**JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA**

**FAKULTAS TEKNOLOGI INFORMASI**

**INSTITUT TEKNLOGI SEPULUH NOPEMBER**

**USULAN TUGAS AKHIR**

# IDENTITAS PENGUSUL

**NAMA : DAHNIAR BIAS SITORESMI**

**NRP : 5110100104**

**DOSEN WALI : Anny Yuniarti, S.Kom, M.Comp.Sc**

**DOSEN PEMBIMBING : 1. Dr. Chastine Fatichah, M.Kom.   
 2. Dr. Ir. R.V. Hari Ginardi, M.Kom**

# JUDUL TUGAS AKHIR

“Klasifikasi Jenis Sel Darah Putih Menggunakan Metode Support Vector Machine pada Citra Mikroskopik Sel Darah”

# LATAR BELAKANG

Sel darah putih didalam tubuh manusia dibagi menjadi lima jenis berdasarkan bentuk morfologinya yaitu basofil, eosinofil, neutrofil, limfosit, dan monosit. Klasifikasi pengenalan sel darah putih dalam darah perifer dapat membantu dalam mendiagnosis beberapa penyakit seperti AIDS, leukemia, dan kanker darah. Akan tetapi, saat ini banyak uji laboratorium yang masih melakukan proses klasifikasi secara manual. Hal ini tentunya dapat mengakibatkan kurangnya efisien waktu yang diperlukan serta tingkat akurasi yang rendah. Oleh karena itu dibutuhkan proses klasifikasi jenis sel darah putih secara otomatis di bidang medis.

Beberapa penelitian melakukan klasifikasi sel darah putih menggunakan metode *artificial neural network* (ANN), *support vector machine* (SVM), dan Naïve Bayes. Dalam tugas akhir ini, metode klasifikasi yang digunakan untuk mengenali pola sel darah putih pada citra adalah *support vector machine* (SVM). Dipilih metode SVM karena metode ini adalah salah satu metode *supervised* terbaik dengan akurasi yang cukup tinggi [[1](#Cha12)]. Tugas akhir ini menggabungkan pengolahan citra digital dan SVM untuk membantu dalam proses tahap awal klasifikasi jenis sel darah putih secara otomatis. Akan ada 3 fase dalam proses klasifikasi nantinya. Pada fase I akan dibedakan terlebih dahulu antara jenis basofil dan yang bukan basofil, karena dalam banyak kasus tidak ada batas yang jelas antara nukleus dan sitoplasma [[2](#Sey11)], sehingga lebih sulit dibedakan untuk jenis basofil. Disini nukleus akan di segmentasi menggunakan metode *Gram-Schmidt* orthogonalization. Pada fase II akan dilakukan pengurangan ukuran citra, mendeteksi kontur awal untuk *snake* dan *preprocessing* untuk melakukan *snake algorithm*. *Snake algorithm* digunakan untuk segmentasi sitoplasma. Pada fase III ini baru akan dilakukan segmentasi sitoplasma dan ekstraksi fitur hingga klasifikasi. Untuk proses ekstraksi fitur tekstur akan digunakan metode *Gray Level* *Co-occurrence Matrix* (GLCM)hingga akhirnya proses klasifikasi menggunakan metode SVM.

Proses klasifikasi memerlukan data-data ekstraksi fitur citra, meliputi fitur geometri, fitur tekstur menggunakan metode GLCM, dan fitur warna. Hasil yang diperoleh diharapkan dapat memberikan prediksi kesalahan yang minimum. Sehingga nantinya dapat membuktikan bahwa sistem klasifikasi jenis citra sel darah putih ini telah mampu mengklasifikasikan jenis citra sel darah putih.

# RUMUSAN MASALAH

Adapun beberapa rumusan masalah yang ada dari penjelasan diatas:

1. Bagaimana menerapkan metode segmentasi *Gram-Schmidt* orthogonalization untuk melakukan segmentasi pada nukleus.
2. Bagaimana menerapkan metode segmentasi *snake algorithm* untuk melakukan segmentasi pada sitoplasma.
3. Bagaimana melakukan ekstraksi ciri dari hasil segmentasi sel darah putih untuk mendapatkan kriteria masing-masing sel darah.
4. Bagaimana melatih data dan melakukan uji klasifikasi sel darah putih dengan menggunakan metode SVM.

# BATASAN MASALAH

Adapun batasan masalah dalam tugas akhir ini diantaranya:

1. Sel darah putih akan diklasifikasikan ke dalam lima jenis yaitu eosinofil, basofil, monosit, limfosit, dan neutrofil dari citra sel darah putih dalam kondisi normal (tanpa kelainan).
2. Klasifikasi sel darah putih akan dilakukan pada citra mikroskopik sel darah dengan ukuran piksel citra yang digunakan sebagai data training maupun testing adalah sama.

# TUJUAN PEMBUATAN TUGAS AKHIR

Berdasarkan pada masalah yang telah didefinisikan diatas, maka tujuan dari tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

1. Melakukan segmentasi pada nukleus dengan metode segmentasi *Gram-Schmidt* orthogonalization.
2. Melakukan segmentasi pada sitoplasma dengan metode segmentasi *snake algorithm*.
3. Memperoleh data numerik dari citra sel darah putih melalui ekstraksi ciri untuk digunakan sebagai parameter input SVM.
4. Melakukan klasifikasi sel darah putih manusia ke dalam lima jenis, yakni eosinofil, basofil, monosit, limfosit, dan neutrofil dengan menggunakan SVM.

# MANFAAT TUGAS AKHIR

Manfaat yang dapat diambil dari tugas akhir ini yaitu dapat memudahkan dan mempercepat kinerja para ahli patologi dalam melakukan proses klasifikasi jenis sel darah putih secara otomatis, serta dapat mengurangi tingkat kesalahan dalam klasifikasi jenis sel darah putih sehingga hasil lebih akurat daripada proses manual.

# TINJAUAN PUSTAKA

* Gram-Schmidt orthogonalization

Suatu himpunan yang bukan ortonormal dapat diubah menjadi himpunan ortonormal dengan menggunakan proses *Gram-Schmidt*. Metode *Gram-Schimdt* sendiri disini dipakai untuk segmentasi citra yang berwarna, setiap *feature vector* akan dianggap sebagai vektor. Hasil dari proses *Gram-Schmidt* ini nantinya akan diperoleh citra dimana daerah yang diinginkan akan memiliki intensitas yang maksimum sementara daerah lain memiliki intensitas yang minimum [[2](#Sey11)].

* Thresholding

Operasi thresholding membagi citra menjadi dua wilayah yaitu wilayah objek dan wilayah latar belakang. Wilayah objek diset berwarna putih sedangkan sisanya diset berwarna hitam. Teknik thresholding dapat dilakukan dengan melakukan pengecekan terhadap fungsi T dalam bentuk persamaan 1:

T = T [x, y, p(x,y), f(x,y)] (1)

Kemudian citra dengan threshold tersebut akan dibagi menjadi dua bagian dengan definisi bahwa piksel dengan nilai 1 menunjukkan objek sedangkan piksel bernilai 0 adalah latar belakang citra [[3](#Ste11)].

* Snake algorithm

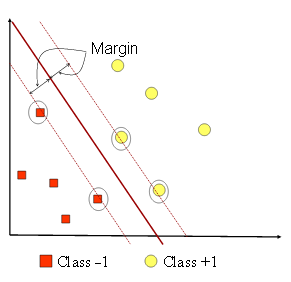
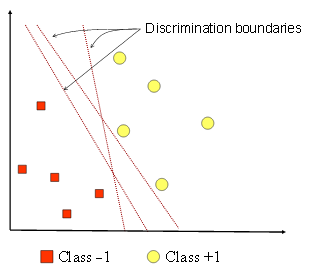
Adalah algoritma yang bertujuan untuk menemukan kontur yang paling mendekati perimeter suatu objek. *Snake algorithm* disini nantinya digunakan untuk segmentasi objek ketika *edge* tidak didefinisikan dengan baik. Pertama *snake* akan ditempatkan dekat dengan target kontur, setelah itu selama proses iterative, *snake* akan tertarik mendekati target kontur [[4](#Tri08)].

* Gray Level Co-occurance Matrix (GLCM)

Adalah matriks simetris yang dibangun atas dasar tingkat keabuan suatu gambar dengan jarak d dan sudut φ. Matriks ini menggambarkan probabilitas hubungan ketetanggaan antara dua piksel pada jarak dan orientasi sudut tertentu. Setelah memperoleh matriks *Co-occurance* tersebut, dapat dihitung ciri statistik yang merepresentasikan citra yang diamati. Ciri yang digunakan diantaranya kontras, homogenitas, *entrophy* dan yang lainnya [[2](#Sey11)].

* Support Vector Machine (SVM)

SVM adalah salah satu metode *pattern recognition* yang bekerja atas prinsip *Structural Risk Minimization* (SRM) dengan tujuan menemukan hyperplane terbaik yang memisahkan dua buah *class* pada *input space*. Hyperplane pemisah terbaik antara kedua *class* dapat ditemukan dengan mengukur margin hyperplane dan mencari titik maksimalnya. Margin adalah jarak antara hyperplane tersebut dengan *pattern* terdekat dari masing-masing *class*. *Pattern* yang paling dekat disebut *support vector* [[5](#Nug031)].



a) b)

Gambar 1. SVM berusaha menemukan hyperplane terbaik yang memisahkan kedua class -1 dan +1 [[5](#Nug031)].

# RINGKASAN ISI TUGAS AKHIR

Tugas akhir ini akan melakukan proses klasifikasi lima jenis sel darah putih dengan menggunakan metode *support vector machine* (SVM) dari citra mikroskopik sel darah. Proses klasifikasi sel darah putih ini pada umumnya akan melewati tahapan pengolahan citra yaitu sebagaimana dijelaskan dalam diagram alur pada Gambar 2:

Start

Tahap Pre-processing

Segmentasi sel darah putih

Citra sel darah putih yang sudah di segmentasi

Ekstraksi Ciri

Parameter input SVM

Pola SVM

Pelatihan SVM

Pengujian SVM

Finish

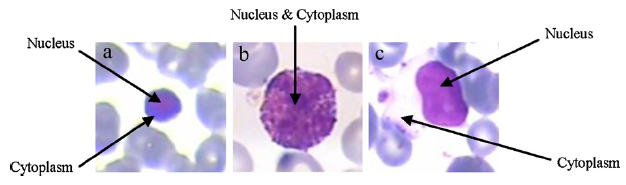
Hasil Klasifikasi

Gambar 2. Diagram alur untuk proses klasifikasi menggunakan metode SVM

Berikut penjelasan beberapa tahapan pengolahan citra yang akan dilalui yaitu:

1. Preprocessing

Tujuan utama dari *preprocessing* yaitu untuk menghasilkan *noise* yang rendah dan meningkatkan kontras citra untuk langkah selanjutnya. Untuk mengurangi *noise* bisa menggunakan *median filtering*, serta menggunakan *histogram equalization* untuk peningkatan kontras [[2](#Sey11)]. Contoh jenis citra mikroskopik sel darah yang akan dipakai seperti pada Gambar 3.



Gambar 3. a) Jenis sel limfosit muda b) Jenis sel basofil c) Jenis sel monosit dengan sitoplasma seperti kaca [[2](#Sey11)]

1. Segmentasi Citra

Segmentasi citra adalah langkah yang paling menantang dimana citra akan dibagi menjadi wilayah-wilayah yang homogen berdasarkan kriteria keserupaan tertentu. Tetapi dalam banyak kasus tidak ada batas yang jelas antara nukleus dan sitoplasma dari jenis basofil, sehingga sulit dibedakan untuk jenis sel basofil. Oleh karena itu, akan ada dua metode segmentasi yang dipakai. Metode *Gram-Schmidt* untuk segmentasi nukleus dan *snake algorithm* untuk segmentasi sitoplasma.

1. Ekstraksi Ciri

Ekstraksi ciri atau disebut dengan ekstraksi fitur merupakan sebuah usaha untuk memperoleh data tertentu yang berada di dalam sebuah citra berdasarkan parameter tertentu. Ekstraksi ciri dari data tugas akhir ini antara lain:

* Ekstraksi fitur geometri meliputi luas area, jumlah nukleus dalam 1 sitoplasma, perimeter, mean dan *variance* dari nukleus dan sitoplasma, rasio antara area sitoplasma dan nukleus
* Ekstraksi fitur tekstur menggunakan GLCM
* Ekstraksi fitur warna dengan mengetahui nilai mean

1. Penggunaan Support Vector Machine

Fitur yang diekstraksi dari daerah sitoplasma serta fitur yang diekstraksi dari daerah nukleus pada fase I akan diklasifikasikan menggunakan metode SVM. Disini akan diklasifikasikan antara jenis basofil dengan keempat sisa jenis lainnya. Dari metode SVM ini akan berusaha dicari hyperplane-hyperplane terbaik yang berfungsi sebagai pemisah dua buah *class* pada *input space*. Hyperplane pemisah terbaik antara kedua *class* dapat ditemukan dengan mengukur margin hyperplane dan mencari titik yang maksimal.

Sistem arsitektur pada proses klasifikasi jenis sel darah putih ini digambarkan dengan block diagram pada Gambar 4.

Klasifikasi fitur untuk membedakan basofil

Ekstraksi fitur dari area nukleus

Segmentasi Nukleus dengan Gram-Schmidt

Fase III

Fase II

Fase I

Neutrofil

Monosit

Limfosit

Eosinofil

Basofil

Input Image

Klasifikasi fitur untuk membedakan dengan keempat sisa yang lain

Ekstraksi fitur dari area nukleus dan sitoplasma

Segmentasi sitoplasma menggunakan snake algorithm

Preprocessing sebelum snake algorithm

Mengurangi ukuran gambar

Menemukan kontur awal untuk snake algorithm

Gambar 4. Block diagram dari rancangan system [[2](#Sey11)]

Pada fase I akan dibedakan terlebih dahulu antara jenis basofil dan yang bukan basofil, karena dalam banyak kasus tidak ada batas yang jelas antara nukleus dan sitoplasma, sehingga lebih sulit dibedakan untuk jenis basofil. Nukleus akan di segmentasi menggunakan metode *Gram-Schmidt* orthogonalization. Pada fase II akan dilakukan pengurangan ukuran citra, mendeteksi kontur awal untuk *snake* dan *preprocessing* untuk melakukan *snake algorithm*. Pada fase III akan dilakukan segmentasi untuk sitoplasma menggunakan *snake algorithm* dan ekstraksi fitur menggunakan metode *Gray Level* *Co-occurrence Matrix* (GLCM)hingga klasifikasi fitur menggunakan metode SVM untuk membedakan dengan keempat sisa jenis yang lain.

# METODOLOGI

## Penyusunan proposal tugas akhir

Proposal tugas akhir ini berisi tentang proses klasifikasi pengenalan 5 jenis sel darah putih. Jenis sel yang akan diklasifikasi ada 5 macam yaitu eosinofil, basofil, monosit, limfosit, dan neutrofil. Umumnya dalam menganalisis citra nantinya akan melewati tahap *preprocessing*, segmentasi, ekstraksi ciri, dan terakhir klasifikasi. Metode yang digunakan untuk mengenali pola sel darah putih pada citra adalah algoritma SVM.

## Studi literatur

Studi literatur digunakan untuk memahami teori yang berhubungan dengan pengolahan citra khususnya untuk segmentasi citra menggunakan Gram-Schmidt orthogonalization pada nukleus dan snake algorithm untuk segmentasi pada sitoplasma, ekstraksi fitur dengan GLCM, serta proses klasifikasi sel darah putih menggunakan metode SVM.

## Analisis dan desain perangkat lunak

Setelah kebutuhan dikumpulkan, analisis terhadap kebutuhan perangkat lunak digambarkan dengan block diagram pada Gambar 4.

## Implementasi perangkat lunak

Dalam tugas akhir ini, akan digunakan beberapa IDE, modeling tools dan kelengkapan lainnya. Untuk user yang akan menggunakannya yaitu kami sebagai penggagas tugas akhir ini, lalu dosen pembimbing, serta mungkin para ahli patologi. IDE yang digunakan yaitu MATLAB R2008a.

## Pengujian dan evaluasi

Pengujian yang akan dilakukan dalam tugas akhir ini yaitu terhadap citra mikroskopik sel darah. Nantinya akan dilakukan proses klasifikasi dengan aplikasi ini, sehingga dapat dilihat hasil dari klasifikasi tersebut mana citra yang termasuk jenis sel basofil, eosinofil, limfosit, monosit, maupun neutrofil.

## Penyusunan Buku Tugas Akhir

Pada tahap ini dilakukan penyusunan laporan yang menjelaskan dasar teori dan metode yang digunakan dalam tugas akhir ini serta hasil dari implementasi aplikasi perangkat lunak yang telah dibuat. Sistematika penulisan buku tugas akhir secara garis besar antara lain:

1. Pendahuluan
   1. Latar Belakang
   2. Rumusan Masalah
   3. Batasan Tugas Akhir
   4. Tujuan
   5. Metodologi
   6. Sistematika Penulisan
2. Tinjauan Pustaka
3. Desain dan Implementasi
4. Pengujian dan Evaluasi
5. Kesimpulan dan Saran
6. Daftar Pustaka

# JADWAL KEGIATAN

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Tahapan | 2013 – 2014 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| September | | | | Oktober | | | | Nopember | | | | Desember | | | | | Januari | | | |
| Penyusunan Proposal |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Studi Literatur |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Perancangan Sistem |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Implementasi |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Pengujian dan Evaluasi |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| Penyusunan Buku |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |

# DAFTAR PUSTAKA

x

|  |  |
| --- | --- |
| [1] | Chastine Fatichah, Martin Leonard Tangel, Muhammad Rahmat Widyanto, Fangyan Dong, and Kaoru Hirota, "Parameter Optimization of Local Fuzzy Patterns based on Fuzzy Contrast Measure for White Blood Cell Texture Feature Extraction," *Journal of Advanced Computational Intelligence and Intelligent Informatics*, vol. 16 No.3, 2012. |
| [2] | Seyed Hamid Rezatofighi and Hamid Soltanian-Zadeh, "Automatic Recognition of Five Types of White Blood Cells inPeripheral Blood," *Elsevier*, pp. 333-343, January 2011. |
| [3] | Stefano Ferrari, "Elaborazione delle immagini (Image Processing I)," *Universit`a degli Milano*, 2011. |
| [4] | Tri Fajar Yurmama Supiyati, "Experimental Combination of Intensity and Stereo Edges for Improved Snake Segmentation," *ICT Research Center UNAS*, vol. 2 No.2, July 2008. |
| [5] | A.S. Nugroho, A.B. Witarto, and D. Handoko, "Application of Support Vector Machine in Bioinformatics," in *Proceeding of Indonesian Scientific Meeting in Central Japan*, Japan, 2003. |

x