

**IDENTIFIKASI JENIS SEL LEUKOSIT PADA CITRA
MIKROSKOPIS MENGGUNAKAN EKSTRAKSI FITUR
GEOMETRI DAN KLASIFIKASI NAIVE BAYES**

SKRIPSI

Laboratorium Komputasi Cerdas Dan Visualisasi

Diajukan untuk memenuhi sebagian persyaratan memperoleh gelar Sarjana Komputer



Disusun Oleh :

NINA AMALIA DEWI

NIM. 0910683069

**PROGRAM STUDI INFORMATIKA
PROGRAM TEKNOLOGI INFORMASI DAN ILMU KOMPUTER
UNIVERSITAS BRAWIJAYA
MALANG
2013**

LEMBAR PERSETUJUAN

IDENTIFIKASI JENIS SEL LEUKOSIT PADA CITRA MIKROSKOPIS MENGGUNAKAN EKSTRAKSI FITUR GEOMETRI DAN KLASIFIKASI NAIVE BAYES

SKRIPSI

Untuk memenuhi sebagian persyaratan memperoleh gelar Sarjana Komputer

Disusun Oleh:

NINA AMALIA DEWI

NIM. 0910683069

Menyetujui :

Pembimbing I

Pembimbing II

Suprapto, S.T, M.T

NIP. 19710727 199603 1 001

Ahmad Afif S., S.Si.,M.Kom.

NIP. 820623 16 1 1 0425



LEMBAR PENGESAHAN

IDENTIFIKASI JENIS SEL LEUKOSIT PADA CITRA MIKROSKOPIS MENGGUNAKAN EKSTRAKSI FITUR GEOMETRI DAN KLASIFIKASI NAIVE BAYES

SKRIPSI

Laboratorium Komputasi Cerdas Dan Visualisasi

Untuk memenuhi sebagian persyaratan memperoleh gelar Sarjana Komputer

Disusun oleh:

NINA AMALIA DEWI

NIM. 0910683069

Skripsi ini telah diuji dan dinyatakan lulus tanggal 10 Juli 2013

Pengaji I

Pengaji II

Lailil Muflikhah, S.Kom., M.Sc
NIP. 19741113 200501 2 001

Budi Darma Setiawan, S.Kom.,M.Cs.
NIP. 84101506110090

Pengaji III

Yusi Tyroni Mursityo, S.Kom., MS
NIP. 19800228 200604 1 001

Mengetahui
Ketua Program Studi Informatika

Drs. Marji., M.T.
NIP. 19670801 199203 1 001



PERNYATAAN ORISINALITAS SKRIPSI

Saya menyatakan dengan sebenar-benarnya bahwa sepanjang pengetahuan saya, di dalam naskah SKRIPSI ini tidak terdapat karya ilmiah yang pernah diajukan oleh orang lain untuk memperoleh gelar akademik di suatu perguruan tinggi, dan tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis dikutip dalam naskah ini dan disebutkan dalam sumber kutipan dan daftar pustaka.

Apabila ternyata didalam naskah SKRIPSI ini dapat dibuktikan terdapat unsur-unsur PLAGIASI, saya bersedia SKRIPSI ini digugurkan dan gelar akademik yang telah saya peroleh (SARJANA) dibatalkan, serta diproses sesuai dengan peraturan perundang-undangan yang berlaku. (UU No. 20 Tahun 2003, Pasal 25 ayat 2 dan Pasal 70).

Malang, 10 Juli 2013

Mahasiswa,

Nina Amalia Dewi

NIM. 0910683069



KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan kehadiran Tuhan Yang Maha Esa atas limpahan rahmat dan karunia-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan judul “Identifikasi Jenis Sel Leukosit pada Citra Mikroskopis Menggunakan Ekstraksi Fitur Geometri dan Klasifikasi Naive Bayes”.

Penyusunan skripsi ini bertujuan untuk memenuhi persyaratan guna memperoleh gelar sarjana komputer pada program studi Informatika, Program Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer, Universitas Brawijaya.

Dalam kelancaran penyusunan skripsi ini, tidak terlepas dari dorongan maupun bimbingan berbagai pihak yang telah banyak membantu. Maka, tidak lupa penulis ucapan terima kasih kepada :

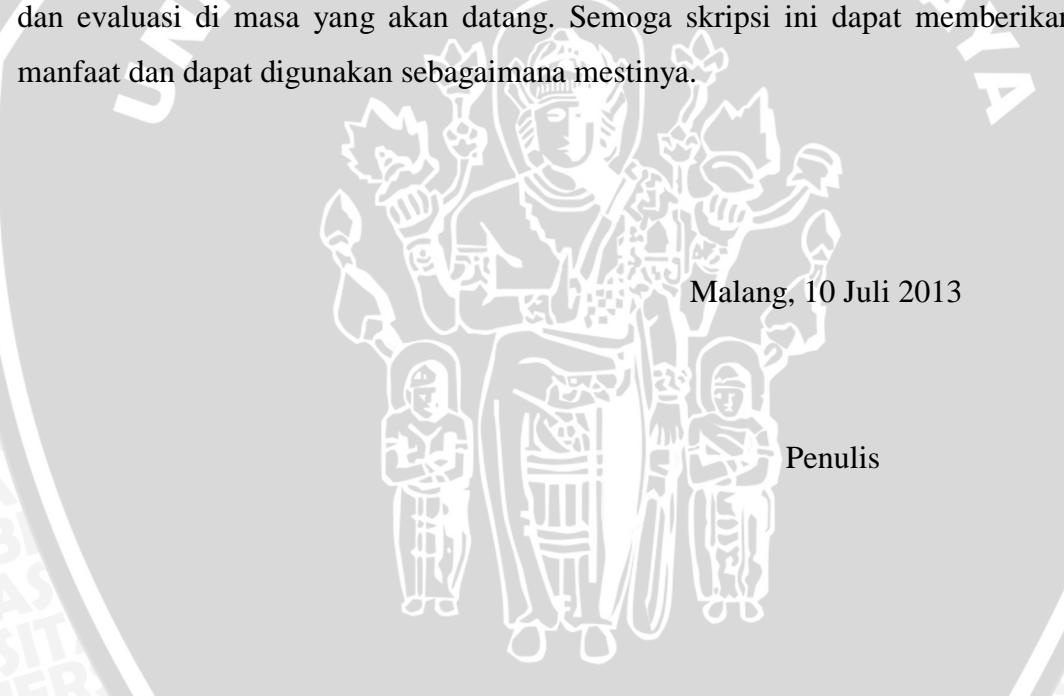
1. Ibunda Indrawati, Ayahanda Sumaryoko, kakak dan adik Aditya Alfianto dan Lita Karima Anggraeni atas doa serta dukungan yang diberikan sehingga penyusunan skripsi ini dapat terlaksana dengan baik.
2. Bapak Suprapto, S.T, M.T dan Bapak Ahmad Afif Supianto, S.Si., M.kom selaku dosen pembimbing skripsi.
3. Bapak Ir. Sutrisno, M.T, Bapak Ir. Heru Nurwasito, M.Kom, Bapak Himawat Aryadita, S.T, M.Sc, dan Bapak Eddy Santoso, S.Kom selaku Ketua, Wakil Ketua 1, Wakil Ketua 2, dan Wakil Ketua 3 Program Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer Universitas Brawijaya.
4. Bapak Drs. Marji, M.T, serta Ibu Lailil Muflikhah, S.kom, M.Sc selaku Ketua, dan Kepala Laboratorium Komputasi Cerdas dan Visualisasi Program Studi Teknik Informatika Universitas Brawijaya.
5. Seluruh Dosen Teknik Informatika Universitas Brawijaya atas kesediaan membagi ilmunya kepada penulis.
6. Seluruh Civitas Akademik Teknik Informatika Universitas Brawijaya yang telah banyak memberi bantuan dan dukungan selama penulis menempuh studi di Teknik Informatika Universitas Brawijaya.
7. Hendro Pramudyo Saputro, Mamluatul Hani'ah, Anisa Aini Arifin, Ervin Yohannes, Austin Buya Oryza, Ikram Baharsyah, Putu Arya Kurnia, Prima Arfianda, Yugo Yudansha Luhulima, Meidi Wahyu Putra, Rizal



Setya Perdana, Milani Winangga, Sufia Adha Putri, Winda A. Irianto, Hanifa Vidya Rizanti, Astri Tika Pratiwi, Bekti Widyaningsih, GMT 09, Pipit Niken Damayanti, Dyah Asih Yulianti, Novi Rahayu, Agung Meydiana, Aprilianna Triharyanti, Bania Aldilas Noviana, Sulistiana yang telah bersedia memberikan saran dan bantuan dalam penyelesaian skripsi ini, dan rekan-rekan Teknik Informatika Universitas Brawijaya atas dorongan, semangat dan ilmu yang diberikan.

8. Seluruh pihak yang telah membantu kelancaran penulisan tugas akhir yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu.

Apabila terdapat kesalahan dan kekurangan dalam penulisan skripsi ini, penulis mengharapkan kritik dan saran yang membangun sebagai bahan perbaikan dan evaluasi di masa yang akan datang. Semoga skripsi ini dapat memberikan manfaat dan dapat digunakan sebagaimana mestinya.



Malang, 10 Juli 2013

Penulis



ABSTRAK

Nina Amalia Dewi. 2013. : Identifikasi Jenis Sel Leukosit pada Citra Mikroskopis Menggunakan Ekstraksi Fitur Geometri dan Klasifikasi Naive Bayes. Skripsi Program Studi Informatika, Program Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer, Universitas Brawijaya.

Dosen Pembimbing: Suprapto, ST., M.T dan Ahmad Afif Supianto, S.Si., M.Kom.

Proses identifikasi jenis sel leukosit memiliki peran penting dalam lingkup hematologi untuk melakukan proses identifikasi secara otomatis. Pada penelitian ini, diusulkan identifikasi jenis sel leukosit dengan jenis neutrofil, limfosit, monosit, basofil, dan eosinofil menggunakan metode ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes*. Proses tersebut bertujuan untuk mengenali jenis sel leukosit berdasarkan fitur geometri dari inti selnya. Proses diawali dengan *preprocessing* dan proses segmentasi warna. Kemudian dilakukan proses pelabelan objek dan *noise filtering* yang dilanjutkan dengan analisis bentuk objek dan ekstraksi fitur geometri. Fitur geometri yang diekstrak terdiri dari 8 fitur diantaranya *area*, *perimeter*, *length*, *width*, *equivdiameter*, *compactness*, dan *elongation*. Hasil dari proses ekstraksi fitur kemudian akan digunakan dalam proses identifikasi jenis sel.

Uji coba dilakukan menggunakan parameter jumlah fitur dan pengujian akurasi pada masing-masing jenis sel. Untuk uji akurasi parameter jumlah fitur diperoleh kesimpulan bahwa jumlah fitur tidak mempengaruhi kenaikan nilai akurasi sistem. Kenaikan nilai akurasi lebih dipengaruhi oleh pemilihan fitur geometri yang tepat. Sedangkan untuk analisis penggunaan fitur geometri terhadap akurasi masing-masing jenis sel, diperoleh kesimpulan bahwa jenis sel limfosit memiliki tingkat akurasi sebesar 100% dengan nilai fitur *circularity* yang lebih menonjol dibandingkan sel yang lainnya yang memiliki nilai fitur yang saling beririsan sehingga menyebabkan kesalahan dalam proses klasifikasi.

Kata kunci : Sel leukosit, Ekstraksi fitur geometri, *Naive Bayes Classifier*



ABSTRACT

Nina Amalia Dewi. 2013. : *Identification of Leukocyte Type on Microscopic Images with Geometric Features and Naive Bayes Classifier. Thesis Program, Program Technology and Computer Science, University of Brawijaya.*

Supervisor: Suprapto, ST., M.T dan Ahmad Afif Supianto, S.Si., M.Kom.

The identification process of white blood cell (leukocyte) types have an important role in the scope of hematology. This process can help pathologist to identify the type of white blood cell automatically. In this research, proposed the identification process of human white blood cell types consisting of neutrophils, lymphocytes, monocytes, basophils, and eosinophils using geometric feature extraction and naive bayes classifier methods. This process has the objective to identify the cell types of leukocytes based on the geometric feature of the cell nucleus. The process begins with preprocessing and color image segmentation. The next step is object's labeling and noise filtering's process followed by shape analysis of the object and geometric feature extraction. The geometric feature extracted from 8 features including area, perimeter, length, width, equivdiameter, compactness, and elongation. The results of the feature extraction process will be used in the cell identification process.

The testing process is performed using a number of features and 8 geometry feature parameter to the accuracy testing of each cell. For the number of features accuracy testing is concluded that the number of features does not affect the increasing of accuracy value. The increase of the accuracy value is more affected from the selection of the geometry features. For the accuracy analysis of geometry features for each cell is concluded that the type of lymphocytes cell has an accuracy rate 100% with a circularity value features are more prominent than the other cells that have the cross-cutting value features that cause errors in the classification process.

Keywords : leukocytes, geometric feature extraction, Naive Bayes Classifier



DAFTAR ISI

LEMBAR PERSETUJUAN	ii
LEMBAR PENGESAHAN	iii
PERNYATAAN ORISINALITAS SKRIPSI	iv
KATA PENGANTAR	v
ABSTRAK	vii
<i>ABSTRACT</i>	viii
DAFTAR ISI	ix
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR TABEL	xv
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Batasan Masalah	3
1.4 Tujuan	3
1.5 Manfaat	4
1.6 Sistematika Penulisan	4
1.7 Jadwal Penelitian	5
BAB II KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI	6
2.1 Kajian Pustaka	6
2.1.1 Kajian pustaka terkait identifikasi jenis sel leukosit	6
2.1.2 Kajian pustaka terkait metode ekstraksi fitur geometri	7
2.1.3 Kajian pustaka terkait metode klasifikasi naive bayes	7
2.2 Sel Leukosit dan Jenis-jenis Sel Leukosit	8
2.2.1 Jenis-jenis sel darah putih	9
2.3 Pengolahan Citra Digital	12
2.3.1 Citra Digital	13
2.4 Naive Bayes Classifier	14
2.5 Low Pass Filtering	17
2.6 Region Growing	17
2.7 Kode rantai (<i>chain code</i>)	18



2.8 Ekstraksi fitur (<i>Feature Extraction</i>).....	19
2.8.1 Fitur Geometri.....	20
2.9 K-Means Clustering	21
BAB III METODOLOGI DAN PERANCANGAN	23
3.1 Studi literatur	24
3.2 Analisis Kebutuhan.....	24
3.3 Perancangan	25
3.3.1 Entity Relationship (ER) Diagram.....	40
3.4 Rancangan interface.....	41
3.5 Unifield Modeling Language	44
3.5.1 Use Case Diagram	44
3.5.2 Context Diagram.....	45
3.6 Implementasi program	45
3.7 Analisis Sistem.....	45
3.8 Proses Manualisasi.....	47
BAB IV IMPLEMENTASI.....	64
4.1 Batasan Implementasi	65
4.2 Implementasi Algoritma	65
4.2.1 Algoritma Proses Preprocessing	65
4.2.2 Algoritma Proses Segmentasi Warna	66
4.2.3 Algoritma Proses Labelling dan <i>Noise Filtering</i>	69
4.2.4 Algoritma Analisis Bentuk Objek dan Ekstraksi Fitur Geometri	70
4.2.5 Algoritma proses klasifikasi jenis sel	73
4.3 Implementasi Antarmuka.....	80
4.3.1 Tampilan halaman Testing.....	80
4.3.2 Tampilan halaman Training	81
4.3.3 Tampilan halaman Proses Perhitungan.....	83
4.4 Implementasi Struktur Database	83
BAB V PENGUJIAN DAN ANALISIS	86
5.1 Penentuan ukuran kernel pada proses low pass filtering	86
5.1.1 Hasil pengujian ukuran kernel	91
5.2 Penentuan nilai K pada proses K-means.....	92

5.2.1	Hasil uji akurasi nilai K	97
5.3	Penentuan nilai parameter luas pada proses proses Noise Filtering	98
5.3.1	Hasil penentuan nilai parameter luas terbaik	99
5.4	Pengujian jumlah fitur geometri	99
5.5	Pengujian terhadap masing-masing kelas	104
5.6	Analisis	106
BAB VI	PENUTUP	107
6.1	Kesimpulan	107
6.2	Saran	108
DAFTAR PUSTAKA	109	
LAMPIRAN	113	
Lampiran 1	Sampel Citra.....	113
Lampiran 2	Hasil Uji Coba 1.....	117
Lampiran 3	Hasil Uji Coba 7.....	121
Lampiran 4	Hasil Uji Coba 13.....	125
Lampiran 5	Hasil Uji Coba 17.....	129
Lampiran 6	Hasil Uji Coba 21.....	133
Lampiran 7	Hasil Uji Coba 27.....	137
Lampiran 8	Hasil Uji Coba 33.....	141
Lampiran 9	Hasil Uji Coba 36.....	145
Lampiran 10	Rentang nilai fitur geometri dari masing-masing kelas	149



DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Komposisi Sel Darah Putih	9
Gambar 2.2 (a) Neutrofil segmen (b) Neutrofil batang.....	9
Gambar 2.3 Eosinofil	10
Gambar 2.4 Basofil	11
Gambar 2.5 Limfosit	11
Gambar 2.6 Monosit.....	12
Gambar 2.7 Koordinat citra digital	13
Gambar 2.8 Contoh proses <i>region growing</i>	18
Gambar 3.1 Diagram alir proses penelitian.....	23
Gambar 3.2 Diagram alir perancangan sistem	25
Gambar 3.3 Diagram alir proses preprocessing	26
Gambar 3.4 Kernel ukuran 11*11	27
Gambar 3.5 Diagram alir proses segmentasi warna.....	28
Gambar 3.6 Proses Training Segmentasi Bayes	29
Gambar 3.7 Proses Testing Segmentasi Bayes	30
Gambar 3.8 Proses labelling dan noise filtering	32
Gambar 3.9 Proses Chaincode	33
Gambar 3.10 Flowchart Ekstraksi Fitur	35
Gambar 3.11 Flowchart Perhitungan Perimeter.....	36
Gambar 3.12 Flowchart Perhitungan Circularity	36
Gambar 3.13 Proses Perhitungan <i>Length</i> dan <i>Width</i>	37
Gambar 3.14 Proses Perhitungan Equivdiameter.....	38
Gambar 3.15 Proses Perhitungan Compactness	38
Gambar 3.16 Proses Perhitungan Elongation.....	39
Gambar 3.17 Flowchart Proses klasifikasi.....	40
Gambar 3.18 ER-Diagram	41
Gambar 3.19 Tampilan Program Testing.....	42
Gambar 3.20 Tampilan Program Training	43
Gambar 3.21 Use Case	44

Gambar 3.22 Context Diagram	45
Gambar 3.23 Kode Rantai.....	49
Gambar 4.1 Pohon Implementasi	64
Gambar 4.2 Contoh citra hasil Low Pass Filtering	66
Gambar 4.3 Contoh citra hasil segmentasi warna.....	66
Gambar 4.4 Implementasi algoritma K-Means Clustering	69
Gambar 4.5 Contoh citra hasil proses <i>labelling</i> dan <i>noise filtering</i>	70
Gambar 4.6 Contoh citra hasil proses analisis bentuk objek	70
Gambar 4.7 Implementasi proses ekstraksi fitur geometri.....	72
Gambar 4.8 Contoh hasil proses klasifikasi jenis sel.....	73
Gambar 4.9 Implementasi Algoritma proses klasifikasi jenis sel.....	79
Gambar 4.10 Antarmuka halaman testing.....	81
Gambar 4.11 Antarmuka proses training klasifikasi.....	82
Gambar 4.12 Antarmuka proses training segmentasi	82
Gambar 4.13 Antarmuka proses perhitungan.....	83
Gambar 4.14 Struktur database “program_skripsi2”	84
Gambar 4.15 Struktur tabel chain_code.....	84
Gambar 4.16 Struktur tabel fitur_geometri_testing	84
Gambar 4.17 Struktur tabel fitur_geometri_training	85
Gambar 4.18 Struktur tabel segmentasi_warna_bayes	85
Gambar 5.1 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 3x3	87
Gambar 5.2 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 5x5	87
Gambar 5.3 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 7x7	88
Gambar 5.4 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 9x9	89
Gambar 5.5 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 11x11 ...	89
Gambar 5.6 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 13x13 ...	90
Gambar 5.7 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran <i>kernel</i> 15x15 ...	91
Gambar 5.8 Contoh Hasil Clustering dengan K = 1	92
Gambar 5.9 Contoh Hasil Clustering dengan K = 2	93
Gambar 5.10 Contoh Hasil Clustering dengan K = 3	94
Gambar 5.11 Contoh Hasil Clustering dengan K = 4	94
Gambar 5.12 Contoh Hasil Clustering dengan K = 5	95



Gambar 5.13 Contoh Hasil Clustering dengan K = 6	96
Gambar 5.14 Contoh Hasil Clustering dengan K = 7	96
Gambar 5.15 Grafik uji akurasi nilai K.....	97
Gambar 5.16 Contoh hasil proses noise filtering	99
Gambar 5.17 Contoh citra sel leukosit yang digunakan sebagai citra uji	100
Gambar 5.18 Contoh citra sel leukosit yang digunakan sebagai citra training ...	100
Gambar 5.19 Grafik uji akurasi jumlah fitur.....	103
Gambar 5.20 Grafik uji akurasi jenis sel.....	105



DAFTAR TABEL

Tabel 1.1 Tabel Jadwal penelitian.....	5
Tabel 3.1 Analisis jumlah fitur.....	46
Tabel 3.2 Analisis masing-masing jenis sel	46
Tabel 3.3 Hasil Kode Rantai.....	50
Tabel 5.1 Uji akurasi nilai K	97
Tabel 5.2 Hasil Pengujian Sistem	101



BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Leukosit (*white blood cell, WBC, leukocyte*) merupakan komponen sel darah yang berfungsi dalam sistem imunitas alami tubuh manusia yang mampu membantu tubuh dalam melawan berbagai macam infeksi penyakit. Sel ini berwarna jernih, dan memiliki inti sel (*nucleus*) yang dikelilingi oleh sitoplasma [HIR-10] [FAT-11]. Sel leukosit dapat dibagi dalam 5 jenis yang dapat dibedakan berdasarkan morfologi inti selnya, diantaranya basofil, eosinofil, neutrofil, monosit dan limfosit [ROS-11].

Tahap pengenalan atau identifikasi jenis sel darah putih memiliki peran penting dalam lingkup hematologi [CHI-08]. Proses identifikasi ini berguna untuk mengetahui komposisi sel leukosit dalam darah yang akan digunakan dalam proses perhitungan jenis sel leukosit (*differential blood counting*) yang dilakukan ahli patologi. Mengingat pentingnya proses identifikasi jenis sel darah putih ini, maka diperlukan sistem yang mampu membantu patologi dalam mengenali jenis sel leukosit secara otomatis [FAT-11].

Teknologi pengolahan citra mulai banyak dikembangkan untuk membuat sebuah aplikasi pengolahan citra digital dalam berbagai bidang, salah satunya pemanfaatan teknologi citra digital dalam bidang biomedis untuk analisis citra mikroskopis [PUT-10]. Contoh pemanfaatan teknik pengolahan citra dalam bidang biomedis yaitu penggunaan teknik pengolahan citra digital dalam proses identifikasi jenis sel leukosit. Dengan pertimbangan bahwa identifikasi jenis leukosit melalui teknik pengolahan citra ini akan membantu dalam peningkatan kecepatan serta keakuratan hasil dari proses identifikasi [XIE-10].

Dalam penelitian ini, diusulkan identifikasi jenis sel leukosit menggunakan teknik pengolahan citra digital dengan memanfaatkan citra mikroskopis dari sel leukosit untuk keperluan proses identifikasi. Citra digital yang digunakan diperoleh dari cellavision yang bersumber pada penelitian yang dilakukan oleh Leyza Baldo Dorini et. al dan Chastine Faticah et. al yang memanfaatkan citra tersebut sebagai bahan penelitian guna melakukan proses

segmentasi maupun klasifikasi jenis sel [DOR-07] [FAT-11]. Dimana tahapan dari proses identifikasi yang diusulkan adalah penggunaan fitur geometri dalam proses ekstraksi fitur dan penggunaan metode naive bayes dalam proses klasifikasi jenis sel.

Ekstraksi fitur merupakan salah satu tahapan terpenting dalam proses identifikasi jenis sel, karena pada proses ini ciri dari sel akan diambil untuk mendapatkan karakteristik dari sel yang dapat digunakan sebagai pembeda antara jenis sel satu dengan jenis sel lainnya. Penggunaan fitur geometri ini banyak diaplikasikan dalam beberapa kasus analisis dari citra mikroskopis [HIR-10] [HIR-09]. Sedangkan untuk metode klasifikasi yang diusulkan yaitu penggunaan metode *naive bayes classifier*. Metode *naive bayes* diusulkan karena penggunaan metode ini mampu digunakan dalam mengenali jenis sel leukosit sesuai pada penelitian yang dilakukan oleh Mathur Atin et al. dan Madhumala Ghosh et. al. [MAT-13] [GHO-10].

Tahap penelitian yang dilakukan yaitu dengan menambahkan 2 kelas baru berupa eosinofil dan basofil dengan jumlah fitur set yang berbeda yang merupakan usul pengembangan dari penelitian yang dilakukan oleh P.S.Hiremath et. al.. Dimana pada penelitian tersebut hanya digunakan 3 kelas sel berupa monosit, limfosit, dan neutrofil dengan hanya menggunakan 4, 5, dan 6 fitur geometri [HIR-10]. Sedangkan fitur set yang digunakan dalam penelitian ini berjumlah 8 fitur diantaranya *Area*, *Perimeter*, *Circularity*, *Length*, *Width*, *Equivdiameter*, *Compactness* dan *Elongation*. Fitur-fitur tersebut diperoleh dari penelitian yang dilakukan oleh Carolina Wahlby et. al. yang melakukan segmentasi sel dengan fitur *area*, *perimeter*, *length*, *width*, *compactness*, dan *elongation* [WAH-01]. Kemudian Chastine Faticah et. al. menjelaskan bahwa fitur geometri seperti *area*, *perimeter*, *equivdiameter*, dan *circularity* mampu digunakan untuk mendeskripsikan fitur dari sel leukosit [FAT-11].

Berdasarkan latar belakang tersebut, penulis mengusulkan judul “Identifikasi Jenis Sel Leukosit pada Citra Mikroskopis dengan Menggunakan Ekstraksi Fitur Geometri dan Klasifikasi Naive Bayes”. Diharapkan sistem yang dibangun ini mampu mengenali jenis sel leukosit dengan pemanfaatan fitur geometri berdasarkan teknik pengolahan citra digital.

1.2 Rumusan Masalah

Melalui latar belakang yang telah diuraikan sebelumnya, maka dapat dirumuskan permasalahan sebagai berikut :

1. Bagaimana sistem yang dibangun mampu mengidentifikasi jenis sel leukosit menggunakan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes* ?
2. Bagaimana implementasi algoritma menggunakan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi menggunakan *naive bayes* pada sistem identifikasi jenis sel leukosit ?
3. Bagaimana evaluasi akurasi dari proses identifikasi jenis sel leukosit menggunakan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes* ?

1.3 Batasan Masalah

Diperlukan suatu batasan masalah untuk dapat merumuskan masalah secara lebih terfokus, maka dalam tugas akhir ini diberikan batasan masalah dalam hal :

1. Citra sel leukosit yang digunakan berupa citra mikroskopis dari sel leukosit normal manusia dan dalam kondisi *non-overlapping* antara sel leukosit satu dengan yang lain.
2. Ekstraksi fitur yang digunakan menggunakan ekstraksi fitur geometri dengan komposisi : *Area*, *Perimeter*, *Circularity*, *Length*, *Width*, *Equivdiameter*, *Compactness*, dan *Elongation*
3. Aplikasi yang dibangun menggunakan bahasa C# dengan Database Management System menggunakan MySQL
4. Citra sel leukosit diperoleh dari <http://www.cellavision.com/> dengan ukuran citra 360x363 piksel.

1.4 Tujuan

Adapun tujuan dari penelitian ini adalah :

1. Mampu menggunakan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes* dalam identifikasi jenis sel leukosit.
2. Mengimplementasikan identifikasi jenis sel leukosit menggunakan algoritma ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes*.
3. Menganalisis akurasi yang diperoleh dari identifikasi jenis sel leukosit dengan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi *naive bayes*.

1.5 Manfaat

Manfaat penelitian ini bagi penulis :

1. Mampu menerapkan ilmu yang diperoleh selama menempuh studi di teknik informatika Universitas Brawijaya.

Manfaat bagi pihak ketiga :

1. Membantu dalam proses identifikasi serta perhitungan jenis sel leukosit secara otomatis.

1.6 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan digunakan untuk memberikan gambaran serta uraian secara garis besar dari penyusunan tugas akhir yang meliputi beberapa bab, diantaranya :

BAB I : Pendahuluan

Memuat latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan, manfaat, serta sistematika penulisan

BAB II : Kajian Pustaka dan Dasar Teori

Membahas mengenai kajian pustaka serta teori penunjang yang berhubungan dengan jenis sel leukosit, teknik pengolahan citra digital serta ekstraksi fitur geometri.

BAB III : Metodologi dan Perancangan

Menguraikan tentang metode dan langkah kerja yang dilakukan dalam penulisan tugas akhir yang terdiri dari studi literatur, analisis kebutuhan, perancangan sistem, implementasi, serta pengujian dan analisis.

BAB IV : Implementasi

Memuat hasil penelitian mengenai implementasi dari sistem dalam bentuk bahasa pemrograman.

BAB V : Pengujian dan Analisis

Memuat hasil pengujian dan analisis terhadap sistem yang telah direalisasikan.

BAB VI : Penutup

Menguraikan kesimpulan yang diperoleh dari pembuatan dan pengujian aplikasi sistem, serta saran-saran untuk pengembangan lebih lanjut.

1.7 Jadwal Penelitian

Penyusunan skripsi ini direncanakan dengan rincian yang ditunjukkan pada Tabel 1.1 sebagai berikut :

Tabel 1.1 Tabel Jadwal penelitian

NO.	PROSES PENULISAN	BULAN DAN MINGGU KE :																			
		Bulan I				Bulan II				Bulan III				Bulan IV				Bulan V			
		1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1	Studi Literatur																				
2	Analisis Kebutuhan Sistem																				
3	Perancangan aplikasi																				
4	Implementasi Program																				
5	Analisis dan Pengujian																				
6	Penyusunan Laporan																				



BAB II

KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI

Pada bab 2 ini akan dijelaskan mengenai dasar teori yang berkaitan dengan penelitian yang dilakukan. Diantaranya berisi mengenai landasan teoritik dari jenis-jenis sel leukosit manusia, konsep pengolahan citra digital yang meliputi konsep *Low Pass Filtering*, *K-means Clustering*, *region growing*, konsep kode rantai, konsep dasar identifikasi jenis sel leukosit dengan ekstraksi fitur geometri, serta metode klasifikasi menggunakan *Naive Bayes Classifier*.

2.1 Kajian Pustaka

2.1.1 Kajian pustaka terkait identifikasi jenis sel leukosit

Beberapa penelitian terkait penggunaan teknik pengolahan citra digital dalam proses identifikasi jenis sel leukosit :

1. Madhumala Ghosh, Devkumar Das, Subhodip Mandal, et. al. mengusulkan proses identifikasi jenis sel leukosit melalui penggunaan *statistical pattern analysis* dengan memanfaatkan fitur geometri dari sel untuk ekstraksi ciri yang dilanjutkan dengan klasifikasi menggunakan Naive Bayes Classifier untuk mengetahui jenis sel leukosit [GHO-10].
2. Ermai Xie et al. mencoba mengklasifikasikan jenis sel leukosit menggunakan *poisson equation* yang dikombinasikan dengan *skeleton algorithm* untuk ekstraksi segmen dari inti sel dan dilanjutkan dengan ekstraksi ciri dengan menghitung jarak *inner distance* terpanjang dan rasio antara *inner distance* dengan *euclidean distance* untuk merepresentasikan fitur dari inti sel yang telah tersegmen [XIE-10].
3. Vincenzo Piuri mencoba mengklasifikasikan jenis sel leukosit menggunakan karakteristik morfologi dari sel seperti jumlah *lobus* dari inti sel, geometri sel dan rata-rata intensitas *gray level* dari sitoplasma sebagai fitur yang diekstrak dengan proses klasifikasi menggunakan *neural classifier* [PIU-04]

2.1.2 Kajian pustaka terkait metode ekstraksi fitur geometri

Beberapa penelitian terkait penggunaan fitur geometri yang sukses diaplikasikan terutama dalam analisis citra mikroskopis, hal ini terlihat dari nilai akurasinya yang tinggi dalam berbagai proses identifikasi dari citra mikroskopis, diantaranya :

1. Hiremath, P.S et al. dalam penelitiannya yang berjudul *Automated Identification and Classification of White Blood Cells (Leukocytes) in Digital Microscopic Images* yang memanfaatkan teknik pengolahan citra dalam melakukan klasifikasi jenis sel leukosit dengan menggunakan sekumpulan set fitur geometri dengan nilai akurasi mencapai 99% [HIR-10].
2. Hiremath, P.S et al. dalam penelitiannya yang lain, yang mencoba melakukan klasifikasi bakteri dari citra digital mikroskopis dengan menggunakan 5 fitur geometri berupa *circularity*, *compactness*, *eccentricity*, *tortuosity* dan *length-width ratio* dengan prosentase akurasi antara 94% hingga 96% untuk tipe sel yang berbeda [HIR-09].
3. Dan satu lagi dari penelitian Hiremath, P.S et al. yang mencoba mengklasifikasikan partikel dari Rotavirus-A dengan menggunakan ekstraksi fitur geometri berupa *Area*, *Eccentricity*, *Perimeter*, *Circularity*, *Tortuosity*, *Length/Width ratio* dan *Compactness* dengan tingkat akurasi sebesar 96% melalui penggunaan *min-max classification* [HIR-10].

2.1.3 Kajian pustaka terkait metode klasifikasi naive bayes

Beberapa penelitian terkait penggunaan metode *naive bayes* dalam proses identifikasi jenis sel leukosit, diantaranya :

1. Madhumala Ghosh, Devkumar Das, Subhodip Mandal, et. al. dalam penelitiannya berjudul “Statistical Pattern Analysis of White Blood Cell Nuclei Morphometry” mencoba mengklasifikasikan jenis sel leukosit kedalam 5 kelas menggunakan Naive Bayes Classifier. Dari penelitian tersebut diperoleh akurasi sebesar 83,2% [GHO-10].
2. Mathur Atin, Ardendhu S. Tripathi, Manohar Kuse dengan penelitiannya berjudul “Scalable system for classification of white blood cells from Leishman stained blood stain images” mencoba mengklasifikasikan jenis sel

leukosit menggunakan naive bayes classifier kedalam 5 kelas yaitu limfosit, monosit, eosinofil, basofil, dan neutrofil dengan akurasi mencapai 92,72% melalui data testing yang digunakan [MAT-13].

2.2 Sel Leukosit dan Jenis-jenis Sel Leukosit

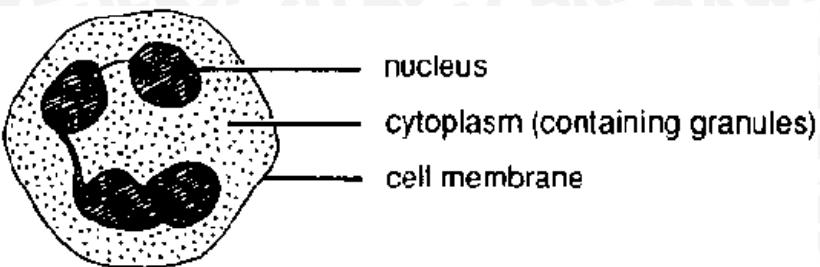
Leukosit adalah sel darah yang mengandung inti, disebut juga sel darah putih. Sel leukosit ini berfungsi untuk membantu tubuh dalam melawan berbagai macam infeksi penyakit sebagai bagian dari sistem kekebalan tubuh (*immune system*). Sel darah putih jumlahnya lebih sedikit dibandingkan dengan sel darah merah. Sel darah putih / leukosit dibuat di dalam sumsum merah, limpa dan kelenjar getah bening (kelenjar limfe). Sel leukosit memiliki kemampuan diapedesis (bergerak secara *amoeboid*) dimana sel ini mampu menembus dinding pembuluh kapiler darah dan masuk ke dalam jaringan tubuh [ABD-07]. Selain itu, sel leukosit juga dapat bersifat *fagositik* (memakan kuman-kuman penyakit atau benda asing yang masuk ke dalam tubuh) agar dapat menjalankan fungsinya untuk menjaga tubuh. Sel ini dapat ditemukan hampir di seluruh tubuh termasuk sumsum tulang dan darah.

Fungsi utama sel leukosit dalam sistem pertahanan tubuh :

1. Membela terhadap resiko penyerangan patogen (mikroorganisme penyebab penyakit seperti bakteri dan virus).
2. Berfungsi sebagai pembersih yang bertugas menghilangkan sel-sel jaringan yang telah aus dan memperbaiki kembali sel jaringan yang telah rusak.

Sel leukosit memiliki karakteristik yang berbeda dengan sel eritrosit. Sel eritrosit memiliki struktur bentuk yang seragam dengan fungsinya yang identik, sedangkan sel leukosit memiliki karakteristik dan fungsi tersendiri. Struktur dari sel leukosit (Gambar 2.1) umumnya memiliki bentuk yang lebih besar dibanding sel eritrosit [SHE-10]. Melalui proses pewarnaan inti sel leukosit akan terlihat lebih gelap dibandingkan sel yang lain [BRO-05].





Gambar 2.1 Komposisi Sel Darah Putih

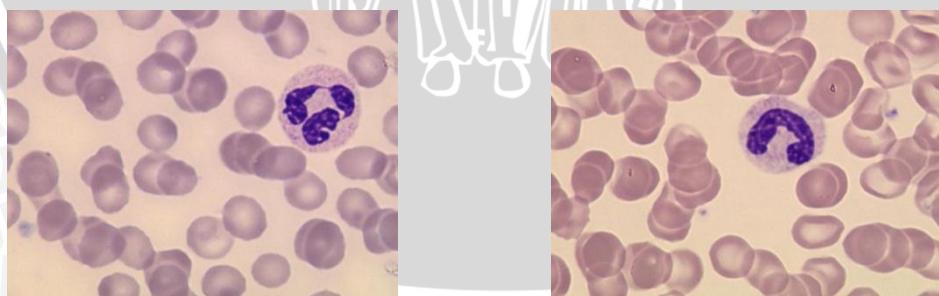
Sumber : [WHO-91]

2.2.1 Jenis-jenis sel darah putih

Sel darah putih dapat dibedakan atas 5 jenis berdasarkan morfologi inti selnya [ROS-11], yaitu :

1. Neutrofil

Neutrofil (Gambar 2.2) merupakan lini pertama dalam pertahanan tubuh apabila terdapat jaringan rusak atau benda asing masuk kedalam tubuh. Fungsi utama neutrofil adalah pembersihan partikel dan bakteri serta pemusnahan organisme mikroba. Jumlah neutrofil berkisar 60 – 70 % dari total leukosit yang beredar, dengan diameter $10 - 12\mu m$ yang terdiri dari 2-5 lobus yang biasanya dihubungkan dengan untaian tipis kromatin [ROS-11].



(a)

(b)

Gambar 2.2 (a) Neutrofil segmen (b) Neutrofil batang

Sumber : [CEL-13]

Dalam proses pewarnaan, granula sitoplasma berwarna netral atau ungu muda. Pada neutrofil yang kurang matang inti selnya lebih besar dan tidak terpisah-pisah menjadi lobus-lobus, sel neutrofil ini biasanya disebut sel batang karena berbentuk seperti batang yang bengkok [SAC-02].

2. Eosinofil

Eosinofil (Gambar 2.3) memiliki nukleus berlobus dua dengan granula yang cukup besar yang berwarna merah tua [ROS-11]. Pada keadaan normal eosinofil dapat dapat bergerak dari jaringan kembali ke darah dan dari darah ke sumsum tulang. Sel ini memiliki kemampuan khas untuk merusak larva寄生虫 cacing tertentu dan organisme uniselular lainnya [SAC-02]. Jumlah eosinofil hanya 1 – 4 % leukosit darah, berukuran sedikit lebih kecil dari neutrofil dengan diameter $10 - 14 \mu\text{m}$ [ROS-11].

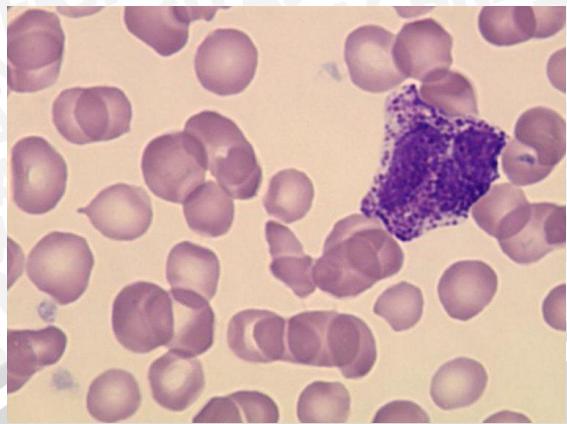


Gambar 2.3 Eosinofil

Sumber : [CEL-13]

3. Basofil

Basofil (Gambar 2.4) merupakan leukosit granular yang paling sedikit jumlahnya. Inti sel darah putih ini jarang ditemukan dalam sel darah tepi normal. Basofil memiliki diameter $8 - 10 \mu\text{m}$. Nukleusnya sering berbentuk U atau J. Ciri umum basofil yaitu sitoplasma basofil terisi granul yang lebih besar dan tampak berwarna biru. Granul-granul ini seringkali menutupi inti, sehingga bentuk inti tidak jelas. Basofil jumlahnya kurang dari 1% dari leukosit darah [SAC-02].

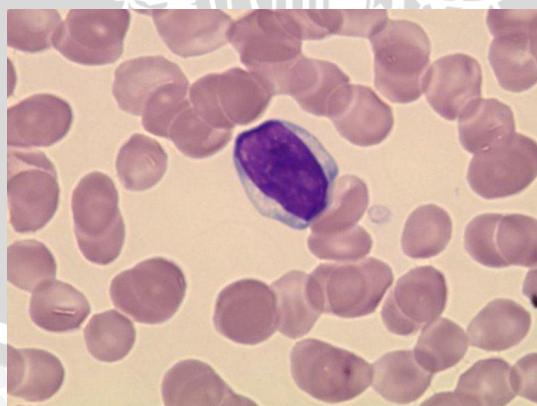


Gambar 2.4 Basofil

Sumber : [CEL-13]

4. Limfosit

Limfosit (Gambar 2.5) merupakan sel dengan komposisi 20 – 30% dari leukosit darah. Normalnya, inti relatif besar, bulat sedikit cekungan pada satu sisi. Berdasarkan diameter limfosit dapat dibedakan menjadi limfosit kecil (dengan diameter $6 - 8 \mu\text{m}$), limfosit sedang ($12 \mu\text{m}$), dan limfosit besar ($> 12 \mu\text{m}$). Limfosit sangat berperan dalam perlawanan terhadap infeksi virus, sel ini ditandai dengan jumlah sitoplasma yang relatif sedikit sehingga pewarnaan inti menjadi mudah terlihat [SAC-02].



Gambar 2.5 Limfosit

Sumber : [CEL-13]

5. Monosit

Monosit (Gambar 2.6) merupakan sel leukosit yang jumlahnya 3 – 8% dari jumlah leukosit normal, diameter 9 – 10 μm dan dapat mencapai > 20 μm . Inti monosit merupakan inti yang terbesar dalam darah yang berbentuk U. Sel ini berfungsi untuk menghilangkan kotoran sel mati maupun jamur [ROS-11].



Gambar 2.6 Monosit

Sumber : [CEL-13]

2.3 Pengolahan Citra Digital

Pengolahan citra (*image processing*) merupakan proses untuk mengolah piksel-piksel dalam citra digital untuk tujuan tertentu. Beberapa alasan dilakukan pengolahan citra digital adalah sebagai berikut :

- a. Untuk mendapatkan citra asli dari citra yang sudah rusak karena pengaruh *noise* yang bercampur dengan citra asli dalam suatu proses tertentu. Poses pengolahan citra bertujuan untuk mendapatkan citra yang mendekati citra asli.
 - b. Untuk mendapatkan citra dengan karakteristik tertentu dan cocok secara visual yang dibutuhkan dalam proses lanjut dalam pemrosesan analisis citra
- Operasi pengolahan citra dapat diklasifikasikan dalam beberapa jenis sebagai berikut :
1. *Image Enhancement* (Perbaikan kualitas citra)
 2. *Image Restoration* (Pemugaran Citra)

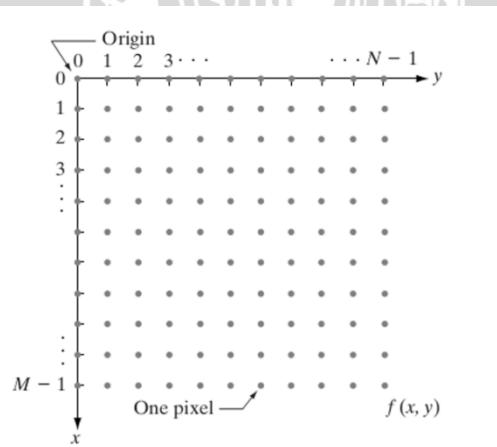
3. *Image Compression* (Pemampatan Citra)
4. *Image Segmentation*
5. *Image Analysis*
6. *Image Reconstruction* (Rekontruksi Citra)

Tinggi dan rendahnya keabuan piksel dinyatakan dalam bentuk intensitas atau derajat keabuan. Satuan lebar intensitas merupakan lebar memori (bit) citra yang disebut dengan format piksel [PRA-11].

2.3.1 Citra Digital

Secara umum, pengolahan citra digital dapat didefinisikan sebagai suatu teknik pemrosesan gambar 2 dimensi menggunakan media komputer. Sedangkan untuk citra digital dapat diartikan sebagai sebuah array yang berisi nilai-nilai real maupun kompleks yang diwakili dengan deretan bit tertentu. Sebuah citra digital dapat digambarkan sebagai sebuah fungsi $f(x, y)$ yang berukuran M baris dan N kolom, yang tersusun dalam bentuk grid, dimana setiap kotak yang terbentuk dinamakan piksel dan memiliki koordinat (x, y) seperti yang ditunjukkan oleh Gambar 2.7.

- a. Sumbu x (horisontal): kolom (*column*), sample (*sample*)
- b. Sumbu y (vertikal): baris (*row, line*). Setiap piksel pada citra digital memiliki nilai yang menunjukkan intensitas keabuan pada piksel tersebut [PRA-11].



Gambar 2.7 Koordinat citra digital

Sumber : [PUT-10]

Citra digital dapat direpresentasikan dalam bentuk matrik dengan MxN (Persamaan 2.1), yaitu :

$$f(x, y) = \begin{bmatrix} f(0,0) & f(0,1) & \cdots & f(0, N - 1) \\ f(1,0) & f(1,1) & \cdots & f(1, N - 1) \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ f(M - 1,0) & f(M - 1,1) & \cdots & f(M - 1, N - 1) \end{bmatrix} \dots\dots\dots (2.1)$$

Keterangan :

M menunjukkan baris

N menunjukkan kolom

Nilai pada suatu irisan antara baris dan kolom (pada posisi x,y) disebut dengan *picture elements, image elements, pels*, atau *piksels* [PUT-10].

2.4 Naive Bayes Classifier

Metode *Naive Bayes Classifier* merupakan salah satu metode pengklasifikasian data yang mampu menyelesaikan prediksi probabilitas, sebagai contoh memprediksi peluang keanggotaan suatu kelas. Metode klasifikasi ini diturunkan dari penerapan Teorema Bayesian dengan asumsi saling bebas (*independence*), atau dengan kata lain *Naive Bayes Classifier* mengasumsikan bahwa keberadaan sebuah atribut (variabel) tidak ada kaitannya dengan keberadaan atribut (variabel) yang lain.

Dasar dari metode *Naive Bayes Classifier* adalah Teorema Bayes yang dirumuskan dalam Persamaan (2.2) sebagai berikut :

$$P(C|X) = \frac{P(x|c)*P(c)}{P(X)} \dots\dots\dots (2.2)$$

Keterangan :

$P(C|X)$ merupakan nilai *posterior*

$P(X|C)$ merupakan nilai *likelihood*

$P(C)$ merupakan nilai *prior*

$P(X)$ merupakan nilai *evidence*

Untuk menjelaskan metode *Naive Bayes*, perlu diketahui bahwa proses klasifikasi memerlukan sejumlah petunjuk untuk menentukan kelas apa yang



cocok bagi sampel yang dianalisis tersebut. Karena itu, Teorema Bayes diatas disesuaikan dalam Persamaan (2.3) sebagai berikut :

Keterangan :

$P(C|X_1, \dots, X_n)$ merupakan nilai peluang *posterior*

C merepresentasikan kelas

X_1, \dots, X_n merepresentasikan karakteristik-karakteristik petunjuk yang dibutuhkan untuk melakukan klasifikasi.

Maka rumus tersebut menjelaskan bahwa peluang masuknya sampel dengan karakteristik tertentu dalam kelas C (*posterior*) adalah peluang munculnya kelas C (*prior*) dikali dengan peluang kemunculan karakteristik-karakteristik sampel pada kelas C (*likelihood*), dibagi dengan peluang kemunculan karakteristik-karakteristik sampel secara global (*evidence*). Karena itu rumus (2.3) dapat pula ditulis secara sederhana dalam Persamaan (2.4) sebagai berikut :

Nilai *evidence* selalu tetap untuk setiap kelas pada satu sampel. Nilai dari *Posterior* tersebut yang nantinya akan dibandingkan dengan nilai-nilai *Posterior* kelas lainnya untuk menentukan ke kelas apa suatu sampel akan diklasifikasikan.

Karena *Naive Bayes* mengasumsikan independensi yang sangat tinggi (naif), bahwa atribut tidak saling terkait satu sama lain, maka diperoleh Persamaan (2.5) atau Persamaan (2.6) sebagai berikut :

atau

Keterangan :

$P(C|X_1, \dots, X_n)$ merupakan nilai *likelihood*

C merepresentasikan kelas

X_1, \dots, X_n menunjukkan karakteristik / atribut 1 hingga ke n

Penentuan kelas dari suatu data dilakukan dengan cara membandingkan nilai probabilitas suatu sampel berada di kelas yang satu dengan nilai probabilitas suatu sampel berada pada kelas yang lain. Penentuan kelas yang cocok bagi suatu sampel dilakukan dengan cara membandingkan nilai *Posterior* untuk masing-masing kelas, dan mengambil kelas dengan nilai *Posterior* yang tinggi. Secara matematis klasifikasi menggunakan *Naive Bayes* dirumuskan dalam Persamaan (2.7) atau Persamaan (2.8) :

atau

Keterangan :

C_{NB} adalah nilai output hasil klasifikasi *Naive Bayes*

c_i yaitu variabel kelas yang tergabung dalam suatu himpunan kelas C

Arg max _{$c_i \in C$} menunjukkan argumen maksimum dari himpunan kelas C

Dapat dilihat bahwa rumusan di atas tidak memuat nilai *Evidence*. Hal ini disebabkan karena *Evidence* memiliki nilai yang positif dan tetap untuk semua kelas sehingga tidak mempengaruhi perbandingan nilai *Posterior* [NAT-10].

Prior probability dapat diperkirakan dengan Persamaan (2.9) :

Probabilitas ini dihitung berdasarkan pada pengetahuan atau kejadian atau pelatihan sebelumnya. Dengan $P(C_i)$ merupakan nilai *prior probability*, M_i menyatakan jumlah data dari kelas C_i dan M menyatakan jumlah total data dari kelas pelatihan [PUT-10].

Fungsi densitas peluang bersyarat $P(X_i|C)$ dapat dihitung dengan *Maximum Likelihood estimation* dengan menggunakan *Gaussian Distribution* (Persamaan 2.10) sebagai berikut [OLS-04] :

$$P(X_i|C) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma^2} \exp^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}} \dots \quad (2.10)$$

Besarnya varian dapat dinyatakan dengan Persamaan (2.11):

$$\sigma^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2}{n-1} \quad \dots \quad (2.11)$$

Sedangkan besarnya rata-rata (*mean*) dihitung dengan Persamaan 2.12:

$$\mu = \frac{\sum_{i=0}^n x_i}{n} \dots \quad (2.12)$$

Dengan σ^2 adalah varian, μ adalah rata-rata (*mean*), $\pi = 3,14159\dots$, $exp = 2,71828\dots$ dan x_i adalah variabel acak [WID-12].

2.5 Low Pass Filtering

Low pass filtering bertujuan mempertahankan komponen frekuensi rendah (perubahan nilai piksel yang bertahap) dan menghilangkan komponen frekuensi tinggi (perubahan nilai piksel secara mendadak) pada citra, sehingga tapis ini sangat cocok untuk proses penghalusan citra. Semua koefisien dari tapis *low pass* adalah bilangan positif [PUT-10].

Filter rata-rata atau filter mean merupakan contoh dari *low pass filtering*, karena operasi ini mempertahankan frekuensi rendah (menghaluskan citra output). Filter rata-rata dapat juga digunakan untuk mengurangi (mereduksi) *noise*. Filter rata-rata merupakan filter H dalam bentuk matrik yang berukuran $m \times n$, dan nilainya adalah sama untuk setiap elemen, dan karena bersifat *low pass filter* maka jumlah seluruh elemennya adalah satu.

Filter rata-rata berukuran 3x3 (Persamaan 2.13) adalah sebagai berikut :

$$H = \begin{matrix} 1/9 & 1/9 & 1/9 \\ 1/9 & 1/9 & 1/9 \\ 1/9 & 1/9 & 1/9 \end{matrix} \text{ atau ditulis } H = \begin{matrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{matrix} \dots \quad (2.13)$$

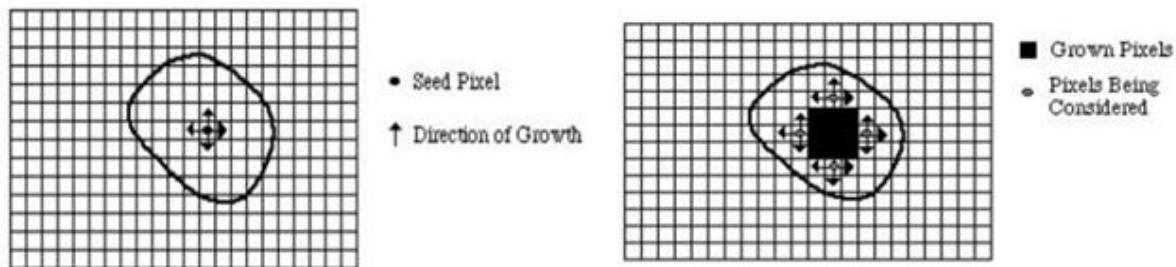
2.6 Region Growing

Region growing merupakan salah satu metode sederhana segmentasi citra yang berdasarkan pada *region*. Menurut pengertiannya, *region growing* adalah suatu pendekatan untuk menentukan piksel yang bertetanggaan dari suatu *seed* serta menentukan apakah suatu piksel ditambahkan ke dalam *seed* tersebut atau tidak. Prinsip metode ini mulanya ialah penentuan sekumpulan *seed point*.

Kemudian diinisialisasikan suatu *region* awal dari *seed* tersebut. *Region* ini akan terus berkembang dari *seed point* menjadi point-point yang saling berdekatan tergantung pada kriteria yang dibuat. Kriteria yang dibuat biasanya ditentukan berdasarkan *gray level*, intensitas, atau warnanya.

Ada beberapa hal yang perlu diperhatikan mengenai region growing:

1. Pemilihan *seed point* yang cocok sangatlah penting
2. Lebih banyak informasi yang terdapat pada suatu citra akan lebih baik, dimana dengan adanya konektivitas atau informasi pada citra yang saling berdekatan akan sangat membantu dalam menentukan *seed point*.
3. Beberapa kriteria similaritas yang biasa digunakan, yaitu *gray level*, *color*, dan *texture* atau bentuk [FAM-09].



Gambar 2.8 Contoh proses *region growing*.

Sumber : [FAM-09]

Alur kerja *Region Growing* seperti pada Gambar 2.8:

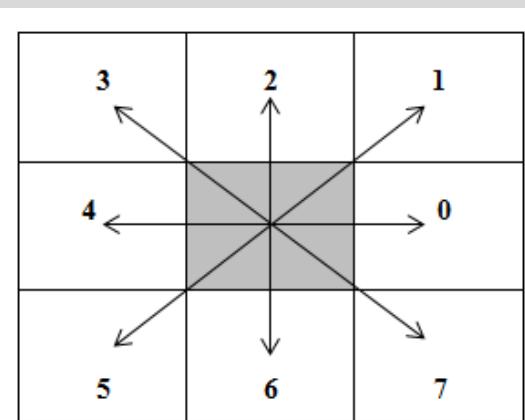
1. Mulai dengan memilih *seed* piksel
2. Cek ketetanggaan piksel dan tambahkan piksel tersebut dalam satu *region* bila memiliki kesamaan karakteristik dengan *seed*.
3. Ulangi proses ke-2 untuk setiap piksel yang dicari, dan proses pencarian akan berhenti bila tidak ada lagi piksel yang memiliki *region* yang sama dengan *seed*.

2.7 Kode rantai (*chain code*)

Kode rantai sering digunakan untuk mendeskripsikan / mengkodekan bentuk (*contour*) suatu objek [PUT-10]. Kode rantai juga sering disebut Freeman code. Penelitian tentang kode rantai diperkenalkan oleh Freeman pada tahun 1961

(Freeman, 1961) yang digunakan untuk merepresentasikan kurva digital. Kode Freeman bergerak sepanjang kurva digital atau batas piksel yang berurutan berdasarkan 8 konektivitas. Arah dari setiap gerakan dikodekan dengan menggunakan skema nomor $\{i|i = 0,1,2,\dots,7\}$ yang merupakan kelipatan sudut 45 derajat melawan arah jarum dari posisi sumbu x positif yang ditunjukkan pada Gambar 2.9 [YUL-09].

Urutan pembacaan arah satu piksel ke piksel yang lain berdasarkan arah jarum jam. Pembentukan kode rantai dimulai dengan menentukan piksel pertama dari objek. Berdasarkan piksel tersebut kode rantai objek dibentuk dengan mengikuti aturan arah kode rantai [PUT-10].



Gambar 2.9 Arah kode rantai

Sumber : [PUT-10]

Penggunaan *4-directional chain code* tidak akan mengambil arah diagonal sedangkan *8-directional chain code* mengambil arah diagonal, oleh karenanya penggunaan *8-directional chain code* dapat merepresentasikan *contour* objek lebih efektif daripada *4-directional chain code* [JAY-09].

2.8 Ekstraksi fitur (*Feature Extraction*)

Ekstraksi fitur merupakan bagian fundamental dari analisis citra pada *image processing*. Fitur sendiri dapat diartikan sebagai karakteristik unik dari suatu objek. Sedangkan Ekstraksi fitur adalah proses mentransformasikan data input ke dalam sekumpulan fitur. Sekumpulan fitur tersebut akan digunakan untuk

mengekstrak informasi relevan dari data input untuk menampilkan hasil klasifikasi yang diinginkan [GHO-10].

2.8.1 Fitur Geometri

Terdapat beberapa fitur geometri yang dapat digunakan untuk menghitung fitur geometri leukosit [FAT-11][PUT-10] :

a. *Area*

Area / luas objek merupakan jumlah piksel dari objek yang menunjukkan ukuran dari objek tersebut [WAH-01].

b. *Perimeter*

Perimeter / keliling merupakan jumlah piksel dari tepian / *boundary* objek. Dengan menggunakan hasil dari pengkodean dengan menggunakan kode rantai, *perimeter* dapat dihitung dengan Persamaan (2.14) sebagai berikut [PUT-10] :

c. Circularity

Circularity digunakan untuk mengukur tingkat kebundaran suatu objek. Atribut kebundaran ini juga disebut dengan rasio ketipisan. Objek-objek yang memiliki bentuk bulat memiliki kebundaran penuh yaitu satu, sedangkan objek-objek bujur memiliki kebundaran kurang dari satu [PUT-10]. *Circularity* dapat dihitung dengan Persamaan (2.15) :

d. *Length* (Panjang)

Sisi panjang dari persegi panjang terkecil yang melingkupi area objek [WAH-01].

e. *Width* (Lebar)

Sisi pendek dari persegi panjang terkecil yang melingkupi area objek [WAH-01].

f. Equivdiameter

Merupakan diameter lingkaran yang area nya sama dengan objek [FAT-11]. Rumus mencari nilai *equivdiameter* dapat dicari dengan Persamaan (2.16)

g. *Compactness*

Hubungan antara panjang batas suatu objek dengan akar dari jumlah piksel yang menyusun objek tersebut. Rumus mencari nilai *compactness* dapat dicari dengan Persamaan (2.17)

$$\frac{\text{Perimeter}^2}{4*\pi*\text{Area}} \dots \quad (2.17)$$

h. *Elongation* (Perpanjangan)

Rasio antara sisi panjang dengan sisi pendek dari persegi panjang yang melingkupi area objek [HIR-12]. Rumus mencari nilai *elongation* dapat dicari dengan Persamaan (2.18)

2.9 K-Means Clustering

Algoritma *k-means* termasuk *partitioning clustering* yang memisahkan data ke dalam K daerah bagian yang terpisah. Algoritma *k-means* sangat terkenal karena kemudahan dan kemampuannya untuk mengklaster data besar dengan sangat cepat [FEB-10].

Algoritma *K-means clustering* adalah algoritma yang sederhana dan efektif untuk menemukan kluster dari data. Tujuan utama dari *k-means* ialah menemukan pusat data K kelompok dan mengumpulkan data kepada pusat data yang tersebar. Tahapan dari algoritma ini adalah :

1. Menentukan banyaknya jumlah kluster k dari sekumpulan data yang akan dipartisi.
 2. Secara random tentukan titik pusat awal dari masing-masing kluster
 3. Dari setiap pusat kluster tentukan data yang memiliki jarak terdekat untuk menentukan kemiripan (*similarity*) suatu objek dengan pusat kluster, sehingga masing-masing titik pusat mewakili sekumpulan dari data set. Sehingga diperoleh sejumlah k kluster yaitu C_1, C_2, \dots, C_k . Pada umumnya K-means menggunakan jarak *euclidean distance* untuk menghitung kemiripan tersebut.

Rumus *Euclidean Distance* :

$$d(p, q) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (q_i - p_i)^2} \quad \dots \dots \dots \quad (2.19)$$

Keterangan rumus :

$d(p, q)$ = jarak *euclidean distance* variabel p ke q

n = banyaknya fitur

q_i = nilai fitur variabel q ke i

p_i = nilai fitur variabel p ke i

4. Untuk setiap k kluster, perbaharui masing-masing lokasi pusat kluster dengan nilai pusat (*centroid*) yang baru. Menghitung nilai pusat baru, dapat ditentukan dengan rumus :

$$Z_j = \frac{\sum_{x \in S_j} X}{N_j} \quad \dots \dots \dots \quad (2.20)$$

Keterangan :

Z_j = Nilai pusat baru

$j = 1, 2, 3, \dots, k$

S_j = Himpunan anggota pada kluster ke j

x = nilai anggota

N_j = jumlah anggota dari kluster j

5. Ulangi step 3 sampai 5 hingga mencapai konvergen atau terminasi.

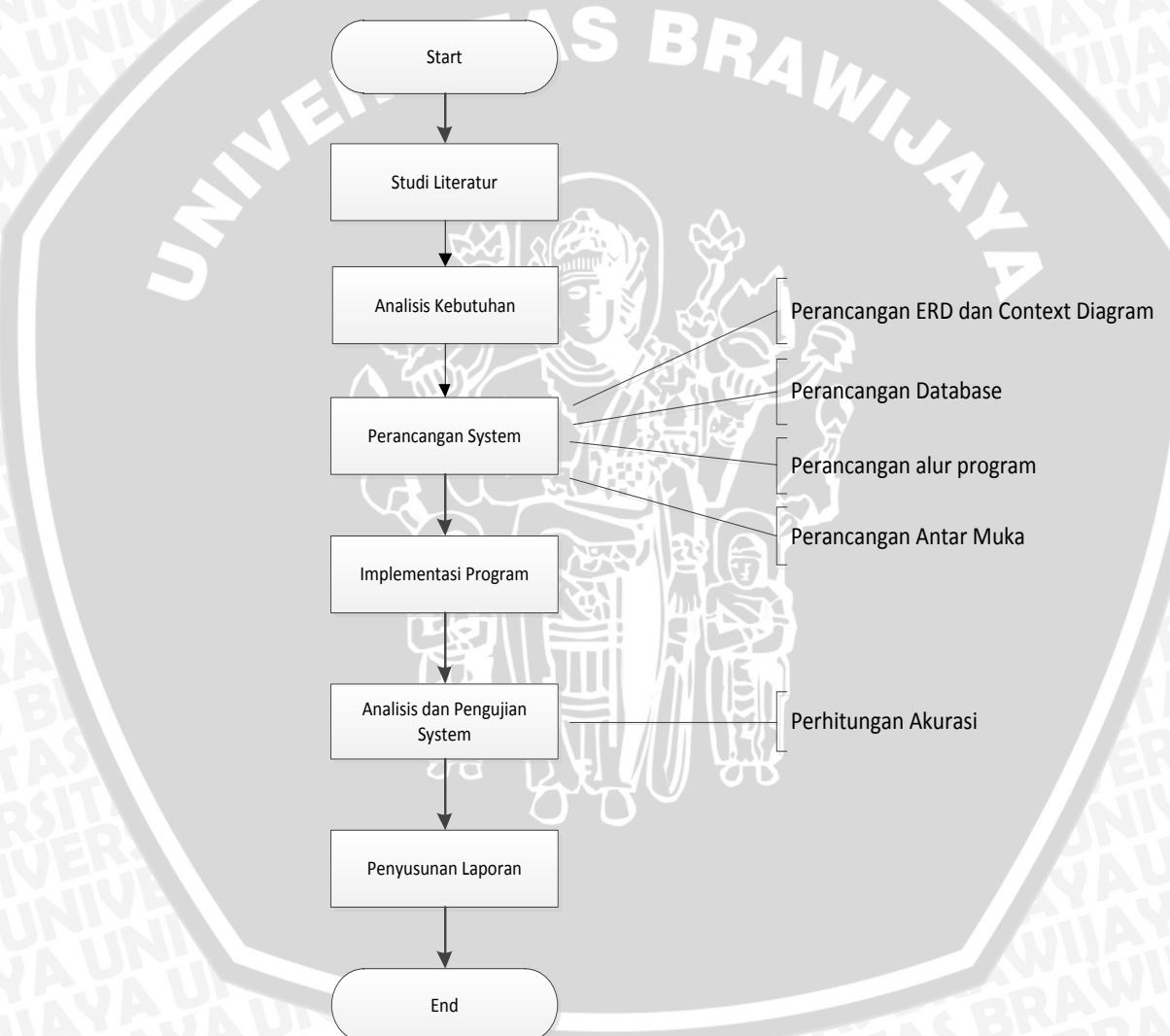
Algoritma berakhir ketika centroid tidak lagi berubah atau dengan kata lain algoritma akan berhenti ketika data pada kluster C_1, C_2, \dots, C_k tetap berada pada kluster tersebut [LAR-05].



BAB III

METODOLOGI DAN PERANCANGAN

Pada bab 3 ini akan dijelaskan mengenai metodologi dan langkah-langkah yang akan digunakan selama penelitian yaitu studi literatur, analisis kebutuhan sistem, perancangan aplikasi, implementasi program, dan analisis hasil. Diagram alir runtutan pengerjaan penelitian ditunjukkan oleh Gambar 3.1 :



Gambar 3.1 Diagram alir proses penelitian

3.1 Studi literatur

Studi literatur dalam tugas akhir ini berupa pengumpulan data (bahan) yang dapat digunakan untuk menunjang penulisan skripsi. Studi literatur ini berasal dari *e-book*, buku maupun jurnal. Sumber referensi pendukung yang diperlukan untuk menunjang penulisan tugas akhir ini diantaranya :

1. Teori dasar dari sel darah manusia khususnya sel darah putih
2. Konsep dari pengolahan citra digital (*image processing*).
3. Teori mengenai *Low Pass Filtering*
4. Teori mengenai metode *clustering* menggunakan *K-Means*
5. Teori mengenai *region growing*
6. Konsep dari metode kode rantai dan fitur geometri
7. Konsep mengenai metode *Naive Bayes Classifier*

3.2 Analisis Kebutuhan

Analisis kebutuhan dilakukan untuk memperoleh informasi maupun data-data yang digunakan dalam merancang sistem nantinya, data tersebut berupa data citra mikroskopis dari sel leukosit yang didapatkan dari aplikasi Cellavision Competency Software Evaluation Version V3.1.1 yang terdapat pada www.cellavision.com. Data diperoleh dengan file format JPG File dengan ukuran 360*363 piksel. Jumlah data yang diperoleh 27 untuk tipe basofil, 30 untuk tipe eosinofil, 45 untuk tipe limfosit, 38 untuk tipe monosit, 51 untuk tipe neutrofil dan 5 gambar multiple cell dengan total 196 gambar (Lampiran 1).

Keseluruhan proses yang dilakukan dibuat dengan menggunakan perangkat lunak untuk memecahkan masalah matematis, dimana komputer yang digunakan memiliki spesifikasi :

1. Spesifikasi Software

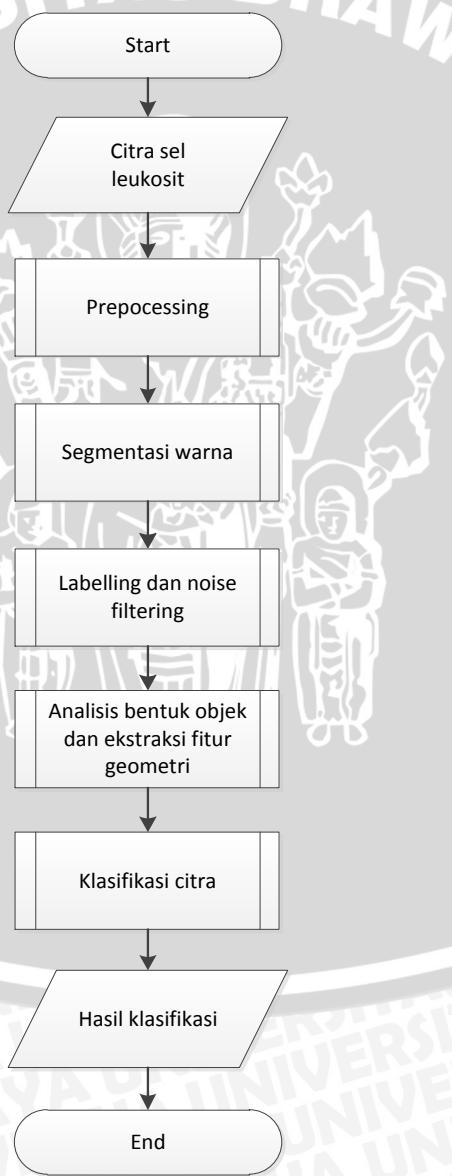
- a. DBMS menggunakan MySQL client version: 5.1.41
- b. PhpMyAdmin Version information: 3.2.4
- c. MySQL Connector Net 6.4.5
- d. Sistem Operasi : Windows 7 Home Premium 32-bit
- e. Microsoft Visual Studio 2010

2. Spesifikasi Hardware

- a. Processor : Intel(R) Core(TM) i3 M370 @2,40 GHz
- b. VGA card : ATI Mobility Radeon HD 5000 Series
- c. RAM : 2,00 GB

3.3 Perancangan

Pada bagian ini akan dipaparkan mengenai langkah-langkah yang akan dilakukan dalam melakukan identifikasi jenis sel leukosit pada citra digital mikroskopis. Gambar 3.2 menunjukkan diagram alir dari proses yang akan dilakukan :



Gambar 3.2 Diagram alir perancangan sistem

Alur proses identifikasi jenis sel leukosit pada Gambar 3.2 dapat dijabarkan sebagai berikut :

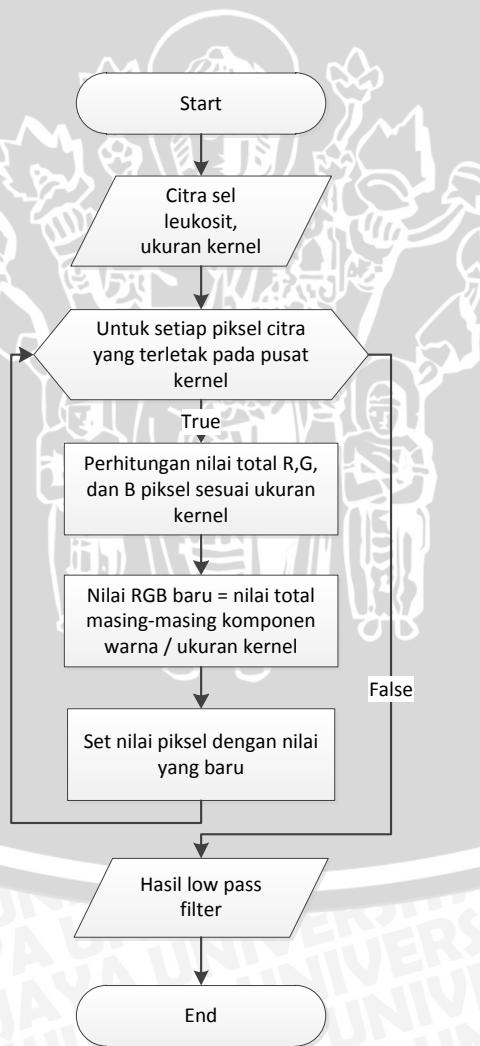
1. Proses input

Proses ini meliputi proses pemilihan citra yang akan diproses.

2. Proses Preprocessing

Metode yang digunakan : *Low Pass Filter* dengan menggunakan filter rata-rata.

Tujuan proses : Pada tahapan ini akan dilakukan proses perbaikan citra untuk mengurangi variasi nilai (intensitas) warna piksel dengan piksel berikutnya sehingga dihasilkan citra yang lebih halus dan dapat mengurangi efek *noise* pada citra.



Gambar 3.3 Diagram alir proses preprocessing

Deskripsi proses Gambar 3.3:

- Menentukan ukuran kernel yang digunakan. Dalam penelitian ini kernel yang digunakan berukuran $11 * 11$ seperti yang ditunjukkan pada Gambar 3.4:

$\frac{1}{121}$	<table border="1" style="border-collapse: collapse; width: 100%; height: 100%;"> <tr><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td></tr> </table>	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1																																																																																																					

Gambar 3.4 Kernel ukuran $11*11$

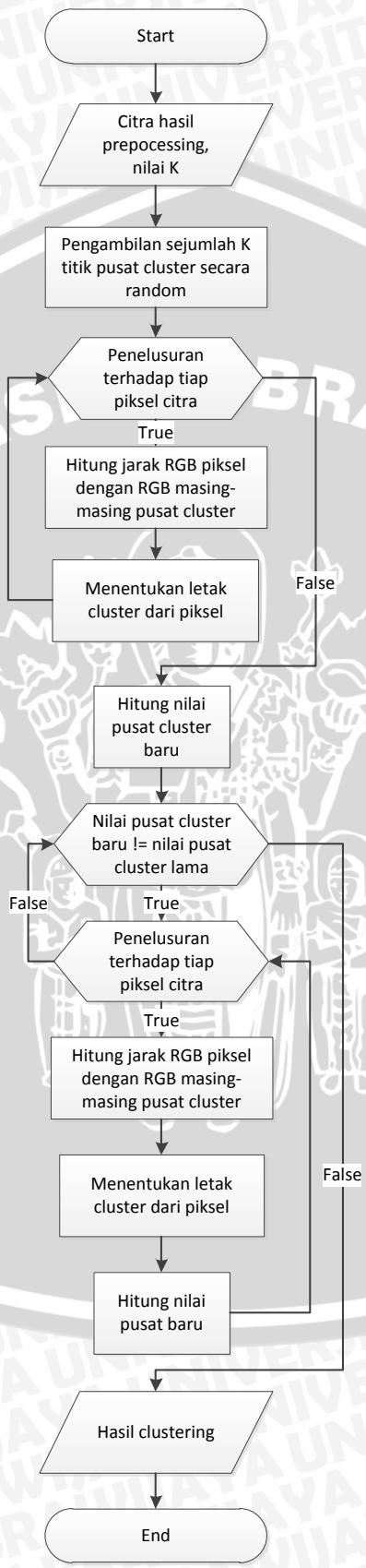
- Dilakukan proses *masking* kernel terhadap citra. Tentukan titik pusat citra yang terletak tepat pada pusat kernel.
- Hitung nilai total masing-masing komponen warna yaitu nilai total R, total G dan total B piksel berdasarkan ukuran kernel.
- Hitung nilai RGB baru dengan rumus nilai total masing-masing komponen warna dibagi dengan ukuran kernel.
- Set nilai RGB pusat dengan nilai RGB yang baru
- Ulangi proses 2 sampai 5 untuk tiap pergeseran piksel

3. Proses segmentasi warna

Metode yang digunakan : *K-means Clustering* dan *Naive Bayes Classifier*

Tujuan proses : Pada tahapan ini dilakukan proses segmentasi warna pada citra untuk memisahkan antara objek (area inti sel) dengan *background* (area selain inti sel) berdasarkan warnanya.

1. Proses *K-means clustering*



Gambar 3.5 Diagram alir proses segmentasi warna

Deskripsi proses Gambar 3.5:

1. Menentukan jumlah K kluster yang ingin dibentuk.
2. Menentukan titik pusat masing-masing kluster secara random dari citra hasil *preprocessing*.
3. Hitung jarak kedekatan nilai RGB masing-masing piksel pada citra dengan pusat kluster menggunakan *euclidean distance*.
4. Berdasarkan nilai jarak terpendek, tentukan letak kluster dari masing-masing piksel
5. Hitung nilai pusat kluster yang baru berdasarkan nilai rata-rata dari anggota kluster yang terbentuk
6. Bila nilai pusat kluster baru tidak sama dengan nilai pusat kluster sebelumnya, ulangi proses 3-5 hingga nilai pusat kluster tidak berubah lagi (*konvergen*).

2. Proses Naive Bayes Classifier

Proses segmentasi dengan menggunakan *Naive Bayes Classifier* ini terdiri dari dua proses yaitu proses training dan proses testing.

a. Proses training segmentasi bayes



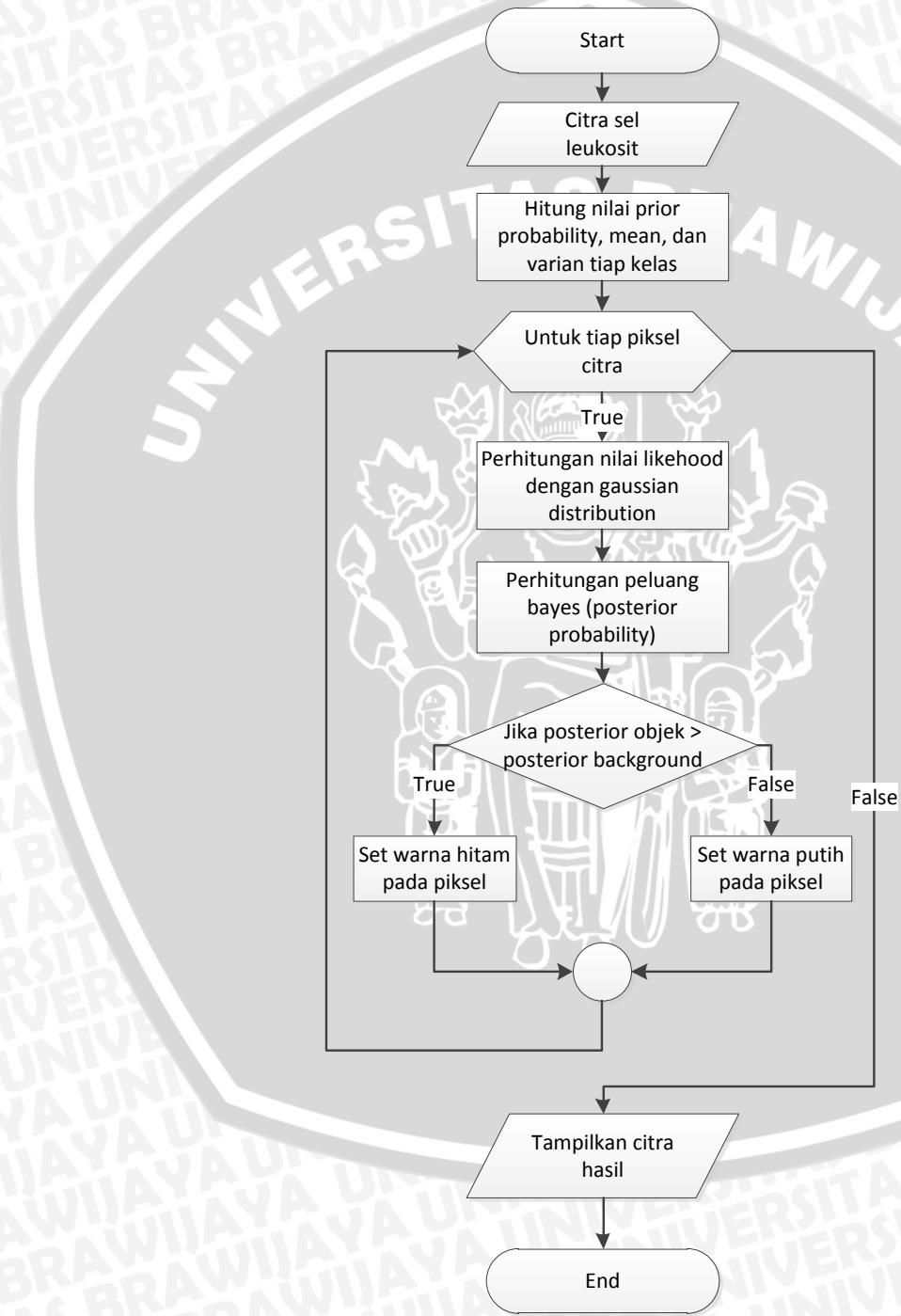
Gambar 3.6 Proses Training Segmentasi Bayes

Deskripsi proses Gambar 3.6:

1. Dalam proses training, data input yang diperlukan adalah citra hasil cropping yang mewakili tiap-tiap kelas yaitu warna-warna dari kelas objek dan warna-warna dari kelas background.

2. Masing-masing dari citra input tersebut akan diambil informasinya berupa nilai mean R, mean G, mean B. Nilai-nilai tersebut akan disimpan dalam database sebagai data training.

b. Proses testing segmentasi bayes



Gambar 3.7 Proses Testing Segmentasi Bayes

Deskripsi proses Gambar 3.7 :

1. Hitung nilai mean, varian dan nilai *prior probability* untuk masing-masing kelas
2. Untuk tiap piksel citra, tentukan nilai *likelihood* masing-masing kelas dengan menggunakan rumus *distribusi gaussian*
3. Hitung nilai peluang bayes (*posterior probability*) untuk masing-masing kelas.
4. Hasil klasifikasi piksel citra ditentukan berdasarkan nilai *posterior probability* maksimum. Jika nilai *posterior* untuk kelas objek lebih besar dari nilai *posterior* untuk kelas background, maka piksel tersebut masuk kelas objek, dan begitu juga sebaliknya.
5. Tahapan akhir dari proses bayes ini adalah mengubah piksel-piksel objek dengan warna putih dan piksel-piksel *background* dengan warna hitam, sehingga dihasilkan citra dalam bentuk biner

4. Proses labelling dan Noise Filtering

Metode yang digunakan : *Region Growing*

Tujuan proses : Melakukan pelabelan terhadap objek untuk mempermudah dalam analisis fitur masing-masing objek. Dalam proses pelabelan ini juga terdapat proses menghilangkan *noise* dengan menghitung jumlah piksel dari objek.

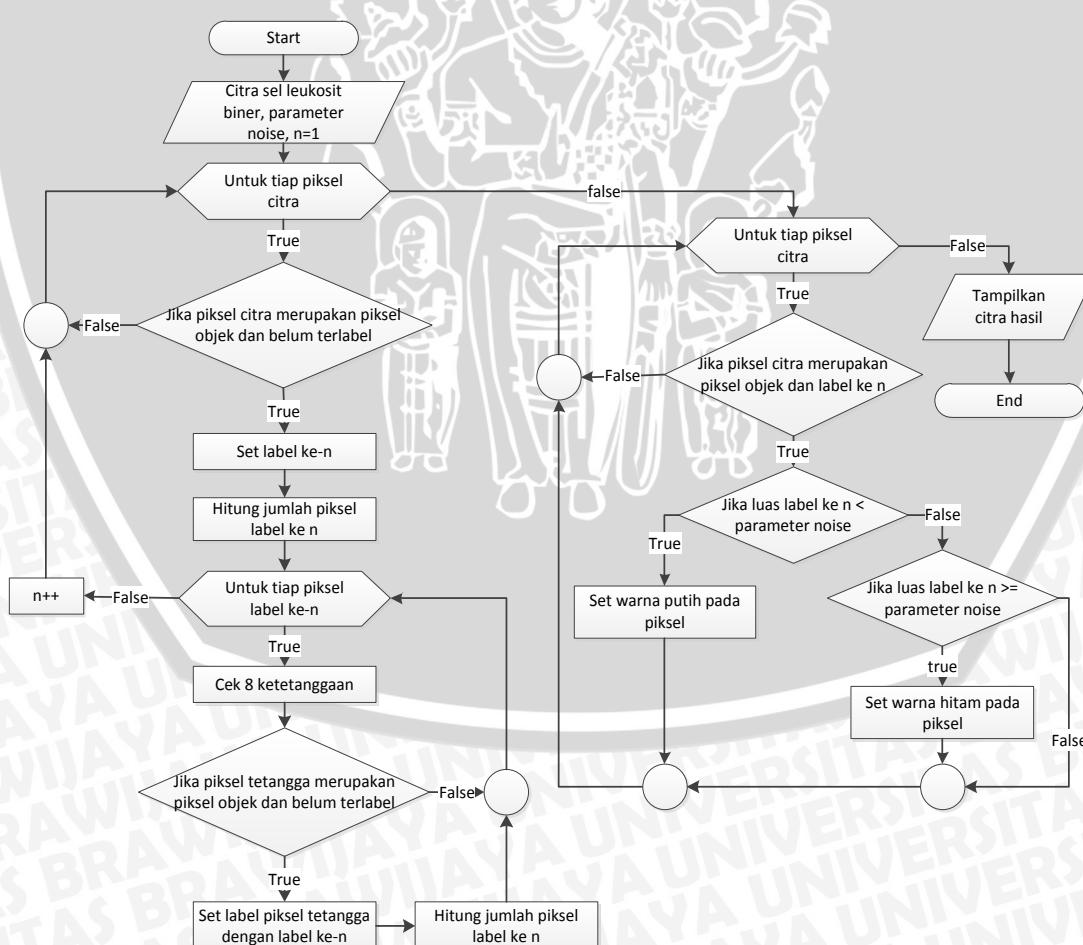
Deskripsi proses Gambar 3.8 :

1. Tahapan awal dari proses ini adalah melakukan penelusuran terhadap setiap piksel dari citra input
2. Jika piksel yang sedang diproses merupakan piksel objek dan belum terlabel, maka set piksel tersebut dengan label ke-n. Dimana nilai n awal dimulai dari 1. Kemudian hitung jumlah piksel objek dengan label ke-n.
3. Untuk setiap piksel dengan label ke-n, lakukan pengecekan terhadap 8 ketetanggaan. Jika piksel tetangga tersebut merupakan piksel objek dan belum terlabel, maka set piksel tersebut dengan label yang sama dengan



piksel awal. Kemudian lakukan proses perhitungan jumlah pikselnya. Proses ini akan berlangsung hingga seluruh objek berhasil dilabeli.

4. Jika proses pelabelan terhadap objek ke-n telah selesai kemudian proses akan berlanjut pada penelusuran terhadap piksel citra dan akan mengulang proses 2 dan 3 jika menemukan objek baru yang belum terlabel dengan nilai label yang baru.
5. Bila proses pelabelan terhadap seluruh objek telah selesai, langkah berikutnya adalah melakukan penelusuran kembali terhadap piksel citra untuk proses *noise filtering*.
6. Jika dalam proses penelusuran ditemukan objek dengan label ke-n, lakukan pengecekan terhadap jumlah piksel objek. Bila jumlah piksel objek kurang dari nilai parameter noise, maka set objek tersebut dengan warna putih, yang menandakan bahwa objek tersebut adalah *noise*.



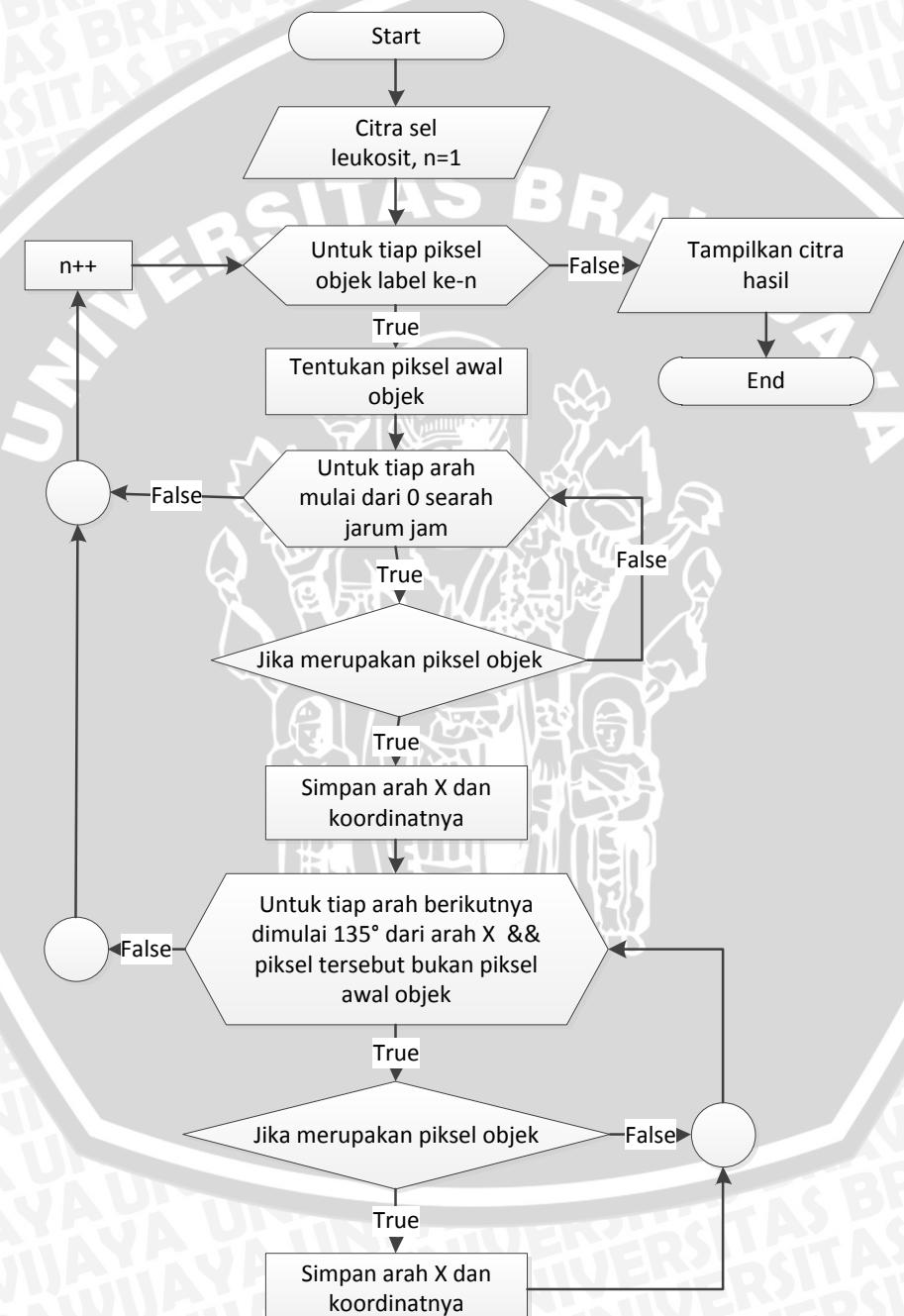
Gambar 3.8 Proses labelling dan noise filtering



5. Proses analisis bentuk objek dan ekstraksi fitur

- a. Metode yang digunakan dalam analisis bentuk objek : *Chain Code*

Tujuan proses : Mendeskripsikan bentuk (*contour*) dari inti sel sebagai objek untuk keperluan analisis fitur geometri dari sel.



Gambar 3.9 Proses Chaincode

Deskripsi proses Gambar 3.9 :

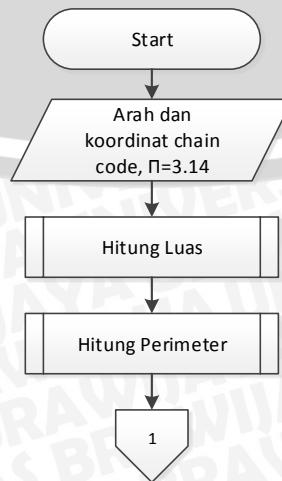
1. Untuk setiap objek dengan label ke-n, tentukan piksel awal dari objek.
2. Lakukan penelusuran terhadap 8 ketetanggaan dimulai dari arah kode rantai ke 0 dan bergerak searah jarum jam.
3. Jika dalam penelusuran tersebut, piksel yang ditelusuri merupakan piksel tepi objek, maka simpan arah kode rantai dan koordinat piksel tersebut.
4. Untuk arah penelusuran berikutnya dapat dimulai 135 derajat dari arah kode rantai sebelumnya, bila selama penelusuran ditemukan piksel objek dan piksel tersebut bukan piksel awal objek, maka simpan arah beserta koordinat piksel objek yang ditemukan.
5. Proses akan berulang hingga kembali pada koordinat piksel awal objek.
6. Proses *chain code* dilakukan untuk setiap objek dari citra.

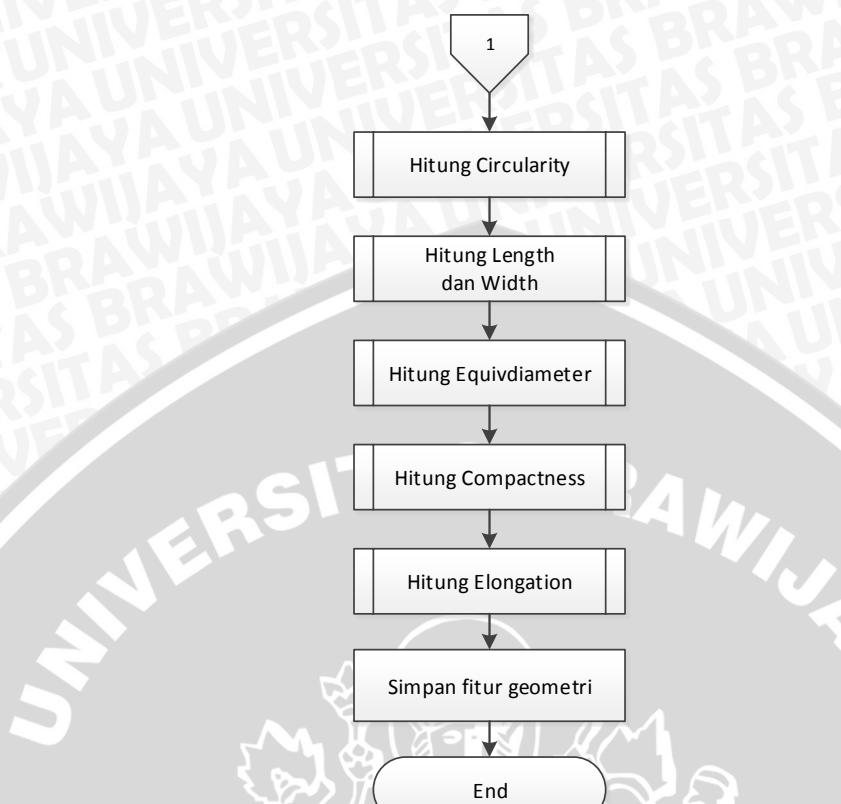
- b. Metode yang digunakan dalam ekstraksi fitur : Ekstraksi fitur geometri

Tujuan proses : Mendapatkan ciri atau karakteristik geometri dari sel untuk keperluan proses klasifikasi.

Deskripsi umum :

Jumlah fitur geometri yang digunakan dalam sistem berjumlah 8 fitur, diantaranya Luas / *area*, Keliling / *perimeter*, *Circularity*, *Width*, *Length*, *Equivdiameter*, *Compactness*, dan *Elongation*. Berikut flowchart umum proses ekstraksi fitur :

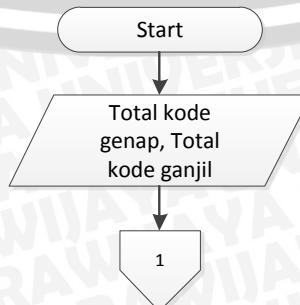


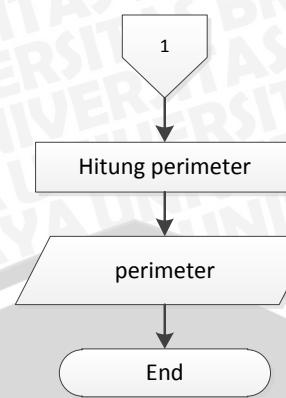


Gambar 3.10 Flowchart Ekstraksi Fitur

Deskripsi proses Gambar 3.10 :

1. Data masukan yang diperlukan dalam perhitungan fitur geometri yaitu berupa arah kode rantai serta koordinat piksel tepi yang diperoleh dari hasil representasi bentuk dengan menggunakan *chain code* dan beberapa rumus geometri.
2. Perhitungan Luas
Nilai parameter luas diperoleh dari perhitungan jumlah piksel objek. Jumlah piksel objek didapat dari proses *labelling* dan *noise filtering*.
3. Perhitungan Perimeter

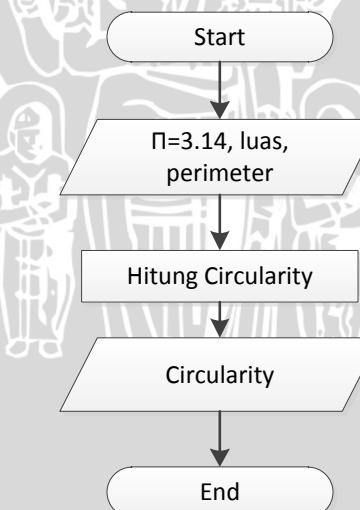




Gambar 3.11 Flowchart Perhitungan Perimeter

Deskripsi proses Gambar 3.11 :

1. Perhitungan *perimeter* ini membutuhkan data input berupa jumlah dari kode genap dan jumlah dari kode ganjil dari *chain code*.
2. Perhitungan *perimeter* dapat dilakukan dengan menggunakan persamaan 2.14
4. Perhitungan Circularity

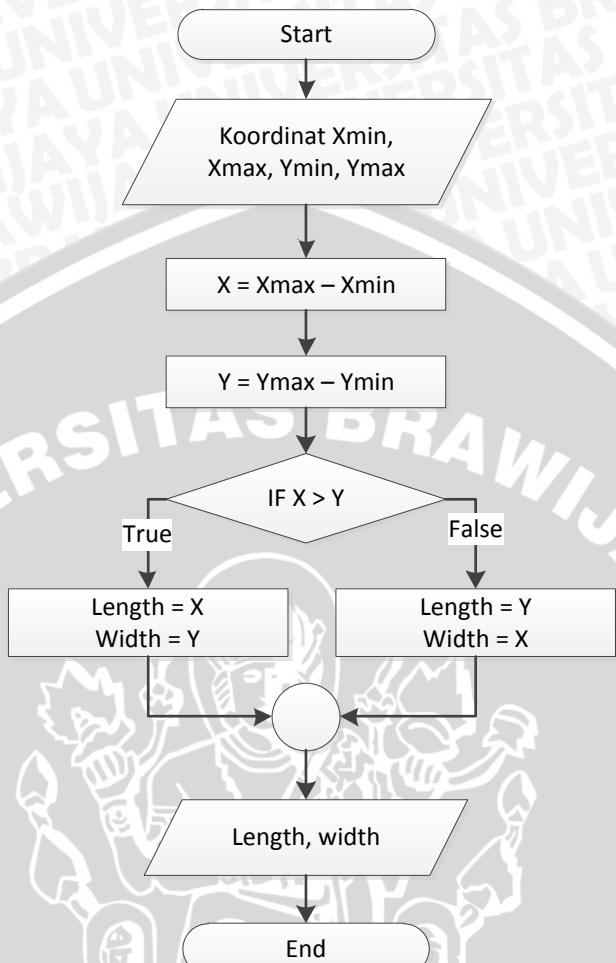


Gambar 3.12 Flowchart Perhitungan Circularity

Deskripsi proses Gambar 3.12 :

1. Perhitungan *circularity* dapat diperoleh setelah mendapatkan nilai *perimeter* dan luas dari objek.
2. Perhitungan *circularity* dapat dilakukan dengan menggunakan persamaan 2.15

5. Perhitungan *Length* dan *Width*

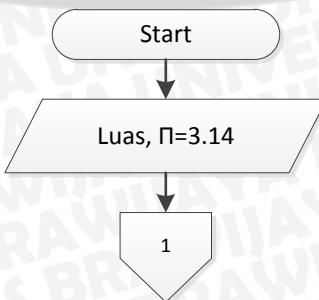


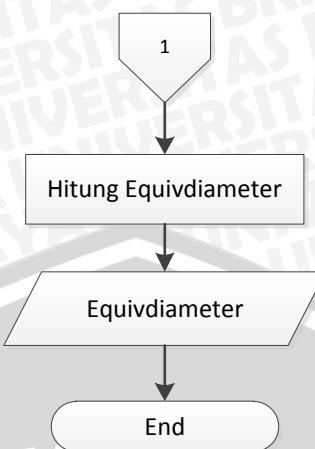
Gambar 3.13 Proses Perhitungan *Length* dan *Width*

Deskripsi proses Gambar 3.13 :

- Untuk menghitung *width* dan *length* dari objek diperlukan data input berupa koordinat Xmin,Xmax,Ymin,dan Ymax
- Length* menunjukkan sisi panjang dari objek dan *width* menunjukkan sisi pendek dari objek.

6. Perhitungan Equivdiameter



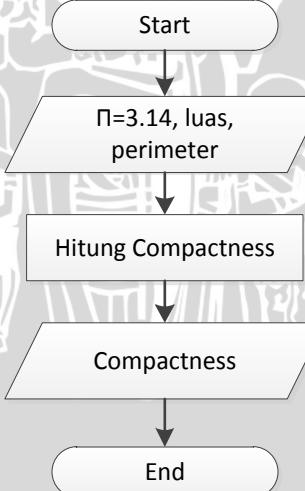


Gambar 3.14 Proses Perhitungan Equivdiameter

Deskripsi proses Gambar 3.14 :

1. Data input yang diperlukan berupa nilai luas objek
2. Perhitungan *equivdiameter* dapat dilakukan dengan menggunakan persamaan 2.16

7. Perhitungan Compactness

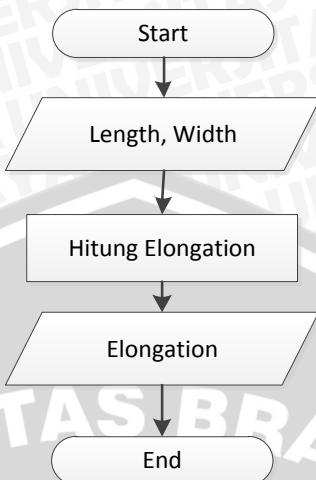


Gambar 3.15 Proses Perhitungan Compactness

Deskripsi proses Gambar 3.15 :

1. Data input berupa nilai *perimeter* dan luas objek.
2. *Compactness* dapat dihitung menggunakan persamaan 2.17

8. Perhitungan Elongation



Gambar 3.16 Proses Perhitungan Elongation

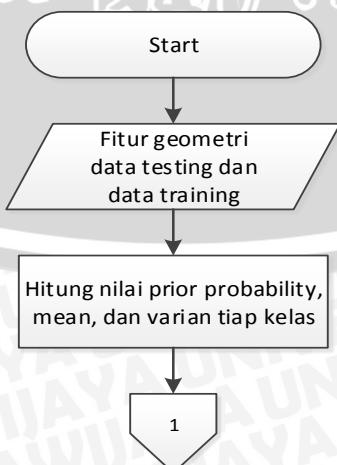
Keterangan flowchart :

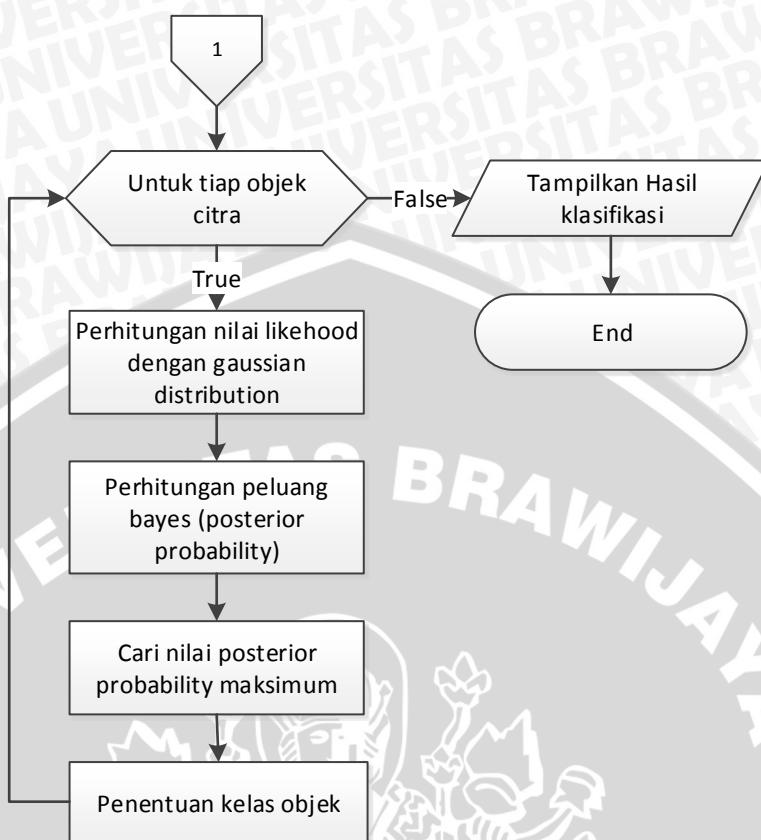
1. Data input berupa nilai *length* dan *width*.
2. Untuk mencari *elongation* dapat dicari dengan menggunakan persamaan 2.18
9. Tahapan akhir dari proses ekstraksi fitur ini yaitu penyimpanan fitur-fitur tersebut kedalam database.

6. Proses klasifikasi

Metode yang digunakan : Naive Bayes Classifier

Tujuan proses : melakukan identifikasi jenis sel leukosit berdasarkan fitur geometrinya.





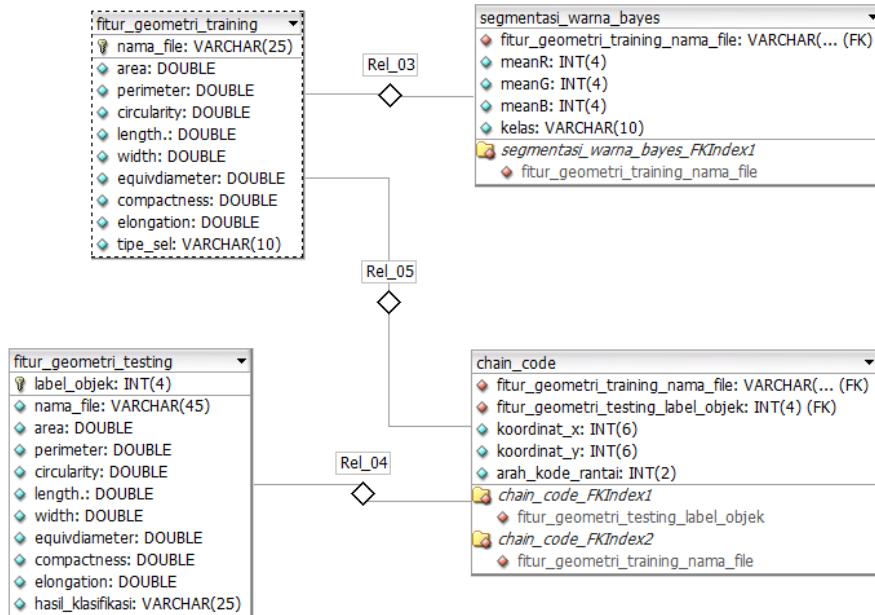
Gambar 3.17 Flowchart Proses klasifikasi

Deskripsi proses Gambar 3.17 :

1. Tahap awal dari proses klasifikasi menggunakan *Naive Bayes* adalah menghitung nilai *mean*, varian dan nilai peluang tiap kelas (*prior probability*) dari data training. Nilai *mean* dan varian ini akan digunakan dalam menghitung nilai *likelihood*.
2. Proses perhitungan nilai *likelihood* dari masing-masing kelas dicari dengan menggunakan rumus *gaussian distribution*.
3. Untuk setiap objek dari citra, hitung nilai peluang bayes terhadap masing-masing kelas (*posterior probability*). Tentukan kelas dari objek tersebut berdasarkan nilai peluang terbesar.

3.3.1 Entity Relationship (ER) Diagram

Pembuatan ER Diagram ini menggunakan aplikasi bernama DB designer versi 4.0.5.6. ERD merupakan struktur database yang akan digunakan dalam identifikasi jenis sel leukosit.



Gambar 3.18 ER-Diagram

Keterangan ERD Gambar 3.18:

1. Entitas fitur_geometri_training

Entitas ini berfungsi untuk menyimpan nilai fitur geometri dari citra training.

2. Entitas fitur_geometri_testing

Entitas ini berfungsi untuk menyimpan nilai fitur geometri dari citra testing.

3. Entitas segmentasi_warna_bayes

Entitas ini digunakan untuk menyimpan data training dari proses segmentasi warna dengan menggunakan *Naive Bayes Classifier*.

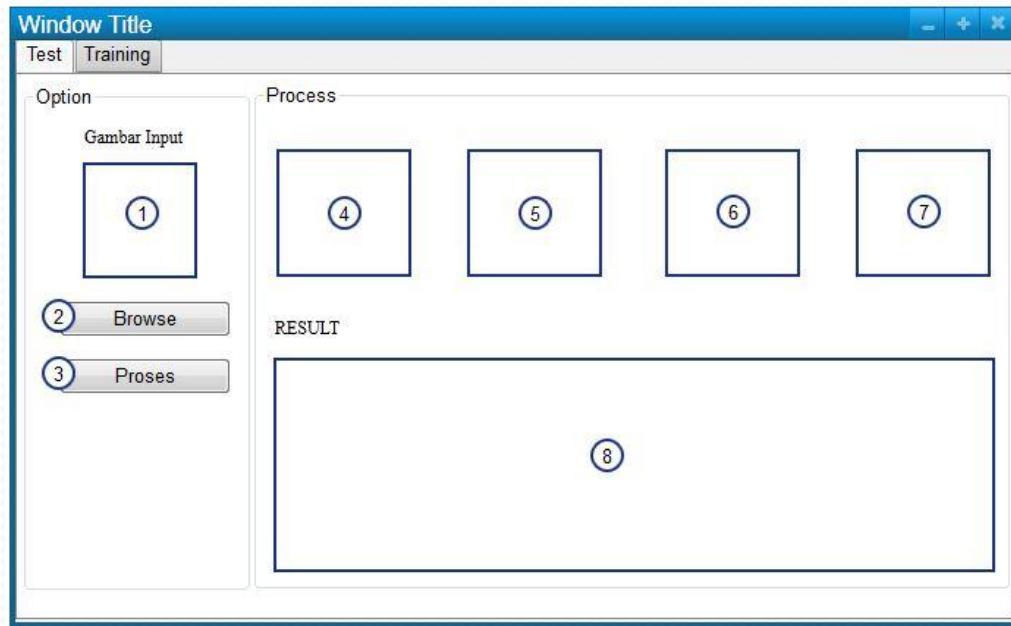
4. Entitas chain_code

Entitas ini berfungsi untuk menyimpan koordinat piksel tepi dan arah kode rantai yang dihasilkan dari proses analisis bentuk dengan menggunakan *chain code*.

3.4 Rancangan interface

Tahapan implementasi merupakan tahapan dalam mengimplementasikan algoritma yang telah dirancang sebelumnya kedalam bentuk bahasa pemrograman. Hasil dari proses implementasi ini akan menghasilkan suatu aplikasi yang bertujuan untuk merepresentasikan tujuan dari perancangan sistem dari metode yang diusulkan. Proses implementasi nantinya terdiri dari dua tahap, yaitu

pembutana kode program serta pembuatan *interface* program sebagai media interaktif antara sistem dengan pengguna. Dalam pembuatan rancangan *user interface* ini menggunakan aplikasi bernama “Pencil”. Berikut merupakan rancangan dari *user interface* dalam sistem identifikasi jenis sel leukosit.

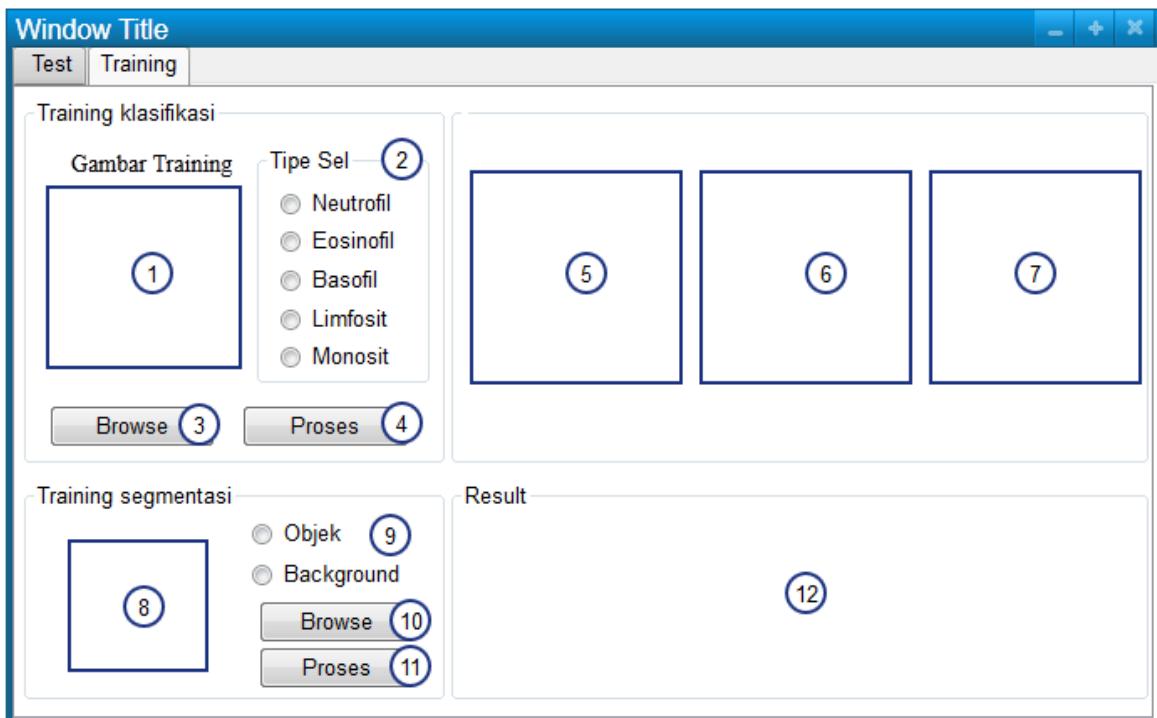


Gambar 3.19 Tampilan Program Testing

Tampilan program testing pada Gambar 3.19 tersebut berfungsi untuk melakukan proses identifikasi jenis sel. Dalam tampilan ini terdapat beberapa komponen diantaranya :

1. *PictureBox1* digunakan untuk menampilkan gambar asli.
2. Tombol “Browse” yang berfungsi untuk memilih gambar yang akan diproses.
3. Tombol “Proses” yang berfungsi untuk memproses citra yang telah diinputkan. Setelah tombol “Proses” dijalankan, maka hasil tiap proses akan ditampilkan pada masing-masing *PictureBox*. Dan hasil klasifikasi akan ditampilkan pada kolom “RESULT”
4. *PictureBox2* digunakan untuk menampilkan citra hasil proses *K-means clustering*
5. *PictureBox3* digunakan untuk menampilkan citra hasil proses segmentasi objek menggunakan *naive bayes classifier*

6. *PictureBox4* digunakan untuk menampilkan citra hasil proses *labelling* dan *noise filtering*
7. *PictureBox5* digunakan untuk menampilkan citra hasil proses analisis bentuk dengan menggunakan *chain code*
8. Merupakan kolom “RESULT” yang berfungsi untuk menampilkan hasil dari proses ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi sel dari citra uji.



Gambar 3.20 Tampilan Program Training

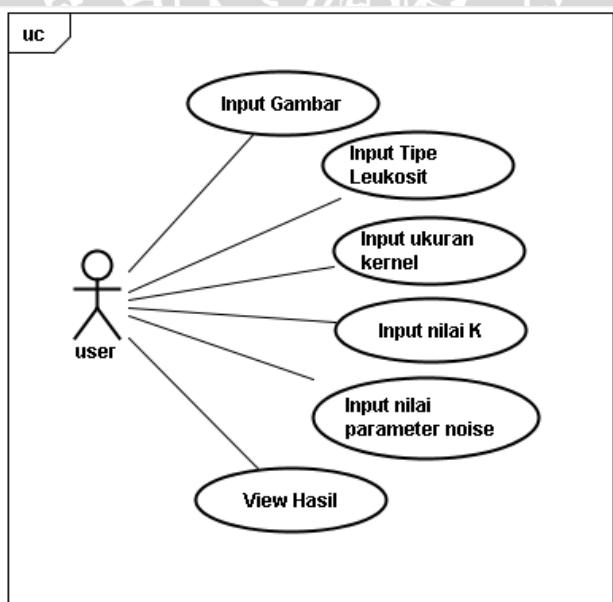
Tampilan program training pada Gambar 3.20 tersebut berfungsi untuk melakukan proses pelatihan sistem. Dalam tampilan ini terbagi dalam 2 proses, proses training untuk klasifikasi dan proses training untuk segmentasi dengan rincian komponen yaitu :

- 1 dan 8 Merupakan “PictureBox” yang digunakan untuk menampilkan gambar training yang akan diproses.
- 2 dan 9 Merupakan tombol “Radio Button” yang digunakan untuk memilih kelas dari citra training
- 3 dan 10 Merupakan tombol “Browse” yang berfungsi untuk memilih citra yang akan digunakan untuk peroses training.

- 4 dan 11 Merupakan tombol “Proses” yang berfungsi untuk menjalankan proses training.
- 5 Merupakan “PictureBox” yang berfungsi untuk menampilkan citra hasil proses segmentasi warna pada proses training klasifikasi
- 6 Merupakan “PictureBox” yang berfungsi untuk menampilkan citra hasil proses *labelling* dan *noise filtering* pada proses training klasifikasi
- 7 Merupakan “PictureBox” yang berfungsi untuk menampilkan citra hasil proses analisis bentuk dengan menggunakan *chain code* pada proses training klasifikasi
- 12 Merupakan kolom “Result” yang digunakan untuk menampilkan hasil dari proses training klasifikasi maupun hasil dari proses training segmentasi

3.5 Unifield Modeling Language

3.5.1 Use Case Diagram



Gambar 3.21 Use Case

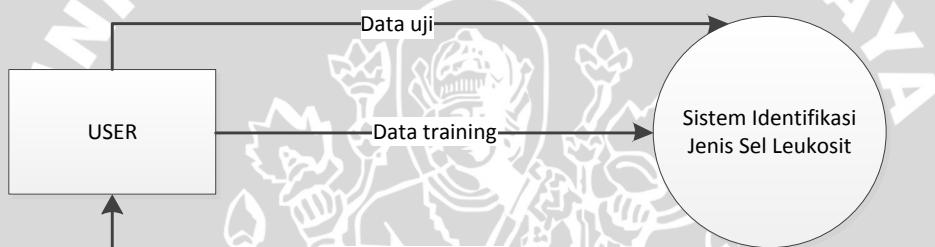
User bertindak sebagai aktor dalam menjalankan aplikasi identifikasi jenis sel leukosit. Dalam sistem tersebut (Gambar 3.21), user dapat melakukan:

1. Input gambar
2. Input tipe sel

3. Input ukuran kernel
4. Input nilai K
5. Input nilai parameter noise
6. View hasil

3.5.2 Context Diagram

Context Diagram dari sistem identifikasi jenis sel leukosit digambarkan oleh Gambar 3.22. Dimana user dapat memberikan input ke sistem berupa citra sel leukosit untuk proses pengujian maupun training sistem. Sedangkan output yang dihasilkan oleh sistem berupa jenis sel leukosit yang diperoleh dari hasil identifikasi.



Gambar 3.22 Context Diagram

3.6 Implementasi program

Dalam pembuatan program aplikasi identifikasi jenis sel leukosit ini menggunakan bahasa C# dengan menggunakan Microsoft Visual Studio 2010. Operating System menggunakan Window 7 Home Premium. RAM yang digunakan 4GB. Prosesor Intel Core i3.

3.7 Analisis Sistem

Setelah tahap implementasi selesai, tahapan selanjutnya adalah melakukan penilaian kinerja sistem yang dilakukan dengan mengukur nilai akurasi dari hasil keluaran sistem. Tahapan analisis ini digunakan untuk melihat hasil dari implementasi algoritma, apakah hasil dari implementasi terhadap identifikasi jenis sel leukosit mampu mengidentifikasi jenis sel leukosit dengan benar atau tidak. Hasilnya dapat dinilai secara kuantitatif, hasilnya dikatakan baik jika sistem mampu mengidentifikasi citra sel leukosit secara benar. Adapun analisis yang dilakukan berupa :

- a. Analisis jumlah fitur yang digunakan terhadap tingkat akurasi proses identifikasi jenis sel leukosit.

Jumlah fitur geometri yang digunakan dalam sistem berjumlah 8 fitur. Dalam proses pengujian dan analisis nantinya akan digunakan jumlah fitur yang berbeda untuk melihat akurasi yang dihasilkan. Berikut merupakan perancangan analisis sistem identifikasi jenis sel leukosit yang ditunjukkan oleh Tabel 3.1

Tabel 3.1 Analisis jumlah fitur

Jumlah Fitur	Fitur yang digunakan	Akurasi

- b. Analisis akurasi dari masing-masing jenis sel

Analisis terhadap masing-masing jenis sel digunakan untuk menentukan hasil identifikasi terbaik terhadap jenis sel yang diuji. Berikut merupakan perancangan analisis dari masing-masing jenis sel yang ditunjukkan oleh Tabel 3.2

Tabel 3.2 Analisis masing-masing jenis sel

Jenis sel	Akurasi



3.8 Proses Manualisasi

Manualisasi K-means Clustering

Data yang belum ter-kluster

	R	G	B
X1	250	214	198
X2	247	230	202
X3	221	197	193
X4	101	41	129
X5	87	23	120
X6	77	13	110

- Menentukan banyaknya K kluster
 $K = 2$, data dipartisi ke dalam dua kluster

Iterasi 1

- Inisialisasi K pusat kluster awal secara random
 $M1 = X2 = (247; 230; 202)$
 $M2 = X3 = (221; 197; 193)$
- Hitung jarak masing-masing data dengan pusat kluster menggunakan *Euclidean Distance*

$$d(X1, M1) = \sqrt{(250 - 247)^2 + (214 - 230)^2 + (198 - 202)^2} = 16,76$$

$$d(X1, M2) = \sqrt{(250 - 221)^2 + (214 - 197)^2 + (198 - 193)^2} = 33,98$$

$$d(X2, M1) = \sqrt{(247 - 247)^2 + (230 - 230)^2 + (202 - 202)^2} = 0$$

$$d(X2, M2) = \sqrt{(247 - 221)^2 + (230 - 197)^2 + (202 - 193)^2} = 42,96$$

$$d(X3, M1) = \sqrt{(221 - 247)^2 + (197 - 230)^2 + (193 - 202)^2} = 42,96$$

$$d(X3, M2) = \sqrt{(221 - 221)^2 + (197 - 197)^2 + (193 - 193)^2} = 0$$

$$d(X4, M1) = \sqrt{(101 - 247)^2 + (41 - 230)^2 + (129 - 202)^2} = 249,73$$

$$d(X4, M2) = \sqrt{(101 - 221)^2 + (41 - 197)^2 + (129 - 193)^2} = 206,95$$

$$d(X5, M1) = \sqrt{(87 - 247)^2 + (23 - 230)^2 + (120 - 202)^2} = 230,59$$

$$d(X5, M2) = \sqrt{(87 - 221)^2 + (23 - 197)^2 + (120 - 193)^2} = 231,43$$

$$d(X6, M1) = \sqrt{(77 - 247)^2 + (13 - 230)^2 + (110 - 202)^2} = 290,60$$

$$d(X6, M2) = \sqrt{(77 - 221)^2 + (13 - 197)^2 + (110 - 193)^2} = 247,95$$

Dari hasil perhitungan jarak diperoleh hasil :

Data	Anggota Kluster
X1	C1
X2	C1
X3	C2
X4	C2
X5	C1
X6	C2

4. Update nilai pusat kluster

$$M1 = (X1, X2, X5) \text{ dan } M2 = (X3, X4, X6)$$

$$M1 = \frac{250 + 247 + 87}{3}; \frac{214 + 230 + 23}{3}; \frac{198 + 202 + 120}{3} = 194; 155; 173$$

$$M2 = \frac{221 + 101 + 77}{3}; \frac{197 + 41 + 13}{3}; \frac{193 + 129 + 110}{3} = 133; 83; 144$$

Iterasi 2

Hitung jarak terhadap titik pusat baru dan menentukan anggota klusternya

Data	Jarak dengan M1	Jarak dengan M2	Anggota Kluster
X1	85,09	183,75	C1
X2	96,30	194,85	C1
X3	53,78	152,12	C1
X4	153,56	54,89	C2
X5	177,99	79,32	C2
X6	194,47	95,87	C2

Update nilai pusat kluster

$$M1 = (X1, X2, X3) \text{ dan } M2 = (X4, X5, X6)$$

$$M1 = \frac{250 + 247 + 221}{3}; \frac{214 + 197 + 230}{3}; \frac{198 + 202 + 193}{3} = 239; 213; 197$$

$$M2 = \frac{101 + 87 + 77}{3}; \frac{41 + 23 + 13}{3}; \frac{129 + 120 + 110}{3} = 88; 25; 119$$

Karena nilai pusat baru tidak sama dengan nilai pusat lama, maka dilakukan proses iterasi lagi



Iterasi 3

Hitung jarak terhadap titik pusat baru dan menentukan anggota klusternya

Data	Jarak dengan M1	Jarak dengan M2	Anggota Kluster
X1	11,09	261,16	C1
X2	19,44	272,38	C1
X3	24,41	229,67	C1
X4	230,76	22,91	C2
X5	255,21	2,44	C2
X6	271,68	18,60	C2

Update nilai pusat kluster

$$M1 = (X1, X2, X3) \text{ dan } M2 = (X4, X5, X6)$$

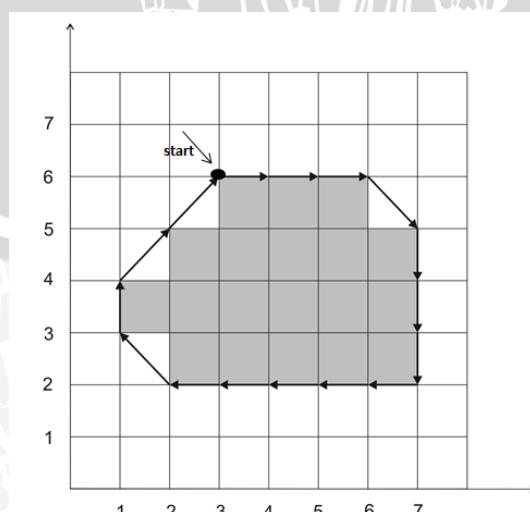
$$M1 = \frac{250 + 247 + 221}{3}; \frac{214 + 197 + 230}{3}; \frac{198 + 202 + 193}{3} = 239; 213; 197$$

$$M2 = \frac{101 + 87 + 77}{3}; \frac{41 + 23 + 13}{3}; \frac{129 + 120 + 110}{3} = 88; 25; 119$$

Karena nilai pusat setelah diupdate dengan nilai pusat sebelumnya tidak mengalami perubahan (*konvergen*) maka proses iterasi berakhir.

Manualisasi representasi bentuk dengan chain code dan ekstraksi fitur geometri

Gambar 3.23 menunjukkan proses representasi bentuk menggunakan *chain code*. Hasil dari proses chain code ditunjukkan pada Tabel 3.2



Gambar 3.23 Kode Rantai



Tabel 3.3 Hasil Kode Rantai

Kode rantai yang diperoleh :	0	0	0	7	6	6	6
Koordinat piksel yang diperoleh :	(3,6)	(4,6)	(5,6)	(6,6)	(7,5)	(7,4)	(7,3)

4	4	4	4	4	3	2	1	1
(7,2)	(6,2)	(5,2)	(4,2)	(3,2)	(2,2)	(1,3)	(1,4)	(2,5)

Perhitungan fitur geometri :

1. Perimeter

$$P = \text{Jumlah kode genap} + \sqrt{2} \times \text{jumlah kode ganjil}$$

$$\begin{aligned} P &= 12 + \sqrt{2} \times 4 \\ &= 17,657 \end{aligned}$$

2. Luas Area Objek

Luas objek dapat diperoleh dengan menjumlahkan piksel dari objek.

$$\text{Luas Area Objek} = 19$$

3. Circularity / Form Factor

$$\text{Circularity} = \frac{4 * \pi * \text{Luas Area Objek}}{\text{Perimeter}^2}$$

$$= \frac{4 * 3,14 * 19}{(17,657)^2} = 0,76543692$$

4. *Length* dan *Width*

Length adalah sisi panjang dari persegi panjang minimum yang melingkupi area objek.

Width adalah sisi pendek dari persegi panjang minimum yang melingkupi area objek.

$$\text{Koordinat } X \text{ minimum} = 1$$

$$\text{Koordinat } X \text{ maksimum} = 7$$

Panjang koordinat X maksimum objek = 7 – 1 = 6 piksel

Koordinat Y minimum = 2

Koordinat Y maksimum = 6

Panjang koordinat Y maksimum objek = 6 – 2 = 4 piksel

Dengan *Length* adalah sisi panjang dari objek maka, *Length* = 6

Width adalah sisi pendek dari objek maka, *Width* = 4

5. Equivdiameter

$$\begin{aligned}
 &= \sqrt{\frac{4 * \text{Luas Area Objek}}{\pi}} \\
 &= \sqrt{\frac{4 * 19}{3,14}} \\
 &= 4,919737966
 \end{aligned}$$

6. Compactness

$$\begin{aligned}
 &= \frac{\text{perimeter}^2}{4 * \pi * \text{Luas Area Objek}} \\
 &= \frac{(17,657)^2}{4 * 3,14 * 19} \\
 &= 1,306443383
 \end{aligned}$$

7. Elongation

$$\begin{aligned}
 &= \frac{\text{Length}}{\text{Width}} \\
 &= \frac{6}{4} \\
 &= 1,5
 \end{aligned}$$



Manualisasi proses klasifikasi dengan Naive Bayes Classifier

Data training

Nama file	area	perimeter	circularity	Length	width	equivdiameter	compactness	elongation	Tipe sel
LY_11.jpg	6245	296.01	0.9	91	84	89.19	1.12	1.08	Limfosit
LY_1.jpg	7398	361.5	0.71	102	96	97.08	1.41	1.06	Limfosit
LY_5.jpg	8000	342.84	0.85	100	97	100.95	1.17	1.03	Limfosit
LY_23.jpg	6286	320.49	0.77	97	85	89.49	1.3	1.14	Limfosit
LY_144.jpg	7892	335.22	0.88	105	92	100.27	1.13	1.14	Limfosit
SNE_640.jpg	4837	388.23	0.4	118	70	78.5	2.48	1.69	Neutrofil
SNE_668.jpg	4604	353.3	0.46	98	87	76.58	2.16	1.13	Neutrofil
SNE_15.jpg	5744	902.15	0.09	114	113	85.54	11.28	1.01	Neutrofil
SNE_608.jpg	5039	442.52	0.32	107	87	80.12	3.09	1.23	Neutrofil
BNF_674.jpg	4810	444.03	0.31	97	88	78.28	3.26	1.1	Neutrofil
MO_18.jpg	9922	454.62	0.6	134	122	112.43	1.66	1.1	Monosit
MO_19.jpg	9370	389.81	0.77	132	92	109.25	1.29	1.43	Monosit
MO_207.jpg	8789	378.72	0.77	116	114	105.81	1.3	1.02	Monosit
MO_110.jpg	9399	417.4	0.68	134	105	109.42	1.48	1.28	Monosit
MO_588.jpg	9750	439.35	0.63	138	124	111.45	1.58	1.11	Monosit
eos309047_N_S.jpg	8069	380.58	0.7	124	103	101.39	1.43	1.2	Eosinofil
eos307755_N_S.jpg	7178	468.66	0.41	108	103	95.62	2.44	1.05	Eosinofil
EO_659.jpg	9215	522.22	0.42	165	92	108.35	2.36	1.79	Eosinofil
eos303641_N_S.jpg	7889	418.96	0.56	118	104	100.25	1.77	1.13	Eosinofil
eos300431_N_S.jpg	6849	476.82	0.38	128	105	93.41	2.64	1.22	Eosinofil
BA_378.jpg	13046	454.7	0.79	142	136	128.92	1.26	1.04	Basofil

Basophil 2.jpg	12725	682.62	0.34	152	143	127.32	2.92	1.06	Basofil
UI_857.jpg	11494	490.42	0.6	132	118	121	1.67	1.12	Basofil
bas295724_N_S.jpg	12100	670.48	0.34	157	124	124.15	2.96	1.27	Basofil
UI_727.jpg	12384	449.35	0.77	152	105	125.6	1.3	1.45	Basofil

Data test

Nama file	area	Perimeter	circularity	Length	width	equivdiameter	compactness	elongation
bas308549_N_S.jpg	12515	596,16	0,44	153	141	126,26	2,26	1,09



Proses Klasifikasi

Dalam proses klasifikasi ini akan dilakukan perhitungan nilai *mean*, varian, nilai *prior probability*, perhitungan nilai *likelihood* dan perhitungan nilai *posterior probability* hingga didapat suatu kesimpulan berupa hasil klasifikasi. Dengan rincian proses sebagai berikut :

1. Menghitung nilai mean data latih untuk masing-masing kelas

Nilai *mean* (rata-rata) dari data latih untuk masing-masing kelas dapat dihitung dengan menggunakan rumus :

$$\mu_i = \frac{x_1 + x_2 + x_3 + \dots + x_n}{n}$$

Keterangan :

μ_i menyatakan rata-rata dari atribut i

X_n menyatakan nilai atribut ke n

n menyatakan jumlah dari atribut i

Limfosit

$$\mu_{\text{area}} (\text{limfosit}) = \frac{6245+7398+8000+6286+7892}{5} = 7164,2$$

$$\mu_{\text{perimeter}} (\text{limfosit}) = \frac{296,01+361,5+342,84+320,49+335,22}{5} = 331,212$$

$$\mu_{\text{circularity}} (\text{limfosit}) = \frac{0,9+0,71+0,85+0,77+0,88}{5} = 0,822$$

$$\mu_{\text{length}} (\text{limfosit}) = \frac{91+102+100+97+105}{5} = 99$$

$$\mu_{\text{width}} (\text{limfosit}) = \frac{84+96+97+85+92}{5} = 90,8$$

$$\mu_{\text{equivdiameter}} (\text{limfosit}) = \frac{89+97,08+100,95+89,49+100,27}{5} = 95,396$$

$$\mu_{\text{compactness}} (\text{limfosit}) = \frac{1,12+1,41+1,17+1,3+1,13}{5} = 1,226$$

$$\mu_{\text{elongation}} (\text{limfosit}) = \frac{1,08+1,06+1,03+1,14+1,14}{5} = 1,09$$

Neutrofil

μ_{area} (neutrofil)	= 5006,8
$\mu_{perimeter}$ (neutrofil)	= 506,046
$\mu_{circularity}$ (neutrofil)	= 0,316
μ_{length} (neutrofil)	= 106,8
μ_{width} (neutrofil)	= 89
$\mu_{equivdiameter}$ (neutrofil)	= 79,804
$\mu_{compactness}$ (neutrofil)	= 4,454
$\mu_{elongation}$ (neutrofil)	= 1,232

Monosit

μ_{area} (monosit)	= 189656,5
$\mu_{perimeter}$ (monosit)	= 1028,59985
$\mu_{circularity}$ (monosit)	= 0,00615
μ_{length} (monosit)	= 73,2
μ_{width} (monosit)	= 173,8
$\mu_{equivdiameter}$ (monosit)	= 6,48112
$\mu_{compactness}$ (monosit)	= 0,02732
$\mu_{elongation}$ (monosit)	= 0,02727

Eosinofil

μ_{area} (eosinofil)	= 841448
$\mu_{perimeter}$ (eosinofil)	= 3001,60272
$\mu_{circularity}$ (eosinofil)	= 0,01808



μ_{length} (eosinofil)	= 470,8
μ_{width} (eosinofil)	= 28,3
$\mu_{equivdiameter}$ (eosinofil)	= 33,53438
$\mu_{compactness}$ (eosinofil)	= 0,25717
$\mu_{elongation}$ (eosinofil)	= 0,08637

Basofil

μ_{area} (basofil)	= 355358,2
$\mu_{perimeter}$ (basofil)	= 13716,15068
$\mu_{circularity}$ (basofil)	= 0,04877
μ_{length} (basofil)	= 100
μ_{width} (basofil)	= 223,7
$\mu_{equivdiameter}$ (basofil)	= 9,25982
$\mu_{compactness}$ (basofil)	= 0,72802
$\mu_{elongation}$ (basofil)	= 0,02957

2. Menghitung nilai varian dari data latih untuk masing-masing kelas

Menghitung nilai varian dari data latih untuk masing-masing kelas dengan menggunakan rumus :

$$\sigma_i^2 = \frac{\sum(X_i - \mu_i)^2}{N - 1}$$

Keterangan :

σ^2 merupakan varian dari atribut i

X_i merupakan nilai dari atribut i

μ_i merupakan nilai rata-rata dari atribut i

N merupakan jumlah dari atribut i

Limfosit



$$\sigma^2_{\text{area (limfosit)}} =$$

$$\frac{(6245-7164,2)^2 + (7398-7164,2)^2 + (8000-7164,2)^2 + (6286-7164,2)^2 + (7892-7164,2)^2}{4}$$

$$= 724770,2$$

$$\sigma^2_{\text{perimeter (limfosit)}} =$$

$$\frac{(296,01-331,212)^2 + (361,5-331,212)^2 + (342,84-331,212)^2 + (320,49-331,212)^2 + (335,22-331,212)^2}{4}$$

$$= 605,69487$$

$$\sigma^2_{\text{circularity (limfosit)}} =$$

$$\frac{(0,9-0,822)^2 + (0,71-0,822)^2 + (0,85-0,822)^2 + (0,77-0,822)^2 + (0,88-0,822)^2}{4}$$

$$= 0,00637$$

$$\sigma^2_{\text{length (limfosit)}} =$$

$$\frac{(91-99)^2 + (102-99)^2 + (100-99)^2 + (97-99)^2 + (105-99)^2}{4}$$

$$= 28,5$$

$$\sigma^2_{\text{width (limfosit)}} =$$

$$\frac{(84-90,8)^2 + (96-90,8)^2 + (97-90,8)^2 + (85-90,8)^2 + (92-90,8)^2}{4}$$

$$= 36,7$$

$$\sigma^2_{\text{equivdiameter (limfosit)}} =$$

$$\frac{(89,19-95,396)^2 + (97,08-95,396)^2 + (100,95-95,396)^2 + (89,49-95,396)^2 + (100,27-95,396)^2}{4}$$

$$= 32,70848$$

$$\sigma^2_{\text{equivdiameter (limfosit)}} =$$

$$\frac{(89,19-95,396)^2 + (97,08-95,396)^2 + (100,95-95,396)^2 + (89,49-95,396)^2 + (100,27-95,396)^2}{4}$$

$$= 32,70848$$

$$\sigma^2_{\text{compactness (limfosit)}} =$$

$$\frac{(1,12-1,226)^2 + (1,41-1,226)^2 + (1,17-1,226)^2 + (1,3-1,226)^2 + (1,13-1,226)^2}{4}$$

$$= 15,536521$$

$$\sigma^2_{\text{elongation (limfosit)}} =$$



$$\frac{(1,08-1,09)^2 + (1,06-1,09)^2 + (1,03-1,09)^2 + (1,14-1,09)^2 + (1,14-1,09)^2}{4} = 0,0024$$

Neutrofil

$\sigma^2_{\text{area}}(\text{neutrofil})$	= 193577,7
$\sigma^2_{\text{perimeter}}(\text{neutrofil})$	= 50497,96653
$\sigma^2_{\text{circularity}}(\text{neutrofil})$	= 0,01973
$\sigma^2_{\text{length}}(\text{neutrofil})$	= 87,7
$\sigma^2_{\text{width}}(\text{neutrofil})$	= 236,5
$\sigma^2_{\text{equivdiameter}}(\text{neutrofil})$	= 11,85468
$\sigma^2_{\text{compactness}}(\text{neutrofil})$	= 14,75988
$\sigma^2_{\text{elongation}}(\text{neutrofil})$	= 0,07172

Monosit

$\sigma^2_{\text{area}}(\text{monosit})$	= 189656,5
$\sigma^2_{\text{perimeter}}(\text{monosit})$	= 1028,59985
$\sigma^2_{\text{circularity}}(\text{monosit})$	= 0,00615
$\sigma^2_{\text{length}}(\text{monosit})$	= 73,2
$\sigma^2_{\text{width}}(\text{monosit})$	= 173,8
$\sigma^2_{\text{equivdiameter}}(\text{monosit})$	= 6,48112
$\sigma^2_{\text{compactness}}(\text{monosit})$	= 0,02732
$\sigma^2_{\text{elongation}}(\text{monosit})$	= 0,02727

Eosinofil

$\sigma^2_{\text{area}}(\text{eosinofil})$	= 841448
$\sigma^2_{\text{perimeter}}(\text{eosinofil})$	= 3001,60272
$\sigma^2_{\text{circularity}}(\text{eosinofil})$	= 0,01808
$\sigma^2_{\text{length}}(\text{eosinofil})$	= 470,8
$\sigma^2_{\text{width}}(\text{eosinofil})$	= 28,3
$\sigma^2_{\text{equivdiameter}}(\text{eosinofil})$	= 33,53438
$\sigma^2_{\text{compactness}}(\text{eosinofil})$	= 0,25717
$\sigma^2_{\text{elongation}}(\text{eosinofil})$	= 0,08637

Basofil

$\sigma^2_{\text{area}}(\text{basofil})$	= 355358,2
$\sigma^2_{\text{perimeter}}(\text{basofil})$	= 13716,15068
$\sigma^2_{\text{circularity}}(\text{basofil})$	= 0,04877
$\sigma^2_{\text{length}}(\text{basofil})$	= 100
$\sigma^2_{\text{width}}(\text{basofil})$	= 223,7
$\sigma^2_{\text{equivdiameter}}(\text{basofil})$	= 9,25982
$\sigma^2_{\text{compactness}}(\text{basofil})$	= 0,72802
$\sigma^2_{\text{elongation}}(\text{basofil})$	= 0,02957

3. Menghitung nilai prior probability masing-masing kelas

Menghitung nilai probabilitas / *prior probability* untuk masing-masing kelas ($P(C_i)$) dengan menggunakan rumus :

$$P(C_i) = \frac{\text{Jumlah data pada masing - masing kelas}}{\text{total jumlah data}}$$



$$P(\text{limfosit}) = \frac{5}{25} = 0,2$$

$$P(\text{neutrofil}) = \frac{5}{25} = 0,2$$

$$P(\text{monosit}) = \frac{5}{25} = 0,2$$

$$P(\text{eosinofil}) = \frac{5}{25} = 0,2$$

$$P(\text{basofit}) = \frac{5}{25} = 0,2$$

4. Menghitung nilai maksimum likelihood

Menghitung nilai maksimum *likelihood* dengan menggunakan rumus *Gaussian Distribution* :

$$P(X_i|Y_i) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}} \exp^{-\frac{(x_i-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

Keterangan :

P menyatakan peluang

X menyatakan atribut ke i

x_i menyatakan nilai tribut ke i

Y_i menyatakan kelas yang dicari

μ menyatakan nilai rata-rata

σ^2 menyatakan nilai varian

Nilai atribut dari data test

<i>area</i>	<i>perimeter</i>	<i>circularity</i>	<i>length</i>	<i>width</i>	<i>equiv.</i>	<i>compact.</i>	<i>elongation</i>
12515	596,16	0,44	153	141	126,26	2,26	1,09

Limfosit

$$P(\text{area} | \text{limfosit}) =$$

$$\frac{1}{\sqrt{2(3,14)(724770,2)}} \exp^{-\frac{(12515-7164,2)^2}{2(724770,2)}} = 1,23827E - 12$$



$$P(\text{perimeter} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(605,69487)}} \exp^{-\frac{(596,16-331,212)^2}{2(605,69487)}} = 1,10524E - 27$$

$$P(\text{circularity} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(0,00637)}} \exp^{-\frac{(0,44-7164,2)^2}{2(0,00637)}} = 5,30323E - 05$$

$$P(\text{length} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(28,5)}} \exp^{-\frac{(153-99)^2}{2(28,5)}} = 4,52904E - 24$$

$$P(\text{width} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(36,7)}} \exp^{-\frac{(141-90,8)^2}{2(36,7)}} = 8,09222E - 17$$

$$P(\text{equivdiameter} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(32,70848)}} \exp^{-\frac{(126,26-95,396)^2}{2(32,70848)}} = 3,30823E - 08$$

$$P(\text{compactness} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(15,536521)}} \exp^{-\frac{(2,26-1,226)^2}{2(15,536521)}} = 0,097813806$$

$$P(\text{elongation} | \text{limfosit}) = \frac{1}{\sqrt{2(3,14)(0,0024)}} \exp^{-\frac{(1,09-1,09)^2}{2(0,0024)}} = 8,145440156$$

Neutrofil

$$P(\text{area} | \text{neutrofil}) = 5,2563E - 67$$

$$P(\text{perimeter} | \text{neutrofil}) = 0,001638566$$

$$P(\text{circularity} | \text{neutrofil}) = 1,924107211$$

$$P(\text{length} | \text{neutrofil}) = 2,21104E - 07$$

$$P(\text{width} | \text{neutrofil}) = 8,53832E - 05$$

$$P(\text{equivdiameter} | \text{neutrofil}) = 3,40516E - 41$$

$$P(\text{ compactness} | \text{ neutrofil}) = 0,088239002$$

$$P(\text{ elongation} | \text{ neutrofil}) = 1,294640912$$

Monosit

$$P(\text{ area} | \text{ monosit}) = 1,50669E - 14$$

$$P(\text{ perimeter} | \text{ monosit}) = 1,74285E - 09$$

$$P(\text{ circularity} | \text{ monosit}) = 0,031608342$$

$$P(\text{ length} | \text{ monosit}) = 0,00160975$$

$$P(\text{ width} | \text{ monosit}) = 0,002433959$$

$$P(\text{ equivdiameter} | \text{ monosit}) = 9,4627E - 11$$

$$P(\text{ compactness} | \text{ monosit}) = 2,09545E - 05$$

$$P(\text{ elongation} | \text{ monosit}) = 2,026293189$$

Eosinofil

$$P(\text{ area} | \text{ eosinofil}) = 9,96235E - 10$$

$$P(\text{ perimeter} | \text{ eosinofil}) = 0,000244872$$

$$P(\text{ circularity} | \text{ eosinofil}) = 2,737781385$$

$$P(\text{ length} | \text{ eosinofil}) = 0,009772459$$

$$P(\text{ width} | \text{ eosinofil}) = 6,95923E - 14$$

$$P(\text{ equivdiameter} | \text{ eosinofil}) = 2,02321E - 06$$

$$P(\text{ compactness} | \text{ eosinofil}) = 0,76067244$$

$$P(\text{ elongation} | \text{ eosinofil}) = 1,106569148$$

Basofil

$$P(\text{ area} | \text{ basofil}) = 0,000644185$$

$$P(\text{ perimeter} | \text{ basofil}) = 0,003147437$$

$$P(\text{ circularity} | \text{ basofil}) = 1,527546495$$

$$P(\text{ length} | \text{ basofil}) = 0,03333091$$

$$P(\text{ width} | \text{ basofil}) = 0,01527073$$

$$P(\text{ equivdiameter} | \text{ basofil}) = 0,125977842$$

$$P(\text{ compactness} | \text{ basofil}) = 0,449835019$$

$$P(\text{elongation} \mid \text{basofil}) = 1,972729593$$

5. Menghitung nilai Posterior probability

$$P(C|X_1, \dots, X_n) = P(C_i) * \prod_{k=1}^n P(X_k|C_i)$$

$$P(\text{limfosit} \mid X_1, \dots, X_n)$$

$$= 0,2 * 1,23827E-12 * 1,10524E-27 * 5,30323E-05 * 4,52904E-24 * \\ 8,09222E-17 * 3,30823E-08 * 0,097813806 * 8,145440156$$

$$= 1,40225E-91$$

$$P(\text{neutrofil} \mid X_1, \dots, X_n)$$

$$= 0,2 * 5,2563E-67 * 0,001638566 * 1,924107211 * 2,21104E-07 * \\ 8,53832E-05 * 3,40516E-41 * 0,088239002 * 1,294640912$$

$$= 2,434E-122$$

$$P(\text{monosit} \mid X_1, \dots, X_n)$$

$$= 0,2 * 1,50669E-14 * 1,74285E-09 * 0,031608342 * 0,00160975 * \\ 0,002433959 * 9,4627E-11 * 2,09545E-05 * 2,026293189$$

$$= 2,61327E-45$$

$$P(\text{eosinofil} \mid X_1, \dots, X_n)$$

$$= 0,2 * 9,96235E-10 * 0,000244872 * 2,737781385 * 0,009772459 * \\ 6,95923E-14 * 2,02321E-06 * 0,76067244 * 1,106569148$$

$$= 1,54707E-34$$

$$P(\text{basofil} \mid X_1, \dots, X_n)$$

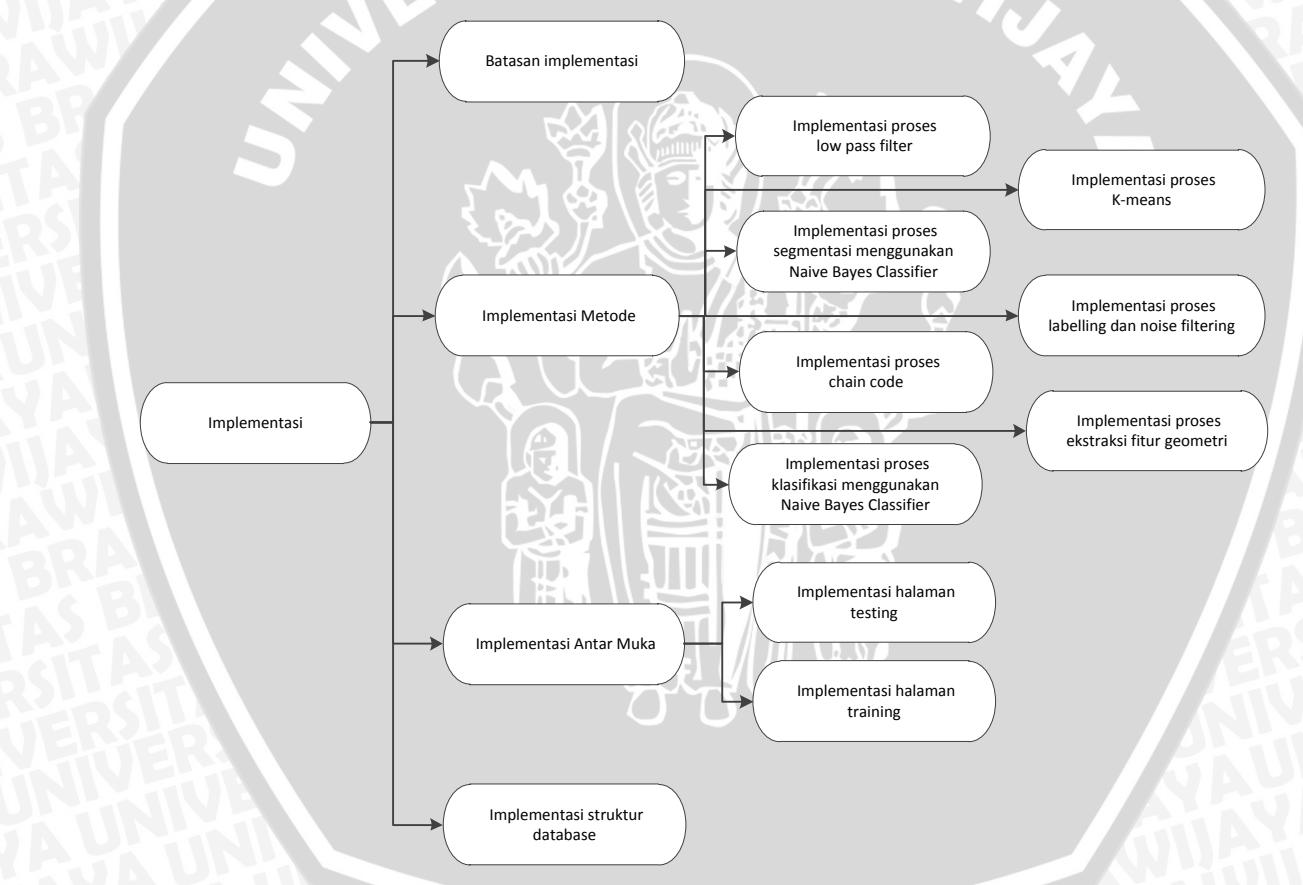
$$= 0,2 * 0,000644185 * 0,003147437 * 1,527546495 * 0,03333091 * \\ 0,01527073 * 0,125977842 * 0,449835019 * 1,972729593$$

$$= 3,52463E-11$$

Hasil klasifikasi yaitu dengan mengambil nilai posterior maksimum. Nilai posterior maksimum yaitu $3,52463E - 11$ berada pada kelas basofil. Maka data test tersebut masuk kedalam kelas Basofil.

BAB IV IMPLEMENTASI

Pada bab ini akan dijelaskan mengenai tahapan dari proses implementasi sistem identifikasi jenis sel leukosit berdasarkan pada proses perancangan perangkat lunak yang telah dibuat sebelumnya. Pembahasan terdiri dari penjelasan tentang batasan-batasan dalam implementasi, implementasi algoritma pada program, implementasi antar muka dan implementasi struktur database seperti yang ditunjukkan pada Gambar 4.1.



Gambar 4.1 Pohon Implementasi

4.1 Batasan Implementasi

Batasan implementasi merupakan batasan proses yang bisa dilakukan oleh sistem sesuai pada perancangan awal sistem. Batasan implementasi ditampilkan agar penelitian ini memiliki ruang lingkup yang jelas dan spesifik dalam mengimplementasikan sistem. Beberapa batasan dalam mengimplementasikan sistem identifikasi jenis sel leukosit pada citra mikroskopis adalah sebagai berikut:

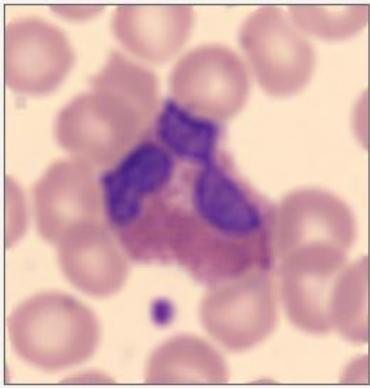
- a. Sistem identifikasi jenis sel leukosit pada citra mikroskopis ini berbasis *desktop application*.
- b. Teknik pengolahan citra digital digunakan dalam penyelesaian masalah dengan menggunakan metode ekstraksi fitur geometri dan *naive bayes classifier*.
- c. Output yang dihasilkan oleh sistem adalah fitur geometri dari sel yang diuji beserta jenis dari sel tersebut dan jumlah dari masing-masing jenis sel yang diperoleh.
- d. Citra sel leukosit yang digunakan berukuran 360*363 piksel bertipe .JPG yang diperoleh dari <http://www.cellavision.com/>
- e. Citra sel leukosit yang digunakan dapat berupa *single cell* ataupun *multiple cell* dengan kondisi *non-overlapping*.
- f. Jumlah fitur yang digunakan sebagai parameter dalam proses ekstraksi fitur berjumlah 8 fitur, yaitu *area* / luas, *perimeter* / keliling, *circularity*, *length*, *width*, *equivdiameter*, *compactness* dan *elongation*.

4.2 Implementasi Algoritma

Sistem identifikasi jenis sel leukosit ini terdiri dari beberapa proses, diantaranya proses *preprocessing*, proses segmentasi warna, proses *labelling* objek dan *noise filtering*, proses analisis bentuk objek dan ekstraksi fitur geometri, serta proses klasifikasi jenis sel.

4.2.1 Algoritma Proses Preprocessing

Proses *preprocessing* yang dilakukan berupa proses perbaikan citra menggunakan *low pass filtering*. Input dari proses ini berupa citra asli dari sel leukosit. Hasil dari proses preprocessing ini adalah citra dengan kondisi *blur* / buram. Gambar 4.2 menunjukkan contoh citra hasil proses *low pass filtering*.

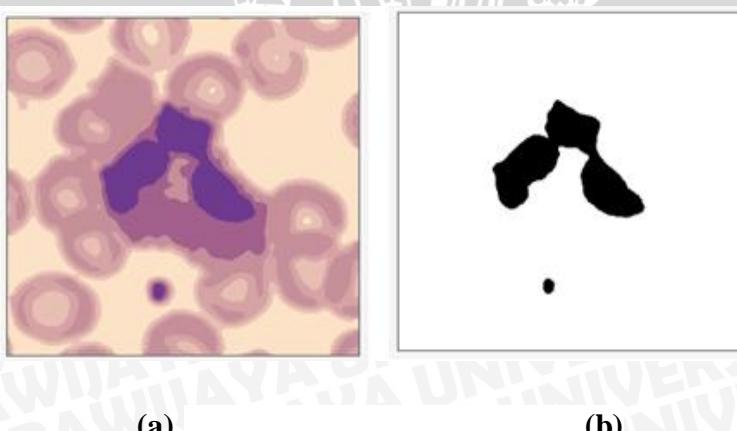


Gambar 4.2 Contoh citra hasil Low Pass Filtering

4.2.2 Algoritma Proses Segmentasi Warna

Proses segmentasi warna ini terdiri dari dua tahapan proses yaitu proses *clustering* dengan menggunakan *K-means* dan proses segmentasi objek untuk memisahkan objek dengan latar menggunakan *Naive Bayes Classifier*. Input dari proses *clustering* adalah citra hasil preporcessing. Output yang dihasilkan dari proses *clustering* adalah warna-warna citra yang terbagi ke dalam 5 kluster.

Pada proses segmentasi objek, input yang perlukan adalah citra hasil proses *clustering*. Output yang dihasilkan dari proses segmentasi objek adalah citra dalam bentuk biner. Hasil dari proses *clustering* ditampilkan pada *pictureBox* berlabel “Segmentasi Warna”. Sedangkan hasil dari proses segmentasi objek ditampilkan pada *pictureBox* berlabel “Segmentasi Objek”. Berikut merupakan contoh citra hasil segmentasi warna yang ditunjukkan oleh Gambar 4.3.



Gambar 4.3 Contoh citra hasil segmentasi warna

(a) Citra hasil *clustering* (b) Citra hasil segmentasi objek

```
1  private void K_Means(int mode)
2  {
3      K = 5;
4
5      /*----- menentukan pusat kluster awal secara random-----
6      -----
7      Random random = new Random();
8      int random_i = random.Next(0, newBitmap8.Height);
9      int random_j = random.Next(0, newBitmap8.Width);
10     for (int nilai_k = 1; nilai_k <= K; nilai_k++)
11     {
12
13         pusat_awal_R[nilai_k] = R[random_j, random_i];
14         pusat_awal_G[nilai_k] = G[random_j, random_i];
15         pusat_awal_B[nilai_k] = B[random_j, random_i];
16         random_i = random.Next(0, newBitmap8.Height);
17         random_j = random.Next(0, newBitmap8.Width);
18     }
19
20     /*-----Proses hitung jarak-----*/
21     kluster = 0;
22     for (int i = 0; i < newBitmap8.Height; i++)
23     {
24
25         for (int j = 0; j < newBitmap8.Width; j++)
26         {
27
28             jarak_awal = 500;
29             for (int nilai_k = 1; nilai_k <= K;
30                 nilai_k++)
31             {
32
33                 jarak = Math.Sqrt(Math.Pow((R[j, i] -
pusat_awal_R[nilai_k]), 2) + Math.Pow((G[j,
i] - pusat_awal_G[nilai_k]), 2) +
Math.Pow((B[j, i] - pusat_awal_B[nilai_k]),
2));
34
35                 if (jarak <= jarak_awal)
36                 {
37
38                     jarak_awal = jarak;
39                     kluster = nilai_k;
40
41                 }
42             }
43             total_anggota_kluster[kluster]++;
44             jumlah_R_kluster[kluster]=jumlah_R_kluster[kluster] +
R[j, i];
45             jumlah_G_kluster[kluster]=jumlah_G_kluster[kluster] +
G[j, i];
46         }
47     }
48 }
```



```
34 jumlah_B_kluster[kluster]=jumlah_B_kluster[kluster] +
35     B[j, i];
36 }
37 /*-----proses iterasi hingga konvergen-----*/
38 while (flag_k_means != K)
39 {
40     jumlah_iterasi++;
41     flag_k_means = 0;
42     for (int nilai_k = 1; nilai_k <= K; nilai_k++)
43     {
44         pusat_baru_R[nilai_k] =
45             jumlah_R_kluster[nilai_k] /
46             total_anggota_kluster[nilai_k];
47         pusat_baru_G[nilai_k] =
48             jumlah_G_kluster[nilai_k] /
49             total_anggota_kluster[nilai_k];
50         pusat_baru_B[nilai_k] =
51             jumlah_B_kluster[nilai_k] /
52             total_anggota_kluster[nilai_k];
53     }
54     /*-----Kondisi Terminasi-----*/
55     for (int nilai_k = 1; nilai_k <= K; nilai_k++)
56     {
57         if (pusat_baru_R[nilai_k] ==
58             pusat_lama_R[nilai_k] || pusat_baru_G[nilai_k]
59             == pusat_lama_G[nilai_k] || pusat_baru_B[nilai_k]
60             == pusat_lama_B[nilai_k])
61         {
62             flag_k_means++;
63         }
64         jumlah_R_kluster[nilai_k] = 0;
65         jumlah_G_kluster[nilai_k] = 0;
66         jumlah_B_kluster[nilai_k] = 0;
67         total_anggota_kluster[nilai_k] = 0;
68     }
69     /*-----Hitung jarak Baru-----*/
70     .....
71     /*-----Set Pusat Lama-----*/
72     for (int nilai_k = 1; nilai_k <= K; nilai_k++)
73     {
```

```

65     pusat_lama_R[nilai_k] = pusat_baru_R[nilai_k];
66     pusat_lama_G[nilai_k] = pusat_baru_G[nilai_k];
67     pusat_lama_B[nilai_k] = pusat_baru_B[nilai_k];
68 }
69 }
70 pictureBox2.Image =
71 (System.Drawing.Image) newBitmap9;
    
```

Gambar 4.4 Implementasi algoritma K-Means Clustering

Penjelasan algoritma *K-Means Clustering* pada Gambar 4.4 yaitu :

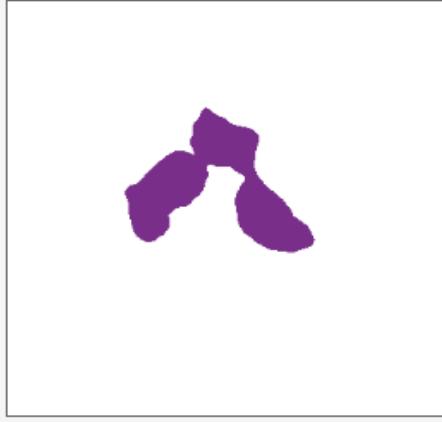
1. Baris 3 merupakan penentuan banyaknya kluster yang ingin dibentuk
2. Baris 5-15 merupakan proses menentukan titik pusat kluster awal
3. Baris 17-36 merupakan proses menentukan anggota tiap kluster berdasarkan jarak terdekat terhadap pusat kluster
4. Baris 42-47 merupakan proses mencari nilai pusat kluster baru
5. Baris 49-59 merupakan proses menentukan kondisi *terminate* atau menentukan apakah proses iterasi tetap berjalan atau tidak.
6. Baris 63-68 merupakan proses set nilai pusat kluster menjadi pusat kluster lama
7. Baris 38-69 merupakan proses iterasi hingga mencapai kondisi *konvergen*

4.2.3 Algoritma Proses Labelling dan Noise Filtering

Proses *labelling* dan *noise filtering* dilakukan dengan menggunakan algoritma *region growing*. Input dari proses ini adalah citra biner yang dihasilkan dari proses segmentasi warna. Proses pelabelan bertujuan untuk memberikan label pada masing-masing objek. Pada proses ini juga dilakukan proses perhitungan jumlah piksel / luas objek. Dari nilai luas yang diperoleh, kemudian dilakukan proses seleksi untuk menghilangkan *noise*. Objek yang lolos dalam proses *noise filtering* kemudian akan diset dengan warna yang berbeda-beda yang menandakan masing-masing inti telah berhasil dibedakan. Output dari proses ini adalah citra yang bersih tanpa *noise*. Hasil dari proses *labelling* dan *noise filtering* ini



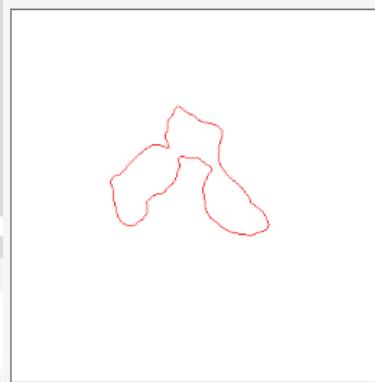
ditampilkan pada *pictureBox* berlabel “Labelling dan Noise Filtering”. Gambar 4.5 menunjukkan contoh citra hasil proses *labelling* dan *noise filtering*.



Gambar 4.5 Contoh citra hasil proses *labelling* dan *noise filtering*

4.2.4 Algoritma Analisis Bentuk Objek dan Ekstraksi Fitur Geometri

Proses analisis bentuk dilakukan dengan menggunakan algoritma *chain code*. Input dari proses analisis bentuk objek adalah citra hasil proses labelling dan telah bersih dari *noise*. Output yang dihasilkan dari proses ini adalah citra berupa tepian objek seperti yang ditunjukkan pada Gambar 4.6. Setelah proses analisis bentuk dengan menggunakan *chain code*, kemudian akan dilanjutkan dengan proses ekstraksi fitur geometri objek. Fitur geometri objek yang diekstrak sebanyak 8 fitur. Fitur-fitur geometri tersebut kemudian akan disimpan dalam database.



Gambar 4.6 Contoh citra hasil proses analisis bentuk objek

```

1  private void Ekstraksi_Fitur_Geometri_Testing()
2  {
3      DBConnect.truncate("fitur_geometri_testing");
4      list = DBConnect.get_label_objek();
5      for (int l = 0; l < list[0].Count; l++)
6      {
7          int label_objek = Convert.ToInt32(list[0][l]);
8
9          /*-----Perhitungan Perimeter-----*/
10         list1 = DBConnect.get_total_arah_chain_code("0,2,4,6",
11             label_objek);
12         total_kode_genap = Convert.ToInt32(list1[0][0]);
13         list2 = DBConnect.get_total_arah_chain_code("1,3,5,7",
14             label_objek);
15         total_kode_ganjil = Convert.ToInt32(list2[0][0]);
16         perimeter[l] = total_kode_genap + (Math.Sqrt(2) *
17             total_kode_ganjil);
18         /*-----Perhitungan Luas / Area-----*/
19         luas_objek[l] = total_piksel[label_objek];
20
21         /*-----CIRCULARITY-----*/
22         circularity[l] = (4 * 3.14 * luas_objek[l]) /
23             Math.Pow(perimeter[l], 2);
24
25         /*-----LENGTH dan WIDTH-----*/
26         list4 =
27             DBConnect.get_koordinat_chain_code("koordinat_x",
28                 label_objek, "desc");
29         max_x = Convert.ToInt32(list4[0][0]);
30
31         list5 =
32             DBConnect.get_koordinat_chain_code("koordinat_x",
33                 label_objek, "asc");
34         min_x = Convert.ToInt32(list5[0][0]);
35
36         list6 =
37             DBConnect.get_koordinat_chain_code("koordinat_y",
38                 label_objek, "desc");
39         max_y = Convert.ToInt32(list6[0][0]);
40
41         list7 =
42             DBConnect.get_koordinat_chain_code("koordinat_y",
43                 label_objek, "asc");
44         min_y = Convert.ToInt32(list7[0][0]);
45
46         temp_width = max_x - min_x;
47         temp_length = max_y - min_y;
48
49         if (temp_width > temp_length)
50         {
51             length[l] = temp_width;
52         }
53     }
54 }
```



```
32         width[1] = temp_length;
33     }
34     Else
35     {
36         length[1] = temp_length;
37         width[1] = temp_width;
38     }
39
40     /*-----COMPACTNESS-----*/
41     compactness[1] = (perimeter[1] * perimeter[1]) / (4
42     * 3.14 * luas_objek[1]);
43
44     /*-----EQUIVDIAMETER-----*/
45     equivdiameter[1] = Math.Sqrt((4 * luas_objek[1]) /
46     3.14);
46
47     /*-----ELONGATION-----*/
48     elongation[1] = length[1] / width[1];
49
50
51     DBConnect.insert_fitur_geometri_testing(label_objek,
52     warna_label[label_objek], nama_file, luas_objek[1],
53     perimeter[1], circularity[1], length[1], width[1],
54     equivdiameter[1], compactness[1], elongation[1]);
55 }
```

Gambar 4.7 Implementasi proses ekstraksi fitur geometri

Penjelasan proses ekstraksi fitur geometri pada Gambar 4.7 yaitu :

1. Baris 3 merupakan proses mengosongkan tabel fitur geometri testing setiap proses ekstraksi fitur dijalankan
2. Baris 5-46 merupakan proses perulangan untuk mencari fitur geometri setiap objek yang telah terlabel
3. Baris 9-13 merupakan proses untuk menghitung *perimeter* / keliling dari objek
4. Baris 15 merupakan proses menghitung luas dari objek
5. Baris 17 merupakan proses menghitung *circularity* dari objek
6. Baris 19-38 merupakan proses menghitung *length* dan *width* dari objek
7. Baris 40 merupakan proses menghitung *compactness* dari objek
8. Baris 42 merupakan proses menghitung *equivdiameter* dari objek



9. Baris 44 merupakan proses menghitung *elongation* dari objek
10. Baris 45 merupakan proses insert fitur geometri ke database

4.2.5 Algoritma proses klasifikasi jenis sel

Proses klasifikasi dilakukan dengan menggunakan algoritma *Naive Bayes Classifier*. Proses ini berupa proses identifikasi jenis sel dari citra. Input dari proses ini adalah fitur geometri sel. Output dari proses ini adalah fitur geometri beserta jenis selnya dan jumlah dari masing-masing jenis sel yang ditemukan. Hasil dari proses klasifikasi ini ditampilkan pada kolom “Result” seperti yang ditunjukkan pada Gambar 4.8.

	label_objek	warna_label	nama_file	area	perimeter	circularity	length	width	equivdiamet	compactnes	elongation	hasil_klasifik
▶	1	ungu	EO_344.jpg	8168	606.44	0.28	156	126	102.01	3.58	1.24	eosinofil
*												

Jumlah tipe neutrofil = 0 Jumlah tipe eosinofil = 1 Jumlah tipe basofil = 0 Jumlah tipe monosit = 0 Jumlah tipe limfosit = 0

Measured time: 10,5076011 s.

Gambar 4.8 Contoh hasil proses klasifikasi jenis sel

```

1 public void klasifikasi_bayes()
2 {
3     list1 =
4         DBConnect.get_total_tipe_sel_geometri_training("Neutrofil");
5     list2 =
6         DBConnect.get_total_tipe_sel_geometri_training("Eosinofil");
7     list3 =
8         DBConnect.get_total_tipe_sel_geometri_training("Basofil");
9     list4 =
10    DBConnect.get_total_tipe_sel_geometri_training("Limfosit");
11    list5 =
12    DBConnect.get_total_tipe_sel_geometri_training("Monosit");

13    Total_tipe_sel_neutrofil = Convert.ToInt32(list1[0][0]);
14    Total_tipe_sel_eosinofil = Convert.ToInt32(list2[0][0]);
15    Total_tipe_sel_basofil = Convert.ToInt32(list3[0][0]);
16    Total_tipe_sel_limfosit = Convert.ToInt32(list4[0][0]);
17    Total_tipe_sel_monosit = Convert.ToInt32(list5[0][0]);

```

```

13     Total_tipe_sel_keseluruhan = Total_tipe_sel_neutrofil +
14     Total_tipe_sel_eosinofil + Total_tipe_sel_basofil +
15     Total_tipe_sel_limfosit + Total_tipe_sel_monosit;
16
17     prior_neutrofil = Total_tipe_sel_neutrofil /
18     Total_tipe_sel_keseluruhan;
19     prior_eosinofil = Total_tipe_sel_eosinofil /
20     Total_tipe_sel_keseluruhan;
21     prior_basofil = Total_tipe_sel_basofil /
22     Total_tipe_sel_keseluruhan;
23     prior_limfosit = Total_tipe_sel_limfosit /
24     Total_tipe_sel_keseluruhan;
25     prior_monosit = Total_tipe_sel_monosit /
26     Total_tipe_sel_keseluruhan;
27     list6 =
28     DBConnect.get_fitur_geometri_training("Neutrofil");
29     for (int i = 0; i < list6[1].Count; i++)
30     {
31         Total_area_neutrofil = Total_area_neutrofil +
32         Convert.ToDouble(list6[1][i]);
33         Total_perimeter_neutrofil = Total_perimeter_neutrofil +
34         Convert.ToDouble(list6[2][i]);
35         Total_circularity_neutrofil =
36         Total_circularity_neutrofil +
37         Convert.ToDouble(list6[3][i]);
38         Total_length_neutrofil = Total_length_neutrofil +
39         Convert.ToDouble(list6[4][i]);
40         Total_width_neutrofil = Total_width_neutrofil +
41         Convert.ToDouble(list6[5][i]);
42         Total_equivdiameter_neutrofil =
43         Total_equivdiameter_neutrofil +
44         Convert.ToDouble(list6[6][i]);
45         Total_compactness_neutrofil =
46         Total_compactness_neutrofil +
47         Convert.ToDouble(list6[7][i]);
48         Total_elongation_neutrofil =
49         Total_elongation_neutrofil +
50         Convert.ToDouble(list6[8][i]);
51     }
52
53     mean_area_neutrofil = Total_area_neutrofil /
54     Total_tipe_sel_neutrofil;
55     mean_perimeter_neutrofil = Total_perimeter_neutrofil /
56     Total_tipe_sel_neutrofil;
57     mean_circularity_neutrofil = Total_circularity_neutrofil /
58     Total_tipe_sel_neutrofil;
59     mean_length_neutrofil = Total_length_neutrofil /
60     Total_tipe_sel_neutrofil;
61     mean_width_neutrofil = Total_width_neutrofil /
62     Total_tipe_sel_neutrofil;
63     mean_equivdiameter_neutrofil =
64     Total_equivdiameter_neutrofil /
65     Total_tipe_sel_neutrofil;
66     mean_compactness_neutrofil = Total_compactness_neutrofil /
67     Total_tipe_sel_neutrofil;
68     mean_elongation_neutrofil = Total_elongation_neutrofil /
69     Total_tipe_sel_neutrofil;

```



```
39     list7 =
40         DBConnect.get_fitur_geometri_training("Eosinofil");
41         .....
42
43     list8 =
44         DBConnect.get_fitur_geometri_training("Basofil");
45         .....
46
47     list9 =
48         DBConnect.get_fitur_geometri_training("Limfosit");
49         .....
50
51     list10 =
52         DBConnect.get_fitur_geometri_training("Monosit");
53         .....
54
55     /*-----mencari nilai varian-----*/
56
57     list11 =
58         DBConnect.get_fitur_geometri_training("Neutrofil");
59     for (int i = 0; i < list11[0].Count; i++)
60     {
61
62         varian_area_temp_neutrofil =
63             varian_area_temp_neutrofil +
64             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[1][i]) -
65             mean_area_neutrofil), 2);
66         varian_perimeter_temp_neutrofil =
67             varian_perimeter_temp_neutrofil +
68             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[2][i]) -
69             mean_perimeter_neutrofil), 2);
70
71         varian_circularity_temp_neutrofil =
72             varian_circularity_temp_neutrofil +
73             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[3][i]) -
74             mean_circularity_neutrofil), 2);
75         varian_length_temp_neutrofil =
76             varian_length_temp_neutrofil +
77             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[4][i]) -
78             mean_length_neutrofil), 2);
79         varian_width_temp_neutrofil =
80             varian_width_temp_neutrofil +
81             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[5][i]) -
82             mean_width_neutrofil), 2);
83         varian_equivdiameter_temp_neutrofil =
84             varian_equivdiameter_temp_neutrofil +
85             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[6][i]) -
86             mean_equivdiameter_neutrofil), 2);
87         varian_compactness_temp_neutrofil =
88             varian_compactness_temp_neutrofil +
89             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[7][i]) -
90             mean_compactness_neutrofil), 2);
91         varian_elongation_temp_neutrofil =
92             varian_elongation_temp_neutrofil +
93             Math.Pow((Convert.ToDouble(list11[8][i]) -
94             mean_elongation_neutrofil), 2);
95     }
96
97     varian_area_neutrofil = varian_area_temp_neutrofil /
98     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);
```



```
61 varian_perimeter_neutrofil =  
62     varian_perimeter_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
63 varian_circularity_neutrofil =  
     varian_circularity_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
64 varian_length_neutrofil = varian_length_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
65 varian_width_neutrofil = varian_width_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
66 varian_equivdiameter_neutrofil =  
     varian_equivdiameter_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
67  
68 varian_compactness_neutrofil =  
     varian_compactness_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
69 varian_elongation_neutrofil =  
     varian_elongation_temp_neutrofil /  
     (Total_tipe_sel_neutrofil - 1);  
70 list12 =  
    DBConnect.get_fitur_geometri_training("Eosinofil");  
71 .....  
72 list13 = DBConnect.get_fitur_geometri_training("Basofil");  
73 .....  
74 list14 =  
    DBConnect.get_fitur_geometri_training("Limfosit");  
75 .....  
76 list15 = DBConnect.get_fitur_geometri_training("Monosit");  
77 .....  
78  
79 list16 = DBConnect.get_fitur_geometri_testing();  
80 for (int k = 0; k < list16[0].Count; k++)  
81 {  
82     label_objek_geometri_test =  
     Convert.ToInt32(list16[0][k]);  
83     geometri_area_test = Convert.ToDouble(list16[2][k]);  
84     geometri_perimeter_test =  
     Convert.ToDouble(list16[3][k]);  
85     geometri_circularity_test =  
     Convert.ToDouble(list16[4][k]);  
86     geometri_length_test =  
     Convert.ToDouble(list16[5][k]);  
     geometri_width_test = Convert.ToDouble(list16[6][k]);  
     geometri_equivdiameter_test =  
     Convert.ToDouble(list16[7][k]);  
     geometri_compactness_test =  
     Convert.ToDouble(list16[8][k]);
```



```
87     geometri_elongation_test =
Convert.ToDouble(list16[9][k]);

88     /*-----Perhitungan Likelihood neutrofil-----*/
89     likelihood_area_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2 * 3.14)
* varian_area_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_area_test - mean_area_neutrofil, 2)
/ (2 * varian_area_neutrofil));

90     likelihood_perimeter_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2 *
3.14) * varian_perimeter_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_perimeter_test -
mean_perimeter_neutrofil, 2) / (2 *
varian_perimeter_neutrofil));

91     likelihood_circularity_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2
* 3.14) * varian_circularity_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_circularity_test -
mean_circularity_neutrofil, 2) / (2 *
varian_circularity_neutrofil));

92     likelihood_length_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2 *
3.14) * varian_length_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_length_test -
mean_length_neutrofil, 2) / (2 *
varian_length_neutrofil));

93     likelihood_width_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2 *
3.14) * varian_width_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_width_test - mean_width_neutrofil,
2) / (2 * varian_width_neutrofil));

94     likelihood_equivdiameter_neutrofil = (1 /
(Math.Sqrt(2 * 3.14) *
varian_equivdiameter_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_equivdiameter_test -
mean_equivdiameter_neutrofil, 2) / (2 *
varian_width_neutrofil));

95     likelihood_compactness_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2
* 3.14) * varian_compactness_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_compactness_test -
mean_compactness_neutrofil, 2) / (2 *
varian_compactness_neutrofil));

96     likelihood_elongation_neutrofil = (1 / (Math.Sqrt(2 *
3.14) * varian_elongation_neutrofil)) * Math.Exp(
Math.Pow(geometri_elongation_test -
mean_elongation_neutrofil, 2) / (2 *
varian_elongation_neutrofil));

97     /*-----Perhitungan Likelihood eosinofil-----*/
98     .....
99     /*-----Perhitungan Likelihood basofil-----*/
100    .....
```

```
101      /*-----Perhitungan Likelihood limfosit-----*/
102      .....
103      /*-----Perhitungan Likelihood monosit-----*/
104      .....
105      /*----Perhitungan nilai peluang bayes neutrofil---*/
106      peluang_bayes[1] = prior_neutrofil *
107      likelihood_area_neutrofil *
108      likelihood_perimeter_neutrofil *
109      likelihood_circularity_neutrofil *
110      likelihood_length_neutrofil *
111      likelihood_width_neutrofil *
112      likelihood_equivdiameter_neutrofil *
113      likelihood_compactness_neutrofil *
114      likelihood_elongation_neutrofil;
115      tipe_sel_klasifikasi_bayes[1] = "neutrofil";
116
117      /*-----Perhitungan nilai peluang bayes eosinofil---*/
118      peluang_bayes[2] = ...
119      tipe_sel_klasifikasi_bayes[2] = "eosinofil";
120
121      /*-----Perhitungan nilai peluang bayes basofil---*/
122      peluang_bayes[3] = ...
123      tipe_sel_klasifikasi_bayes[3] = "basofil";
124
125      /*-----Perhitungan nilai peluang bayes limfosit---*/
126      peluang_bayes[4] = ...
127
128      tipe_sel_klasifikasi_bayes[4] = "limfosit";
129
130      /*-----Perhitungan nilai peluang bayes monosit---*/
131      peluang_bayes[5] = ...
132      tipe_sel_klasifikasi_bayes[5] = "monosit";
133      for (int j = 1; j < 5; j++)
134      {
135          if (j == 1)
136          {
137              if (peluang_bayes[j] > peluang_bayes[j +
138                  1])
139              {
140                  temporary_bayes[k] = peluang_bayes[j];
141                  temporary_tipe_sel[k] =
142                  tipe_sel_klasifikasi_bayes[j];
143              }
144              Else
145                  if (peluang_bayes[j] < peluang_bayes[j +
146                      1])
```



```
130          {
131              temporary_bayes[k] = peluang_bayes[j +
1];
132              temporary_tipe_sel[k] =
133                  tipe_sel_klasifikasi_bayes[j+1];
134          }
135      Else
136      {
137          if (temporary_bayes[k] > peluang_bayes[j + 1])
138          {
139              temporary_bayes[k] = temporary_bayes[k];
140              temporary_tipe_sel[k] = temporary_tipe_sel[k];
141          }
142      Else
143          if (temporary_bayes[k] < peluang_bayes[j + 1])
144          {
145              temporary_bayes[k] = peluang_bayes[j + 1];
146              temporary_tipe_sel[k] =
147                  tipe_sel_klasifikasi_bayes[j + 1];
148          }
149      }
150      DBConnect.insert_hasil_klasifikasi_on_fitur_geometri_testing
151      (label_objek_geometri_test, temporary_tipe_sel[k]);
152  }
```

Gambar 4.9 Implementasi Algoritma proses klasifikasi jenis sel

Penjelasan proses ekstraksi fitur geometri pada Gambar 4.9 yaitu :

1. Baris 14-18 merupakan proses perhitungan *prior probability* atau peluang kelas dari masing-masing jenis sel
2. Baris 19-46 merupakan proses untuk menghitung nilai rata-rata (*mean*) tiap fitur geometri dari masing-masing kelas
3. Baris 48-75 merupakan proses untuk menghitung nilai varian tiap fitur geometri dari masing-masing kelas
4. Baris 89-104 merupakan proses untuk menghitung nilai *likelihood* tiap fitur geometri dari masing-masing kelas

5. Baris 106-118 merupakan proses menghitung nilai peluang bayes data test terhadap masing-masing kelas
6. Baris 119-149 merupakan proses menentukan jenis sel dari data test berdasarkan nilai peluang bayes terbesar / maksimum
7. Baris 150 merupakan proses insert hasil klasifikasi kedalam database
8. Baris 77-151 merupakan proses perulangan untuk menentukan jenis sel berdasarkan hasil klasifikasi dari tiap objek yang telah terlabel

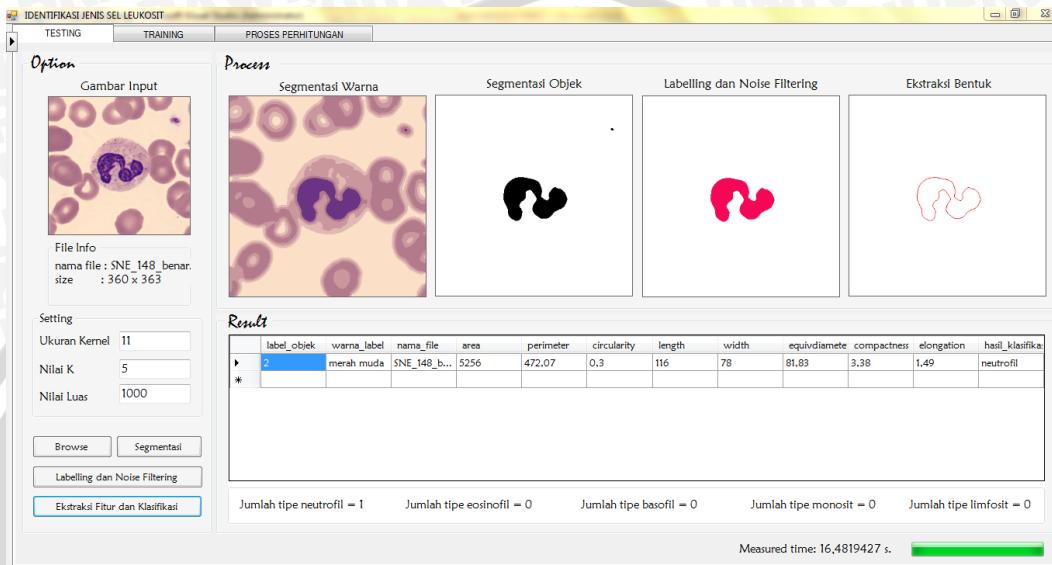
4.3 Implementasi Antarmuka

Antarmuka sistem identifikasi jenis sel leukosit digunakan oleh pengguna untuk berinteraksi dengan sistem. Antarmuka sistem identifikasi jenis sel leukosit ini dibagi menjadi antarmuka halaman testing, antarmuka halaman training dan antarmuka halaman proses perhitungan.

4.3.1 Tampilan halaman Testing

Halaman testing merupakan halaman yang digunakan oleh pengguna (*user*) untuk melakukan proses identifikasi jenis sel leukosit. Pada halaman testing ini pengguna dapat memasukkan citra/gambar sel leukosit yang akan diidentifikasi dengan menekan tombol “Browse”. Citra asli yang akan di proses akan ditampilkan pada *pictureBox* yang berlabel “Gambar Input” beserta informasi berupa nama file dan ukuran citra. Sebelum menjalankan proses identifikasi, user dapat menentukan nilai parameter untuk digunakan sebagai input dalam proses identifikasi yang terdapat pada kolom “Setting”, diantaranya penentuan ukuran kernel, nilai K, serta nilai luas untuk parameter noise. Untuk menjalankan proses identifikasi, pengguna dapat memulai dengan menekan tombol “segmentasi” untuk menjalankan proses segmentasi. Kemudian dilanjutkan dengan menekan tombol “Labelling dan Noise Filtering” untuk menjalankan proses pelabelan objek dan penghilangan *noise*. Dan dilanjutkan dengan menekan tombol “Ekstraksi Fitur dan Klasifikasi” untuk menjalankan proses identifikasi dan perhitungan jumlah jenis sel. Urutan proses identifikasi akan ditampilkan dalam *pictureBox* yang terletak di bagian kanan antarmuka, diantaranya hasil dari proses segmentasi warna, hasil dari proses ekstraksi objek,

hasil dari proses *labelling* dan *noise filtering*, serta hasil dari proses *chain code*. Sedangkan hasil dari proses identifikasi dan perhitungan jenis sel ditampilkan pada kolom “Result”. Berikut merupakan tampilan dari halaman testing (Gambar 4.10).

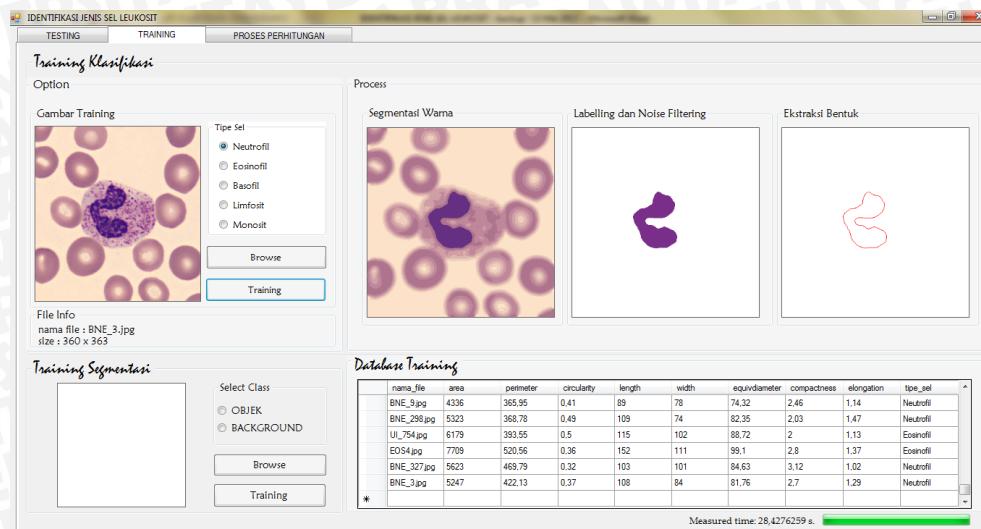


Gambar 4.10 Antarmuka halaman testing

4.3.2 Tampilan halaman Training

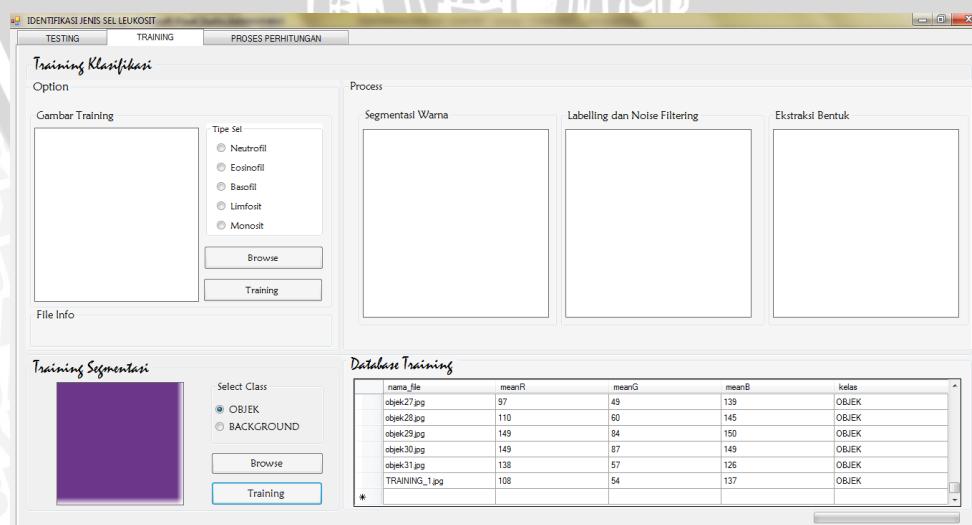
Halaman training digunakan oleh pengguna (*user*) untuk menjalankan proses training. Pada halaman ini terdapat 2 proses training, yaitu proses training klasifikasi dan proses training segmentasi.

Proses training klasifikasi berupa proses input fitur geometri sel yang telah diketahui jenis sel-nya ke dalam database. Dalam proses training ini terdapat 3 komponen input, yaitu tombol “Browse” yang digunakan untuk memilih citra yang akan digunakan dalam proses training, “Radio Button” digunakan untuk memilih jenis sel dari objek, dan tombol “Training” yang digunakan untuk memulai proses training. Pada halaman ini juga terdapat beberapa *pictureBox* yang berfungsi untuk menampilkan citra hasil proses training. Data hasil proses training yang telah berhasil disimpan dalam database akan ditampilkan tabel “Database Training”. Berikut merupakan tampilan dari halaman training klasifikasi (Gambar 4.11).



Gambar 4.11 Antarmuka proses training klasifikasi

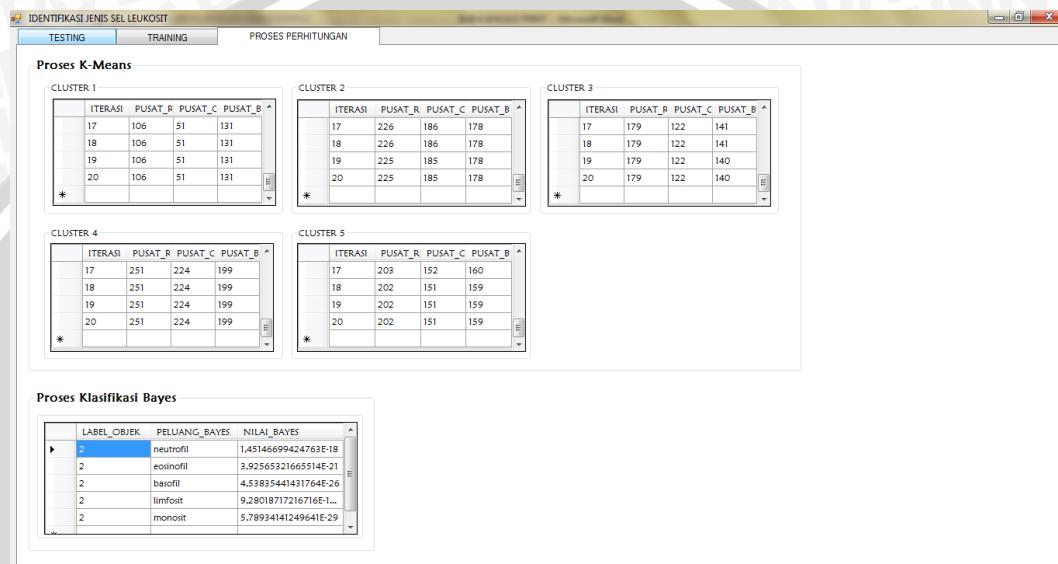
Proses training segmentasi merupakan proses input nilai rata-rata komponen RGB citra kedalam database untuk digunakan sebagai data training dalam proses segmentasi objek menggunakan *naive bayes classifier*. Dalam proses training segmentasi ini terdapat 3 komponen input, yaitu tombol “Browse” untuk memilih citra yang akan digunakan dalam proses training segmentasi, komponen “Radio Button” digunakan untuk memilih kelas dari citra training, dan tombol “Training” yang digunakan untuk menjalankan proses training. Hasil dari proses training segmentasi ini akan ditampilkan pada tabel “Database Training”. Berikut merupakan tampilan dari halaman training segmentasi (Gambar 4.12).



Gambar 4.12 Antarmuka proses training segmentasi

4.3.3 Tampilan halaman Proses Perhitungan

Halaman “Proses Perhitungan” (Gambar 4.13) digunakan untuk menampilkan hasil perhitungan matematis dari proses *K-means clustering* dan hasil perhitungan matematis dari proses klasifikasi menggunakan *naive bayes classifier*.



Gambar 4.13 Antarmuka proses perhitungan

4.4 Implementasi Struktur Database

Database yang digunakan dalam sistem identifikasi jenis sel leukosit ini dibangun menggunakan DBMS MySQL. Database tersebut bernama “program_skripsi2” (Gambar 4.14). Dalam database tersebut terdiri dari 4 buah tabel, yaitu :

1. Tabel chain_code

Tabel chain_code (Gambar 4.15) merupakan tabel yang digunakan untuk menyimpan koordinat piksel tepi objek beserta arah dari kode rantai dari hasil proses analisis bentuk menggunakan *chain code*.

2. Tabel fitur_geometri_testing

Tabel fitur_geometri_testing (Gambar 4.16) merupakan tabel yang digunakan untuk menyimpan fitur geometri beserta hasil klasifikasi dari citra testing.

3. Tabel fitur_geometri_training

Tabel fitur_geometri_training (Gambar 4.17) merupakan tabel yang digunakan untuk menyimpan fitur geometri dari citra training.

4. Tabel segmentasi_warna_bayes

Tabel segmentasi_warna_bayes (Gambar 4.18) merupakan tabel yang digunakan untuk menyimpan nilai rata-rata komponen RGB dari citra training pada proses segmentasi warna menggunakan *Naive Bayes Classifier*.

Table	Action	Records	Type	Collation	Size
chain_code		642	MyISAM	latin1_swedish_ci	11.7 Kib
fitur_geometri_testing		2	MyISAM	latin1_swedish_ci	1.2 Kib
fitur_geometri_training		100	MyISAM	latin1_swedish_ci	13.0 Kib
segmentasi_warna_bayes		64	MyISAM	latin1_swedish_ci	4.4 Kib
4 table(s)	Sum	808	MyISAM	latin1_swedish_ci	30.3 Kib

Gambar 4.14 Struktur database “program_skripsi2”

Field	Type	Collation	Attributes	Null	Default	Extra	Action
label_objek	int(4)			No	None		
koordinat_x	int(6)			No	None		
koordinat_y	int(6)			No	None		
arah_kode_rantai	int(2)			No	None		

Gambar 4.15 Struktur tabel chain_code

Field	Type	Collation	Attributes	Null	Default	Extra	Action
label_objek	int(3)			No	None		
warna_label	varchar(20)	latin1_swedish_ci		No	None		
nama_file	varchar(45)	latin1_swedish_ci		No	None		
area	double			No	None		
perimeter	double			No	None		
circularity	double			No	None		
length	double			No	None		
width	double			No	None		
equivdiameter	double			No	None		
compactness	double			No	None		
elongation	double			No	None		
hasil_klasifikasi	varchar(25)	latin1_swedish_ci		No	None		

Gambar 4.16 Struktur tabel fitur_geometri_testing



Server: localhost > Database: program_skripsi2 > Table: fitur_geometri_training

	Field	Type	Collation	Attributes	Null	Default	Extra	Action
<input type="checkbox"/>	<u>nama_file</u>	varchar(20)	latin1_swedish_ci		No	None		
<input type="checkbox"/>	area	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	perimeter	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	circularity	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	length	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	width	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	equivdiameter	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	compactness	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	elongation	double			No	None		
<input type="checkbox"/>	tipe_sel	varchar(10)	latin1_swedish_ci		No	None		

Gambar 4.17 Struktur tabel fitur_geometri_training

Server: localhost > Database: program_skripsi2 > Table: segmentasi_warna_bayes

	Field	Type	Collation	Attributes	Null	Default	Extra	Action
<input type="checkbox"/>	<u>nama_file</u>	varchar(20)	latin1_swedish_ci		No	None		
<input type="checkbox"/>	meanR	int(4)			No	None		
<input type="checkbox"/>	meanG	int(4)			No	None		
<input type="checkbox"/>	meanB	int(4)			No	None		
<input type="checkbox"/>	kelas	varchar(12)	latin1_swedish_ci		No	None		

Gambar 4.18 Struktur tabel segmentasi_warna_bayes

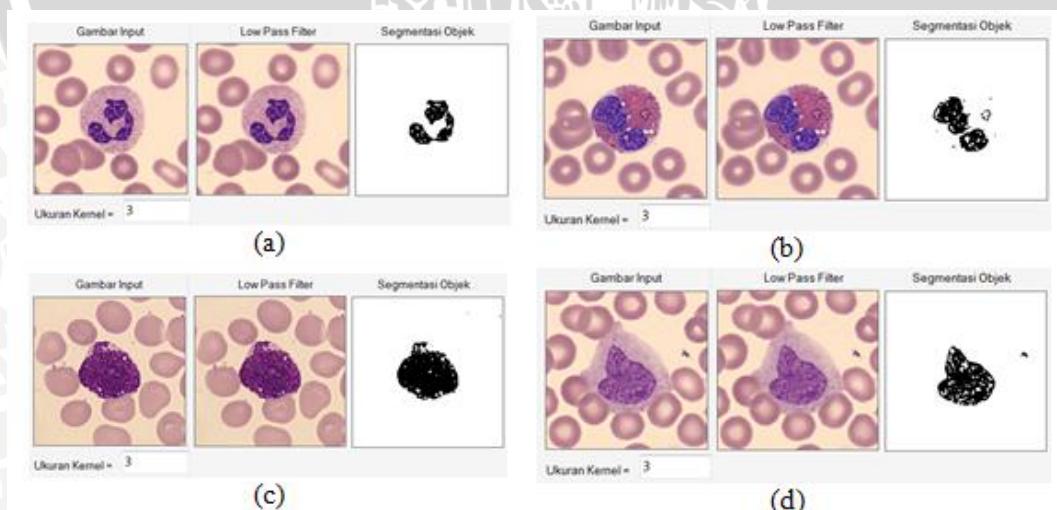
BAB V PENGUJIAN DAN ANALISIS

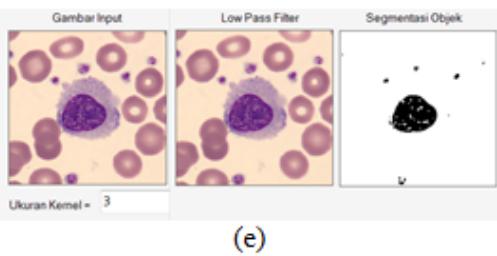
Pada bab ini dilakukan proses pengujian dan analisis terhadap sistem identifikasi jenis sel leukosit yang telah dikembangkan. Proses pengujian yang dilakukan berupa penilaian kinerja sistem dengan mengukur nilai akurasi dari hasil keluaran sistem. Pada tahapan pengujian akan dijelaskan mengenai proses uji coba beserta hasil pengujian sistem, dan dilanjutkan dengan analisis dari hasil pengujian sistem.

5.1 Penentuan ukuran kernel pada proses low pass filtering

Penentuan ukuran *kernel* yang digunakan dalam proses *low pass filtering* dilakukan melalui proses uji coba dengan menggunakan ukuran *kernel* 3×3 hingga 15×15 . Dimana pada masing-masing ukuran *kernel* dilakukan proses pengujian menggunakan 25 citra uji dengan komposisi 5 citra uji yang mewakili masing-masing kelas sel.

Ukuran kernel 3×3

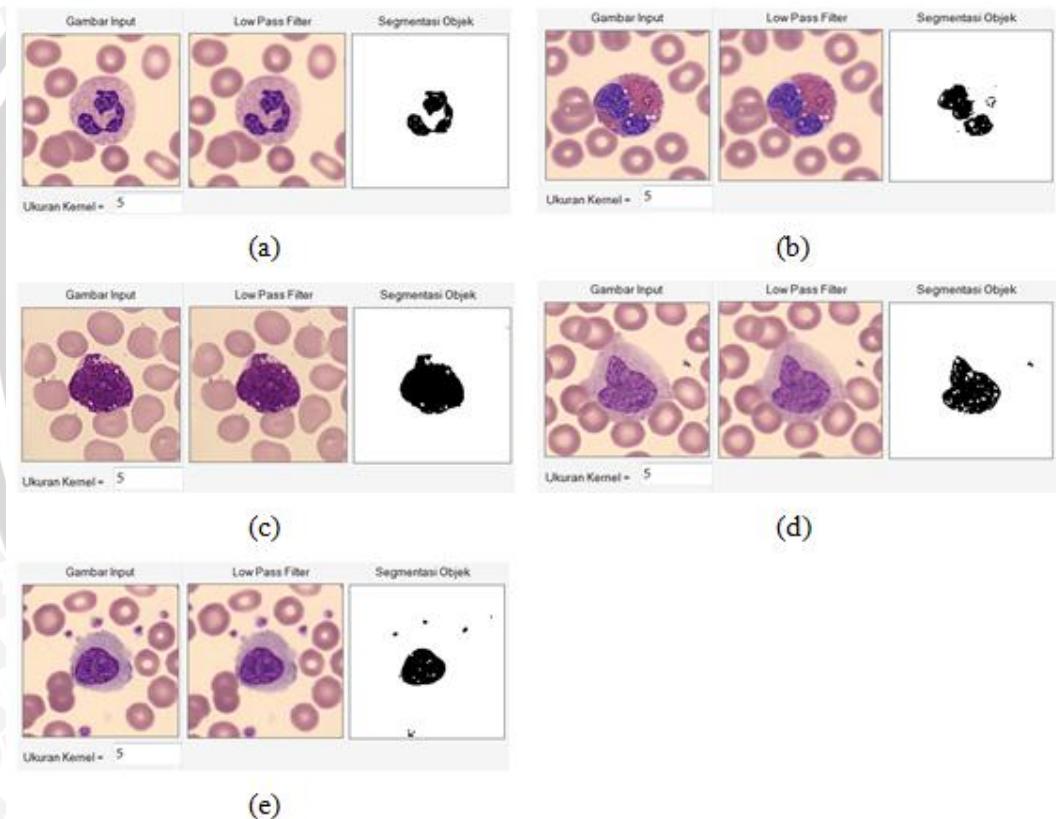




Gambar 5.1 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 3x3

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

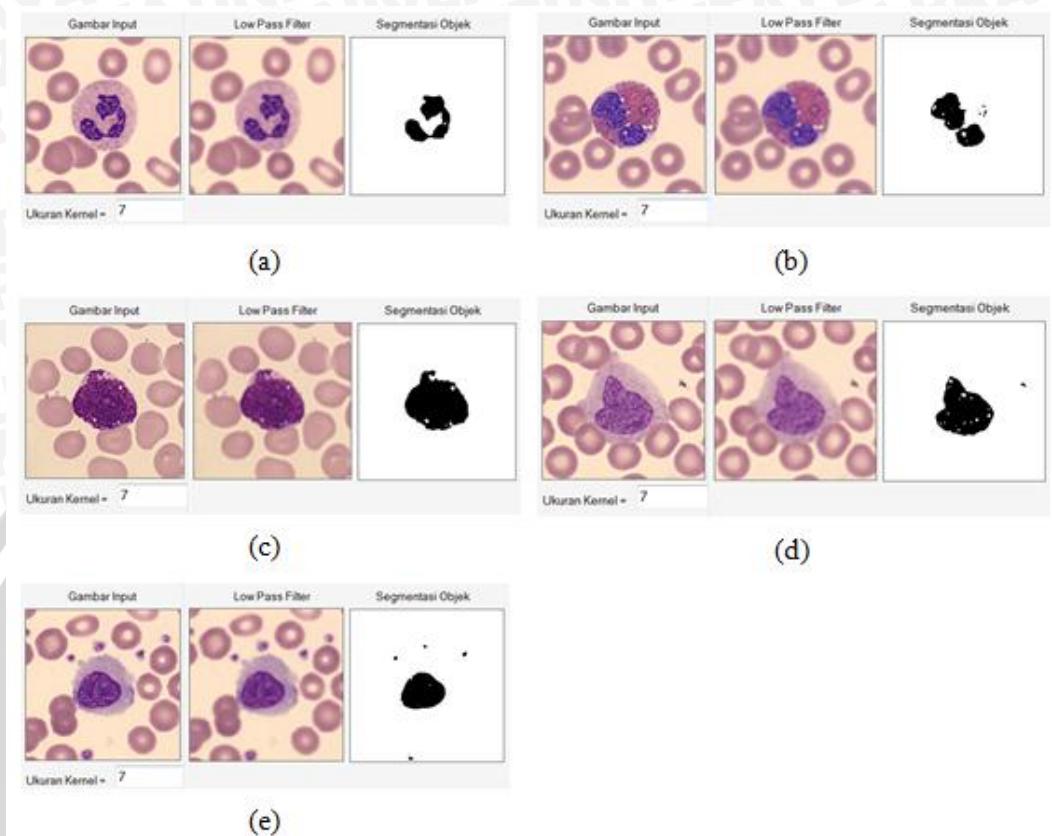
Ukuran kernel 5x5



Gambar 5.2 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 5x5

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

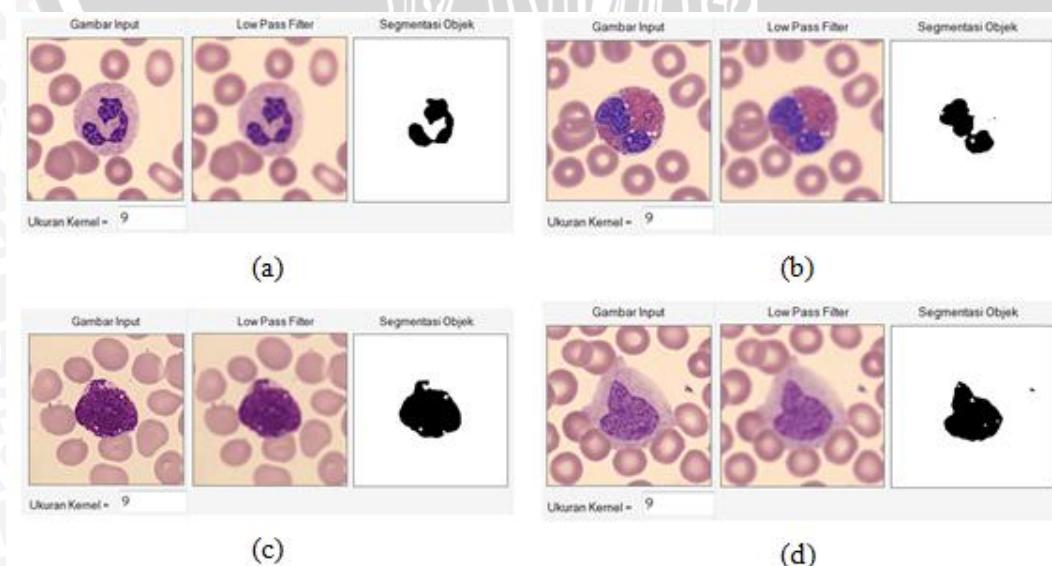
Ukuran kernel 7x7

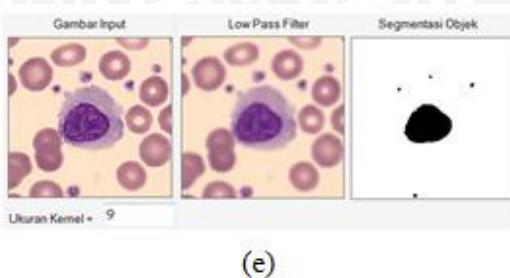


Gambar 5.3 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 7x7

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

Ukuran kernel 9x9

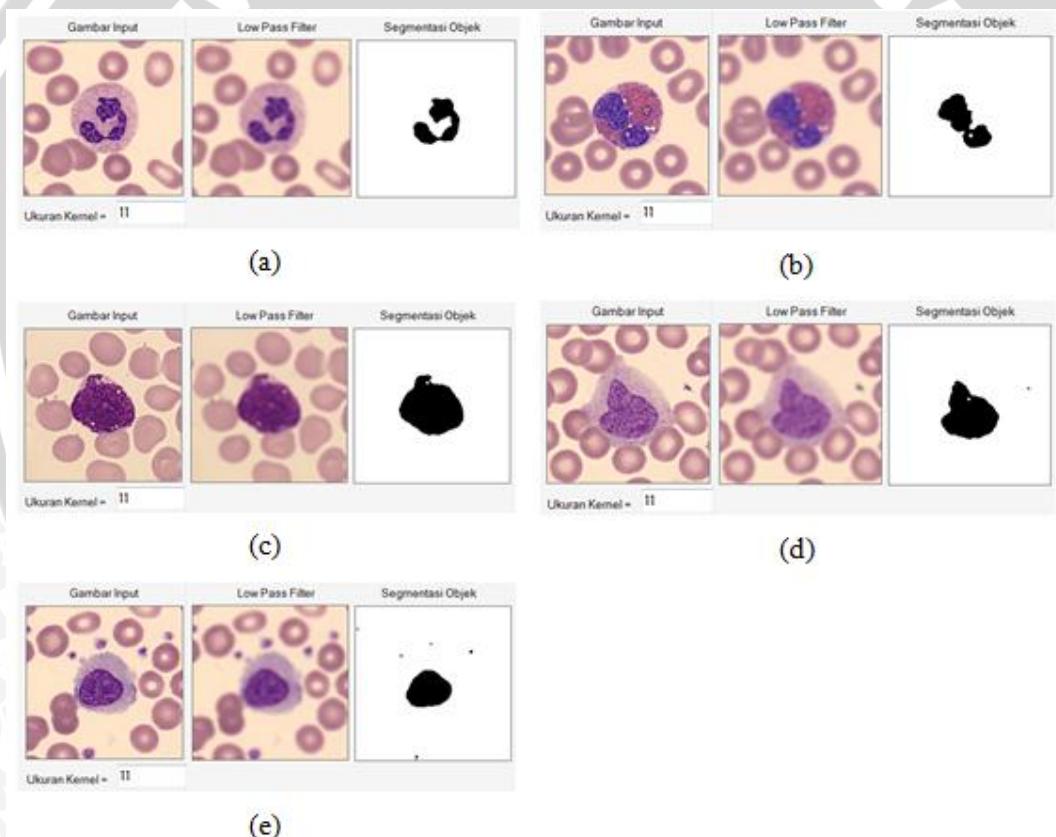




Gambar 5.4 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 9x9

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

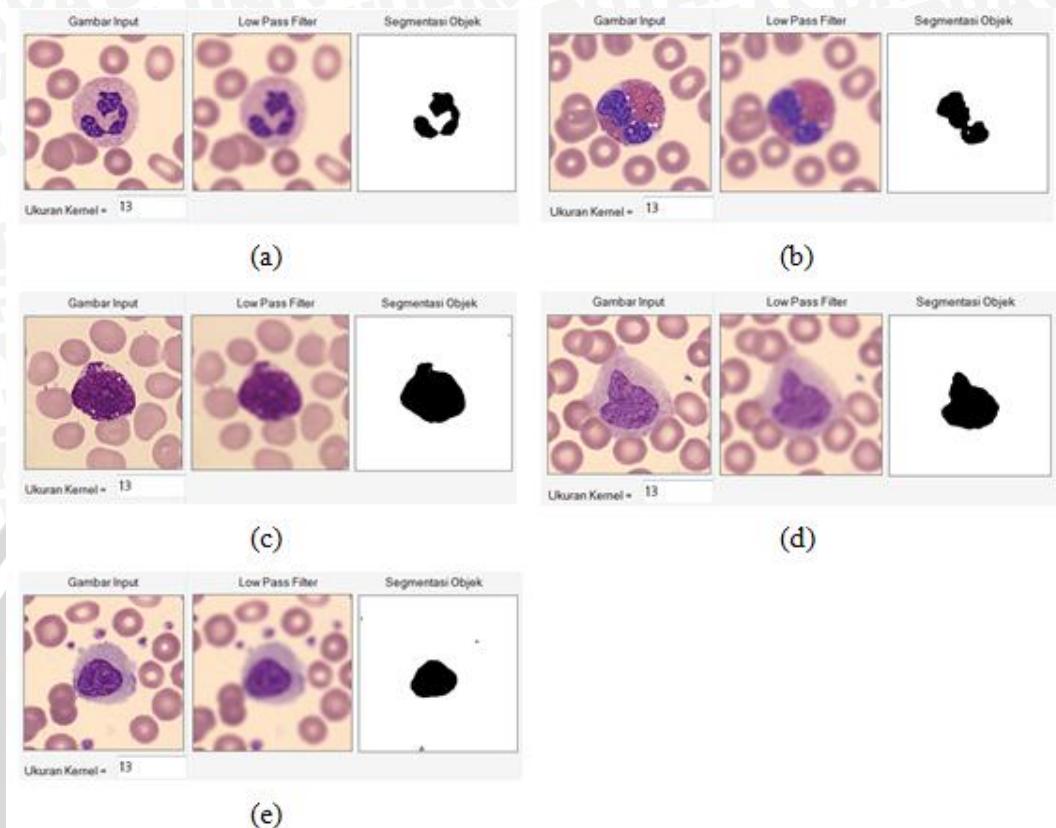
Ukuran kernel 11x11



Gambar 5.5 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 11x11

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

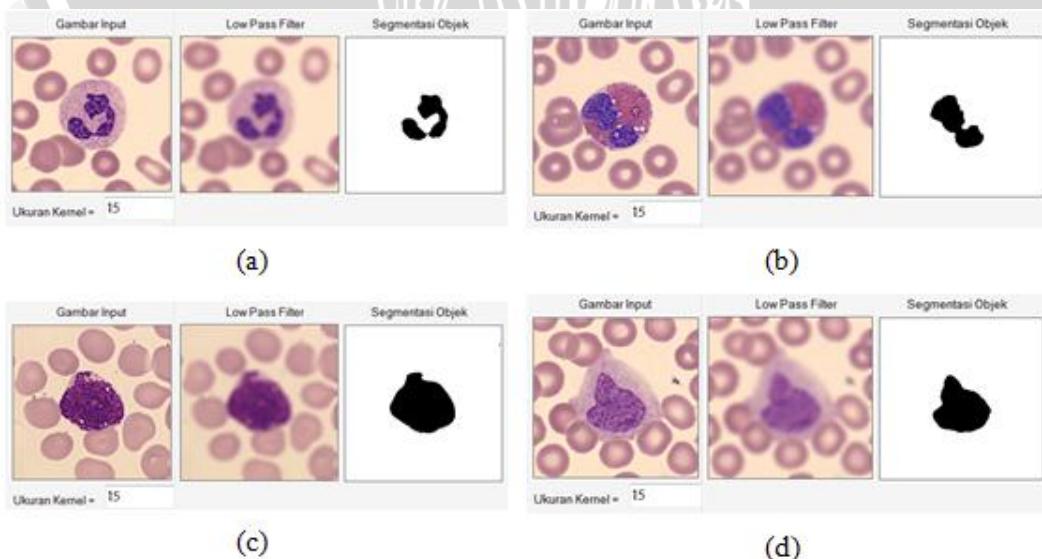
Ukuran kernel 13x13

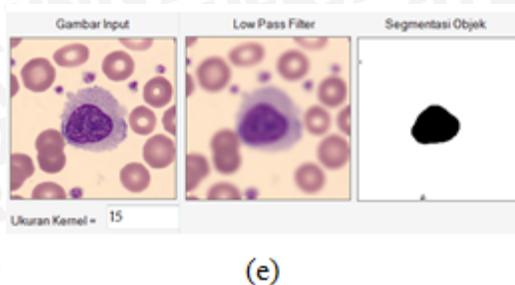


Gambar 5.6 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 13x13

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

Ukuran kernel 15x15





(e)

Gambar 5.7 Contoh citra hasil low pass filtering dengan ukuran *kernel* 15x15

(a) Neutrofil, (b) Eosinofil, (c) Basofil, (d) Monosit, (e) Limfosit

5.1.1 Hasil pengujian ukuran kernel

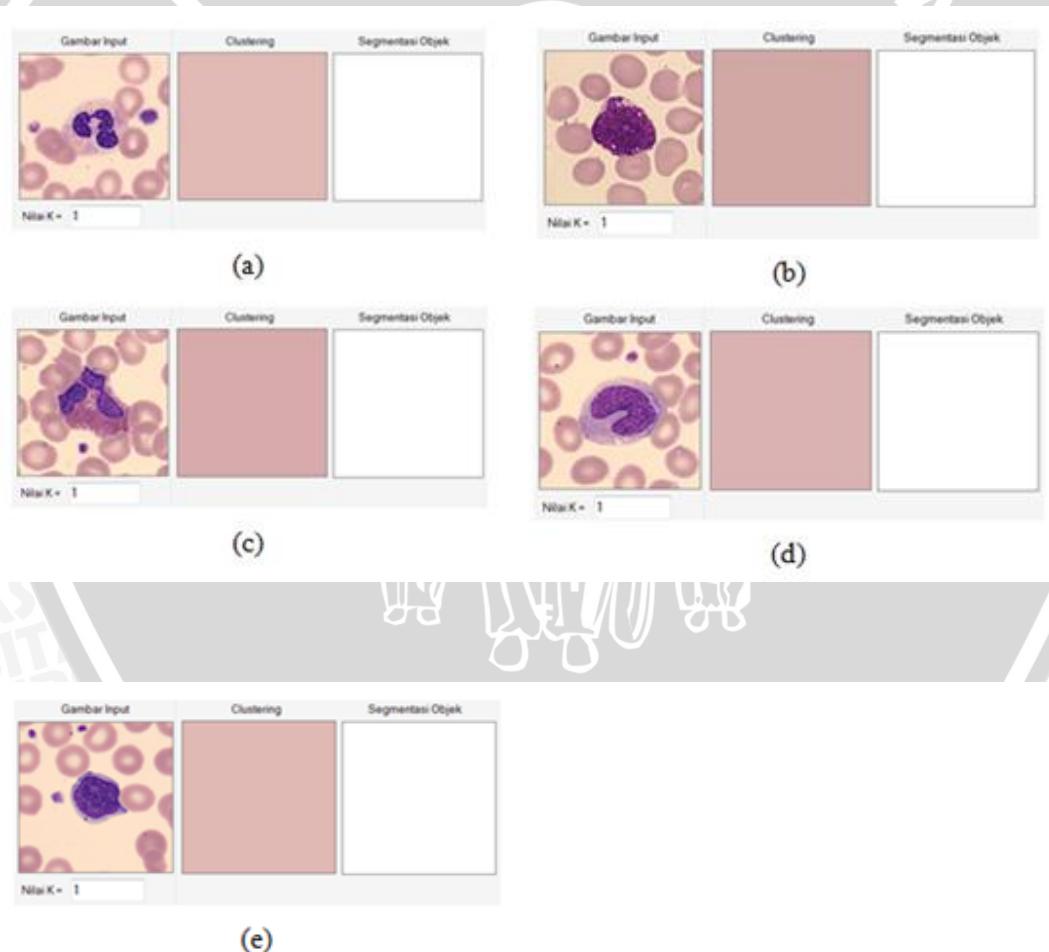
Dari hasil uji coba yang dilakukan untuk seluruh citra uji (contoh hasil pengujian ditunjukkan pada Gambar 5.1 - Gambar 5.7) dengan menggunakan *kernel* berukuran 3x3 hingga 15x15 menunjukkan bahwa semakin kecil ukuran *kernel* yang digunakan, hasil segmentasi yang diperoleh akan semakin terlihat banyak lubang pada objek serta *noise* pada citra. Sedangkan bila ukuran *kernel* yang digunakan semakin besar, citra yang dihasilkan akan semakin halus dimana *noise* dan lubang pada objek akan semakin berkurang dan citra yang dihasilkan akan semakin terlihat blur. Namun, pada penggunaan *kernel* ukuran 13x13 dan 15x15 untuk objek yang memiliki bentuk tipis seperti pada kelas neutrofil akan memperlihatkan hasil segmentasi objek dengan kondisi objek yang terputus. Sehingga ukuran *kernel* 13x13 dan 15x15 tidak cocok digunakan untuk kelas neutrofil.

Berdasarkan hasil uji coba tersebut, ukuran *kernel* terbaik yang sesuai digunakan untuk seluruh kelas yaitu dengan menggunakan *kernel* berukuran 11x11. Dimana dengan menggunakan ukuran *kernel* 11x11 pada proses *low pass filtering*, citra yang dihasilkan akan lebih halus dibandingkan dengan menggunakan ukuran *kernel* dibawah 11x11, hal tersebut ditandai dengan semakin sedikitnya *noise* dan lubang pada objek. Sedangkan bila menggunakan *kernel* dengan ukuran diatas / lebih dari 11x11, maka hasil yang terlihat pada proses segmentasi objek adalah objek dengan kondisi terputus.

5.2 Penentuan nilai K pada proses K-means

Penentuan parameter nilai K yang digunakan dalam proses *K-means* dilakukan melalui proses uji coba secara visual dengan menggunakan nilai K dari 1 hingga 7. Dimana pada masing-masing nilai K dilakukan proses pengujian menggunakan 25 citra uji dengan komposisi 5 citra uji yang mewakili masing-masing kelas sel. Penentuan nilai K terbaik ditentukan berdasarkan hasil visual dari proses *clustering* yang mampu mengklaster antara warna inti sel (area berwarna ungu) dengan warna *background* (warna-warna selain inti sel) dengan baik untuk semua kelas.

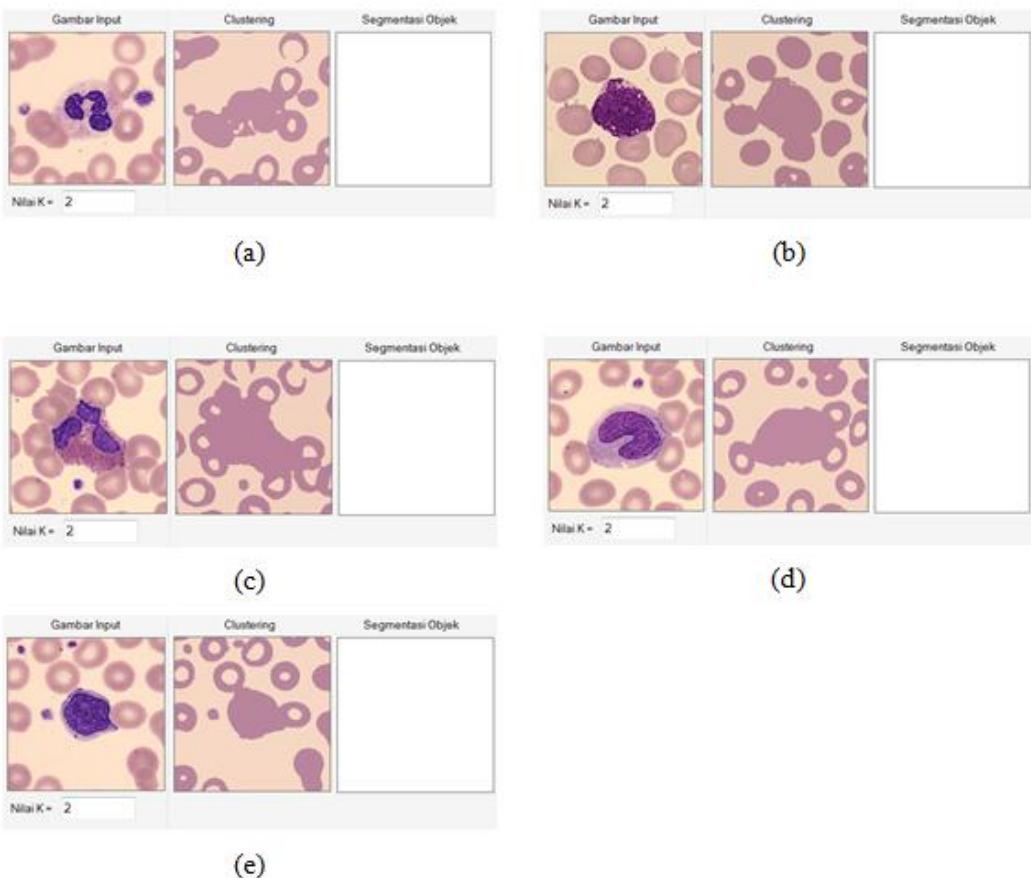
Nilai K = 1



Gambar 5.8 Contoh Hasil Clustering dengan K = 1

Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

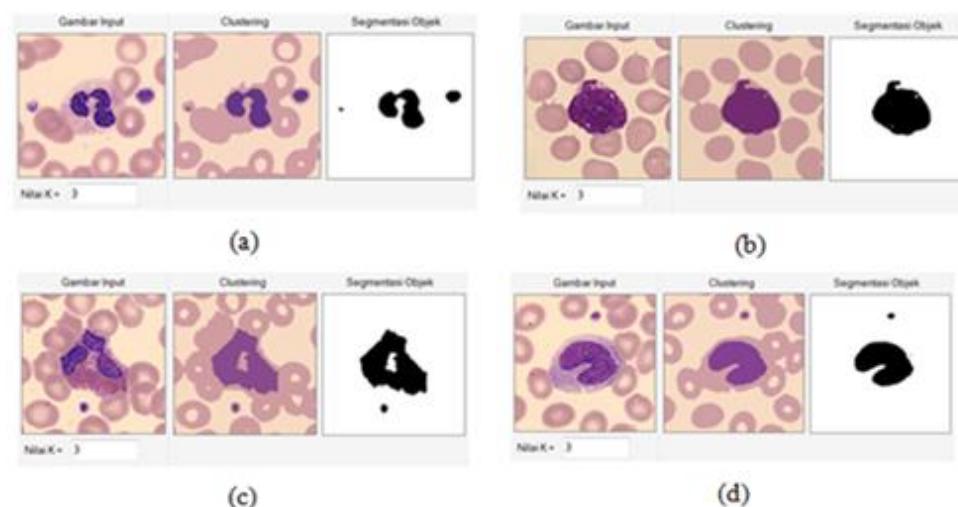
Nilai K = 2

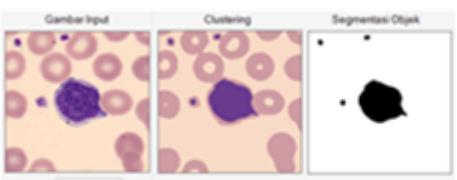


Gambar 5.9 Contoh Hasil Clustering dengan K = 2

Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

Nilai K = 3

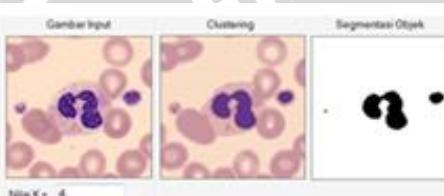




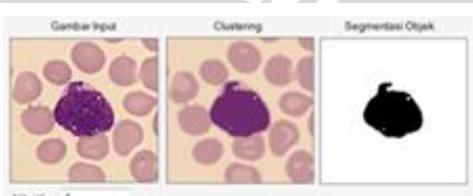
(e)

Gambar 5.10 Contoh Hasil Clustering dengan $K = 3$

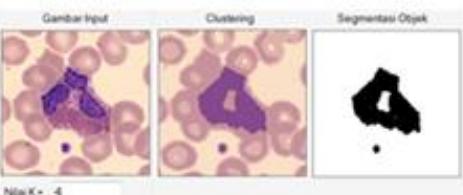
(a) Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

Nilai $K = 4$ 

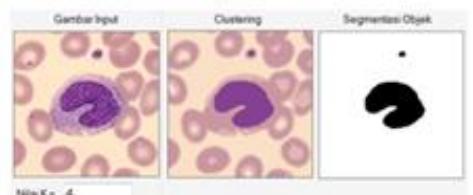
(a)



(b)



(c)



(d)

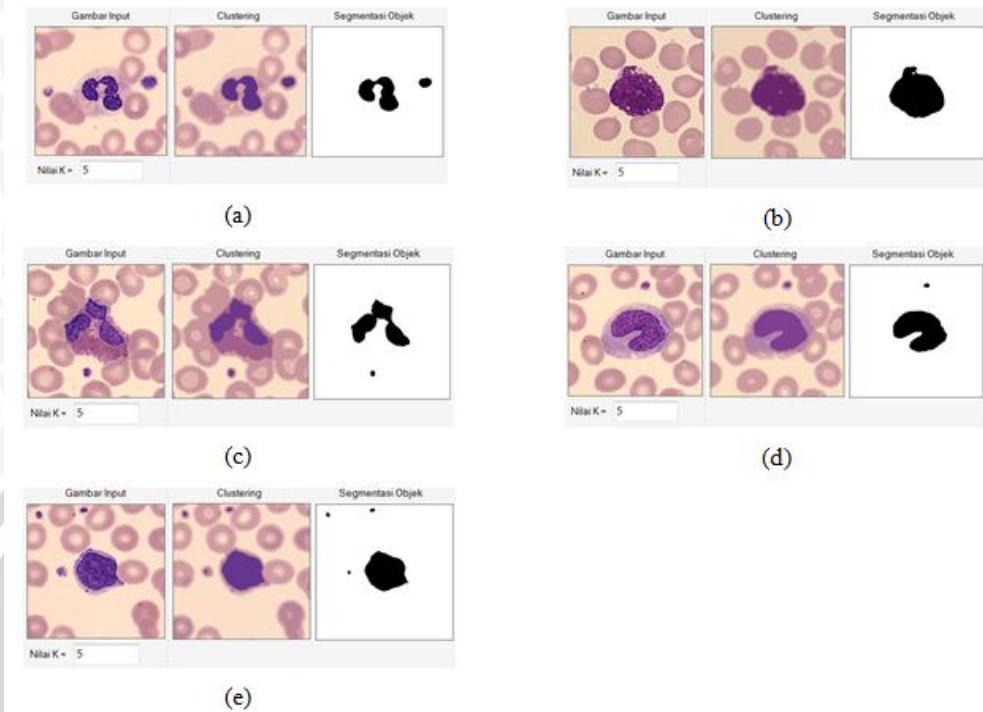


(e)

Gambar 5.11 Contoh Hasil Clustering dengan $K = 4$

(a) Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

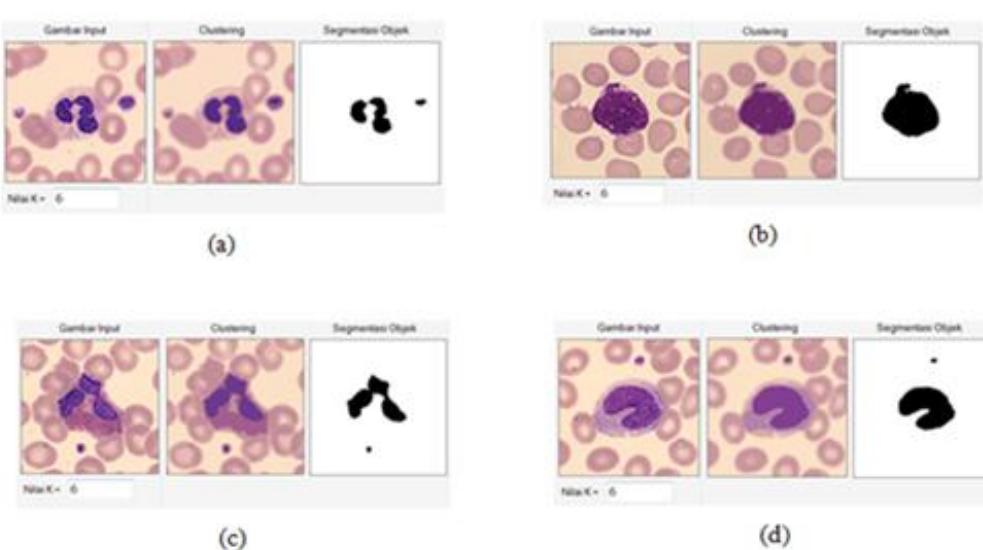
Nilai K = 5

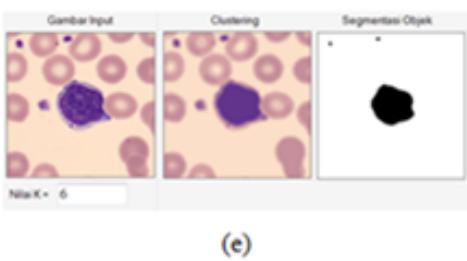


Gambar 5.12 Contoh Hasil Clustering dengan K = 5

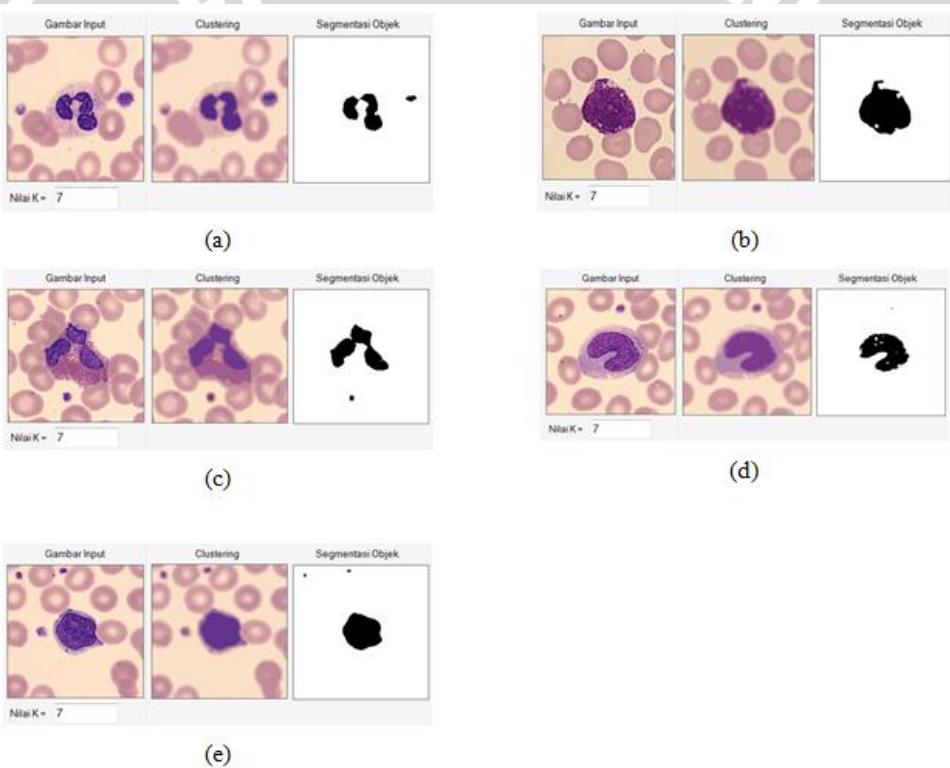
(a) Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

Nilai K = 6



Gambar 5.13 Contoh Hasil Clustering dengan $K = 6$

(a) Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

Nilai $K = 7$ Gambar 5.14 Contoh Hasil Clustering dengan $K = 7$

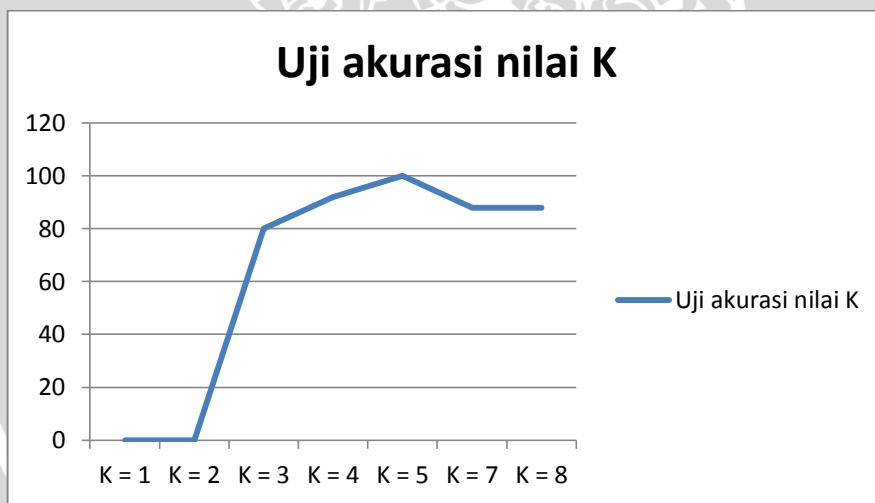
(a) Neutrofil (b) Basofil (c) Eosinofil (d) Monosit (e) Limfosit

5.2.1 Hasil uji akurasi nilai K

Berdasarkan uji coba yang dilakukan dalam menentukan nilai K, diperoleh prosentase akurasi yang ditunjukkan oleh Tabel 5.1 sebagai berikut :

Tabel 5.1 Uji akurasi nilai K

Nilai K	Akurasi
K = 1	(0 / 25) x 100% = 0%
K = 2	(0 / 25) x 100% = 0%
K = 3	(20 / 25) x 100% = 80%
K = 4	(23 / 25) x 100% = 92%
K = 5	(25 / 25) x 100% = 100%
K = 6	(22 / 25) x 100% = 88%
K = 7	(22 / 25) x 100% = 88%



Gambar 5.15 Grafik uji akurasi nilai K

Dari hasil pengujian yang dilakukan (Gambar 5.15) dalam menentukan nilai K terbaik, diperoleh hasil bahwa dengan menggunakan nilai K=1 atau K=2 (Gambar 5.8 – Gambar 5.9) nilai akurasi yang diperoleh sebesar 0%. Karena dari hasil *clustering* menunjukkan bahwa warna kluster yang diperoleh masih homogen dan belum mampu mengklaster antara warna inti sel dengan warna *background*, sehingga pada saat dilakukan proses segmentasi objek area yang



terdeteksi hanya area *background* (yang ditunjukkan oleh warna putih) sedangkan area objek (warna hitam) belum mampu terdeteksi. Sedangkan bila menggunakan nilai K=3 atau K=4 (Gambar 5.10 – Gambar 5.11), hasil proses *clustering* sudah mampu mengklaster antara warna inti sel (warna ungu) dengan warna *background*. Sehingga pada saat dilakukan proses segmentasi objek, area objek telah berhasil dikenali yang ditunjukkan dengan warna hitam. Namun, untuk kelas eosinofil proses *clustering* yang dilakukan masih belum mampu mengklaster warna objek dengan baik, hal tersebut terlihat pada hasil segmentasi objek dimana area objek belum mampu tersegmentasi dengan sempurna. Bila menggunakan nilai K=5 (Gambar 5.12) nilai akurasi yang diperoleh sebesar 100%, hal tersebut dikarenakan untuk keseluruhan kelas dari hasil proses *clustering* warna inti sel dengan warna *background* telah mampu diklaster dengan baik, sehingga pada proses segmentasi objek area objek telah berhasil tersegmentasi dengan sempurna. Sebaliknya, bila menggunakan nilai K=6 atau K=7 (Gambar 5.13 – Gambar 5.14), hasil proses *clustering* yang diperoleh adalah klaster warna objek terpecah menjadi beberapa kluster. Sehingga untuk beberapa kelas seperti kelas neutrofil dan kelas eosinofil, objek yang berhasil disegmentasi terlihat terputus dan terlihat beberapa lubang pada area objek, sehingga nilai K=6 dan nilai K=7 tidak cocok digunakan untuk proses *clustering*.

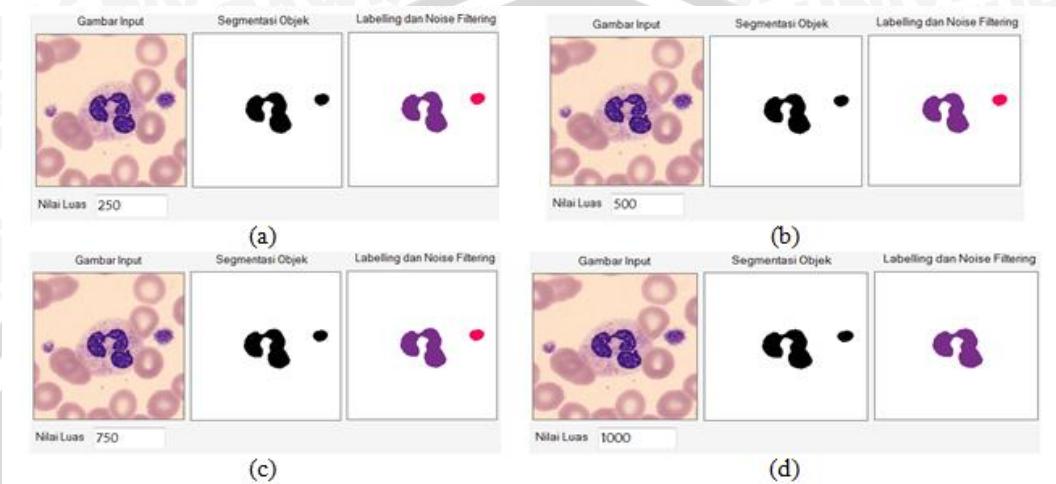
Sehingga berdasarkan hasil pengujian, diperoleh nilai K terbaik yaitu K=5 karena warna objek (inti sel) dengan warna *background* telah mampu terklaster dengan sempurna. Bila nilai K kurang dari 5, hasil yang diperoleh adalah warna objek masih belum terklaster dengan baik. Sedangkan bila nilai K diatas 5, maka batasan warna objek menjadi kabur karena warna dari objek terpecah dalam beberapa kluster yang menyebabkan hasil segmentasi pada beberapa objek menjadi terputus.

5.3 Penentuan nilai parameter luas pada proses proses Noise Filtering

Parameter nilai yang digunakan dalam proses *noise filtering* adalah luas atau jumlah piksel dari objek. Penentuan nilai luas yang cocok dilakukan melalui proses pengujian terhadap seluruh citra bernoise. Uji coba dilakukan dengan

menggunakan parameter luas dimulai dari nilai 250 piksel dan kelipatannya hingga noise terbesar yang ada pada data uji dapat dihilangkan.

Berikut contoh citra hasil proses noise filtering dengan menggunakan citra yang memiliki noise terbesar diantara citra yang lain :



Gambar 5.16 Contoh hasil proses noise filtering

(a) Luas = 250, (b) Luas = 500, (c) Luas = 750, (d) Luas = 1000

5.3.1 Hasil penentuan nilai parameter luas terbaik

. Dari hasil percobaan diperoleh hasil bahwa *noise* pada citra memiliki jumlah piksel kurang dari 1000 piksel, hal tersebut dibuktikan pada percobaan yang dilakukan pada citra yang memiliki noise terbesar (Gambar 5.16), dimana noise tidak hilang ketika menggunakan nilai luas 250, 500, dan 700 piksel. Sedangkan ketika menggunakan nilai parameter luas sebesar 1000 piksel, noise tersebut telah berhasil dieliminasi. Sehingga, objek yang memiliki nilai luas diatas 1000 piksel dianggap sebagai inti sel.

5.4 Pengujian jumlah fitur geometri

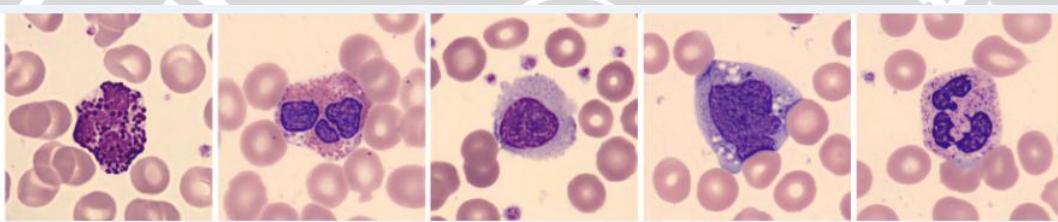
Proses pengujian dilakukan dengan menggunakan parameter jumlah fitur untuk membandingkan pengaruh jumlah fitur terhadap nilai akurasi sistem. Penggunaan jumlah fitur dalam proses pengujian ini adalah dari 1 sampai 8 fitur. Dimana untuk setiap parameter jumlah fitur, dilakukan 5 kali proses uji coba

dengan komposisi fitur yang berlainan dari 8 fitur geometri yang ada dengan pemilihan fitur secara random. Proses pengujian dilakukan untuk melihat rata-rata prosentase akurasi dari pengujian yang dilakukan terhadap seluruh kelas dari citra uji dengan jumlah fitur yang berlainan.

Data yang digunakan :

a. Data uji

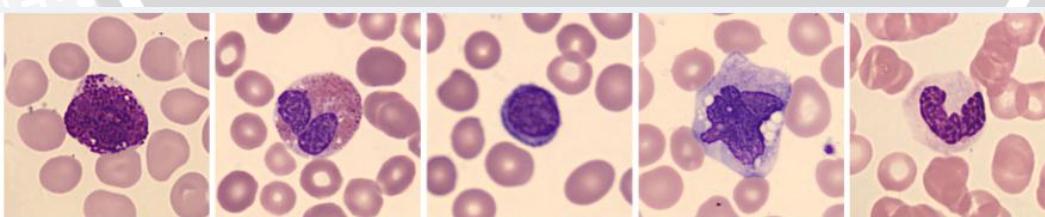
Citra yang digunakan sebagai bahan uji coba (Gambar 5.17) berjumlah 96 citra yang terdiri dari 5 citra dengan *multiple cell*, 31 citra jenis neutrofil, 18 citra jenis monosit, 25 citra jenis limfosit, 10 citra jenis eosinofil, dan 7 citra jenis basofil.



Gambar 5.17 Contoh citra sel leukosit yang digunakan sebagai citra uji

b. Data latih

Citra sel leukosit yang dijadikan sebagai bahan untuk pelatihan dalam proses klasifikasi jenis sel berjumlah 100 citra yang yang terdiri dari 20 citra sel leukosit untuk masing-masing jenis. Gambar 5.18 menunjukkan sampel citra sel leukosit yang digunakan dalam proses pelatihan sistem.



Gambar 5.18 Contoh citra sel leukosit yang digunakan sebagai citra training

5.4.1 Hasil pengujian sistem

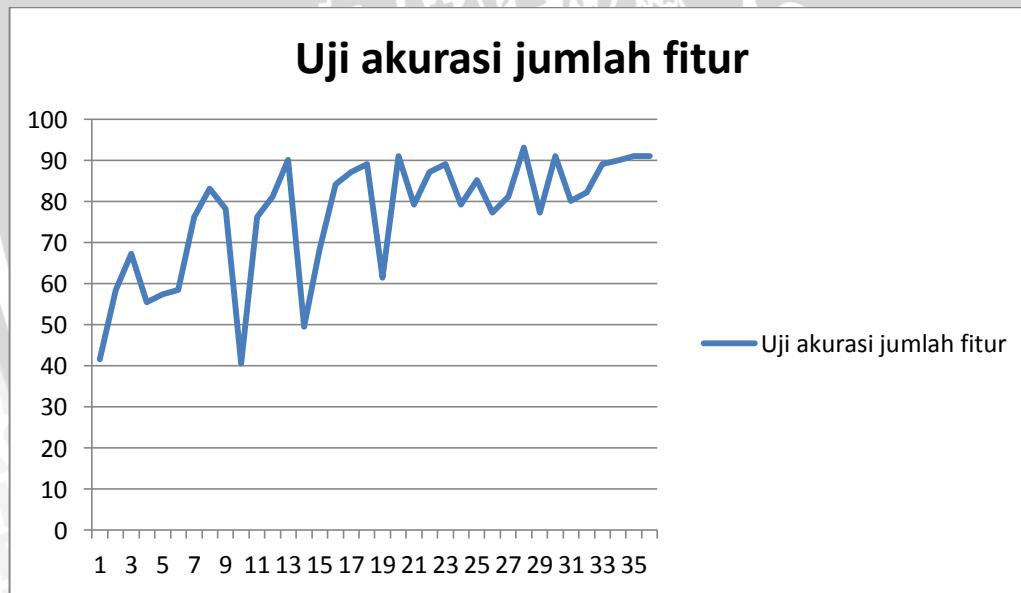
Berdasarkan hasil pengujian sistem terhadap jumlah fitur geometri (hasil pengujian terdapat pada Lampiran 2 – Lampiran 9), diperoleh nilai akurasi yang ditunjukkan oleh Tabel 5.2 sebagai berikut :

Tabel 5.2 Hasil Pengujian Sistem

Uji Coba	Fitur	Akurasi
1	<i>Perimeter</i>	$(42 / 101) \times 100\% = 41,58\%$
2	<i>Area</i>	$(59 / 101) \times 100\% = 58,41\%$
3	<i>Circularity</i>	$(68 / 101) \times 100\% = 67,32\%$
4	<i>Equivdiameter</i>	$(56 / 101) \times 100\% = 55,44\%$
5	<i>Length</i>	$(58 / 101) \times 100\% = 57,42\%$
6	<i>Circularity, Compactness</i>	$(59 / 101) \times 100\% = 58,41\%$
7	<i>Area, Perimeter</i>	$(77 / 101) \times 100\% = 76,23\%$
8	<i>Area, Circularity</i>	$(84 / 101) \times 100\% = 83,16\%$
9	<i>Circularity, Equivdiameter</i>	$(79 / 101) \times 100\% = 78,21\%$
10	<i>Compactness, Elongation</i>	$(41 / 101) \times 100\% = 40,59\%$
11	<i>Area, Compactness, Elongation</i>	$(77 / 101) \times 100\% = 76,23\%$
12	<i>Area, Perimeter, Circularity</i>	$(82 / 101) \times 100\% = 81,18\%$
13	<i>Area, Circularity, Length</i>	$(91 / 101) \times 100\% = 90,09\%$
14	<i>Perimeter, Elongation, Compactness</i>	$(50 / 101) \times 100\% = 49,50\%$
15	<i>Perimeter, Length, Width</i>	$(69 / 101) \times 100\% = 68,31\%$
16	<i>Area, Circularity, Width, Equivdiameter</i>	$(85 / 101) \times 100\% = 84,16\%$
17	<i>Area, Perimeter, Circularity, Equivdiameter</i>	$(88 / 101) \times 100\% = 87,13\%$
18	<i>Area, Length, Equivdiameter, Compactness</i>	$(90 / 101) \times 100\% = 89,11\%$
19	<i>Perimeter, Length, Width, Compactness</i>	$(62 / 101) \times 100\% = 61,38\%$

20	<i>Circularity, Length, Equivdiameter, Elongation</i>	(92 / 101) x 100% = 91,08%
21	<i>Area, Perimeter, Circularity, Equivdiameter, Compactness</i>	(80 / 101) x 100% = 79,21%
22	<i>Area, Circularity, Length, Width, Elongation</i>	(88 / 101) x 100% = 87,12%
23	<i>Length, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(90 / 101) x 100% = 89,11%
24	<i>Area, Perimeter, Equivdiameter, Width, Length</i>	(80 / 101) x 100% = 79,21%
25	<i>Area, Perimeter, Circularity, Length, Width</i>	(86 / 101) x 100% = 85,15%
26	<i>Perimeter, Length, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(78 / 101) x 100% = 77,23%
27	<i>Area, Perimeter, Length, Width, Equivdiameter, Elongation</i>	(82 / 101) x 100% = 81,19%
28	<i>Area, Length, Circularity, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(94 / 101) x 100% = 93,07%
29	<i>Area, Perimeter, Length, Width, Compactness, Elongation</i>	(78 / 101) x 100% = 77,23%
30	<i>Area, Perimeter, Circularity, Length, Width, Equivdiameter</i>	(92 / 101) x 100% = 91,08%
31	<i>Area, Perimeter, Circularity, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(81 / 101) x 100% = 80,19%
32	<i>Area, Perimeter, Circularity, Length, Width, Compactness, Elongation</i>	(83 / 101) x 100% = 82,17%

33	<i>Area, Perimeter, Circularity, Length, Width, Equivdiameter, Compactness</i>	(90 / 101) x 100% = 89,10%
34	<i>Area, Perimeter, Length, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(91 / 101) x 100% = 90,01%
35	<i>Area, Circularity, Length, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(92 / 101) x 100% = 91,08%
36	<i>Area, Perimeter, Circularity, Length, Width, Equivdiameter, Compactness, Elongation</i>	(92 / 101) x 100% = 91,08%



Gambar 5.19 Grafik uji akurasi jumlah fitur

Dari hasil pengujian sistem (Gambar 5.19) dengan menggunakan parameter jumlah fitur terhadap pengaruh nilai akurasi menunjukkan bahwa, banyaknya fitur geometri yang digunakan dalam proses identifikasi jeni sel leukosit tidak mempengaruhi nilai akurasi dari proses identifikasi yang dilakukan.

Dalam grafik terlihat bahwa penggunaan fitur yang semakin banyak tidak menunjukkan kenaikan nilai akurasi secara periodik. Kenaikan nilai akurasi lebih dipengaruhi oleh komposisi atau pemilihan fitur geometri yang digunakan. Grafik akan menunjukkan penurunan jika fitur geometri yang dipilih tidak atau kurang sesuai. Begitu juga sebaliknya, bila fitur geometri yang digunakan telah sesuai maka nilai akurasinya akan meningkat meskipun jumlah fitur yang digunakan hanya sedikit.

5.5 Pengujian terhadap masing-masing kelas

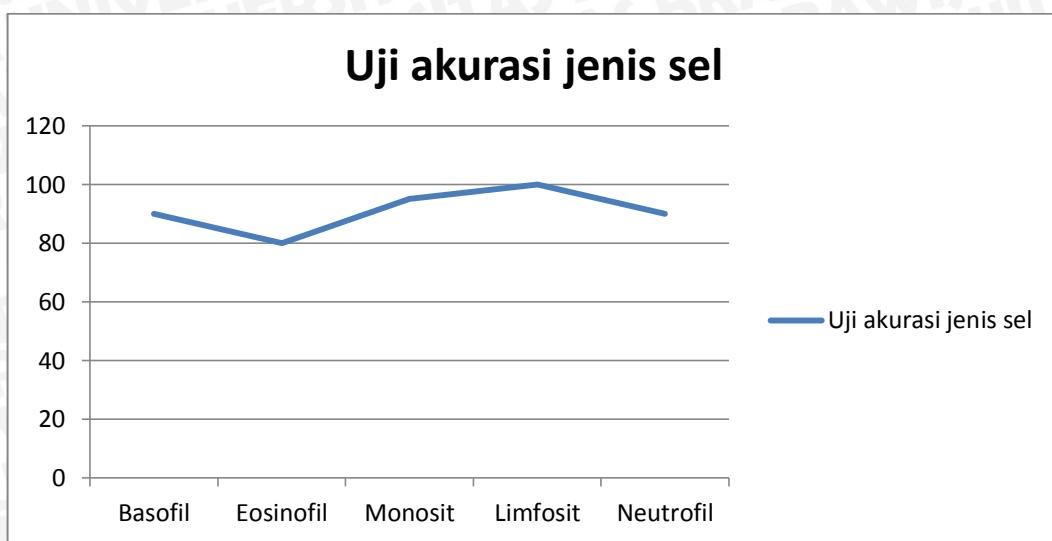
Proses pengujian ini dilakukan dengan menghitung nilai akurasi yang dihasilkan dari penggunaan 8 fitur geometri terhadap masing-masing kelas / jenis sel, yaitu neutrofil, monosit, limfosit, basofil, dan eosinofil. Jumlah citra uji yang digunakan dalam proses pengujian ini menggunakan 100 citra uji dengan komposisi 20 citra pada masing-masing kelas / jenis sel.

5.5.1 Hasil pengujian sistem

Berdasarkan hasil pengujian sistem terhadap masing-masing jenis sel, diperoleh nilai akurasi yang ditunjukkan oleh Tabel 5.3 sebagai berikut :

Tabel 5.3 Hasil Pengujian Sistem

Uji Coba	Jenis sel	Akurasi
1	Basofil	(18/20) x 100% = 90%
2	Eosinofil	(16/20) x 100% = 80%
3	Monosit	(19/20) x 100% = 95%
4	Limfosit	(20/20) x 100% = 100%
5	Neutrofil	(18/20) x 100% = 90%



Gambar 5.20 Grafik uji akurasi jenis sel

Dari hasil pengujian sistem (Gambar 5.20) melalui penggunaan 8 fitur geometri terhadap pengujian dari masing-masing jenis sel menunjukkan bahwa, nilai akurasi tertinggi berada pada kelas limfosit dengan nilai akurasi sebesar 100%. Keakuratan identifikasi terhadap kelas tersebut lebih dominan dipengaruhi oleh fitur *circularity* yang digunakan, karena limfosit cenderung memiliki ciri bentuk inti sel yang bulat sehingga nilai *circularity* yang dihasilkan memiliki rentan nilai yang lebih tinggi (Lampiran 10) dibandingkan dengan beberapa jenis sel yang lain. Sedangkan untuk jenis sel seperti monosit, neutrofil, eosinofil, dan basofil, masing-masing fiturnya memiliki nilai yang saling beririsan satu dengan yang lainnya, sehingga memungkinkan terjadinya kesalahan dalam proses identifikasi yang dilakukan.

Berdasarkan hasil analisis tersebut, ukuran sel sangat mempengaruhi hasil klasifikasi sistem. Dengan ukuran dan bentuk sel yang spesifik, keakuratan hasil identifikasi juga akan baik. Bila ukuran dari sel tersebut bervariasi dan ada kemiripan antara nilai fitur dari sel satu dengan yang lain, maka memungkinkan untuk terjadinya eror dalam proses klasifikasi.

5.6 Analisis

Berdasarkan proses pengujian yang telah dilakukan terhadap sistem diperoleh hasil bahwa :

1. Hasil dari proses segmentasi citra sel leukosit sangat berpengaruh terhadap proses identifikasi jenis sel leukosit. Pada penelitian ini, hasil dari proses segmentasi dipengaruhi oleh pemilihan nilai K serta penentuan ukuran kernel yang tepat. Dari hasil uji coba diperoleh ukuran kernel terbaik yaitu 11×11 sedangkan nilai K yang sesuai yaitu $K=5$.
2. Untuk menghilangkan *noise* yang ada pada citra dilakukan proses *noise filtering* berdasarkan nilai luas dari objek. Proses *noise filtering* berdasarkan nilai luas ini dilakukan karena *noise* pada citra memiliki ukuran yang relatif besar tetapi tidak melebihi ukuran inti sel. Pemilihan nilai luas sebagai parameter untuk proses seleksi *noise* ini ditentukan berdasarkan hasil uji coba terhadap citra sel leukosit bernoise. Dari hasil uji coba diperoleh nilai parameter terbaik untuk menghilangkan *noise* yaitu 1000 piksel. Bila ukuran objek dibawah nilai 1000 piksel maka objek tersebut adalah *noise*, dan bila lebih dari 1000 piksel maka objek tersebut adalah inti sel.
3. Jumlah fitur yang digunakan dalam proses ekstraksi fitur geometri tidak berpengaruh terhadap peningkatan nilai akurasi sistem. Besar kecilnya nilai akurasi sistem lebih dipengaruhi oleh proses pemilihan komposisi fitur geometri yang digunakan. Sehingga memungkinkan jumlah fitur yang digunakan hanya sedikit tetapi memiliki nilai akurasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan jumlah fitur yang lebih banyak tetapi memiliki nilai akurasi yang lebih rendah.
4. Dalam uji akurasi yang dilakukan terhadap masing-masing jenis sel, diperoleh hasil bahwa nilai akurasi terbaik adalah pada jenis limfosit dengan nilai akurasi sebesar 100%. Karena sel tersebut memiliki nilai fitur *circularity* yang lebih menonjol dibandingkan dengan sel lainnya yang memiliki nilai fitur yang saling beririsan sehingga menyebabkan kesalahan dalam proses klasifikasi.



BAB VI

PENUTUP

6.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil pengamatan selama proses perancangan, implementasi, hingga pada proses pengujian dan analisis sistem, diperoleh kesimpulan bahwa :

1. Sistem identifikasi jenis sel leukosit dibangun melalui beberapa tahapan proses, yaitu proses *preprocessing* menggunakan *low pass filtering*, proses segmentasi objek menggunakan algoritma *k-means* dan *naive bayes classifier*, proses *labelling* dan *noise filtering* menggunakan algoritma *region growing*, proses analisis bentuk objek menggunakan *chain code*, proses ekstraksi fitur geometri dari sel yang terdiri dari *area*, *perimeter*, *circularity*, *length*, *width*, *equivdiameter*, *compactness*, dan *elongation* serta proses identifikasi jenis sel menggunakan *naive bayes classifier*.
2. Sistem yang dihasilkan telah mampu melakukan proses identifikasi jenis sel leukosit dengan menggunakan 8 fitur geometri dan sekaligus mampu menghitung jumlah dari masing-masing jenis sel yang ditemukan sesuai pada tujuan dari proses identifikasi sel leukosit yaitu perhitungan jenis sel leukosit atau *differential blood counting*.
3. Berdasarkan hasil analisis yang diperoleh, penggunaan jumlah fitur tidak mempengaruhi kenaikan nilai akurasi. Besarnya nilai akurasi ditentukan oleh susunan fitur atau pemilihan komposisi fitur yang tepat, karena dengan susunan fitur yang berbeda akan menghasilkan nilai akurasi yang berbeda. Sedangkan untuk analisis penggunaan 8 fitur terhadap masing-masing jenis sel, diperoleh hasil bahwa nilai akurasi terbaik adalah pada jenis limfosit dengan nilai akurasi sebesar 100%. Karena sel tersebut memiliki nilai fitur *circularity* yang lebih menonjol dibandingkan dengan sel lainnya yang memiliki nilai fitur yang saling beririsan sehingga menyebabkan kesalahan dalam proses klasifikasi.
4. Pemilihan parameter ukuran kernel pada proses *low pass filtering*, pemilihan nilai K pada proses *K-Means*, serta pemilihan nilai luas pada

proses *noise filtering* didapat dari hasil uji coba terhadap sistem. Dari hasil uji coba diperoleh ukuran kernel terbaik yaitu ukuran 11x11, nilai K terbaik yaitu K=5, dan ukuran parameter luas terbaik yaitu 1000 piksel.

6.2 Saran

Saran yang dapat diberikan untuk pengembangan sistem identifikasi jenis sel leukosit dengan menggunakan ekstraksi fitur geometri dan klasifikasi naive bayes lebih lanjut adalah sebagai berikut :

1. Berdasarkan hasil analisis dari pengujian sistem, maka untuk meningkatkan nilai akurasi sistem dari penggunaan fitur geometri diperlukan proses pemilihan komposisi fitur-fitur yang tepat agar output yang dihasilkan memiliki tingkat keakuratan yang optimum.
2. Penggunaan data training harus disesuaikan dengan data set yang digunakan, karena penggunaan data set yang berbeda akan menghasilkan keluaran yang berbeda pula. Karena penggunaan fitur geometri sangat dipengaruhi oleh ukuran dari sel itu sendiri.



DAFTAR PUSTAKA

- [ABD-07] Abdullah, Mikrajuddin, Saktiyono, Lutfi.(2007). "IPA TERPADU SMP dan MTS JILID 2A untuk kelas VIII semester 1". Erlangga.
- [ANG-02] Angulo, Jesus, Jean Serra.(2002). "Morphological Color Size Distributions for Image Classification and Retrieval". Proceedings of ACIVS 2002 (Advanced Concepts for Intelligent Vision Systems), Ghent, Belgium.
- [ANW-10] Anwariningsih, Sri Huning, Agus Zainal Arifin, Anny Yuniarti.(2010). "Estimasi Bentuk Structuring Element Berdasar Representasi Obyek". Jurnal Ilmiah KURSOR Vol. 5, No. 3.
- [BRO-05] Brooker, Chris.(2005)." Ensiklopedia Keperawatan (Churchill Livingstone's Mini Ensiklopaedia Of Nursing 1st Edition)". EGC Medical publisher .Elsevier Ltd.
- [CEL-13] Cellavision® Competency Software Evaluation Edition. <http://www.cellavision.com/> [02 Februari 2013].
- [CHI-08] Chinwaraphat, S., A. Sanpanich, C. Pintavirooj, M. Sangworasil, P. Tosranon.(2008). " A Modified Fuzzy Clustering for White Blood Cell Segmentation". The 3rd International Symposium on Biomedical Engineering.
- [DOR-07] Dorini, Leyza Baldo, Rodrigo Minetto, Neucimar Jeronimo Leite.(2007). "White Blood Cell Segmentation Using Morphological Operators and Scale-space Analysis".
- [FAM-09] Famalia, Sikna.(2009). "Ekstraksi Karakter Berdasarkan Multilevel Thresholding Dan Region Growing". Institut Teknologi Telkom : Bandung.
- [FAT-11] Fatichah, Chastine, Martin L. Tangen, M. Rahmat Widyanto, Fangyan Dong, Kaoru Hirota.(2011). "Parameter Optimization of Local Fuzzy Pattern for Extracting White Blood Cell Texture Feature".



- [FEB-10] Febri, Liantoni.(2010)."Klasifikasi Daun dengan Centroid Linked Clustering Berdasarkan Fitur Bentuk Tepi Daun".
- [GHO-10] Ghosh, Madhumala, Devkumar Das, Subhodip Mandal, et. al. (2010)."Statistical Pattern Analysis of White Blood Cell Nuclei Morphometry". Proceedings of the 2010 IEEE Students' Technology Symposium, IIT Kharagput.
- [HIR-09] Hiremath.P.S., Parashuram Bannigidad.(2009)." Automatic Classification of Bacterial Cells in Digital Microscopic Images". International Journal of Engineering and Technology, Volume 2, Number 4.
- [HIR-10] Hiremath.P.S., Parashuram Bannigidad, Manjunath Hiremath. (2010)."Automated Identification and Classification of Rotavirus-A Particle in Digital Microscopic Images". IJCA Special Issue on "Recent Trends in Image Processing and Pattern Recognition" ,RTIPPR.
- [HIR-10] Hiremath, P.S., Parashuram Bannigidad, Sai Geeta.(2010) ."Automated Identification and Classification of White Blood Cells (Leukocytes) in Digital Microscopic Images". IJCA Special Issue on "Recent Trends in Image Processing and Pattern Recognition",RTIPPR.
- [HIR-12] Hiremath.P.S., Parashuram Bannigidad, Soumyashree S.Yelgond.(2012)."Identification of Flagellated or Fimbriated Bacterial Cells using Digital Image Processing Techniques". International Journal of Computer Applications (0975 – 8887) Volume 59– No.12.
- [JAY-09] Jayaraman, S. S Essakkirajan, T Veerakumar.(2009)."Digital Image Processing". West Patel Nagar. New Delhi.
- [LAR-05] Larose, Daniel T..(2005)."Discovering Knowledge in Data: An Introduction to Data Mining". A John Wiley & Sons. Inc. Publication.
- [MAT-13] Mathur Atin, Ardhendu S. Tripathi, Manohar Kuse.(2013). "Scalable System for Classification of White Blood Cells from



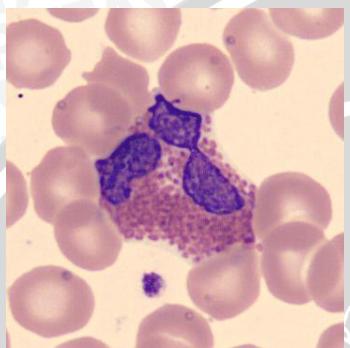
- [NAT-10] Leishman Stained Blood Stain Images". J Pathol Inform, 4:15.
- [OLS-04] Natalius, Samuel.(2010)."Metoda Naïve Bayes Classifier dan Penggunaannya pada Klasifikasi Dokumen". Makalah II2092 Probabilitas dan Statistik – Sem. ITahun 2010/2011.
- [PIU-04] Olshausen, Bruno A.. (2004). "Bayesian Probability Theory".
- [PIU-04] Piuri, Vincenzo, Fabio Scotti.(2004). "Morphological Classification of Blood Leucocytes by Microscope Images". CIMSA2004 – IEEE International Conference on Computational Intelligence for Measurement Systems and Applications Boston,MD,USA,14-16 July.
- [PRA-11] Pramitarini, Yushintia.(2011). "Analisis Pengiriman Citra Terkompresi JPEG dengan Teknik Spread Spektrum Direct Sequence (DS-SS)".
- [PUT-10] Putra, Darma.(2010)."Pengolahan Citra Digital". Penerbit : ANDI. Yogyakarta.
- [ROS-11] Rosmiati, Mia, Jangkung Rahardjo, Jossep Frdedderick William. (2011). "Segmentasi Inti Sel Darah Putih Berdasarkan Algoritma Watershed dan Pattern Recognition dengan Slope Histogram". Prosiding Konferensi Nasional ICT-M Politeknik Telkom (KNIP).
- [SAC-02] Sacher, Ronald A., Richard A. McPherson.(2002). " Tinjauan Klinis Hasil Pemeriksaan. Laboratorium". Penerbit : Buku Kedokteran EGC. Jakarta.
- [SAI-12] Saikhu, Ahmad, Hanny Saputro. (2012). "Klasterisasi Data Diskret Menggunakan Algoritma Multinomial Generalized Dirichlet Mixture pada Citra". Seminar Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi 2012 (SENTIKA 2012).
- [SHA-09] Shahab, Walid, Hazem Al-Otum, Farouq Al-Ghoul. (2009). "A Modified 2D Chain Code Algorithm for Object Segmentation and Countour Tracing". The International Arab Journal of Information Technology, Vol. 6, No. 3.
- [SHE-10] Sherwood, Laularee. (2010)."Human Physiology: from cells to

- [SLI-13] systems.seventh Edition". Yolanda Cossio. USA.
- [WAH-01] Mengko, Taty R. 2012. Object Measurement (Size and Shape). <http://www.slideshare.net/rumahbelajar/06-object-measurement> [18 Februari 2013]
- [WHO-91] Wahlby, Carolina, Joakim Lindblad, Mikael Vondrus, Ewert Bengtsson, Lennart Bjorkesten. (2001). "Algorithms for cytoplasm segmentation of fluorescence labelled cells". Analytical Cellular Pathology 24 (2002) 101–111, IOS Press.
- [WID-12] WHO – OMS. (1991). "Basic Malaria Microscopy (part I and II) Learning Unit 7. Examining blood films". WHO; 1991; 72 pages.
- [YUL-09] Widyawan, S.S kusumawardani. (2012). "Wlan Fingerprint untuk Prediksi Lokasi Objek dalam Gedung". Taman Ginting. Jurnal Teknologi, Volume 5 Nomor 2, 143-148.
- [YUL-07] Yuliani, Nur, Lulu C Munggaran, Sarifudin Madenda, Michel Paindavoine.(2009). "Pendekatan Kode Rantai Sebagai Dasar Pengenalan Karakter". Fakultas Ilmu Komputer. Universitas Gunadarma
- [XIE-10] Yulia. Vita Noorniawati.(2007). "Metode Support Vector Machine untuk Klasifikasi pada Sistem Temu Kembali Citra". Xie, Ernai, T. M. McGinnity, QingXiang Wu.(2010). "Automatic Extraction of Shape Features for Classification of Leukocytes". International Conference on Artificial Intelligence and Computational Intelligence.

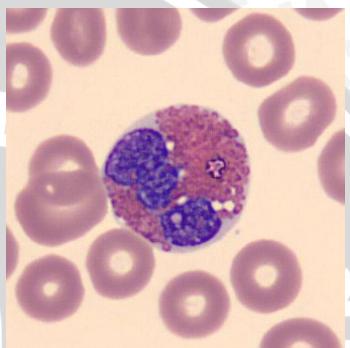
LAMPIRAN

Lampiran 1 Sampel Citra

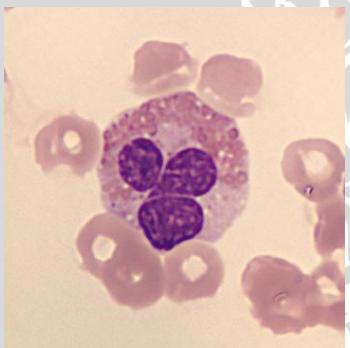
*Jenis Eosinofil



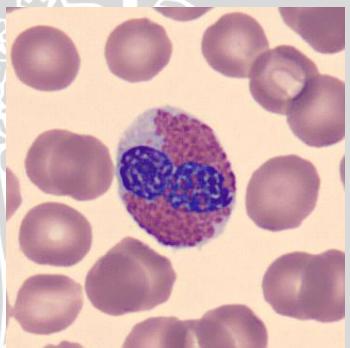
EO_344



UI_839



eos303641_N_S

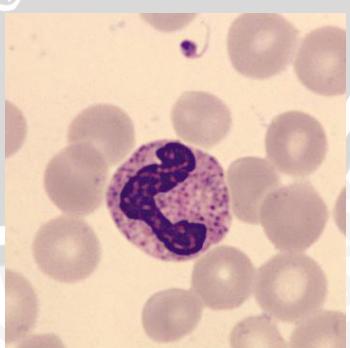


UI_703

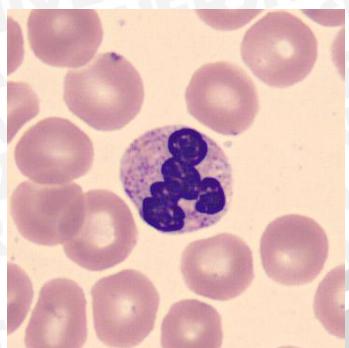
*Jenis Neutrofil



SNE_190



ban302029_N_S

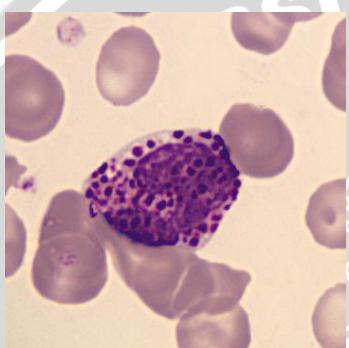


UI_65

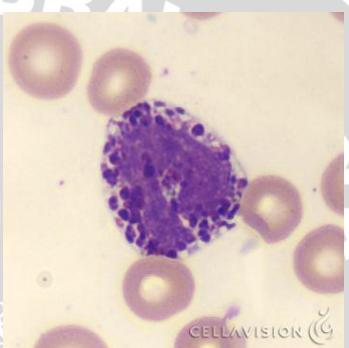


SNE_243

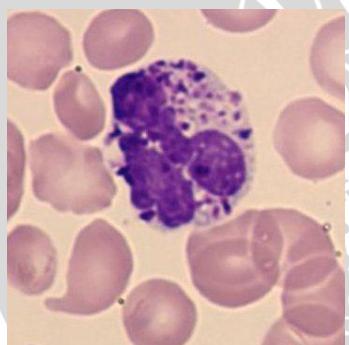
*Jenis Basofil



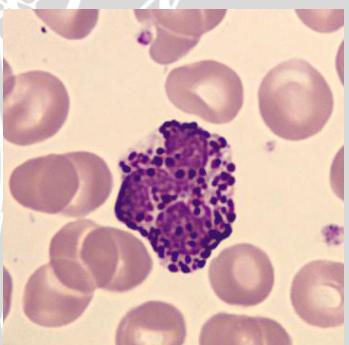
bas10016697_N_S



Basophil 4

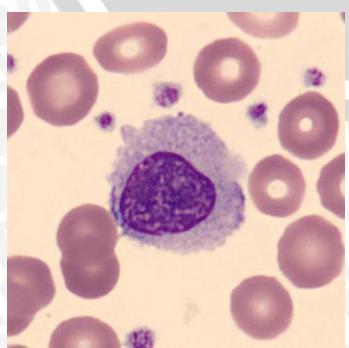


BASO1

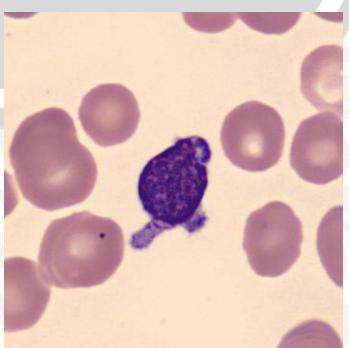


bas295724_N_S

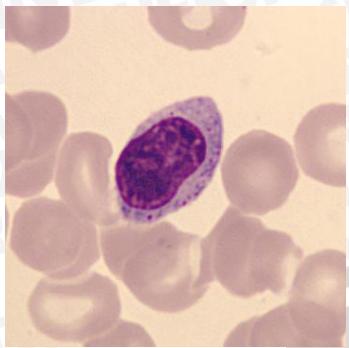
*Jenis Limfosit



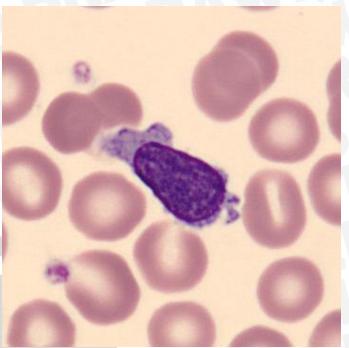
LY_162



LY_543



lym300321_N_S

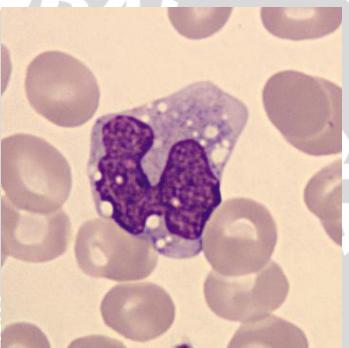


LY_676

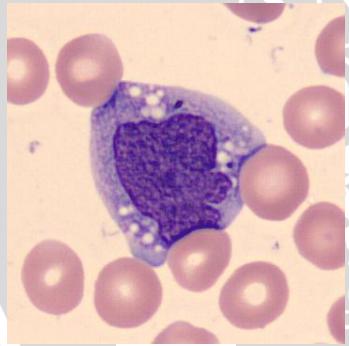
*Jenis Monosit



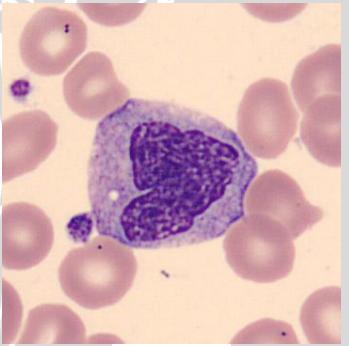
MO_251



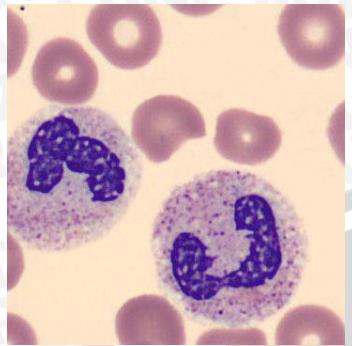
mon306459_N_S



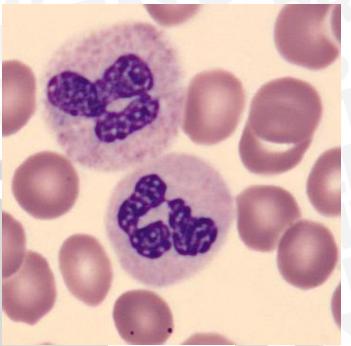
MO_488



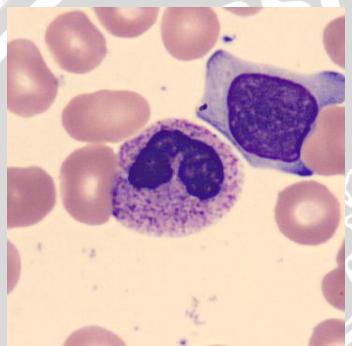
MO_287

***Multiple Cell**

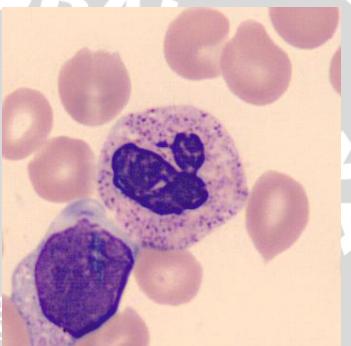
UI_867



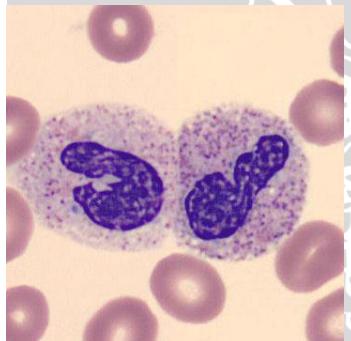
SNE_250



BNE_540



BNE_582



UI_836

Lampiran 2 Hasil Uji Coba 1

Hasil pengujian uji coba 1 menggunakan 1 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	Basofil	Benar
BA_530	Basofil	Monosit	Salah
bas308549_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	Monosit	Salah
bas10016697_N_S	Basofil	Neutrofil	Salah
Basophil 4	Basofil	Basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	Monosit	Salah
EO_344	Eosinofil	Basofil	Salah
EO_424	Eosinofil	Limfosit	Salah
eos290135_N_S	Eosinofil	Monosit	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	Monosit	Salah
Eosinophil2	Eosinofil	Basofil	Salah
UL_60	Eosinofil	Monosit	Salah
UL_726	Eosinofil	Monosit	Salah
UL_796	Eosinofil	Monosit	Salah
UL_839	Eosinofil	Monosit	Salah
LY_162	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_370	Limfosit	Limfosit	Benar

LY_386	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	Limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	Limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	Limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	Limfosit	Benar
UL_618	Limfosit	Limfosit	Benar
UL_626	Limfosit	Limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	Limfosit	Salah
MO_212	Monosit	Limfosit	Salah
MO_214	Monosit	Limfosit	Salah
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	Basofil	Salah
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	Monosit	Benar
UI_31	Monosit	Monosit	Benar

UI_32	Monosit	Monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	Monosit	Salah
BNE_289	Neutrofil	Monosit	Salah
BNE_290	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_46	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_55	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_56	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_101	Neutrofil	Basofil	Salah
SNE_107	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_120	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_141	Neutrofil	Basofil	Salah
SNE_148	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_164	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_190	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_191	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_202	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_203	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_210	Neutrofil	Basofil	Salah
SNE_243	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_245	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_304	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_306	Neutrofil	Basofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	Basofil	Salah
SNE_329	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_375	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_386	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_396	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_405	Neutrofil	Monosit	Salah
SNE_414	Neutrofil	Monosit	Salah
UI_65	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_85	Neutrofil	Monosit	Salah

UI_107	Neutrofil	Basofil	Salah
BNE_540	Limfosit	Limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	Monosit	Salah
BNE_582	Neutrofil	Limfosit	Salah
BNE_582	Limfosit	Limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_836	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_867	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_867	Neutrofil	Monosit	Salah



Lampiran 3 Hasil Uji Coba 7

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 7 menggunakan 2 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	eosinofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	limfosit	Salah
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	neutrofil	Benar
UL_60	Eosinofil	limfosit	Salah
UL_726	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_796	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_839	Eosinofil	eosinofil	Benar
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	neutrofil	Salah

LY_370	Limfosit	limfosit	Benar
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_656	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_676	Limfosit	neutrofil	Salah
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	limfosit	Salah
MO_212	Monosit	monosit	Benar
MO_214	Monosit	limfosit	Salah
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_190	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_304	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	limfosit	Salah
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_867	Neutrofil	Limfosit	Salah
UI_867	Neutrofil	eosinofil	Salah



Lampiran 4 Hasil Uji Coba 13

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 13 menggunakan 3 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	neutrofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_60	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_726	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_796	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_839	Eosinofil	neutrofil	Salah
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	limfosit	Benar

LY_370	Limfosit	limfosit	Benar
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	monosit	Benar
MO_212	Monosit	monosit	Benar
MO_214	Monosit	eosinofil	Salah
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	basofil	Salah
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_190	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_304	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_836	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar



Lampiran 5 Hasil Uji Coba 17

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 17 menggunakan 4 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	eosinofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
Eosinophil2	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_60	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_726	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_796	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_839	Eosinofil	neutrofil	Salah
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	limfosit	Benar



LY_370	Limfosit	limfosit	Benar
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	monosit	Benar
MO_212	Monosit	limfosit	Benar
MO_214	Monosit	monosit	Benar
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_190	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_304	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_836	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar



Lampiran 6 Hasil Uji Coba 21

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 21 menggunakan 5 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	eosinofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_60	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_726	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_796	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_839	Eosinofil	eosinofil	Benar
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	limfosit	Benar



LY_370	Limfosit	limfosit	Benar
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	monosit	Benar
MO_212	Monosit	limfosit	Salah
MO_214	Monosit	monosit	Benar
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_56	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_190	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_304	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	eosinofil	Salah
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_867	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar



Lampiran 7 Hasil Uji Coba 27

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 27 menggunakan 6 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	neutrofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	monosit	Salah
EO_424	Eosinofil	eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	Basofil	Salah
UL_60	Eosinofil	Neutrofil	Salah
UL_726	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_796	Eosinofil	Eosinofil	Benar
UL_839	Eosinofil	Neutrofil	Salah
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	neutrofil	Salah

LY_370	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_543	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_656	Limfosit	neutrofil	Salah
LY_676	Limfosit	neutrofil	Salah
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	neutrofil	Salah
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	limfosit	Salah
MO_212	Monosit	monosit	Benar
MO_214	Monosit	limfosit	Salah
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_190	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_245	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_304	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_836	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar



Lampiran 8 Hasil Uji Coba 33

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 33 menggunakan 7 fitur geometri:

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	basofil	Benar
BA_530	Basofil	eosinofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_60	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_726	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_796	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_839	Eosinofil	eosinofil	Benar
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	limfosit	Benar

LY_370	Limfosit	limfosit	Benar
LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UI_618	Limfosit	limfosit	Benar
UI_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	monosit	Benar
MO_212	Monosit	limfosit	Salah
MO_214	Monosit	monosit	Benar
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	monosit	Benar

UI_31	Monosit	monosit	Benar
UI_32	Monosit	monosit	Benar
BNE_3	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_289	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_290	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_46	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_148	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_190	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_304	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	eosinofil	Salah
SNE_386	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	neutrofil	Benar

UI_85	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_107	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	neutrofil	Benar
BNE_582	Limfosit	limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_836	Neutrofil	eosinofil	Salah
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	neutrofil	Benar



Lampiran 9 Hasil Uji Coba 36

Hasil pengujian dari seluruh uji coba 36 menggunakan 8 fitur geometri :

Nama file	Jenis sel	Hasil identifikasi	Hasil pengujian
bas295724_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas295904_N_S	Basofil	Basofil	Benar
BA_530	Basofil	Eosinofil	Salah
bas308549_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas295456_N_S	Basofil	Basofil	Benar
bas10016697_N_S	Basofil	Basofil	Benar
Basophil 4	Basofil	Basofil	Benar
EO_246	Eosinofil	Eosinofil	Benar
EO_344	Eosinofil	Eosinofil	Benar
EO_424	Eosinofil	Eosinofil	Benar
eos290135_N_S	Eosinofil	neutrofil	Salah
eos300103_N_S	Eosinofil	eosinofil	Benar
Eosinophil2	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_60	Eosinofil	neutrofil	Salah
UL_726	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_796	Eosinofil	eosinofil	Benar
UL_839	Eosinofil	eosinofil	Benar
LY_162	Limfosit	limfosit	Benar
LY_164	Limfosit	limfosit	Benar
LY_296	Limfosit	limfosit	Benar
LY_298	Limfosit	limfosit	Benar
LY_312	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313 (2)	Limfosit	limfosit	Benar
LY_313	Limfosit	limfosit	Benar
LY_318	Limfosit	limfosit	Benar
LY_326	Limfosit	limfosit	Benar
LY_369	Limfosit	limfosit	Benar
LY_370	Limfosit	limfosit	Benar

LY_386	Limfosit	limfosit	Benar
LY_393	Limfosit	limfosit	Benar
LY_423	Limfosit	limfosit	Benar
LY_440	Limfosit	limfosit	Benar
LY_453	Limfosit	limfosit	Benar
LY_485	Limfosit	limfosit	Benar
LY_495	Limfosit	limfosit	Benar
LY_543	Limfosit	limfosit	Benar
LY_656	Limfosit	limfosit	Benar
LY_676	Limfosit	limfosit	Benar
lym299719_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
lym300321_N_S	Limfosit	limfosit	Benar
UL_618	Limfosit	limfosit	Benar
UL_626	Limfosit	limfosit	Benar
MO_48	Monosit	monosit	Benar
MO_146	Monosit	monosit	Benar
MO_212	Monosit	limfosit	Salah
MO_214	Monosit	monosit	Benar
MO_251	Monosit	monosit	Benar
MO_287	Monosit	monosit	Benar
MO_289	Monosit	monosit	Benar
MO_358	Monosit	monosit	Benar
MO_431	Monosit	monosit	Benar
MO_488	Monosit	monosit	Benar
MO_515	Monosit	monosit	Benar
MO_529	Monosit	monosit	Benar
MO_538	Monosit	monosit	Benar
MO_620	Monosit	monosit	Benar
MO_635	Monosit	monosit	Benar
mon306459_N_S	Monosit	Monosit	Benar
UI_31	Monosit	Monosit	Benar

UI_32	Monosit	Monosit	Benar
BNF_3	Neutrofil	Neutrofil	Benar
BNF_289	Neutrofil	Neutrofil	Benar
BNF_290	Neutrofil	Eosinofil	Salah
SNE_46	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_55	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_56	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_101	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_107	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_120	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_141	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_148	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_164	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_190	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_191	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_202	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_203	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_210	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_243	Neutrofil	Eosinofil	Salah
SNE_245	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_304	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_306	Neutrofil	Eosinofil	Salah
SNE_327	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_329	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_375	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_386	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_396	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_405	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_414	Neutrofil	Neutrofil	Benar
UI_65	Neutrofil	Neutrofil	Benar
UI_85	Neutrofil	Neutrofil	Benar

UI_107	Neutrofil	Neutrofil	Benar
BNE_540	Limfosit	Limfosit	Benar
BNE_540	Neutrofil	Limfosit	Salah
SNE_250	Neutrofil	Neutrofil	Benar
SNE_250	Neutrofil	Neutrofil	Benar
BNE_582	Neutrofil	Neutrofil	Benar
BNE_582	Limfosit	Limfosit	Benar
UI_836	Neutrofil	Eosinofil	Salah
UI_836	Neutrofil	Neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	Neutrofil	Benar
UI_867	Neutrofil	Neutrofil	Benar



Lampiran 10 Rentang nilai fitur geometri dari masing-masing kelas

Kelas	Area	Perimeter	Circularity	length	width	Equivdiameter	Compactness	Elongation
Basofil	7415 - 18664	396,68 – 682,62	0,34 – 0,79	119 - 178	90 - 156	97,19 – 154,19	1,26 – 2,96	1,01 – 1,46
Limfosit	4356 - 11357	250,99 - 429,77	0,71- 0,9	82 - 149	64 - 131	74,49 – 120,28	1,12 – 1,41	1,03 – 1,39
Monosit	8106 - 12832	364,09 – 662,58	0,31 – 0,77	104 - 188	88 - 136	101,62 – 127,85	1,29 – 3,2	1,02 – 1,84
Neutrofil	4336 - 6716	353,3 – 902,15	0,09 – 0,53	89 - 122	70 - 114	74,32 – 92,5	1,88 – 11,28	1,01 – 1,69
Eosinofil	5809 - 11513	326,78 – 701,8	0,27 – 0,71	103 - 165	72 - 137	86,02 – 121,1	1,41 – 3,65	1,05 – 1,87