

**SEGMENTASI CITRA SEL SERVIKS
MENGUNAKAN ALGORITMA MULTIFRAKTAL DENGAN
ADAPTIVE MULTIPLE THRESHOLDING DAN
KLASIFIKASI MENGGUNAKAN
LEARNING VECTOR QUANTIZATION**

TESIS

Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister Ilmu Komputer

**SYARIFAH DINA MEUTIA
0606025613**



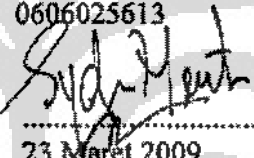
**UNIVERSITAS INDONESIA
PROGRAM STUDI ILMU KOMPUTER
PASCASARJANA FAKULTAS ILMU KOMPUTER
DEPOK
MEI 2009**



LEMBAR PERNYATAAN ORISINALITAS

Tesis ini adalah hasil karya saya sendiri,
dan semua sumber baik yang dikutip maupun dirujuk
telah saya nyatakan dengan benar

Nama : Syarifah Dina Meutia
NPM : 0606025613

Tanda Tangan : 
Tanggal : 23 Maret 2009

LEMBAR PENGESAHAN

Tesis ini diajukan oleh :

Nama : Syarifah Dina Meutia
NPM : 0606025613
Program Studi : Ilmu Komputer
Judul Tesis : Segmentasi Citra Sel Serviks Menggunakan Algoritma
Multifraktal dengan *Adaptive Multiple Thresholding* dan
Klasifikasi Menggunakan Learning Vector Quantization

Telah berhasil dipertahankan di hadapan Dewan Penguji dan diterima sebagai bagian persyaratan yang diperlukan untuk memperoleh gelar Magister Ilmu Komputer pada Program Studi Ilmu Komputer, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Indonesia.

DEWAN PENGUJI

Pembimbing : Prof. Dr. Ir. Aniasi Murni Arymurthy, M.Sc (.....)

Penguji : Ir. Wahyu Catur Wibowo, M.Sc., Ph.D (.....)

Penguji : Ir. Dana Indra Sensuse, MLIS, Ph.D (.....)

Penguji : Ir. Wisnu Jatmiko, M.Kom, Dr.Eng (.....)



Ditetapkan di : Depok

Tanggal : 1 Mei 2009

KATA PENGANTAR

Alhamdulillah, penulis panjatkan syukur kehadiran Allah SWT atas segala karunia, kasih-sayang, lindungan serta petunjuk-Nya dalam memberikan informasi dan membantu penulis untuk mencerna informasi tersebut, sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini. Pengerjaan tesis berjudul “Segmentasi Citra Sel Serviks Menggunakan Algoritma Multifraktal dengan *Adaptive Multiple Thresholding* dan Klasifikasi Menggunakan *Learning Vector Quantization*”, merupakan sebagian persyaratan untuk menyelesaikan perkuliahan pada Magister Ilmu Komputer, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Indonesia.

Dalam kesempatan ini, penulis hendak menyampaikan rasa terima kasih kepada:

1. Kedua orang tuaku tercinta, Abah H.Said Alwi,SE dan Umi Hj.Wanti Hasmi yang telah bersedia membiayai dana perkuliahan S2 di Universitas Indonesia. Terima kasih atas doa dan dukungannya yang tiada henti.
2. Ibu Prof. Dr. Ir. Aniati Murni Arymurthy, M.Sc, selaku pembimbing atas segala pengarahan, kesabaran dan pengalaman hidup yang diberikan selama mengerjakan penelitian ini. Terima kasih banyak Bu Aniati, mohon maaf atas segala kealpaan penulis.
3. Bapak Dr. M. Rahmat Widyanto, M.Eng., yang telah memberikan semangat pada penulis untuk tetap kuat dan bertahan dalam menghadapi masa-masa sulit selama penulis menempuh pendidikan S2 di Universitas Indonesia.
4. Para Dosen Magister Ilmu Komputer, Fasilkom UI yang telah membimbing penulis selama masa perkuliahan. Juga kepada para staf Fasilkom yang secara langsung maupun tidak langsung telah membantu penulis.

5. Suamiku tercinta Tubagus Laddi Raya Damhuri, Skom dan Ananda tersayang Tubagus Muhammad Zidan. Terima kasih telah bersabar dan selalu bersedia untuk mengalah.
6. Ayah Tb.Dheddy Chamsin, dan Mamah Siti Julaekha , Adik-adikku yang baik, Dekya, Deti, Akhi dan Pahcut serta keluarga penulis atas segala do'a, dukungan dan dorongan semangat yang diberikan.
7. Teman-teman "seperjuangan" di kelas JST, Mas Rohmat, Irfan, Pak Riwi, Andreas dan Dana. Teman-teman di LEPKOM-Database, terutama Agung dan Ade. Terima kasih atas segala saran dan bantuannya dalam mengkoreksi kode program yang digunakan dalam penelitian ini.
8. Teman-teman angkatan 2005, 2006, 2007 dan 2008. Terima kasih untuk hari-hari yang kita lalui di Lab Pasca.

Akhir kata penulis berharap semoga Allah SWT berkenan memberikan rahmat dan membalas kebaikan semua pihak yang telah membantu penulis. Penulis menyadari bahwa masih terdapat banyak kekurangan dalam penulisan ini. Oleh karena itu, penulis mengharap saran dan pendapat demi perbaikan penulisan ini dari semua pihak. Semoga tulisan ini berkah dan diridhai oleh Allah SWT. Amin

Depok, Maret 2009

Penulis

LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI
TUGAS AKHIR UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS

Sebagai sivitas akademik Universitas Indonesia, saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Syarifah Dina Meutia
NPM : 0606025613
Program Studi : Ilmu Komputer
Fakultas : Ilmu Komputer
Jenis Karya : Tesis

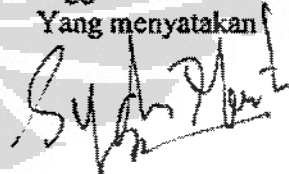
Demi pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Indonesia Hak Bebas Royalti Noneksklusif (*Non-exclusive Royalty Free Right*) atas karya ilmiah saya yang berjudul :

Segmentasi Citra Sel Serviks Menggunakan Algoritma Multifraktal dengan *Adoptive Multiple Thresholding* dan Klasifikasi Menggunakan *Learning Vector Quantization*

Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (*database*), merawat, dan mempublikasikan tugas akhir saya tanpa meminta izin dari saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.

Dibuat di : Depok
Pada tanggal : 23 Maret 2008
Yang menyatakan



(Syarifah Dina Meutia)

ABSTRAK

Nama : Syarifah Dina Meutia
Program Studi : Ilmu Komputer
Judul : Segmentasi Citra Sel Serviks Menggunakan Algoritma Multifraktal dengan Adaptive Multiple Thresholding dan Klasifikasi Menggunakan Learning Vector Quantization

Kanker leher rahim atau kanker serviks merupakan penyakit kanker yang paling banyak menyerang wanita di negara berkembang, termasuk Indonesia. Salah satu cara pencegahannya adalah dengan melakukan test *Pap-Smear*. Sel serviks hasil test *Pap-Smear* tersebut kemudian didiagnosa oleh dokter Patologi Anatomi. Namun dokter Patologi Anatomi tidak selalu ada di semua wilayah, terutama di daerah terpencil. Untuk memungkinkan diagnosa pasien di daerah terpencil yang jarang ditemukan dokter Patologi Anatomi, diperlukan suatu upaya untuk mengotomatiskan diagnosa terhadap hasil test *Pap-Smear*, sehingga dapat dilakukan diagnosa jarak jauh (*telemedicine*).

Penelitian ini bertujuan untuk melakukan diagnosa terhadap citra hasil test *Pap-Smear*, yaitu dengan menggunakan Algoritma Multifraktal yang dikombinasi dengan *Adaptive Multiple Thresholding* sebagai metode segmentasi secara otomatis dan Jaringan Syaraf Tiruan menggunakan *Learning Vector Quantization* (LVQ) sebagai metode klasifikasi dengan nilai intensitas dari citra hasil segmentasi sebagai cirinya. Performa dari hasil segmentasi akhir, tingkat ketelitiannya sekitar 70%. Hasil klasifikasi dengan LVQ terhadap tujuh kelas tingkat pengenalannya masih di bawah 40%, sedangkan tingkat pengenalan terhadap dua kelas mampu mencapai sekitar 82%.

Kata kunci :
Segmentasi, Klasifikasi, Multifraktal, *Adaptive Multiple Thresholding*, *Learning Vector Quantization*

ABSTRACT

Name : Syarifah Dina Meutia
Study Program : Computer Science
Title : Segmentation of Cervical Cell Images Using Multifactal Algorithm with Adaptive Multiple Thresholding and Classification Using Learning Vector Quantization

Cervix cancer is the most cancer disease that affect women in the developing country, include Indonesia. One of the way of its prevention is by a *Pap-Smear* test. Cervix cells that resulted from *Pap-Smear* test then diagnosed by a Pathology of Anatomy doctor. But Pathology of Anatomy doctor is not always in all area. To enable diagnosa patient in purilieus which seldom be found Pathology of Anatomy doctor, needed an effort, so that can be conducted by long distance diagnosa (telemedicine).

This research aims to conduct diagnose the image result of Pap-Smear test, and keep involve Multifractal Algorithm which is combined with Adaptive Multiple Thresholding as segmentation method automatically, and Artificial Neural Network using Learning Vector Quantization (LVQ) as classsification method with intensity value from segmentation image as its feature. The performance in segmentation and increasing quality result, the correctness about 70%. The result of classification using LVQ toward seven classes, its recognition is less than 40%, meanwhile the recognition rate of two classes about 82%.

Key words :
Segmentation, Classification, Multifractal, Adaptive Multiple Thresholding, Learning Vector Quantization

DAFTAR ISI

LEMBAR PERNYATAAN ORISINALITAS	ii
LEMBAR PENGESAHAN	iii
KATA PENGANTAR.....	iv
LEMBAR PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI TUGAS AKHIR	vi
ABSTRAK	vii
DAFTAR ISI.....	ix
DAFTAR GAMBAR.....	xi
DAFTAR TABEL.....	xii
DAFTAR ALGORITMA.....	xiii
DAFTAR GRAFIK	xiv
BAB 1. PENDAHULUAN	1
1.1 LATAR BELAKANG	1
1.2 POKOK PERMASALAHAN	2
1.3 TUJUAN PENELITIAN	3
1.4 RUANG LINGKUP PENELITIAN.....	3
1.5 METODOLOGI PENELITIAN	4
1.6 SISTEMATIKA PENULISAN.....	5
BAB 2. LANDASAN TEORI	6
2.1 SEL SERVIKS DAN <i>PAP-SMEAR</i>	6
2.2 PENGOLAHAN CITRA	9
2.3 PENELITIAN TERKAIT	10
2.4 SEGMENTASI SEL SERVIKS.....	12
2.4.1 Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal	12
2.4.2 Penentuan Batas Area Objek dengan <i>Adaptive Thresholding</i>	13
2.5 PENINGKATAN MUTU CITRA HASIL SEGMENTASI	14
2.5.1 <i>Mathematical Morphology</i>	15
2.5.2 <i>Minimum Distance Classifier</i>	16
2.5.3. Algoritma Genetika.....	17
2.5.3.1 Proses Seleksi.....	18
2.5.3.2 Proses Rekombinasi (<i>Crossover</i>)	19
2.5.3.3 Proses Mutasi	20
2.5.3.4 Kriteria Berhenti.....	21
2.6 EKTRAKSI CIRI	21
2.7 KLASIFIKASI DENGAN LVQ.....	22
2.8 EVALUASI PERFORMA	23
BAB 3. DATA DAN METODOLOGI PENELITIAN.....	24
3.1 DATA.....	24
3.2 KERANGKA KERJA.....	25
3.3 METODE SEGMENSTASI HAMAMI DAN LASSOUAOUTI (2003).....	26

3.3.1	Penelusuran <i>Threshold</i> Secara Semi Otomatis	29
3.3.2	Peningkatan Mutu dengan Algoritma Genetika	30
3.3.2.1	Representasi Kromosom	31
3.3.2.2	Fungsi <i>Fitness</i>	32
3.3.2.3	Kriteria Berhenti.....	32
3.4	METODE OTOMATISASI PENELUSURAN <i>THRESHOLD</i>	33
3.4.1	<i>Adaptive Multiple Threshold</i>	33
3.5	METODE PENINGKATAN MUTU (<i>POSTPROCESSING</i>).....	34
3.5.1	Peningkatan Mutu dengan <i>Minimum Distance Classifier</i>	35
3.5.2	Peningkatan Mutu dengan <i>Mathematical Morphology</i>	37
3.6	EVALUASI PERFORMA	38
3.7	PENSKALAAN CITRA DAN EKSTRAKSI CIRI	39
3.8	KLASIFIKASI DENGAN LVQ	40
BAB 4. HASIL UJI COBA DAN ANALISA		42
4.1	HASIL UJI COBA	42
4.2.1	Hasil Uji Coba Segmentasi	45
4.2.2	Hasil Uji Coba Peningkatan Mutu	46
4.2.3	Hasil Uji Coba Klasifikasi Menggunakan LVQ	50
4.3	ANALISA HASIL	51
BAB 5. PENUTUP.....		54
5.1	Kesimpulan	54
5.2	Saran.....	54
DAFTAR REFERENSI		56
Lampiran A. Pernyataan Persetujuan Penggunaan Data.....		A-1
Lampiran B. Contoh Data Uji Coba dan Hasil Segmentasi.....		B-1
Lampiran C. Identitas Citra untuk Data Latih pada Proses Klasifikasi.....		C-1

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1	Penampang Struktur Rahim	6
Gambar 2.2	Penampang Struktur Sel Serviks	6
Gambar 2.3	Contoh Citra Hasil Penerapan <i>Mathematical Morphology</i>	15
Gambar 2.4	Diagram Alur Algoritma Genetika Standar	18
Gambar 2.5	Ilustrasi Proses Pindah Silang dengan Satu Titik	20
Gambar 2.6	Ilustrasi Proses Mutasi untuk Bit ke-4	21
Gambar 3.1.	Rancangan Kerangka Kerja	25
Gambar 3.2.	Kerangka Kerja Metode Lassouaoui-Hamami (2003) untuk Segmentasi Sel Serviks	27
Gambar 3.3	Representasi Kromosom	31
Gambar 3.4	Ilustrasi Penentuan Prototype Menggunakan Algoritma Genetika	33
Gambar 3.5	Elemen Penyusun <i>Mathematical Morphology</i> yang Diusulkan	37
Gambar 3.6	Ilustrasi Proses Ekstraksi Ciri untuk Citra dengan Penskalaan 15x15	39
Gambar 3.7	Contoh Arsitektur Jaringan LVQ untuk Klasifikasi Sel Serviks dengan Jumlah Ciri 225	40
Gambar 4.1	Contoh Hasil Segmentasi Otomatis dengan Algoritma Multifraktal	42
Gambar 4.2	Contoh Citra yang Hasil Segmentasinya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus (Menggunakan Algoritma Multifraktal)	43
Gambar 4.3	Contoh Hasil Penerapan Metode Perbaikan Mutu	45

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1	Jenis-Jenis Sel Serviks	8
Tabel 2.2	Contoh Penggunaan Roda Roulette	19
Tabel 3.1	Dekripsi Data Citra <i>Pap-Smear</i>	24
Tabel 3.2	Spesifikasi Perangkat Lunak dan Perangkat Keras.....	26
Tabel 3.3	Hasil Penelusuran <i>Threshold</i> untuk Sitoplasma (S_2) Secara Semi Otomatis Berdasarkan Nilai Eksponen Singular (α) Minimum dan Maksimum yang Diperoleh dari Algoritma 2.1	28
Tabel 3.4	Id Citra yang Cirinya Terpilih sebagai Bobot Awal (w_i) dalam Proses LVQ untuk Klasifikasi 7 Kelas	41
Tabel 3.5	Id Citra yang Cirinya Terpilih sebagai Bobot Awal (w_i) dalam Proses LVQ untuk Klasifikasi 2 Kelas.....	41
Tabel 4.1	Jumlah Citra yang Hasil Segmentasinya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus (Menggunakan Algoritma Multifraktal).....	43
Tabel 4.2	Peluang Kesalahan (%) Citra Hasil Segmentasi Otomatis Menggunakan Multifraktal.....	44
Tabel 4.3	Performa Metode Peningkatan Mutu dengan GA Terhadap 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal dan <i>Adaptive Multiple Thresholding</i>	46
Tabel 4.4	Peluang Kesalahan (%) Metode Peningkatan Mutu dengan <i>Morphology</i> , MDC dan MDC+ <i>Morphology</i> serta FCM Terhadap 917 Citra.....	48
Tabel 4.5	Jumlah Citra yang Hasil Peningkatan Mutunya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus.....	49
Tabel 4.6	Tingkat Pengenalan Hasil Klasifikasi dengan LVQ Terhadap Citra dengan Penskalaan 15x15	50
Tabel 4.7	Tingkat Pengenalan Hasil Klasifikasi dengan LVQ Terhadap Citra dengan Penskalaan 50x50	51

DAFTAR ALGORITMA

Algoritma 2.1	Multifraktal.....	13
Algoritma 2.2	LVQ.....	22
Algoritma 3.1	<i>Adaptive Multiple Thresholding</i> yang Diusulkan.....	34
Algoritma 3.2	<i>Miniman Distance Classifier</i> yang Diusulkan.....	36
Algoritma 3.3	<i>Mathematical Morphology</i> yang Diusulkan.....	37



DAFTAR GRAFIK

Grafik 4.1	Peluang Kesalahan Hasil Segmentasi Otomatis Menggunakan Algoritma Multifraktal.....	44
Grafik 4.2	Perbandingan Performa Peluang Kesalahan Metode Peningkatan Mutu Terhadap 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal dan <i>Adaptive Multiple Thresholding</i>	47
Grafik 4.3	Perbandingan Performa Waktu Eksekusi Metode Peningkatan Mutu Terhadap 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal <i>Adaptive Multiple Thresholding</i>	48
Grafik 4.4	Peluang Kesalahan Metode Peningkatan Mutu dengan <i>Morphology</i> , MDC dan MDC+ <i>Morphology</i> serta FCM Terhadap 917	49

BAB 1 PENDAHULUAN

1.1 LATAR BELAKANG

Kanker leher rahim atau kanker serviks merupakan penyakit kanker yang paling banyak menyerang wanita di negara berkembang, termasuk Indonesia. Cara mendeteksi kanker serviks yang umum dikenal adalah test *Pap-Smear* atau pemeriksaan sitologi untuk melihat sel-sel leher rahim dengan mengambil sampel sel melalui vagina dengan alat khusus. Sel tersebut kemudian diusapkan pada kaca benda dan dianalisa dengan bantuan mikroskop oleh seorang dokter ahli Patologi Anatomi untuk mengetahui kondisinya (Prodia, 2006, hal.44).

Pemeriksaan dengan test *Pap-Smear* tidak jarang mengalami kegagalan dalam analisa. Kegagalan analisa disebabkan karena sel-sel abnormal yang mengindikasikan adanya pertumbuhan kanker tidak terambil sebagai sel-sel yang diamati. Namun hal ini sekarang sudah dapat diatasi dengan pemeriksaan sitologi berbasis cairan (Prodia, 2006, hal.44).

Pada pemeriksaan sitologi berbasis cairan ini, pengambilan sampel dilakukan dengan cara yang sama seperti pada pemeriksaan sitologi biasa. Selanjutnya, sebelum sampel tersebut diusapkan pada kaca benda, sampel sel tersebut terlebih dahulu dicelupkan ke dalam cairan khusus dan diproses dengan alat otomatis, setelah itu diwarnai. Barulah kemudian dilihat di bawah mikroskop oleh seorang dokter Ahli Patologi Anatomi.

Kendala yang dihadapi oleh Indonesia saat ini adalah jumlah dokter Patologi Anatomi yang masih minim, yaitu hanya 220 orang dengan penyebarannya yang tidak merata (Humas Universitas Indonesia, 2007). Untuk itu diperlukan suatu inovasi dalam menganalisa preparat sel dan mengklasifikasikan sel tersebut ke dalam kelas normal atau tidak secara otomatis. Namun preparat sel terlebih dahulu perlu dikemas dalam bentuk citra digital. Upaya ini juga dilakukan untuk

memungkinkan diagnosa pasien di daerah terpencil yang jarang ditemukan dokter ahli Patologi Anatomi, sehingga dapat dilakukan diagnosa jarak jauh (*telemedicine*).

Proses menganalisa preparat sel dan mengklasifikasikan sel itu sendiri, tidak bisa lepas dari proses segmentasi, karena proses segmentasi menjadi bagian yang sangat penting dalam memisahkan area sel yang akan diteliti dari area-area yang tidak menjadi pusat perhatian. Berdasarkan hasil segmentasi inilah ekstraksi ciri dilakukan, kemudian akan digunakan sebagai acuan klasifikasi (Katz, 2000).

Segmentasi terhadap sel serviks pernah dilakukan oleh Lassouaoui dan Hamami (2003), menggunakan Algoritma Multifraktal dan Algoritma Genetika, namun belum otomatis. Mengingat Algoritma Genetika merupakan suatu metode optimasi yang baik (Man, Tan dan Kwong, 1996), kemungkinan metode yang ditawarkan oleh Lassouaoui dan Hamami (2003) akan lebih baik dibandingkan metode yang ditawarkan Farida (2007) yang melakukan segmentasi sel serviks menggunakan *Fuzzy C-Mean* (FCM).

Proses klasifikasi terhadap sel serviks sendiri juga pernah dilakukan oleh Martin (2003), Norup (2005) serta Jantzen dkk (2005) dengan menggunakan 20 ciri bentuk yang diperoleh dari citra asli dan citra hasil segmentasi. Namun dalam memperoleh 20 ciri tersebut, mereka menggunakan langkah-langkah yang panjang dan rumit. Karena itu, dalam penelitian ini penulis akan mencoba untuk menggunakan ciri berdasarkan nilai intensitas dari citra hasil segmentasi seperti yang pernah dilakukan oleh Kusumadewi (2003) dalam pengenalan pola huruf terhadap citra biner menggunakan *Learning Vector Quantization*.

1.2 POKOK PERMASALAHAN

Permasalahan utama dari penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Apakah penelitian Lassouaoui dan Hamami (2003) yang menggunakan Algoritma Multifraktal dan dioptimasi dengan Algoritma Genetika untuk segmentasi sel serviks dapat diotomatiskan dan akan menghasilkan kinerja

yang baik jika diterapkan terhadap data citra sel serviks tunggal dari Herlev University Hospital?

2. Apakah dalam melakukan klasifikasi terhadap sel serviks ke dalam dua dan tujuh kelas dengan menggunakan ciri berdasarkan nilai intensitas dari citra hasil segmentasi dapat menandingi 20 ciri bentuk yang diusulkan oleh Martin (2003)?

1.3 TUJUAN PENELITIAN

Penelitian ini bertujuan untuk mengotomatiskan proses segmentasi sel serviks yang ditawarkan oleh Lassouaoui dan Hamami (2003), dan menguji kelayakan hasilnya untuk digunakan dalam proses pengklasifikasian sel ke dalam dua dan tujuh kelas menggunakan ciri nilai intensitas dari citra hasil segmentasi. Hasil penelitian diharapkan dapat memudahkan tenaga medis dalam melakukan diagnosa jarak jauh untuk penyakit kanker serviks (*telemedicine*), khususnya untuk daerah terpencil yang jarang ditemukan dokter Ahli Patologi Anatomi.

1.4 RUANG LINGKUP PENELITIAN

Ruang lingkup penelitian terhadap analisis citra sel serviks dari test *Pap-Smear* adalah sebagai berikut:

1. Penelitian yang dilakukan, hanya proses mengotomatiskan segmentasi citra dengan proses peningkatan mutunya (*postprocessing*) serta menguji kelayakan hasilnya untuk proses klasifikasi, sedangkan untuk penelitian persiapan dan pengolahan preparat sel serviks menjadi citra digital tidak dilakukan.
2. Citra yang digunakan untuk sampel merupakan koleksi data citra test *Pap-Smear* dari Herlev University Hospital yang di-*download* dari internet (<http://www.fuzzy.iau.dtu.dk/download/smear2005>). Citra tersebut telah berupa citra digital yang difoto melalui mikroskop. Citra tersebut juga telah diklasifikasikan oleh para teknisi sito dan dokter ahli secara manual ke dalam tujuh kelas, yaitu *normal superficial*, *normal intermediate*, *normal columnar*,

mild dysplasia, moderate dysplasia, severe dysplasia, dan carcinoma in situ (Jantzen dkk, 2005).

3. Citra yang digunakan sebagai citra acuan dalam pengukuran performa merupakan citra yang telah disegmentasi dengan perangkat lunak CHAMP yang juga dapat di-*download* dari alamat situs yang sama. Ijin penggunaan data citra untuk kepentingan penelitian tercantum pada makalah (Jantzen dkk, 2005).

1.5 METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian ini dimulai dengan studi literatur mengenai berbagai teknik segmentasi dan klasifikasi, khususnya yang dilakukan terhadap citra hasil test *Pap-Smear*. Setelah studi literatur dilanjutkan dengan pengumpulan data berupa citra hasil test *Pap-Smear*.

Pada riset ini, awalnya penulis meniru penelitian yang dilakukan Lassouaoui dan Hamami (2003), yaitu melakukan segmentasi sel serviks dengan Algoritma Multifraktal dan melakukan peningkatan mutu sebagai usaha untuk mengurangi informasi yang tidak dibutuhkan (*noise*) menggunakan Algoritma Genetika. Karena metode yang mereka tawarkan belum otomatis, maka penulis akan memodifikasinya, sehingga segmentasi dapat digunakan secara otomatis.

Hasil segmentasi secara otomatis, kemudian diuji kelayakannya dalam proses klasifikasi menggunakan ciri nilai intensitas dari citra hasil segmentasi. Kemudian hasil segmentasi dan klasifikasi terhadap sel serviks yang dilakukan dalam penelitian ini akan dibandingkan dengan hasil segmentasi dan klasifikasi pada penelitian-penelitian yang pernah dilakukan sebelumnya.

Dalam penerapan metode yang penulis usulkan untuk menganalisa citra sel serviks, penulis dibantu dengan program yang dibuat dengan perangkat lunak MATLAB. Program diujicobakan pada komputer personal. Program tersebut terbagi dalam tiga tahapan, yaitu Segmentasi, Peningkatan Mutu (*postprocessing*) dan Klasifikasi. Keluaran yang diperoleh adalah citra hasil segmentasi yang telah

mengalami peningkatan mutu dan tingkat pengenalan hasil segmentasi tersebut berdasarkan proses klasifikasi.

1.6 SISTEMATIKA PENULISAN

Penulisan penelitian tersusun atas beberapa bab dan masing-masing bab dibagi menjadi beberapa sub bab. Sistematika penulisannya adalah sebagai berikut:

BAB 1: PENDAHULUAN

Bab ini menjelaskan latar belakang penelitian, pokok permasalahan, tujuan penulisan beserta ruang lingkup penelitian, juga metodologi yang digunakan dalam penelitian, kemudian ditutup dengan sistematika penulisan.

BAB 2 : LANDASAN TEORI

Bab ini mengurai landasan teori yang mendukung penelitian. Dimulai dengan sekilas tentang sel serviks dan *Pap-Smear*, kemudian dilanjutkan dengan teori pengolahan citra secara umum dan penelitian terkait yang pernah dilakukan sebelumnya untuk segmentasi serta klasifikasi.

BAB 3 : DATA DAN METODOLOGI PENELITIAN

Bab ini menjelaskan rancangan metode dan algoritma yang telah dimodifikasi penulis untuk digunakan dalam uji coba dan analisa citra hasil test *Pap-Smear*.

BAB 4 : HASIL UJI COBA DAN ANALISA

Bab ini menjelaskan tentang uji coba dan analisa dari penelitian terhadap citra hasil test *Pap-Smear* berdasarkan metode yang diusulkan oleh penulis.

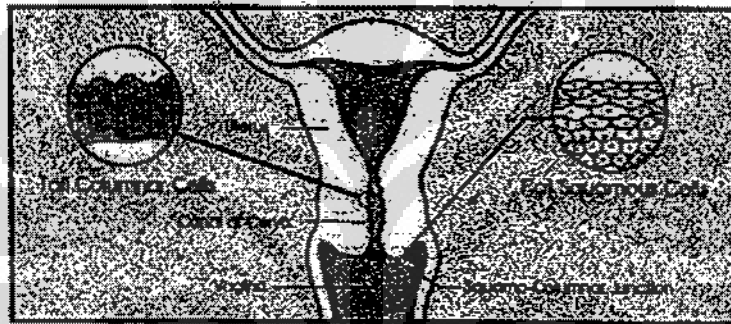
BAB 5 : PENUTUP

Bab ini berisi tentang kesimpulan dari hasil uji coba serta saran dari penulis untuk pengembangan riset yang dapat dilakukan pada tahap selanjutnya.

BAB 2 LANDASAN TEORI

2.1 SEL SERVIKS DAN PAP-SMEAR

Sel serviks merupakan sel yang terdapat di leher rahim. Ada dua jenis sel serviks, yaitu sel *squamous* yang biasanya terdapat di permukaan mulut rahim dan sel *columnar* yang biasa terdapat di kanal rahim. Kedua jenis sel tersebut dapat ditemukan sekaligus di *squamo-columnar junction* yang sering disebut sebagai zona transformasi (Indman, 2006).



Gambar 2.1. Penampang Struktur Rahim

Sumber : http://www.gynalternatives.com/cervix_structure.htm

Sel serviks terdiri dari dua bagian, yaitu nukleus dan sitoplasma. Nukleus merupakan bagian inti sel, sedangkan sitoplasma merupakan bagian yang mengelilingi nukleus. Untuk lebih jelas, struktur sel serviks dapat dilihat pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2. Penampang Struktur Sel Serviks

Sumber : <http://fuzzy.iau.dtu.dk/download/smear2005> (telah diolah kembali)

Kondisi sel serviks terbagi ke dalam dua keadaan, normal dan abnormal. Sel serviks yang normal terbagi lagi ke dalam tiga kelas, yaitu *superficial squamous*, *intermediate squamous* dan *columnar*, sedangkan sel yang abnormal terbagi ke dalam empat kelas, yaitu *mild dysplasia*, *moderate dysplasia*, *severe dysplasia* dan *carcinoma in situ* (Norup, 2005). Karakteristik setiap sel untuk masing-masing kelas selengkapnya tertera pada Tabel 2.1.

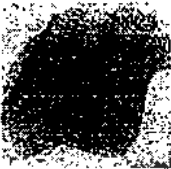
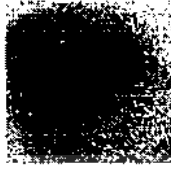
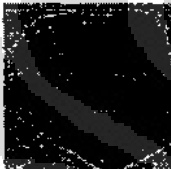

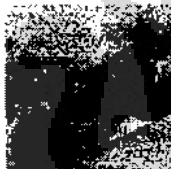

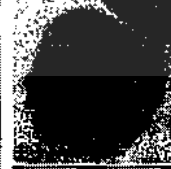
“Pertumbuhan sel serviks yang abnormal dan tidak terkendali dapat mendesak dan merusak jaringan di sekitarnya. Sel-sel abnormal itu disebut oleh para dokter sebagai prakanker, sedangkan perubahan awal prakanker pada permukaan sel itu disebut displasia. Kadang sebagian ketidaknormalan sel itu lenyap begitu saja, tetapi bisa juga terus berkembang menjadi kanker serviks.

Cara mendeteksi kanker serviks yang umum dikenal, adalah test *Pap-Smear*. Test *Pap-Smear* atau pemeriksaan sitologi konvensional, adalah pemeriksaan untuk melihat sel-sel serviks dengan mengambil sampel sel melalui vagina menggunakan alat khusus. Sampel itu diusapkan pada sebuah kaca benda, lalu diwarnai, kemudian dilihat di bawah mikroskop, oleh seorang dokter ahli Patologi Anatomi, untuk mengetahui kondisi sel tersebut.”

(Prodia, 2006, hal.44).

Tabel 2.1. Jenis-Jenis Sel Serviks

Sumber : Norup, 2005 (telah diolah kembali)

Sel Normal		Sel Abnormal	
<p><u>Superficial Squamous</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Bentuk : lonjong - Ukuran nukleus sangat kecil - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma sangat kecil 		<p><u>Mild Dysplasia</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Ukuran nukleus besar dengan warna yang cerah - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma sangat sedang 	
<p><u>Intermediate Squamous</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Bentuk : lingkaran - Ukuran nukleus besar - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma kecil 		<p><u>Moderate Dysplasia</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Ukuran nukleus besar dengan warna yang gelap - Sitoplasma berwarna gelap - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma besar 	
<p><u>Columnar</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Bentuk : seperti kolom - Ukuran nukleus besar - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma sangat sedang 		<p><u>Severe Dysplasia</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Ukuran nukleus besar dengan warna yang gelap dan bentuk yang tidak beraturan - Sitoplasma berwarna gelap - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma sangat sangat besar 	
		<p><u>Carcinoma in Situ</u></p> <ul style="list-style-type: none"> - Ukuran nukleus besar dengan warna yang gelap dan bentuk yang tidak beraturan - Perbandingan antara area nukleus dan sitoplasma sangat sangat besar 	

2.2 PENGOLAHAN CITRA

Sebuah citra dapat didefinisikan sebagai suatu fungsi $f(x,y)$ dengan x dan y adalah koordinat pada bidang dua dimensi, sedangkan amplitud f merupakan intensitas atau derajat keabuan (*graylevel*) dari citra pada posisi (x,y) . Jika x , y dan f suatu citra, bernilai terhingga dan bersifat diskrit, maka citra tersebut merupakan citra digital. Citra digital disusun oleh sekumpulan elemen yang jumlahnya berhingga, dan elemen tersebut dikenal dengan piksel. Proses pengolahan dan analisa citra yang melibatkan piksel inilah yang disebut dengan Pengolahan Citra. Pengolahan Citra dibangun berlandaskan matematika dan formula probabilitas (Gonzales dan Woods, 2002).

Pengolahan Citra bertujuan untuk mendapatkan atau menyaring informasi yang terdapat didalam citra yang direkam melalui berbagai sistem sensor. Informasi yang dimaksud biasanya berkaitan dengan objek-objek yang terdapat di dalam citra, misalnya bentuk, luas, jarak antar objek, dan sebagainya. Untuk mendapatkan informasi yang diinginkan tersebut, diperlukan berbagai teknik. Intuisi manusia dan analisa memainkan peran penting dalam memilih teknik yang akan digunakan.

Menurut Gonzales dan Woods (2002), perolehan informasi yang terdapat di dalam citra, biasanya melalui tahapan-tahapan berikut:

1. Akuisisi Citra, yaitu proses mendapatkan data citra yang diperlukan dalam bentuk digital.
2. Pra-pemrosesan Citra (*pre-processing*), yaitu proses memperbaiki dan meningkatkan mutu citra yang dilakukan sebelum tahapan segmentasi, seperti: meningkatkan kontras, membuang gangguan (*noise*), atau menentukan bagian citra yang akan menjadi pusat perhatian. Adapun usaha untuk memperbaiki dan meningkatkan mutu citra yang dilakukan sesudah tahapan segmentasi, disebut dengan pasca-pemrosesan (*postprocessing*).
3. Segmentasi, yaitu proses pemilahan citra menjadi bagian-bagian yang akan menjadi pusat perhatian.

4. Representasi, yaitu proses penentuan dan penegasan batas-batas objek yang telah disegmentasi.
5. Deskripsi, yaitu proses berkaitan dengan pemilihan ciri (*feature selection*) untuk mendapatkan perbedaan antar kelas suatu objek
6. Pengenalan Citra (*Recognition*), yaitu proses pemberian label objek berdasarkan informasi yang diperoleh dari Deskripsi.

2.3 PENELITIAN TERKAIT

Segmentasi bertujuan untuk memisahkan objek yang akan diteliti dengan latar belakang. Segmentasi dilakukan dengan cara memilah-milah citra menjadi beberapa bagian, termasuk objek yang diharapkan. Proses segmentasi ini baru dapat dikatakan berhasil jika objek yang diharapkan sudah terisolasi (Gonzales dan Woods, 2002; Hartadi, Sumardi dan Isnanto, 2004). Teknik segmentasi yang dilakukan terhadap citra sel hasil test *Pap-smear* adalah untuk memilah citra menjadi tiga daerah yaitu, nukleus, sitoplasma dan latar belakang.

Untuk memperoleh objek yang diharapkan secara individual, teknik segmentasi dapat dilakukan dengan berbagai metode. Berdasarkan studi pustakanya Katz (2000) menyampaikan bahwa metode segmentasi yang paling sederhana adalah *Thresholding*, karena lebih murah dan lebih cepat. Namun hal ini hanya berlaku untuk citra dengan objek yang tidak saling bersentuhan dan objeknya mempunyai perbedaan nilai intensitas yang sangat kentara dengan latar-belakangnya.

Farida (2007) melakukan studi banding segmentasi citra sel serviks tunggal berdasarkan metode *Fuzzy C-Mean (FCM)*, *Thresholding Technique* dan *Watershed Transform* dengan rata-rata peluang kesalahan yang dihasilkan oleh *FCM*, *Thresholding*, dan *Watershed Transform* berturut-turut adalah 27%, 43% dan 48%. Penelitian Farida (2007) tersebut merupakan adaptasi dari penelitian Wang, L. dan Jin, Y. (2005) yang pernah menggunakannya untuk segmentasi terhadap sel darah putih, dan peningkatan mutu untuk hasil segmentasinya dilakukan dengan menggunakan *Mathematical Morphology*.

Masih untuk segmentasi sel serviks, Lassouaoui dan Hamami (2003) memanfaatkan Algoritma Multifraktal dengan menghitung nilai eksponen singular untuk setiap piksel pada citra. Kemudian mereka meningkatkan kualitas citra hasil segmentasi dengan memanfaatkan Algoritma Genetika. Namun sayangnya, dalam menganalisa batas area objek sebagai sitoplasma masih dilakukan secara semi otomatis.

Xiaoyi dan Mojon (2003) menawarkan sebuah metode, yaitu *Adaptive Thresholding* untuk mengatasi ketidak-seragaman intensitas dan kontras. Mereka menerapkan idenya untuk ekstraksi *vessel* pada citra retina. Di pihak lain Fisher dkk (2003) menggunakan *Adaptive Local Thresholding* dengan memanfaatkan atribut-atribut statistik, seperti nilai mean dan median untuk menentukan nilai *threshold* dalam melakukan segmentasi teks pada sebuah dokumen.

Untuk proses klasifikasi sel serviks ke dalam tujuh kelas, Addiati (2007) di dalam *Studi Banding Klasifikasi Citra Sel Tunggal PapSmear Berdasarkan Metode Minimum Distance, Jaringan Syaraf Tiruan, Least Square dan Nearest Class Gravity Center*, mendapatkan hasil klasifikasi terbaik terhadap tujuh kelas menggunakan Jaringan Syaraf Tiruan dengan tingkat pengenalan sebesar 82,19% terhadap hasil segmentasi dengan metode FCM (Farida, Addiati dan Murni, 2007). Pembelajaran yang digunakannya untuk Jaringan Syaraf Tiruan adalah dengan menggunakan algoritma Propagasi Balik. Namun pembelajaran dengan Propagasi Balik, hasilnya tidak stabil, dikarenakan dalam penentuan bobot awal untuk jaringan adalah *random*.

Ciri yang digunakan dalam semua proses klasifikasi yang telah disebutkan di atas adalah sebanyak 20 ciri sesuai dengan yang dianjurkan Martin (2003), yaitu dengan melibatkan citra asli dan citra hasil segmentasi. Ciri tersebut meliputi kecerahan sel, ukuran sel yang berhubungan dengan bentuk serta perbandingan luas area sitoplasma dan nukleus.

Kusumadewi (2003) menggunakan ciri yang lebih sederhana, yaitu nilai intensitas dari suatu citra. Citra yang digunakannya adalah citra biner, sehingga ciri dari citra tersebut hanya bernilai 1 dan 0. Ciri tersebut digunakannya dalam

pengenalan pola huruf menggunakan *Learning Vector Quantization* sebagai pengklasifikasinya.

2.4 SEGMENTASI SEL SERVIKS

Subbab ini akan menjelaskan Algoritma Multifraktal yang digunakan oleh Lassouaoui dan Hamami (2003) dalam melakukan segmentasi sel serviks. Subbab ini juga akan menjelaskan *Adaptive Thresholding* yang biasa digunakan untuk penentuan batas area objek yang menjadi pusat perhatian.

2.4.1 Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal

Segmentasi sel serviks dengan Algoritma Multifraktal dilakukan berdasarkan nilai eksponen singular, yang diperoleh dari Persamaan (2.1) (Lassouaoui dan Hamami, 2003), sedangkan algoritma selengkapnya tertera pada bagian Algoritma 2.1.

$$\alpha(i, j) = -\frac{\ln(I(i, j)) - \ln(I_s)}{\ln(L)} \quad (2.1)$$

Keterangan untuk Persamaan (2.1):

$\alpha(i, j)$ = Eksponen singular untuk masing-masing piksel (i, j)

$I(i, j)$ = Nilai intensitas (*graylevel*) untuk piksel (i, j)

$I_s(i, j)$ = Jumlah intensitas semua piksel atau $I_s = \sum_{i,j} I(i, j)$

L = Ukuran dimensi citra

Setelah semua piksel pada citra sel memiliki nilai eksponen singular yang diperoleh dari persamaan (2.1), maka dilakukan pencarian nilai eksponen singular minimal dan maksimal $[\alpha_{\min}, \alpha_{\max}]$. Kemudian dilakukan penelusuran terhadap tiga subinterval dari $[\alpha_{\min}, \alpha_{\max}]$, yaitu daerah S_j yang mewakili nukleus (inti sel),

S_2 yang mewakili sitoplasma (bagian yang mengelilingi sel) dan S_3 yang merupakan daerah latar belakang.

Algoritma 2.1 Multifraktal
Sumber : Lassouaoui dan Hamami (2003)

INPUT I = Matriks intensitas dari citra
 OUTPUT Q(i,j) = Eksponen Singular suatu citra dalam bentuk matriks
 T1 = *Threshold* antara latar belakang dan sitoplasma
 T2 = *Threshold* antara sitoplasma dan nukleus
 S1 = Rentang Nilai Latar Belakang
 S2 = Rentang Nilai Sitoplasma
 S3 = Rentang Nilai Nukleus

1. Matriks GRAY = Matriks A dalam bentuk Graylevel
2. L = size(GRAY)
3. for i = 1:k
 for j = 1:b

$$\alpha(i, j) = \frac{\ln(I(i, j)) - \ln(I_s)}{\ln(L)} \quad \% I_s = \sum_{i,j} I(i, j)$$
 end;
 end;
4. Menentukan Q_{Min} dan Q_{Max}
5. Melakukan penelusuran *threshold* untuk menentukan T1 dan T2
6. S1 = [Q_{Min}; T1] % latar belakang
 S2 = [T1; T2] % sitoplasma
 S3 = [T2; Q_{Max}] % nukleus

2.4.2 Penentuan Batas Area Objek dengan *Adaptive Thresholding*

Thresholding merupakan salah satu teknik segmentasi yang baik digunakan untuk citra dengan perbedaan nilai intensitas yang signifikan antara latar belakang dan objek utama (Katz, 2000). Dalam pelaksanaannya *Thresholding* membutuhkan suatu nilai yang digunakan sebagai nilai pembatas antara objek utama dengan latar belakang, dan nilai tersebut dinamakan dengan *threshold*.

Thresholding digunakan untuk mempartisi citra dengan mengatur nilai intensitas semua piksel yang lebih besar dari nilai *threshold T* sebagai latar depan dan yang lebih kecil dari nilai *threshold T* sebagai latar belakang. Biasanya pengaturan nilai *threshold* dilakukan berdasarkan histogram *grayscale* (Gonzales dan Woods, 2002; Fisher, dkk, 2003; Xiaoyi dan Mojon, 2003).

Dalam menentukan nilai *threshold T* secara adaptif, Fisher dkk (2003) menyarankan untuk menggunakan atribut-atribut statistik seperti yang terdapat pada persamaan (2.2), (2.3) dan (2.4). Atribut-atribut statistik tersebut diaplikasikan terhadap distribusi nilai intensitas.

$$T = \text{mean} \quad (2.2)$$

$$T = \text{median} \quad (2.3)$$

$$T = \frac{\text{max} + \text{min}}{2} \quad (2.4)$$

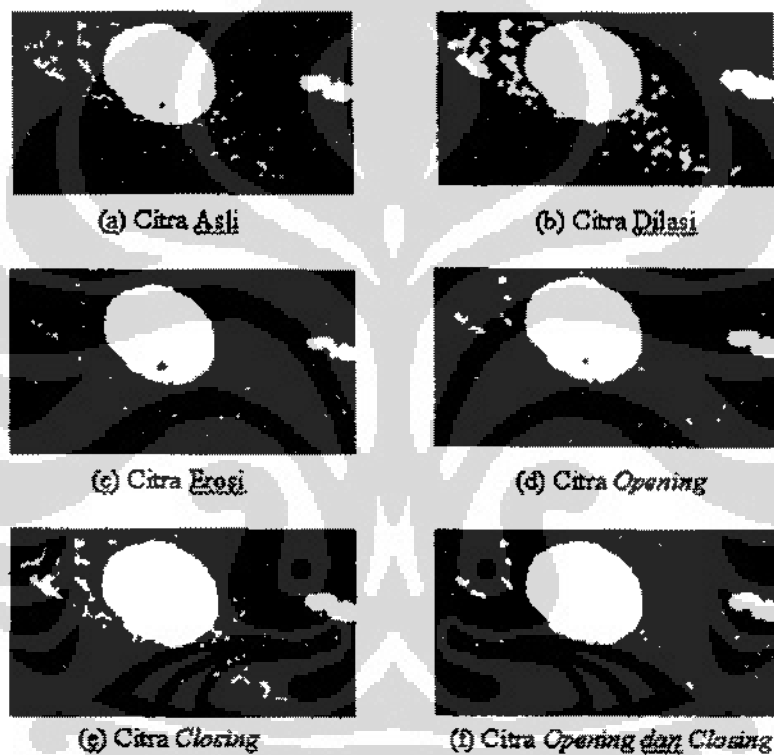
Untuk kasus yang dihadapi oleh Fisher, dkk (2003) hanya butuh satu nilai *T*. Sementara pada kasus segmentasi objek yang membutuhkan dua nilai *T* atau lebih, maka disebut dengan *Multiple Threshold* (Gonzales dan Woods, 2002).

2.5 PENINGKATAN MUTU CITRA HASIL SEGMENTASI

Peningkatan mutu (*postprocessing*) terhadap citra dilakukan untuk membuat hasil segmentasi lebih akurat. Peningkatan mutu biasanya dilakukan dengan membuang *noise* dan berusaha menempatkan piksel di dalam subobjek yang tepat. Berikut ini akan dijelaskan beberapa metode yang dapat digunakan dalam memperbaiki atau meningkatkan mutu citra.

2.5.1 Mathematical Morphology

Morphology mempunyai dua operator dasar, yaitu Dilasi (*dilation*) dan Erosi (*erosion*) yang biasa digunakan untuk mengekstrak komponen yang diinginkan dalam sebuah citra. Berdasarkan dua operator tersebut, dapat diturunkan dua operator lainnya yang berguna untuk menghaluskan batas subinterval komponen yang telah diekstrak, yaitu Pembukaan (*opening*) dan Penutupan (*closing*) (Gonzales dan Woods, 2002, Wang dan Jin, 2005).



Gambar 2.3 Contoh Citra Hasil Penerapan Mathematical Morphology (telah diolah kembali)

Sumber : Gonzales dan Woods, 2002

Dalam penggunaannya, Morphology selalu melibatkan sebuah citra dengan komponen I dan elemen penyusun E . Operator-operator Morphology tersebut adalah sebagai berikut (Gonzales dan Woods, 2002):

$$\text{Dilasi} \quad : \quad I \oplus E = \{z \mid (\hat{E})_z \cap I \neq \emptyset\} \quad (2.5)$$

$$\text{Erosi} \quad : \quad I \ominus E = \{z \mid (E)_z \subseteq I\} \quad (2.6)$$

$$\text{Opening} \quad : \quad I \circ E = (I \ominus E) \oplus E \quad (2.7)$$

$$\text{Closing} \quad : \quad I \bullet E = (I \oplus E) \ominus E \quad (2.8)$$

$(E)_z$ merupakan translasi dari komponen E terhadap titik z , sedangkan $(\hat{E})_z$ adalah refleksinya. Dilasi digunakan untuk memperbesar komponen yang diinginkan dengan cara menambahkan seluruh tepinya dengan elemen penyusun E . Erosi digunakan untuk mengikis komponen yang diinginkan dengan cara mengurangi seluruh tepinya dengan elemen penyusun E .

2.5.2 Minimum Distance Classifier

Minimum Distance Classifier, merupakan suatu metode yang biasa digunakan sebagai pengklasifikasi. Namun pada tahapan peningkatan mutu terhadap hasil segmentasi metode ini dapat digunakan untuk mengklasifikasikan suatu piksel ke dalam subobjek yang tepat berdasarkan jarak terdekat.

Secara geometri definisi *Minimum Distance Classifier* adalah menghitung jarak antara piksel yang akan diselidiki kelasnya dengan semua prototype yang paling mewakili suatu kelas yang tersedia. Prototype yang paling mewakili suatu kelas dapat diperoleh dengan menghitung nilai mean dari seluruh anggota yang terdapat di dalam kelas tersebut (Gonzales dan Woods, 2002), yaitu dengan persamaan berikut:

$$m_j = \frac{1}{N_j} \left| \sum_{x \in W} x_j \right. \quad j = 1, 2, \dots, W \quad (2.9)$$

N_j adalah jumlah piksel yang terdapat dalam suatu kelas ω_j , sedangkan x adalah nilai anggota, dan W merupakan jumlah kelas.

Salah satu cara dalam menentukan kelas suatu anggota x adalah dengan menghitung jarak antara x terhadap semua prototype yang tersedia, kemudian untuk membuat keputusan, yang dipilih adalah jarak terdekat. Persamaan berikut adalah untuk menghitung jarak (Gonzales dan Woods, 2002):

$$D_j(x) = \|x - m_j\| \quad j = 1, 2, \dots, W \quad (2.10)$$

2.5.3 Algoritma Genetika

Algoritma Genetika (GA) merupakan suatu metode optimasi yang terinspirasi dari mekanisme seleksi alam, yaitu individu yang terkuat, dialah yang akan terpilih untuk menang dan bertahan hidup. Pertama sekali diperkenal oleh Holland (Man, Tang, dan Kwong, 1996).

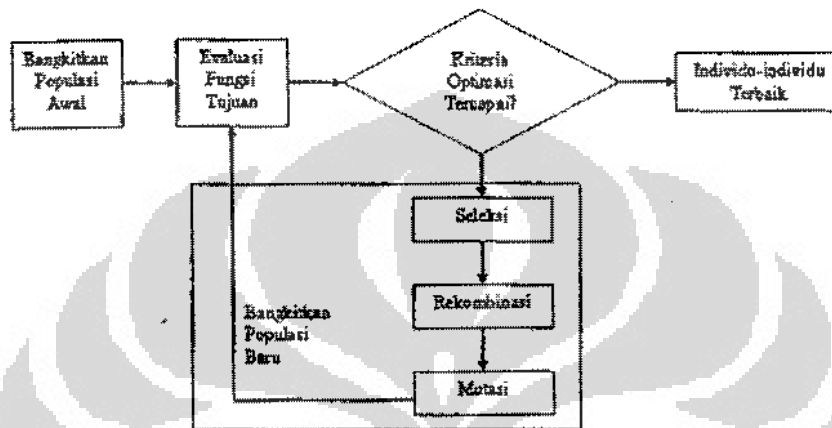
Sesuai dengan mekanisme seleksi alam, metode GA melibatkan individu-individu yang terdapat dalam sebuah populasi. Individu-individu tersebut merupakan sebuah kromosom yang dikodekan dengan sejumlah gen. Setiap kromosom akan dievaluasi nilainya berdasarkan *fitness function*. Kromosom yang nilainya paling baik akan dijadikan bibit untuk bereproduksi dan menghasilkan generasi baru. Kromosom yang nilainya jelek akan diabaikan dan digantikan posisinya dengan generasi baru (Man, Tang, dan Kwong, 1996).

Adapun faktor-faktor yang mempengaruhi penggunaan GA dalam mengoptimasi suatu masalah adalah sebagai berikut (Man, Tang, dan Kwong, 1996; Kusumadewi, 2003):

1. Representasi kromosom
2. *Fitness function*, yaitu suatu fungsi yang menentukan nilai tingkat kemenangan suatu individu untuk dapat bertahan hidup.
3. Jumlah individu dalam suatu populasi.
4. Probabilitas terjadinya *crossover* dalam suatu populasi.

5. Probabilitas terjadinya mutasi.
6. Jumlah generasi yang akan dibentuk.

Proses evolusi pada GA melibatkan tahapan evaluasi, seleksi, rekombinasi (*crossover*) dan mutasi. GA secara umum dapat dilihat pada Gambar 2.4.



Gambar 2.4 Diagram Alur Algoritma Genetika Standar

Sumber : S.Kusumadewi, 2003

2.5.3.1 Proses Seleksi

Proses seleksi merupakan proses yang digunakan untuk memilih orang tua (*parent*) berdasarkan nilai *fitness*-nya. Proses ini biasa menggunakan metode Roda Rolet (*roulette wheel*). Sesuai dengan namanya, metode ini layaknya permainan roda rolet, dengan masing-masing kromosom menempati potongan lingkaran pada roda secara proporsional sesuai dengan nilai *fitness*-nya. Nilai *fitness* yang paling besar akan menempati potongan lingkaran yang besar pula, sehingga peluang kromosom tersebut untuk menjadi orang tua juga besar (Man, Tang, dan Kwong, 1996; Kusumadewi, 2003).

Sebuah kromosom akan terpilih jika bilangan random yang dibangkitkan berada dalam interval akumulatifnya. Pada Tabel 2.2, misalkan bilangan random yang dibangkitkan adalah 0,6 maka kromosom U_2 yang terpilih sebagai orang tua.

Namun jika bilangan random yang dibangkitkan adalah 0,99 maka kromosom U_4 yang akan terpilih sebagai orang tua.

Tabel 2.2 Contoh Penggunaan Roda Roulette (telah diolah kembali)

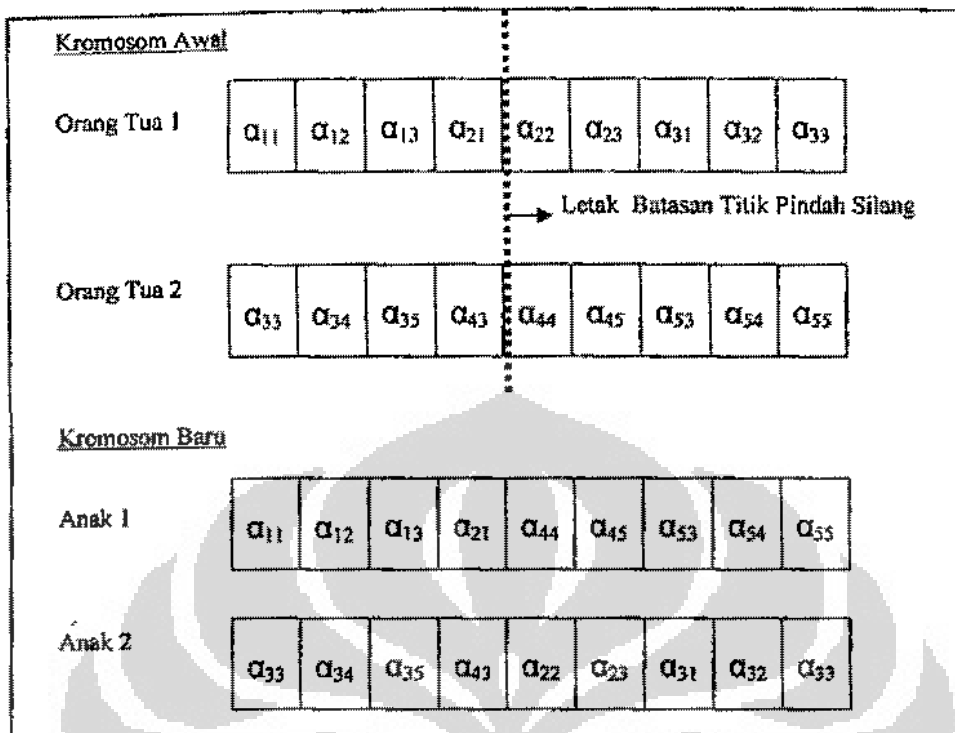
Kromosom	Nilai <i>Fitness</i>	Peluang	Interval
U_1	1	0,25	[0;1,25]
U_2	2	0,5	[0,25;0,75]
U_3	0,5	0,125	[0,75;0,875]
U_4	0,5	0,125	[0,875;1]
Jumlah	4	1	1

Sumber : S.Kusumadewi, 2003

2.5.3.2 Proses Rekombinasi (*Crossover*)

Setelah proses seleksi, selanjutnya adalah proses rekombinasi (*crossover*). Proses tersebut berguna untuk mendapatkan anak (*offspring*) berdasarkan hasil perkawinan silang dari orang tua yang lulus seleksi. Proses ini bertujuan untuk memperoleh individu-individu dengan nilai *fitness* yang baik besar (Man, Tang, dan Kwong, 1996). Ilustrasi proses rekombinasi dapat dilihat pada Gambar 2.6.

Peluang rekombinasi menunjukkan rasio dari anak yang dihasilkan dalam setiap generasi dengan ukuran populasi. Misalkan ukuran populasi (jumlah kromosom yang terdapat di dalam satu populasi) adalah 100, dan peluang pindah silangnya adalah 0,25, artinya diharapkan akan ada terdapat 25 kromosom dari 100 kromosom yang akan mengalami pindah silang (S.Kusumadewi, 2003).



Gambar 2.5 Hustrasi Proses Pindah Silang dengan Satu Titik (telah diolah kembali)

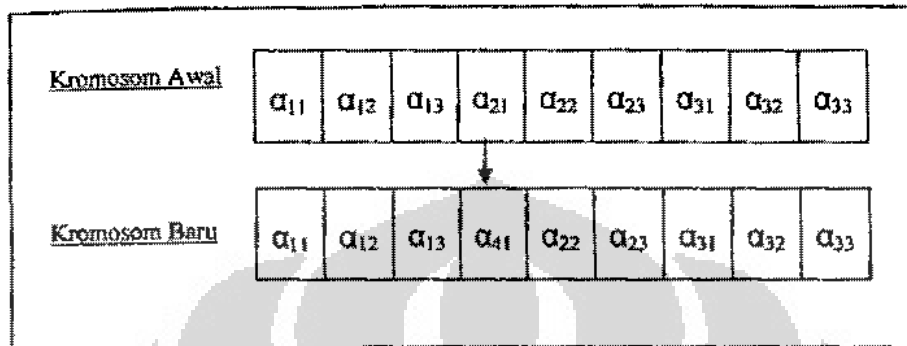
Sumber : Man, Tan dan Kwong, 1996

2.5.3.3 Proses Mutasi

Setelah melalui proses rekombinasi, tahapan selanjutnya adalah proses mutasi yang pada dasarnya akan mengubah secara acak nilai suatu bit pada posisi tertentu. Pada proses mutasi ini akan sangat mungkin munculnya kromosom baru yang semula belum pernah muncul dalam populasi awal.

Peluang mutasi menunjukkan prosentasi jumlah total gen pada populasi yang akan mengalami mutasi. Untuk melakukan mutasi terlebih dahulu dihitung jumlah total gen pada populasi tersebut. Kemudian dibangkitkan bilangan random yang akan menentukan posisi mana yang akan dimutasi (gen keberapa pada kromosom keberapa).

Misalkan ukuran populasi 100 dan setiap kromosom memiliki panjang 10 gen, maka total gen adalah $100 \times 10 = 1000$ gen. Jika peluang mutasi $P_m = 0,01$, berarti diharapkan akan ada $(1/100) \times 1000 = 10$ gen yang akan mengalami mutasi (Dewi, 2003).



Gambar 2.6 Ilustrasi Proses Mutasi untuk Bit ke-4 (telah diolah kembali)

Sumber : Man, Tan dan Kwong, 1996

2.5.3.4 Kriteria Berhenti

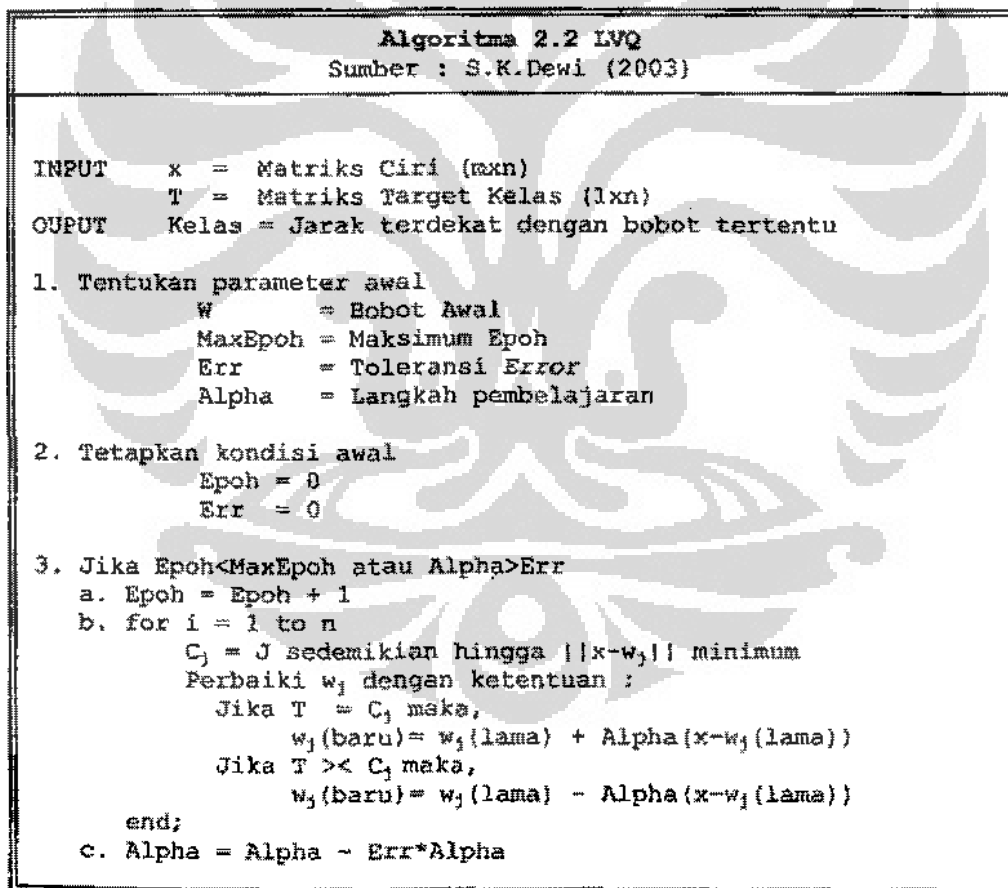
Proses GA dihentikan, jika telah diperoleh individu-individu dengan nilai *fitness* yang konvergen atau jumlah maksimal generasi telah tercapai.

2.6 EKSTRAKSI CIRI

Ekstraksi ciri biasanya dilakukan untuk mengekstrak objek berdasarkan informasi tertentu, misalnya berdasarkan warna, luas area atau tekstur dari objek. Ciri yang telah diektrak akan membentuk vektor yang akan dijadikan sebagai acuan klasifikasi (Wang dan Jin, 2005).

2.7 KLASIFIKASI DENGAN LVQ

Metode klasifikasi yang banyak digunakan adalah Jaringan Syaraf Tiruan (JST), yaitu sebuah metode yang mencoba untuk meniru cara berpikir otak manusia. Dalam memecahkan masalah JST mempunyai banyak cara untuk melakukan pembelajaran, salah satunya adalah dengan *Learning Vector Quantization* (LVQ). LVQ melakukan pembelajaran secara terawasi dengan menghitung jarak terdekat antara vektor input dengan bobot-bobot yang mewakili suatu kelas. Jika ada vektor input yang mendekati sama dengan sebuah bobot yang mewakili suatu kelas, maka vektor input tersebut akan digolongkan ke dalam kelas yang sama dengan bobot tersebut (Fausett, 1994; Kusumadewi, 2003). Algoritma selengkapnya terdapat pada Algoritma 2.2.



2.8 EVALUASI PERFORMA

Terkadang intuisi manusia tidak cukup untuk mengevaluasi performa hasil kinerja dari suatu metode, untuk dibutuhkan suatu parameter khusus. Menurut Gonzales dan Woods (2002), parameter yang sering digunakan untuk menghitung performa adalah *Root-Mean-Square-Error* (RMSE).

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{MN} \sum_{x=0}^{M-1} \sum_{y=0}^{N-1} [\hat{f}(x,y) - f(x,y)]^2} \quad (2.13)$$

Persamaan (2.13) dapat digunakan untuk menghitung performa hasil segmentasi dan klasifikasi, namun dengan arti notasi yang berbeda. Untuk menghitung performa hasil segmentasi, citra yang merupakan hasil pengolahan berdasarkan metode tertentu direpresentasikan sebagai $\hat{f}(x,y)$, sedangkan $f(x,y)$ merepresentasikan citra yang dianggap baik untuk digunakan sebagai acuan perbandingan. Ukuran citra dilambangkan dengan $M \times N$. Untuk menghitung performa hasil klasifikasi (tingkat pengenalan), $\hat{f}(x,y)$ merupakan kelas dari hasil klasifikasi berdasarkan metode tertentu, sedangkan $f(x,y)$ merupakan kelas yang sebenarnya (kelas yang dirujuk). $M \times N$ adalah jumlah data yang diklasifikasikan.

BAB 3 DATA DAN METODOLOGI PENELITIAN

3.1 DATA

Uji coba dilakukan terhadap citra hasil test *Pap-smear* yang telah diubah ke dalam bentuk keabuan. Data citra ini diperoleh dan telah mendapat ijin untuk digunakan sebagai data penelitian dari Herlev Hospital University (pernyataan ijin tercantum dalam makalah yang ditulis oleh Jantzen dkk, 2005).

Data yang digunakan dalam penelitian ini berjumlah 1834 citra yang berformat Bitmap dengan ukuran yang bervariasi, yaitu antara 46x76 sampai 449x406. Data tersebut terdiri dari 917 citra asli dan 917 citra yang telah disegmentasi oleh perangkat lunak CHAMP. Deskripsi data citra selengkapnya tercantum pada Table 3.1. Citra yang telah disegmentasi akan digunakan sebagai citra referensi dalam menghitung ketelitian metode yang digunakan dalam penelitian ini. Data citra asli telah diklasifikasikan oleh dokter ahli secara manual ke dalam tujuh kelas. Hasil klasifikasi ini pula yang digunakan sebagai referensi target untuk data latih dan data uji.

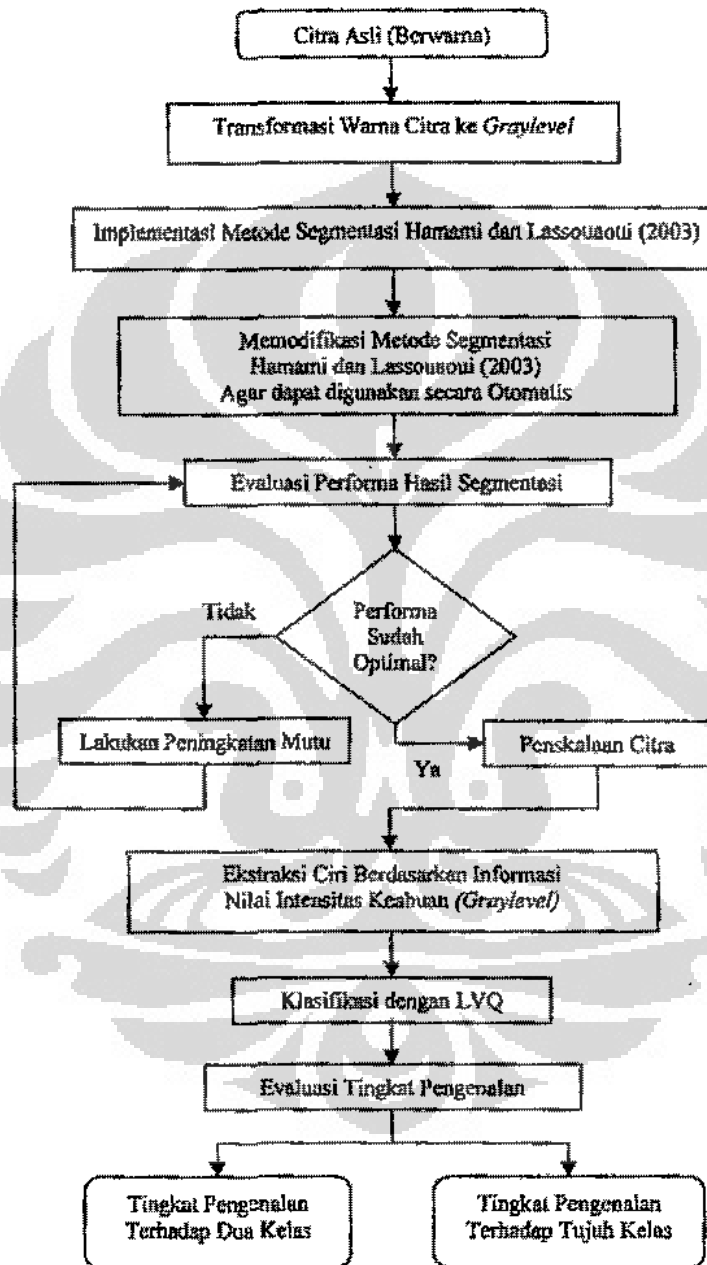
Tabel 3.1. Deskripsi Data Citra *Pap-Smear*

Sumber : Norup, 2005

Kelas	Kategori	Tipe Sel	Jumlah Data	Sub Total
1	Normal	Superficial squamous epithelial	74	242 Citra Normal
2	Normal	Intermediate squamous epithelial	70	
3	Normal	Columnar epithelial	98	
4	Abnormal	Mild squamous non-keratinizing dysplasia	182	675 Citra Abnormal
5	Abnormal	Moderate non-keratinizing dysplasia	146	
6	Abnormal	Severe non-keratinizing dysplasia	197	
7	Abnormal	Squamous cell carcinoma in situ intermediate	150	

3.2 RANCANGAN UJI COBA

Secara umum, rancangan kerangka kerja dalam melakukan uji coba pada penelitian ini, digambarkan dalam Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Rancangan Kerangka Kerja

Dalam melakukan uji coba, terdapat dua sasaran yang ingin diteliti. Sasaran pertama adalah mengukur performa metode segmentasi yang digunakan dalam penelitian ini. Kedua, meneliti tingkat pengenalan kelas sel serviks terhadap citra hasil segmentasi yang telah ditingkatkan mutunya dalam proses klasifikasi menggunakan *Learning Vector Quantization* (LVQ). Pemilihan LVQ berkaitan dengan penelitian sebelumnya (Kusumadewi, 2003) yang juga menggunakan LVQ dengan penggunaan ciri berdasarkan nilai intensitas dari citra hasil segmentasi.

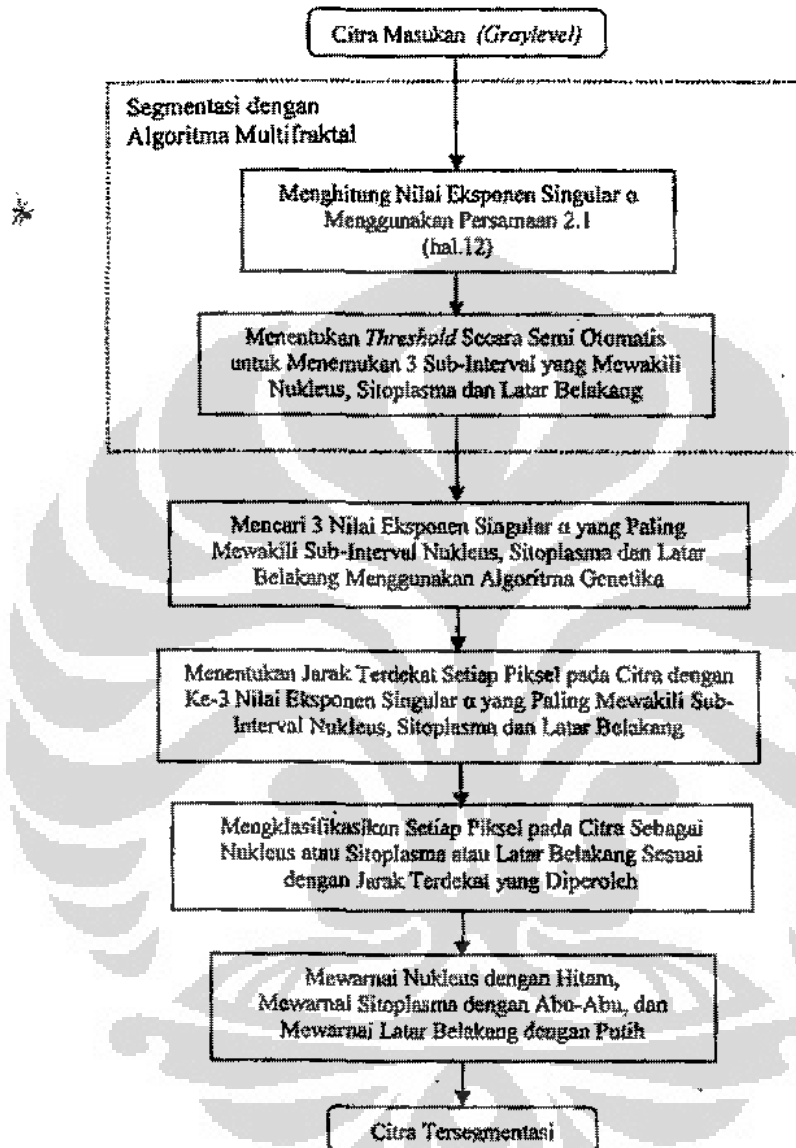
Adapun spesifikasi perangkat lunak dan perangkat keras yang digunakan dalam melakukan penelitian ini, tertera pada Tabel 3.2.

Tabel 3.2. Spesifikasi Perangkat Lunak dan Perangkat Keras

Jenis Perangkat	Spesifikasi
Sistem Operasi	Windows XP Professional Edition
Processor	Intel Pentium IV, 1.6 GHz
Memori	RAM 512 MB
Perangkat Lunak Pemrograman	MATLAB 7.0.1

3.3 METODE SEGMENTASI HAMAMI DAN LASSOUAQUI (2003)

Segmentasi sel serviks yang digunakan dalam penelitian ini dilakukan berdasarkan metode yang ditawarkan oleh Hamami dan Lassouaoui (2003) dengan menggunakan Algoritma Multifraktal seperti yang telah dikemukakan pada Subbab 2.4.1, yaitu berdasarkan nilai eksponen singular α . Kemudian mereka menggunakan Algoritma Genetika untuk mengoptimasi hasil segmentasi. Adapun metode segmentasi dan optimasi sebagai proses peningkatan mutu yang digunakan mereka, selengkapnya tertera pada Gambar 3.2.



Gambar 3.2 Kerangka Kerja Metode Hamami-Lassouaoui (2003) untuk Segmentasi Sel Serviks

Tabel 3.3.

Hasil Penelusuran Threshold untuk Sitoplasma (S_2) Secara Semi Otomatis Berdasarkan Nilai Eksponen Singular (α) Minimum dan Maksimum yang Diperoleh dari Algoritma 2.1

Citra		α		Threshold S_2	
		Minimum	Maksimum	(Batas Bawah)	(Batas Atas)
Normal Superficial	1	1,2518	2,4224	1,4500	1,9900
	2	0,9932	2,2978	1,2500	1,9500
	3	1,2481	2,4060	1,4000	1,9900
	4	1,2510	2,4602	1,3700	1,9900
	5	1,2580	2,3302	1,4000	1,9900
Normal Intermediate	1	1,1833	2,1707	1,4200	1,8200
	2	0,9494	2,3475	1,3500	1,8200
	3	1,2329	2,3955	1,4300	1,8500
	4	1,2329	2,2471	1,3800	1,8700
	5	1,2274	2,4009	1,4300	1,8700
Normal Columnar	1	0,9759	1,8219	1,2000	1,4300
	2	0,9648	1,9843	1,1000	1,4000
	3	1,0269	2,0471	1,4500	1,6700
	4	0,9654	1,9320	1,2000	1,6600
	5	0,9759	1,8219	1,1500	1,4500
Mild Dysplasia	1	1,2086	2,2382	1,3800	1,7500
	2	1,1490	2,3642	1,4500	1,7500
	3	1,2176	2,2514	1,3500	1,7500
	4	1,1483	2,3618	1,3200	1,6500
	5	1,1779	1,8614	1,4000	1,7000
Moderate Dysplasia	1	1,1816	2,4496	1,5300	1,7700
	2	1,2237	2,1907	1,4500	1,7700
	3	1,1960	2,2076	1,3800	1,6500
	4	1,1833	2,1172	1,3000	1,7000
	5	1,1737	2,3827	1,3100	1,8300
Severe Dysplasia	1	1,1862	2,4441	1,3000	1,9500
	2	1,1809	1,9042	1,3500	1,6500
	3	1,1575	2,2957	1,3000	1,7800
	4	1,1858	2,4566	1,3500	1,7800
	5	1,1649	2,3049	1,4000	2,0500
Carcinoma In Situ	1	1,1992	2,0953	1,4000	1,6400
	2	1,1822	2,3967	1,4000	1,7000
	3	1,2862	2,2847	1,6500	1,8400
	4	1,3145	2,2737	1,5500	1,8400
	5	1,1735	2,1750	1,7000	1,8500
Nilai rata-rata				1,3729	1,7911

3.3.1 Penelusuran *Threshold* Secara Semi Otomatis

Dalam penelusuran *threshold* berdasarkan nilai eksponen singular α , untuk menemukan batas antar sub-interval yang mewakili nukleus (S_1), sitoplasma (S_2) dan latar belakang (S_3), pada awalnya penulis melakukan analisa secara semi otomatis terhadap beberapa sampel sel serviks seperti yang dianjurkan oleh Hamami dan Lassouaoui (2003), yaitu dengan mengijinkan perubahan nilai untuk setiap citra terhadap batas atas dan batas bawah pada sub-interval sitoplasma.

Penelusuran *threshold* secara semi otomatis dilakukan berdasarkan 35 sampel yang dipilih secara acak dari tujuh kelas yang berbeda dan masing-masing kelas tersebut diwakilkan oleh 5 citra. Penulis mendapatkan hasil analisa *threshold* secara semi otomatis untuk S_2 yang mewakili sitoplasma adalah seperti yang tertera pada Tabel 3.3.

Berdasarkan Tabel 3.3 tersebut, dapat dilihat bahwa batas atas dan batas bawah untuk S_2 yang mewakili sitoplasma, nilainya sangat bervariasi untuk setiap citra. Untuk mengotomatiskan proses segmentasi, dibutuhkan sebuah nilai konstan yang dapat mewakili batas atas dan batas bawah S_2 semua citra. Misalnya dengan menggunakan nilai rata-rata yang tercantum pada Tabel 3.3. Dalam hal ini *threshold* untuk S_2 yang mewakili sitoplasma adalah 1,37 untuk batas bawah dan 1,79 untuk batas atas. Jadi untuk sementara, dapat ditentukan bahwa batas nilai untuk masing-masing sub-interval adalah, $S_1=[\alpha_{\text{Min}};1,37]$, $S_2=[1,37;1,79]$, dan $S_3=[1,79;\alpha_{\text{Max}}]$. Masalahnya adalah, jika ada sebuah citra dengan nilai $\alpha_{\text{Min}} = 1$ dan $\alpha_{\text{Max}} = 1,7$. Dapat dipastikan citra tersebut akan terdefinisi sebagai sel yang memiliki sitoplasma tanpa nukleus, karena batas atas S_2 lebih besar dari nilai α_{Max} ($1,79 > 1,7$).

Pencarian *threshold* secara semi otomatis tidaklah efisien, selain memakan waktu yang lama, terkadang penentuan secara visual belum tentu dapat diandalkan. Tetapi, dengan menetapkan sebuah nilai *threshold* berdasarkan nilai rata-rata dan menerapkannya untuk semua citra, juga belum tentu semua citra memenuhi rentang nilai tersebut, sehingga diperkirakan akan ada citra yang seluruh selnya terdefinisi sebagai sitoplasma tanpa nukleus. Karena itulah penulis

mengusulkan *Adaptive Multiple Threshold*, untuk mengotomatiskan pencarian *threshold*, yang akan dijelaskan pada Subbab 3.4.1. Dengan *Adaptive Multiple Threshold*, diharapkan dapat mengatasi kasus segmentasi sel yang nukleusnya tidak dapat diidentifikasi, atau paling tidak dapat mengurangi jumlah kasus tersebut.

3.3.2 Peningkatan Mutu dengan Algoritma Genetika

Algoritma Genetika (GA) yang akan dijelaskan pada Subbab ini merupakan metode yang digunakan Lassouaoui dan Hamami (2003) untuk peningkatan mutu sebuah citra. Dalam hal ini peningkatan mutu dengan GA, sebenarnya bertujuan untuk menemukan kromosom terbaik. Kromosom terbaik tersebut akan dijadikan prototype yang mewakili masing-masing sub-interval sel serviks (nukleus, sitoplasma dan latar belakang) dan digunakan untuk mengklasifikasikan sebuah piksel, apakah piksel tersebut termasuk ke dalam area nukleus, sitoplasma atau latar belakang. Klasifikasi dilakukan berdasarkan jarak terdekat setiap piksel pada citra terhadap masing-masing prototype yang telah ditentukan sebelumnya.

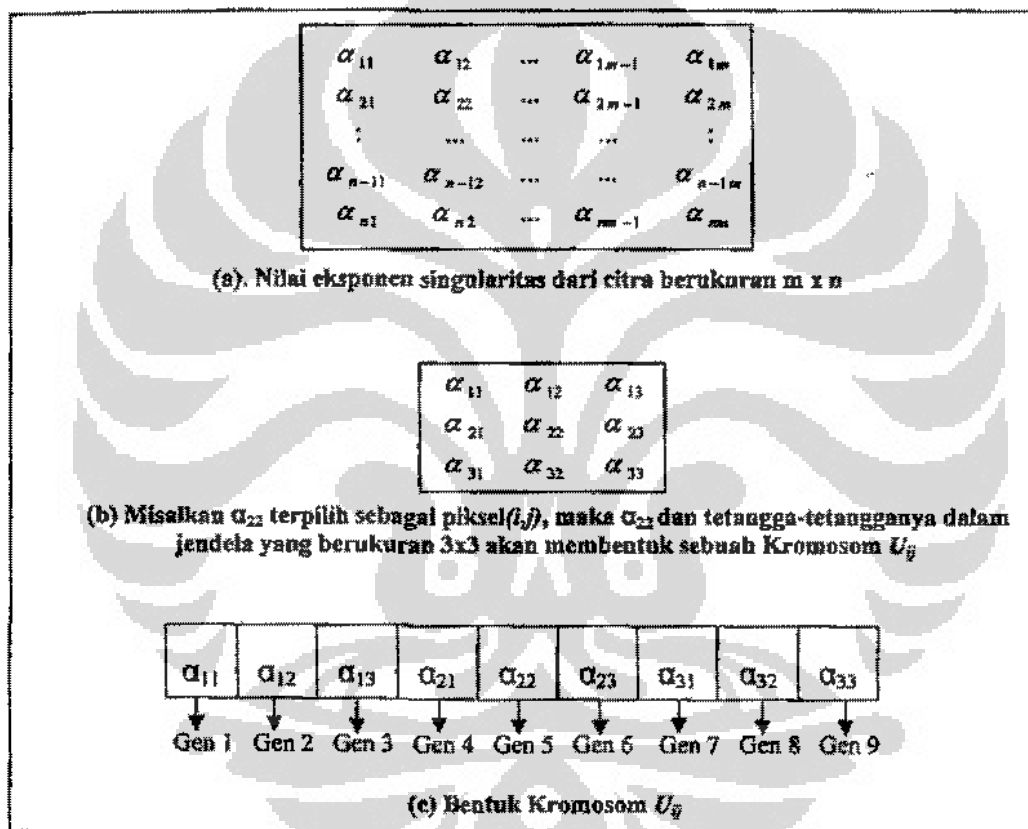
Adapun variabel dan parameter yang digunakan pada GA dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Jumlah Individu (Ukuran Populasi) = 100
2. Jumlah Gen dalam Satu Kromosom = 9
3. Jumlah Generasi/Maksimum Generasi = 200
4. Tipe Rekombinasi = *Crossover* dengan satu titik
5. Peluang Mutasi = 0.03
6. Peluang *Crossover* = 0.6

Representasi kromosom dan fungsi *Fitness* akan dijelaskan pada subbab selanjutnya.

3.3.2.1 Representasi Kromosom

Dalam sebuah citra, GA mengasumsikan sekelompok piksel sebagai populasi. Populasi dipilih secara acak. Piksel sendiri merupakan sebuah kromosom yang dikodekan dengan sejumlah gen. Setiap kromosom akan dievaluasi nilainya berdasarkan *fitness function*. Kromosom yang nilainya paling baik akan dijadikan bibit untuk bereproduksi dan menghasilkan generasi baru. Kromosom yang nilainya jelek akan diabaikan dan digantikan posisinya dengan generasi baru (Man, Tang, dan Kwong, 1996).



Gambar 3.3 Representasi Kromosom (telah diolah kembali)

Sumber : Lassousoui dan Hamami (2003).

Populasi dibangkitkan untuk masing-masing sub-interval, yaitu S_1 (rentang nilai eksponen singular untuk nukleus), S_2 (rentang nilai eksponen singular untuk sitoplasma) dan S_3 (rentang nilai eksponen singular untuk latar belakang), dengan memilih sejumlah piksel (i,j) secara acak untuk membentuk kromosom U_{ij} .

Kromosom U_{ij} direpresentasikan oleh sebuah vektor berukuran p , yaitu berupa jendela 3×3 . Nilai eksponen singular setiap piksel yang ada di dalam jendela tersebut adalah gennya. Jadi, dengan kata lain GA akan dieksekusi sebanyak tiga kali, masing-masing untuk menemukan kromosom terbaik pada S_1 , S_2 dan S_3 .

3.3.2.2 Fungsi *Fitness*

Fungsi *fitness* dihitung berdasarkan Persamaan (3.1) dengan Jarak $dist_c$ diperoleh dari Persamaan (3.2).

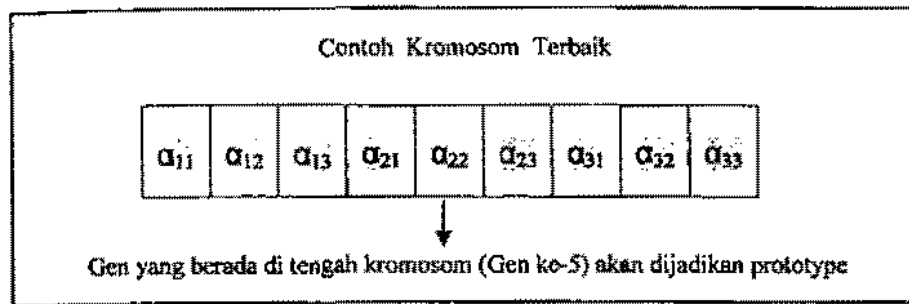
$$f = \frac{1}{dist(i, j)} \quad (3.1)$$

$$dist(i, j) = \sum_{k=1}^p |U_v - M_c| \quad (3.2)$$

M_c merupakan rata-rata dari seluruh nilai gen yang ada pada kromosom U_{ij} . Semua kromosom U_{ij} yang terdapat didalam populasi dihitung nilai *fitness*-nya dengan Persamaan (3.1).

3.3.2.3 Kriteria Berhenti

Proses GA dihentikan, jika telah diperoleh individu-individu dengan nilai *fitness* yang konvergen atau Maksimal Generasi telah tercapai. Pada akhirnya GA akan menghasilkan tiga kromosom terbaik yang mewakili masing-masing sub-interval untuk nukleus, sitoplasma dan latar belakang. Gen yang terletak di tengah kromosom menunjukkan nilai prototype yang akan digunakan di dalam proses klasifikasi berdasarkan jarak terdekat piksel terhadap prototype tiga kelas, yaitu nukleus, sitoplasma atau latar belakang.



Gambar 3.4 Ilustrasi Penentuan Prototype Menggunakan Algoritma Genetika (telah diolah kembali)

Sumber : Lassouaoui dan Hamami (2003).

3.4 METODE OTOMATISASI PENELUSURAN *THRESHOLD*

Proses otomatisasi dalam penelusuran *threshold* berdasarkan nilai eksponen singular α , untuk menemukan batas antar sub-interval yang mewakili nukleus (S_1), sitoplasma (S_2) dan latar belakang (S_3), pada segmentasi menggunakan Algoritma Multifraktal, dilakukan dengan dua cara, yaitu:

1. Menggunakan nilai *threshold* untuk masing-masing sub-interval yang mewakili nukleus, sitoplasma dan latar belakang berturut-turut, yaitu $S_1=[\alpha_{\text{Min}};1.37]$, $S_2=[1.37;1.79]$, dan $S_3=[1.79;\alpha_{\text{Max}}]$. Nilai *threshold* tersebut ditentukan secara semi otomatis berdasarkan nilai rata-rata total dari 35 citra sampel seperti yang telah dibahas pada subbab 3.3.1. Dan parameter ini digunakan untuk semua citra.
2. Menggunakan rentang nilai untuk S_1 , S_2 dan S_3 yang diperoleh secara otomatis dari penggunaan *Adaptive Multiple Thresholding*, seperti yang akan dijelaskan pada Subbab 3.4.1.

3.4.1 *Adaptive Multiple Threshold*

Adaptive Multiple Threshold yang diusulkan penulis adalah untuk menemukan rentang nilai eksponen singular yang mewakili S_2 atau sitoplasma secara otomatis. Algoritma *Adaptive Multiple Threshold* tersebut tercantum dalam Algoritma 3.1. Algoritma ini merupakan upaya untuk menghindari pencarian nilai S_2 secara

manual atau semi otomatis, jadi algoritma ini diharapkan dapat digunakan untuk semua citra secara otomatis dan sesuai dengan karakteristik citra.

Algoritma 3.1 Adaptive Multiple Threshold yang Diusulkan

INPUT X_A = Eksponen Singular suatu citra dalam bentuk matriks (Q_{ij}) yang diperoleh berdasarkan Algoritma 2.1)

OUTPUT X_{ALL} = Citra Sel yang Tersegmentasi dengan Nukleus berwarna hitam, Sitoplasma berwarna abu-abu dan Latar Belakang berwarna putih.

1. X_{MIN} = Nilai Minimum dari Eksponen Singular
2. X_{MAX} = Nilai Maksimum dari Eksponen Singular
3. X_{MEDIAN} = Median dari Sebaran Nilai Eksponen Singular
4. $T1=0.5*(X_{MIN}+X_{MEDIAN})$ % Nilai Batas Atas Sitoplasma
5. $T2=0.5*(X_{MEDIAN}+X_{MAX})$ % Nilai Batas Bawah Sitoplasma
6. $S1 = (X_A \geq X_{MIN} \ \& \ X_A < T1)$ % Rentang Nilai Latar Belakang
7. $S2 = (X_A > T1 \ \& \ X_A <= T2)$ % Rentang Nilai Sitoplasma
8. $S3 = (X_A > T2 \ \& \ X_A <= X_{MAX})$ % Rentang Nilai Nukleus
9. Jika $Q_{ij} = S1$, maka warnanya putih
 Jika $Q_{ij} = S2$, maka warnanya abu-abu
 Jika $Q_{ij} = S3$, maka warnanya hitam
10. $X_{ALL} = S1 + S2 + S3$ % Citra Tersegmentasi

3.5 METODE PENINGKATAN MUTU (POSTPROCESSING)

Pada penelitian Hamami dan Lassouaoui (2003), peningkatan mutu dilakukan dengan Algoritma Genetika (GA). GA merupakan metode yang sering dianjurkan dalam proses optimasi, namun secara teoritis mahal, karena prosesnya memakan waktu yang sangat lama (Man, Tan dan Kwong, 1996). Untuk itulah penulis mengusulkan metode lain sebagai alternatif penggantinya, yaitu *Minimum Distances Classifier* dan *Mathematical Morphology* serta kombinasi dari *Minimum Distances Classifier* dan *Mathematical Morphology*. Kemudian penulis akan melakukan penelitian, apakah performa metode alternatif layak untuk digunakan dan dapat menandingi performa GA.

Universitas Indonesia

Minimum Distance Classifier sendiri merupakan suatu metode yang biasa digunakan sebagai pengklasifikasi. Namun pada tahapan peningkatan mutu terhadap hasil segmentasi, metode ini digunakan untuk mengklasifikasikan suatu piksel ke dalam subobjek yang tepat berdasarkan jarak terdekat.

Mathematical Morphology digunakan untuk menghapus sekumpulan piksel dalam jumlah kecil yang dianggap sebagai nukleus, namun berada di dalam area sitoplasma atau latar belakang.

3.5.1 Peningkatan Mutu dengan *Minimum Distance Classifier*

Minimum Distance Classifier digunakan dalam tahapan peningkatan mutu (*postprocessing*) untuk memverifikasi keberadaan suatu piksel, apakah dia memang nukleus atau sitoplasma atau latar belakang berdasarkan jarak terdekat. Adapun algoritmanya secara detil tertera pada Algoritma 3.2.

Algoritma 3.2 Minimum Distances Classifier yang Diusulkan

```

INPUT   A = Matriks Eksponen Singular suatu citra,
         ( $Q_{(i,j)}$  yang diperoleh berdasarkan Algoritma 1)
         S1 = Rentang Nilai Latar Belakang
         S2 = Rentang Nilai Sitoplasma
         S3 = Rentang Nilai Nukleus

OUTPUT  Citra Sel yang Tersegmentasi dengan Nukleus berwarna
         hitam, Sitoplasma berwarna abu-abu dan Latar Belakang
         Putih.

1. AVG_CORE = Nilai Rata-rata dari  $Q_{(i,j)}$  yang berada di S1
2. AVG_SITO = Nilai Rata-rata dari  $Q_{(i,j)}$  yang berada di S2
3. AVG_BACK = Nilai Rata-rata dari  $Q_{(i,j)}$  yang berada di S3
4. [k b] = size (A)
5. for i = 1 : k
   for j = 1 : b
     ACORE = |  $Q_{(i,j)}$  - AVG_CORE |
     ASITO = |  $Q_{(i,j)}$  - AVG_SITO |
     ABACK = |  $Q_{(i,j)}$  - AVG_BACK |
   end ;
end ;
6. if ACORE < ASITO & ACORE < ABACK then
    $Q_{(i,j)}$  = nukleus yang berwarna hitam
else if ASITO < ACORE & ASITO < ABACK then
    $Q_{(i,j)}$  = sitoplasma yang berwarna abu-abu
else
    $Q_{(i,j)}$  = latar belakang yang berwarna putih
end if

```

3.5.2 Peningkatan dengan *Mathematical Morphology*

Penggunaan *Mathematical Morphology* ini adalah untuk memperbaiki hasil segmentasi yaitu dengan menghaluskan tepi sel yang telah disegmentasi, sekaligus untuk membuang area-area kecil yang terdefinisi sebagai sitoplasma atau nukleus, namun berada di lingkungan latar belakang. Adapun penggunaannya adalah dengan melibatkan elemen penyusun dengan bentuk seperti yang terdapat pada Gambar 3.4. Algoritma selengkapnya tertera di dalam Algoritma 3.3.

0	0	1	1	1	1	1	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	0
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
0	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	1	1	1	1	1	0	0

Gambar 3.6 Elemen Penyusun Morphology Mathematical yang Diusulkan

Algoritma 3.3 Mathematical Morphology yang Diusulkan	
INPUT	E = Matriks elemen penyusun CORE = Area nukleus SITO = Area sitoplasma LB = Area latar belakang
OUTPUT	Citra Sel yang Tersegmentasi dengan Nukleus berwarna hitam, Sitoplasma berwarna abu-abu dan Latar Belakang Putih.
	% Untuk area nukleus
	1. A = melakukan <i>opening</i> terhadap CORE dengan elemen penyusun E
	2. B = melakukan <i>closing</i> terhadap A dengan elemen penyusun E
	% Untuk area sitoplasma
	3. C = melakukan <i>opening</i> terhadap SITO dengan elemen penyusun E
	4. D = melakukan <i>closing</i> terhadap C dengan elemen penyusun E

Opening dan *Closing* yang terdapat di dalam Algoritma 3.3, merupakan operator turunan dari operator Dilasi dan Erosi, seperti yang telah dijelaskan pada Subbab 2.5.1. Persamaan (2.7) digunakan untuk melakukan proses *Opening*, sedangkan untuk proses *closing* menggunakan persamaan (2.8).

3.6 EVALUASI PERFORMA

Evaluasi performa yang dilakukan dalam penelitian ini adalah dengan menggunakan *RMSE* seperti yang telah dijelaskan pada Subbab 2.8. *RMSE* bertujuan untuk membandingkan citra hasil segmentasi dengan perbaikan mutu ($\hat{f}(x, y)$) terhadap citra referensi ($f(x, y)$) dari citra yang telah disegmentasi dengan software CHAMP (Martin, 2003). *RMSE* juga digunakan untuk menghitung tingkat pengenalan pada tahapan klasifikasi, yaitu dengan membandingkan kelas hasil klasifikasi menggunakan LVQ ($\hat{f}(x, y)$) dengan kelas yang dirujuk ($f(x, y)$).

Penghitungan performa untuk tahapan segmentasi dilakukan dengan memberikan nilai 1 untuk piksel dengan nilai keabuan yang sama antara $f(x, y)$ dan $\hat{f}(x, y)$. Namun jika tercatat tidak sama, maka akan diberikan nilai 0. Kemudian untuk mendapatkan Peluang Kesalahan, jumlah nilai 1 dibagi dengan jumlah piksel yang dimiliki oleh citra (Gonzales dan Woods, 2002; Xiaoyi dan Mojon, 2003; Norup, 2005).

Penghitungan performa untuk tahapan klasifikasi dilakukan dengan memberikan nilai 1 untuk data yang hasil klasifikasinya menunjukkan kesamaan kelas antara $f(x, y)$ dan $\hat{f}(x, y)$. Namun jika tercatat tidak sama, maka akan diberikan nilai 0. Kemudian untuk mendapatkan prosentase tingkat pengenalan, jumlah data yang bernilai 1 dibagi dengan jumlah seluruh data (Gonzales dan Woods, 2002; Norup, 2005).

3.7 PENSKALAAN CITRA DAN EKSTRAKSI CIRI

Penelitian ini tidak menggunakan 20 ciri seperti yang digunakan oleh Martin (2003). Ciri yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari informasi nilai intensitas (nilai keabuan) sel serviks yang telah disegmentasi dan ditingkatkan mutunya, yaitu nilai 1 untuk latar belakang, nilai 0,5 untuk sitoplasma dan nilai 0 untuk nukleus.

Data citra yang digunakan dalam penelitian ini ukurannya sangat bervariasi, yaitu antara 46x76 sampai 449x406. Jika ukuran citra tidak seragam, maka jumlah ciri untuk setiap citra, akan berbeda-beda. Hal ini akan menghambat proses klasifikasi.

Sebelum proses ekstraksi ciri, terlebih dahulu dilakukan proses pra-ekstraksi ciri, yaitu dengan mengubah ukuran citra menjadi lebih kecil (Kusumadewi, 2003). Hal ini dilakukan untuk mereduksi jumlah ciri yang akan diekstrak, sekaligus untuk membuat ukuran dari seluruh citra yang akan diuji menjadi seragam.



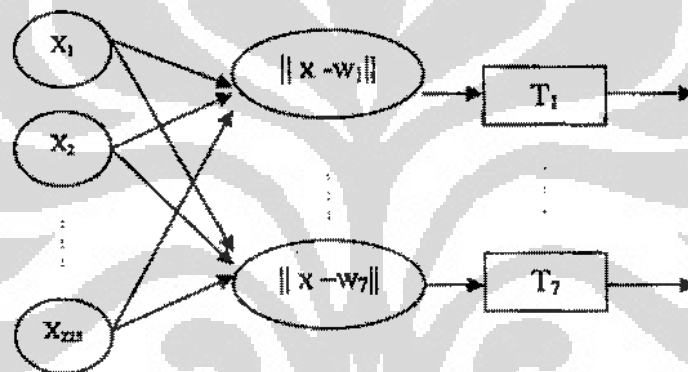
Gambar 3.6 Ilustrasi Proses Ekstraksi Ciri untuk Citra dengan Penskalaan 15x15

Dalam penelitian ini ukuran citra akan diperkecil menjadi 15x15 dan 50x50. Setelah mengubah ukuran seluruh citra, maka langkah selanjutnya adalah mengubah dimensi citra berukuran 15x15 menjadi 1x225 dan 50x50 menjadi 2500. Jadi, ciri yang digunakan dalam tahapan klasifikasi ada dua macam,

pertama ciri yang berjumlah 225 (untuk citra dengan penskalaan 15×15) dan yang kedua adalah ciri yang berjumlah 2500 (untuk citra dengan penskalaan 50×50). Contoh ilustrasi untuk proses ekstraksi ciri terdapat pada Gambar 3.6.

3.8 KLASIFIKASI DENGAN LVQ

Tahapan terakhir dari penelitian ini adalah menguji kelayakan hasil segmentasi yang telah diperbaiki mutunya dengan performa terbaik untuk diklasifikasikan menggunakan LVQ. Kelayakan dilihat berdasarkan tingkat pengenalannya, yaitu dengan mencatat prosentase citra-citra yang diklasifikasikan secara benar sesuai dengan kelas yang telah ditentukan para ahli secara manual.



Gambar 3.7 Contoh Arsitektur Jaringan LVQ untuk Klasifikasi Sel Serviks dengan Jumlah Ciri 225

Contoh arsitektur LVQ yang digunakan dalam penelitian ini adalah seperti yang terlihat pada Gambar 3.7 dengan algoritma pembelajaran seperti yang tercantum dalam Algoritma 2.2. Vektor input yang digunakan sesuai dengan jumlah ciri yang diekstrak yaitu sebanyak 225 (untuk kasus dengan penskalaan citra menjadi 15×15) dan 2500 (untuk kasus dengan penskalaan citra menjadi 50×50). Vektor output T_n (target) disesuaikan dengan jumlah kelas, yaitu sebanyak tujuh kelas dan dua kelas. Untuk bobot awal, yang digunakan adalah ciri dari citra-citra yang telah dipilih dengan performa terbaik dari masing-masing kelas. Identitas citra yang terpilih tertera pada Tabel 3.4 dan Tabel 3.5.

Tabel 3.4. Id Citra yang Cirinya Terpilih sebagai Bobot Awal (w_i) dalam Proses LVQ untuk Klasifikasi 7 Kelas

Id Citra	Bobot Awal (w_i)
209048086-209048278-001.BMP	Kelas ke-1 (w_1)
157223549-157223570-001.BMP	Kelas ke-2 (w_2)
158986766-158986776-002.BMP	Kelas ke-3 (w_3)
148839765-148839773-001.BMP	Kelas ke-4 (w_4)
149014929-149015008-003.BMP	Kelas ke-5 (w_5)
149101894-149101909-003.BMP	Kelas ke-6 (w_6)
149143370-149143378-002.BMP	Kelas ke-7 (w_7)

Tabel 3.5. Id Citra yang Cirinya Terpilih sebagai Bobot Awal (w_i) dalam Proses LVQ untuk Klasifikasi 2 Kelas

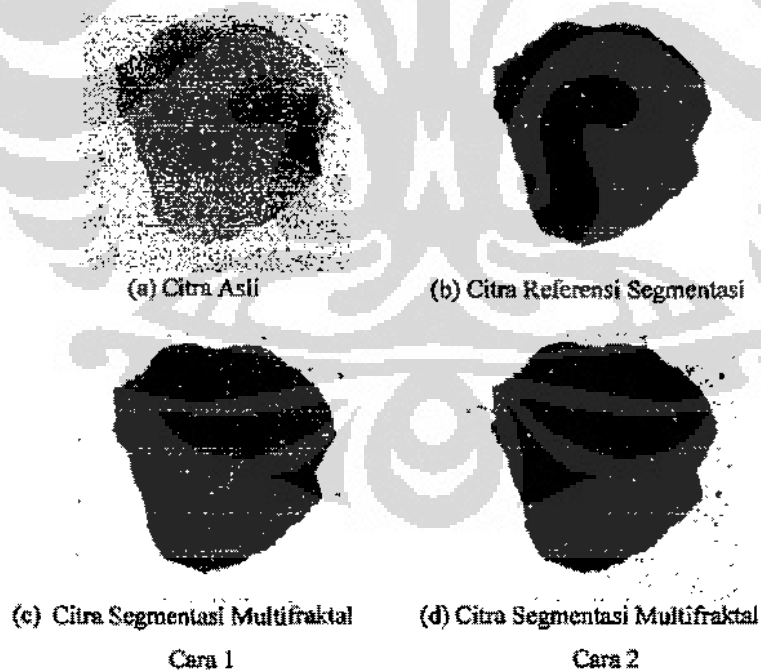
Id Citra	Bobot Perwakilan (W_i)
209048086-209048278-001.BMP	Kelas ke-1 (w_1)
149143370-149143378-002.BMP	Kelas ke-2 (w_2)

BAB 4 HASIL UJI COBA DAN ANALISIS

4.1 HASIL UJI COBA

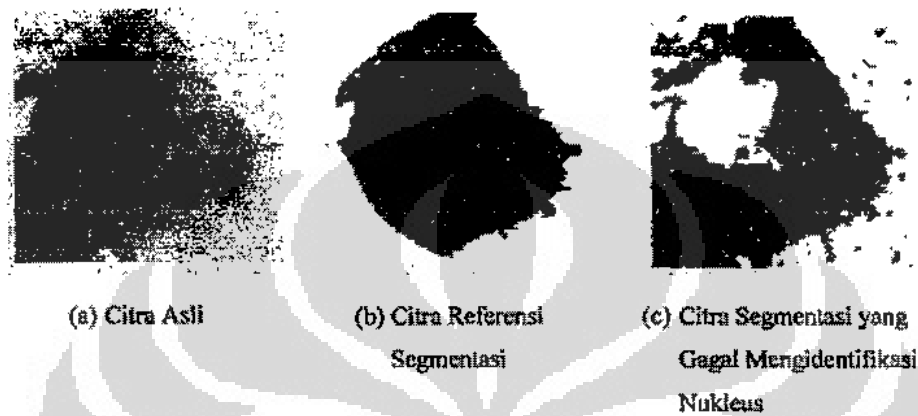
4.1.1 Hasil Uji Coba Segmentasi

Hasil uji coba prosedur segmentasi dengan Algoritma Multifraktal, salah satu contohnya dapat dilihat pada Gambar 4.1. Otomatisasi segmentasi dilakukan dengan dua cara, pertama dengan menggunakan batas sub-interval yang diperoleh berdasarkan nilai rata-rata dari 35 sampel citra secara semi otomatis, yaitu $S_1=[\alpha_{Min};1,37]$ untuk nukleus, $S_2=[1,37;1,79]$ untuk sitoplasma, dan $S_3=[1,79;\alpha_{Max}]$ untuk latar belakang, seperti yang telah dijelaskan pada Subbab 3.3.1, kedua dengan menggunakan *Adaptive Multiple Thresholding* dalam menentukan batas nilai sub-interval untuk S_1 , S_2 dan S_3 .



Gambar 4.1. Contoh Hasil Segmentasi Otomatis dengan Algoritma Multifraktal

Dari hasil percobaan terhadap 917, ternyata tidak semua citra sel serviks dapat disegmentasi dengan baik. Terdapat sejumlah citra yang hasil segmentasinya tidak mampu mengidentifikasi nukleus. Hal ini terjadi pada Cara 1 dan Cara 2. Contoh citra tersebut terlihat pada Gambar 4.2, sedangkan jumlahnya tercantum dalam Tabel 4.1.



Gambar 4.2. Contoh Citra yang Hasil Segmentasinya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus (Menggunakan Algoritma Multifraktal Secara Otomatis)

Tabel 4.1. Jumlah Citra yang Hasil Segmentasinya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus (Menggunakan Algoritma Multifraktal Secara Otomatis)

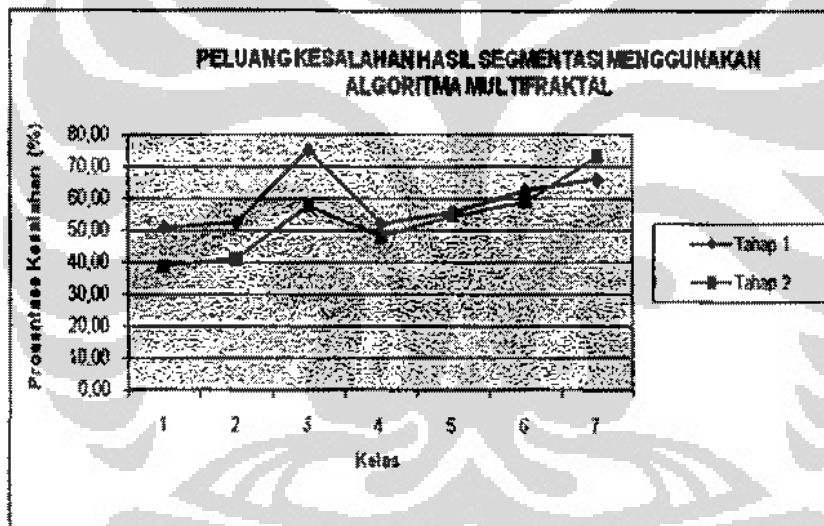
Kelas	Jumlah Data	Otomatisasi Cara 1	Otomatisasi Cara 2
1	74	3	0
2	70	8	3
3	98	39	4
4	182	29	9
5	146	40	9
6	197	68	16
7	150	60	13
Jumlah	917	247	50

Berdasarkan Tabel 4.1, citra yang hasil segmentasinya gagal mengidentifikasi nukleus adalah sebanyak 27% untuk Cara 1 dan 5,5% untuk Cara 2. Untuk kedua tahap tersebut jumlah citra yang hasil segmentasinya gagal mengidentifikasi nukleus paling banyak dimiliki oleh kelas ke-6.

Performa hasil segmentasi berdasarkan peluang kesalahan tercantum pada Tabel 4.4 dan Grafik 4.1. Semakin kecil angka peluang kesalahan, semakin baik performanya.

Tabel 4.4. Peluang Kesalahan (%) Citra Hasil Segmentasi Menggunakan Algoritma Multifraktal

Kelas	Multifraktal Tahap 1	Multifraktal Tahap 2
1	50,76	38,65
2	52,28	41,01
3	75,13	57,69
4	51,91	47,85
5	55,44	54,48
6	62,32	59,00
7	65,84	72,95
Rata-Rata :	59,10	53,09

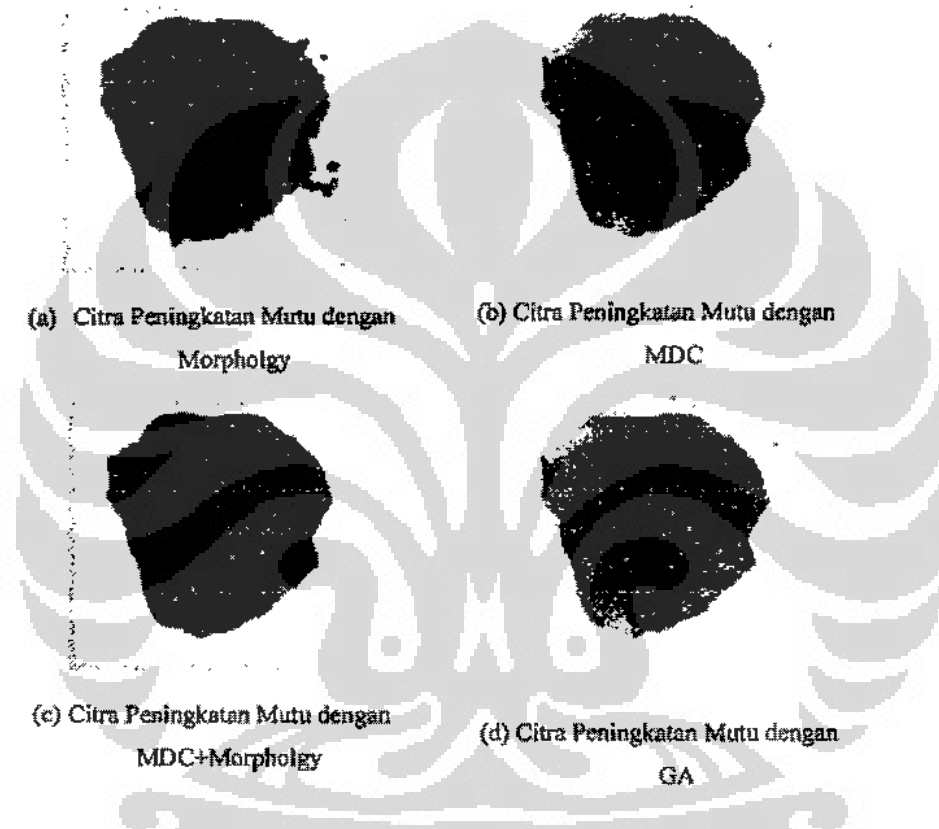


Grafik 4.1. Peluang Kesalahan Hasil Segmentasi Menggunakan Algoritma Multifraktal

Berdasarkan Grafik 4.1 dapat dilihat bahwa peluang kesalahan tertinggi dihasilkan oleh kelas ke-3 dan ke-7. Hal ini berlaku untuk Tahap 1 dan Tahap 2.

4.1.2 Hasil Uji Coba Peningkatan Mutu

Hasil uji coba untuk penerapan metode peningkatan mutu dilakukan terhadap citra yang telah disegmentasi menggunakan Algoritma Multifraktal yang telah diotomatiskan dengan Cara 2, karena performa untuk Cara 2 lebih baik. Contoh hasil penerapannya terlihat pada Gambar 4.3.



Gambar 4.3. Contoh Hasil Penerapan Metode Peningkatan Mutu

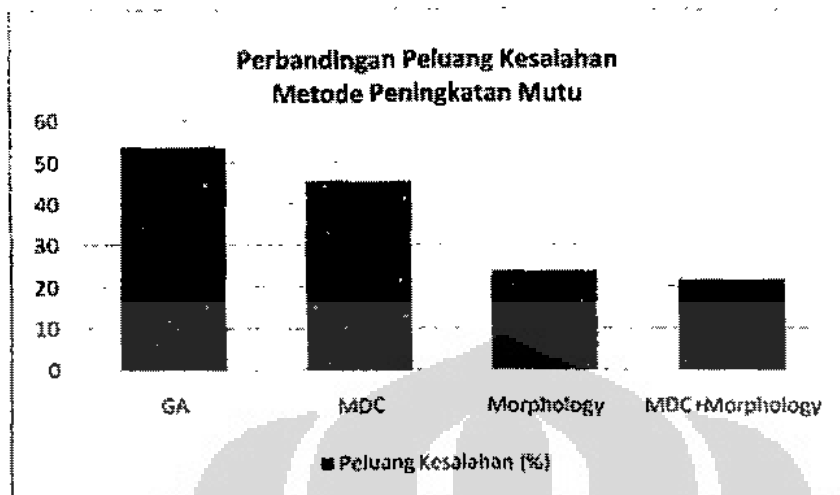
Pada Gambar 4.3, Morphology merupakan prosedur peningkatan mutu berdasarkan *Mathematical Morphology* seperti yang terdapat pada Subbab 3.5.2, MDC merupakan prosedur peningkatan mutu berdasarkan *Minimum Distances Classifier* seperti yang terdapat pada Subbab 3.5.1. MDC+Morphology merupakan gabungan antara MDC dan Morphology. GA merupakan hasil

penerapan peningkatan mutu dengan Algoritma Genetika sesuai dengan yang diusulkan oleh Hamami dan Lassouaoui (2003).

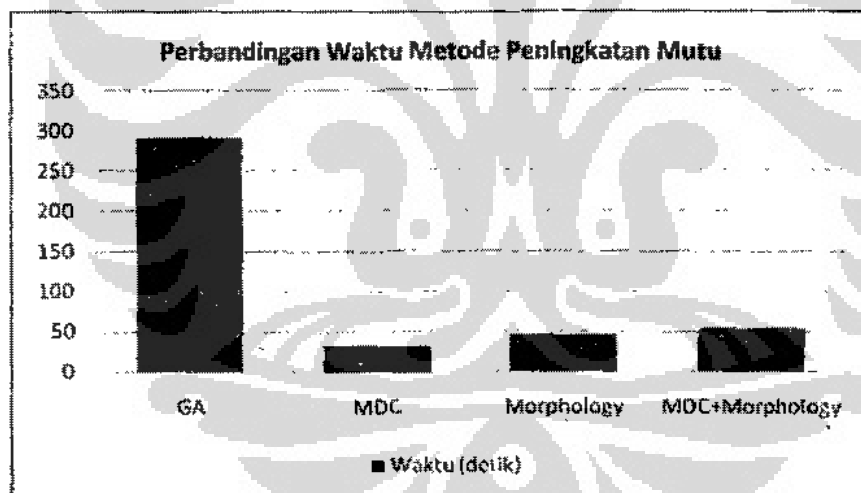
Pada awalnya, penghitungan performa terhadap metode peningkatan mutu hanya dilakukan terhadap 35 citra sampel yang dipilih secara acak. Masing-masing kelas diwakili oleh 5 citra. Khusus untuk GA percobaan dilakukan sebanyak tiga kali terhadap citra yang sama untuk melihat tingkat ketelitian dan waktu eksekusinya. Kemudian diambil nilai rata-ratanya untuk dibandingkan dengan metode peningkatan mutu lainnya. Hasil percobaan terhadap GA tercantum pada Tabel 4.3. Perbandingan performanya terlihat dalam Grafik 4.2. dan 4.3.

Tabel 4.3 Performa Metode Peningkatan Mutu dengan GA Terhadap Citra 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal dan *Adaptive Multiple Thresholding*

Kelas	Peluang Kesalahan (%)	Waktu Eksekusi (Detik)
1	53,01	278
2	53,48	276
3	53,03	281
4	53,81	291
5	53,2	295
6	54,42	317
7	55,53	302
Total Rata-Rata	53,78	291,42



Grafik 4.2 Perbandingan Performa Peluang Kesalahan Metode Peningkatan Mutu Terhadap 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal dan Adaptive Multiple Thresholding



Grafik 4.3 Perbandingan Performa Waktu Eksekusi Metode Peningkatan Mutu Terhadap 35 Sampel Citra Hasil Segmentasi dengan Algoritma Multifraktal Adaptive Multiple Thresholding

Berdasarkan Grafik 4.2 dan 4.3, terlihat bahwa GA memberikan hasil yang kurang memuaskan, baik dari segi waktu maupun tingkat ketelitiannya, karena itu,

penelitian dengan metode GA tidak dilanjutkan untuk seluruh data yang ada. Lagipula hasil peningkatan mutu dengan GA tidak konstan, karena individu awal dipilih secara acak. Jadi penelitian terhadap 917 data citra hanya dilanjutkan untuk metode *Morphology*, MDC dan *MDC+Morphology*.

Penghitungan performa peluang kesalahan untuk metode-metode peningkatan mutu (kecuali GA) terhadap citra hasil segmentasi dengan Algoritma Multifraktal Cara 2 dilakukan untuk 917 citra. Pada kesempatan ini performa peluang kesalahan FCM dari hasil penelitian Farida (2007) juga turut dicantumkan, sebagai perbandingan. Metode FCM yang digunakan oleh beliau juga telah mengalami tahapan *postprocessing* berdasarkan algoritma yang diusulkan oleh Wang, L. dan Jin, Y. (2005).

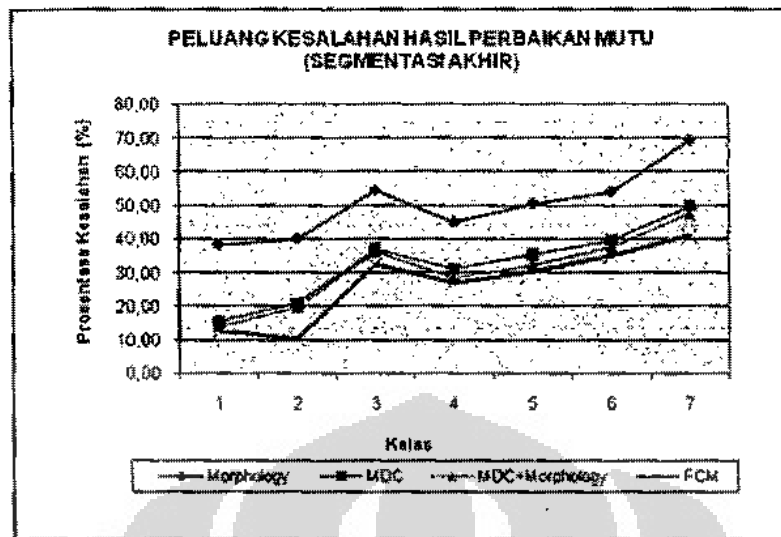
Farida (2007) melakukan segmentasi dengan FCM juga dengan dua macam cara berikut ini:

1. Pengujian dilakukan secara semi otomatis, yaitu dengan mengijinkan perubahan parameter untuk setiap citra sel, sehingga diperoleh hasil yang sebaik mungkin.
2. Pengujian dilakukan dengan menyamakan nilai parameter pada seluruh data pengujian.

Peluang Kesalahan untuk metode *Morphology*, MDC dan *MDC+Morphology* serta FCM Cara 2 terlihat pada Tabel 4.4 dan Grafik 4.4.

Tabel 4.4 Peluang Kesalahan (%) Metode Peningkatan Mutu dengan *Morphology*, MDC dan *MDC+Morphology* serta FCM Terhadap 917 Citra

Kelas	<i>Morphology</i>	MDC	<i>MDC+Morphology</i>	FCM
1	38,29	15,31	13,98	12,53
2	39,99	20,72	19,65	10,39
3	54,56	36,95	36,20	32,38
4	44,97	31,06	28,25	27,05
5	50,57	35,33	32,24	30,11
6	54,05	39,64	37,46	35,03
7	69,31	49,86	47,36	40,92
Total Rata-Rata	50,24	32,69	30,73	26,90



Grafik 4.4. Peluang Kesalahan Metode Peningkatan Mutu dengan *Morphology*, MDC dan *MDC+Morphology* serta FCM Terhadap 917 Citra

Berdasarkan Tabel 4.4 dan Grafik 4.4, hasil segmentasi dengan peningkatan mutu atau hasil segmentasi akhir, performa FCM masih lebih baik. Namun selisih peluang kesalahan antara FCM dan *MDC+Morphology* hanya terpaut sekitar 4%.

Sama halnya dengan proses segmentasi, pada proses peningkatan mutu juga terdapat citra yang tidak berhasil diidentifikasi nukleusnya. Jumlah citra yang tidak dapat diidentifikasi nukleusnya dengan penggunaan *Morphology* adalah sebanyak 62 buah (6,8% dari jumlah data), dengan MDC sebanyak 187 buah (20,4% dari jumlah data), dengan *MDC+Morphology* juga sebanyak 187 (20,4% dari jumlah data).

Tabel 4.5 Jumlah Citra yang Hasil Peningkatan Mutunya Tidak Dapat Mengidentifikasi Nukleus

Kelas	Morphology	MDC	MDC+Morphology
1	0	1	1
2	3	5	5
3	6	31	31
4	11	31	31
5	10	26	26
6	16	43	43
7	16	50	50
Jumlah	62	187	187

4.1.3 Hasil Uji Coba Klasifikasi Menggunakan LVQ

Citra yang dipilih untuk diklasifikasikan adalah citra hasil segmentasi dengan Algoritma Multifraktal dengan *Adaptive Multiple Thresholding* (Cara 2) dan peningkatan mutu dengan *MDC+Morphology*.

Klasifikasi yang dilakukan menggunakan LVQ dengan nilai intensitas (keabuan) sebagai cirinya, memanfaatkan data latih sebanyak 35, 70 dan 210 citra, masing-masing kelas diwakili 5, 10 dan 30 citra. Kemudian diujicobakan terhadap citra hasil segmentasi dengan peningkatan mutu, dengan dan tanpa mengikut-sertakan citra yang tidak dapat diidentifikasi nukleusnya. Jumlah data uji dengan menyertakan citra yang tidak dapat diidentifikasi nukleusnya adalah 917. Jumlah data uji tanpa menyertakan citra yang tidak dapat diidentifikasi nukleusnya adalah 730. Data latih juga ikut diuji kembali.

Tabel 4.6 Tingkat Pengenalan Hasil Klasifikasi dengan LVQ Terhadap Citra dengan Penskalaan 15x15

Jumlah Kelas	Jumlah Data		Tingkat Pengenalan (%)	
	Data Latih	Data Uji	Data Latih	Data Uji
Tujuh	35	730	80,00	30,82
		917		25,08
	70	730	71,43	29,73
		917		23,77
	210	730	42,86	14,38
		917		16,36
Dua	35	730	85,71	79,73
		917		68,27
	70	730	82,86	80,55
		917		68,81
	210	730	79,52	82,52
		917		69,57

Dalam proses klasifikasi ini, jumlah kelas yang digunakan bukan hanya tujuh saja, tapi dicobakan juga terhadap dua kelas, yaitu normal dan abnormal. Kelas ke-1, ke-2 dan ke-3 digolongkan ke dalam kelas normal, kelas ke-4, ke-5, ke-6

dan kelas ke-7 digolongkan sebagai kelas abnormal. Tingkat pengenalan berdasarkan hasil klasifikasi dua dan tujuh kelas, tercantum dalam Tabel 4.6 dan Tabel 4.7.

Tabel 4.7 Tingkat Pengenalan Hasil Klasifikasi dengan LVQ Terhadap Citra dengan Penskalaan 50x50

Jumlah Kelas	Jumlah Data		Tingkat Pengenalan (%)	
	Data Latih	Data Uji	Data Latih	Data Uji
Tujuh	35	730	94,55	31,37
		917		28,24
	70	730	70,37	34,38
		917		31,30
	210	730	39,90	14,38
		917		16,36
Dua	35	730	17,14	28,08
		917		26,39
	70	730	77,78	73,15
		917		68,16
	210	730	73,89	75,48
		917		70,12

4.3 ANALISA HASIL

Berikut ini merupakan uraian analisa berdasarkan hasil uji coba segmentasi dan klasifikasi yang diperoleh dalam penelitian ini :

1. Segmentasi

- Dalam melakukan otomatisasi segmentasi terhadap 917 citra asli, penggunaan Cara 2, yaitu dengan *Adaptive Multiple Thresholding* memperoleh performa yang lebih baik dibandingkan dengan penggunaan Cara 1.
- Peluang kesalahan Cara 2 adalah sebesar 53,09%, sehingga tingkat ketelitian untuk segmentasi dengan Cara 2 adalah sekitar 47%. Kesalahan

tertinggi terdapat pada kelas ketiga dan ketujuh. Hal ini terjadi karena banyak citra pada kelas tersebut, nukleusnya gagal diidentifikasi.

- Kegagalan dalam melakukan segmentasi terhadap nukleus terjadi disebabkan karena rentang nilai eksponen singular yang seharusnya untuk nukleus terdefinisi sebagai rentang nilai eksponen singular untuk sitoplasma atau latar belakang.

2. Peningkatan Mutu (*postprocessing*)

- Peningkatan mutu dengan GA, pada pelaksanaannya memakan waktu yang sangat lama dan kurang dapat dipercaya, karena hasilnya tidak stabil. Ketidakstabilan ini terbukti dari penghitungan tingkat ketelitian yang selalu berubah untuk tiga kali percobaan terhadap citra yang sama. Ketidakstabilan ini terjadi karena individu awal yang digunakan diperoleh secara acak. Karena itulah diperlukan metode alternatif sebagai penggantinya.
- Metode alternatif yang ditawarkan untuk peningkatan mutu, performa terbaiknya dihasilkan oleh metode MDC+*Morphology*, dengan penambahan tingkat ketelitian terhadap hasil segmentasi menggunakan Algoritma Multifraktal yang diotomatiskan dengan Cara 2 adalah sebesar 22,36%, sehingga tingkat ketelitiannya menjadi sekitar 70%. Namun angka tersebut masih di bawah tingkat ketelitian FCM yang juga telah mengalami peningkatan mutu (Farida, 2007) menggunakan *Mathematical Morphology*, yaitu 73,10%. Hal ini menandakan FCM masih lebih unggul sekitar 3%.
- Penyebab rendahnya tingkat ketelitian segmentasi menggunakan Algoritma Multifraktal yang diotomatiskan dengan *Adaptive Multiple Thresholding* dan ditingkatkan mutunya dengan MDC+*Morphology* ini adalah karena dalam penerapannya, terdapat 20,39% citra yang nukleusnya gagal diidentifikasi.

3. Klasifikasi

- Percobaan klasifikasi menggunakan ciri nilai intensitas atau nilai keabuan (*graylevel*) dari citra hasil segmentasi, seperti yang dilakukan oleh Kusumadewi (2003) pada penelitiannya untuk pengenalan pola huruf.
- Pengklasifikasian dilakukan menggunakan LVQ. Klasifikasi dilakukan untuk dua dan tujuh kelas. Untuk tujuh kelas membutuhkan citra dengan skala yang lebih besar (dalam hal ini 50x50), karena untuk kelas yang banyak, informasi ciri yang dibutuhkan juga banyak. Untuk klasifikasi dua kelas dapat dilakukan dengan ciri yang lebih sedikit, sehingga skala citra tidak harus besar (dalam hal ini 15x15).
- Berdasarkan hasil percobaan, LVQ kurang mampu mengklasifikasikan sel ke dalam tujuh kelas, namun cukup baik untuk mengklasifikasikan sel ke dalam dua kelas. Tingkat pengenalan terhadap tujuh kelas hanya mampu mencapai 34,38%, sedangkan tingkat pengenalan terhadap dua kelas mencapai 82,52%.
- Hasil klasifikasi dengan LVQ berdasarkan nilai intensitas sebagai ciri dalam mendiagnosa sel serviks sangat signifikan jika dibandingkan dengan Jaringan Syaraf Tiruan menggunakan metode pembelajaran Propagasi Balik (JST-BP), tingkat akurasi untuk tujuh kelas yaitu lebih dari 80% (Addiati, Farida dan Murni 2007). Dalam hal ini, klasifikasi dengan JST-BP tersebut menggunakan 20 ciri yang diusulkan Martin (2003).

BAB 5 PENUTUP

5.1 KESIMPULAN

Berdasarkan hasil uji coba yang diperoleh dalam penelitian ini, maka dapat disimpulkan beberapa hal berikut:

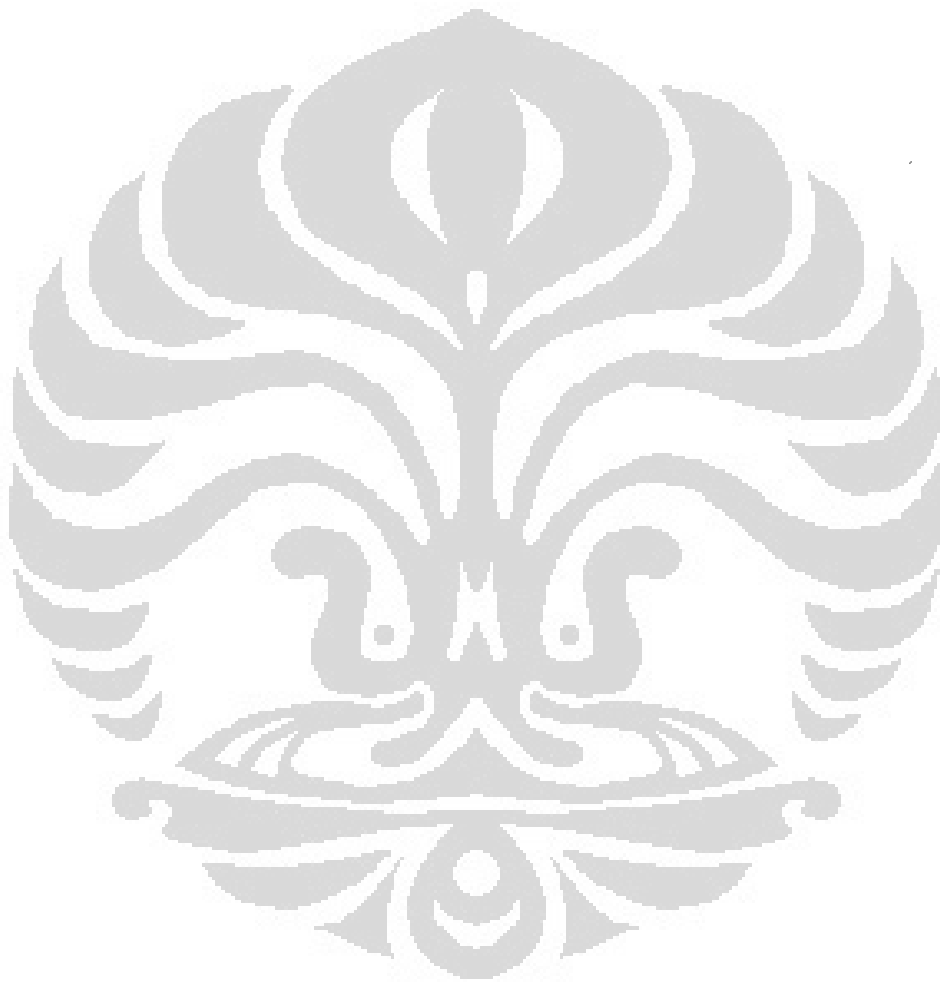
- Tingkat ketelitian untuk segmentasi akhir menggunakan Algoritma Multifraktal dengan *Adaptive Multiple Thresholding* dan ditingkatkan mutunya menggunakan *MDC+Morphology* adalah 69,27 %.
- Dalam penerapannya, terdapat 20,39% citra yang nukleusnya gagal diidentifikasi.
- Tingkat ketelitian FCM untuk segmentasi (penelitian terdahulu) masih lebih unggul, yaitu 73,10% (selisihnya sekitar 4%).
- Hasil akurasi klasifikasi dengan nilai intensitas sebagai ciri menggunakan LVQ adalah 34,38% untuk tujuh kelas dan 82,52% untuk dua kelas .
- Penelitian terdahulu untuk tujuh kelas menggunakan JST-BP tingkat ketelitiannya 82-84%.

5.2 SARAN

Berdasarkan hasil uji coba yang diperoleh dalam penelitian ini, maka untuk penelitian selanjutnya, penulis menyarankan beberapa hal berikut:

- Menggunakan FCM sebagai metode segmentasi, karena performanya memang lebih baik.
- Menggunakan JST dengan BP atau LVQ sebagai pengklasifikasi sel serviks ke dalam dua kelas dengan nilai intensitas citra segmentasi sebagai ciri.
- Menggunakan *Tree Classifier* sebagai pengklasifikasi sel serviks ke dalam tujuh kelas dengan nilai intensitas citra segmentasi sebagai ciri.

- Metode-metode yang diusulkan dalam penelitian ini dengan sedikit perbaikan, diharapkan dapat digunakan untuk data citra dengan karakteristik yang sama maupun berbeda. Citra dengan karakteristik yang sama misalnya sel tulang atau sel hepar, sedangkan untuk citra dengan karakteristik yang berbeda misalnya jaringan retina.



DAFTAR REFERENSI

- D. Addiati, T. Farida, dan A. Murni. (2007). Pap Smear Cell Image Diagnostic System Based on Fuzzy C-Means Clustering and BackPropagation Neural Network, *Proceedings of Asialink International Conference on Biomedical Engineering and Technology*, Jakarta.
- Fausett, L. (1994). *Fundamentals of Neural Networks*. Prentice Hall, New Jersey.
- Fisher, R., Perkins, S., Walker, A., dan Wolfart, E. (2003). *Adaptive Thresholding*. Diakses tanggal : 27 Oktober 2008.
<http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/HIPR2/adpthrsh.htm>
- Gonzales, R. C. dan R. E. Woods. (2002). *Digital Image Processing* (edisi ke-2). Prentice Hall, New Jersey.
- Hartadi, D., Sumardi, Isnanto, R.R. (Desember 2004). Simulasi Penghitungan Sel Darah Merah. *Transmisi*, Vol 8, No.2, hal. 1-6. Diakses tanggal : 2006.
<http://www.elektro.undip.ac.id/transmisi/desember04.htm>
- Herlev University Hospital. (2005). Data Citra *Pap-Smear*. Diakses tanggal : 28 Juni 2008. <http://www.fuzzy.iau.dtu.dk/download/smear2005>
- Humas Universitas Indonesia (20 April 2007). *Ilmu Patologi Anatomi Kurang Diminati*. Diakses tanggal : 22 Maret 2009.
http://webdev.ui.ac.id/download/kliping/200407/Ilmu_Patologi_Anatomi_Kurang_Diminati.pdf
- Indman, P.D. (2000). *Structure of the Cervix*. California. Diakses tanggal : 3 Juli 2008. http://www.gynalternatives.com/cervix_structure.htm
- Jantzen, J., Norup, J., Dounias, G. dan Bjerregaard, B. (2005). Pap-smear Benchmark Data for Pattern Classification. Technical University of Denmark, Denmark.
- Katz, A.R.J. (9 Februari 2000). *Image Analysis and Supervised Learning in the Automated Differentiation of White Blood Cells from Microscopic Image*. Tesis, Department of Computer Science, RMIT.

- Lassouaoui, N. dan Hamami, L. (2003). Genetic Algorithm and Multifractal Segmentation of Cervical Cancer Images. *Proceedings 7th Int. Symposium in Signal Processing and Its Applications, Vol. 2*, hal.1-4.
- Man K.F., Tang K.S., Kwong S., (Oktober 1996). Genetic Algorithms: Concept and Applications. *IEEE Transaction on Industrial Electronic, Vol.43, No.5*, hal.15-18.
- Martin, E. (22 September 2003). *Pap-smear Classification*. Tesis, Technical University of Denmark: Oersted-DTU, Automation.
- P.Angelia (2007). *Studi Banding Klasifikasi Citra Sel Tunggal Pap Smear Menggunakan Neural Network dan Support Vector Machine*, Tugas Akhir, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Indonesia.
- Prodi2. (April 2006). *Metoda Baru untuk Mendeteksi Dini Kanker Leher Rahim HPV-DNA dan Sitologi Berbasis Cairan* (edisi ke-2). Diakses tanggal : 28 Agustus 2007. <http://www.prodia.co.id/files/smartliving/Edisi2>
- R.Amalia, P.Angelia, A.Murni, (2008). Two Approaches for Diagnosing a Pap Smear Cell Image: Based on Image Segmentation and Classification Methods and Based on Content-Based Image Retrieval System, *Proceedings of Asia Pasific Conference ArtScience Engineering Technology*, Solo.
- S.Kusumadewi, (2003). *Artificial Intelligence (Teknik dan Aplikasinya)*. Graha Ilmu, Yogyakarta.
- T.Parida (2007). *Studi Banding Segmentasi Citra Sel Tunggal Pap Smear Berdasarkan Metode Fuzzy C-Means Clustering, Thresholding dan Transformasi Watershet*, Tugas Akhir, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Indonesia.
- Wang, L. dan Jin, Y. (2005), White Blood Cell Segmentation and Classification in Microscopic Bone Marrow Images. *Springer-Verlag Berlin Heidelberg*, hal.787-796.
- Xiaoyi, J. dan D. Mojon. (2003). Adaptive Local Thresholding by Verification Based Multithreshold Probing with Application to Vessel Detection in Retinal Images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence Vol.25, No.1*, hal.131-137.

Lampiran A**Pernyataan Persetujuan Penggunaan Data**

“This case study provides data and a baseline for comparing classification methods. The data consists of 917 images of Pap-smear cells, classified carefully by cyto-technicians and doctors. Each cell is described by 20 numerical features, and the cells fall into 7 classes. A basic data analysis includes scatter plots and linear classification results, in order to provide domain knowledge and lower bounds on the acceptable performance of future classifiers. Students and researchers can access the database on the Internet, and use it to test and compare their own classification methods.”

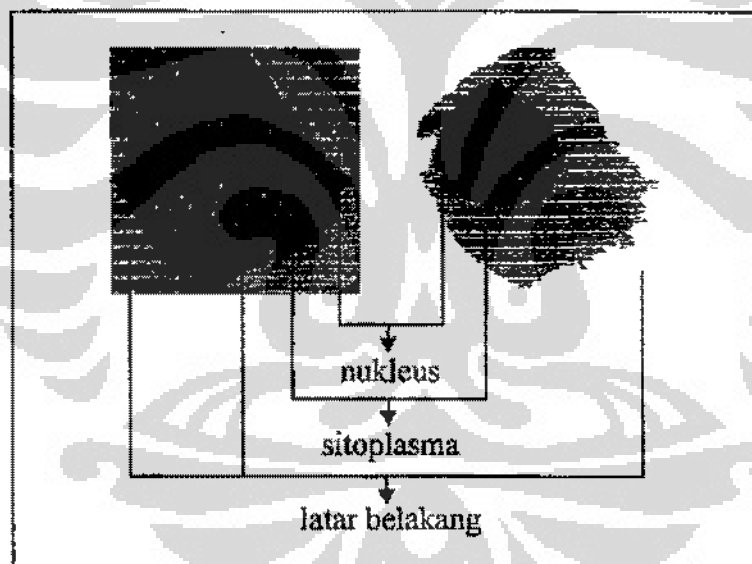
(Jantzen, J. dkk, 2005, hal.1)

Lampiran B

Contoh Data Uji Coba dan Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu

Data citra uji coba yang digunakan dalam penelitian ini, terdiri dari 917 citra asli dan 917 citra hasil segmentasi dengan perangkat lunak komersial CHAMP. Citra hasil segmentasi tersebut digunakan sebagai citra acuan dalam evaluasi performa metode-metode yang digunakan dalam penelitian ini.




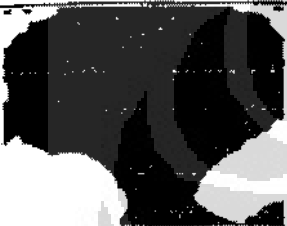

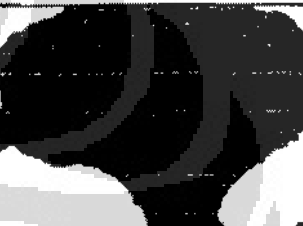
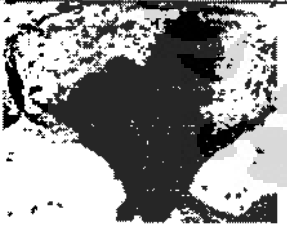
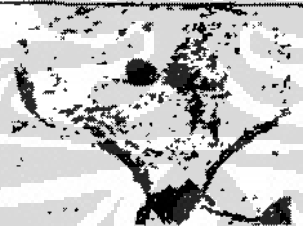
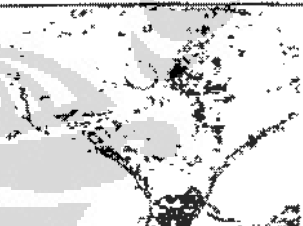
Citra acuan terdiri dari empat warna berbeda, namun dalam pelaksanaannya citra acuan tersebut disesuaikan warnanya dengan citra-citra hasil segmentasi berdasarkan metode yang digunakan dalam penelitian ini, yaitu menjadi keabuan, tanpa mengubah maknanya.



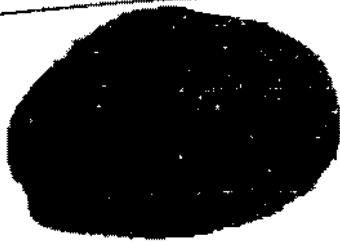


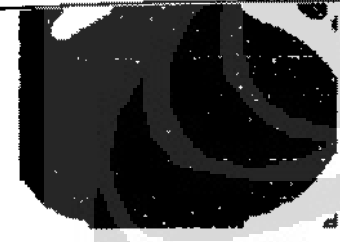
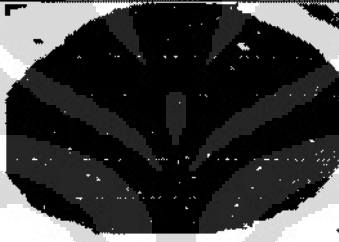
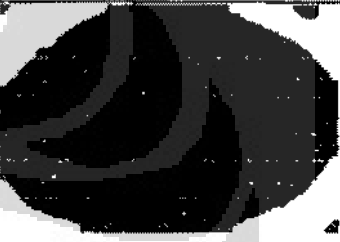
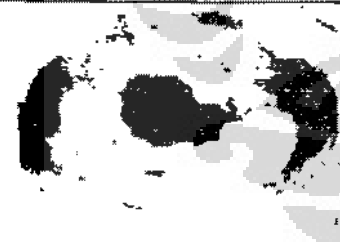

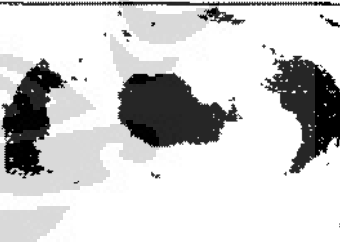
Gambar B.1 Contoh Citra Acuan (Kiri) dan Citra yang Telah Mengalami Penyesuaian Warna (Kanan)

Sumber : <http://fuzzy.iain.dtu.dk/download/smear2005> (telah diolah kembali)

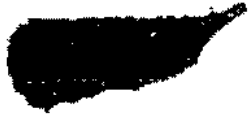

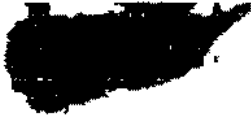






Tabel B.1 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Normal Superficial*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+Morphology	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-3)




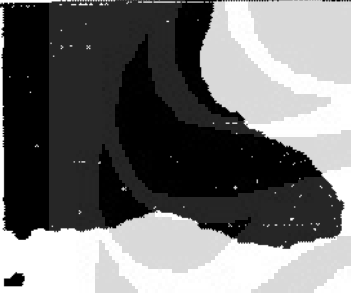


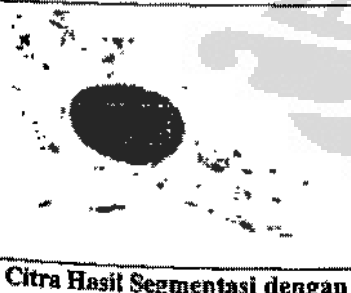

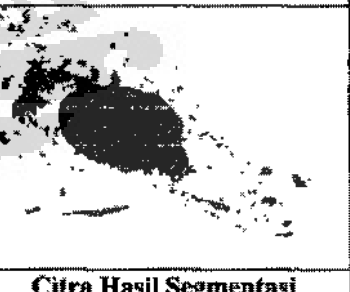
Tabel B.2 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Normal Intermediate*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+Morphology	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-3)










Tabel B.3 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Normal Columnar*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i>
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+Morphology</i>	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+MDC</i>	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology</i>
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+GA</i> (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+GA</i> (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding+GA</i> (Percobaan ke-3)





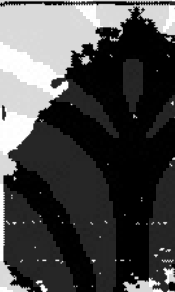

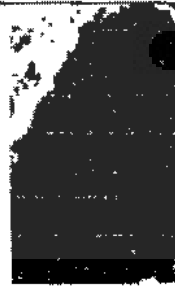


Tabel B.4 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Light Dysplasia*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i>
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> + <i>Morphology</i>	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> + <i>MDC</i>	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> + <i>MDC</i> + <i>Morphology</i>
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> +GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> +GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+ <i>Adaptive Multiple Thresholding</i> +GA (Percobaan ke-3)










Tabel B.5 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Moderate Dysplasia*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+Morphology	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-3)

Tabel B.6 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Severe Dysplasia*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+Morphology	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-3)

Tabel B.7 Contoh Hasil Segmentasi serta Perbaikan Mutu Kelas *Carcinoma in Situ*

		
Citra Acuan	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+Morphology	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+MDC+Morphology
		
Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-1)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-2)	Citra Hasil Segmentasi dengan Multifraktal+Adaptive Multiple Thresholding+GA (Percobaan ke-3)

Lampiran C

Identitas Citra untuk Data Latih pada Proses Klasifikasi

Pada tahapan klasifikasi, ciri yang digunakan adalah berdasarkan nilai keabuan (*graylevel*) dari citra yang telah disegmentasi menggunakan Multifraktal dengan *Adaptive Multiple Thresholding* dan telah diperbaiki dengan menggunakan *Minimum Distance Classifier* dan *Morphology*. Nilai keabuan yang digunakan adalah 1 untuk latar belakang, 0,5 untuk sitoplasma dan 0 untuk nukleus.

Data yang digunakan sebagai data latih ada tiga macam, yaitu data latih yang terdiri dari 35, 70 dan 210 citra, masing-masing kelas diwakilkan berturut-turut sebanyak 5, 10 dan 30 citra. Identitas citra yang digunakan sebagai data latih tersebut tertera pada Tabel C.1, C.2 dan C.3.

Tabel C.1 Identitas Citra untuk Data Latih pada Proses Klasifikasi Sebanyak 35 Data

Kelas	No.	ID Citra
<i>Normal Superficial</i>	1	157184999-157185032-001.BMP
	2	157223779-157224126-001.BMP
	3	209047342-209047400-001.BMP
	4	157222737-157222750-001.BMP
	5	157185133-157185143-001.BMP
<i>Normal Intermediate</i>	1	157183332-157183388-002.BMP
	2	157183332-157183388-001.BMP
	3	209566205-209566266-001.BMP
	4	209565698-209565729-001.BMP
	5	209522641-209522674-001.BMP
<i>Normal Columnar</i>	1	157185781-157185793-003.BMP
	2	157185433-157185479-002.BMP
	3	157185433-157185508-001.BMP
	4	157224172-157224207-001.BMP
	5	157185433-157185508-002.BMP

Tabel C.1 (lanjutan)

<i>Light Dysplasia</i>	1	148719372-148719378-001.BMP
	2	204871030-204871038-002.BMP
	3	153268807-153268826-001.BMP
	4	153314466-153314473-001.BMP
	5	148882535-148882616-001.BMP
<i>Moderate Dysplasia</i>	1	149101620-149101650-003.BMP
	2	149315960-149315967-001.BMP
	3	153276386-153276414-001.BMP
	4	149105131-149105205-002.BMP
	5	149056933-149056982-002.BMP
<i>Severe Dysplasia</i>	1	153827595-153827611-002.BMP
	2	149098972-149098988-002.BMP
	3	149101894-149101930-001.BMP
	4	149143295-149143307-001.BMP
	5	149056410-149056444-005.BMP
<i>Carcinoma in Situ</i>	1	149143370-149143388-001.BMP
	2	149148124-149148181-004.BMP
	3	149357956-149358043-001.BMP
	4	149315671-149315740-004.BMP
	5	153831027-153831045-002.BMP

Tabel C.2 Identitas Citra untuk Data Latih pada Proses Klasifikasi Sebanyak 70 Data

Kelas	No.	ID Citra
<i>Normal Superficial</i>	1	157184999-157185032-001.BMP
	2	157223779-157224126-001.BMP
	3	209047342-209047400-001.BMP
	4	157222737-157222750-001.BMP
	5	157185133-157185143-001.BMP
	6	157224412-157224429-001.BMP
	7	157222904-157223196-001.BMP
	8	157224352-157224395-001.BMP
	9	157184850-157184891-001.BMP
	10	209048086-209048137-001.BMP
<i>Normal Intermediate</i>	1	157222647-157222660-001.BMP
	2	157183332-157183388-002.BMP
	3	157183332-157183388-001.BMP

Tabel C.2 (lanjutan)

	4	209566205-209566266-001.BMP
	5	157184067-157184080-001.BMP
	6	209565698-209565729-001.BMP
	7	209522641-209522674-001.BMP
	8	157222534-157222579-001.BMP
	9	209522474-209522554-001.BMP
	10	157222534-157223349-001.BMP
<i>Normal Columnar</i>	1	157185781-157185793-003.BMP
	2	157185527-157185540-004.BMP
	3	157185433-157185479-002.BMP
	4	157185433-157185508-001.BMP
	5	157224172-157224207-001.BMP
	6	157185433-157185479-005.BMP
	7	157224172-157224207-002.BMP
	8	157185433-157185508-002.BMP
	9	153958547-153958572-003.BMP
	10	153958154-153958194-001.BMP
<i>Light Dysplasia</i>	1	148881870-148881960-002.BMP
	2	148719372-148719378-001.BMP
	3	149054277-149054304-002.BMP
	4	148883900-148883907-001.BMP
	5	204871030-204871038-002.BMP
	6	153268807-153268826-001.BMP
	7	153314466-153314473-001.BMP
	8	148882535-148882616-001.BMP
	9	148499815-148500094-001.BMP
	10	149061666-149061726-001.BMP
<i>Moderate Dysplasia</i>	1	149140536-149140551-001.BMP
	2	149101437-149101456-001.BMP
	3	149316754-149316779-001.BMP
	4	149101620-149101650-003.BMP
	5	149315960-149315967-001.BMP
	6	149014929-149014984-001.BMP
	7	153276386-153276414-001.BMP
	8	149105131-149105205-002.BMP
	9	149097324-149097352-001.BMP
	10	149316941-149316961-002.BMP
<i>Severe Dysplasia</i>	1	153915634-153915665-003.BMP

Tabel C.2 (lanjutan)

	2	149056933-149056982-002.BMP
	3	153827595-153827611-002.BMP
	4	149098972-149098988-002.BMP
	5	149100006-149100028-001.BMP
	6	149101894-149101930-001.BMP
	7	149143295-149143307-001.BMP
	8	149056410-149056444-005.BMP
	9	149186957-149186968-001.BMP
	10	149105131-149105155-002.BMP
<i>Carcinoma in Situ</i>	1	153826597-153826619-001.BMP
	2	149146635-149146651-001.BMP
	3	153916114-153916167-002.BMP
	4	149181904-149181951-001.BMP
	5	149143370-149143388-001.BMP
	6	149147848-149147864-002.BMP
	7	149148124-149148181-004.BMP
	8	149357956-149358043-001.BMP
	9	149315671-149315740-004.BMP
	10	153831027-153831045-002.BMP

Tabel C.3 Identitas Citra untuk Data Latih pada Proses Klasifikasi Sebanyak 210 Data

Kelas	No.	ID Citra
<i>Normal Superficial</i>	1	157181671-157181697-001.BMP
	2	209047881-209048017-001.BMP
	3	157185208-157185238-001.BMP
	4	157223735-157223766-001.BMP
	5	209047526-209047717-001.BMP
	6	157185613-157185627-001.BMP
	7	209047342-209047443-001.BMP
	8	209048086-209048278-001.BMP
	9	157224172-157224179-001.BMP
	10	157268342-157268401-001.BMP
	11	157181671-157181686-001.BMP
	12	157222737-157222750-002.BMP
	13	157224297-157224320-002.BMP
	14	209047526-209047798-001.BMP

Tabel C.3 (lanjutan)

	15	157224297-157224304-002.BMP
	16	157184999-157185032-001.BMP
	17	157223779-157224126-001.BMP
	18	209047342-209047400-001.BMP
	19	157222737-157222750-001.BMP
	20	157185133-157185143-001.BMP
	21	157224412-157224429-001.BMP
	22	157222904-157223196-001.BMP
	23	157224352-157224395-001.BMP
	24	157184850-157184891-001.BMP
	25	209048086-209048137-001.BMP
	26	157183722-157183783-002.BMP
	27	157183193-157183279-001.BMP
	28	157224297-157224304-001.BMP
	29	209307421-209307597-001.BMP
	30	158987493-158987499-001.BMP
<i>Normal Intermediate</i>	1	157223549-157223570-001.BMP
	2	157223321-157223328-001.BMP
	3	209047526-209047762-001.BMP
	4	157222534-157222561-001.BMP
	5	157185677-157185690-001.BMP
	6	209522800-209522835-001.BMP
	7	209047526-209047626-001.BMP
	8	157223321-157223341-001.BMP
	9	157223394-157223406-002.BMP
	10	209307421-209307561-001.BMP
	11	157268504-157268534-001.BMP
	12	157222801-157222811-002.BMP
	13	153956279-153956296-001.BMP
	14	157223394-157223406-001.BMP
	15	209048086-209048239-001.BMP
	16	209522316-209522391-001.BMP
	17	157223394-157223428-002.BMP
	18	157222801-157222811-001.BMP
	19	157183828-157183877-001.BMP
	20	157222647-157222660-001.BMP
	21	157183332-157183388-002.BMP
	22	157183332-157183388-001.BMP
	23	209566205-209566266-001.BMP

Tabel C.3 (lanjutan)

	24	157184067-157184080-001.BMP
	25	209565698-209565729-001.BMP
	26	209522641-209522674-001.BMP
	27	157222534-157222579-001.BMP
	28	209522474-209522554-001.BMP
	29	157222534-157223349-001.BMP
	30	157184013-157184039-001.BMP
<i>Normal Columnar</i>	1	158986766-158986776-002.BMP
	2	153958154-153958248-003.BMP
	3	157267059-157267072-001.BMP
	4	153956444-153956458-002.BMP
	5	157185433-157185479-001.BMP
	6	153956040-153956058-001.BMP
	7	158986766-158986776-001.BMP
	8	153958154-153958179-001.BMP
	9	157267059-157267072-004.BMP
	10	153958154-153958168-003.BMP
	11	157184850-157184920-002.BMP
	12	153958154-153958194-004.BMP
	13	157185527-157185540-003.BMP
	14	157185781-157185793-003.BMP
	15	157185527-157185540-004.BMP
	16	157185433-157185479-002.BMP
	17	157185433-157185508-001.BMP
	18	157224172-157224207-001.BMP
	19	157185433-157185479-005.BMP
	20	157224172-157224207-002.BMP
	21	157185433-157185508-002.BMP
	22	153958547-153958572-003.BMP
	23	153958154-153958194-001.BMP
	24	158986813-158986820-001.BMP
	25	153956040-153956072-004.BMP
	26	157184850-157184920-001.BMP
	27	157185433-157185479-007.BMP
	28	153956040-153956058-003.BMP
	29	158986920-158986928-001.BMP
	30	158986813-158986820-002.BMP
<i>Light Dysplasia</i>	1	148839765-148839773-001.BMP
	2	153701139-153701148-001.BMP

Tabel C.3 (lanjutan)

	3	148718455-148718461-001.BMP
	4	149053945-149053983-001.BMP
	5	149054526-149054563-001.BMP
	6	148499383-148499452-002.BMP
	7	148495553-148495585-001.BMP
	8	148881675-148881704-001.BMP
	9	149014929-149015022-001.BMP
	10	148499383-148499452-001.BMP
	11	149317002-149317018-001.BMP
	12	148495885-148495896-001.BMP
	13	149014929-149015022-002.BMP
	14	153700207-153700215-001.BMP
	15	149316852-149316872-001.BMP
	16	148719308-148719348-004.BMP
	17	148497551-148497625-001.BMP
	18	148719308-148719348-002.BMP
	19	149100006-149100018-001.BMP
	20	148881870-148881960-002.BMP
	21	148719372-148719378-001.BMP
	22	149054277-149054304-002.BMP
	23	148883900-148883907-001.BMP
	24	204871030-204871038-002.BMP
	25	153268807-153268826-001.BMP
	26	153314466-153314473-001.BMP
	27	148882535-148882616-001.BMP
	28	148499815-148500094-001.BMP
	29	149061666-149061726-001.BMP
	30	148497788-148497816-002.BMP
<i>Moderate Dysplasia</i>	1	149014929-149015008-003.BMP
	2	149358108-149358125-001.BMP
	3	149099680-149099714-001.BMP
	4	149105131-149105205-004.BMP
	5	149143434-149143442-001.BMP
	6	153829700-153829711-001.BMP
	7	148848523-148848559-004.BMP
	8	149190861-149190868-001.BMP
	9	149060626-149060638-001.BMP
	10	149097594-149097661-001.BMP
	11	149061666-149061683-003.BMP

Tabel C.3 (lanjutan)

	12	149060626-149060638-002.BMP
	13	149105289-149105300-001.BMP
	14	149014631-149014646-003.BMP
	15	149101620-149101664-001.BMP
	16	149316754-149316762-002.BMP
	17	149140536-149140551-001.BMP
	18	149101437-149101456-001.BMP
	19	149316754-149316779-001.BMP
	20	149101620-149101650-003.BMP
	21	149315960-149315967-001.BMP
	22	149014929-149014984-001.BMP
	23	153276386-153276414-001.BMP
	24	149105131-149105205-002.BMP
	25	149097324-149097352-001.BMP
	26	149316941-149316961-002.BMP
	27	149100064-149100072-001.BMP
	28	149053945-149053969-001.BMP
	29	149061666-149061699-001.BMP
	30	149014631-149014646-001.BMP
<i>Severe Dysplasia</i>	1	153915432-153915441-002.BMP
	2	153915432-153915472-001.BMP
	3	149101894-149101909-003.BMP
	4	153831352-153831372-003.BMP
	5	153831352-153831372-001.BMP
	6	153915634-153915665-001.BMP
	7	153916114-153916129-002.BMP
	8	153915634-153915665-007.BMP
	9	153915726-153915774-001.BMP
	10	149101894-149101909-001.BMP
	11	149056410-149056423-002.BMP
	12	149056321-149056343-001.BMP
	13	149317002-149317010-001.BMP
	14	149058170-149058202-002.BMP
	15	153826963-153826989-002.BMP
	16	153827595-153827604-001.BMP
	17	153915634-153915665-003.BMP
	18	149056933-149056982-002.BMP
	19	153827595-153827611-002.BMP
	20	149098972-149098988-002.BMP

Tabel C.3 (lanjutan)

	21	149100006-149100028-001.BMP
	22	149101894-149101930-001.BMP
	23	149143295-149143307-001.BMP
	24	149056410-149056444-005.BMP
	25	149186957-149186968-001.BMP
	26	149105131-149105155-002.BMP
	27	149181806-149181819-001.BMP
	28	153315615-153315629-001.BMP
	29	149056785-149056797-004.BMP
	30	149056785-149056813-002.BMP
<i>Carcinoma in Situ</i>	1	149314453-149314465-001.BMP
	2	149143370-149143378-002.BMP
	3	149314453-149314507-002.BMP
	4	149317114-149317152-001.BMP
	5	149182125-149182135-002.BMP
	6	149147848-149147864-001.BMP
	7	149182550-149182571-001.BMP
	8	149314453-149314507-001.BMP
	9	153827595-153827664-001.BMP
	10	149182125-149182135-001.BMP
	11	149181904-149182017-001.BMP
	12	153831027-153831045-003.BMP
	13	149316117-149316131-002.BMP
	14	149314453-149314507-004.BMP
	15	153831471-153831486-001.BMP
	16	149146635-149146651-002.BMP
	17	149181904-149181927-001.BMP
	18	149182550-149182571-003.BMP
	19	153827595-153827657-002.BMP
	20	153826597-153826619-001.BMP
	21	149146635-149146651-001.BMP
	22	153916114-153916167-002.BMP
	23	149181904-149181951-001.BMP
	24	149143370-149143388-001.BMP
	25	149147848-149147864-002.BMP
	26	149148124-149148181-004.BMP
	27	149357956-149358043-001.BMP
	28	149315671-149315740-004.BMP
	29	153831027-153831045-002.BMP
	30	149317114-149317152-004.BMP