

Deteksi Limfoblas pada Citra Sel Darah Menggunakan Fitur Geometri dan *Local Binary Pattern*

Annisaa Sri Indrawanti¹, Eka Prakarsa Mandyartha²

Abstract—Lymphoblasts are white blood cell types of lymphocytes, which can mark leukemia. To identify lymphoblasts, an analysis of white blood cells is required. In this study, a computer-based automated system was proposed using digital image processing techniques to detect lymphoblasts by analyzing microscopic images of blood cells. This proposed method segments the components of white blood cells, which are cytoplasm and nucleus, using a new approach based on adaptive local thresholding techniques. After each cell component was segmented, the geometry features and texture were extracted. The texture feature used a local binary pattern (LBP) descriptor from the nucleus. The set of features was used to train the support vector machine classification algorithm in detecting lymphoblasts. The proposed method is able to segment correctly 264 of 269 total white blood cells, with 98.14% accuracy, out of 35 acute lymphoblastic leukemia images taken with the same camera with the same lighting conditions. The use of geometry features with 16 dimensional feature vector and LBP features with 256 dimensional feature vector result in accuracy of lymphoblast identification of 88.79% and 89.72% respectively. Better performance is obtained by combining two features, the geometry and the LBP with 272 dimensional feature vector, with classification accuracy of 94.32%.

Intisari—Limfoblas merupakan sel darah putih jenis sel limfosit, yang dapat menandai leukemia. Untuk mengidentifikasi limfoblas diperlukan analisis sel darah putih. Pada makalah ini diusulkan sistem otomatis berbasis komputer menggunakan teknik pengolahan citra digital untuk mendeteksi limfoblas dengan menganalisis citra mikroskopis sel darah. Metode usulan ini menyegmentasi komponen sel darah putih, yaitu sitoplasma dan nukleus, menggunakan pendekatan baru berbasis teknik pengembangan lokal adaptif. Selanjutnya, tiap komponen sel tersegmenasi tersebut diekstrak fitur geometri dan teksturnya. Fitur tekstur menggunakan deskriptor *local binary pattern* (LBP) dari nukleus sel. Himpunan fitur tersebut digunakan untuk melatih algoritme klasifikasi *support vector machine* dalam mendeteksi limfoblas. Metode yang diusulkan mampu menyegmentasi 264 dari 269 total sel darah putih dengan benar, dengan akurasi 98,14%, dari 35 citra leukemia limfoblastik akut yang diambil dengan kamera yang sama dengan kondisi pencahayaan yang sama pula. Penggunaan fitur geometri sebanyak 16 dimensi vektor fitur menghasilkan akurasi identifikasi limfoblas sebesar 88,79%, sedangkan penggunaan fitur LBP sebanyak 256 dimensi vektor fitur menghasilkan akurasi identifikasi limfoblas sebesar 89,72%. Kinerja yang lebih baik diperoleh dengan penggabungan dua fitur, yaitu geometri

dan LBP sebanyak 272 dimensi vektor fitur, dengan akurasi 94,32%.

Kata Kunci— deteksi sel limfoblas, fitur geometri, fitur tekstur *local binary pattern*, pengolahan citra.

I. PENDAHULUAN

Sel limfoblas atau *leukemic cell* merupakan sel limfosit abnormal (sel darah putih jenis limfosit yang tidak sempurna dalam pembentukannya) pada darah perifer yang menjadi penyebab penyakit kanker leukemia limfoblastik akut pada manusia [1]. Keberadaan sel limfoblas dapat diketahui melalui pemeriksaan darah dari sampel darah perifer yang dilakukan oleh ahli hematologi. Pemeriksaan darah meliputi pemeriksaan darah lengkap (dengan sitometri arus) dan pemeriksaan visual menggunakan mikroskop [2], [3].

Pemeriksaan darah lengkap dilakukan dengan menghitung masing-masing jumlah lima jenis sel darah putih menggunakan instrumen penghitung sel darah putih otomatis. Instrumen penghitung sel darah putih otomatis menggunakan sitometri arus untuk mengukur kandungan sitokimia dan karakteristik fisik sel darah melalui detektor cahaya. Detektor cahaya menggunakan impedans listrik atau fluoresens untuk mengidentifikasi jenis sel darah putih. Namun, instrumen penghitung sel darah putih otomatis ini tidak dapat mendeteksi morfologi sel limfoblas (sel darah putih yang abnormal). Untuk mendeteksi morfologi sel limfoblas dilakukan pemeriksaan visual menggunakan mikroskop. Pemeriksaan visual menggunakan mikroskop tersebut bertujuan untuk mengidentifikasi limfoblas berdasarkan morfologinya dengan menganalisis sel darah putih. Saat ini, analisis morfologi sel darah putih dilakukan secara manual oleh hematolog sehingga memiliki beberapa kelemahan yaitu waktu analisis yang lama dan hasilnya bergantung pada keterampilan masing-masing hematolog [4]-[6].

Sistem otomatis berbasis komputer untuk mendeteksi sel limfoblas diusulkan dalam makalah ini dengan menerapkan analisis morfologi sel darah putih pada citra digital sel darah. Penerapan analisis morfologi sel darah putih pada citra digital sel darah hanya memerlukan citra sampel darah perifer; tidak bersifat subjektif; dan oleh karena itu memiliki akurasi yang standar, serta mengurangi waktu deteksi [5], [7].

Beberapa metode telah diusulkan untuk deteksi otomatis limfoblas atau sel leukemia. Deteksi sel leukemia dari citra mikroskopis darah menggunakan algoritme klasifikasi *support vector machine* (SVM) telah diusulkan [3]. Metode yang diusulkan mengisolasi *region* sel darah putih menggunakan algoritme *k-means clustering*. Selanjutnya fitur morfologi, warna, geometri, tekstur, dan statistik digunakan untuk mengklasifikasikan limfosit normal dan limfoblas menggunakan *k-Nearest Neighbor* (kNN) dan *Naïve Bayes*. Selain itu, juga dibahas mengenai segmentasi sel yang tumpang tindih (*overlapping cell*).

¹Dosen, Jurusan Teknik Informatika Institut Teknologi Adhi Tama Surabaya 60117 INDONESIA (telp:031-5997244,031-5945043;fax:031-5997244;e-mail:annisaaindrawanti@gmail.com)

²Dosen, Jurusan Teknik Informatika Universitas Pembangunan Nasional Veteran Jawa Timur 60117 INDONESIA (telp: 031-5939214; fax: 031-5939363; e-mail: ekaprakarsa@gmail.com)

Sebuah penelitian mengidentifikasi sel limfoblas pada citra mikroskopis leukemia limfoblastik akut [8]. Praproses citra diselesaikan dengan ekualisasi histogram dan *contrast stretching*. Untuk menyegmentasi sel darah putih, diaplikasikan *k-means clustering*. Fitur yang diekstrak meliputi fitur bentuk atau geometri (area, perimeter, *convex*, dan *solidity*) serta fitur statistik (*first* dan *second-order*) yang selanjutnya diklasifikasikan menggunakan SVM.

Sistem identifikasi otomatis limfoblas pada citra leukemia limfoblastik menggunakan fitur tekstur *gray-level co-occurrence matrices* (GLCM) yang telah dikembangkan [4], [9]. Untuk mengklasifikasikan sel limfoblas, digunakan algoritme klasifikasi yang disebut *multiple-classifier system* (MCS) yang diprediksi dengan mengombinasikan beragam algoritme klasifikasi yang telah ada [4]. Nukleus dan sitoplasma sel darah putih diekstrak menggunakan algoritme *clustering shadowed c-means* (SCM). Sementara itu, segmentasi *marker-based watershed* digunakan untuk memisahkan piksel sel darah putih dari objek sel lainnya, kemudian fitur GLCM-nya diklasifikasikan dengan *Random Forest* (RF) [9].

Segmentasi dan klasifikasi citra mikroskopis untuk diagnosis leukemia juga telah diusulkan [10]. Region sel darah putih disegmentasi dengan *k-means clustering* dan *fuzzy c-means*. Fitur tekstur diekstrak menggunakan filter Gabor. Selanjutnya, untuk deteksi limfoblas diaplikasikan algoritme klasifikasi SVM.

Sel darah putih normal dan sel darah putih abnormal (limfoblas) memiliki perbedaan dalam bentuk dan ukuran nukleus (inti sel) dan sitoplasma, serta pola kromatin pada nukleus. Limfosit memiliki bentuk nukleus lebih kecil dan reguler dan ukuran sitoplasma yang lebih luas dibandingkan dengan limfoblas. Secara visual, pola kromatin merupakan tekstur dari nukleus.

Dalam makalah ini, *descriptor* fitur geometri yang dihitung adalah luas, perimeter, keeksentrikan (*eccentricity*), *equivdiameter*, soliditas, *roundness*, dan *circularity* dari nukleus dan sitoplasma sel darah putih, serta rasio luas dan perimeter nukleus dengan sel, sedangkan *descriptor* fitur teksturnya menggunakan *Local Binary Pattern* (LBP) dari region nukleus. Nukleus dan sitoplasma diekstrak terlebih dahulu dari komponen darah lainnya menggunakan metode segmentasi berbasis *Gram-Schmidt orthogonalization* dan *thresholding* Otsu. Untuk mengklasifikasikan sel darah putih sebagai sel limfoblas atau sel normal digunakan *classifier Support Vector Machine* (SVM). SVM merupakan salah satu *classifier* tercepat, baik untuk pelatihan data maupun klasifikasi [11], memiliki kinerja yang baik dengan kompleksitas komputasi rendah [4], serta cocok untuk kasus klasifikasi biner [8].

II. DETEKSI SEL LIMFOBLAS

A. Gram-Schmidt Orthogonalization

Teori *Gram-Schmidt orthogonalization* dapat digunakan untuk segmentasi citra [5]. Gram-Schmidt merupakan metode pengortogonalan himpunan vektor pada ruang hasil kali dalam (*inner product*). Himpunan vektor ortogonal $S' = \{u_1, \dots,$

$u_n\}$ yang terbentuk dari *Gram-Schmidt orthogonalization* dari himpunan vektor $S = \{v_1, \dots, v_n\}$ memiliki subruang sama dengan S . Proyeksi Gram-Schmidt ditunjukkan oleh (1).

$$proj_u v = \frac{(u,v)}{(u,u)} u = (u,v) \frac{u}{(u,u)} \quad (1)$$

dengan (u,v) adalah hasil kali dalam dalam vektor u dan v . Vektor v ortogonal terhadap vektor u . Proses Gram-Schmidt didefinisikan oleh (2).

$$\begin{aligned} u_1 &= v_1, e = \frac{u_1}{\|u_1\|} \\ u_2 &= v_2 - proj_{u_1} v_2, e_2 = \frac{u_2}{\|u_2\|} \\ u_3 &= v_3 - proj_{u_1} v_3 - proj_{u_2} v_3, e_3 = \frac{u_3}{\|u_3\|} \\ &: \\ &: \\ u_k &= v_k - \sum_{j=1}^{k-1} proj_{u_j} v_k, e_k = \frac{u_k}{\|u_k\|}. \end{aligned} \quad (2)$$

Pada (2), vektor u_1, \dots, u_k merupakan vektor ortogonal, dan vektor e_1, \dots, e_k merupakan vektor ternormalisasi yang membentuk himpunan ortonormal. Berbasis metode tersebut, untuk himpunan vektor $S = \{v_1, \dots, v_n\}$, dapat dicari vektor yang memiliki ortogonalitas maksimum dengan vektor yang diinginkan, v_k , dan juga vektor yang memiliki ortogonalitas minimum dengan vektor lainnya pada ruang N -dimensi. Vektor w_k dapat dihitung menggunakan (3).

$$w_k = v_k - \sum_{j=1}^{k-1} proj_{v_j} v_k, k = 1, 2, 3. \quad (3)$$

Hasil perkalian dalam himpunan S dengan w_k ditunjukkan oleh (4) sebagai berikut.

$$\begin{cases} \langle v_j, w_k \rangle = 0 & j \in 1, \dots, n \text{ dan } j \neq k \\ \langle v_k, w_k \rangle = K & K \neq 0. \end{cases} \quad (4)$$

B. Thresholding Otsu

Metode *thresholding* Otsu bertujuan untuk menentukan nilai ambang tunggal yang digunakan untuk membagi piksel ke dalam dua kelas (*bilevel*). Pada makalah ini, metode *thresholding* Otsu dikembangkan untuk menghitung dua nilai ambang. Dua nilai ambang tersebut membagi region citra menjadi tiga kelas. Oleh karena itu, varian masing-masing kelasnya dihitung dengan (5).

$$\sigma^2 = \sum_{i=1}^3 \sigma_i = \sum_{i=1}^3 \omega_i (\mu_i - \mu_T)^2 \quad (5)$$

dengan σ^2 adalah varian antar kelas, ω_i dan μ_i menyatakan jumlah kumulatif probabilitas kemunculan *gray-level* dan rata-rata kumulatifnya untuk kelas ke- i , sedangkan μ_T merupakan penjumlahan hasil kali jumlah kumulatif probabilitas kemunculan *gray-level* dan rata-rata kumulatifnya dari tiap kelas. Nilai ω_i dan μ_i diperoleh menggunakan (6) dan (7).

$$\begin{aligned} \omega_1(th) &= \sum_{s=\min(H)}^{th_1} P(s), \omega_2(th) = \\ & \sum_{s=th_1+1}^{th_2} P(s), \omega_3(th) = \sum_{s=th_2+1}^{\max(H)} P(s) \end{aligned} \quad (6)$$

$$P(s) = \frac{h(s)}{N_p}, \sum_{i=1}^{N_p} P(s) = 1 \quad (7)$$

dengan $h(s)$ adalah jumlah piksel *gray-level* s pada histogram H , N_p adalah jumlah piksel sub-citra $F_i(x,y)$ dan $P(s)$ adalah probabilitas kemunculan *gray-level* pada histogram $h(s)$.

$$\mu_1 = \sum_{s=\min(H)}^{th_1} \frac{sP(s)}{\omega_1(th)}, \mu_2 = \sum_{s=th_1+1}^{th_2} \frac{sP(s)}{\omega_2(th)}, \mu_3 = \sum_{s=th_2+1}^{\max(H)} \frac{sP(s)}{\omega_3(th)} \quad (8)$$

Dan μ_T dihitung menggunakan (9).

$$\mu_T = \sum_{i=1}^3 \omega_i \mu_i \quad (9)$$

C. Support Vector Machine (SVM)

SVM adalah *classifier* yang memiliki kemampuan membedakan dua kelas. Algoritme SVM pertama-tama menggunakan fungsi pemetaan nonlinier untuk mengubah data masukan dari ruang observasi ke ruang fitur berdimensi lebih tinggi dan kemudian membuat *hyperplane margin* maksimum untuk memisahkan dua kelas yang diberikan. Fungsi pemetaan nonlinier mengubah permasalahan pemisahan nonlinier pada *plane* masukan menjadi permasalahan pemisahan linear dalam ruang fitur yang membuat klasifikasi menjadi lebih mudah dalam ruang fitur berdimensi tinggi.

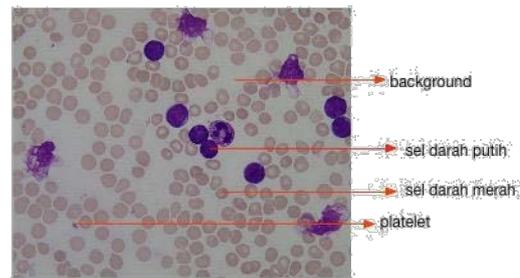
III. METODOLOGI

Pada penelitian deteksi sel limfoblas ini, data citra yang digunakan adalah data citra sel darah yang mengandung sel limfoblas dan sel normal. Dalam sebuah data citra sel darah terdiri atas objek (region) sel darah merah, sel darah putih, platelet, dan *background*, seperti yang ditunjukkan pada Gbr. 1 dan Gbr. 2. Tahapan deteksi sel limfoblas terdiri atas tiga bagian. Tahapan pertama yaitu ekstraksi nukleus dan sitoplasma dari komponen sel darah lainnya dengan menyegmentasi sel darah putih (nukleus dan sitoplasma) dari komponen darah lainnya (termasuk *background*). Segmentasi sel darah putih menggunakan *Gram-Schmidt orthogonalization* yang dilanjutkan dengan *multilevel thresholding* Otsu. Tahapan yang kedua adalah deteksi sel limfoblas menggunakan ekstraksi fitur geometri dan dilanjutkan dengan tahapan yang ketiga, yaitu ekstraksi fitur tekstur LBP dan mengklasifikasikan data citra sel darah yang terdeteksi sel limfoblas atau sel normal. Deteksi sel limfoblas secara keseluruhan ditunjukkan pada Gbr. 3.

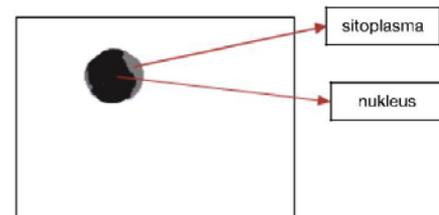
A. Segmentasi Sel Darah Putih

Segmentasi sel darah putih bertujuan untuk mengekstrak nukleus dan sitoplasma sel darah putih dari komponen darah lainnya (sel darah merah dan platelet), termasuk *background*-nya. Dalam makalah ini, digunakan metode segmentasi [5], yaitu pertama-tama dibuat citra prakiraan sel darah putih dengan mengalikan (perkalian dalam) citra masukan dan vektor bobot w yang diperoleh dari proses pengortogonalan vektor-vektor warna yang bersesuaian menggunakan metode Gram-Schmidt, kemudian dilakukan pemotongan citra menjadi subcitra-subcitra berdasarkan prakiraan lokasi sel

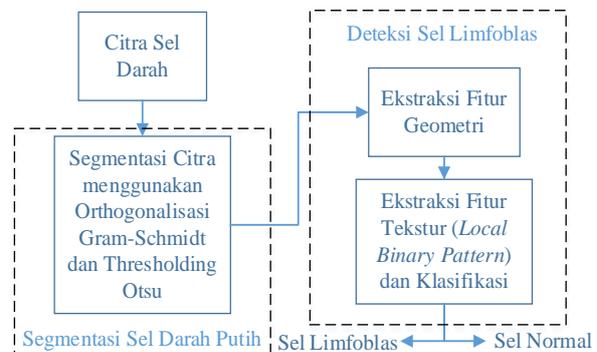
darah putih tersebut. Selanjutnya, *thresholding* Otsu diimplementasikan untuk tiap subcitra. Teknik segmentasi tersebut disebut dengan pengambangan lokal adaptif.



Gbr. 1 Citra sel darah.



Gbr. 2 Struktur sel darah putih.



Gbr. 3 Tahapan deteksi sel limfoblas secara keseluruhan.

B. Ekstraksi Fitur Geometri

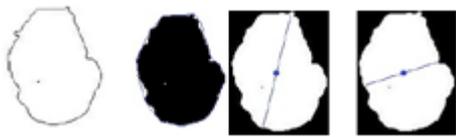
Sebanyak 16 fitur geometri diekstrak, yaitu rasio luas nukleus dengan sitoplasma, rasio perimeter nukleus dengan sel, luas nukleus dan sel, *equivdiameter* nukleus dan sitoplasma, *roundness* nukleus dan sitoplasma, soliditas nukleus dan sitoplasma, keeksentrikan nukleus dan sitoplasma, perimeter nukleus dan sitoplasma, serta *circularity* nukleus dan sitoplasma.

1) *Rasio luas*: Rasio ini adalah jumlah piksel citra biner antara nukleus (S_{nu}) dengan sel (S_{sel}), dihitung menggunakan (10).

$$NCR_{area} = \frac{S_{nu}}{S_{sel}} \quad (10)$$

2) *Equivdiameter*: Ini adalah diameter lingkaran pada region yang sama. *Equivdiameter* dihitung menggunakan (11).

$$Equivdiameter = \sqrt{\frac{4 \times \text{luas}}{\pi}} \quad (11)$$



Gbr. 4 Fitur geometri, (a) Perimeter, (b) *Convex area*, (c) Panjang mayor axis, (d) Panjang minor axis [12].

3) *Roundness*: *Roundness* adalah empat kali luas dibagi panjang mayor axis. Panjang mayor axis adalah panjang piksel mayor axis seperti yang ditunjukkan pada Gbr. 4(c). *Roundness* dihitung menggunakan (12).

$$Roundness = \frac{4 \times \text{luas}}{\pi \times \text{panjang_mayor_axis}^2} \quad (12)$$

4) *Soliditas*: *Soliditas* yaitu proporsi antara luas dengan *convex area* seperti yang ditunjukkan pada Gbr. 4(b), yang dihitung menggunakan (13).

$$Soliditas = \frac{\text{luas}}{\text{convex_area}} \quad (13)$$

5) *Keeksentrikan*: *Keeksentrikan* yaitu rasio antara panjang mayor axis (Gbr. 4(c)) dengan panjang minor axis (Gbr. 4(d)) inersia elips menggunakan momen biner. *Keeksentrikan* dihitung menggunakan (14).

$$Keeksentrikan = \sqrt{\frac{\text{panjang_mayor_axis}^2 - \text{panjang_minor_axis}^2}{\text{panjang_mayor_axis}}} \quad (14)$$

6) *Rasio Perimeter*: Rasio ini adalah rasio antara jumlah piksel *boundary* citra biner nukleus (P_{nu}) dengan sel (P_{sel}), yang dihitung menggunakan (15).

$$NCR_{\text{peri}} = \frac{P_{nu}}{P_{sel}} \quad (15)$$

7) *Circularity*: *Circularity* adalah perimeter pangkat dua dibagi dengan empat π luas seperti yang ditunjukkan pada (16).

$$Circularity = \frac{\text{perimeter}^2}{4 \times \pi \times \text{luas}} \quad (16)$$

C. Ekstraksi Fitur Tekstur (*Local Binary Patterns*)

Pada makalah ini, 256 dimensi fitur vektor LBP diimplementasikan sebagai fitur yang mendeskripsikan tekstur kromatin nukleus pada citra *grayscale*. Leukemia limfoblastik akut mengakibatkan perubahan mayor pada distribusi kromatin nukleus sel limfoblas [12]. LBP membagi citra ke dalam sel-sel baris dan kolom. Pada masing-masing sel, intensitas piksel tengah dibandingkan dengan intensitas piksel tetangganya dengan ketetanggaan 3x3. Kode biner kemudian diperoleh dengan membandingkan delapan piksel berketetanggaan dengan piksel pusat, menghasilkan pola biner (*binary pattern*). Misalkan, d adalah selisih antara piksel p dengan piksel pusat c . Bila nilai d lebih besar dari nol, maka nilai ambang biner piksel p adalah 1. Sebaliknya bila nilai d kurang dari nol, maka nilai ambang binernya adalah 0, yang disederhanakan dalam (17).

$$s = \begin{cases} 1, & \text{jika } d > 0 \\ 0, & \text{jika tidak} \end{cases} \quad (17)$$

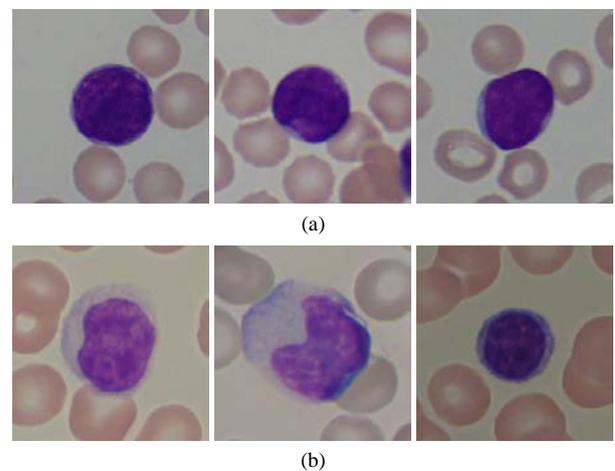
Label untuk piksel pusat (pola binernya) diperoleh dengan mengalikan tiap nilai ambang s dengan bobot piksel berketetanggaan dengan arah yang melingkar (berlawanan arah jarum jam), mulai piksel pojok kiri atas sebagai *least significant bit* (LSB). Pola biner dihitung untuk setiap piksel dalam citra. Histogram subcitra nukleus kemudian dibentuk berdasarkan nilai label tersebut. Ilustrasi penghitungan LBP ditunjukkan oleh Gbr. 5.

57	61	75
72	80	80
90	93	88

-23	-19	-5
-8	c	0
10	13	8

0	0	0
0	c	1
1	1	1

Gbr. 5 Contoh perhitungan LBP, (a) Sampel citra, piksel bertetanggaan 3x3, (b) Selisih dengan piksel pusat c , (c) Hasil ambang (pola biner dari piksel pusat c).



Gbr. 6 Sampel citra sel darah putih, (a) Sel limfoblas, (b) Sel normal.

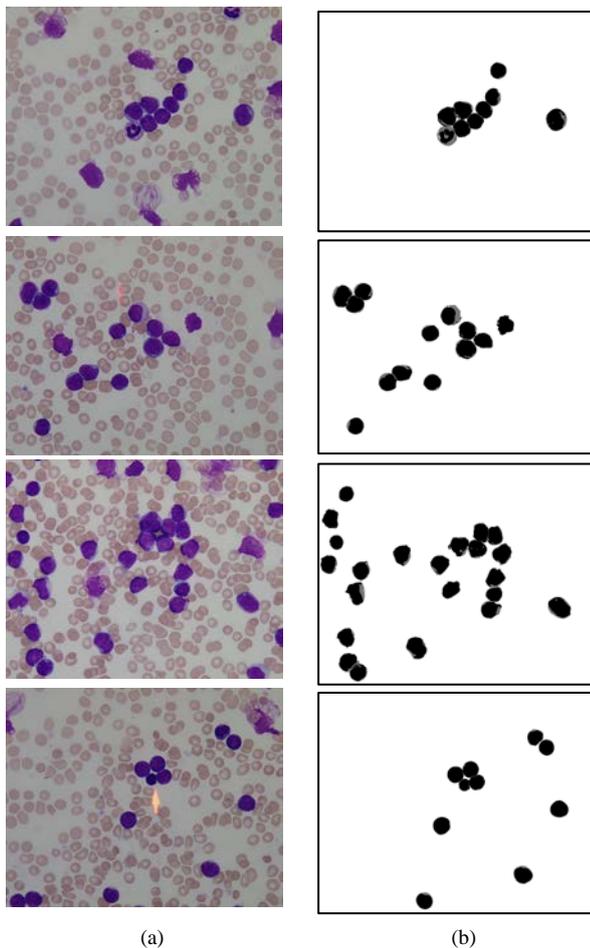
Berdasarkan Gbr. 5(c) diperoleh pola biner dari piksel pusat c adalah 01111000 dengan pola desimalnya $2^3+2^4+2^5+2^6 = 120$.

Selanjutnya histogram dihitung untuk tiap subcitra, yang menggambarkan distribusi pola biner piksel. Histogram menggunakan pola desimal dari pola biner piksel. LBP kemudian dapat digunakan sebagai vektor fitur. Variasi intensitas piksel nukleus sel limfoblas berbeda bila dibandingkan dengan sel normal.

D. Klasifikasi

Fitur geometri dan tekstur menggunakan LBP tersebut, kemudian digunakan sebagai masukan untuk algoritme *classifier*. Tujuan dari tahap klasifikasi ini yaitu membedakan data masukan *classifier* tersebut ke dalam dua kelas, yaitu sel limfoblas atau sel normal. Visualisasi sel limfoblas dengan sel normal ditunjukkan oleh Gbr. 6.

Oleh karena permasalahan klasifikasi pada tahap ini melibatkan dua kelas (klasifikasi biner), maka dalam hal ini algoritme SVM diaplikasikan sebagai *classifier*. Klasifikasi dilakukan dengan memisahkan permukaan dalam ruang data masukan menggunakan fungsi *kernel* linear.



Gbr. 7 Hasil segmentasi sel darah putih menggunakan metode usulan, (a) Citra masukan, (b) Citra sel darah putih yang tersegmentasi, sitoplasma ditandai warna abu-abu, sedangkan nukleus ditandai warna hitam.

IV. UJI COBA

A. Dataset Citra

Dataset citra mikroskopis darah tepi yang digunakan dalam makalah ini adalah basis data citra leukemia limfoblastik akut ALL-IDB1 [6]. ALL-IDB1 terdiri atas 108 citra berformat .jpg dengan kedalaman warna 24-bit. Dalam makalah ini untuk uji coba sistem digunakan 35 citra sel darah yang terdiri atas 269 sel darah putih dan diakuisisi menggunakan kamera Olympus C2500L dengan resolusi (1.712 x 1.368 piksel) dan kondisi pencahayaan yang sama.

B. Analisis Kinerja

Kinerja algoritme pengklasifikasi dievaluasi menggunakan metrik akurasi, sensitivitas, dan misklasifikasi. Akurasi merupakan kriteria yang menunjukkan kedekatan nilai keluaran algoritme *classifier* dengan nilai aktualnya dan didefinisikan sebagai berikut.

$$Akurasi = \frac{(TP+TN)}{(TP+TN+FP+FN)} \times 100\%. \quad (18)$$

Sensitivitas adalah probabilitas deteksi sel limfoblas secara benar dan didefinisikan sebagai (19).

TABEL I
FITUR GEOMETRI YANG DIEKSTRAK DARI NUKLEUS DAN SITOPLASMA PADA SEL LIMFOBLAS DAN SEL NORMAL

No. Fitur	Fitur	Sel Limfoblas $\mu \pm \sigma$	Sel Normal $\mu \pm \sigma$
1	Rasio luas nukleus dan sel	0,7081 ± 8,41e-2	0,6966 ± 1,95e-1
2	Rasio perimeter nukleus dan sel	1,2696 ± 2,6e-1	0,9468 ± 2,98e-1
3	Luas nukleus	7,5884e+3 ± 1,008e+3	7,3524e+3 ± 3,34e+3
4	Luas sitoplasma	3,3471e+3 ± 1,692e+3	3,9376e+3 ± 7,343e+2
5	Perimeter nukleus	5,0157e+2 ± 1,43e+2	3,6284e+2 ± 1,2962e+2
6	Perimeter sitoplasma	3,9231e+2 ± 6,388e+1	3,9728e+2 ± 9,807e+1
7	Keeksentrikan nukleus	0,5602 ± 0,16	0,5628 ± 0,158
8	Keeksentrikan sitoplasma	0,4036 ± 0,1275	0,4468 ± 0,1575
9	<i>Equivdiameter</i> nukleus	9,808e+1 ± 6,48	9,279e+1 ± 2,332e+1
10	<i>Equivdiameter</i> sitoplasma	1,1736e+2 ± 1,237e+1	1,1443e+2 ± 1,715e+1
11	Soliditas nukleus	0,9078 ± 6,14e-2	0,9291 ± 9,87e-2
12	Soliditas sitoplasma	0,9712 ± 1,48e-2	0,9655 ± 2,1e-2
13	<i>Roundness</i> nukleus	0,4494 ± 1,95e-1	0,9164 ± 1,003
14	<i>Roundness</i> sitoplasma	0,8999 ± 9,31e-2	0,8567 ± 1,36e-1
15	<i>Circularity</i> nukleus	0,355 ± 6,05e-1	0,5142 ± 4,56e-1
16	<i>Circularity</i> sitoplasma	0,886 ± 5,5	0,8273 ± 4,39e-1

$$Sensitivitas = \frac{(TP)}{(TP+FN)} \times 100\% \quad (19)$$

Misklasifikasi menentukan jumlah sel yang diklasifikasikan secara tidak benar atau salah, didefinisikan sebagai (20).

$$Misklasifikasi = \frac{(FP+FN)}{(TP+FP+FN+TN)} \times 100\%. \quad (20)$$

V. HASIL DAN PEMBAHASAN

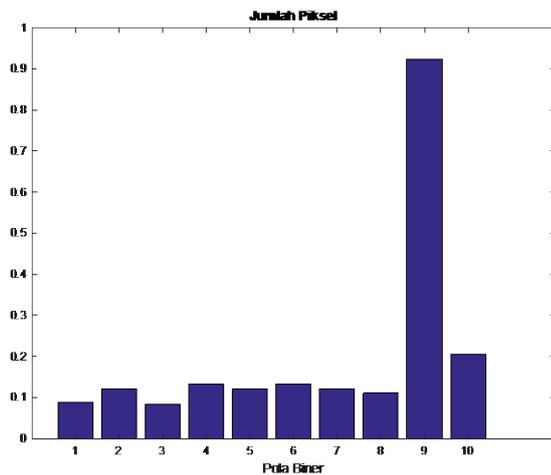
Jumlah sel darah putih yang berhasil disegmentasi sebanyak 264 dari 269 total sel darah putih, sehingga akurasinya sebesar 98,14%. Hasil segmentasi sel darah putih menggunakan metode usulan ditunjukkan oleh Gbr. 7.

Selanjutnya, masing-masing sel darah putih yang tersegmentasi dihitung 16 fitur geometri beserta fitur tekstur LBP-nya dan ditabulasikan pada Tabel I. Tabel I menunjukkan rata-rata beserta standar deviasi fitur geometri yang diekstrak dari nukleus dan sitoplasma pada sel limfoblas dan sel normal.

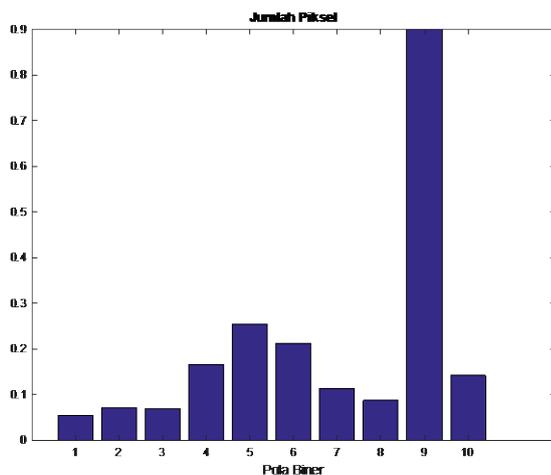
Lebih lanjut, dapat diamati dari Tabel I bahwa sebagian besar nilai fitur geometri sel limfoblas meningkat dibandingkan sel normal. Rasio luas nukleus dan sel (NCR_{area}) dari limfoblas nilainya lebih besar dari sel normal. Kenaikan rasio ini disebabkan oleh peningkatan luas nukleus sedemikian rupa, sehingga terjadi pula penurunan luas

sitoplasma. Hal ini merupakan karakteristik khas sel-sel limfoblas yang disebabkan oleh peningkatan laju metabolisme. Bentuk nukleus yang abnormal pada limfoblas mungkin disebabkan oleh ketidakstabilan genetik yang dapat disimpulkan dari perbedaan dalam faktor bentuk (keeksentrisan, soliditas, *equivdiameter*) dan ukuran kebulatan sel (*roundness* dan *circularity*).

Perbedaan dalam distribusi kromatin nukleus sel memberikan informasi diagnostik yang penting dan dapat diamati dari pengukuran tekstur LBP. Sampel hasil ekstraksi LBP yang telah dinormalisasi ditunjukkan pada Gbr. 8 untuk kromatin nukleus sel limfoblas, sedangkan Gbr. 9 untuk kromatin nukleus sel normal.



Gbr. 8 Histogram LBP dari kromatin nukleus limfoblas.



Gbr. 9 Histogram LBP dari kromatin nukleus sel normal.

Pada Gbr. 8 dan Gbr 9, sumbu x merepresentasikan pola desimal dari pola biner piksel-piksel citra, sedangkan sumbu y merupakan distribusi piksel yang memiliki pola biner tertentu. Dari Gbr. 8 dan Gbr. 9 dapat diamati bahwa terdapat perbedaan distribusi kromatin antara nukleus limfoblas dengan sel normal yang ditunjukkan oleh meratanya distribusi histogram pada nukleus limfoblas. Hal ini menunjukkan bahwa nukleus limfoblas cenderung memiliki intensitas kromatin yang divergen, kontras dengan kromatin nukleus sel normal yang cenderung konvergen.

Untuk menganalisis kinerja hasil klasifikasi SVM, dapat dilakukan dengan menghitung *confusion matrix*, yang dihitung masing-masing untuk sel limfoblas dan sel normal. Tabel II menunjukkan *confusion matrix* tersebut.

TABEL II
JUMLAH SEL LIMFOBLAS DAN SEL NORMAL HASIL KLASIFIKASI SVM

Kelas Prediksi	Kelas Aktual	
	Sel Limfoblas	Sel Normal
Sel Limfoblas	239 (TP)	2 (FP)
Sel Normal	13 (FN)	10 (TN)

Hasil penghitungan metrik evaluasi menunjukkan akurasi, sensitivitas, dan misklasifikasi masing-masing sebesar 94,32%, 94,84%, dan 5,68%, yang ditunjukkan pada Tabel III.

TABEL III
EVALUASI METODE USULAN

Parameter Statistik	Nilai (%)
Akurasi	94,32
Sensitivitas	94,84
Misklasifikasi	5,68

Selanjutnya akurasi hasil klasifikasi (deteksi sel limfoblas) metode usulan yang menggunakan fitur geometri dan tekstur dibandingkan dengan hasil klasifikasi yang hanya menggunakan fitur geometri saja dan fitur tekstur saja [12], yang ditunjukkan pada Tabel IV.

TABEL IV
PERBANDINGAN HASIL DETEKSI SEL LIMFOBLAS MENGGUNAKAN SVM

Fitur	Akurasi (%)
Geometri [12]	88,79
Tekstur (LBP) [12]	89,72
Geometri dan tekstur (LBP)	94,32

Tabel IV menunjukkan bahwa penggunaan fitur geometri dan tekstur memberikan akurasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan penggunaan hanya fitur geometri atau hanya fitur tekstur. Karakteristik sel limfoblas secara morfologi ditandai oleh besarnya ukuran nukleus, dengan ukuran dan bentuk yang tidak teratur, luas nukleus yang lebih mendominasi dibanding dengan sitoplasmanya, serta nukleusnya memiliki tekstur kromatin yang berbeda dengan sel normal. Oleh karena itu, fitur geometri dan tekstur merupakan diskriminan yang tepat untuk membedakan sel normal dengan sel limfoblas.

VI. KESIMPULAN DAN SARAN

Sistem otomatis berbasis komputer untuk deteksi limfoblas diusulkan dengan mengolah dan menganalisis citra mikroskopis darah. *Classifier* SVM digunakan untuk akurasi deteksi yang lebih baik. Akurasi dari metode usulan adalah 88,79% untuk fitur geometri, 89,72% untuk fitur tekstur, dan 94,32% untuk kombinasi keduanya. Akurasi yang tinggi dari kombinasi kedua fitur disebabkan karena karakteristik khas sel limfoblas tidak hanya terobservasi dari peningkatan luas nukleus, penurunan luas sitoplasma, perbedaan faktor bentuk, dan ukuran kebulatan sel saja, tetapi juga adanya perbedaan tekstur kromatin pada nukleus sel, yaitu sel limfoblas cenderung memiliki intensitas kromatin yang divergen.

Fokus pengembangan sistem deteksi otomatis ini lebih lanjut yaitu terletak pada tahap pemisahan sel darah putih bertumpuk (*overlapping cells*) yang sangat penting untuk memperhitungkan semua sel darah putih individual pada citra mikroskopis darah tepi. Selain itu, diperlukan algoritme pengklasifikasi multikelas untuk menganalisis karakteristik limfoblas lebih khusus yang mencirikan tipe-tipe leukemia limfoblastik akut.

REFERENSI

- [1] N. Isnani, D.A. Perwitasari, R. Andalusia, dan H.I. Mahdi, "Evaluasi Toksisitas Hematologi Akibat Penggunaan 6-Merkaptopurin dalam Fase Pemeliharaan pada Pasien Pediatri Kanker Leukimia Limfoblastik Akut di RS Kanker Dharmas Jakarta," *Media Farmasi*, Vol.11, No.1, hal. 90-97, 2014.
- [2] V.N. Tran, W. Ismail, R. Hassan, dan A. Yoshitaka, "An Automated Method for the Nuclei and Cytoplasm of Acute Myeloid Leukemia Detection in Blood Smear Images," *World Automation Congress (WAC) IEEE*, 2016, hal. 1-6.
- [3] L. Faivdullah, F. Azahar, Z.Z. Htike, dan W.N. Naing, "Leukemia Detection from Blood Smears," *Journal of Medical and Bioengineering*, Vol. 4, No. 6, hal. 488-491, 2015.
- [4] S. Mohapatra, D. Patra, dan S. Satpathy, "Automated Morphometric Classification of Acute Lymphoblastic Leukaemia in Blood Microscopic Images Using an Ensemble of Classifiers," *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering: Imaging & Visualization*, Vol. 4, No. 1, hal. 3-16, 2016.
- [5] E.P. Mandyartha dan C. Fatichah, "Three-level Local Thresholding Berbasis Metode Otsu untuk Segmentasi Leukosit pada Citra Leukemia Limfoblastik Akut," *Jurnal Buana Informatika*, Vol. 7, No. 1, hal. 43-54, 2016.
- [6] R.D. Labati, V. Piuri, dan F. Scotti, "All-IDB: The Acute Lymphoblastic Leukemia Image Database for Image Processing," *Proc. of the 18th IEEE ICIP International Conference on Image Processing*, 2011, hal. 2045-2048.
- [7] V. Singhal dan P. Singh, "Texture Features for the Detection of Acute Lymphoblastic Leukemia," *Proc. of International Conference on ICT for Sustainable Development*, 2016, hal. 535-543.
- [8] M.M. Amin, S. Kermani, A. Talebi, dan M.G. Oghli, "Recognition of Acute Lymphoblastic Leukemia Cells in Microscopic Image Using K-Means Clustering and Support Vector Machine Classifier," *Journal of Medical Signals and Sensors*, Vol. 5, No.1, hal. 49-50, 2015.
- [9] S. Mishra, B. Majhi, P.K. Sa, dan L. Sharma, "Gray Level Co-Occurrence Matrix and Random Forest Based Acute Lymphoblastic Leukemia Detection," *Biomedical Signal Processing and Control*, Vol. 33, hal. 272-280, 2017.
- [10] D.R. Karthikeyan dan N. Poornima, "Microscopic Image Segmentation Using Fuzzy C Means for Leukemia Diagnosis," *International Journal of Advanced Research in Science, Engineering and Technology*, Vol. 4, No. 1, hal. 3136-3142, 2017.
- [11] T. Nguyen and S. Nahavandi, "Modified AHP for Gene Selection and Cancer Classification Using Type-2 Fuzzy Logic," *IEEE Transactions on Fuzzy Systems*, Vol. 24, No. 2, hal. 273-287, 2016.
- [12] V. Singhal dan P. Singh, "Local Binary Pattern for Automatic Detection of Acute Lymphoblastic Leukemia," *Proc. of 2014 Twentieth National Conference on Communications (NCC)*, 2014, hal. 1-5.