertumpuk umumnya mempunyai area lebih besar dari sel tunggal serta mempunyai bentuk seperti elips. Apabila sel darah putih terdeteksi merupakan sel darah putih bertumpuk, maka dilakukan kuantisasi objek sel darah putih bertumpuk tersebut. Pendekatan kuantisasi yang digunakan pada penelitian tersebut dengan cara membagi area objek sel darah putih bertumpuk dengan suatu rata-rata area objek sel darah putih tunggal. (Nazlibilek, dkk. 2014) Mengkuantisasi sel darah putih dengan perbandingan ukuran objek sel darah putih. Pendekatan ini menghitung perbandingan nilai rata-rata panjang *major axis* dan *minor axis* objek sel darah putih terhadap nilai rata-rata panjang *major axis* dan *minor axis* seluruh objek sel darah putih dalam citra. Pada kedua metode, kuantisasi sel darah putih bertumpuk dihitung berdasarkan hasil koreksi ukuran perbandingan objek sel tersebut. Apabila ukuran perbandingan antara 100%-200% maka dilakukan penambahan jumlah sel darah putih sebanyak satu. Selanjutnya,

jumlah sel darah putih ditambahkan satu lagi setiap kenaikan ukuran objek sebesar 100%. Penelitian lain dilakukan oleh (Putzu, dkk. 2014), dimana citra sel darah putih yang bersentuhan dipisahkan oleh *watershed* dan penentuan sel darah yang bersentuhan atau tidak menggunakan analisis kebulatan (*roundness*). Sel darah putih yang memiliki nilai kebulatan di bawah *threshold* akan dianggap sebagai sel bersentuhan. Kemudian dilanjutkan dengan melakukan *watershed* dengan perhitungan *distance transform*. Kontur hasil pemisahan sel darah putih dihaluskan dengan *line refining* dari ekstraksi pada transformasi watershed. Hasil pemisahan menunjukkan hasil yang baik pada citra tertentu namun masih terjadi kesalahan dalam melakukan perhitungan jumlah sel, jika terdapat banyaknya citra bersentuhan berkumpul.

Pada penelitian sebelumnya terkait dengan sel bersentuhan, juga dilakukan dengan menggunakan metode clustering. Salah satunya dilakukan oleh (Effendy. 2013), dimana peneliti mengusulkan metode analisis kluster K-Means Clustering untuk citra sel darah merah dengan melakukan identifikasi sel bertumpuk atau bersentuhan menggunakan informasi fitur geometri. Metode clustering yang diusulkan mampu memisahkan sel dengan lebih baik dibandingkan dengan metode *watershed*. Namun, hasil metode ini sangat tergantung pada inisialisasi kluster. Jumlah kluster yang digunakan masih belum dapat ditentukan secara langsung dan harus ditentukan terlebih dahulu sebelum proses analisis kluster. Selain itu penentuan awal *centroid* secara *random* menyebabkan banyaknya iterasi yang dilakukan, sehingga waktu yang dibutuhkan dalam menentukan *centroid* yang tepat cukup banyak. Dari uraian di atas identifikasi sel bersentuhan berdasarkan informasi fitur geometri pada citra mikroskopis sel kanker darah masih terdapat kendala, yaitu pada ukuran sel yang bervariasi. Terdapatnya ukuran sel yang bervariasi membuat penentuan nilai *threshold* yang digunakan sebagai penentuan luas area sel harus lebih tepat. Dimana, terkadang sel tunggal memiliki ukuran yang lebih besar atau lebih kecil dari ukuran normalnya. Sel tunggal dengan ukuran yang lebih besar dari pada ukuran normal bisa dikategorikan menjadi sel bersentuhan. Kurang akuratnya hasil proses segmentasi berdasarkan fitur geometri pada citra sel bersentuhan mempengaruhi keakuratan

pada proses perhitungan sel dan mempengaruhi hasil identifikasi terhadap penyakit tersebut.

Penelitian berbeda dilakukan pendekatan lain untuk melakukan proses perhitungan jumlah sel, yaitu berdasarkan titik pusat (*centroid*) geometri sel. Titik pusat (*centroid*) ini dipertimbangkan sebagai dasar yang digunakan oleh peneliti untuk mendukung keakuratan dalam proses perhitungan dan segmentasi citra sel bersentuhan (Qi Xin, dkk. 2010). Berdasarkan uraian tersebut diasumsikan bahwa setiap satu sel memiliki satu titik pusat (*centroid*), sehingga proses perhitungan jumlah sel berdasarkan titik pusat (*centroid*) memungkinkan untuk mendapatkan hasil yang lebih akurat. Pada penelitian yang dilakukan (Al-Kofahi, dkk. 2010) pada citra hispatologi payudara, dimana identifikasi *centroid* sel didapatkan dari seed point dengan menggunakan multiscale LoG (*Laplacian of Gaussian*) filtering dan mengklaster *region* nukleus berdasarkan deteksi *seed*. Meskipun hasil dari metode tersebut cukup bagus dalam mendapatkan titik pusat (*centroid*), namun metode ini sangat sensitif dalam menentukan nilai parameter yang terkait bentuk dan ukuran sel. Sehingga kemungkinan *false detection* terhadap *centroid* sel khususnya untuk citra sel bersentuhan berkumpul masih bisa terjadi.

Pendekatan lain juga dilakukan (Lu Cheng, dkk. 2016) untuk mendeteksi *centroid* sel berdasarkan deteksi *seed* yaitu metode *based voting*. Penelitian dilakukan pada citra histopatologi payudara dan kulit. Metode ini memanfaatkan informasi *gradient* dari *contour* objek untuk mendapatkan titik pusat (*centroid*) sel, sehingga variasi bentuk sel tidak begitu berpengaruh pada metode ini. Salah satu metode *based voting* adalah Multi Pass Voting (Lu Cheng, dkk. 2016). Pada metode ini dilakukan pencarian titik pusat (*centroid*) sel berdasarkan deteksi *seed* yang dilakukan, selanjutnya diterapkan *global thresholding* untuk mendapatkan final seed yang akan dijadikan sebagai titik pusat (*centroid*).

Berdasarkan penelitian sebelumnya yang diuraikan di atas, salah satu tahapan penting dalam proses identifikasi penyakit leukemia adalah perhitungan jumlah sel darah putih pada citra mikroskopis kanker darah. Keakuratan hasil proses tersebut sangat penting, berdasarkan hasil tersebut dokter akan menentukan langkah apa yang akan dilakukan pada proses penyembuhan. Keberadaan citra bertumpuk atau bersentuhan menjadi salah satu kendala dalam proses

perhitungan, karena perhitungan dilakukan secara manual dan terbatas oleh waktu. Untuk mendapatkan perhitungan yang akurat sel bersentuhan harus dipisahkan terlebih dahulu. Umumnya, identifikasi sel bertumpuk atau bersentuhan dilakukan berdasarkan informasi fitur geometri (Putzu, dkk. 2014; Faticah, dkk. 2014; Nazlibilek, dkk. 2014; Effendy. 20113). Namun, pada penerapannya masih memiliki kendala yaitu pada ukuran sel yang bervariasi. Dimana, terkadang sel tunggal memiliki ukuran yang lebih besar atau lebih kecil dari ukuran normalnya. Oleh karena itu, pendekatan lain berdasarkan pencarian titik pusat (*centroid*) sel diharapkan mampu mendapatkan hasil yang lebih akurat pada proses perhitungan sel (Al-Kofahy, dkk. 2010; Qi Xin, dkk. 2010; Lu Cheng, dkk. 2016).

Berdasarkan uraian di atas, peneliti mengusulkan metode perhitungan jumlah sel darah putih yang bersentuhan pada citra sel Acute Leukemia dengan menggunakan Multi Pass Voting berbasis deteksi *seed (centroid)* diikuti analisis kluster dengan metode K-Means untuk memisahkan citra sel bersentuhan. Tahapan pertama pada penelitian ini adalah melakukan pemisahan *foreground* dan *background* pada citra mikroskopis sel kanker darah dengan menggunakan metode deteksi tepi *canny*. Kemudian dilakukan pencarian *centroid* berdasarkan deteksi *seed* dengan menggunakan Multi Pass Voting. Berdasarkan *centroid* yang dihasilkan dari metode Multi Pass Voting selanjutnya dilakukan perhitungan jumlah sel. Titik *centroid* tersebut sekaligus akan menjadi titik *centroid* awal pada metode analisis kluster K-Means.

1.2 Perumusan Masalah

Rumusan masalah yang diangkat dalam penelitian ini sebagai berikut.

1. Bagaimana mendapatkan *centroid* berdasarkan deteksi *seed* dengan menggunakan *Multi Pass Voting*?
2. Bagaimana memisahkan sel darah putih bersentuhan menggunakan analisis kluster dengan metode *K-Means*?
3. Bagaimana proses iterasi yang dihasilkan pada metode K-Means dengan penentuan *centroid* awal menggunakan *Multi Pass Voting*?

1.3 Batasan Masalah Penelitian

Permasalahan yang dibahas dalam penelitian ini memiliki beberapa batasan masalah sebagai berikut.

1. Dataset yang digunakan adalah citra mikroskopis sel kanker darah ALL-IDB1 (Scotti, dkk. 2011) dan AML (Harto, 2016) yang memiliki citra sel bersentuhan.
2. Fitur yang digunakan dalam pemisahan sel bersentuhan menggunakan analisis kluster yaitu fitur spasial.

1.4 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini melakukan perhitungan jumlah sel berdasarkan deteksi *seed (centroid)* menggunakan *Multi Pass Voting* dan pemisahan sel darah putih bersentuhan menggunakan analisis kluster K-Means pada citra sel Acute Leukemia.

1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini yaitu mendapatkan *centroid* dari sel darah putih yang dapat digunakan untuk perhitungan dan analisis jenis sel darah putih pada citra sel Acute Leukemia secara otomatis sehingga membantu proses diagnosis penyakit ALL dan AML di laboratorium.

1.6 Kontribusi Penelitian

Kontribusi penelitian ini adalah mengusulkan metode untuk perhitungan jumlah sel pada citra sel *Acute Leukemia* berdasarkan deteksi *seed (centroid)* sel dengan menggunakan kombinasi metode *Multi Pass Voting* dan analisis kluster dengan metode K-Means diharapkan mampu mendapatkan hasil perhitungan jumlah sel yang lebih akurat. Selain itu hasil deteksi *seed (centroid)* yang digunakan untuk pemisahan sel bersentuhan, diharapkan mampu mengurangi jumlah iterasi pada analisis kluster dengan menggunakan metode K-Means.

1.7 Kontribusi Penelitian

Laporan metodologi penelitian ini dibagi dalam beberapa bab, sebagai berikut.

1. Bab I Pendahuluan, bab ini berisi latar belakang, permasalahan, batasan masalah, tujuan, manfaat, kontribusi, dan sistematika penulisan.
2. Bab II Tinjauan Pustaka, bab ini berisi dasar-dasar teori yang mendukung penelitian yang diusulkan.
3. Bab III Metodologi, bab ini berisi studi literatur, dataset, rancangan metode penelitian, skenario uji coba hingga jadwal penelitian.
4. Bab IV Uji Coba dan Analisis Hasil, bab ini berisi uji coba dan analisis hasil.
5. Bab V Penutup, bab ini berisi kesimpulan dan saran.

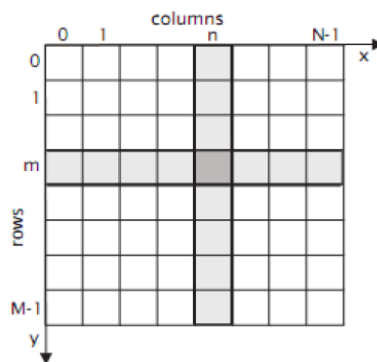
BAB 2

KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI

Pada bab ini akan dijelaskan kajian pustaka dan dasar teori yang berkaitan dengan penelitian.

2.1 Citra Digital

Citra digital merupakan representasi numerik dari citra dua dimensi. Citra dapat berupa foto makhluk hidup, pemandangan, benda mati, mikroskopik dan sebagainya. Suatu citra dapat didefinisikan sebagai fungsi dua numerik yaitu $f(x, y)$, dimana x dan y merupakan koordinat spasial, dan amplitudo dari f pada pasangan koordinat (x, y) manapun, disebut sebagai intensitas atau tingkat keabuan dari citra di koordinat tersebut. Jika nilai x, y dan amplitudo dari fungsi f bersifat diskrit dan terbatas, maka dapat disebut sebagai citra digital (Gonzales, 2002). Citra digital terdiri dari beberapa elemen dan setiap elemen tersebut memiliki nilai dari lokasi tertentu. Elemen gambar dapat disebut sebagai elemen citra atau piksel. Istilah piksel inilah yang sering dipakai untuk menyatakan elemen citra digital. Berikut ditunjukkan representasi citra digital pada Gambar 2.1.



Gambar 2.1 Representasi Citra Digital 2D
(Ardhianto, 2013)

Letak piksel pada citra dua dimensi umumnya direpresentasikan dalam bentuk matriks. Pada Gambar 2.1 dapat dilihat bahwa representasi citra digital dua dimensi ditampilkan dalam bentuk susunan kotak-kotak yang biasa disebut dengan piksel. Indeks m menyatakan posisi baris, dan indeks n menyatakan posisi

kolom. Jika citra digital terdiri dari $M \times N$ piksel, maka akan direpresentasikan dalam bentuk matriks berukuran $M \times N$, dimana indeks m memiliki rentang mulai antara 0 hingga $M-1$ dan indeks n memiliki rentang mulai antara 0 hingga $N-1$. M menyatakan jumlah baris dan N menyatakan jumlah kolom. Sesuai dengan notasi matriks, sumbu vertikal (sumbu y) berjalan dari atas ke bawah, dan sumbu horisontal (sumbu x) berjalan dari kiri ke kanan.

2.2 Sel Darah Putih

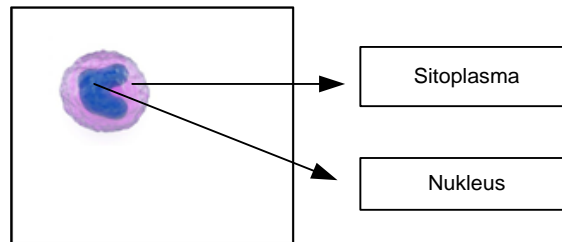
Terdapat beberapa macam sel yang terdapat dalam hapusan darah antara lain sel darah merah, sel darah putih dan platelets. Sel darah putih atau disebut juga leukosit (sel inflamasi) merupakan sel darah yang berhubungan dengan sistem imun tubuh manusia. Tugas utama melindungi tubuh dalam melawan infeksi suatu penyakit atau foreign material (Gurcan, 2009).

Sel darah putih yang diproduksi dalam sumsum tulang terdiri dari lima jenis sel. Lima jenis sel darah putih dibagi ke dalam dua tipe berdasarkan keberadaan granula yaitu granuler dan agranuler (Huang dkk, 2012). Sel darah putih tipe granuler adalah neutrofil, eosinofil, dan basofil, sedangkan tipe agranuler adalah limfosit dan monosit. Leukosit terdiri dari sitoplasma dan nukleus. Keseluruhan sel disebut membran. Gambar 2.2 menunjukkan sel darah putih beserta sitoplasma dan nukleusnya. Selain morfologinya, jumlah leukosit juga dapat digunakan sebagai referensi untuk mengidentifikasi penyakit leukemia. Ketika terjadi intrusi ke dalam tubuh manusia yang mengakibatkan infeksi, jumlah leukosit akan meningkat untuk mempertahankan daya tahan tubuh.

Peningkatan atau penurunan dari jumlah sel darah putih mengindikasikan bahwa adanya infeksi dalam tubuh. Namun, infeksi bukan menjadi penyebab satu-satunya peningkatan jumlah leukosit, penyimpangan proliferasi sel agranuler mengakibatkan peningkatan jumlah sel darah putih terutama sel limfosit atau monosit dan penurunan jumlah sel darah putih jenis lainnya (Wartenberg dkk, 2008). Penyimpangan yang terjadi pada sel darah putih tipe agranuler tersebut disebut neoplasma ganas sel darah atau biasa disebut kanker darah (leukemia).

Pemeriksaan sel darah putih dilakukan menggunakan mikroskop pada sediaan apus darah (*blood smear*) yang telah dicat (*stained*). Pengecatan

dilakukan karena leukosit bersifat transparan dan pucat dan tidak dapat diobservasi di mikroskop hingga sediaan apus diberi warna. Observasi sediaan apus darah oleh tenaga terlatih di laboratorium memerlukan waktu sekitar 15 menit untuk menghitung 100 sel pada tiap sediaan apus (Huang dkk, 2012). Sel darah putih umumnya teramati dalam bentuk tunggal dan bertumpuk. Dalam keadaan ini, sel darah putih tetap harus teridentifikasi dengan baik.



Gambar 2.2 Struktur Sel Darah Putih (Harto, Aryo. 2016)

2.3 *Acute Leukemia*

2.3.1 *Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL)*

Evaluasi sel darah melalui citra mikroskopis memudahkan dalam evaluasi dan diagnosis dari munculnya banyak penyakit. Leukemia merupakan kanker darah yang bisa dideteksi melalui analisis mikroskopis pada sel darah putih atau leukosit. Penyakit leukemia 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 *French American British (FAB)*, *Acute Leukemia* diklasifikasi ke dalam dua sub tipe, yaitu *Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL)* dan *Acute Myeloid Leukemia (AML)* (Bhattacharjee, dkk. 2015). ALL atau yang biasa dikenal dengan *Acute Lymphoblastic Leukemia* merupakan kanker yang paling umum menyerang anak-anak. 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 1 sampai 9 tahun. Selanjutnya ALL akan berpotensi menyerang orang dewasa pada usia di atas 55 tahun dan akan berakhir fatal (Data SERR ALL Cancer, 2011).

Berkaitan 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.

2.3.2 Acute Myeloid Leukemia (AML)

Acute Myeloid Leukemia (AML) yang juga dikenal sebagai acute myelogenous leukemia atau *acute nonlymphocytic leukemia* (ANLL) adalah kanker yang berasal dari garis sel darah myeloid, ditandai dengan pertumbuhan sel darah putih yang cepat yang terjadi di bone marrow dan mengganggu produksi dari sel darah yang normal. AML merupakan jenis kanker yang ditandai dengan infiltrasi pada *bone marrow*, darah dan jaringan lainnya oleh sel proliferative, klonal dan tidak normal dari sistem hematopoietic (Dohner dkk, 2015). Gejala yang muncul biasanya adalah mudah lelah, sesak nafas, mudah memar dan pendarahan, dan peningkatan terjadinya infeksi.

AML merupakan leukemia akut yang umumnya terjadi pada orang dewasa dan pengaruhnya meningkat seiring dengan umur penderita. meskipun AML termasuk penyakit yang jarang terjadi, namun menurut penelitian Jemal, dkk di tahun 2002 tentang statistik kanker AML memiliki persentase sekitar 1,2% sebagai penyebab terjadinya kematian di Amerika Serikat. Kejadiannya di perkirakan meningkat seiring dengan umur populasi. Beberapa faktor resiko dan kromosom yang tidak normal telah dapat diidentifikasi, namun penyebab yang lebih spesifik masih belum jelas. Sebagai leukemia tipe akut, AML berkembang secara cepat dan dapat berakibat fatal jika dalam jangka waktu beberapa minggu atau bulan tidak segera diobati. Menurut sistem klasifikasi FAB (French-American-British) AML memiliki beberapa sub-tipe yang ditunjukkan oleh Tabel

2.1 dan memiliki pengobatan dan prognosa berbeda pada tiap sub-tipe. AML memiliki persentase kesembuhan sekitar 35%-40% pada penderita dengan umur di bawah 60 tahun dan 5-15% pada umur diatas 60 tahun. Penderita yang memiliki umur lebih tua yang tidak dapat menahan kemoterapi secara intensif memiliki peluang bertahan sekitar 5-10 bulan (Dohner dkk, 2015).

Tabel 2.1 Sub-tipe AML Menurut Sistem Klasifikasi FAB

	Nama Sub-Jenis AML	Persentase Penderita (Dewasa)
M0	Acute myeloblastic leukemia (<i>minimally differentiated</i>)	5%
M1	Acute myeloblastic leukemia (<i>without maturation</i>)	15%
M2	Acute myeloblastic leukemia (<i>granulocytic maturation</i>)	25%
M3	Acute promyelocytic leukemia (APL)	10%
M4	Acute myelomonocytic leukemia	20%
M4eo	Myelomonocytic (dengan <i>bone marrow eosinophilia</i>)	10%
M5	<ul style="list-style-type: none"> • Acute monoblastic leukemia (M5a) • Acute monocytic leukemia (M5b) 	5%
M6	Acute erythroid leukemia <ul style="list-style-type: none"> • Erythroleukemia (M6a) • Erythroid leukemia (M6b) 	5%
M7	Acute megakaryoblastic leukemia	5%

2.4 Segmentasi Citra Sel *Acute Leukemia*

2.4.1 Deteksi Tepi

Tepi adalah perubahan nilai intensitas derajat keabuan yang mendadak (besar) dalam jarak yang singkat. Perbedaan intensitas inilah yang memperlihatkan rincian pada gambar. Tepi dapat diorientasikan dengan suatu arah, dan arah ini berbeda tergantung pada perubahan intensitas. Deteksi tepi merupakan langkah pertama untuk melingkupi informasi di dalam citra. Tepi mencirikan batas-batas objek dan karena itu tepi berguna untuk proses segmentasi dan identifikasi objek di dalam citra. Tujuan operasi deteksi tepi adalah untuk meningkatkan penampakan garis batas suatu daerah atau objek di dalam citra (Munir, 1992).

Terdapat beberapa teknik yang digunakan untuk mendeteksi tepi, salah satunya adalah operator gradien pertama (Munir, 1992). Contoh gradien pertama yang dapat digunakan untuk mendeteksi tepi di dalam citra yaitu operator gradien selisih-terpusat, operator sobel, prewitt, roberts, dan canny.

2.4.1.1 Operator *Canny*

Algoritma deteksi tepi *Canny* dikenal sebagai algoritma yang optimal dalam melakukan pendeteksian tepi. Untuk meningkatkan metode-metode yang telah ada dalam pendeteksian tepi, algoritma deteksi tepi *Canny* mengikuti beberapa kriteria sebagai berikut:

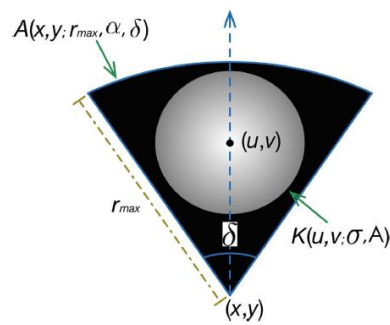
- Tingkat error yang rendah. Error terjadi bila ada tepi yang penting tetapi tidak muncul, atau bila ada yang bukan tepi tetapi muncul.
- Titik-titik pada tepi dilokasikan dengan benar. Dengan kata lain, jarak antara piksel-piksel tepi yang ditemukan algoritma dengan tepi sesungguhnya diminimumkan.
- Hanya satu respon (lebar 1 piksel) untuk setiap sebuah tepi.

Berdasarkan kriteria di atas, algoritme deteksi tepi *Canny* dilakukan dengan langkah-langkah sebagai berikut:

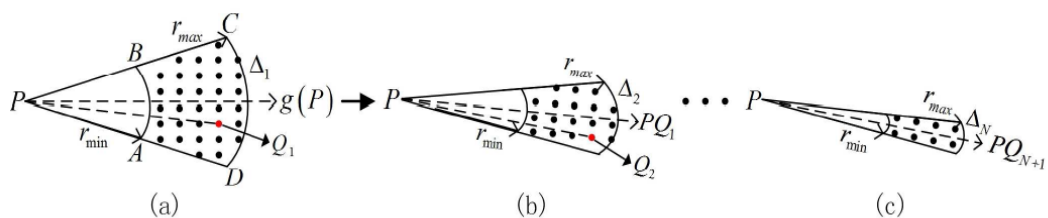
1. Pertama-tama dilakukan penghalusan (*smoothing*) citra untuk menghilangkan noise. Contohnya menggunakan filtering dengan *Gaussian Filter*.
2. Selanjutnya dicari gradient magnitude citra untuk melihat daerah-daerah yang memiliki turunan spasial yang tinggi. Pencarian *gradient magnitude*
3. Ditentukan arah dari tepi dengan menggunakan invers tangen dari gradient magnitude Y (G_y) dibagi *gradient magnitude* X (G_x). Arah yang diperoleh dari perhitungan ini kemudian dipetakan ke 0, 45, 90, atau 135 derajat berdasarkan kedekatannya dengan keempat derajat arah tadi.
4. Kemudian dilakukan *Non Maximum Suppression*. Yaitu, penghilangan nilai-nilai yang tidak maksimum. Ditelusuri daerah yang ditemukan pada langkah 2 (dengan arah seperti yang ditemukan pada langkah 3), dan menghilangkan (suppress) setiap piksel yang tidak maksimum.
5. Selanjutnya dilakukan Hysteresis. Hysteresis menggunakan dua threshold yaitu T1 (threshold bawah) dan T2 (threshold atas). Bila magnitude ada di bawah T1, titik tersebut di-set nol (dijadikan non-tepi). Bila magnitude ada di atas T2, maka termasuk tepi. Bila magnitude ada diantara T1 dan T2, di-set nol kecuali jika ada jalan (path) dari titik tersebut ke titik yang memiliki magnitude di atas T2.

2.4.2 Algoritma *Multi Pass Voting* (MPV)

Metode *Multi Pass Voting* merupakan sebuah metode untuk mendeteksi titik pusat suatu sel dengan cara menentukan area *voting* yang membentuk sebuah kerucut berdasarkan kisaran *radius* yang dimiliki sel (Cheng Lu dkk, 2016). Metode ini menggunakan kernel dalam menerapkan area *voting* untuk mendeteksi *seed* (*centroid*) yang ditunjukkan pada Gambar 2.3. Kernel yang digunakan mengikuti *radial symmetry* dan *gradien direction*. Dimana, (x, y) merupakan titik *point* dari sel yang digunakan untuk memulai membentuk area *voting*. (u, v) merupakan titik *point* yang diasumsikan sebagai titik pusat sel. r_{min}, r_{max} merupakan panjang area *voting* yang ditentukan berdasarkan ukuran rata-rata sel. Panjang r_{min} adalah $\frac{1}{3}$ dari d dan panjang r_{max} adalah $\frac{5}{3}$ dari d , dimana d adalah jarak antara *boundary point* dengan *local maxima*. Setiap iterasi, kernel akan di *update* mengikuti *gradien direction* dan diikuti dengan pengurangan kisaran sudut dari area *voting*, sehingga bentuk kernel dapat lebih fokus ke proses selanjutnya. Berikut Gambar 2.4 merupakan ilustrasi dari orientasi kernel yang digunakan pada tiap iterasinya.



Gambar 2.3 Ilustrasi Area Voting (Lu, Cheng, dkk. 2016)

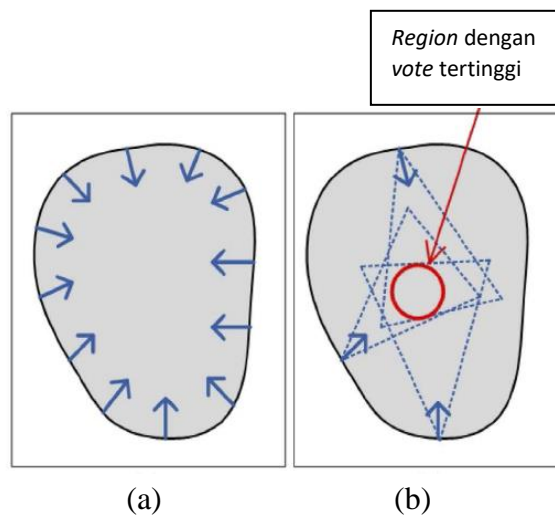


Gambar 2.4 Ilustrasi Orientasi Kernel Voting Area Pada Tiap Iterasi (Xu, Hongming., Lu, Cheng. 2013)

Pada Gambar 2.4 (a-c) ditunjukkan bahwa *voting direction* mengikuti *point P* yang memiliki nilai *votes* tertinggi yang dinotasikan dengan Q , $Q_i (i = 1, 2, \dots, N + 1)$, sudut $\delta_i = (1, 2, \dots, N)$ untuk area *voting* akan berangsur-angsur diperkecil mengikuti *direction (point PQ)*. Dimana penentuan area *voting* mengikuti persamaan 2.1.

$$A(x, y, r_{min}, r_{max}, \delta) = \left\{ \begin{array}{l} (x + r \cos \theta, y + r \sin \theta) \mid r_{min} \leq r \leq r_{max} \\ \theta(x, y) - \delta \leq \theta \leq \theta(x, y) + \delta \end{array} \right\} \quad (2.1)$$

Selanjutnya pada Gambar 2.5 ditunjukkan ilustrasi dari *region* dengan kemungkinan memiliki nilai *vote* yang tinggi. Pada Gambar 2.5 (a) merupakan sebuah ilustrasi dari *gradient direction* yang terdapat dalam citra sel. Berdasarkan *gradient direction* tersebut akan dibentuk area *voting*. Dari area *voting* yang berkumpul akan didapatkan *region* yang kemungkinan memiliki nilai *vote* yang tinggi yang akan dijadikan sebagai *final seed (centroid)*. Bentuk kerucut yang digunakan dalam membentuk area *voting* dipilih dengan mempertimbangkan asumsi bahwa titik pusat sel jauh dari *boundary* objek, oleh karena itu *voting point* ditempatkan pada *region* terdekat dari titik pusat sel dari pada *region* yang dekat dengan garis tepi objek.



Gambar 2.5 Ilustrasi *Region* dengan Kemungkinan Memiliki Nilai *Vote* Tinggi (Lu, Cheng. dkk. 2016)

Ukuran area *voting* akan ditentukan pertama kali beserta dengan kisaran sudut yang digunakan. Parameter yang digunakan dalam metode ini antara lain

$rmin$, $rmax$, δ , N dan T_g . Seperti yang sudah dijelaskan sebelumnya bahwa $rmin$, $rmax$ merupakan kisaran panjang area *voting* yang digunakan, δ merupakan estimasi kisaran sudut untuk membentuk area *voting* sampai sejumlah N dengan $\delta_N = \delta_{max}$, T_g merupakan nilai *threshold* yang digunakan untuk mendapatkan *final seed*. Setelah menentukan parameter yang dibutuhkan, maka dilakukan proses inisialisasi *voting direction* dan *magnitude*, dengan menghitung *image gradient* $\nabla I(x, y)$, *gradient magnitude* $\|\nabla I(x, y)\|$ dan *gradient direction* $\alpha(x, y) = \frac{\nabla I(x, y)}{\|\nabla I(x, y)\|} = (\cos(\theta(x, y)), \sin(\theta(x, y)))$, dimana θ adalah sudut *gradient direction* antara *positive* sumbu x dengan vektor $\alpha(x, y)$. Penentuan tersebut mengikuti persamaan Kernel 2.2 berikut.

$$K(x, y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-\frac{(x^2+y^2)}{2\sigma^2}} \quad (2.2)$$

$$\nabla I(x, y) = (\Delta_x I(x, y), \Delta_y I(x, y)) \quad (2.3)$$

$$\Delta_x I(x, y) = I(x + 1, y) - I(x - 1, y) \quad (2.4)$$

$$\Delta_y I(x, y) = I(x, y + 1) - I(x, y - 1) \quad (2.5)$$

$$\theta = \arctan\left(\frac{\Delta_y I(x, y)}{\Delta_x I(x, y)}\right) \quad (2.6)$$

$$\|\nabla I(x, y)\| = \sqrt{(\Delta_x I(x, y))^2 + (\Delta_y I(x, y))^2} \quad (2.7)$$

Setelah proses perhitungan sebelumnya telah selesai dilakukan, selanjutnya melakukan penentuan *vote* dengan mereset *vote image* $V(x, y, r_{min}, r_{max}, \delta) = 0$ untuk semua piksel *point* (x, y) . Untuk meng-update *vote image* tiap piksel $(x, y) \in S$ mengikuti persamaan (2.9).

$$S := \{(x, y) \mid \|\nabla I(x, y)\| > T_g\} \quad (2.8)$$

$$Vi = V(x, y, r_{min}, r_{max}, \delta) + \sum_{(u, v) \in A} K(u, v, \alpha, A) \quad (2.9)$$

Fungsi kernel ditempatkan di (u, v) diantara area *voting*, sedangkan untuk update *voting direction* untuk setiap pixel $(x, y) \in S$ mengikuti persamaan (2.10) berikut.

$$\alpha(x, y) = \frac{(d_x, d_y)}{\sqrt{d_x^2 + d_y^2}} \quad (2.10)$$

$$d_x = u * -x, d_y = v * -y \quad (2.11)$$

$$u^*, v^* = \arg \max \{V(x,y; r_{max}, r_{min}, \delta) \mid (u,v) \in A(x,y; r_{max}, r_{min}, \delta)\} \quad (2.12)$$

Selanjutnya sudut area *voting* diperkecil sampai dengan jumlah iterasi yang ditentukan. Sudut area *voting* diperkecil untuk mengurangi ukuran dari area *voting*, sehingga dapat ditentukan *final seed (centroid)* yang tepat dari masing-masing *region*. Terakhir diaplikasikan metode *thresholding* ke *voting image* untuk mendapatkan *final seed (centroid)*.

$$C = \{(x, y) \mid V(x, y; r_{min}, r_{max}, \delta) > T_g\} \quad (2.13)$$

2.4.3 Ruang Warna CIELAB

CIE La*b* (CIELAB) merupakan ruang warna yang paling lengkap yang direkomendasikan oleh CIE (Comission Internationale de l'Eclairage/ International Commission on Illumination). CIE merekomendasikan sebuah kombinasi iluminasi/pengamatan dan ruang warna tertentu (La*b*) yang bertujuan pada standardisasi definisi warna dan memberikan perbedaan warna lebih seragam. Terdapat tiga koordinat pada ruang warna CIELAB, yaitu L, a*, dan b*. L menunjukkan nilai lightness, nilainya berkisar antara 0 (hitam) hingga 100 (putih) (Ganesan et al. 2010). a* dan b* menunjukkan arah warna, yakni +a* adalah koordinat merah, -a* adalah koordinat hijau, +b* adalah koordinat kuning dan -b* adalah koordinat biru. Gambar 2.6 merupakan ilustrasi koordinat L, a*, dan b*.



Gambar 2.6 Ilustrasi Koordinat L, a*, dan b* (Ganesan, dkk. 2010)

Transformasi citra RGB ke CIELAB dimulai dengan melakukan perhitungan sebagai berikut:

$$X = 0,412453R + 0,357580G + 0,180423B \quad (2.14)$$

$$Y = 0,212671R + 0,715160G + 0,072169B \quad (2.15)$$

$$Z = 0,019334R + 0,119193G + 0,950227B \quad (2.16)$$

Selanjutnya, La*b* didefinisikan sebagai berikut:

$$L = 116 \left(\frac{Y}{Y_n} \right) - 16 \quad (2.17)$$

$$a * = 500 \left[f\left(\frac{X}{X_n}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) \right] \quad (2.18)$$

$$b * = 200 \left[f\left(\frac{Y}{Y_n}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_n}\right) \right] \quad (2.19)$$

Kemudian, fungsi f dihitung seperti persamaan berikut:

$$f(q) = \begin{cases} \frac{1}{q^2}, & \text{jika } q > 0,008856 \\ \frac{16}{7,787q + 116}, & \text{untuk yang lain} \end{cases} \quad (2.20)$$

$X_n, Y_n,$ dan Z_n diperoleh melalui $R=G=B=1$ dengan jangkauan R,G,B berupa $[0,1]$.

2.4.4 Adaptive Thresholding

Metode yang dapat digunakan untuk memisahkan area *foreground* dan *background* salah satunya adalah *Adaptive Thresholding*. *Thresholding* ini bersifat otomatis dalam menentukan nilai *threshold* yang digunakan sebagai penunjuk besarnya nilai keabuan yang akan muncul. Pada *adaptive thresholding* setiap piksel pada citra akan dihitung nilai *thresholdnya*. Jika nilai *threshold* lebih besar dari nilai piksel maka akan diatur menjadi 0 (*background*) dan sebaliknya. Metode dasar *thresholding* yang digunakan pada *Adaptive Thresholding* yaitu dengan menggunakan *Gaussian Filter*, dimana *filter* ini menghilangkan komponen frekuensi tinggi pada citra. *Adaptive Thresholding* dengan menggunakan *Gaussian Filter* tergantung pada nilai dari standar deviasi. Gaussian Kernel pada 2D diberikan persamaan seperti berikut.

$$G(x,y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \quad (2.21)$$

Dimana, σ adalah distribusi standar deviasi.

Nilai dari hasil *image* $T_{(n)}$ adalah antara 1 (putih) atau 0 (hitam), dimana t adalah konstanta.

$$T(n) = \begin{cases} 0, & \text{if } Im < Flm * \left(\frac{1-t}{100}\right) \\ 1, & \text{sebaliknya} \end{cases} \quad (2.22)$$

2.4.5 Operasi Morfologi Matematika

Dalam pengolahan citra konsep matematika morfologi digunakan untuk mendapatkan atau mengekstrak komponen dari suatu gambar yang berguna untuk merepresentasikan dan mendeskripsikan suatu bentuk, seperti *boundaries*,

skeletons dan *convex hull*. Teknik morfologi juga digunakan untuk *preprocessing* dan *postprocessing*, seperti morfologi *filtering*, *thinning* dan *pruning*, selain itu teknik morfologi, biasanya diterapkan untuk menghapus ketidaksempurnaan objek atau *noise* selama proses segmentasi. Dua operasi morfologi yang paling dasar adalah dilasi dan erosi, yang kemudian dikembangkan menjadi *opening* dan *closing*.

Proses dalam dilasi adalah penambahan dan penebalan dalam citra biner. Penebalan dalam citra dikontrol oleh bentuk *structuring elemen* (strel) yang digunakan. Dilasi sangat berguna ketika diterapkan dalam objek-objek yang terputus akibat hasil pengambilan citra yang terganggu oleh *noise*, kerusakan objek yang dijadikan citra atau disebabkan oleh resolusi yang jelek. Sedangkan erosi adalah proses pengecilan atau penipisan objek pada citra biner. Jumlah piksel yang dikecilkan atau ditipiskan dari batas objek pada citra tergantung pada ukuran dan bentuk dari strel yang digunakan. Erosi dapat dianggap sebagai operasi morfologi *filtering* karena detail citra yang lebih kecil dari strel akan dihilangkan dari citra (Abbas, Amel H; Kareem, Aryan A; Kamil, 2015).

Dua morfologi lain yang penting adalah *opening* dan *closing*. *Opening* secara umum menghaluskan garis-garis bentuk objek, menghilangkan bagian-bagian yang sempit, dan menghilangkan penonjolan-penonjolan yang tipis. *Closing* cenderung menghaluskan garis-garis bentuk tetapi kebalikan dari *opening*, secara umum *closing* menolak pecahan-pecahan sempit dan teluk yang panjang dan tipis, menghilangkan lubang kecil dan mengisi gap pada garis-garis bentuk (*contour*).

2.4.6 Analisis Klaster K-Means

Analisis klaster merupakan salah satu metode objek mining yang bersifat tanpa latihan (*unsupervised analysis*), sedangkan analisis klaster K-Means merupakan salah satu metode analisis klaster non-hirarki yang mempartisi data yang ada ke dalam satu atau lebih klaster atau kelompok data berdasarkan karakteristiknya, sehingga data yang mempunyai karakteristik yang sama dikelompokkan dalam satu klaster yang sama dan data yang mempunyai karakteristik yang berbeda dikelompokkan ke dalam klaster yang lain. Tujuan

pengelompokan adalah untuk meminimalkan fungsi objektif yang di set dalam proses *clustering*, yang pada dasarnya berusaha untuk meminimalkan variasi dalam satu klaster dan memaksimalkan variasi antar klaster.

Jika diberikan sekumpulan objek $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ maka algoritma K-Means akan mempartisi X dalam k buah klaster, setiap klaster memiliki *centroid* dari data-data dalam klaster tersebut. Pada tahap awal algoritma analisis klaster *K-Means* dipilih secara acak k buah data sebagai *centroid*, kemudian jarak antara data dengan *centroid* dihitung dengan menggunakan jarak *Eucliden*, data ditempatkan dalam klaster yang terdekat dihitung dari titik tengah klaster. *Centroid* baru ditetapkan jika semua objek sudah ditempatkan dalam klaster terdekat. Proses penentuan *centroid* dan penempatan objek dalam klaster diulangi sampai nilai *centroid* konvergen. Secara umum metode analisis klaster *K-Means* menggunakan algoritma sebagai berikut (Agusta, 2007) :

1. Tentukan k sebagai jumlah klaster yang di bentuk dan pilih k data dari data set X sebagai *centroid*.
2. Pilih k *centroid* (titik pusat klaster) awal secara random. Penentuan *centroid* awal dilakukan secara random/acak dari objek-objek yang tersedia sebanyak k klaster, kemudian untuk menghitung *centroid* klaster ke- l berikutnya, digunakan rumus sebagai berikut:

$$c_l = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}, i = 1, 2, \dots, n \quad (2.23)$$

c_l adalah *centroid* pada klaster ke- l , x_i adalah data ke- i , dan n adalah banyaknya data yang tergabung dalam sebuah klaster.

3. Hitung jarak setiap data ke masing-masing *centroid* dari masing-masing klaster. Pada penelitian ini, untuk menghitung jarak antara data dengan *centroid* menggunakan rumus *Euclidean Distance*.

$$d(x, c) = \|x - c\| = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - c_i)^2}, i = 1, 2, \dots, n \quad (2.24)$$

4. Alokasikan masing-masing data ke dalam *centroid* yang paling terdekat. Pada saat data sudah dihitung jarak terhadap setiap *centroid*, maka selanjutnya dipilih jarak yang paling kecil sebagai klaster yang akan diikuti sebagai relokasi data pada klaster di sebuah iterasi. Relokasi sebuah data dalam cluster yang diikuti dapat dinyatakan dengan nilai keanggotan a yang bernilai 1 atau

0. Nilai 0 jika tidak menjadi anggota sebuah klaster dan 1 jika menjadi anggota sebuah klaster. Karena *K-Means* mengelompokkan secara tegas data hanya pada satu klaster, maka nilai a sebuah data pada semua klaster, hanya satu yang bernilai 1, sedangkan lainnya 0 seperti yang dinyatakan oleh persamaan berikut:

$$a_{i,j} = \begin{cases} 1 & \arg \min \{d(x_i, c_j)\} \\ 0 & \text{lainnya} \end{cases} \quad (2.25)$$

$d(x_i, c_j)$ menyatakan jarak dari data ke i ke klaster c_j .

5. Lakukan iterasi, kemudian tentukan posisi *centroid* baru dengan menggunakan Persamaan (2.24).
6. Ulangi langkah 3 jika posisi *centroid* baru tidak sama. Pengecekan konvergensi dilakukan dengan membandingkan matriks *group assignment* pada iterasi sebelumnya dengan matrik *group assignment* pada iterasi yang sedang berjalan. Jika hasilnya sama maka algoritma analisis klaster *K-Means* sudah konvergen, tetapi jika berbeda maka belum konvergen sehingga perlu dilakukan iterasi berikutnya.

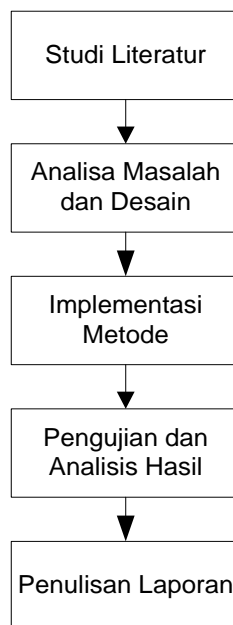
BAB 3

METODE PENELITIAN

Bab ini akan dijelaskan tahapan penelitian, data input, rancangan metode yang diusulkan, skenario uji coba, analisis hasil, dan jadwal penelitian yang digunakan.

3.1 Tahapan Penelitian

Tahapan-tahapan yang dilakukan dalam penelitian ini antara lain adalah (1) studi literatur, (2) analisa masalah dan desain, (3) implementasi metode yang diusulkan, (4) pengujian dan analisis, serta (5) penulisan laporan penelitian. Alur tahapan penelitian bisa dilihat pada Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Tahapan Penelitian

3.1.1 Studi Literatur

Pada tahap ini akan dijelaskan segala informasi beserta sumber pustaka yang berkaitan dengan konteks yang digunakan dalam penelitian. Literatur yang dikaji secara garis besar meliputi konsep dasar yang berkaitan tentang sel darah putih khususnya tipe *Acute Leukemia*, *adaptive thresholding*, pencarian *centroid* berdasarkan deteksi *seed* menggunakan metode *Multi Pass Voting*, dan analisis klaster dengan menggunakan metode *K-Means*.

3.1.2 Analisis Masalah dan Desain Sistem

Pada tahap analisis dilakukan perumusan masalah, batasan-batasan masalah dan bagaimana menyelesaikan masalah tersebut. Permasalahan yang diangkat pada penelitian ini adalah melakukan pencarian *centroid* berdasarkan deteksi *seed* dengan menggunakan metode *Multi Pass Voting*. Selanjutnya hasil dari metode ini akan digunakan dalam proses perhitungan dan pemisahan sel bersentuhan. Berdasarkan masalah tersebut rancangan metode yang akan dibangun meliputi *dataset* citra yang digunakan, deteksi tepi *canny*, segmentasi citra biner, deteksi *seed (centroid)* pada masing-masing sel, pemisahan sel darah putih bersentuhan menggunakan analisis kluster *K-Means*, uji coba sistem dan evaluasi akurasi hasil perhitungan dan pemisahan.

3.1.3 Implementasi Metode

Tahapan implementasi metode bertujuan untuk mengimplementasikan rancangan metode yang dibangun. Rancangan yang telah dibangun akan diimplementasikan menggunakan Matlab versi R2015a.

3.1.4 Uji Coba Analisis Hasil Penelitian

Pada tahapan ini sistem yang telah dibangun selanjutnya akan dilakukan pengujian. Uji coba dilakukan sesuai dengan skenario uji coba yang dirancang pada tahap desain sistem. Berdasarkan hasil uji coba tersebut, sistem nantinya akan dianalisis untuk mengetahui performa dari metode yang diusulkan.

3.1.5 Penyusunan Laporan

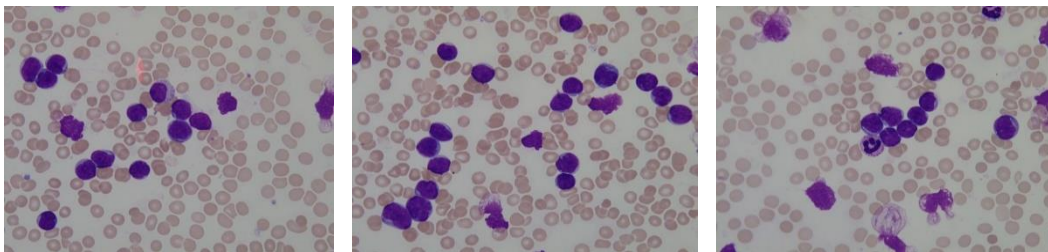
Pada tahapan ini dilakukan penulisan laporan yang berisi hasil dari keseluruhan tahapan yang dilakukan pada penelitian ini. Setiap tahapan akan didokumentasikan secara tertulis sebagai bukti dari hasil penelitian yang dilakukan.

3.2 Dataset Citra *Acute Leukemia*

3.2.1 Dataset Citra ALL-IDB1

Dataset citra yang digunakan dalam tesis ini adalah basis data citra *Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) ALL-IDB1*, yang diambil dan disediakan oleh (Scotti dkk, 2013). ALL-IDB1 adalah *dataset* citra sampel sediaan apus darah tepi

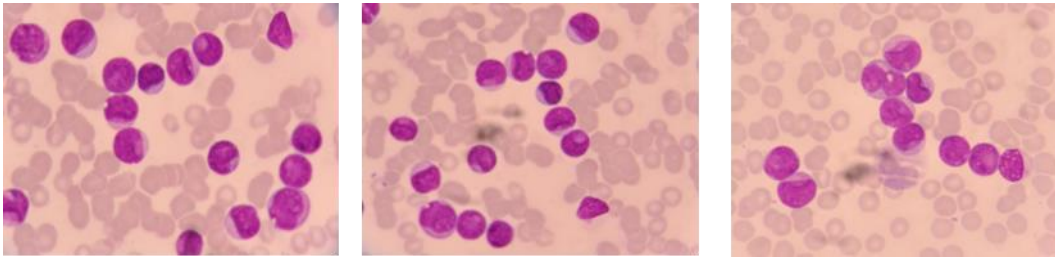
(*peripheral blood smear*) dari individu yang tidak menderita penyakit ALL dan dari individu yang menderita penyakit ALL. *Dataset* citra tersebut telah disediakan untuk umum dengan izin. Sampel citra tersebut dikumpulkan oleh pakar di Pusat Penelitian Tettamanti, Tettamanti Research Center untuk leukemia anak-anak dan penyakit hematik, Monza, Italia. Basis data ALL-IDB1 dapat digunakan untuk pengujian kemampuan algoritma segmentasi dan sistem klasifikasi karena terdiri dari citra dengan resolusi, perbesaran, dan pencahayaan yang berbeda-beda. Citra yang akan digunakan hanya citra dengan sel bersentuhan. Gambar 3.2 berikut merupakan sampel citra ALL-IDB1 dengan sel bersentuhan yang dipergunakan dalam penelitian.



Gambar 3.2 Citra ALL-IDB1

3.2.2 Dataset Citra AML

Dataset citra yang digunakan dalam tesis ini adalah basis data citra *Acute Myeloid Leukemia* (AML), yang diambil di Laboratorium Kesehatan Pemerintah Daerah Kalimantan Selatan. *Dataset* citra AML merupakan citra sampel sediaan apus darah tepi (*peripheral blood smear*) yang didalamnya terdapat sel darah putih normal dan abnormal (*blast*) dari pasien penderita AML dan yang telah mendapat izin untuk digunakan oleh ahli patologi dan pihak terkait untuk kepentingan ilmu pengetahuan dan pendidikan. Sampel tersebut dikumpulkan oleh pakar pada pemeriksaan kesehatan di Laboratorium Kesehatan Pemerintah Daerah Kalimantan Selatan Banjarmasin, Indonesia. *Dataset* citra AML dapat digunakan untuk pengujian kemampuan algoritma segmentasi dan sistem klasifikasi karena terdiri dari citra dengan proses *staining*, resolusi, dan pencahayaan yang berbeda-beda. Gambar 3.3 merupakan sampel yang digunakan sebagai masukan pada sistem.



Gambar 3.3 Citra AML

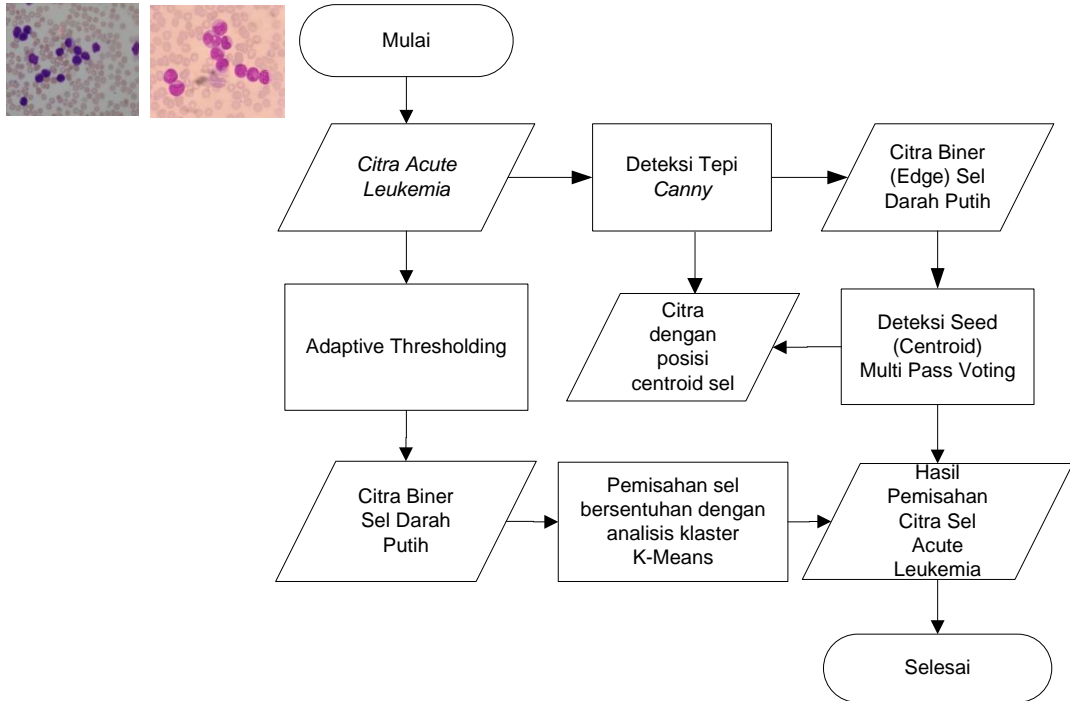
3.3 Rancangan Metode Penelitian

Tujuan penelitian yang dilakukan yaitu merancang metode untuk mencari titik pusat (*centroid*) pada masing-masing citra sel darah putih, berdasarkan deteksi *seed* dengan menggunakan metode *Multi Pass Voting*. Selanjutnya dilanjutkan dengan proses perhitungan dan pemisahan sel darah putih bersentuhan dengan menggunakan metode analisis kluster K-Means. Adapun rancangan metode yang diusulkan ditunjukkan pada Gambar 3.4. Metode dalam penelitian terdiri atas 3 tahapan utama yaitu: (1) Deteksi tepi *canny*, (2) Deteksi *seed* (*centroid*) dengan menggunakan *Multi Pass Voting*, (3) Pemisahan Sel Bersentuhan pada Citra Sel Darah Putih Menggunakan Metode Analisis Kluster *K-Means*.

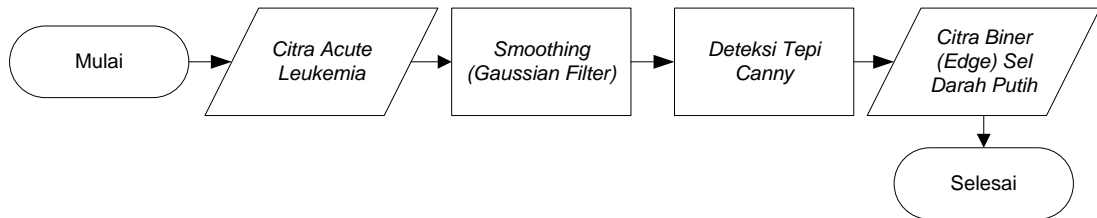
3.3.1 Deteksi Tepi *Canny*

Deteksi awal ini dilakukan untuk mendapatkan *edge* area sel darah putih dengan menggunakan operator *canny*. Deteksi tepi ini digunakan untuk menentukan area yang akan dilakukan pencarian titik pusat (*centroid*). Sebelum masuk pada tahapan tersebut dilakukan teknik *smoothing* pada citra dengan menggunakan *filter gaussian* untuk mereduksi noise pada citra yang akan digunakan, agar hasil yang didapatkan dapat maksimal. Selanjutnya citra hasil *smoothing* tersebut dilakukan deteksi tepi *canny* dengan nilai *threshold* yang digunakan ditentukan secara adaptif. Hasil dari deteksi tepi ini berupa citra biner (*edge*) dengan *holes*. Untuk menghasilkan area sel darah putih, dilakukan penghapusan area yang berada di tepi border. Selanjutnya untuk menghapus area bukan sel darah putih yang berada di antara sel darah putih digunakan dari *ratio major* dengan *minor axis length*. Jika hasil *ratio* tersebut kurang dari nilai

threshold maka *edge* tersebut akan dihapus. Berikut Gambar 3.5 ditunjukkan proses deteksi tepi *canny* yang dilakukan pada citra *Acute Leukemia*.



Gambar 3.4 Rancangan Metode yang Diusulkan



Gambar 3.5 Proses Deteksi Tepi *Canny* pada Citra *Acute Leukemia*

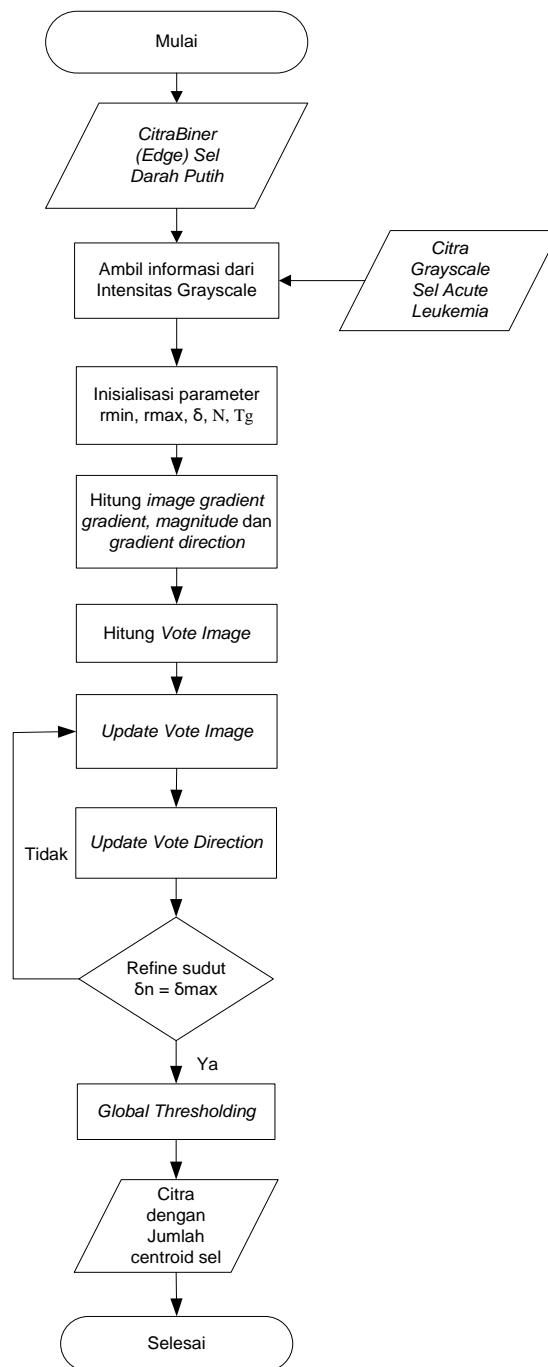
3.3.2 Deteksi *Seed (Centroid)* dengan Metode *Multi Pass Voting*

Banyaknya sel yang bersentuhan atau berkumpul terkadang menyebabkan jumlah sel tidak dapat diketahui secara pasti. Begitu juga dengan citra mikroskopis sel kanker darah, masih terdapatnya citra sel yang bersentuhan khususnya untuk sel darah putih. Metode *Multi Pass Voting* merupakan sebuah metode untuk mendeteksi titik pusat (*centroid*) suatu citra dengan cara menentukan area *voting* yang membentuk sebuah kerucut berdasarkan kisaran *radius* yang dimiliki sel tersebut (Cheng Lu dkk, 2016). Metode tersebut

memanfaatkan *gradient direction* dan *radial symmetry* dari objek yang digunakan. Metode ini juga menggunakan kernel dalam menerapkan area *voting* untuk mendeteksi titik pusat (*centroid*) yang ditunjukkan pada Gambar 2.3, dimana kernel yang digunakan mengikuti *gradient direction* dan *radial symmetry*. Pada setiap iterasi kernel akan di *update* mengikuti *gradient direction* dan ditunjukkan pada Gambar 2.4.

Deteksi *seed (centroid)* dengan menggunakan metode *Multi Pass Voting* akan diawali dengan penentuan parameter yang digunakan. Dimana parameter yang diinisialisasi termasuk dari area *voting* beserta kisaran sudut yang digunakan. Parameter yang digunakan dalam membentuk area *voting* antara lain $r_{min}, r_{max}, \delta, T_g, N$. Penentuan parameter r_{min}, r_{max}, δ mengikuti persamaan (2.1). Selanjutnya dilakukan perhitungan *gradient magnitude* dan *gradient direction*, berdasarkan *gradient* dari citra *grayscale* yang dihasilkan dari citra hasil *smoothing* pada tahapan deteksi tepi *canny* yang dihitung mengikuti persamaan (2.2-2.7). Kemudian dilanjutkan perhitungan vote image $V(x, y, r_{min}, r_{max}, \delta) = 0$ untuk semua piksel *point (x, y)*.

Pada iterasi berikutnya dilakukan *update vote image* dengan menghitung *vote image* menggunakan persamaan (2.2) yang merepresentasikan kernel pada lokasi (u, v) diantara *region voting*. Lokasi (u, v) merupakan titik piksel yang diasumsikan sebagai titik pusat (*centroid*), dimana lokasi tersebut memiliki nilai *vote* tertinggi. Penentuan lokasi (u, v) mengikuti persamaan (2.12). Untuk *update voting direction*, setiap titik piksel anggota S sesuai persamaan (2.8) dilakukan *update voting direction* dengan mengikuti persamaan (2.10-2.12). Proses *update* ini akan terus dilakukan sampai dengan jumlah iterasi yang telah ditentukan. Kemudian dilanjutkan dengan menentukan *final seed (centroid)* dengan melakukan *global thresholding* sesuai dengan persamaan (2.13). *Final seed (centroid)* yang diambil adalah *seed* (titik) yang memiliki nilai *vote* yang lebih besar dari *threshold* yang ditentukan. Berikut Gambar 3.6 ditunjukkan proses deteksi *seed (centroid)* dengan menggunakan metode *Multi Pass Voting*.



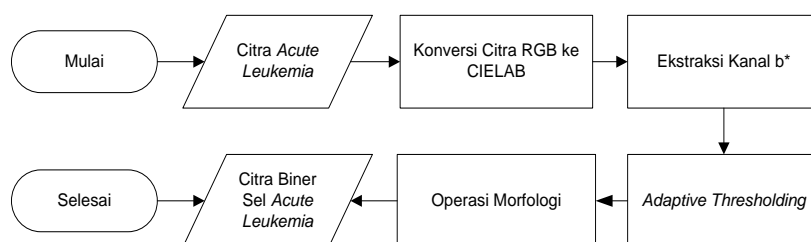
Gambar 3.6 Proses Pencarian *Centroid* dengan *Multi Pass Voting* (MPV) (Lu, Cheng. 2016)

3.3.3 Adaptive Thresholding

Segmentasi sel darah putih ini dilakukan untuk mendapatkan citra biner (tanpa *holes*) yang akan digunakan proses pemisahan sel darah putih. Berdasarkan citra biner tersebut sel bersentuhan akan dipisah menggunakan metode analisis kluster K-Means. Metode yang digunakan dalam tahapan segmentasi ini adalah

adaptive thresholding. Proses diawali dengan memproses citra input RGB dan dikonversi ke ruang warna CIELAB. Dimana ruang warna ini terdiri dari 3 kanal, kanal L merupakan dimensi pencahayaan, kanal a^* dan b^* merupakan dimensi warna. CIELAB memisahkan kekontrasan dan warna penyusun citra. Kanal yang digunakan pada proses segmentasi ini adalah kanal b^* . Komponen b^* dipilih selain untuk mengurangi pengaruh iluminasi citra, juga dipilih karena region leukosit cenderung berwarna biru sehingga dapat dibedakan dari latar belakang (Mandyartha, P.E., F. Chastine, dkk. 2016).

Transformasi citra sel darah putih dari ruang RGB ke CIELAB dimulai dengan pencarian XYZ menggunakan persamaan (2.14-2.16). Kemudian kanal L, a^* , dan b^* dicari dengan menggunakan persamaan (2.17–2.19). Selanjutnya kanal b^* diekstraksi dan digunakan untuk proses segmentasi. Setelah dilakukan konversi ruang warna citra, dilanjutkan metode *Adaptive Thresholding* (Dnyandeo Varsha, S., Nipanikar S.R. 2016) dengan menghitung nilai setiap piksel berdasarkan *gaussian filter* mengikuti kernel pada persamaan (2.21), kemudian menentukan nilai *threshold* melalui persamaan (2.22). Jika nilai dari suatu piksel lebih besar dari nilai *threshold* yang ditentukan maka piksel tersebut dikatakan sebagai obyek dan sebaliknya. Terakhir akan dilakukan operasi morfologi untuk membersihkan area sel darah merah yang masih berada di dalam citra (Putzu, L., dkk. 2014). Proses segmentasi untuk memisahkan area *foreground* dan *background* ditunjukkan pada Gambar 3.7 berikut.



Gambar 3.7 Segmentasi Sel Darah Putih Menggunakan *Adaptive Thresholding*

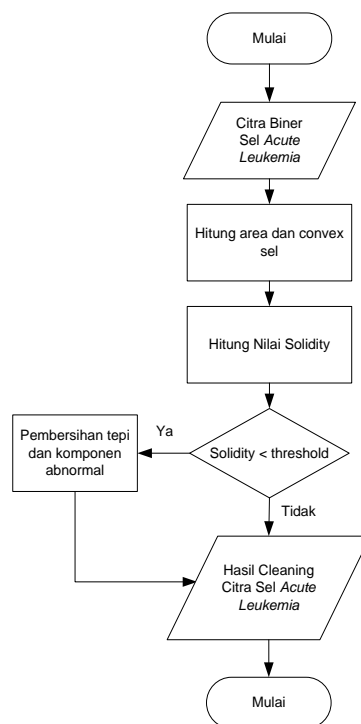
3.3.4 Image Cleaning

Pada tahapan ini akan dilakukan penghapusan *region* sel darah putih yang terdapat pada tepi citra, *region* yang bukan termasuk objek sel darah putih dan *region* sel darah putih yang cacat pewarnaan. Hal ini dilakukan untuk mengurangi *error* pada tahap klasifikasi. Tahapan penghapusan untuk citra yang berada di tepi

dilakukan dengan operasi sederhana, untuk area yang termasuk bukan objek akan dilakukan menggunakan perhitungan area rata-rata sel, sedangkan *region* sel darah putih yang cacat pewarnaan lebih kompleks. Penghapusan untuk *region* ini menggunakan analisis geometri dengan mengukur luas area dan *convex* area untuk masing-masing sel darah putih. Selanjutnya hasil dari pengukuran tersebut digunakan untuk menghitung nilai *solidity* untuk penghapusan *region* cacat pewarnaan. *Solidity* ini digunakan untuk mengukur kepadatan objek, dimana didefinisikan sebagai rasio antara objek area dengan area *convex hull* objek. Persamaan berikut menunjukkan perhitungan *solidity*.

$$Solidity = \frac{area}{convex_area} \quad (3.1)$$

Nilai *solidity* 1 menunjukkan bahwa objek tersebut solid, dan jika nilai kurang dari 1 menandakan objek dengan *boundary irregular* (terdapat *hole*). Nilai ambang *solidity* yang digunakan dalam penelitian berdasarkan metode usulan (Putzu, dkk. 2014) yaitu 0,9. Semua objek bernilai *solidity* di bawah nilai ambang tersebut akan dihapus. Proses *cleaning* citra biner sel darah putih ditunjukkan pada Gambar 3.8.



Gambar 3.8 Proses *Cleaning* Citra Biner Sel Darah Putih (Putzu, L., dkk. 2014)

3.3.5 Pemisahan Sel Darah Putih Bersentuhan dengan Metode K-Means

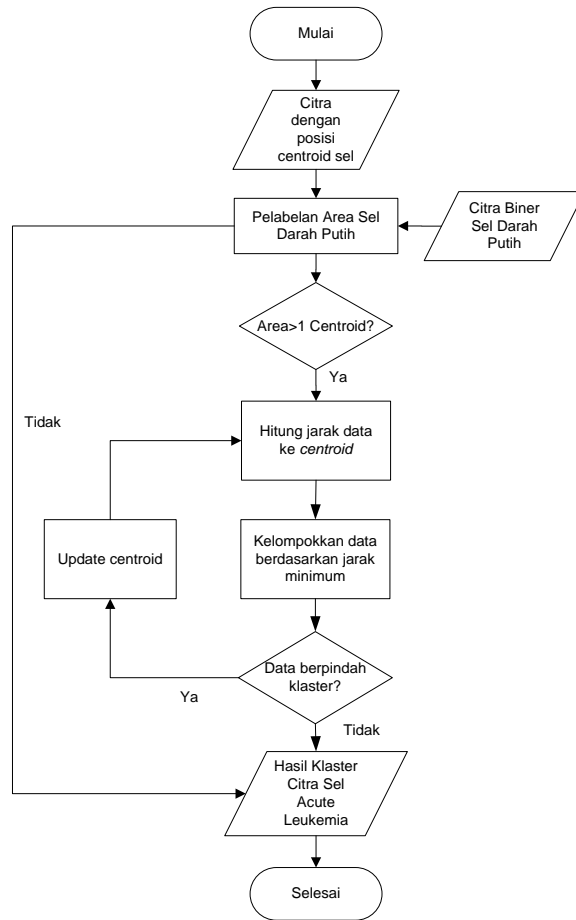
Pada tahapan ini, citra masukan berupa hasil dari citra yang telah melalui tahapan pencarian *centroid* yaitu dengan metode *Multi Pass Voting*. *Centroid* yang sudah didapatkan akan dijadikan sebagai *centroid* awal pada metode K-Means. Selanjutnya dilakukan pelabelan area sel darah putih untuk menentukan area mana yang akan diproses pada metode K-Means. Area yang akan diproses adalah area yang memiliki lebih dari satu *centroid*. Untuk area dengan satu *centroid* akan langsung masuk pada hasil akhir. Metode K-Means ini mengelompokkan data secara iteratif dengan melakukan partisi set data ke sejumlah K kluster yang telah ditentukan di awal (Prasetyo, 2014).

K kluster untuk K-Means kali ini akan ditentukan secara langsung berdasarkan jumlah *centroid* yang telah diketahui pada masing-masing citra sel darah putih. Untuk mengukur jarak dalam penentuan keanggotaan data ke dalam satu kluster digunakan fungsi jarak *Eucladian Distance* dengan mengikuti persamaan (2.24). Jika pada proses pengelompokkan data masih terdapat data yang berpindah kluster, maka akan dilakukan *update centroid* dan mengulangi tahapan penentuan asumsi letak *centroid*. Proses pemisahan sel darah putih bersentuhan dengan metode K-Means ditunjukkan pada Gambar 3.9.

3.4 Skenario Uji Coba

Pada penelitian ini dilakukan beberapa skenario uji coba, antara lain :

1. Membandingkan hasil perhitungan sel darah putih antara metode yang diusulkan dengan hasil perhitungan manual (*groundtruth*).
2. Membandingkan hasil perhitungan sel darah putih antara metode yang diusulkan dengan hasil perhitungan berdasarkan geometri (F. Chatine, dkk 2014 dan Nazlibilek, dkk. 2014) dan *watersheed*.
3. Membandingkan hasil iterasi pada metode k-means dengan penentuan *centroid* awal dan *random centroid*.
4. Membandingkan hasil pemisahan sel bersentuhan antara metode yang diusulkan dengan menggunakan metode *watershed*.



Gambar 3.9 Proses Pemisahan Sel Bersentuhan dengan Metode K-Means

3.5 Analisis Hasil

Berdasarkan uji coba dalam penelitian ini, evaluasi untuk uji coba adalah sebagai berikut.

Evaluasi deteksi sel darah putih bersentuhan dengan cara menghitung jumlah citra yang teridentifikasi mempunyai jumlah sel darah putih benar. Hasil perhitungan metode yang diusulkan dibandingkan dengan perhitungan manual per citra untuk mendapatkan nilai akurasi deteksi. Evaluasi deteksi mengikuti persamaan 3.2 berikut.

$$\% \text{ Akurasi Perhitungan Citra} = \frac{\sum \text{citra terdeteksi benar}}{\sum \text{citra groundtruth}} \times 100\% \quad (3.2)$$

Pada tiap citra dataset pengujian sel darah putih, jumlah citra terdeteksi benar merupakan jumlah sel benar berdasarkan hasil deteksi. Jumlah seluruh citra adalah jumlah dataset citra pengujian sel darah putih.

[Halaman ini sengaja dikosongkan]

BAB 4

UJI COBA DAN PEMBAHASAN

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

4.1 Lingkungan Uji Coba

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

- a. Sistem Operasi Microsoft Windows 8 64 Bit.
- b. Aplikasi MATLAB R2015a.

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

- a. Prosesor Intel Core i3 2.30GHz.
- b. RAM 4GB.

4.2 Data Uji Coba

Uji coba pada penelitian ini menggunakan data *Acute Leukemia* yang terdiri dari citra ALL-IDB1 dan citra AML. Citra ALL-IDB1 adalah *dataset* citra sampel sediaan apus darah tepi (*peripheral blood smear*) dari individu yang tidak menderita penyakit ALL dan dari individu yang menderita penyakit ALL. *Dataset* citra tersebut telah disediakan untuk umum dengan izin. Sampel citra tersebut dikumpulkan oleh pakar di Pusat Penelitian Tettamanti, Tettamanti Research Center untuk leukemia anak-anak dan penyakit hematik, Monza, Italia. Citra AML diambil dari basis data yang ada di Laboratorium Kesehatan Pemerintah Daerah Kalimantan Selatan. Citra uji tersebut merupakan citra sediaan apus darah tepi (*peripheral blood smear*) sel darah yang mengandung sel-sel AML (blast) dan sel-sel normal (*healthy cells*). Beberapa citra pada dataset terdapat sejumlah region sel yang berkelompok atau sel bersentuhan.

Hasil perhitungan jumlah sel darah putih dari metode yang diusulkan (Multi Pass Voting) dibandingkan dengan citra yang telah dilakukan perhitungan

secara manual dan berdasarkan fitur geometri (F. Chastine, dkk. 2014, Nazlibilek, dkk. 2014). Hasil perhitungan manual pada citra tersebut dianggap sebagai hasil perhitungan yang benar (*ground truth*). Perhitungan manual jumlah sel darah putih pada data berdasarkan arahan yang diberikan oleh ahli/dokter patologi.

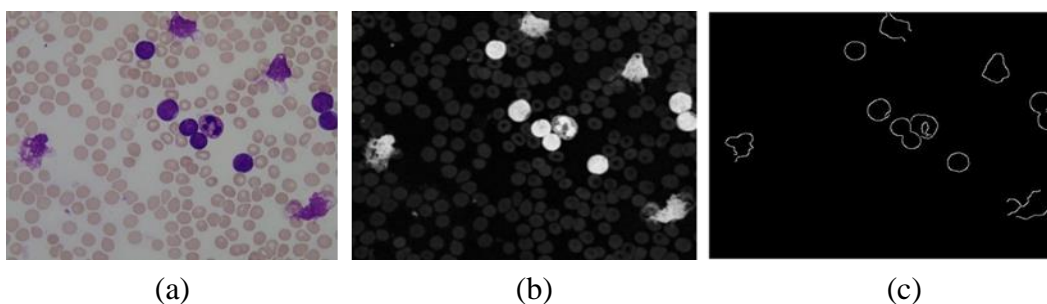
4.3 Hasil Uji Coba

Pada sub-bab ini dilakukan pembahasan hasil uji coba perhitungan citra *Acute Leukemia* (ALL dan AML) menggunakan metode yang diusulkan berikut dengan hasil uji coba berdasarkan skenario uji cobanya.

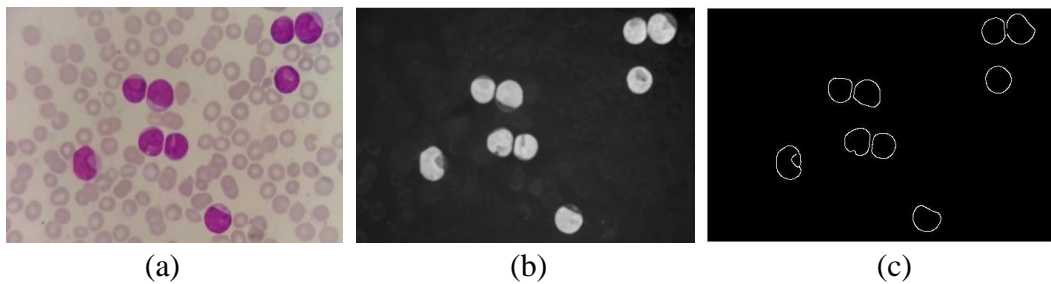
4.3.1 Hasil Uji Coba Deteksi (Seed) pada Citra *Acute Leukemia*

4.3.1.1 Hasil Uji Coba Penentuan Area Sel Darah Putih untuk Deteksi (Seed)

Proses untuk mendapatkan area sel darah putih yang dijadikan sebagai acuan untuk melakukan deteksi (*seed*) yaitu dengan melakukan operasi deteksi tepi *canny*. Untuk mendapatkan hasil yang lebih bagus, sebelum melakukan operasi *canny* akan diterapkan *filter gaussian* pada citra RGB sel darah putih. Nilai *threshold* yang digunakan pada operasi deteksi *canny* ditentukan secara adaptif, dimana nilai optimal yang didapatkan sebesar 0.60. Area yang ingin didapatkan berupa citra *binner* keseluruhan bagian dari sel darah putih. Berikut pada Gambar 4.1 dan 4.2 ditunjukkan contoh hasil dari operasi deteksi tepi *canny* dari masing-masing citra *Acute Leukemia* (ALL dan ALL).



Gambar 4.1. Hasil uji coba penentuan area sel darah putih untuk deteksi *seed* pada citra ALL (a) citra RGB sel darah, (b) citra hasil *filter gaussian*, (c) citra biner hasil operasi deteksi tepi *canny* pada sel darah putih

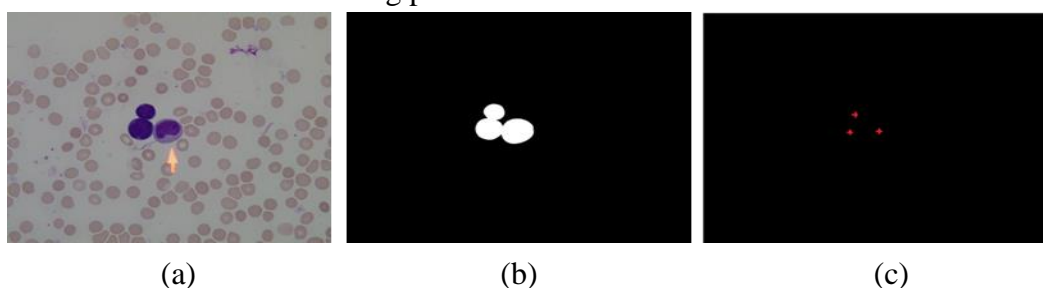


Gambar 4.2. Hasil uji coba penentuan area sel darah putih untuk deteksi *seed* pada citra AML (a) citra RGB sel darah, (b) citra hasil *filter gaussian*, (c) citra biner hasil operasi deteksi tepi *canny* pada sel darah putih

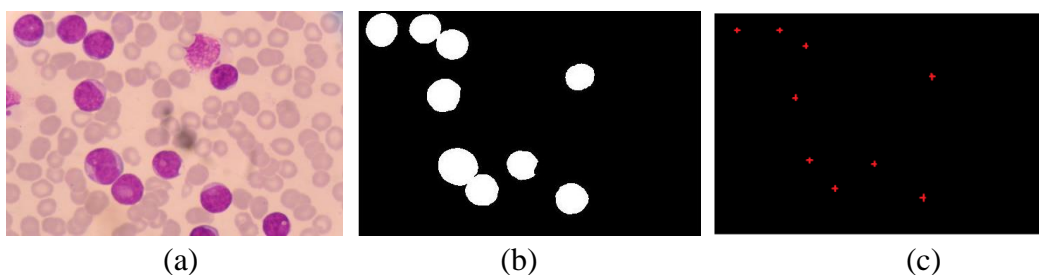
4.3.1.2 Hasil Uji Coba Deteksi (Seed) pada Sel Darah Putih Menggunakan Metode Multi Pass Voting

Pada tahap ini dilakukan proses untuk mendapatkan *centroid* berdasarkan deteksi (*seed*) menggunakan metode Multi Pass Voting. Sebagai langkah awal, data hasil dari proses sebelumnya kemudian dihitung *gradient direction*-nya. Selanjutnya dibentuk suatu area berbentuk kerucut berdasarkan *gradient direction* sebagai area yang nantinya akan dilakukan deteksi (*seed*). Area kerucut yang dibentuk kemudian ditentukan radius panjang minimum (r_{min}) dan panjang maksimum yakni lebih dari setengah jari-jari area (r_{max}). Nilai optimal yang digunakan pada $r_{min} = 1$ dan $r_{max} = 25$. Selanjutnya iterasi (N) yang digunakan pada metode ini sebesar 3 dengan besar sudut area kerucut ($\delta = \frac{\pi}{4}, \frac{\pi}{7}, \frac{\pi}{28}$). Besar sudut yang digunakan dimulai dari $\delta_{min} = \frac{\pi}{4}$ dan $\delta_{max} = \frac{\pi}{28}$. Area kerucut yang dibentuk akan diperkecil untuk mendapatkan nilai *seed* yang optimal. Kemudian dilanjutkan dengan penentuan *final seed* dengan menggunakan *global threshold* berdasarkan nilai *vote* maksimal yang dihasilkan. Berdasarkan hasil dari *final seed* ini nantinya akan dijadikan sebagai *centroid*. Hasil akhir dari Multi Pass Voting telah disesuaikan dengan citra biner dari metode *Adaptive Thresholding*. Metode tersebut merupakan citra biner yang telah melewati proses *cleaning*. Proses tersebut dilakukan untuk menghilangkan area yang terdapat sel darah putih yang *abnormal* (cacat pewarnaan) sekaligus menghilangkan area yang berada di tepi border. *Final seed* yang dihasilkan dari metode Multi Pass Voting selanjutnya akan dicek dengan citra biner hasil *Adaptive Thresholding*. Fungsi pengecekan ini dilakukan untuk mengetahui apakah *final seed* yang dihasilkan merupakan *seed*

(titik piksel) yang sesuai dengan citra biner. Berikut Gambar 4.3 ditunjukkan hasil dari metode Multi Pass Voting pada Citra ALL-IDB yang terdiri dari citra RGB, Biner dan hasil titik pusat (*centroid*) yang dihasilkan pembersihan (*image cleaning*) pada citra sel darah putih. Selanjutnya Gambar 4.4 ditunjukkan hasil dari metode Multi Pass Voting pada citra AML.



Gambar 4.3. Hasil dari metode Multi Pass Voting (a) Citra RGB (b) Citra Biner pada dataset ALL-IDB (c) Citra dengan titik pusat (*centroid*)



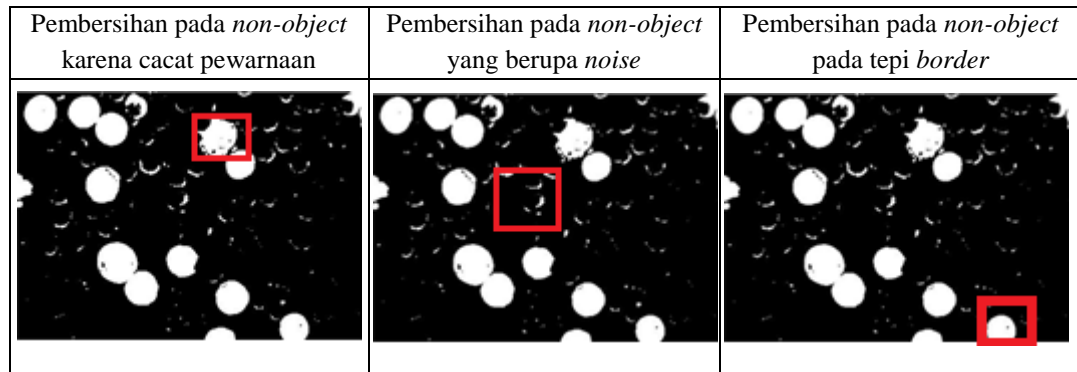
Gambar 4.4. Hasil dari metode Multi Pass Voting (a) Citra RGB (b) Citra Biner pada dataset AML (c) Citra dengan titik pusat (*centroid*)

4.3.1.3 Hasil Uji Coba Pemisahan Sel Bersentuhan dengan analisis kluster K-Means

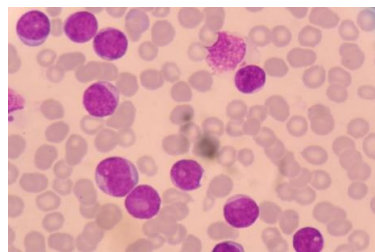
Proses pemisahan sel bersentuhan menjadi sel-sel tunggal dilakukan dengan analisis kluster K-Means. Jumlah kluster dihitung berdasarkan jumlah *centroid* yang telah didapatkan dari metode sebelumnya. Sebelum dilakukan pemisahan, dilakukan *connected labelling* hal ini dilakukan untuk memisahkan area yang akan diproses pada K-Means. Jika dalam satu area sel darah putih memiliki lebih dari satu *centroid* maka akan dilakukan pemisahan kluster dengan menggunakan K-Means. Sedangkan untuk area yang hanya memiliki satu *centroid* akan langsung masuk pada hasil akhir. Selain diperlukan titik pusat (*centroid*) sebagai masukan k-means, diperlukan citra biner untuk dijadikan sebagai objek

pemisahan sel darah putih. Citra biner yang digunakan akan dihasilkan dengan melalui metode Adaptive Thresholding.

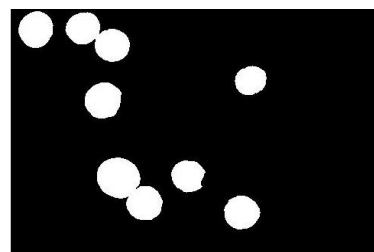
Pada dataset citra *Acute Leukemia* terdapat beberapa *region* terdapat beberapa *region* yang cacat akibat proses pewarnaan sediaan apus (preparat) darah tepi, *noise* yang tersegmentasi karena memiliki kedekatan nilai saturation dengan sel darah putih dengan luas *region* yang kecil ataupun sel darah putih yang tidak sempurna karena terpotong di tepi citra sehingga terdapat *region* yang hilang, oleh sebab itu diperlukan pembersihan pada *region* yang merupakan non-object tersebut. Sehingga didapatkan hasil akhir yang sesuai *ground truth*. Untuk melakukan proses *cleaning* selain digunakan *solidity* objek juga diperlukan luasan rata-rata area sel (Putzu, dkk. 2010).



(a)



(b)

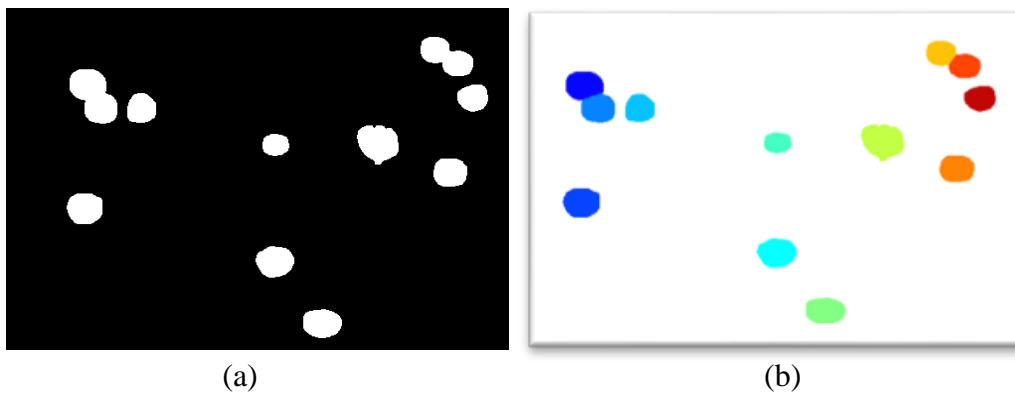


(c)

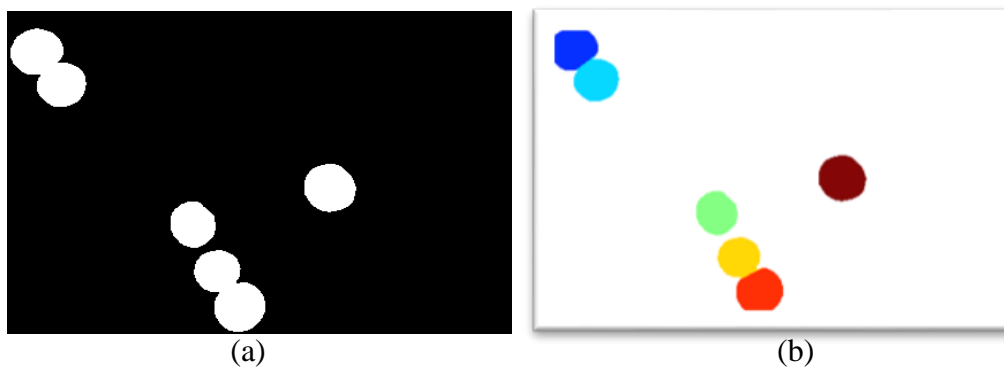
Gambar 4.5. (a) Proses *Cleaning* (b) Citra RGB (c) Hasil Pembersihan (*cleaning*) pada Citra Sel Darah Putih

Proses *cleaning* dilakukan berdasarkan luasan rata-rata area sel digunakan pada citra non-objek yang berupa *noise*. Area yang kurang dari nilai *threshold* maka otomatis akan dihapus. Sedangkan untuk objek dengan cacat warna akan digunakan *solidity* dengan *threshold* 0.9. Area dengan *solidity* yang kurang dari 0.9 otomatis juga akan dihapus. Berikut Gambar 4.5 ditunjukkan proses dan hasil *cleaning* pada citra sel darah putih.

Selanjutnya masuk pada tahapan pemisahan sel bersentuhan dengan menggunakan metode k-means. Untuk pemisahan sel bersentuhan (*touching cell*) menjadi sel-sel tunggal, jumlah kluster k dihitung secara langsung berdasarkan titik pusat (*centroid*) yang dihasilkan pada masing-masing *region*. Perhitungan jarak yang digunakan untuk mengukur kedekatan kluster adalah *euclidean distance*. Untuk fitur yang digunakan untuk pembagian kluster adalah ruang informasi spasial $f'(x,y)$ dari objek. Pada Gambar 4.6 ditunjukkan hasil pemisahan sel bersentuhan pada citra ALL-IDB berdasarkan kluster k-means dengan label rgb untuk memperjelas hasil kluster pada masing-masing *region*. Dilanjutkan pada Gambar 4.7 pada citra AML.



Gambar 4.6. Pemisahan Sel Bersentuhan pada Citra ALL-IDB (a) Citra Biner (b) Hasil pemisahan sel dengan menggunakan kluster k-means dengan label rgb



Gambar 4.7. Pemisahan Sel Bersentuhan pada Citra AML (a) Citra Biner (b) Hasil pemisahan sel dengan menggunakan kluster k-means dengan label rgb

4.3.2 Skenario Uji Coba

4.3.2.1 Skenario Uji Coba Perhitungan Sel Darah Putih pada Citra *Acute Leukemia*

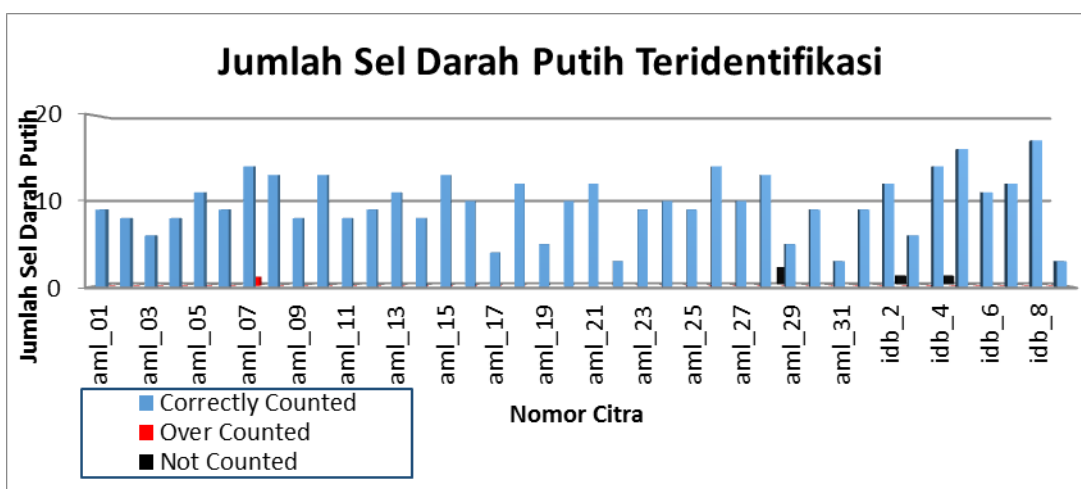
Pada tahap uji coba perhitungan sel darah putih terhadap *output* dari metode yang diusulkan, terdapat 3 skenario uji coba yang dilakukan. Pertama, membandingkan hasil perhitungan antara metode yang diusulkan (Multi Pass Voting) dengan perhitungan manual (*groundtruth*). Kedua, membandingkan metode berdasarkan geometri yang diusulkan oleh (F. Chastine, dkk. 2014, Nazlibilek, dkk. 2014). Terakhir, membandingkan metode menggunakan *watersheed*. Untuk perhitungan geometri yang diusulkan oleh F. Chastine, dkk berdasarkan luasan rata-rata area sel tunggal. Sedangkan perhitungan geometri yang diusulkan oleh Nazlibilek, dkk. 2014 berdasarkan rata-rata panjang *major* dan *minor axis* sel tunggal. Untuk mengevaluasi hasil perhitungan sel darah putih digunakan akurasi perhitungan citra yang ditunjukkan pada fungsi 3.2. Perhitungan total terhadap jumlah sel darah putih tunggal yang ada pada citra, termasuk *region* sel bersentuhan. Evaluasi perhitungan akan digunakan berdasarkan metode usulan yaitu berdasarkan titik pusat (*centroid*).

Selain jumlah keseluruhan perhitungan juga dilakukan berdasarkan beberapa kriteria yaitu jumlah region sel darah putih yang diidentifikasi benar yaitu *correctly counted*, jumlah region yang seharusnya tidak disertakan yaitu *over counted*, dan jumlah region yang merupakan objek tetapi tidak terhitung yaitu *not counted*. Hasil perhitungan akan ditunjukkan pada Tabel 4.1 dan akan ditunjukkan dalam bentuk grafik pada Gambar 4.7. Selanjutnya pada Tabel 4.2, 4.3, dan 4.4 akan ditunjukkan secara berurutan hasil perhitungan berdasarkan usulan F. Chastine, dkk, Nazlibilek, dkk dan *watershed*. Selanjutnya hasil perhitungan tersebut ditunjukkan grafik pada Gambar 4.8, 4.9, dan 4.10 secara berurutan.

Tabel 4.1 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual (*groundtruth*) dan yang teridentifikasi menggunakan metode yang diusulkan

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (Multi Pass Voting)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_01	9	9	0	0	0	100%
aml_02	8	8	0	0	0	100%
aml_03	6	6	0	0	0	100%
aml_04	8	8	0	0	0	100%
aml_05	11	11	0	0	0	100%
aml_06	9	9	0	0	0	100%
aml_07	14	15	14	1	0	92%
aml_08	13	13	0	0	0	100%
aml_09	8	7	0	0	0	100%
aml_10	13	13	0	0	0	100%
aml_11	8	8	0	0	0	100%
aml_12	9	9	0	0	0	100%
aml_13	11	11	0	0	0	100%
aml_14	8	8	0	0	0	100%
aml_15	13	13	0	0	0	100%
aml_16	10	10	0	0	0	100%
aml_17	4	4	0	0	0	100%
aml_18	12	12	0	0	0	100%
aml_19	5	5	0	0	0	100%
aml_20	10	10	0	0	0	100%
aml_21	12	12	0	0	0	100%
aml_22	3	3	0	0	0	100%
aml_23	9	9	0	0	0	100%
aml_24	10	10	0	0	0	100%
aml_25	9	9	0	0	0	100%
aml_26	14	14	0	0	0	100%

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (Multi Pass Voting)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_27	10	10	0	0	0	100%
aml_28	13	13	0	0	0	100%
aml_29	7	5	5	0	2	71%
aml_30	9	9	0	0	0	100%
aml_31	3	3	0	0	0	100%
idb_01	9	9	0	0	0	100%
idb_02	12	12	0	0	0	100%
idb_03	7	6	6	0	1	85%
idb_04	14	14	0	0	0	100%
idb_05	17	16	16	0	1	94%
idb_06	11	11	0	0	0	100%
idb_07	12	12	0	0	0	100%
idb_08	17	17	0	0	0	100%
idb_09	3	3	0	0	0	100%
Total	390	385	Akurasi Rata-Rata			98,6%

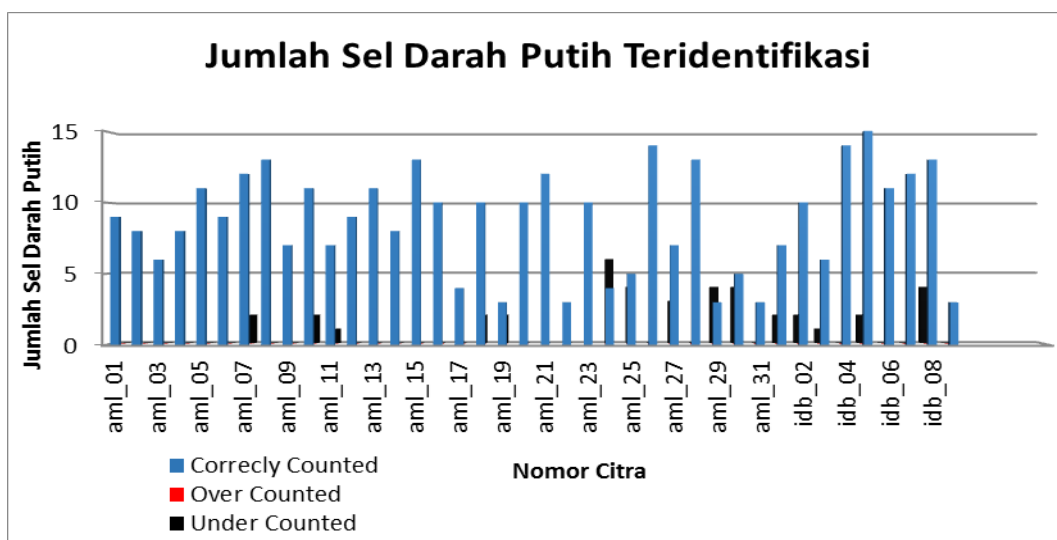


Gambar 4.8. Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (Multi Pass Voting)

Tabel 4.2 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual (groundtruth) dan yang teridentifikasi menggunakan metode berdasarkan geometri (F. Chastine, dkk.2014)

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (F. Chastine, dkk)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_01	9	9	0	0	0	100%

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (F. Chastine, dkk)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_02	8	8	0	0	0	100%
aml_03	6	6	0	0	0	100%
aml_04	8	8	0	0	0	100%
aml_05	11	11	0	0	0	100%
aml_06	9	9	0	0	0	100%
aml_07	14	12	12	0	2	85%
aml_08	13	13	0	0	0	100%
aml_09	8	7	0	0	0	100%
aml_10	13	11	11	0	2	84%
aml_11	8	7	7	0	1	87%
aml_12	9	9	0	0	0	100%
aml_13	11	11	0	0	0	100%
aml_14	8	8	0	0	0	100%
aml_15	13	13	0	0	0	100%
aml_16	10	10	0	0	0	100%
aml_17	4	4	0	0	0	100%
aml_18	12	10	10	0	2	83%
aml_19	5	3	3	0	2	60%
aml_20	10	10	0	0	0	100%
aml_21	12	12	0	0	0	100%
aml_22	3	3	0	0	0	100%
aml_23	9	9	0	1	0	78%
aml_24	10	4	4	0	6	40%
aml_25	9	5	5	0	4	100%
aml_26	14	14	0	0	0	100%
aml_27	10	7	7	0	3	100%
aml_28	13	13	0	0	0	100%
aml_29	7	3	3	0	4	42%
aml_30	9	5	5	0	4	55%
aml_31	3	3	0	0	0	100%
idb_01	9	7	7	0	2	77
idb_02	12	10	10	0	2	83%
idb_03	7	6	6	0	1	85%
idb_04	14	14	0	0	0	100%
idb_05	17	15	15	0	2	88%
idb_06	11	11	0	0	0	100%
idb_07	12	12	0	0	0	100%
idb_08	17	13	0	0	4	76%
idb_09	3	3	0	0	0	100%
Total	390	348	Akurasi Rata-Rata			90,6%

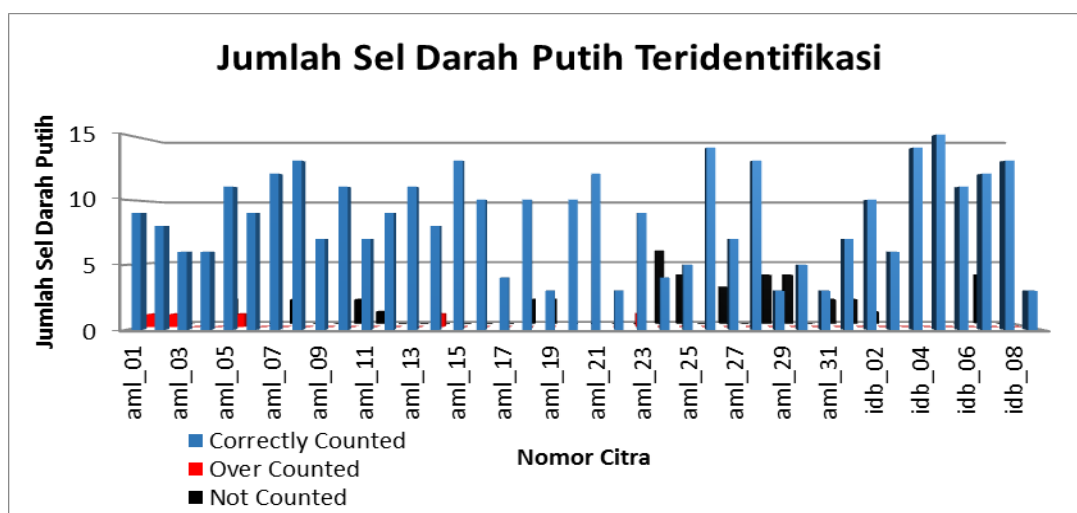


Gambar 4.9. Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (F. Chastine, dkk)

Tabel 4.3 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual (*groundtruth*) dan yang teridentifikasi menggunakan metode berdasarkan geometri (Nazlibilek, dkk.2014)

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (Nazlibilek, dkk)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_01	9	10	9	1	0	89%
aml_02	8	9	8	1	0	88%
aml_03	6	6	0	0	0	100%
aml_04	8	6	6	0	2	75%
aml_05	11	12	11	1	0	91%
aml_06	9	9	0	0	0	100%
aml_07	14	12	12	0	2	85%
aml_08	13	13	0	0	0	100%
aml_09	8	7	0	0	0	100%
aml_10	13	11	11	0	2	84%
aml_11	8	7	7	0	1	87%
aml_12	9	9	0	0	0	100%
aml_13	11	11	0	0	0	100%
aml_14	8	9	8	1	0	100%
aml_15	13	13	0	0	0	100%
aml_16	10	10	0	0	0	100%
aml_17	4	4	0	0	0	100%
aml_18	12	10	10	0	2	83%
aml_19	5	3	3	0	2	60%

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (Nazlibile, dkk)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_20	10	10	0	0	0	100%
aml_21	12	12	0	0	0	100%
aml_22	3	3	0	0	0	100%
aml_23	9	10	9	1	0	78%
aml_24	10	4	4	0	6	40%
aml_25	9	5	5	0	4	55%
aml_26	14	14	0	0	0	100%
aml_27	10	7	7	0	3	70%
aml_28	13	13	0	0	0	100%
aml_29	7	3	3	0	4	42%
aml_30	9	5	5	0	4	55%
aml_31	3	3	0	0	0	100%
idb_01	9	7	7	0	2	77%
idb_02	12	10	10	0	2	83%
idb_03	7	6	6	0	1	85%
idb_04	14	14	0	0	0	100%
idb_05	17	15	15	0	2	88%
idb_06	11	11	0	0	0	100%
idb_07	12	12	0	0	0	100%
idb_08	17	13	0	0	4	76%
idb_09	3	3	0	0	0	100%
Total	390	346	Akurasi Rata-Rata			87,6%

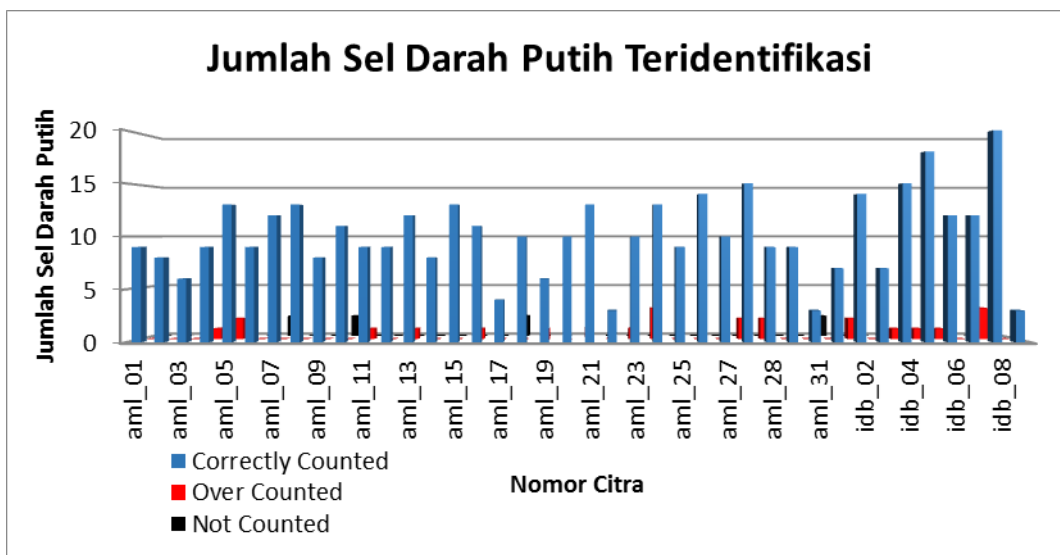


Gambar 4.10. Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (Nazlibilek, dkk)

Tabel 4.4 Perbandingan antara jumlah sel darah putih dengan perhitungan manual (*groundtruth*) dan yang teridentifikasi menggunakan metode *watershed*

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (<i>Watershed</i>)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
aml_01	9	9	0	0	0	100%
aml_02	8	8	0	0	0	100%
aml_03	6	6	0	0	0	100%
aml_04	8	9	8	1	0	88%
aml_05	11	13	11	2	0	84%
aml_06	9	9	0	0	0	100%
aml_07	14	12	12	0	2	85%
aml_08	13	13	0	0	0	100%
aml_09	8	8	0	0	0	100%
aml_10	13	11	11	0	2	84%
aml_11	8	9	8	1	0	88%
aml_12	9	9	0	0	0	100%
aml_13	11	12	11	1	0	91%
aml_14	8	8	0	0	0	100%
aml_15	13	13	0	0	0	100%
aml_16	10	11	10	1	0	90%
aml_17	4	4	0	0	0	100%
aml_18	12	10	10	0	2	83%
aml_19	5	6	5	1	0	83%
aml_20	10	10	0	0	0	100%
aml_21	12	13	12	1	0	92%
aml_22	3	3	0	0	0	100%
aml_23	9	10	0	1	0	78%
aml_24	10	13	10	3	0	76%
aml_25	9	9	0	0	0	100%
aml_26	14	14	0	0	0	100%
aml_27	10	10	0	0	0	100%
aml_28	13	15	13	2	0	86%
aml_29	7	9	7	2	0	77%
aml_30	9	9	0	0	0	100%
aml_31	3	3	0	0	0	100%
idb_01	9	7	7	0	2	77%
idb_02	12	14	12	2	0	85%
idb_03	7	7	0	0	0	100%
idb_04	14	15	14	1	0	93%
idb_05	17	18	17	1	0	94%
idb_06	11	12	11	1	0	91%
idb_07	12	12	0	0	0	100%

Citra	Groundtruth	Metode yang diusulkan (<i>Watershed</i>)				Akurasi %
		Counted	Correctly Counted	Over Counted	Not Counted	
idb_08	17	20	17	3	0	85%
idb_09	3	3	0	0	0	100%
Total	390	382	Akurasi Rata-Rata			92,75%



Gambar 4.11. Jumlah Sel Darah Putih Teridentifikasi (*watershed*)

Dari hasil uji coba di atas, didapatkan akurasi perhitungan keseluruhan citra pada masing-masing metode dengan menggunakan fungsi 3.2. Selanjutnya pada Gambar 4.11 ditunjukkan grafik akurasi hasil dari masing-masing metode.

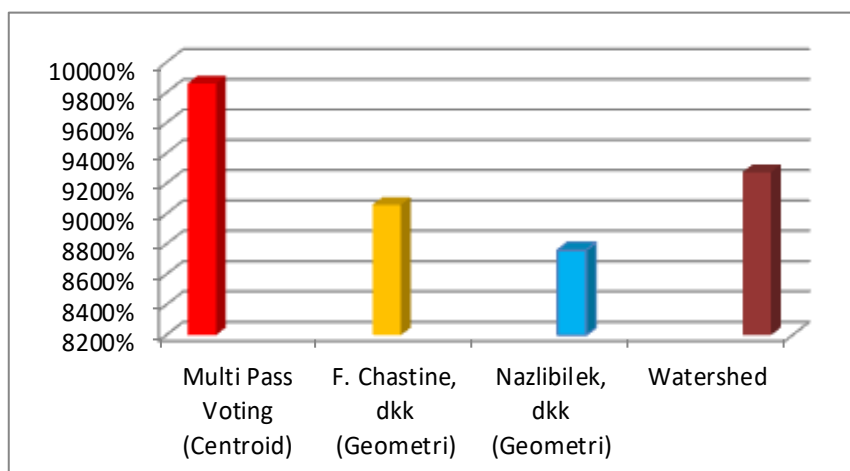
$$\% \text{ Akurasi Perhitungan Citra (Metode Usulan)} = \frac{385}{390} \times 100\% = 98.6\%$$

$$\% \text{ Akurasi Perhitungan Citra (F.Chastine, dkk)} = \frac{348}{390} \times 100\% = 90.6\%$$

$$\% \text{ Akurasi Perhitungan Citra (Nazlibilek, dkk)} = \frac{346}{390} \times 100\% = 87.6\%$$

$$\% \text{ Akurasi Perhitungan Citra (Watersheed)} = \frac{382}{390} \times 100\% = 92.75\%$$

Dari hasil perhitungan di atas dapat diketahui bahwa akurasi perhitungan citra tertinggi dihasilkan oleh metode usulan yakni Multi Pass Voting. Dimana perhitungan citra tersebut merupakan perhitungan berdasarkan deteksi *seed* (*centroid*) yang ditandai dengan grafik berwarna merah.



Gambar 4.12 Grafik Akurasi Masing-Masing Metode

4.3.2.2 Skenario Uji Coba Pemisahan Menggunakan Metode Analisis Kluster K-Means

Pada tahap uji coba pemisahan sel darah putih terhadap *output* dari metode yang diusulkan, terdapat 2 skenario uji coba yang dilakukan. Pertama, membandingkan hasil pemisahan antara metode usulan (analisis kluster k-means) dengan pemisahan menggunakan metode *watershed*. Kedua, akan dibandingkan hasil iterasi yang terjadi ketika menggunakan metode k-means sebagai pemisahan, dengan penentuan *centroid* awal dan tanpa penentuan *centroid* awal. Perbandingan hasil pemisahan dapat dilihat dalam 2 hal, pertama dapat dilihat dari perhitungan jumlah sel yang dihasilkan setelah dilakukan pemisahan dan kedua dapat dilihat secara visual. Untuk perhitungan jumlah sel menggunakan metode *watershed* yang dihasilkan dapat dilihat pada Tabel 4.4. Berdasarkan tabel hasil perhitungan tersebut dapat diketahui bahwa, pemisahan menggunakan metode *watershed* masih belum bagus. Hal ini dapat dilihat dari banyaknya citra yang masih mengalami *over counting*. Sedangkan, untuk pemisahan yang dilakukan dengan metode analisis kluster k-means sudah mendapatkan hasil yang cukup bagus, meskipun masih ada citra yang mengalami *over* dan *not counted*. Untuk contoh hasil pemisahan secara visual dapat dilihat pada Gambar 4.11.

Selanjutnya pada uji coba kedua akan dibandingkan jumlah iterasi yang dilakukan pada metode analisis kluster k-means dengan menggunakan *centroid* awal dan *random centroid*. Dari hasil rata-rata iterasi dapat dilihat bahwa k-means

dengan penentuan *centroid* awal dapat mengurangi iterasi yang dilakukan. Berikut Tabel 4.6 ditunjukkan hasil iterasi pada masing-masing citra.

Tabel 4.5 Hasil Iterasi pada Metode Analisis Kluster K-Means

Citra	Jumlah Iterasi Metode K-Means	
	<i>Centroid Awal (MPV)</i>	<i>Random Centroid</i>
aml_01	6	26
aml_02	5	17
aml_03	6	25
aml_04	6	22
aml_05	9	21
aml_06	8	13
aml_07	11	34
aml_08	10	30
aml_09	3	8
aml_10	9	27
aml_11	8	25
aml_12	6	30
aml_13	9	17
aml_14	14	25
aml_15	10	33
aml_16	7	9
aml_17	6	25
aml_18	8	32
aml_19	7	9
aml_20	10	28
aml_21	9	25
aml_22	6	8
aml_23	16	37
aml_24	11	32
aml_25	9	14
aml_26	10	20
aml_27	6	30
aml_28	8	24
aml_29	19	25
aml_30	14	40
aml_31	6	9
idb_01	13	29
idb_02	8	18
idb_03	6	19
idb_04	8	35
idb_05	10	34
idb_06	8	14
idb_07	7	23
idb_08	8	26
idb_09	5	14
Total	345	932
Rata-Rata	8.7	23.3

4.4. Analisis Hasil Uji Coba

4.4.1 Perhitungan Sel Darah Putih

Pada hasil uji coba yang ditunjukkan oleh Tabel 4.1, hasil akurasi perhitungan sel darah putih menggunakan metode yang diusulkan berdasarkan *centroid* (Multi Pass Voting) memiliki nilai rata-rata yang lebih tinggi. Perhitungan yang dihasilkan mampu menghasilkan akurasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan hasil perhitungan berdasarkan geometri dan metode *watersheed*. Akurasi perhitungan dari metode usulan mendapatkan nilai sebesar 98.6% sedangkan untuk metode berdasarkan geometri mendapatkan nilai sebesar 90.6% untuk metode berdasarkan geometri dari usulan (F. Chastine, dkk), 87.6% untuk metode usulan (Nazlibilek, dkk) dan 92.75% untuk metode *watershed*.

Hasil perhitungan dengan menggunakan titik pusat (*centroid*) sebagai dasar perhitungan jumlah sel memiliki akurasi rata-rata yang lebih tinggi dibandingkan dengan perhitungan berdasarkan geometri. Akan tetapi pada hasil perhitungan masih didapatkan citra dengan *over counted* dan *not counted*. Namun, hasilnya masih lebih baik jika dibandingkan perhitungan berdasarkan geometri dan metode *watersheed*. Kesalahan dalam perhitungan yang terjadi salah satunya dipengaruhi oleh karakteristik dataset yang digunakan. Luas area dan bentuk yang beragam menyebabkan kesulitan dalam penentuan *threshold* yang digunakan dalam perhitungan berdasarkan geometri. Penentuan ukuran sel tunggal dalam suatu citra menjadi sulit ditentukan, ketika harus dihadapkan pada citra yang memiliki luas dan bentuk yang beragam disertai dengan berkumpul selnya tersebut. Untuk itu tidak cukup dibutuhkan 1 kriteria geometri untuk dapat menentukan hasil yang akurat dari jumlah sel tunggal dalam suatu citra. Untuk metode *watersheed* masih terdapat citra yang mengalami *over counted*. Dimana, pada dasarnya metode tersebut memiliki kekurangan yaitu masih sering terjadi *oversegmentation*, sehingga hasil dari segmentasi tersebut menghasilkan banyak citra yang mengalami *over counted*.

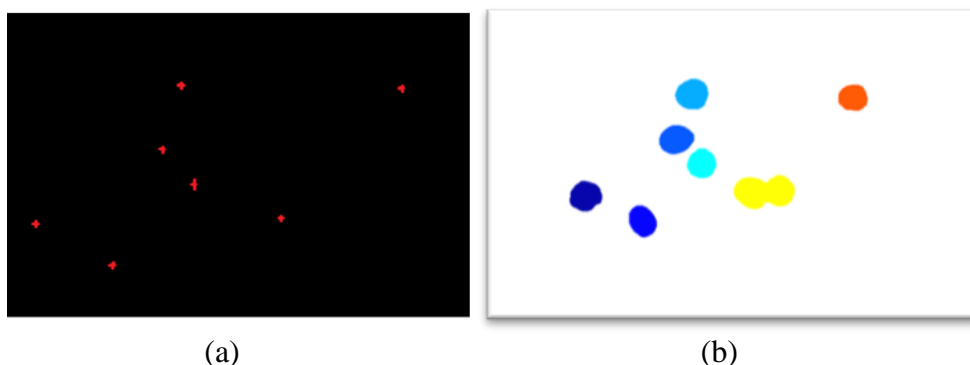
Hasil dari perhitungan menggunakan metode usulan (Multi Pass Voting) mendapatkan hasil yang bagus, tetapi masih terdapat *over counted* dan *not counted*. Hal ini dipengaruhi adanya kesalahan yang terjadi pada saat metode tersebut dilakukan. Proses identifikasi awal yang digunakan sebelum masuk pada

multi pass voting adalah deteksi tepi dengan menggunakan operator *canny*. Proses deteksi tepi yang digunakan menghasilkan *image* dengan garis tepi citra, namun garis tepi citra yang dihasilkan masih terdapat *edge* yang tidak terhubung sempurna.

Beberapa penelitian telah dilakukan terkait segmentasi sel darah putih pada citra mikroskopis dengan menggunakan metode berbasis tepi (*boundary*) yang dikenalkan oleh (Piuri, dkk. 2004). Metode yang diusulkan melakukan segmentasi dengan mendeteksi tepi citra dan dilanjutkan dengan operasi morfologi untuk memperbaiki hasil segmentasi. Namun, pada metode yang diusulkan masih terdapatnya garis tepi yang tidak terhubung sehingga batas dari *region* tidak dapat diketahui. Dengan adanya pernyataan tersebut, metode yang digunakan untuk menghasilkan area sel darah putih dengan menggunakan deteksi tepi masih terdapat kekurangan. Sehingga perlu diterapkan metode yang tepat untuk menghasilkan area sel darah putih dengan *edge* yang tertutup sempurna. Karena hasil dari deteksi tepi ini akan mempengaruhi proses pencarian *centroid* dengan menggunakan metode Multi Pass Voting. Dimana, pada dasarnya *gradient direction* dari citra tersebut akan dijadikan sebagai dasar pembentukan area voting yang menghasilkan *final seed*. Jika terdapat *edge* yang tidak terhubung maka proses iterasi kernel voting tidak bisa menghasilkan *final seed* terbaik. Karena iterasi kernel voting akan dilakukan berdasarkan *gradient direction* yang terdapat pada citra yang dihasilkan. Dengan masih terdapatnya *region* yang belum terdeteksi dengan sempurna akan mempengaruhi hasil dari akurasi perhitungan sel darah putih.

Selain adanya pengaruh dari proses identifikasi awal terhadap citra yang digunakan, penentuan untuk panjang minimum dan maksimum dari area kernel voting yang digunakan harus tepat. Jumlah *final seed* yang dihasilkan pada metode Multi Pass Voting akan dijadikan penentuan awal *centroid* pada metode analisis kluster K-Means. Jumlah dan posisi *centroid* yang dihasilkan akan menjadi penentu proses peng-klasteran k-means yang nantinya juga akan berpengaruh pada banyaknya iterasi yang dilakukan. Misal, jika pada 2 *region* sel darah putih hanya terdapat 1 jumlah *centroid* maka hasil pengklasteran akan bergabung menjadi 1 kluster. Hal ini lah yang menjadi salah satu penyebab hasil

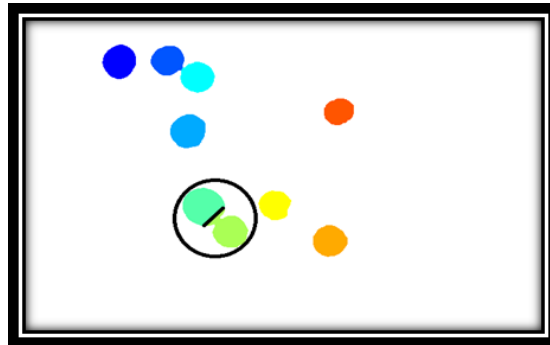
pemisahan kluster k-means menjadi kurang sempurna seperti ditunjukkan Gambar 4.12. Dimana, jumlah *centroid* menunjukkan jumlah sebesar 7 sehingga jumlah kluster yang dihasilkan adalah 7 kluster. Sedangkan perhitungan manual dihasilkan jumlah *centroid* sebanyak 8 titik. Sehingga hasil pemisahan pada Gambar 4.12 (b) yang diberi label warna kuning menghasilkan 1 kluster saja.



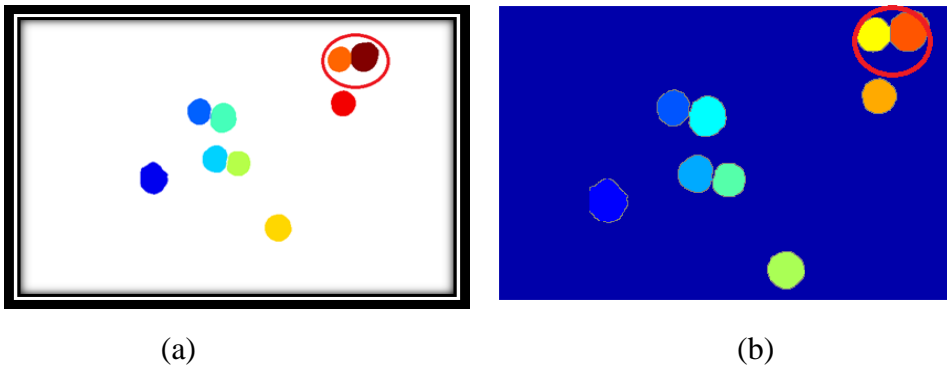
Gambar 4.13. Pengaruh Kesalahan Jumlah Centroid Terhadap Hasil Pemisahan (a) *Centroid* hasil metode Multi Pass Voting (b) Pemisahan dengan Metode K-Means yang Masih Mengalami Kesalahan

Selain itu perhitungan kelompok kluster berdasarkan jarak minimum dari masing-masing titik juga mempengaruhi hasil kluster K-means. *Region* sel darah putih bersentuhan yang memiliki luasan yang berbeda (besar dan kecil) akan mempengaruhi hasil kelompok kluster yang dihasilkan. Jika, terdapat 2 sel bersentuhan dan memiliki ukuran yang berbeda besar dan kecil data pada *region* dengan ukuran besar akan cenderung tertarik pada kluster dengan ukuran *region* kecil. Hal ini ditunjukkan pada Gambar 4.13, dimana area dengan garis hitam merupakan area yang masih mengalami kesalahan dalam pengelompokan kluster. Sehingga pemisahan yang dihasilkan pada citra tersebut kurang optimal. Kemudian pada Gambar 4.14 ditunjukkan kembali perbandingan pemisahan dengan 2 metode tersebut, dimana keduanya sudah menunjukkan hasil pemisahan yang cukup bagus pada beberapa citra. Sedangkan hasil perbandingan pemisahan antara metode k-means dan *watershed* yang ditunjukkan pada Gambar 4.15 (a), menunjukkan hasil pemisahan yang dilakukan dengan menggunakan metode *watershed* sudah cukup bagus, namun masih terdapat area yang mengalami *over* segmentasi ditandai dengan lingkaran hitam. Pada Gambar 4.15 (b) ditunjukkan

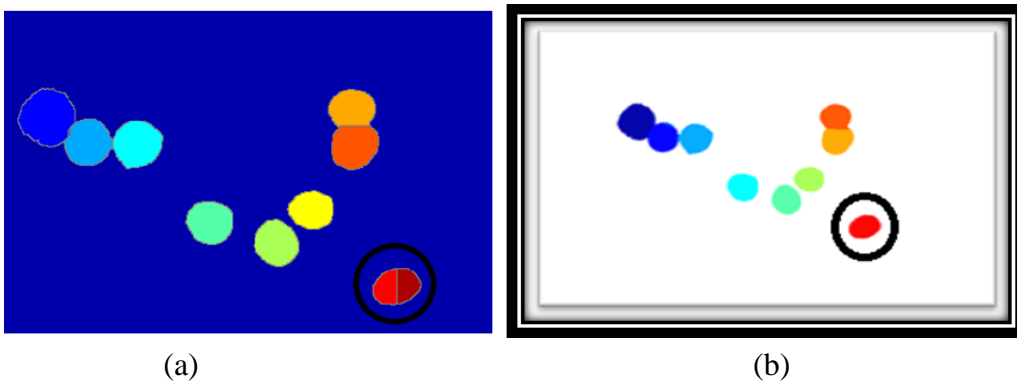
pula perbandingan hasil pemisahan dengan metode K-Means, dimana hasil pemisahan sudah menghasilkan jumlah kluster yang tepat.



Gambar 4.14. Hasil Pemisahan dengan Menggunakan Analisis Kluster K-Means



Gambar 4.15. Perbandingan hasil pemisahan sel darah putih (a) Metode kluster k-means (b) *watershed*



Gambar 4.16. Hasil Pemisahan yang Mengalami *Over Segmentasi* (a) Pemisahan Menggunakan Metode *Watershed* yang Masih Mengalami Kesalahan (b) Pemisahan Menggunakan Metode K-Means

BAB 5

KESIMPULAN DAN SARAN

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

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil uji coba yang dilakukan pada penelitian ini dapat disimpulkan beberapa hal.

- Metode perhitungan sel darah putih yang diusulkan memiliki rata-rata akurasi sebesar 98.6%. Hasil akurasi yang tidak sempurna dipengaruhi adanya citra yang masih mengalami *over counted* dan *not counted*. Sedangkan perhitungan sel darah putih berdasarkan geometri masing-masing menghasilkan akurasi 90.6% untuk metode yang diusulkan (F.Chastine, dkk) dan 87.6% untuk metode yang diusulkan (Nazlibilek, dkk). Selanjutnya perhitungan berdasarkan metode *watershed* menghasilkan akurasi perhitungan sebesar 92.75%.
- Citra yang mengalami *over counted* dan *not counted* selain dipengaruhi oleh karakteristik citra juga termasuk metode yang digunakan masih belum mendapatkan hasil yang optimal. Nilai *threshold* yang adaptif pada deteksi tepi *canny* masih belum bisa bekerja maksimal untuk semua citra. Sehingga hasil citra yang didapatkan masih terdapatnya *edge* yang belum terhubung sempurna. Hal ini lah yang nantinya akan mempengaruhi hasil *centroid* dari metode yang diusulkan.
- Pada proses pemisahan sel darah putih dengan metode kluster k-means sudah mampu menghasilkan kelompok kluster yang cukup bagus. Namun, hasil kelompok kluster belum optimal jika pada *region* yang bersentuhan terdapat ukuran sel yang berbeda-beda. Selain itu hasil kelompok kluster yang dihasilkan juga belum bekerja optimal untuk *region* yang memiliki sel bersentuhan cukup banyak. Pengelompokan kluster yang belum maksimal tersebut juga dipengaruhi oleh letak *centroid* awal yang digunakan.

- Proses pemisahan sel darah putih bersentuhan dengan metode k-means dimana titik *centroid* yang sudah ditentukan terlebih dahulu sudah mampu mengurangi jumlah iterasi.

5.2 Saran

Pada penelitian ini, metode yang diusulkan untuk perhitungan jumlah sel darah putih berdasarkan *centroid*, secara umum sudah menghasilkan hasil perhitungan yang lebih baik dibandingkan perhitungan berdasarkan geometri. Proses deteksi awal *region* sel darah putih dengan menggunakan deteksi tepi menjadi salah satu penentu penting untuk menghasilkan jumlah *centroid* yang sesuai. Namun, pada deteksi tepi yang digunakan masih belum secara optimal mendapatkan *edge* yang terhubung sempurna. Diperlukan sebuah nilai *threshold* yang tepat untuk dapat menghasilkan *edge* yang sempurna. Jumlah iterasi yang digunakan serta area voting yang digunakan juga menjadi penentu untuk menghasilkan *final seed* yang terbaik. Oleh karena itu, *threshold* yang digunakan untuk hal ini harus tepat agar mendapatkan hasil yang terbaik.

Untuk pemisahan dari sel yang bersentuhan menjadi sel tunggal dengan metode k-means belum mendapatkan hasil yang optimal untuk area yang memiliki *region* sel bersentuhan banyak disertai dengan ukuran sel yang berbeda satu sama lain. Karena penentuan kelompok klaster pada metode k-means hanya didasarkan pada jarak minimum dari tiap datanya.

Oleh karena itu, penelitian selanjutnya diharapkan dapat mengembangkan metode ini dari kedua aspek tersebut dengan menemukan deteksi awal yang tepat untuk menghasilkan area yang tepat untuk dilakukan pencarian *centroid*-nya dan menentukan *threshold* yang tepat untuk ukuran area *voting* yang akan dibentuk sekaligus melakukan tambahan iterasi agar bisa mendapatkan *final seed* yang lebih tepat.

DAFTAR PUSTAKA

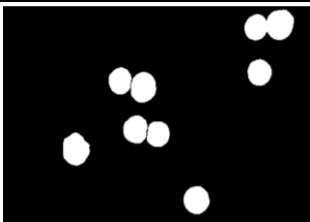
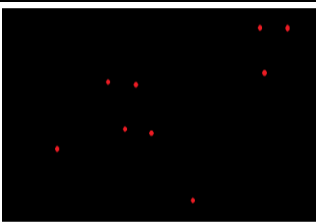
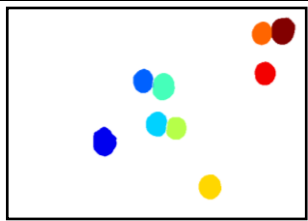
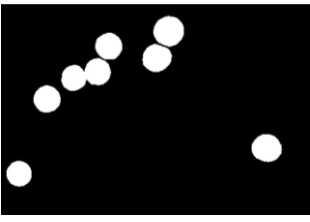
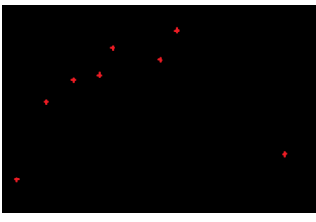
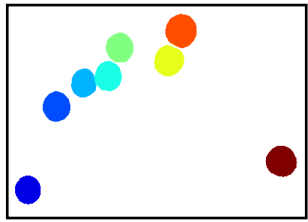
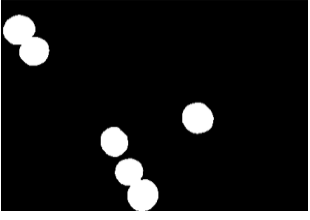
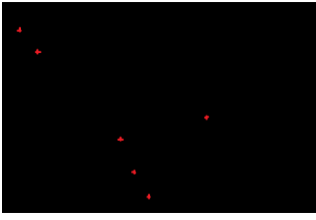
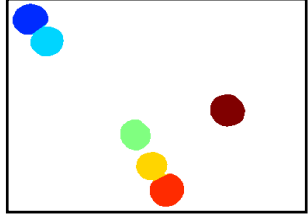
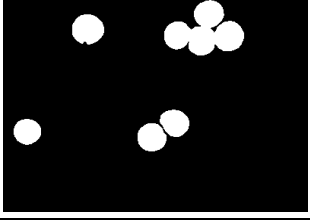
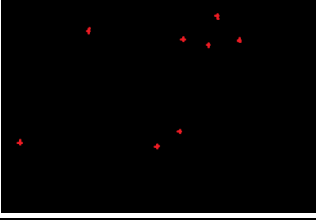
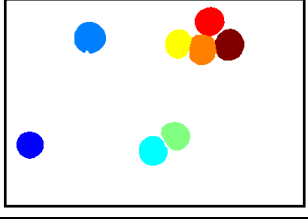
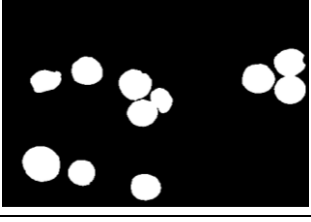
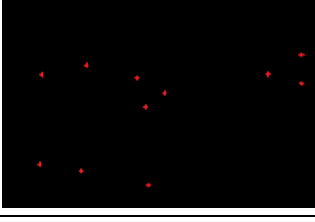
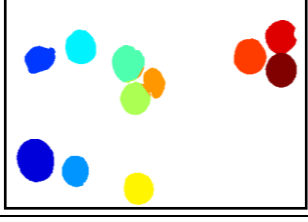
- Agusta, Y. (2007). K-Means - Penerapan, Permasalahan dan Metode Terkait. *Jurnal Sistem Dan Informatika*, 3, 47–60.
- Ardhianto, Eka., Wiwien Hadikurniawati dan Zuli Budiarmo. *Implementasi Metode Image Subtracting dan Metode Regionprops untuk Mendeteksi Jumlah Objek Berwarna RGB pada File Video*. Jurnal Teknologi Informasi DINAMIK Volume 18, No.2, 2013
- Bhattacharjee, R., Mohan Saini, L. (2015). *Robust Technique for the Detection of Acute Lymphoblastic Leukemia*. IEEE.
- Döhner, H., Weisdorf, D.J., Bloomfield, C.D., (2015). "Acute Myeloid Leukemia". *The New England Journal of Medicine*. 373 (12): 1136–52.
- Dnyandeo Varsha, S., Nipanikar S. R. (2016). "A Review of Adaptive Thresholding Technique for Vehicle Number Plate Recognition". IJARCCCE
- Fathichah, C., Purwitasari D., Hariadi V., Effendy F., "Overlapping White Blood Cell Segmentation and Counting on Microscopic Blood Cell Images", *Int. Journal on Smart Sensing and Intelligent Systems*, Vol. 7, No. 3., Hal 1271-1286, 2014.
- Fariad, E. (2013). Segmentasi Sel Darah Merah Bertumpuk Berdasarkan Fitur Geometri Pada Perhitungan Sel Darah Merah.
- Gonzalez, R. C., dan Woods, R. E, (2002), *Digital Image Processing*, 2nd edition, PrenticeHall, Upper Saddle River, New Jersey.
- Jemal, A., Thomas, A., Murray, T., Thun, M. (2002). "Cancer statistics, 2002". *CA Cancer J Clin*. 52 (1): 23–47.
- Labati, R. D., Piuri, V., dan Scotti, F. (2011), "All-IDB: The Acute Lymphoblastic Leukemia Image Database for Image Processing", *Proceedings of the 18th IEEE ICIP International Conference on Image Processing*, Eds: Macq, B., dan Schelkens, P., IEEE Signal Processing Society, Brussels, hal. 2045-2048.
- Lu, Cheng., Xu, H, et al. (2016). *Multi Pass Adaptive Voting for Nuclei Detection in Histopathological Images*. *Scientificreports*.

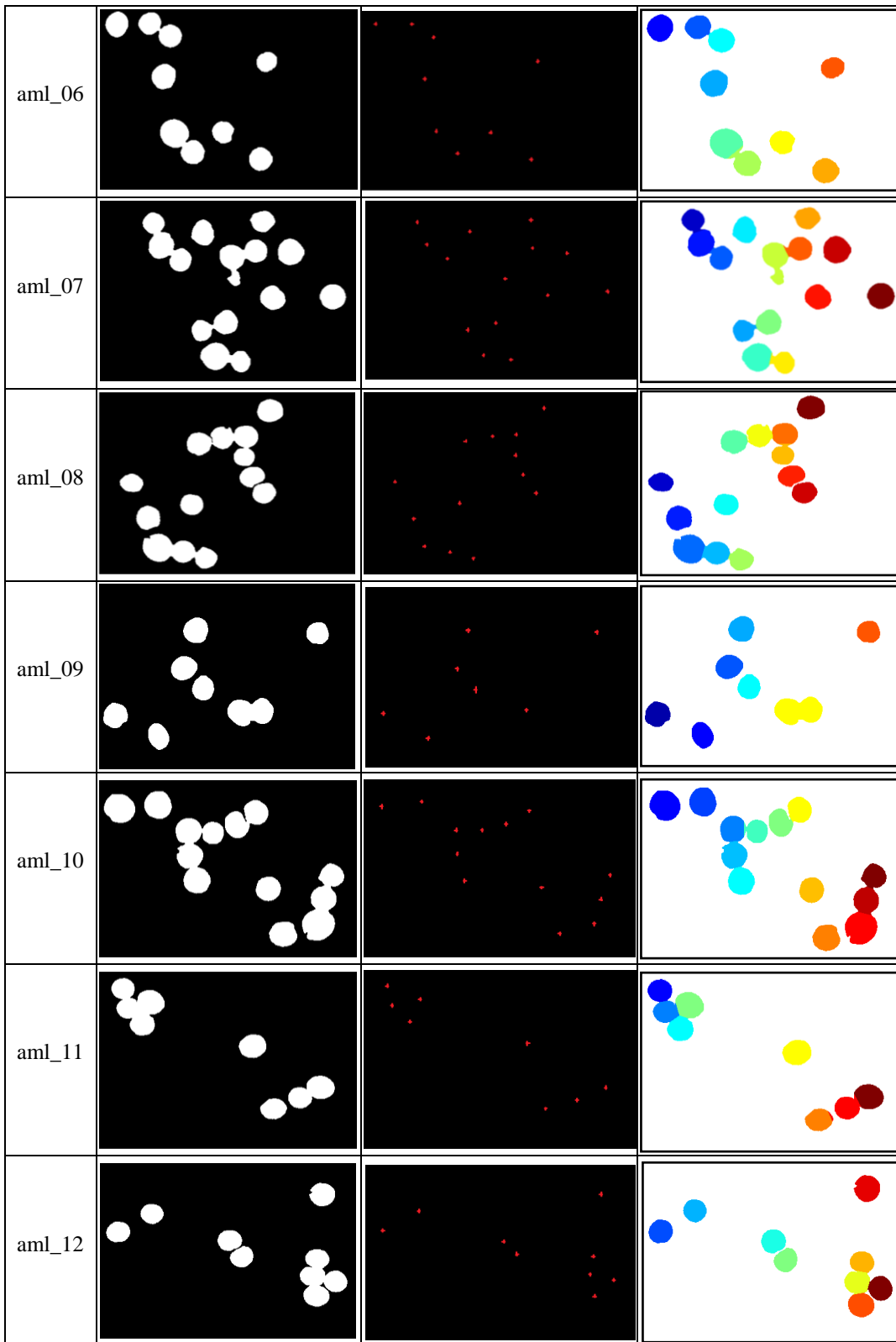
- Mandyartha, Eka P., Faticah Chastine. *Three-level Local Thresholding Berbasis Metode Otsu untuk Segmentasi Leukosit pada Citra Leukemia Limfoblastik Akut*. Jurnal Buana Informatika, Volume 7, Nomor 1, Januari 2016: 43-54
- Nazlibilek, S., Karacor, D., Ercan, T., Sazli, M. H., Kalender, O., dan Ege, Y., “Automatic segmentation, counting, size determination and classification of white blood cells”. *Measurement*, Vol. 55, Hal. 58–65, 2014.
- Piuri, V., dan Scotti, F. (2004), “Morphological Classification of Blood Leucocytes by Microscope Images”, *Proceedings of the 2004 IEEE International Conference on Computational Intelligence for Measurement Systems and Applications*, Eds: Alippi, C. et al., IEEE, Boston, hal. 103-108.
- Parvin, B., Yang, Qi, Han, Ju. Et al. (2007). *Iterative Voting for Inference of Structural Saliency and Charaterization of Subcellular Events*. IEEE
- Prasetyo, E., (2011), *Pengolahan Citra Digital dan Aplikasinya Menggunakan Matlab*, Andi, Yogyakarta.
- Putzu, L., Caocci Giovanni, & Ruberto D. C. (2014). *Leucocyte Classification for Leukemia Detection Using Image Processing Techniques*. Sciendirect.
- Schmitt, O., Hasse, Maria. (2008). *Radial Symmetries based decomposition of cell clusters in binary and gray level images*. Sciendirect.
- Tan, et al. (2006). *Introduction to Data Mining*. Addison Wesley. USA
- Wellner D., Pierre. (1993) *Adaptive Thresholding for the DigitalDesk*. EuroPARC Technical Report EPC-93-110
- Y, Al-Kofahi, W. Lassoued, et al. (2010). *Improved automatic detection and segmentation of cell nuclei in histopathology images*. IEEE.
- Qi, Xin., Xing, Fuyong, dan J. Foran, David. (2010). *Robust Segmentation of Overlapping Cells in Histopathology Specimens Using Parallel Seed Detection and Repulsive Level Set*. IEEE.
- Xu, Hoaming., Lu, Cheng, et al. (2013). *An Efficient Technique for Nuclei Segmentation based on Ellipse Descriptor Analysis and Improved Seed Detection Algorithm*. IEEE.

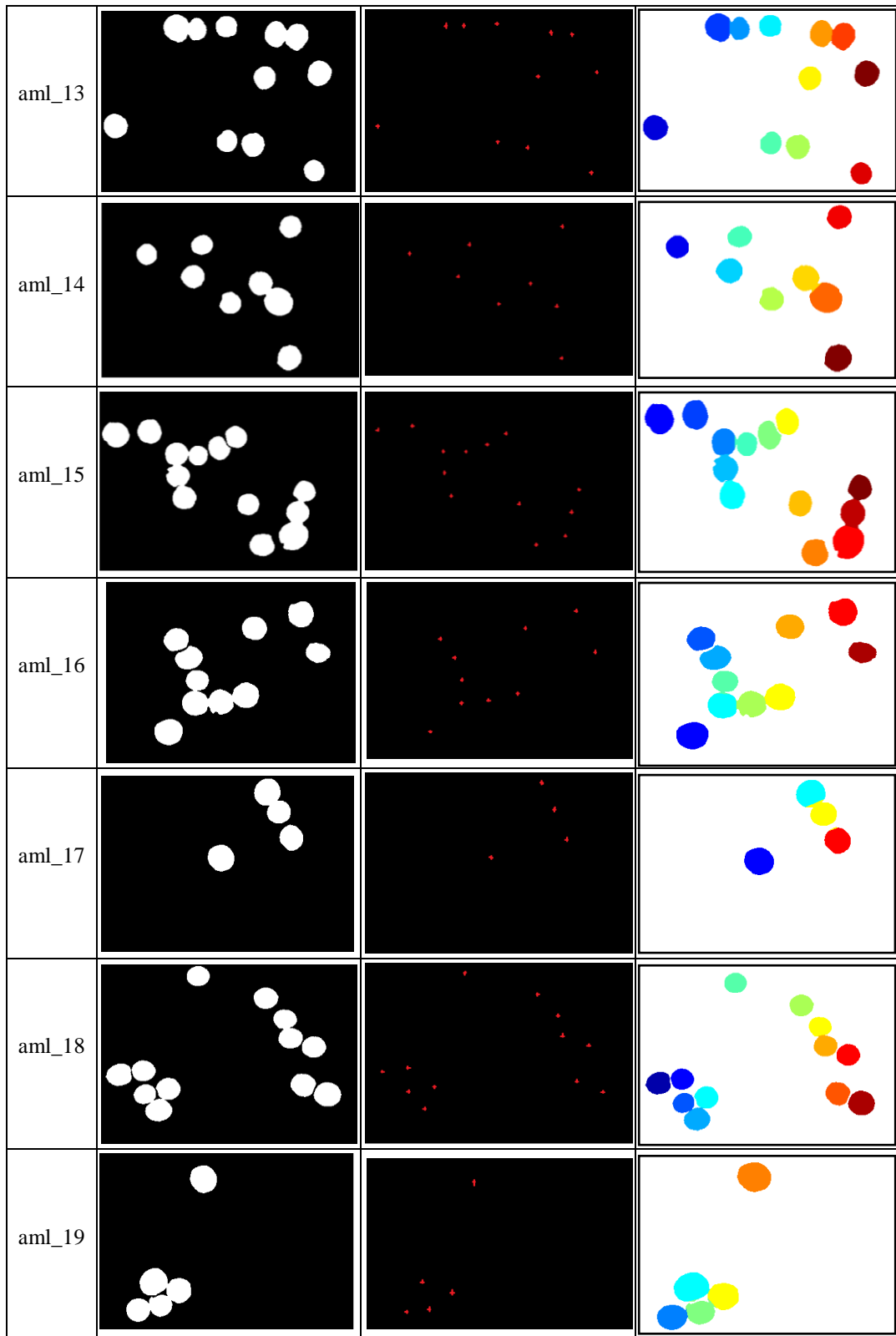
LAMPIRAN I

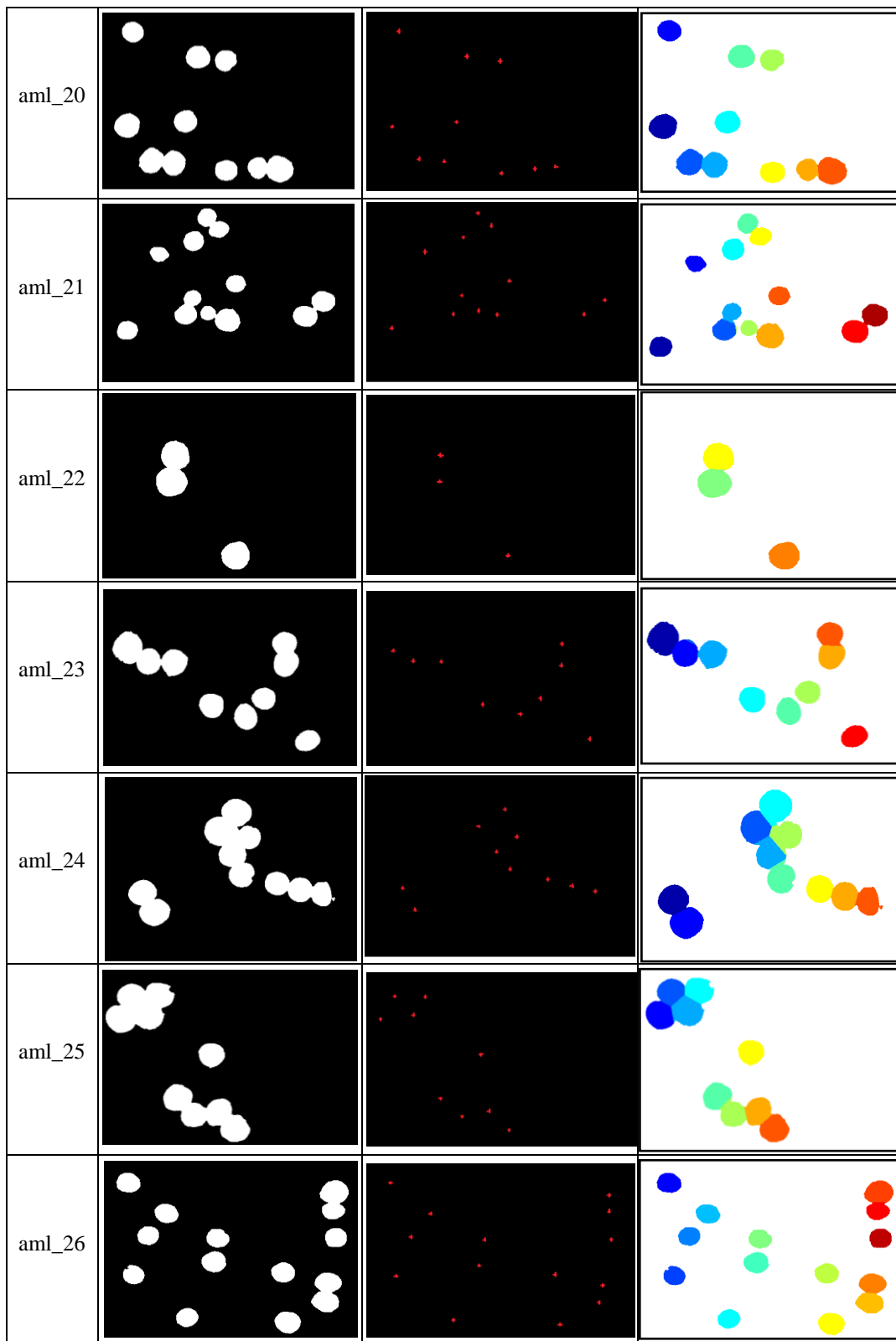
Lampiran ini berisi data dari hasil uji coba perhitungan sel darah putih menggunakan metode Multi Pass Voting dan pemisahan sel darah putih dengan metode analisis kluster K-Means pada 40 citra di dataset *Sel Acute Leukemia* (AML dan ALL_IDB).

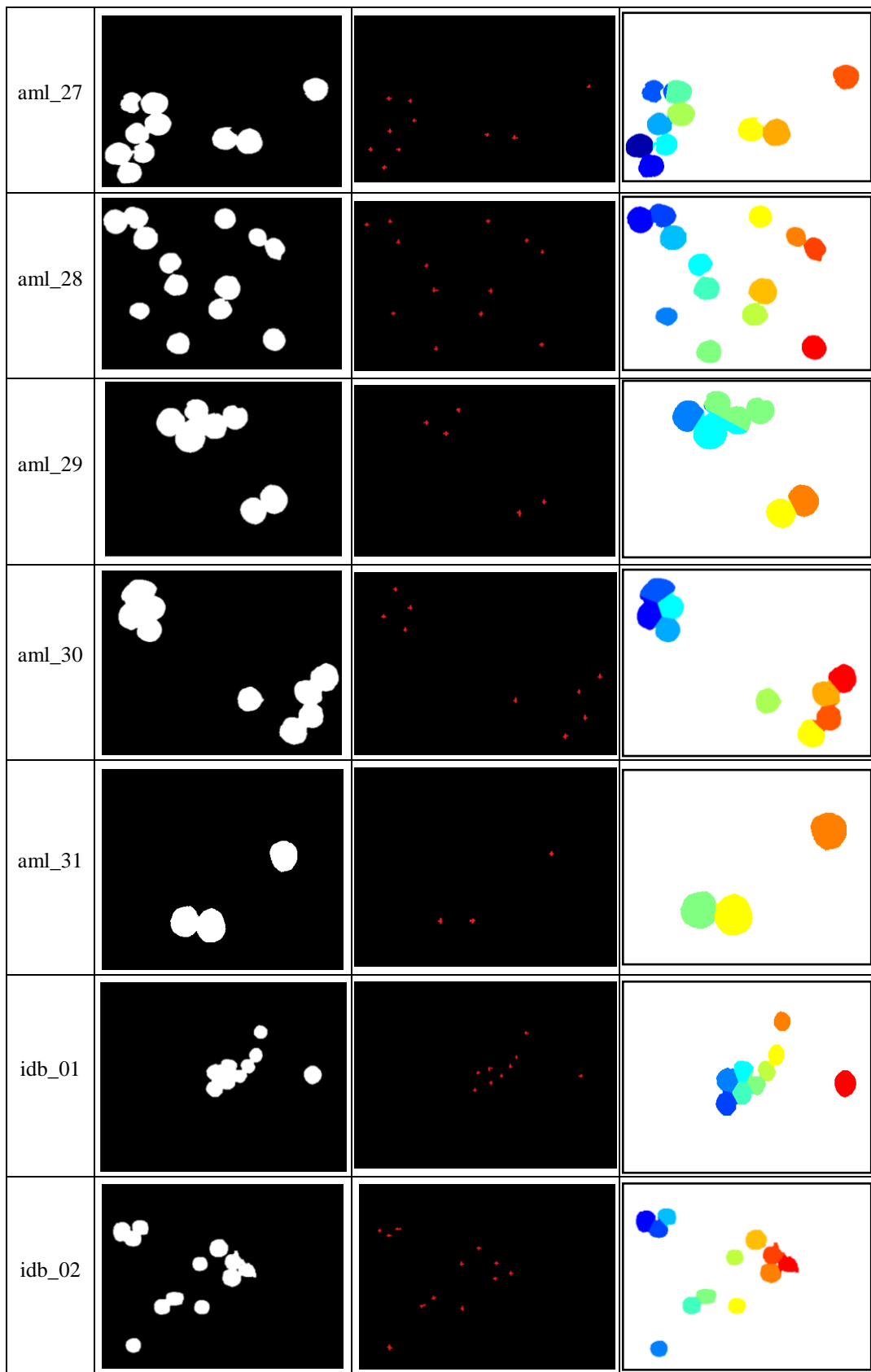
Tabel 1.A. Citra biner beserta hasil deteksi *seed* (*centroid*) yang meliputi jumlah dan posisi serta hasil pemisahan sel darah putih bersentuhan.

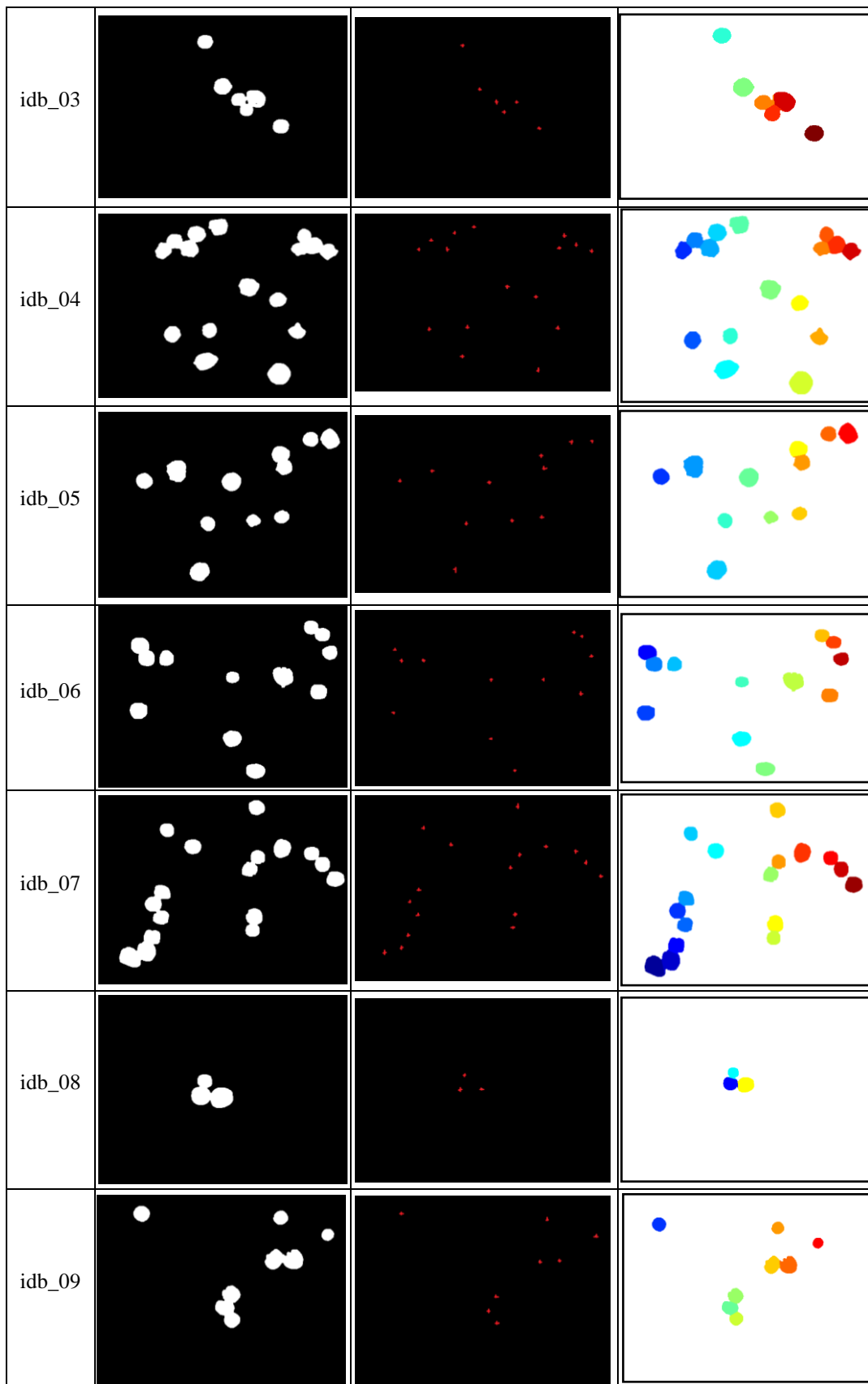
No. Citra	Citra Biner	Hasil deteksi <i>seed</i> (<i>centroid</i>)	Hasil Pemisahan Sel Bersentuhan (K-Means)
aml_01			
aml_02			
aml_03			
aml_04			
aml_05			











BIOGRAFI PENULIS



Nursanti Novi Arisa dilahirkan di Tulungagung, Jawa Timur pada tanggal 3 Nopember 1991 dan merupakan anak kedua dari tiga bersaudara dari pasangan Nurhadi dan Ardatin. Penulis menempuh pendidikan dasar di SD Negeri 1 Panggungrejo (1998-2004), Sekolah Menengah Pertama di SMP Negeri 1 Tulungagung (2004-2007) dan Sekolah Menengah Atas di SMA Negeri 1 Boyolangu (2007-2010).

Penulis melanjutkan jenjang perguruan tinggi S1 pada Jurusan Pendidikan Teknik Informatika di Universitas Negeri Malang pada tahun 2010 hingga tahun 2014. Setelah itu penulis melanjutkan jenjang magister Teknik Informatika di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya pada tahun 2015 hingga tahun 2017. Penulis dapat dihubungi melalui email mahesanti@gmail.com.