

TESIS

**IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH
MENGUNAKAN CNN**



Disusun oleh:

Nama : Rizki Firdaus Mulya
NIM : 21.51.2111
Konsentrasi : Digital Transformation Intelligence

PROGRAM STUDI S2 TEKNIK INFORMATIKA
PROGRAM PASCASARJANA UNIVERSITAS AMIKOM YOGYAKARTA
YOGYAKARTA
2023

TESIS

**IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH
MENGUNAKAN CNN**

**LEUKEMIA IDENTIFICATION ON WHITE BLOOD CELL IMAGE
USING CNN**

Diajukan untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh derajat Magister



Disusun oleh:

Nama : Rizki Firdaus Mulya
NIM : 21.51.2111
Konsentrasi : Digital Transformation Intelligence

**PROGRAM STUDI S2 TEKNIK INFORMATIKA
PROGRAM PASCASARJANA UNIVERSITAS AMIKOM YOGYAKARTA
YOGYAKARTA**

2023

HALAMAN PENGESAHAN

IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH
MENGUNAKAN CNN

LEUKEMIA IDENTIFICATION ON WHITE BLOOD CELL IMAGE
USING CNN

Dipersiapkan dan Disusun oleh

Rizki Firdaus Mulya

21.51.2111

Telah Diujikan dan Dipertahankan dalam Sidang Ujian Tesis
Program Studi S2 Teknik Informatika
Program Pascasarjana Universitas AMIKOM Yogyakarta
pada hari Rabu, 1 November 2023

Tesis ini telah diterima sebagai salah satu persyaratan
untuk memperoleh gelar Magister Komputer

Yogyakarta, 1 November 2023

Rektor

Prof. Dr. M. Suvanto, M.M.
NIK. 190302001

HALAMAN PERSETUJUAN

IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH MENGUNAKAN CNN

LEUKEMIA IDENTIFICATION ON WHITE BLOOD CELL IMAGE USING CNN

Dipersiapkan dan Disusun oleh

Rizki Firdaus Mulya

21.51.2111

Telah Diujikan dan Dipertahankan dalam Sidang Ujian Tesis
Program Studi S2 Teknik Informatika
Program Pascasarjana Universitas AMIKOM Yogyakarta
pada hari Rabu, 1 November 2023

Pembimbing Utama


Prof. Dr. Ema Utami, S.Si., M.Kom.
NIK. 190302037

Anggota Tim Penguji


Alva Hendi M., S.T., M.Eng., Ph.D
NIK. 190302106

Pembimbing Pendamping


Dhani Ariatmanto, M.Kom., Ph.D.
NIK. 190302197


M. Hanafi, S.Kom., M.Eng., Ph.D
NIK. 190302024


Prof. Dr. Ema Utami, S.Si., M.Kom.
NIK. 190302037

Tesis ini telah diterima sebagai salah satu persyaratan
untuk memperoleh gelar Magister Komputer



Prof. Dr. Kusriani, M.Kom.
NIK. 190302106

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN TESIS

Yang bertandatangan di bawah ini,

Nama mahasiswa : Rizki Firdaus Mulya
NIM : 21.51.2111
Konsentrasi : Digital Transformation Intelligence

Menyatakan bahwa Tesis dengan judul berikut:
**IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH
MENGUNAKAN CNN**

Dosen Pembimbing Utama : Prof. Dr. Ema Utami, S.Si., M.Kom.
Dosen Pembimbing Pendamping : Dhani Ariatmanto, M.Kom., Ph.D.

1. Karya tulis ini adalah benar-benar ASLI dan BELUM PERNAH diajukan untuk mendapatkan gelar akademik, baik di Universitas AMIKOM Yogyakarta maupun di Perguruan Tinggi lainnya
2. Karya tulis ini merupakan gagasan, rumusan dan penelitian SAYA sendiri, tanpa bantuan pihak lain kecuali arahan dari Tim Dosen Pembimbing
3. Dalam karya tulis ini tidak terdapat karya atau pendapat orang lain, kecuali secara tertulis dengan jelas dicantumkan sebagai acuan dalam naskah dengan disebutkan nama pengarang dan disebutkan dalam Daftar Pustaka pada karya tulis ini
4. Perangkat lunak yang digunakan dalam penelitian ini sepenuhnya menjadi tanggung jawab SAYA, bukan tanggung jawab Universitas AMIKOM Yogyakarta
5. Pernyataan ini SAYA buat dengan sesungguhnya, apabila di kemudian hari terdapat penyimpangan dan ketidakbenaran dalam pernyataan ini, maka SAYA bersedia menerima SANKSI AKADEMIK dengan pencabutan gelar yang sudah diperoleh, serta sanksi lainnya sesuai dengan norma yang berlaku di Perguruan Tinggi

Yogyakarta, 1 November 2023
Yang Menyatakan,



UNIVERSITAS AMIKOM
YOGYAKARTA
NIM 21.51.2111

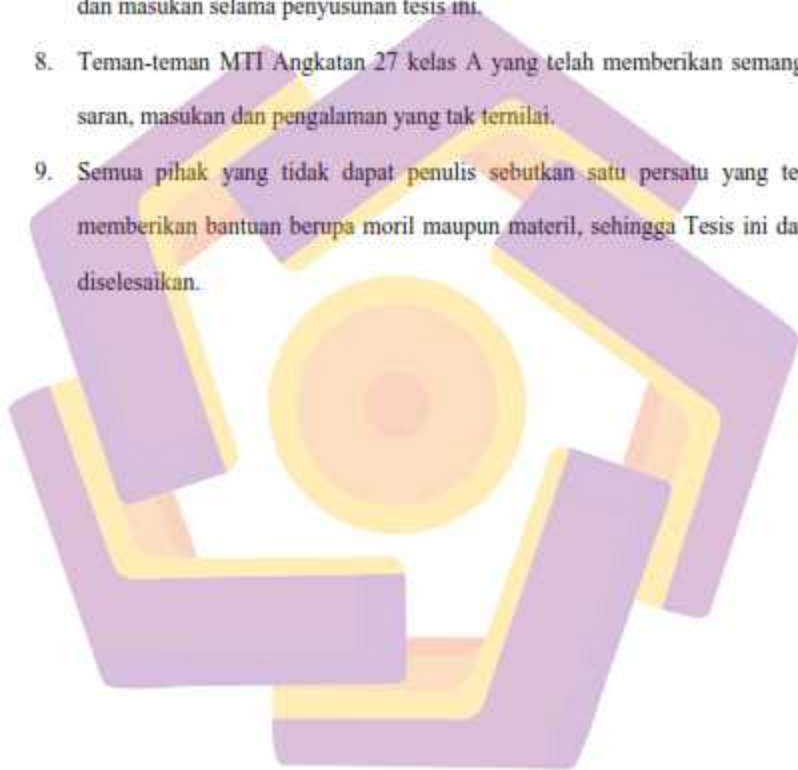
Rizki Firdaus Mulya

HALAMAN PERSEMBAHAN

Puji Syukur penulis panjatkan Kepada Tuhan YME atas segala berkat, rahmat, hidayah dan karunia-Nya, penulis dapat menyelesaikan penulisan Tesis yang berjudul "Identifikasi Leukimia pada Citra Sel Darah Putih Menggunakan CNN" dengan penuh perjuangan dan pengorbanan. Tesis ini dapat diselesaikan atas doa, dukungan, bantuan serta bimbingan dari berbagai pihak. Dalam kesempatan ini dengan segala kerendahan hati, penulis ingin menyampaikan ucapan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Allah SWT. Yang telah melimpahkan rahmat dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini tepat waktu dan dengan baik.
2. Kedua orang tua saya Bapak Mulya dan Ibu Tuti Tadjuddin, serta seluruh keluarga yang tidak pernah berhenti mendoakan dan memberikan dukungannya selama ini.
3. Apresiasi sebesar-besarnya kepada diri saya sendiri karena mampu melewati salah ujian kehidupan yang akan mengantarkan ke masa depan yang lebih baik.
4. Ibu Prof. Dr. Ema Utami, S.Si., M.Kom., selaku Dosen Pembimbing 1 yang telah memberikan bimbingan, saran, kritik, dan motivasi kepada penulis sehingga tesis ini dapat selesai.
5. Bapak Dhani Ariatmanto, M.Kom., Ph.D., selaku Dosen Pembimbing 2 yang telah memberikan arahan dan masukan selama penulisan tesis ini.

6. Kakak saya Kartika Sari, S.Kom., M.Cs. beserta suami Hirzen Hasfani, S.Kom., M.Cs. yang telah memberikan dukungan serta motivasi selama penyusunan tesis ini.
7. Abang saya Ridhwan Darmawan Mulya, S.Kom. telah memberikan dukungan dan masukan selama penyusunan tesis ini.
8. Teman-teman MTI Angkatan 27 kelas A yang telah memberikan semangat, saran, masukan dan pengalaman yang tak ternilai.
9. Semua pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu yang telah memberikan bantuan berupa moril maupun materil, sehingga Tesis ini dapat diselesaikan.

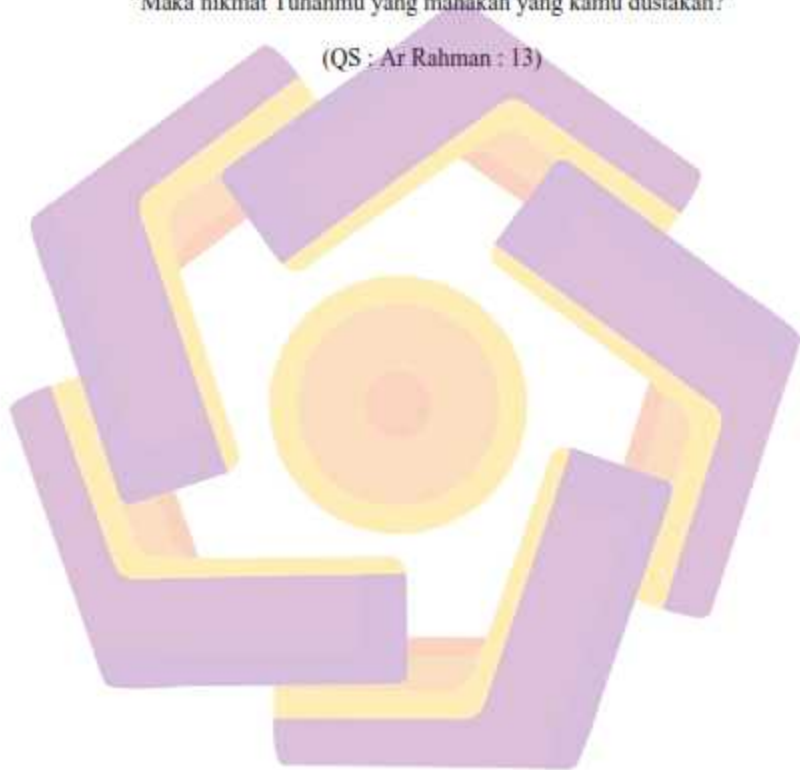


HALAMAN MOTTO

فَبَايَ الْآءِ رَبِّكُمَا تُكَذِّبَنِ

“Maka nikmat Tuhanmu yang manakah yang kamu dustakan?”

(QS : Ar Rahman : 13)



KATA PENGANTAR

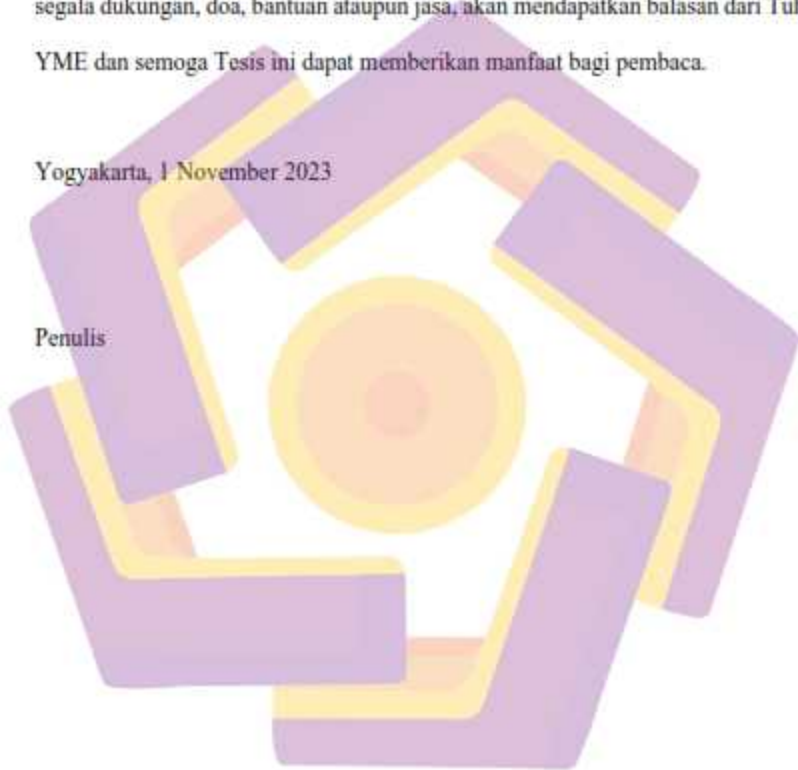
Puji Syukur penulis panjatkan Kepada Allah SWT atas segala berkat, rahmat, hidayah dan karunia-Nya, penulis dapat menyelesaikan penulisan tesis ini yang berjudul "Identifikasi Leukimia pada Citra Sel Darah Putih Menggunakan CNN" tepat pada waktunya. Penulis menyadari masih terdapat banyak kekurangan selama penyusunan tesis ini dan tesis ini dapat diselesaikan atas doa, dukungan, bantuan serta bimbingan dari berbagai pihak. Dalam kesempatan ini dengan segala kerendahan hati, penulis ingin menyampaikan ucapan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Bapak Prof. Dr. M. Suyanto, MM., selaku Rektor Universitas AMIKOM Yogyakarta.
2. Ibu Prof. Dr. Kusriani, M.Kom., selaku Direktur Program Pasca Sarjana Universitas AMIKOM Yogyakarta.
3. Ibu Prof. Dr. Ema Utami, S.Si., M.Kom., dan bapak Dhani Ariatmanto, M.Kom., Ph.D., selaku dosen pembimbing yang dengan sabar dalam memberikan bimbingan, arahan dan masukan selama proses penulisan naskah tesis ini.
4. Kedua Orang Tua yang tak pernah Lelah dalam memberikan dukungan dan doa selama ini.
5. Dosen AMIKOM Yogyakarta yang telah memberikan banyak ilmu dan pengalaman.

Penulis menyadari bahwa keterbatasan pengetahuan dan pengalaman yang masih jauh dari harapan dan kesempurnaan, untuk itu penulis sangat mengharapkan kritik, saran dan masukan yang bersifat membangun untuk memperbaiki penulisan Tesis ini. Akhir kata, semoga apa yang telah diberikan kepada penulis baik itu segala dukungan, doa, bantuan ataupun jasa, akan mendapatkan balasan dari Tuhan YME dan semoga Tesis ini dapat memberikan manfaat bagi pembaca.

Yogyakarta, 1 November 2023

Penulis



DAFTAR ISI

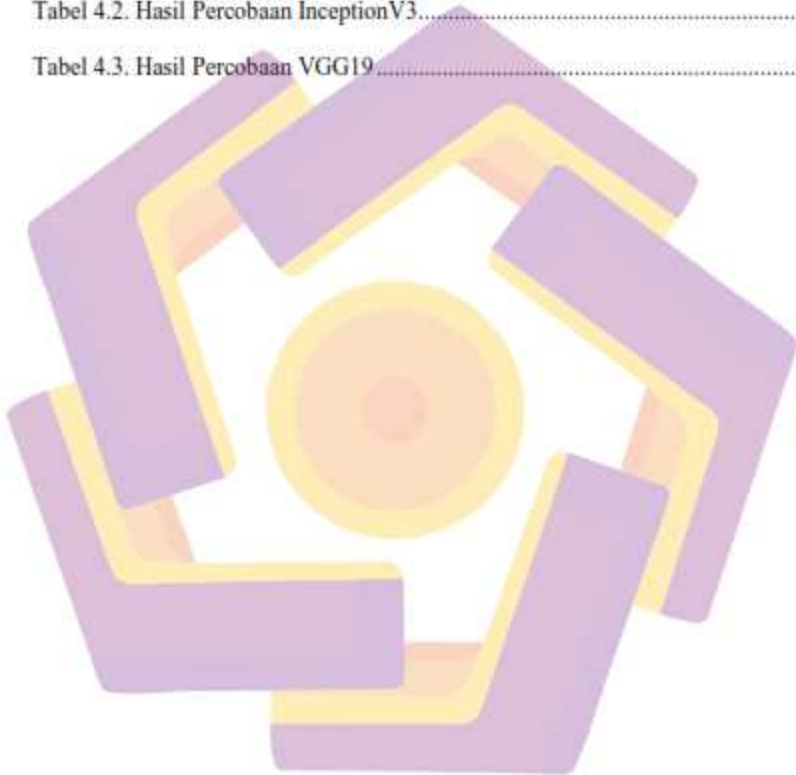
HALAMAN JUDUL.....	ii
HALAMAN PENGESAHAN.....	iii
HALAMAN PERSETUJUAN.....	iv
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN TESIS.....	v
HALAMAN PERSEMBAHAN.....	vi
HALAMAN MOTTO.....	viii
KATA PENGANTAR.....	ix
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR TABEL.....	xiv
DAFTAR GAMBAR.....	xv
DAFTAR ISTILAH.....	xvii
INTISARI.....	xviii
<i>ABSTRACT</i>	xix
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1. Latar Belakang Masalah.....	1
1.2. Rumusan Masalah.....	4
1.3. Batasan Masalah.....	4
1.4. Tujuan Penelitian.....	4
1.5. Manfaat Penelitian.....	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
2.1. Tinjauan Pustaka.....	6

2.2. Keaslian Penelitian.....	8
2.3. Landasan Teori.....	13
2.3.1. Leukosit.....	13
2.3.2. Leukemia.....	15
2.3.3. Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL).....	16
2.3.4. Machine Learning.....	18
2.3.5. Deep Learning.....	20
2.3.6. Convolutional Neural Network.....	21
2.3.7. InceptionV3.....	27
2.3.8. VGG19.....	29
2.3.9. K-Fold Cross Validation.....	30
BAB III METODE PENELITIAN.....	32
3.1. Jenis, Sifat, dan Pendekatan Penelitian.....	32
3.2. Metode Pengumpulan Data.....	32
3.3. Metode Analisis Data.....	33
3.4. Alur Penelitian.....	33
BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN.....	37
4.1. Pengumpulan Data.....	37
4.2. Preprocessing Data.....	40
4.2.1. Merging data.....	40
4.2.2. Labelling data.....	41

4.2.3. Augmentation data.....	43
4.3. Skenario Pengujian	44
4.4. Pembahasan Hasil Penelitian	46
4.4.1. Hasil Pengujian Pada Model InceptionV3	46
4.4.2. Hasil Pengujian Pada Model VGG19.....	52
4.4.3. Perbandingan Model InceptionV3 dan VGG19	57
4.5. Perbandingan dengan Penelitian Terdahulu.....	60
BAB V PENUTUP.....	65
5.1. Kesimpulan	65
5.2. Saran	66
DAFTAR PUSTAKA	67

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1. Matriks literatur review dan posisi penelitian.....	8
Tabel 4.1. Tampilan <i>Training Dataset</i>	39
Tabel 4.2. Hasil Percobaan InceptionV3.....	51
Tabel 4.3. Hasil Percobaan VGG19.....	56



DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1. Perbedaan Sel Leukosit	14
Gambar 2.2. Sampel Gambar dari Empat Jenis Leukemia dan Sehat.....	16
Gambar 2.3. Pembagian ALL menurut FAB a) L1, b) L2, c) L3	17
Gambar 2.4. Model <i>Machine Learning</i>	19
Gambar 2.5. Model <i>Deep Learning</i>	21
Gambar 2.6. Model arsitektur CNN.....	22
Gambar 2.7. <i>Convolutional Layer</i>	23
Gambar 2.8. <i>Pooling Layer</i>	24
Gambar 2.9. <i>Fully Connected Layer</i>	26
Gambar 2.10. Model Arsitektur InceptionV3	28
Gambar 2.11. Model Arsitektur VGG19	29
Gambar 2.12. Model <i>K-Fold Cross Validation</i>	31
Gambar 3.2. Alur Penelitian.....	34
Gambar 4.1. Persebaran Dataset	38
Gambar 4.2. Pembagian <i>Training Dataset</i>	38
Gambar 4.3. Sintaks <i>Merging Data</i>	41
Gambar 4.4. Sintaks <i>Labelling</i>	42
Gambar 4.5. Hasil Dataset <i>Merging</i> dan <i>Labelling</i>	42
Gambar 4.6. Sintaks <i>Augmentation</i>	43
Gambar 4.7. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 1 InceptionV3.....	46
Gambar 4.8. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 2 InceptionV3.....	46

Gambar 4.9. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 3 InceptionV3.....	47
Gambar 4.10. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 1 InceptionV3	47
Gambar 4.11. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 2 InceptionV3	48
Gambar 4.12. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 3 InceptionV3	48
Gambar 4.13. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 1 InceptionV3	49
Gambar 4.14. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 2 InceptionV3	49
Gambar 4.15. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 3 InceptionV3	50
Gambar 4.16. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 1 VGG19	52
Gambar 4.17. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 2 VGG19	52
Gambar 4.18. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 3 VGG19	53
Gambar 4.19. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 1 VGG19	53
Gambar 4.20. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 2 VGG19	54
Gambar 4.21. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 3 VGG19	54
Gambar 4.22. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 1 VGG19.....	55
Gambar 4.23. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 2 VGG19.....	55
Gambar 4.24. Grafik f1_score dan Val_f1_score Pada Fold 3 VGG19.....	56
Gambar 4.24. Perbandingan Nilai Validasi Akurasi Model	58
Gambar 4.25. Perbandingan Nilai Validasi Loss Model	59
Gambar 4.26. Perbandingan Nilai Akurasi dengan Penelitian Lain	61

DAFTAR ISTILAH

- ALL** : Leukimia Limfoblastik Akut (Acute Lymphoblastic Leukemia) adalah limfoblas B atau T ganas yang ditandai dengan proliferasi limfosit abnormal yang tidak terkendali dan belum matang yang menyebabkan penggantian elemen sumsum tulang dan organ limfoid lainnya yang menghasilkan pola penyakit yang khas.
- Hem** : Hem atau Hemoglobin adalah protein dalam sel darah merah yang membawa oksigen. Tes hemoglobin mengukur berapa banyak hemoglobin dalam darah Anda. Hemoglobin adalah komponen terpenting dari sel darah merah. Hemoglobin terdiri dari protein yang disebut heme, yang mengikat oksigen.
- Leukosit** : Sel darah putih atau leukosit adalah salah satu komponen sel darah yang mengandung sedikit hemoglobin.

INTISARI

Perkembangan teknologi di bidang kesehatan telah memungkinkan dalam melakukan deteksi penyakit leukemia melalui analisis citra dari sel darah putih. Salah satu jenis leukemia yang paling umum terjadi pada anak-anak adalah Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL). Deteksi ALL melalui analisis citra sel darah putih dapat membantu dalam prognosis dan perawatan yang tepat. Dalam penelitian ini, penulis mengusulkan pendekatan untuk klasifikasi ALL berdasarkan citra sel darah putih menggunakan model Convolutional Neural Network (CNN) bernama InceptionV3 dan VGG19.

Dataset yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari citra sel darah putih terhadap kasus ALL yang memiliki 15.135 gambar dari 118 pasien yang berlabel normal cell dan leukemia blast. Citra-citra tersebut diperoleh dari The Cancer Imaging Archive (TCIA) yang merupakan layanan untuk menyimpan gambar medis kanker besar yang tersedia untuk umum. Selama tahap evaluasi, penulis menggunakan metrik evaluasi data latih seperti akurasi, dan loss untuk mengukur kinerja model. Selain itu dalam melakukan validasi, penulis menggunakan K-Fold Cross Validation untuk mengukur sejauh mana model tersebut dapat digeneralisasi ke data baru yang belum pernah dilihat sebelumnya.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa model InceptionV3 mampu mengklasifikasikan citra sel darah putih dengan tingkat akurasi yang tinggi. Model ini mencapai akurasi pengenalan ALL rata-rata sebesar 0.9741 dengan loss sebesar 0.0982. Penggunaan model CNN seperti InceptionV3 dalam analisis citra medis memiliki potensi dalam mengenali pola dan objek pada skala yang berbeda dengan lebih baik. Ini menunjukkan bahwa InceptionV3 memiliki potensi untuk meningkatkan efisiensi dan akurasi diagnosis penyakit berbasis citra dengan hasil tingkat akurasi yang tinggi.

Kata kunci: Acute Lymphoblastic Leukemia, Convolutional Neural Network, Deep Learning, InceptionV3, VGG19

ABSTRACT

The advancement of technology in the healthcare industry permits the identification of leukemia by analyzing images of white blood cells. Detecting ALL through the analysis of white blood cell images is crucial to the accurate prognosis and treatment of the disease. Among the prevalent forms of leukemia in children is Acute Lymphoblastic Leukaemia (ALL). In this study, the authors present a classification approach for Acute Lymphoblastic Leukaemia (ALL) based on white blood cell images. To achieve this, Convolutional Neural Network (CNN) models - InceptionV3 and VGG19 - were employed.

The dataset, taken from The Cancer Imaging Archive (TCIA), consisted of 15,135 images of 118 patients, categorized as normal cells or with blast leukemia. The proposed approach adheres to the principles of objectivity, comprehensibility, conventional structure, clear objective language, format, formal register, logical structure, balance, precise word choice and grammatical correctness. The dataset, taken from The Cancer Imaging Archive (TCIA), consisted of 15,135 images of 118 patients, categorized as normal cells or with blast leukemia. During the evaluation phase, the authors utilized objective training data evaluation metrics such as accuracy and loss to assess the model's performance. Additionally, during the validation process, K-Fold Cross Validation was employed to measure the generalizability of the model on novel data.

The results show that the InceptionV3 model has a high level of accuracy in classifying white blood cell images. The model attained an average accuracy of 0.9741 in recognizing ALL, with a loss of 0.0982. In the context of medical image analysis, CNN models like InceptionV3 have the potential to identify patterns and objects at varying scales more effectively. This indicates that InceptionV3 can significantly enhance the precision and efficiency of image-based disease diagnosis, resulting in high accuracy rates.

Keyword: Acute Lymphoblastic Leukemia, Convolutional Neural Network, Deep Learning, InceptionV3, VGG19

BAB I

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang Masalah

Menurut data dari World Health Organization (WHO) kanker merupakan penyebab utama kematian di seluruh dunia, terdapat kurang lebih 10 juta kematian pada tahun 2020 dan terdapat 400.000 anak penderita kanker setiap tahunnya (World Health Organization, 2022). Kanker umumnya dapat terjadi karena adanya pertumbuhan sel yang tidak normal dan tidak terkendali yang cenderung menyerang hingga merusak jaringan pada tubuh manusia (Dwi Nugroho et al., 2020). Kanker yang terjadi pada anak usia 5-14 tahun menjadi penyebab kematian tertinggi kedua setelah kecelakaan, salah satu kanker yang menyerang anak-anak adalah kanker darah (Ward et al., 2014).

Kanker darah atau yang dikenal sebagai leukemia dapat diklasifikasikan menjadi 4 jenis yaitu Acute Lymphoblastic Leukaemia (ALL), Acute Myelogenous Leukaemia (AML), Chronic Lymphatic Leukaemia (CLL), dan Chronic Granulocytic Leukaemia (CGL) (Whittaker et al., 1979). Berdasarkan keempat jenis kanker darah tersebut, kanker darah dapat dikelompokkan menjadi dua kelompok yaitu kanker darah akut dan kanker darah kronis (Morrison C., 2012). Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) merupakan kanker darah akut yang umumnya sering terjadi pada anak-anak (Pojoh et al., 2019). Tingkat kasus baru dan kematian per 100.000 orang: Tingkat kasus baru leukemia adalah 14,1% per 100.000 pria dan wanita per tahun. Angka kematian 6,0% per 100.000 pria dan

wanita per tahun. Angka ini disesuaikan dengan usia dan berdasarkan kasus 2015-2019 dan kematian 2016-2020 (Surveillance Epidemiology and End Result, 2022).

Dalam bidang medis menggunakan citra telah menjadi metode diagnostik dalam praktik klinis sejak lama, salah satu pemanfaatan teknologi dalam bidang medis yang dapat menjadi solusi yaitu dengan melalui deep learning (Gunawan & Setiawan, 2022). Deep Learning merupakan cabang dari ilmu machine learning berbasis Jaringan Syaraf Tiruan (JST) yang mampu melakukan klasifikasi secara langsung dari citra ataupun suara (Ilahiyah & Nilogiri, 2018). Salah satu teknik deep learning yang dapat digunakan dalam analisis citra medis adalah dengan Convolutional Neural Network (CNN).

Penelitian yang dilakukan (Zakir Ullah et al., 2021) mengklasifikasikan gambar ALL dan gambar sel sehat dengan mengusulkan sistem pendukung diagnostik berdasarkan arsitektur CNN dengan modul ECA dengan model yang merupakan bentuk penyempurnaan dari arsitektur VGG16 CNN. Hasil eksperimen mereka menunjukkan bahwa model CNN yang mereka usulkan berhasil mengekstraksi fitur dan mencapai akurasi 91,1%. Dalam penelitian lainnya yang dilakukan (Anilkumar et al., 2022) mengklasifikasikan gambar ALL menjadi B-Cell dan T-Cell dengan DNN AlexNet yang telah dilatih sebelumnya dan LeukNet menggunakan American Society of Haematology (ASH) dataset. Keakuratan klasifikasi mereka sebesar 94,12% menggunakan CNN AlexNet yang telah dilatih sebelumnya begitu juga dengan LeukNet.

Penelitian yang dilakukan (Meena et al., 2022) melakukan deteksi dan klasifikasi emosi dengan beragam emosi pada wajah dengan menggunakan

arsitektur VGG19 (berbasis CNN) dan menggunakan kumpulan dataset berupa CK+, FER2013, dan JAFFE dan hasil akurasi dari dataset CK+ 99% menghasilkan precision 100%, recall 99%, F1-score 99%, dan loss 0,26%. Sedangkan hasil akurasi pada dataset FER2013 dan JAFFE memiliki akurasi masing-masing 0,65 % dan 0,94 %, sebanding satu sama lain. Dalam penelitian lainnya yang dilakukan (Ouyang et al., 2021) mengevaluasi kemanjuran sistem diagnosis berdasarkan segmentasi dengan Convolutional Neural Networks (CNN) untuk mendiagnosis Acute Promyelocytic Leukemia (APL) dalam gambar apusan sumsum tulang. Hasil model memiliki precision rata-rata 62,5%, yang merupakan Mask R-CNN pra-pelatihan yang ditambah dengan rata-rata recall 84,1%.

Berdasarkan penelitian-penelitian serupa yang telah dilakukan sebelumnya, namun masih belum banyak penelitian yang melakukan klasifikasi sel darah putih khususnya yang berjenis ALL dengan menggunakan arsitektur InceptionV3 dan VGG19. Selain itu pada penelitian yang telah melakukan identifikasi ALL menggunakan CNN, sebagian dari mereka hanya mencoba melakukan klasifikasi menggunakan satu arsitektur saja. Sehingga masih belum banyak yang melakukan perbandingan arsitektur CNN terutama terhadap penyakit ALL tersebut.

Pada penelitian ini akan melakukan identifikasi leukemia pada citra sel darah putih menggunakan Convolutional Neural Network (CNN). Kemudian peneliti akan mengkaji seberapa tinggi hasil akurasi pengenalan penyakit leukemia menggunakan arsitektur InceptionV3 dan VGG19 dalam melakukan identifikasi tersebut.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian latar belakang di atas, maka yang menjadi permasalahan dan akan dibahas adalah sebagai berikut:

- a. Apakah metode CNN mampu melakukan klasifikasi penyakit ALL dan normal sel pada citra dari sel yang terjangkit *Acute Lymphoblastic Leukemia*?
- b. Manakah tingkat akurasi yang tertinggi antara arsitektur CNN InceptionV3 dan VGG19 dalam mengidentifikasi penyakit ALL?

1.3. Batasan Masalah

Agar masalah dalam penyusunan penelitian ini tidak terlalu luas, maka peneliti membatasi batasan masalah, yaitu:

- a. Peneliti berfokus terhadap penyakit *leukemia* yang berjenis ALL.
- b. Data yang digunakan adalah C-NMC Dataset yang diambil dari *The Cancer Imaging Archive* (TCIA).
- c. Dataset yang digunakan memiliki 2 kelas yaitu ALL dan hem dengan total data sebanyak 15.135 gambar.
- d. Arsitektur yang digunakan pada penelitian ini adalah InceptionV3 dan VGG19.
- e. Indikator yang digunakan pada penelitian ini adalah *F1_Score* dan *Accuracy*.

1.4. Tujuan Penelitian

Tujuan Penelitian yang diangkat berdasarkan dari rumusan masalah pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

- a. Untuk mengetahui model yang menghasilkan akurasi tertinggi antara arsitektur InceptionV3 dan VGG19.
- b. Melakukan klasifikasi terhadap sel darah yang sehat dan sel darah yang terjangkit ALL.

1.5. Manfaat Penelitian

Manfaat yang di dapat dari penelitian ini diantaranya sebagai berikut:

- a. Bagi mahasiswa, penelitian ini dapat menambah ilmu pengetahuan, keterampilan, dan menjadi referensi dalam penulisan penelitian ilmiah.
- b. Bagi masyarakat umum, penelitian ini menyajikan pengetahuan dan informasi tentang diagnosis *leukemia* dengan menggunakan teknik kecerdasan buatan.
- c. Bagi praktisi medis, penelitian ini dapat digunakan untuk mempertimbangkan adapsi teknologi kecerdasan buatan dalam dunia medis.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1. Tinjauan Pustaka

Berdasarkan penelitian-penelitian terkait yang telah dilakukan sebelumnya banyak algoritma atau model yang telah digunakan untuk mengidentifikasi ALL. Peneliti memilih metode InceptionV3 dan VGG19 dikarenakan metode tersebut belum banyak dipakai dalam melakukan identifikasi ALL sebelumnya.

Penelitian yang dilakukan oleh (Zhang et al., 2022) membuat model terintegrasi baru disebut RCMNet (ResNet18 dengan Convolutional Block Attention Module dan Multi-Head Self-Attention) yang menggabungkan CNN dan Transformer dengan menggunakan Peripheral Blood Cells (PBC) dan Chimeric antigen receptor-T (CAR-T) dataset. Rata-rata akurasi yang didapatkan pada penelitian tersebut adalah sebesar 99,63% pada dataset publik. Transfer Learning diadaptasi dalam RCMNet dan akurasi maksimum mencapai 83,36%.

Penelitian (Shawly & Alsheikhy, 2022) mengembangkan dan mengusulkan metode untuk mendeteksi Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) dan Acute Myelogenous Leukemia (AML) secara real time dengan tetap mempertahankan akurasi yang tinggi. Pendekatan yang digunakan adalah Convolutional Neural Network (CNN) dan segmentasi citra menggunakan MATLAB yang disebut AlexNet. Dataset yang digunakan adalah C-NMC_Leukemia yang kurang lebih memiliki 15.000 gambar mikroskopis sel darah putih. Pendekatan yang diusulkan dengan menggunakan CNN (AlexNet) + SVM mencapai akurasi lebih dari 98%.

Penelitian yang dilakukan (Joshi et al., 2020) menggunakan Inception V3 untuk ekstraksi fitur dan Neural Networks untuk klasifikasi gambar yang terdiri 6 kategori olahraga berupa rugby, tenis, kriket, bola basket, bola voli, dan bulu tangkis berdasarkan lingkungan dan sekitarnya. Untuk memvalidasi keefektifan framework dan Neural Networks, perbandingan telah dilakukan dengan pengklasifikasi lain seperti Random Forest, K-Nearest Neighbors (KNN) dan Support Vector Machine (SVM). Hasil yang diperoleh mencapai akurasi rata-rata 96,64% pada enam kategori yang menunjukkan keefektifan framework dan dapat digunakan untuk mendeteksi dan mengklasifikasikan berbagai aktivitas olahraga dengan cara yang efisien.

Penelitian yang dilakukan oleh (Akter Hossain et al., 2020) mendeteksi Acute Lymphocytic Leukemia (ALL) melalui metode deteksi objek di mana mereka mengidentifikasi komponen darah tidak teratur dengan mencocokkan dengan data latih menggunakan model Faster-RCNN untuk memprediksi kemungkinan pembentukan sel kanker. Dataset yang digunakan mereka dengan mengumpulkan 256 data primer dari pasien leukemia dan mengidentifikasi 14 atribut (Red Blood Count (RBC), Hemoglobin (Hgb), Platelet count, White Blood Count (WBC), Neutrophils, Lymphocytes, Monocytes, Eosinophils, Basophils, IG, NRBC, ESR, LDH dan Uric Acid) untuk dataset di awal dan menentukan 4 atribut utama (Neutrophils, Lymphocytes, Monocytes dan Eosinophils) dalam menentukan pasien leukemia. Hasil yang diperoleh dengan presisi mean rata-rata adalah 0,10, 0,16 dan 0, di mana dengan epoch masing-masing adalah 40, 60 dan 120.

2.2. Keaslian Penelitian

Tabel 2.1. Matriks literatur review dan posisi penelitian
IDENTIFIKASI LEUKIMIA PADA CITRA SEL DARAH PUTIH MENGGUNAKAN CNN

No	Judul	Peneliti, Media Publikasi, dan Tahun	Tujuan Penelitian	Kesimpulan	Saran atau Kelemahan	Perbandingan
1	RCMNet: A deep learning model assists CAR-T therapy for leukemia	(Zhang et al., 2022) Computers in Biology and Medicine	Membuat model terintegrasi baru disebut RCMNet yang menggabungkan convolutional neural network (CNN) dan Transformer.	Model tersebut menunjukkan akurasi 99,63% pada dataset publik. Transfer Learning diadaptasi dalam RCMNet dan akurasi maksimum mencapai 83,36%.	Menggunakan dataset yang lebih banyak dan bervariasi sebab dataset peneliti terbatas dengan ukuran 500 gambar mikroskop asli setelah pewarnaan yang digunakan.	Menerapkan arsitektur InceptionV3 dan VGG19 untuk melakukan analisis penyakit leukemia.
2	Automated Detection of B Cell and T Cell Acute Lymphoblastic Leukaemia Using Deep Learning	(Anilkumar et al., 2022) IRBM	Mengklasifikasikan ALL menjadi B-Cell dan T-Cell dengan DNN AlexNet yang telah dilatih sebelumnya dan LeukNet menggunakan American Society of Hematology (ASH) dataset.	Keakuratan klasifikasi sebesar 94,12% menggunakan CNN AlexNet yang telah dilatih sebelumnya begitu juga dengan LeukNet.	Mencari arsitektur lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil perbandingan akurasi tertinggi.	Mengklasifikasikan leukemia menjadi normal sel dan ALL menggunakan CNN.

Tabel 2.1. (Lanjutan)

No	Judul	Peneliti, Media Publikasi, dan Tahun	Tujuan Penelitian	Kesimpulan	Saran atau Kelemahan	Perbandingan
3	Biomedical Diagnosis of Leukemia Using a Deep Learner Classifier	(Shawly & Alsheikhy, 2022) Computational Intelligence and Neuroscience	Mengembangkan dan mengusulkan metode untuk mendeteksi ALL dan AML secara real time dengan tetap mempertahankan akurasi yang tinggi. Pendekatan yang digunakan adalah convolutional neural network (CNN) dan segmentasi citra menggunakan MATLAB yang disebut AlexNet. Dataset yang digunakan adalah C-NMC_Leukemia.	Pendekatan yang diusulkan dengan menggunakan CNN (AlexNet) + SVM mencapai akurasi lebih dari 98%.	Menerapkan arsitektur CNN yang berbeda sehingga mendapatkan hasil perbandingan arsitektur mana yang memiliki nilai akurasi tertinggi.	Menggunakan dataset C-NMC_Leukemia untuk melakukan analisis penyakit leukemia.
4	Leukemia Detection Mechanism through Microscopic Image and ML Techniques	(Aker Hossain et al., 2020) 2020 IEEE REGION 10 CONFERENCE (TENCON)	Mendeteksi Leukemia dengan mengidentifikasi komponen darah tidak teratur dan mencocokkan dengan data latih menggunakan model Faster-RCNN untuk memproduksi kemungkinan pembentukan sel kanker. Dataset yang digunakan mereka dengan mengumpulkan 256 data primer dari pasien Leukemia dan mengidentifikasi 14 atribut untuk dataset di awal dan menentukan 4 atribut utama (Neutrophils, Lymphocytes, Monocytes dan Eosinophils) dalam menentukan pasien Leukemia.	Presisi mean rata-rata adalah 0,10, 0,16 dan 0, di mana dengan epoch masing-masing adalah 40, 60 dan 120.	Dapat mengintegrasikannya dengan objek IoT, di mana mikroskop akan mengirimkan gambar secara digital ke server yang diimplementasikan algoritme machine learning.	Menerapkan evaluasi FI_Score, Precision, Accuracy dalam identifikasi penyakit leukemia.

Tabel 2.1. (Lanjutan)

No	Judul	Peneliti, Media Publikasi, dan Tahun	Tujuan Penelitian	Kesimpulan	Saran atau Kelemahan	Perbandingan
5	Robust Sports Image Classification Using InceptionV3 and Neural Networks	(Joshi et al., 2020) Procedia Computer Science	Menggunakan Inception V3 untuk ekstraksi fitur dan Neural Networks untuk klasifikasi gambar yang terdiri 6 kategori olahraga berdasarkan lingkungan dan sekitarnya. Untuk memvalidasi keefektifan framework dan Neural Networks, perbandingan telah dilakukan dengan pengklasifikasi lain seperti Random Forest, K-Nearest Neighbors (KNN) dan Support Vector Machine (SVM).	Hasil yang diperoleh mencapai akurasi rata-rata 96,64% pada enam kategori yang menunjukkan keefektifan framework dan dapat digunakan untuk mendeteksi dan mengklasifikasikan berbagai aktivitas olahraga dengan cara yang efisien.	Lebih banyak kategori yang bisa dimasukkan untuk analisis dan dapat dimanfaatkan untuk pengembangan generator dataset untuk olahraga karena melalui framework ini sudah dapat mengidentifikasi kegiatan olahraga secara efisien.	Menerapkan arsitektur model CNN InceptionV3 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia.
6	An Attention-Based Convolutional Neural Network for Acute Lymphoblastic Leukemia Classification	(Zakir Ullah et al., 2021) Applied Sciences (MDPI)	Mengusulkan sistem pendukung diagnostik berdasarkan arsitektur CNN dengan modul ECA untuk mengklasifikasikan gambar ALL dan gambar sel sehat. Model yang diusulkan merupakan penyempurnaan dari arsitektur VGG16 CNN. Dataset yang digunakan adalah dataset C-NMC 2019 yang diperoleh dari the cancer imaging archive (TCIA).	Hasil eksperimen menunjukkan bahwa model CNN yang mereka usulkan berhasil mengekstraksi fitur dan mencapai akurasi 91,1%.	Menerapkan arsitektur lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil perbandingan dan peningkatan yang bervariasi.	Menerapkan arsitektur model CNN VGG19 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia.

Tabel 2.1. (Lanjutan)

No	Judul	Peneliti, Media Publikasi, dan Tahun	Tujuan Penelitian	Kesimpulan	Saran atau Kelemahan	Perbandingan
7	ResRandSVM: Hybrid Approach for Acute Lymphocytic Leukemia Classification in Blood Smear Images	(Sulaiman et al., 2023) Applied Sciences (MDPI)	Memfaatkan metode seleksi fitur menggunakan algoritma Random Forest untuk menentukan fitur-fitur khusus dari sekumpulan fitur yang telah diekstraksi dan diklasifikasikan menggunakan 4 jenis classifier yaitu, Adaboost, Support Vector Machine (SVM), Artificial Neural Network (ANN), dan Naive Bayes.	Hasil eksperimen tertinggi dengan metode seleksi fitur menggunakan Random Forest dan classifier Support Vector Machine (SVM), dengan nilai tertinggi sebesar 84%.	Menerapkan arsitektur lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil perbandingan akurasi tertinggi.	Menerapkan arsitektur model CNN InceptionV3 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia dengan dataset C-NMC_Leukemia.
8	Explainable AI in Diagnosing and Anticipating Leukemia Using Transfer Learning Method	(Abir et al., 2022) Computational Intelligence and Neuroscience	Melakukan implementasi dan membandingkan berbagai model transfer learning dari TensorFlow dalam tugas klasifikasi ALL dengan menggunakan model InceptionV3. Penelitian tersebut juga menggunakan metode yang bernama XAI untuk menjelaskan fitur-fitur khusus dari gambar dalam dataset yang memengaruhi model dalam melakukan klasifikasi, mengamankan validitas serta keandalan dari model tersebut.	Pada penelitian tersebut, model InceptionV3 berhasil mencapai akurasi validasi tertinggi sebesar 96,65%.	Menerapkan dataset lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil perbandingan akurasi terhadap dataset tersebut.	Menerapkan arsitektur model CNN InceptionV3 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia dengan dataset C-NMC_Leukemia.

Tabel 2.1. (Lanjutan)

No	Judul	Peneliti, Media Publikasi, dan Tahun	Tujuan Penelitian	Kesimpulan	Saran atau Kelemahan	Perbandingan
9	Sentiment Analysis from Images using VGG19 based Transfer Learning Approach	(Mecna et al., 2022) Procedia Computer Science	Melakukan deteksi dan klasifikasi emosi dengan beragam emosi pada wajah dengan menggunakan arsitektur VGG19 (berbasis CNN) dan menggunakan kumpulan dataset berupa CK+, FER2013, dan JAFFE.	Hasil akurasi dari dataset CK+ 99% menghasilkan precision 100%, recall 99%, F1-score 99%, dan loss 0,26%. Sedangkan hasil akurasi pada dataset FER2013 dan JAFFE memiliki akurasi masing-masing 0,65 % dan 0,94 %, sebanding satu sama lain.	Menerapkan aksitektur lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil perbandingan akurasi tertinggi.	Menerapkan arsitektur model CNN InceptionV3 dan VGG19 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia berjenis ALL.
10	Diagnosing acute promyelocytic leukemia by using convolutional neural network	(Ouyang et al., 2021) Clinica Chimica Acta	Mengevaluasi kemandirian sistem diagnosis berdasarkan segmentasi dengan Convolutional Neural Networks (CNN) untuk mendiagnosis Acute Promyelocytic Leukemia (APL) dalam gambar apusan sumsum tulang.	Hasil model memiliki precision rata-rata 62,5%, yang merupakan Mask R-CNN pra-pelatihan yang ditambah dengan rata-rata recall 84,1%.	Menerapkan skenario pengujian lainnya yang bervariasi sehingga mendapatkan hasil akurasi yang lebih tinggi.	Menerapkan arsitektur model CNN InceptionV3 dan VGG19 yang digunakan untuk melakukan identifikasi penyakit leukemia berjenis ALL.

2.3. Landasan Teori

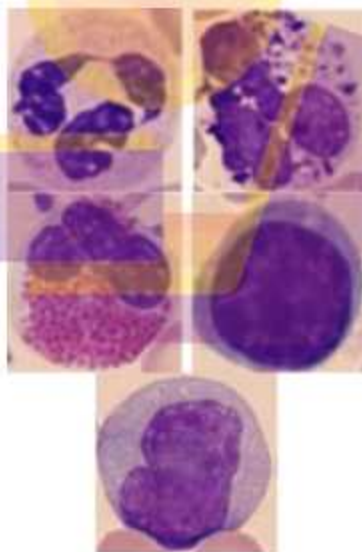
2.3.1. Leukosit

Leukosit merupakan sel darah putih yang memiliki peran dalam hal sistem imunitas atau membunuh kuman serta bibit penyakit yang ikut masuk ke dalam aliran darah manusia (Khasanah et al., 2016). Leukosit dapat diklasifikasikan menjadi dua jenis yaitu sel yang memiliki granules (*Granulocytes*) dan sel yang tidak memiliki granules (*Agranulocytes*).

Myeloblast merupakan bagian dari sel *granulocytes* yang terdiri dari sel *neutrophils*, *basophils* dan *eosinophils*. *Neutrophils* berfungsi sebagai pertahanan utama tubuh terhadap infeksi bakteri. *Neutrophils* memiliki kemampuan untuk menelan dan mencerna mikroorganisme yang menginfeksi tubuh. Selanjutnya, *basophils* berperan dalam respons alergi dan inflamasi. *Basophils* mengandung histamin yang memicu respons inflamasi. Kemudian, *eosinophils* berperan dalam respons terhadap infeksi parasit dan juga terlibat dalam alergi. *Eosinophils* dapat mendeteksi dan menghancurkan parasit serta mengurangi peradangan. *Myeloblast* merupakan tahap awal dari diferensiasi yang akan menghasilkan sel-sel agranulosit tersebut. Selama diferensiasi, *myeloblast* akan berubah bentuk dan mengalami beberapa tahap perkembangan sebelum akhirnya menjadi sel *neutrophils*, *basophils* atau *eosinophils* yang matang.

Lymphoblast merupakan bagian dari sel *agranulocytes* yang terdiri dari sel *lymphocytes* and *monocytes*. *Lymphocytes* adalah komponen penting dari sistem kekebalan tubuh. *Lymphocytes* terlibat dalam pertahanan tubuh terhadap patogen seperti bakteri, virus, dan sel kanker. Ada beberapa jenis *lymphocytes*, termasuk sel

T, sel B, dan sel *Natural Killer* (NK). Sel T berperan dalam respons imun seluler, mengenali dan menyerang sel-sel yang terinfeksi atau bermutasi. Sel B bertanggung jawab untuk produksi antibodi yang melawan antigen asing. Sel NK (*Natural Killer*) untuk mengidentifikasi dan menghancurkan sel yang terinfeksi virus atau bermutasi, termasuk sel kanker. *Monocytes* berperan dalam respons imun, terutama dalam fagositosis yang bertujuan untuk membersihkan atau menghancurkan zat-zat asing, termasuk bakteri, sel-sel mati, atau benda asing lainnya yang dapat menjadi potensi ancaman bagi tubuh. Proses diferensiasi dari *lymphoblast* akan menghasilkan sel limfosit yang matang. Sel-sel limfosit ini berperan penting dalam sistem kekebalan tubuh, memainkan peran utama dalam melindungi tubuh dari patogen dan sel-sel yang bermutasi (di Ruberto & Puztu, 2013). Perbedaan sel leukosit tersebut dapat dilihat pada Gambar 2.1.



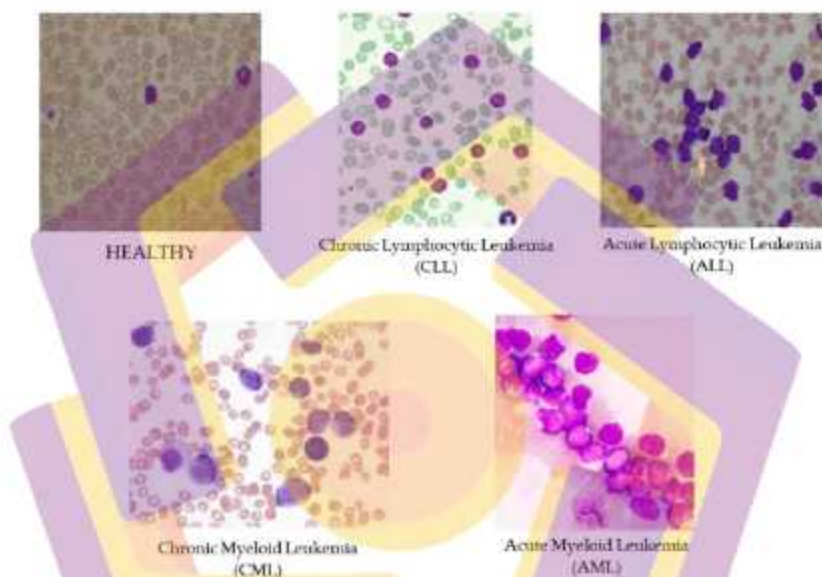
Gambar 2.1. Perbedaan Sel Leukosit

White blood cells (WBCs) merupakan komponen penting dari sistem kekebalan tubuh manusia. Mereka melawan kuman dan mencegah infeksi pada manusia. Meskipun WBC hanya membentuk 1% dari volume darah, perubahan kecil memiliki signifikansi karena sistem kekebalan tubuh manusia bergantung pada WBCs (Abir et al., 2022). WBCs dapat ditemukan dalam aliran darah dan juga tersebar di seluruh tubuh melalui sistem limfatik. WBCs memiliki kemampuan untuk mendeteksi perubahan atau ancaman dalam tubuh dan merespons dengan membentuk pertahanan untuk mengatasi patogen yang masuk.

2.3.2. Leukemia

Leukemia (kanker darah) adalah penyebaran *White Blood Cells* (WBCs) atau Leukosit yang tidak biasa di dalam sumsum tulang dan darah. Ahli patologi dapat mendiagnosis leukemia dengan melihat sampel darah seseorang di bawah mikroskop. Ahli patologi mengidentifikasi dan mengkategorikan leukemia dengan menghitung berbagai sel darah dan ciri-ciri morfologi (Zolfaghari & Sajedi, 2022). Jumlah sel darah putih (WBC) yang normal berada dalam kisaran 4.500-10.000 sel per mikroliter (μL). Ketika jumlah WBC tidak berada dalam rentang normal, hal ini dapat mengindikasikan dua kasus yang berbeda, yaitu jumlah WBC yang rendah dan jumlah WBC yang tinggi. Jumlah WBC dianggap rendah jika berada di bawah 4.500 sel/ μL , dan hal ini bisa disebabkan oleh kondisi seperti HIV atau Limfoma. Di sisi lain, jumlah WBC dianggap tinggi jika melebihi 10.000 sel/ μL , dan ini dapat menjadi indikator adanya kondisi seperti Leukemia, Anemia, atau kerusakan jaringan (Safuan et al., 2017). Terdapat dua jenis utama leukemia, yaitu leukemia

akut dan kronis, yang bergantung pada seberapa cepat perkembangannya. Mengidentifikasi keberadaan leukemia serta jenis-jenisnya secara spesifik penting bagi ahli hematologi untuk menghindari risiko medis dan menentukan terapi yang tepat (Ahmed et al., 2019). Perbedaan leukimia yang ditunjukkan pada Gambar 2.2.



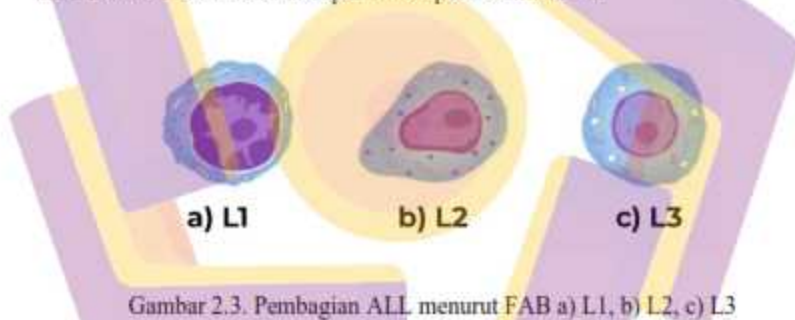
Gambar 2.2: Sampel Gambar dari Empat Jenis Leukemia dan Sehat

2.3.3. Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL)

Acute Lymphoblastic Leukemia merupakan kanker darah akut yang umumnya sering terjadi pada anak-anak. Anak penderita ALL cenderung tidak stabil nilai indeks massa tubuhnya (IMT) yang disebabkan oleh gangguan sel imun alami yang berdampak terhadap peningkatan sitokin serta efek samping pengobatan (Pojoh et al., 2019). *Acute Lymphoblastic Leukemia* dapat terjadi apabila sumsum

tulang belakang terlalu banyak dalam memproduksi *lymphoblast* (sel darah putih limfosit muda) (Syidada & Hariyanto, 2021).

French-American-British (FAB) mengklasifikasikan *Acute Lymphoblastic Leukemia* menjadi 3 kategori berdasarkan morfologinya, yaitu L1, L2, dan L3 dimana dengan ciri L1 dengan sel blast teratur berukuran kecil hingga sedang dengan rasio nukleositoplasma yang tinggi. L2 dengan sel blast pleomorfik yang lebih besar, dengan kemungkinan nukleolus yang terlihat, celah nukleus, dan sitoplasma yang lebih banyak. L3 dengan sel blast dengan sitoplasma basofilik yang kuat dan vakuola sitoplasma yang menonjol (Bain & Estcourt, 2013). Pembagian ALL menurut FAB tersebut dapat dilihat pada Gambar 2.3.



Gambar 2.3. Pembagian ALL menurut FAB a) L1, b) L2, c) L3

Dalam membedakan sel darah sehat dan sel darah yang terjangkit ALL, terdapat beberapa fitur yang digunakan. Berdasarkan penelitian yang dilakukan (Mohapatra et al., 2014) menjelaskan bahwa ekstraksi fitur dapat digunakan untuk mengidentifikasi dan membedakan antara sel limfoblas dan sel limfosit normal dalam gambar mikroskopis darah. Beberapa fitur yang digunakan diantaranya adalah fitur bentuk dan ukuran, fitur tekstur, dan fitur warna.

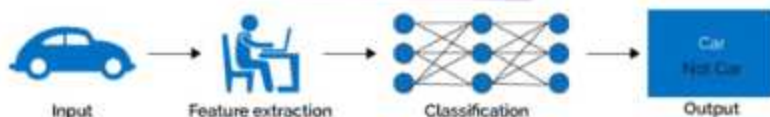
Fitur bentuk atau ukuran mencakup parameter seperti luas, keliling, rasio aspek, dan perbandingan panjang lebar dari sel limfosit. Fitur bentuk atau ukuran digunakan untuk menggambarkan karakteristik morfologi dari sel limfosit. Fitur tekstur digunakan untuk menggambarkan pola tekstur yang ada dalam gambar sel limfosit. Beberapa fitur tekstur yang digunakan termasuk energi, kontras, homogenitas, dan entropi. Dimana fitur tekstur ini dapat membantu dalam mengidentifikasi perbedaan dalam struktur dan pola tekstur antara sel limfoblas dan sel limfosit normal yang ada pada gambar. Selanjutnya, fitur warna digunakan untuk mengukur perubahan warna yang terjadi pada inti dari sitoplasma sel limfosit. Perubahan warna ini dapat mengindikasikan adanya perubahan kromatin dan pigmen dalam sel limfoblas. Fitur-fitur warna ini diukur dalam ruang warna RGB dan HSV.

2.3.4. Machine Learning

Menurut (Samuel, 1959) mendefinisikan *machine learning* sebagai bidang studi yang memberi komputer kemampuan untuk belajar tanpa diprogram secara eksplisit. *Machine Learning* menurut (Bhavsar et al., 2017) merupakan kumpulan metode yang memungkinkan komputer untuk mengotomatiskan pembuatan dan pemrograman model berbasis data melalui penemuan sistematis pola signifikan secara statistik dalam data yang tersedia.

Proses dalam *machine learning* meliputi beberapa tahap utama: *input*, *feature extraction*, *classification*, dan *output*. Pada tahap *input*, data yang dapat berjenis, teks, gambar, suara, atau angka dimasukkan ke dalam sistem. Data ini

dapat terdiri dari himpunan contoh (sampel) yang akan digunakan untuk melatih dan menguji model *machine learning*. Pada tahap *input*, data juga dapat dibagi menjadi data latih dan data uji untuk mengukur kinerja model. Pada tahap *feature extraction* (ekstraksi fitur), data mentah diubah menjadi representasi yang lebih sederhana, namun tetap mempertahankan informasi penting. Tahap ekstraksi fitur pada gambar merupakan proses di mana informasi visual penting dari gambar diidentifikasi dan diwakili dalam bentuk angka atau vektor. Dengan mengekstraksi fitur, model ML dapat belajar untuk mengenali pola-pola yang penting dalam gambar. Hasil dari ekstraksi fitur ini dapat digunakan untuk membangun model ML yang dapat melakukan tugas-tugas seperti klasifikasi gambar, deteksi objek, atau pengenalan pola. Setelah ekstraksi fitur, model ML diterapkan untuk memproses data dan membuat prediksi atau klasifikasi. Klasifikasi adalah ketika model memprediksi kategori atau label tertentu untuk setiap sampel data. Prediksi pada regresi adalah ketika model memprediksi nilai numerik untuk setiap sampel data. Kemudian, *output* dari model ML adalah hasil dari prediksi atau klasifikasi untuk setiap contoh dalam data uji. Tahapan *output*, digunakan untuk mengambil keputusan atau tindakan berdasarkan prediksi model. Model *machine learning* ditunjukkan pada Gambar 2.4.



Gambar 2.4. Model *Machine Learning*

2.3.5. Deep Learning

Deep learning adalah studi tentang jaringan saraf tiruan dan algoritma pembelajaran mesin terkait yang berisi lebih dari satu lapisan tersembunyi. Deep learning sebagai kelas dari teknik *machine learning* yang mengeksploitasi banyak lapisan pemrosesan informasi non-linear untuk ekstraksi dan transformasi fitur yang diawasi atau tidak diawasi, dan untuk analisis pola dan klasifikasi (Deng, 2014). *Deep Learning* memungkinkan model untuk secara otomatis mengekstraksi dan mempelajari fitur-fitur dari data, bahkan tanpa memerlukan ekstraksi fitur manual. Jumlah parameter yang digunakan dalam *Deep Learning* bisa sangat besar, sehingga memerlukan jumlah data pelatihan yang besar juga untuk menghindari *overfitting*.

Proses dalam *Deep Learning* meliputi beberapa tahap utama: *input*, *feature extraction + classification*, dan *output*. Sama seperti tahapan ML, *input* dapat berupa data yang berjenis, teks, gambar, suara, atau angka untuk dimasukkan ke dalam sistem. Pada tahapan *extraction + classification*, jaringan saraf memiliki kemampuan bawaan untuk mengekstraksi fitur dari data secara otomatis selama proses pelatihan. Jaringan saraf tersebut terdiri dari banyak lapisan dan setiap lapisan memiliki berbagai bobot yang disesuaikan selama proses pembelajaran. Informasi yang direpresentasikan dalam lapisan-lapisan jaringan saraf akan menjadi fitur-fitur yang semakin abstrak, dari fitur sederhana (seperti tepi) hingga fitur yang semakin kompleks. Pada saat yang sama, jaringan saraf juga melakukan klasifikasi. Ini berarti bahwa model akan belajar untuk memisahkan atau mengkategorikan data ke dalam kelas atau kategori yang sesuai. Terakhir, pada

tahapan *output* digunakan untuk mengambil keputusan atau tindakan berdasarkan prediksi model. Model *deep learning* ditunjukkan pada Gambar 2.5.



Gambar 2.5. Model *Deep Learning*

2.3.6. Convolutional Neural Network

Convolutional Neural Networks (CNN) merupakan jenis dari *neural network* yang mengadopsi konsep pemrosesan data yang mirip dengan cara kerja otak manusia (Kim, 2017). Model CNN secara luas diterapkan dalam pengolahan gambar dan *computer vision*, termasuk tugas-tugas seperti segmentasi gambar, pengenalan objek, pembuatan teks gambar, dan bahkan identifikasi wajah (Fauziyya, 2021). Arsitektur umum dari CNN melibatkan empat komponen utama, yaitu *convolution layer*, *pooling layer*, *activation function*, dan *fully connected layer* (Indolia et al., 2018). CNN mengorganisir neuron-neuron dan menggabungkannya ke dalam tiga dimensi, menghasilkan struktur lapisan yang mendefinisikan representasi dari data (PRATIWI et al., 2021). Pendekatan ini memungkinkan CNN untuk secara efektif menangani kompleksitas informasi visual, membuatnya menjadi alat yang sangat kuat dalam berbagai aplikasi termasuk di bidang kedokteran seperti diagnosis leukemia. Model arsitektur CNN ditunjukkan pada Gambar 2.6.

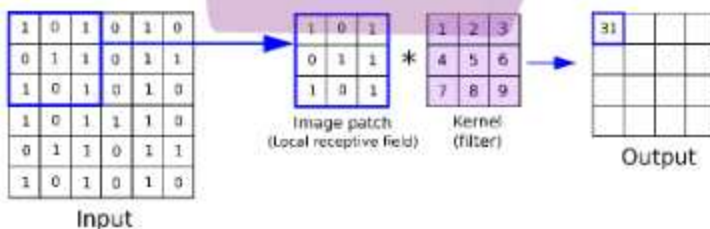


Gambar 2.6. Model arsitektur CNN

Lapisan Konvolusi dalam CNN yang dikenal sebagai *Feature Learning*, merupakan tahap awal yang bertanggung jawab untuk mengekstraksi fitur-fitur kunci dari gambar input. Lapisan ini beroperasi dengan menerapkan sejumlah filter atau kernel pada seluruh gambar untuk mengenali pola-pola penting seperti tepi, sudut, dan tekstur. Selanjutnya, setelah proses konvolusi, Lapisan Aktivasi (*Activation Layer*) berfungsi untuk menerapkan fungsi aktivasi seperti ReLU (*Rectified Linear Unit*) untuk menonjolkan fitur-fitur yang lebih kompleks. Hal ini memungkinkan jaringan untuk memahami struktur gambar dengan lebih baik. Selanjutnya, terdapat Lapisan Pooling yang berperan dalam mengurangi dimensi data dengan mengambil nilai terbesar atau rata-rata dari wilayah-wilayah tertentu. Langkah ini bermanfaat dalam mengurangi risiko *overfitting* dan menghemat sumber daya komputasi.

2.3.6.1. Convolutional layer

Convolutional layer adalah salah satu komponen kunci dalam jaringan saraf konvolusional (Convolutional Neural Network atau CNN) yang digunakan untuk memproses data berupa gambar atau *grid-structured*. *Convolutional layer* digunakan untuk ekstraksi fitur dan terdiri dari beberapa kernel atau filter convolutional yang membagi vektor input menjadi blok-blok kecil (Do et al., 2021). Setiap filter berfungsi untuk mendeteksi pola atau fitur tertentu pada data input. Filter ini dikonvolusi melintasi seluruh input, dan pada setiap posisi, perkalian titik antara filter dan bagian input yang tumpang tindih dihitung. Hasil dari perkalian titik ini kemudian dijumlahkan untuk menghasilkan nilai pada output layer (*feature maps*). *Feature maps* merupakan hasil dari operasi konvolusi yang digunakan untuk *input layer* berikutnya. Dalam menghasilkan suatu *output* ada parameter yang mempengaruhi seperti, *stride* dan *zero padding* (Gunawan & Setiawan, 2022). Dengan konfigurasi yang tepat, *convolutional layer* dapat mengungkapkan fitur-fitur esensial dalam data input, memungkinkan jaringan untuk belajar dan memahami pola yang lebih kompleks. Model *convolutional layer* ditunjukkan pada Gambar 2.7.



Gambar 2.7. Convolutional Layer

2.3.6.2. Pooling Layer

Pooling Layer digunakan untuk pengurangan dimensi dengan mengurangi dimensi *feature maps* yang bertujuan untuk mempercepat operasi serta meningkatkan kinerja *convolutional layer* (Do et al., 2021). Terdapat dua metode dalam *pooling layer*, yaitu *max pooling* yaitu memilih nilai terbesar dari proses konvolusi dan *average pooling* yaitu menjumlahkan nilai rata-rata dari hasil proses konvolusi (Gunawan & Setiawan, 2022). Perbedaan *max pooling* dan *average pooling* ditunjukkan pada Gambar 2.8.



Gambar 2.8. *Pooling Layer*

Pooling layer bekerja dengan membagi matriks hasil konvolusi menjadi wilayah-wilayah kecil (biasanya 2x2 atau 3x3) dan mengambil nilai terbesar (*max pooling*) atau nilai rata-rata (*average pooling*) dari setiap wilayah. Ini menghasilkan matriks dengan dimensi yang lebih kecil namun mempertahankan informasi penting tentang lokasi fitur yang terdeteksi. Dengan penggunaan *pooling layer*, jaringan saraf dapat memusatkan perhatian pada fitur-fitur utama, mengurangi jumlah parameter yang diperlukan, dan memungkinkan jaringan untuk memahami fitur yang lebih umum. Ini juga membantu dalam mengurangi *overfitting* karena mengurangi kompleksitas model. Sebagai hasil dari *pooling layer*, representasi fitur

yang dihasilkan akan lebih terfokus dan lebih ringkas, memungkinkan jaringan untuk belajar dan memahami pola yang lebih kompleks pada tingkat hierarkis yang lebih tinggi.

2.3.6.3. Activation Function

Activation Function adalah salah satu parameter penting dalam arsitektur *deep learning* yang digunakan pada *hidden layer* dan *output layer* seperti ReLU dan sigmoid (Do et al., 2021). ReLU adalah fungsi yang membatasi nilai piksel dari gambar dengan nilai nol dimana nilai piksel yang kurang dari nol akan dijadikan nilai nol pada gambar (Gunawan & Setiawan, 2022).

$$f(x) = \max(0, x)$$

Keterangan :

$f(x)$ = nilai dari ReLU activation

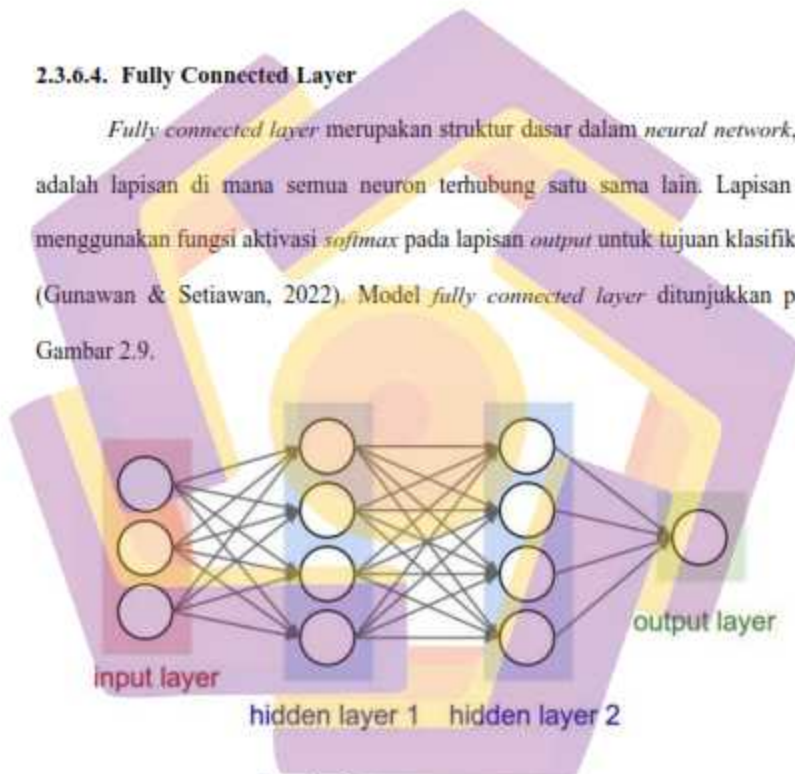
X = nilai matriks dari citra

Fungsi aktivasi memiliki tujuan utama untuk memasukkan elemen non-linear ke dalam jaringan saraf, yang memungkinkan jaringan untuk memahami dan memodelkan hubungan yang lebih kompleks antara *input* dan *output*. Proses umum dalam jaringan saraf melibatkan operasi linier, di mana bobot *input* ditambahkan dengan bias, dan hasilnya diteruskan ke fungsi aktivasi. Fungsi ini kemudian mengubah keluaran dari operasi linier tersebut menjadi nilai yang akan

disampaikan ke lapisan berikutnya dari jaringan saraf. Dengan memanfaatkan fungsi aktivasi seperti ReLU, jaringan saraf dapat mempelajari dan memodelkan hubungan yang lebih kompleks antara variabel *input* dan *output*, memperluas kemampuannya dalam memahami data yang lebih kompleks dan realistis.

2.3.6.4. Fully Connected Layer

Fully connected layer merupakan struktur dasar dalam *neural network*, ini adalah lapisan di mana semua neuron terhubung satu sama lain. Lapisan ini menggunakan fungsi aktivasi *softmax* pada lapisan *output* untuk tujuan klasifikasi. (Gunawan & Setiawan, 2022). Model *fully connected layer* ditunjukkan pada Gambar 2.9.



Gambar 2.9. *Fully Connected Layer*

Fully Connected Layer juga dikenal sebagai *dense layer* bertanggung jawab untuk menghubungkan setiap neuron dari lapisan sebelumnya dengan setiap neuron dari lapisan berikutnya, menciptakan koneksi penuh atau lengkap antar-neuron. Setiap neuron menerima input dari setiap neuron pada lapisan sebelumnya. Ini

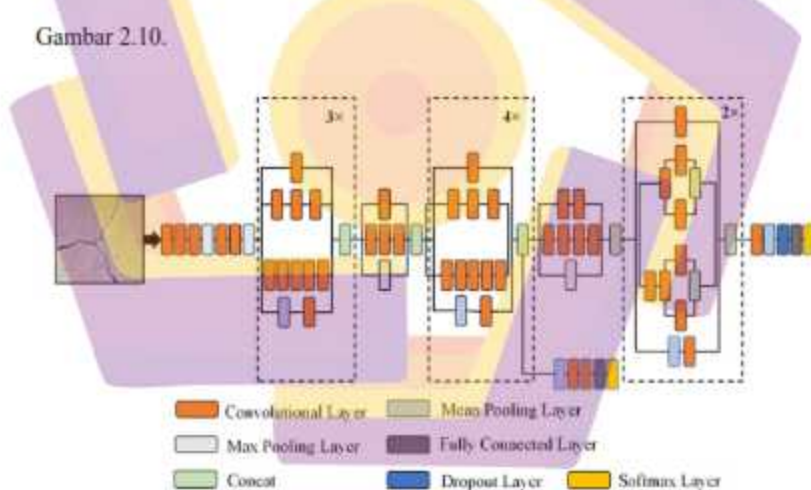
berarti setiap neuron di layer ini terhubung ke semua neuron pada lapisan sebelumnya. Setiap koneksi diisi dengan bobot yang akan diubah selama proses pelatihan untuk mempelajari pola-pola yang ada dalam data. *Fully Connected Layer* biasanya terletak di akhir jaringan CNN, setelah serangkaian lapisan konvolusi dan pooling yang digunakan untuk mengekstraksi fitur. Tahap ini, representasi fitur yang dihasilkan dari lapisan-lapisan sebelumnya diubah menjadi vektor fitur tunggal yang dapat digunakan untuk klasifikasi atau tugas lainnya. Dengan menggunakan *Fully Connected Layer*, jaringan dapat memproses dan memahami informasi secara global, memungkinkan untuk pengambilan keputusan akhir berdasarkan fitur-fitur yang telah dipelajari selama proses pelatihan.

2.3.7. InceptionV3

InceptionV3 merupakan sebuah model arsitektur yang menggunakan pendekatan multi-cabang dengan berbagai ukuran filter untuk menangkap informasi pada skala spasial yang berbeda. Hal ini memungkinkan jaringan untuk mengekstrak fitur lokal dan global secara efektif. Model ini terdiri dari modul Inception, yang merupakan blok bangunan dasar dari arsitektur tersebut. Setiap modul Inception terdiri dari cabang konvolusional paralel dengan ukuran filter yang berbeda. Cabang-cabang ini menangkap informasi pada skala yang berbeda dan memprosesnya secara paralel. Untuk hasil keluaran dari cabang-cabang ini digabungkan sepanjang dimensi saluran untuk membentuk keluaran dari modul tersebut. Selain itu, Inception V3 juga menyertakan klasifikasi tambahan pada

tahap-tahap intermediate dari jaringan untuk mendorong aliran gradien dan memberikan regularisasi (Sulaiman et al., 2023).

Model pra-pelatihan Inception-V3 yang diusulkan oleh (Szegedy, Vanhoucke, et al., 2016) terdiri dari lebih dari 20 juta parameter, dan telah dilatih oleh salah satu pakar perangkat keras terbaik di industri. Model itu sendiri terdiri dari blok bangunan simetris dan asimetris, di mana setiap blok terdiri dari berbagai *convolutional*, *average*, *max pooling*, *concat*, *dropouts*, dan lapisan yang terhubung sepenuhnya. Selain itu, normalisasi *batch* umumnya digunakan dan diterapkan pada masukan lapisan aktivasi ke dalam model ini. Klasifikasi dilakukan dengan menggunakan *Softmax*. Diagram model Inception-V3 ditunjukkan pada Gambar 2.10.

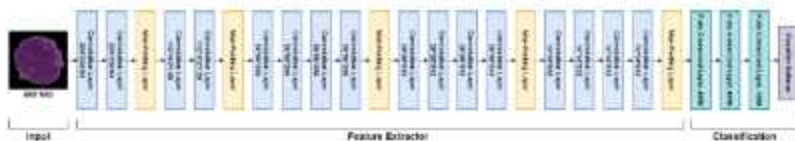


Gambar 2.10. Model Arsitektur InceptionV3

2.3.8. VGG19

Model arsitektur VGG19 yang diusulkan oleh (Simonyan & Zisserman, 2014) terdiri dari 19 layer (16 *Convolutional Layer* dan 3 *Fully Connected Layer* dengan ukuran filter 3×3 , dan ukuran *padding* dan *stride* 1 piksel). Ukuran kernel yang kecil mengurangi jumlah parameter, dan memungkinkannya menutupi seluruh gambar. Dalam model VGG19, operasi penyatuan maks 2×2 dengan 2 *stride* dilakukan. Model ini menduduki peringkat kedua dalam klasifikasi dan *positioning* pertama di ILSVRC 2014, dengan total 138 juta parameter. VGGNet memperkuat konsep bahwa CNN harus memiliki jaringan lapisan dalam, sehingga data visual dapat diinterpretasikan secara hirarki (Ali et al., 2021).

Ekstraksi fitur yang dilakukan pada VGG19 dengan mengalirkan gambar melalui serangkaian lapisan konvolusional dan pooling. VGG19 terdiri dari 19 lapisan, di mana lapisan-lapisan awal bertanggung jawab untuk menangkap fitur-fitur sederhana seperti tepi atau sudut, sementara lapisan-lapisan akhir dapat menangkap fitur-fitur kompleks yang lebih abstrak. Hasil dari lapisan-lapisan akhir ini disebut sebagai representasi fitur atau vektor fitur, yang menggambarkan gambar dalam bentuk ruang fitur yang tinggi. Model arsitektur VGG19 ditunjukkan pada Gambar 2.11.

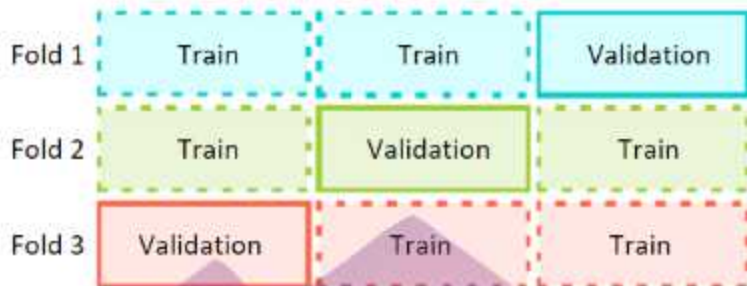


Gambar 2.11. Model Arsitektur VGG19

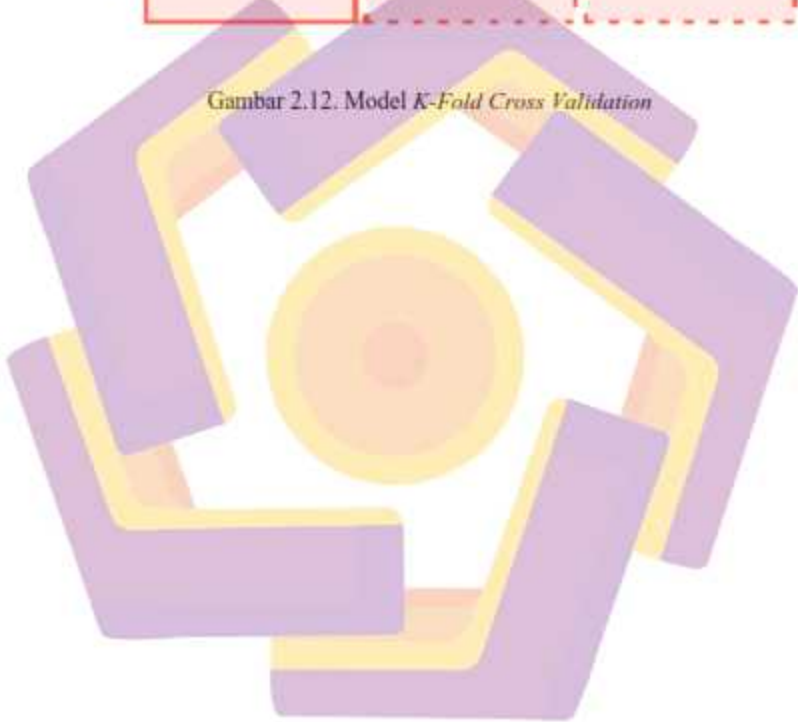
2.3.9. K-Fold Cross Validation

Cross Validation merupakan metode untuk mengevaluasi sejauh mana hasil analisis statistik dapat diterapkan pada kumpulan data yang terpisah dan independen (Azis et al., 2020). Tujuan dari *cross validation* adalah untuk mengukur sejauh mana model tersebut dapat digeneralisasi ke data baru yang belum pernah dilihat sebelumnya. *Cross Validation* melibatkan pemilihan sampel acak yang disusun secara stratifikasi, yang berarti bahwa pengambilan sampel dilakukan sedemikian rupa sehingga proporsi kelas di setiap subset mencerminkan proporsi di set data pembelajaran. Untuk pengambilan sampel acak yang dilakukan tanpa stratifikasi, maka beberapa set validasi hanya mengandung kasus positif (atau hanya kasus negatif). Hal tersebut dapat mengakibatkan hasil pengujian yang tidak akurat dan tidak dapat diandalkan untuk model, karena tidak diuji secara memadai pada kedua kelas tersebut (Berrar, 2019).

K-Fold Cross Validation merupakan metode yang penting dalam pengembangan model untuk memastikan keandalan dan generalisasi pada model. Metode cross-validation yang sering diterapkan adalah *K-Fold Cross Validation*, yang secara umum menghasilkan model yang lebih tidak bias (Widyaningsih et al., 2021). Proses *K-Fold Cross Validation* yaitu dataset dibagi menjadi K bagian seukuran yang sama. Proses ini diulangi K-kali, di mana setiap kali salah satu *fold* berfungsi sebagai data uji dan *K-Fold* lainnya digunakan sebagai data latih (Duran-Lopez et al., 2020). Model *K-Fold Cross Validation* ditunjukkan pada Gambar 2.12.



Gambar 2.12. Model *K-Fold Cross Validation*



BAB III

METODE PENELITIAN

3.1. Jenis, Sifat, dan Pendekatan Penelitian

Menurut (Sugiyono, 2017), metode penelitian kuantitatif dapat diartikan sebagai metode penelitian berdasarkan filosofi positivisme, digunakan untuk mempelajari populasi atau sampel tertentu, alat penelitian digunakan dalam pengumpulan data, analisis data bersifat kuantitatif/statistik, tujuannya adalah untuk menguji hipotesis yang telah dikonfirmasi. Dari pernyataan tersebut, jenis penelitian ini dapat dimasukkan ke dalam kategori penelitian kuantitatif sebab pada dasarnya penelitian ini melakukan analisis data hingga menguji hipotesis yang telah ditetapkan sebelumnya. Sifat penelitian yang dilakukan termasuk ke dalam penelitian komputasi eksperimental dengan melakukan pengujian terhadap performa model InceptionV3 dan VGG19 dalam melakukan identifikasi leukemia.

3.2. Metode Pengumpulan Data

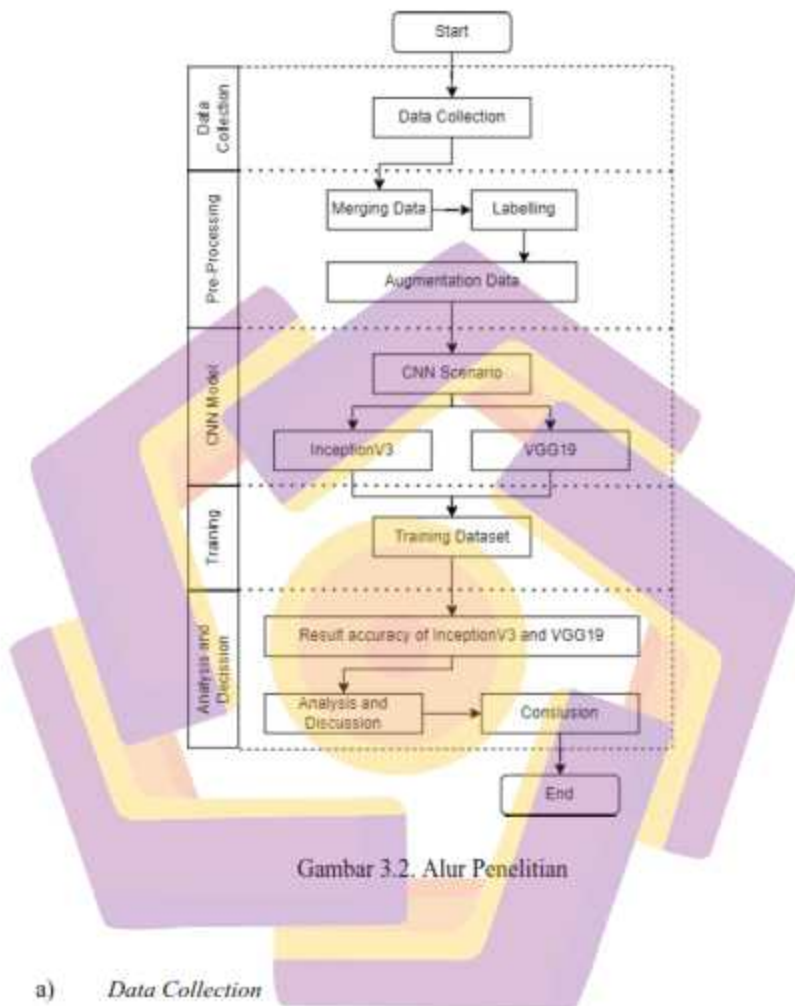
Metode pengumpulan data dalam penelitian ini mencakup dua pendekatan: observasi dan studi pustaka. Dalam tahap observasi, peneliti melakukan pemeriksaan terhadap berbagai artikel terkait penelitian. Sementara itu, dalam studi pustaka, peneliti mengkaji secara mendalam artikel-artikel yang terfokus pada jenis leukemia ALL.

3.3. Metode Analisis Data

Metode analisis data dari hasil penelitian bersifat kuantitatif. Jenis statistik untuk menampilkan hasil penelitian menggunakan statistik deskriptif. Penyajian data dalam statistik deskriptif dapat berupa tabel, grafik, diagram lingkaran, pictogram, perhitungan modus, median, mean, perhitungan desil, persentil, perhitungan penyebaran data, dan perhitungan prosentase. Penelitian ini melakukan analisa perbandingan performa dalam penerapan model CNN pada InceptionV3 dan VGG19 yang menghasilkan perolehan data berupa persentase akurasi dari kedua arsitektur tersebut.

3.4. Alur Penelitian

Pada penelitian (Ha et al., 2018), terdapat empat tahapan pada alur penelitian mereka yaitu *data collection*, *data preprocessing*, *model development*, dan *knowledge extraction*. Dalam penelitian lainnya yang dilakukan (Yu et al., 2020), terdapat lima tahapan pada alur penelitian mereka yaitu *data acquisition*, *preprocessing*, *deep learning model training*, *positioning classification*, dan *post-processing*. Melalui kedua penelitian tersebut dapat dilihat bahwa tahapan alur penelitian bersifat subjektif didasarkan pada proses atau alur penelitian yang dikerjakan oleh peneliti tersebut. Pada penelitian ini, peneliti mengusulkan tahapan pada alur penelitian yang terdiri dari lima tahapan berupa *data collection*, *pre-processing*, *CNN model*, *training*, dan *analysis and decision*. Tahapan tersebut dapat dilihat pada gambar 3.2. dengan rincian alur sebagai berikut:



Dataset yang digunakan bernama C-NMC_Leukemia dataset yang didapatkan dari The Cancer Imaging Archive (TCIA) yang memiliki 15.135 gambar dari 118 pasien yang berlabel *normal cell* dan *leukemia blast*.

b) *Pre-Processing*

Pada tahap ini, terdapat beberapa proses yang dilakukan yaitu mulai dari *merging data*, *labelling*, dan *augmentation data* sehingga bisa dilanjutkan kedalam proses selanjutnya yaitu membuat skenario CNN.

i. *Merging Data*

Merging data dilakukan untuk menggabungkan data yang ada pada dataset C-NMC_Leukemia. Tujuan dilakukan penggabungan data pada penelitian ini sebab dalam dataset C-NMC_Leukemia memiliki dataset yang sudah terbagi-bagi sehingga dalam proses ini diperlukan *merging* untuk menggabungkan dataset tersebut.

ii. *Labelling*

Pemberian label dilakukan pada data gambar sel darah putih yang telah dikumpulkan, kemudian diberi label sesuai dengan informasi gambar. Label yang dilakukan pada penelitian ini adalah label untuk gambar sel darah putih berdasarkan pasien yang berlabel *normal cell* dan *leukemia blast*.

iii. *Augmentation Data*

Augmentasi data yang dilakukan dengan memodifikasi citra asli dengan mengubah bentuk ataupun posisinya. Tujuan dilakukan augmentasi data adalah dapat meningkatkan performa dari model sebab mesin akan dapat mengenali lebih banyak objek dari bentuk dan pola yang beragam jenisnya. Data yang diaugmentasi pada penelitian ini akan melakukan

perubahan kecerahan pada gambar seperti rotasi, saturasi, kontras, kecerahan, dan *cropping* pada gambar.

c) CNN model

Karena jenis penelitian ini bersifat eksperimen maka alur penelitian ini disediakan langkah skenario dimana tujuannya untuk mengetahui akurasi terbaik dengan menggunakan algoritma CNN dari arsitektur InceptionV3 dan VGG19.

d) *Training*

Setelah menentukan skenario menggunakan InceptionV3 dan VGG19 kita mulai melakukan percobaan menggunakan dataset gambar sel darah putih yang telah dipersiapkan sebelumnya. *Training data* bertujuan untuk melatih algoritma yang sesuai agar dapat menghasilkan nilai akurasi yang lebih baik.

e) *Analysis and Decision*

Tahap ini merupakan tahap untuk melakukan evaluasi berdasarkan tahap pelatihan yang bertujuan untuk mengetahui performa pada arsitektur InceptionV3 dan VGG19 dengan membandingkan akurasi dari kedua arsitektur tersebut. Kemudian dilanjutkan dengan analisa dan pemberian kesimpulan terhadap percobaan yang telah dilakukan.

BAB IV

HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

4.1. Pengumpulan Data

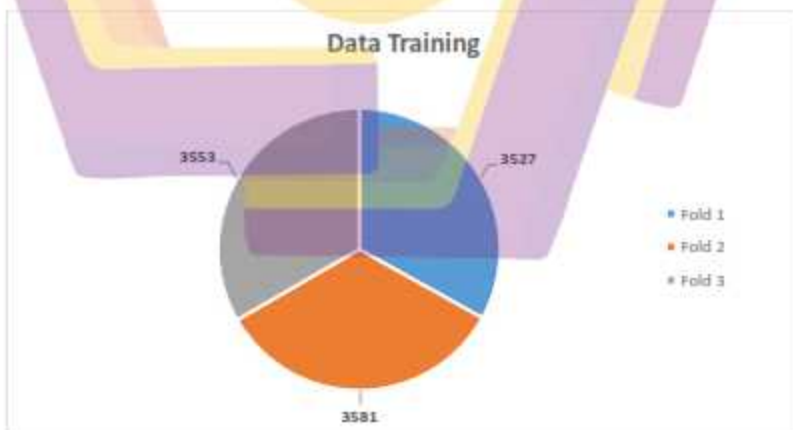
Dataset yang diperoleh peneliti didapatkan dari *The Cancer Imaging Archive* (TCIA) yang merupakan layanan yang menyimpan gambar medis kanker besar yang tersedia untuk umum (Clark et al., 2013). Dataset yang digunakan adalah dataset terhadap kasus ALL yang memiliki 15.135 gambar dari 118 pasien yang berlabel *normal cell* dan *leukemia blast* (Gupta & Gupta, 2019). Dataset yang digunakan bernama C-NMC_Leukemia yang merupakan hasil dari citra mikroskopik sel darah putih yang berjenis *limfoblast* dengan format bitmap (bmp) dan dimensi 450 x 450 Pixel pada setiap gambar.

Dataset yang digunakan telah digunakan oleh beberapa penelitian sebelumnya diantaranya (Shawly & Alsheikhy, 2022), (Mauricio de Oliveira & Dantas, 2021), dan (Abir et al., 2022). Dataset tersebut memiliki persebaran yang terbagi menjadi 3 set utama yaitu Set Pelatihan (*Data Training*) yang berisi sekitar 10.661 gambar, Set Pengujian (*Data Testing*) yang berisi sekitar 2.586 gambar, dan Set Validasi (*Data Validation*) yang berisi sekitar 1.867 gambar. Persebaran dataset yang digunakan dapat dilihat pada Gambar 4.1.



Gambar 4.1. Persebaran Dataset

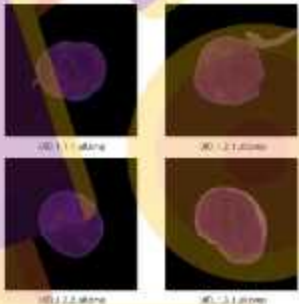
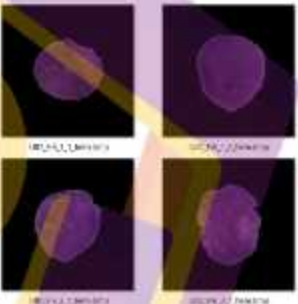
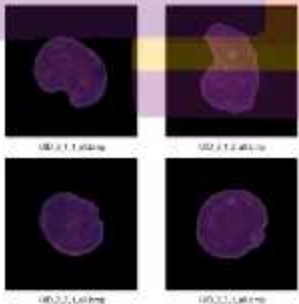
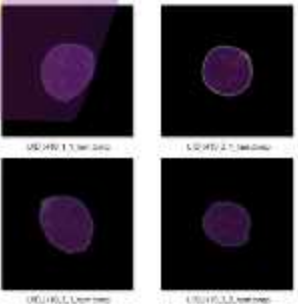
Data yang ada pada data latih, kemudian terbagi menjadi tiga *fold*. Dalam *Fold 1* memiliki 3.527 gambar, *Fold 2* memiliki 3.581 gambar, dan *Fold 3* memiliki 3.553 gambar. Informasi detail mengenai pembagian data latih yang digunakan dapat dilihat pada Gambar 4.2.



Gambar 4.2. Pembagian *Training Dataset*

Tabel 4.1. menampilkan sampel dari persebaran dataset training yang digunakan sebelum masuk ke tahap preprocessing data, dengan rasio perbandingan data sebesar 70% pada data training, 15% pada data testing, dan 15% pada data validasi. Setelah data terkumpul, langkah selanjutnya adalah membuat model klasifikasi. Dalam proses ini digunakan dua arsitektur CNN yaitu InceptionV3 dan VGG19, yang digabungkan dengan teknik *preprocessing* dan augmentasi data untuk memperoleh hasil terbaik dari percobaan skenario.

Tabel 4.1. Tampilan *Training Dataset*

Fold	ALL	hem
Fold 1	 Jumlah Data: 2.357	 Jumlah Data: 1.130
Fold 2	 Jumlah Data: 2.418	 Jumlah Data: 1.163

dan 1.130 gambar hem, *Fold 2* memiliki 2.418 gambar ALL dan 1.163 gambar hem, dan *Fold 3* memiliki 2.457 gambar ALL dan 1.096 gambar hem.

```
A=[]
H=[]

A.extend(train_dataset_0_all)
A.extend(train_dataset_1_all)
A.extend(train_dataset_2_all)

H.extend(train_dataset_0_hem)
H.extend(train_dataset_1_hem)
H.extend(train_dataset_2_hem)
```

Gambar 4.3. Sintaks *Merging Data*

Gambar 4.3. merupakan sintaks *merging data*, dibuat dua list kosong dengan variabel “A” untuk dataset ALL dan “H” untuk dataset hem yang akan digunakan untuk menyimpan data. Kemudian fungsi *extend* akan mengambil data dan menambahkannya ke dalam list A dan list H. Sehingga dataset untuk setiap *fold* akan tergabung menjadi satu list masing-masing.

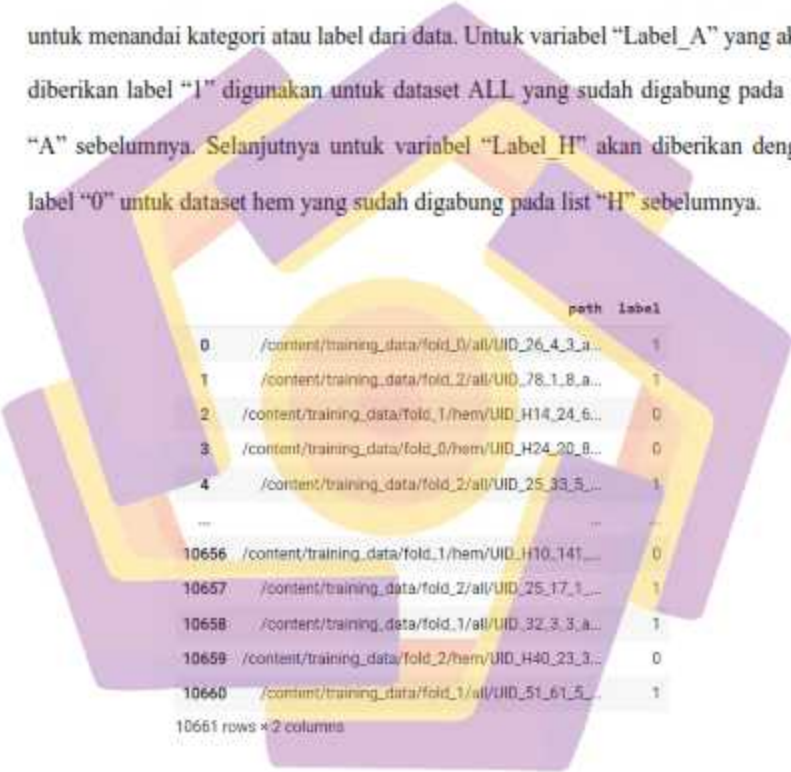
4.2.2. Labelling data

Labelling data yang dilakukan dengan menandai label pada setiap dataset dalam memberikan informasi atau kategori dari data ALL dan data hem untuk setiap dataset yang ada. Tujuannya adalah agar pembelajaran mesin dapat memahami dan membedakan setiap contoh data berdasarkan kriteria atau kategori yang ditetapkan.

```
Label_A = [1]*len(A)
Label_H = [0]*len(H)
```

Gambar 4.4. Sintaks *Labelling*

Sintaks pada Gambar 4.4. akan membuat variabel baru yang digunakan untuk menandai kategori atau label dari data. Untuk variabel “Label_A” yang akan diberikan label “1” digunakan untuk dataset ALL yang sudah digabung pada list “A” sebelumnya. Selanjutnya untuk variabel “Label H” akan diberikan dengan label “0” untuk dataset hem yang sudah digabung pada list “H” sebelumnya.



	path	label
0	/content/training_data/fold_0/all/UID_26_4_3_a...	1
1	/content/training_data/fold_2/all/UID_78_1_8_a...	1
2	/content/training_data/fold_1/hem/UID_H14_24_6...	0
3	/content/training_data/fold_0/hem/UID_H24_20_8...	0
4	/content/training_data/fold_2/all/UID_25_33_5...	1
...	...	...
10656	/content/training_data/fold_1/hem/UID_H10_141...	0
10657	/content/training_data/fold_2/all/UID_25_17_1...	1
10658	/content/training_data/fold_1/all/UID_32_3_3_a...	1
10659	/content/training_data/fold_2/hem/UID_H40_23_3...	0
10660	/content/training_data/fold_1/all/UID_51_61_5...	1

10661 rows x 2 columns

Gambar 4.5. Hasil Dataset *Merging* dan *Labelling*

Gambar 4.5. menampilkan tabel hasil penggabungan dari *merging* dan *labelling* dataset yang telah dilakukan sebelumnya. Hasil yang ditampilkan adalah sebuah *dataframe* yang berisi dua kolom, yaitu kolom “path” yang berisi lokasi dari data file itu berada dan kolom “label” yang berisi label untuk setiap data.

4.2.3. Augmentation data

Augmentasi data yang dilakukan adalah dengan memodifikasi citra asli dengan mengubah operasi pengolahan pada data gambar seperti *flip*, *spatial*, *rotate*, *pixel*, *shear*, dan *crop*. Tujuan dilakukan augmentasi data adalah agar model mampu mengenali variasi yang lebih besar terhadap objek atau pola dalam berbagai bentuk yang beragam jenisnya.

```
p_spatial = tf.random.uniform([], 0, 1.0, dtype=tf.float32)
p_rotate = tf.random.uniform([], 0, 1.0, dtype=tf.float32)
p_pixel = tf.random.uniform([], 0, 1.0, dtype=tf.float32)
p_shear = tf.random.uniform([], 0, 1.0, dtype=tf.float32)
p_crop = tf.random.uniform([], 0, 1.0, dtype=tf.float32)

image = tf.image.random_flip_up_down(image)
image = tf.image.random_flip_left_right(image)
```

Gambar 4.6. Sintaks *Augmentation*

Sintaks pada Gambar 4.6. menggunakan fungsi *tf.random.uniform* dalam *TensorFlow* untuk menghasilkan nilai acak antara 0 dan 1 dengan tipe data *float32* dari distribusi seragam (distribusi probabilitas), di mana setiap nilai dalam rentang tertentu memiliki probabilitas yang sama untuk muncul. Fungsi ini digunakan dalam pembuatan model pembelajaran mesin, terutama dalam inisialisasi bobot atau bias awal secara acak, atau dalam implementasi berbagai teknik dalam algoritma pembelajaran mesin.

Dalam penelitian ini, terdapat beberapa parameter yang digunakan dalam melakukan augmentasi data. Pertama, *p_spatial* digunakan sebagai probabilitas untuk menentukan apakah akan diterapkan augmentasi spasial pada gambar.

Kemudian, *p_rotate* digunakan untuk menentukan apakah akan dilakukan rotasi pada gambar. Berikutnya, *p_pixel* digunakan untuk mengontrol beberapa jenis perubahan pada level piksel seperti saturasi, kontras, kecerahan, dll. Selanjutnya, *p_shear* digunakan untuk mengontrol pergeseran pada gambar. Untuk *p_crop* digunakan dalam menentukan apakah akan dilakukan augmentasi pada level *cropping* (memotong bagian dari gambar). Sementara, *random_flip_up_down* dan *random_flip_left_right* digunakan untuk secara acak melakukan *flip* (pemutaran) *vertical* dan *horizontal* terhadap gambar. Ini berarti gambar dapat diputar ke atas atau ke bawah ataupun ke kiri atau ke kanan dengan probabilitas tertentu, yang ditentukan oleh nilai yang dihasilkan oleh *p_spatial*.

Semakin banyak kumpulan data gambar yang dimiliki, sistem akan semakin kuat dan stabil dan kumpulan data yang besar juga membantu menghindari *overfitting*, karena jaringan memiliki lebih banyak data berbeda untuk dilatih. Berdasarkan hal tersebut, penelitian (Duran-Lopez et al., 2020) menggunakan teknik augmentasi data dengan parameter rotasi, *horizontal flip* dan *vertical flip* untuk meningkatkan jumlah gambar untuk langkah pelatihan, dan kasus lainnya. Augmentasi yang dilakukan dapat membantu mencegah *overfitting* dan model akan lebih mampu mengenali pola-pola yang konsisten di berbagai situasi atau sudut pandang.

4.3. Skenario Pengujian

Pada penelitian ini, skenario pengujian diterapkan pada dua arsitektur, yakni InceptionV3 dan VGG19. Masing-masing dari kedua arsitektur tersebut akan

dievaluasi dengan melakukan 50 epoch pada setiap foldnya, memungkinkan untuk analisis yang lebih baik tentang sejauh mana kinerja InceptionV3 dan VGG19. Pemilihan jumlah epoch (putaran) saat melatih model merupakan faktor penting dalam proses pelatihan. Jumlah epoch yang terlalu sedikit dapat menyebabkan model tidak dapat mempelajari pola yang kompleks dari data, sedangkan jumlah epoch yang terlalu banyak dapat menyebabkan model overfitting pada data pelatihan (Afaq & Rao, 2020). Berdasarkan hal tersebut, sebenarnya tidak ada aturan baku dalam memilih jumlah epoch, karena hal ini tergantung terhadap dataset, model, dan tujuan dari penelitian yang dibutuhkan.

Evaluasi yang dilakukan adalah dengan menggunakan *3-Fold cross validation*. Seluruh kumpulan data akan dibagi secara acak menjadi tiga bagian, di mana setiap kelas direpresentasikan dalam proporsi yang sama seperti pada kumpulan data asli. Setiap data akan dijalankan sebanyak tiga kali dengan kombinasi *data training* dan *data validation* yang berbeda. Performa dari ketiga *fold* dirata-ratakan untuk menghasilkan nilai akhir dari kinerja pengklasifikasian yang dilakukan dalam hal *accuracy*, *loss*, dan *f1_score*. Dalam penelitian (Crammer & Singer, 2001) menggunakan *5-Fold cross validation* untuk dataset yang besar dan *10-Fold cross validation* untuk dataset yang lebih sedikit. Menggunakan *k* yang lebih besar membutuhkan lebih banyak waktu dan sumber daya komputasi karena model harus dilatih dan diuji sebanyak *k* kali. Untuk skenario yang dilakukan adalah dengan menguji model yang menghasilkan akurasi tertinggi antara arsitektur InceptionV3 dan VGG19.

4.4. Pembahasan Hasil Penelitian

Bagian ini merupakan tahapan dari hasil pengujian data training yang bertujuan untuk mengetahui performa model InceptionV3 dan VGG19 dengan melihat keakuratan arsitekturnya. Dilanjutkan dengan menganalisis dan memberikan kesimpulan terhadap percobaan yang telah dilakukan.

4.4.1. Hasil Pengujian Pada Model InceptionV3



Gambar 4.7. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 1 InceptionV3

Gambar 4.7. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 1* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi loss sebesar 0.0982. Pada *fold 1* terjadi penurunan yang tidak signifikan nilai loss pada 15 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



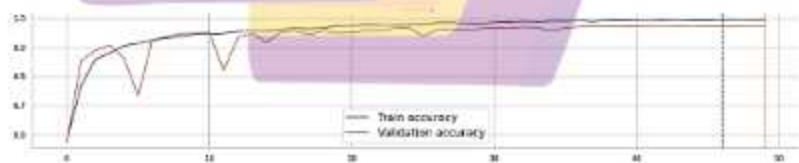
Gambar 4.8. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 2 InceptionV3

Gambar 4.8. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 2* dari model InceptionV3. Disini peneliti mendapatkan *early stopping* pada epoch 45, sehingga hasil yang diperoleh menunjukkan nilai validasi loss sebesar 0.0757. Untuk hasil pada *fold 2*, penurunan nilai loss yang terjadi pada *fold 1* mulai berkurang. Kemudian pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



Gambar 4.9. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 3 InceptionV3

Gambar 4.9. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 3* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi loss sebesar 0.1195. Untuk hasil pada *fold 3*, tidak terlalu terlihat kenaikan dan penurunan nilai loss yang terlalu signifikan. Selain itu, pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



Gambar 4.10. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 1 InceptionV3

Gambar 4.10. menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 1* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi akurasi sebesar 0.9741. Pada *fold 1* terjadi kenaikan dan penurunan nilai akurasi yang belum stabil pada 15 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



Gambar 4.11. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 2 InceptionV3

Gambar 4.11. menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 2* dari model InceptionV3. Sama seperti sebelumnya, pada *fold 2* disini peneliti mendapatkan early stopping pada epoch 45, sehingga hasil yang peroleh menunjukkan nilai validasi akurasi sebesar 0.9736. Pada *fold 2* sudah mulai menunjukkan nilai akurasi yang cukup stabil dibandingkan pada *fold 1*. Kemudian pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



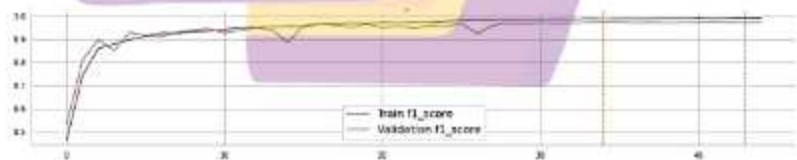
Gambar 4.12. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 3 InceptionV3

Gambar 4.12, menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 3* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi akurasi sebesar 0.9654. Untuk hasil pada *fold 3*, tidak terlalu terlihat kenaikan dan penurunan nilai akurasi yang terlalu signifikan. Selain itu, pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



Gambar 4.13. Grafik *f1_score* dan *Val_f1_score* Pada Fold 1 InceptionV3

Gambar 4.13, menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 1* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi *f1_score* sebesar 0.9740. Pada *fold 1* terjadi kenaikan dan penurunan nilai *f1_score* yang cukup signifikan pada 20 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi *f1_score*nya.



Gambar 4.14. Grafik *f1_score* dan *Val_f1_score* Pada Fold 2 InceptionV3

Gambar 4.14, menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 2* dari model InceptionV3. Sama seperti sebelumnya, pada *fold 2* disini peneliti mendapatkan early stopping pada epoch 45, sehingga hasil yang diperoleh menunjukkan nilai validasi *f1_score* sebesar 0.9735. Pada *fold 2* sudah mulai menunjukkan nilai *f1_score* yang cukup stabil dibandingkan pada *fold 1*. Kemudian pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi *f1_score*nya.



Gambar 4.15. Grafik *f1_score* dan *Val_f1_score* Pada Fold 3 InceptionV3

Gambar 4.15, menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 3* dari model InceptionV3. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi *f1_score* sebesar 0.9653. Untuk hasil pada *fold 3*, tidak terlalu terlihat kenaikan dan penurunan nilai *f1_score* yang terlalu signifikan. Selain itu, pada epoch 30 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi *f1_score*nya.

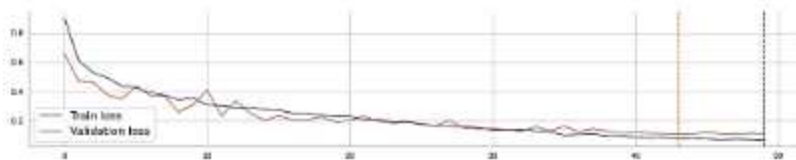
Dari ketiga *fold* yang telah dilakukan pada model InceptionV3, peneliti mendapatkan hasil akurasi tertinggi adalah sebesar 0.9741 pada *fold 1*, hasil loss terendah sebesar 0.0757 pada *fold 2*, dan hasil akurasi *f1_score* tertinggi sebesar 0.9740 pada *fold 1*. Untuk hasil rata-rata dari ketiga *fold* tersebut diperoleh akurasi sebesar 0.9710, dengan loss sebesar 0.0978, dan *f1_score* sebesar 0.9709. Hasil pengujian yang dilakukan terhadap model InceptionV3 dapat dilihat pada Tabel 4.2.

Tabel 4.2. Hasil Percobaan InceptionV3

Hasil Percobaan							
Fold	Time (s)	Loss	Accuracy	f1_score	Val Loss	Val Accuracy	Val f1_score
1	1949	0.0168	0.9939	0.9940	0.0982	0.9741	0.9740
2	1787	0.0222	0.9930	0.9930	0.0757	0.9736	0.9735
3	1964	0.0170	0.9947	0.9947	0.1195	0.9654	0.9653

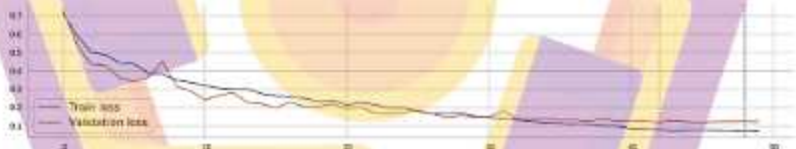
Hasil percobaan yang dilakukan pada InceptionV3 sudah cukup stabil untuk setiap foldnya, dapat dilihat dari hasil akurasi dan loss yang konsisten di seluruh fold. Hal ini menunjukkan bahwa pengujian yang dilakukan dengan menggunakan arsitektur InceptionV3 memiliki keefektifan pada akurasi yang tinggi dalam melakukan pengklasifikasian citra (Joshi et al., 2020). Hal tersebut terjadi karena arsitektur InceptionV3 dapat mengenali pola dan objek pada skala yang berbeda dengan lebih baik. Selain itu pendekatan transfer learning yang digunakan untuk melakukan pelatihan pada InceptionV3, menghasilkan kinerja yang baik dibandingkan model lainnya (Ahmed et al., 2023).

4.4.2. Hasil Pengujian Pada Model VGG19



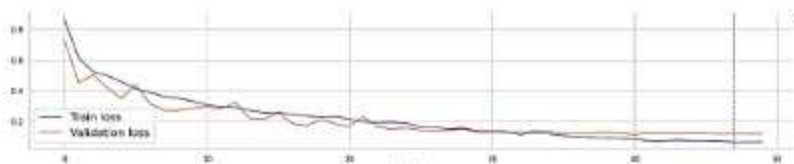
Gambar 4.16. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 1 VGG19

Pada Gambar 4.16. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 1* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi loss sebesar 0.1117. Pada *fold 1* terjadi penurunan yang tidak signifikan nilai loss pada 10 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



Gambar 4.17. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 2 VGG19

Pada Gambar 4.17. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 2* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi loss sebesar 0.1223. Untuk hasil pada *fold 2*, penurunan nilai loss yang terjadi pada *fold 1* mulai berkurang. Kemudian juga pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



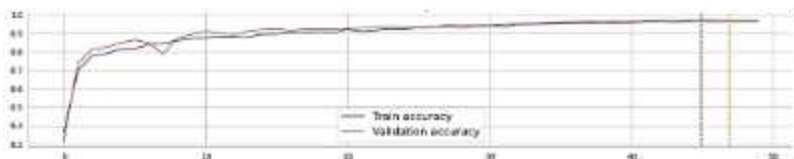
Gambar 4.18. Grafik Loss dan Val_Loss Pada Fold 3 VGG19

Pada Gambar 4.18. menampilkan grafik dari *Train Loss* dan *Validation Loss* yang dilakukan pada *fold 3* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi loss sebesar 0.1174. Untuk hasil pada *fold 3*, tidak terlalu terlihat kenaikan dan penurunan nilai loss yang terlalu signifikan. Selain itu, pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi lossnya.



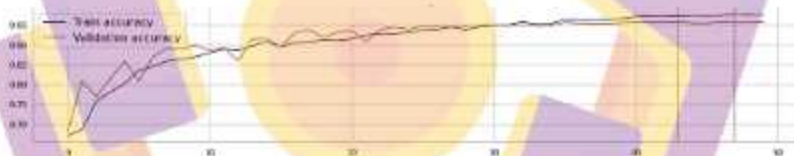
Gambar 4.19. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 1 VGG19

Pada Gambar 4.19. menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 1* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi akurasi sebesar 0.9634. Pada *fold 1* terjadi kenaikan dan penurunan nilai akurasi yang belum stabil pada 20 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



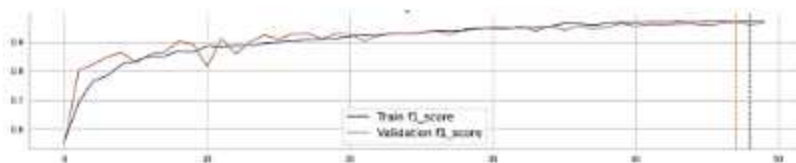
Gambar 4.20. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 2 VGG19

Pada Gambar 4.20. menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 2* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi akurasi sebesar 0.9617. Pada *fold 2* sudah mulai menunjukkan nilai akurasi yang cukup stabil dibandingkan pada *fold 1*. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



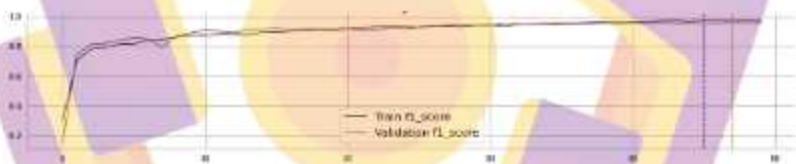
Gambar 4.21. Grafik Accuracy dan Val_Accuracy Pada Fold 3 VGG19

Pada Gambar 4.21. menampilkan grafik dari *Train Accuracy* dan *Validation Accuracy* yang dilakukan pada *fold 3* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi akurasi sebesar 0.9578. Untuk hasil pada *fold 3*, terlihat kenaikan dan penurunan nilai akurasi kembali. Namun, pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.



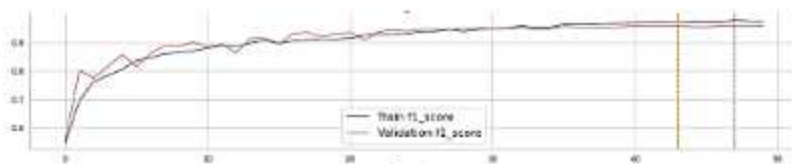
Gambar 4.22. Grafik $f1_score$ dan Val_f1_score Pada Fold 1 VGG19

Pada Gambar 4.22. menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 1* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi $f1_score$ sebesar 0.9634. Pada *fold 1* terjadi kenaikan dan penurunan nilai $f1_score$ yang cukup signifikan pada 20 epoch pertama. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi $f1_score$ nya.



Gambar 4.23. Grafik $f1_score$ dan Val_f1_score Pada Fold 2 VGG19

Pada Gambar 4.23. menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 2* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi $f1_score$ sebesar 0.9617. Pada *fold 2* sudah mulai menunjukkan nilai $f1_score$ yang cukup stabil dibandingkan pada *fold 1*. Kemudian pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi $f1_score$ nya.



Gambar 4.24. Grafik $f1_score$ dan Val_f1_score Pada Fold 3 VGG19

Pada Gambar 4.24. menampilkan grafik dari *Train f1_score* dan *Validation f1_score* yang dilakukan pada *fold 3* dari model VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa pada epoch 50 mendapatkan hasil nilai validasi $f1_score$ sebesar 0.9578. Untuk hasil pada *fold 3*, terlihat kenaikan dan penurunan nilai akurasi kembali. Namun, pada epoch 40 keatas grafik sudah mulai menunjukkan kestabilan pada nilai validasi akurasinya.

Dari ketiga *fold* yang telah dilakukan pada model VGG19, peneliti mendapatkan hasil akurasi tertinggi adalah sebesar 0.9634 pada *fold 1*, hasil loss terendah sebesar 0.1117 pada *fold 1*, dan hasil akurasi $f1_score$ tertinggi sebesar 0.9634 pada *fold 1*. Untuk hasil rata-rata dari ketiga *fold* tersebut diperoleh akurasi sebesar 0.9609, dengan loss sebesar 0.1171, dan $f1_score$ sebesar 0.9609. Hasil pengujian yang dilakukan terhadap model VGG19 dapat dilihat pada Tabel 4.3.

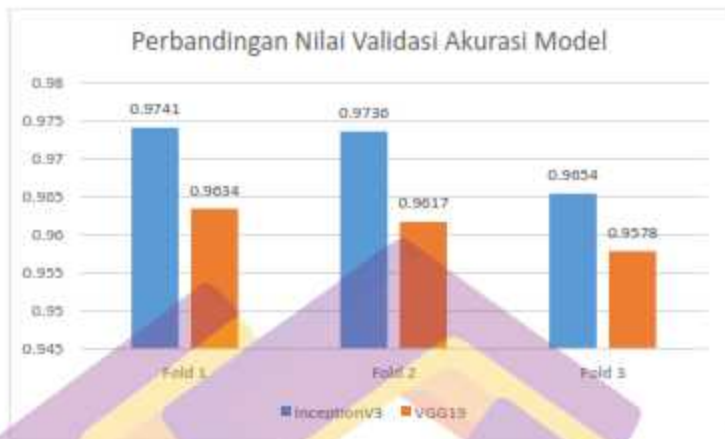
Tabel 4.3. Hasil Percobaan VGG19

Hasil Percobaan							
Fold	Time (s)	Loss	Accuracy	$f1_score$	Val Loss	Val Accuracy	Val $f1_score$
1	3675	0.0661	0.9744	0.9745	0.1117	0.9634	0.9634
2	3677	0.0699	0.9730	0.9731	0.1223	0.9617	0.9617
3	3668	0.0662	0.9749	0.9750	0.1174	0.9578	0.9578

Berdasarkan eksperimen yang telah dilakukan pada model VGG19 menunjukkan bahwa nilai akurasi dan nilai loss yang dihasilkan tidak mengalami kenaikan atau penurunan yang signifikan. Hal ini tergambar dari konsistensi akurasi dan nilai loss yang tetap terjaga sepanjang seluruh proses fold. Hal tersebut dapat dilihat dari model VGG19 dimana arsitektur model tersebut menggunakan serangkaian lapisan konvolusi berturut-turut yang dapat menangkap detail halus dari gambar. Karena struktur layer yang ada pada VGG19 cenderung lebih baik dalam mengatasi *overfitting* pada dataset yang besar.

4.4.3. Perbandingan Model InceptionV3 dan VGG19

Dalam penelitian ini, akurasi merupakan metrik evaluasi yang penting dalam menilai kinerja suatu model dalam tugas klasifikasi. Akurasi memungkinkan pengukuran sejauh mana model dapat melakukan klasifikasi data dengan tepat dan juga mengevaluasi seberapa baik model dapat memprediksi data atau objek baru. Bagian ini menampilkan hasil perbandingan hasil kinerja model InceptionV3 dan VGG19 dalam melakukan pengklasifikasian data menggunakan nilai validasi akurasi. Tujuan dilakukan perbandingan adalah untuk mengevaluasi dan membandingkan kinerja arsitektur atau konfigurasi CNN dalam tugas klasifikasi tertentu. Dengan membandingkan nilai akurasi model, kita dapat mengidentifikasi model mana yang paling efektif atau optimal dalam mengenali pola atau fitur pada data.



Gambar 4.24. Perbandingan Nilai Validasi Akurasi Model

Pada Gambar 4.24, menampilkan diagram perbandingan nilai validasi akurasi dari model InceptionV3 dan VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa nilai validasi akurasi yang didapatkan oleh model InceptionV3 pada setiap *fold* cenderung lebih tinggi dibandingkan dengan model VGG19. Untuk hasil nilai tertinggi didapatkan pada *fold 1* dengan perbandingan nilai pada InceptionV3 sebesar 0.9741 dan VGG19 sebesar 0.9634. Dari hasil grafik yang ditampilkan, menunjukkan bahwa model InceptionV3 memberikan hasil akurasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan VGG19. Hal tersebut dikarenakan model InceptionV3 tergolong arsitektur yang kompleks dan dirancang untuk menangani berbagai tingkat kompleksitas dalam citra (Szegedy, Ioffe, et al., 2016). Hal ini dicapai dengan penggunaan modul Inception yang terdiri dari beberapa lapisan konvolusi yang beroperasi secara paralel. Setiap lapisan konvolusi memiliki ukuran filter yang berbeda, seperti 1x1, 3x3, dan 5x5. Kemudian, hasilnya digabungkan secara paralel.

Hal ini memungkinkan jaringan untuk belajar dan mengekstrak fitur dari berbagai skala dan tingkat kompleksitas.

Selanjutnya, bagian ini menampilkan hasil perbandingan terhadap nilai loss/error model InceptionV3 dan VGG19 dalam melakukan pengklasifikasian data. Loss merupakan metrik evaluasi yang digunakan untuk mengukur seberapa besar kesalahan atau perbedaan antara prediksi model dan nilai sebenarnya dari data. Tujuan dilakukan perbandingan nilai loss adalah untuk memberikan gambaran tentang seberapa baik model CNN dapat memahami dan memodelkan hubungan antara data masukan dan hasil yang diharapkan.



Gambar 4.25. Perbandingan Nilai Validasi Loss Model

Pada Gambar 4.25. menampilkan diagram perbandingan nilai validasi loss dari model InceptionV3 dan VGG19. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa nilai validasi loss terendah yang didapatkan oleh model InceptionV3 adalah pada *fold 2* dengan nilai sebesar 0.0757 dan nilai validasi loss terendah pada model VGG19 adalah pada *fold 1* dengan nilai sebesar 0.1117.

Nilai loss untuk kedua model tersebut cukup rendah yang berarti bahwa perbedaan antara prediksi yang dihasilkan oleh model dan nilai sebenarnya dari data adalah kecil. Dengan kata lain, model mampu memetakan *input* ke *output* dengan tingkat kesalahan yang minim. Sebuah nilai loss rendah menunjukkan bahwa model telah belajar dengan baik dari data pelatihan. Selain itu, model juga dapat melakukan prediksi dengan akurasi tinggi pada data baru atau yang belum pernah dilihat sebelumnya.

4.5. Perbandingan dengan Penelitian Terdahulu

Bagian ini dilakukan perbandingan dengan penelitian terdahulu untuk memahami dan menilai bagaimana hasil dari temuan yang sudah ada dibandingkan dengan penelitian yang telah dilakukan sebelumnya dalam bidang yang sama atau terkait. Hal ini dapat memberikan wawasan tentang apakah hasil yang telah dilakukan tersebut konsisten atau berbeda dari penelitian sebelumnya. Untuk mempermudah perbandingan dengan penelitian sebelumnya, referensi grafik perbandingan terdapat pada Gambar 4.26, yang mengilustrasikan perbandingan dengan penelitian sebelumnya terkait klasifikasi ALL dengan menggunakan dataset C-NMC_Leukemia.



Gambar 4.26. Perbandingan Nilai Akurasi dengan Penelitian Lain

Berdasarkan hasil dari 3 penelitian yang ditampilkan pada Gambar 4.26 diatas, penggunaan *K-Fold Cross Validation* pada evaluasi model yang digunakan memiliki pengaruh terhadap peningkatan akurasi klasifikasi yang dihasilkan. Penelitian yang dilakukan mengungguli nilai akurasi dari penelitian sebelumnya yang menggunakan arsitektur serupa yaitu InceptionV3 dengan dataset yang sama.

Penelitian yang dilakukan oleh (Sulaiman et al., 2023) memanfaatkan metode seleksi fitur menggunakan algoritma Random Forest untuk menentukan fitur-fitur khusus dari sekumpulan fitur yang telah diekstraksi. Selanjutnya fitur tersebut akan diklasifikasikan menggunakan 4 jenis *classifier* yaitu, Adaboost, Support Vector Machine (SVM), Artificial Neural Network (ANN), dan Naïve Bayes. Berdasarkan hasil eksperimen yang dilakukan, kombinasi yang memiliki hasil tertinggi adalah arsitektur InceptionV3 dengan menggunakan metode seleksi fitur menggunakan Random Forest dan *classifier* Support Vector Machine (SVM), dengan nilai tertinggi sebesar 84%. Dibandingkan dengan penggunaan *classifier*

lain yaitu Adaboost, ANN, serta Naïve Bayes dengan hasil masing-masing 80.4%, 81.5%, dan 70.5%.

Penelitian yang dilakukan oleh (Abir et al., 2022) melakukan implementasi dan membandingkan berbagai model transfer learning dari TensorFlow dalam tugas klasifikasi ALL dengan menggunakan model InceptionV3. InceptionV3 sendiri merupakan sebuah model deep learning yang telah dilatih sebelumnya, dan transfer learning untuk menyempurnakannya pada dataset leukemia, yang terdiri dari 15.114 gambar dari 118 pasien. Pada penelitian tersebut, model InceptionV3 berhasil mencapai akurasi validasi tertinggi sebesar 96,65%. Penelitian tersebut juga menggunakan metode yang bernama XAI. Metode tersebut berfungsi untuk menjelaskan fitur-fitur khusus dari gambar dalam dataset yang memengaruhi model dalam melakukan klasifikasi, mengamankan validitas serta keandalan dari model tersebut. Penelitian tersebut juga menerapkan LIME (*Local Interpretable Model-Agnostic Explanations*) untuk memberikan penjelasan terkait bagian tertentu dari gambar dalam dataset yang mempengaruhi model dalam mengklasifikasi, memastikan integritas serta keandalan dari model.

Berdasarkan penjelasan dari penelitian yang dijadikan perbandingan diatas dapat disimpulkan bahwa dataset yang digunakan memiliki kecocokan yang tinggi untuk melakukan klasifikasi leukemia yang berjenis ALL dengan menggunakan model InceptionV3. Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, hasil yang didapatkan menunjukkan peningkatan nilai akurasi sebesar 0.45% dari penelitian (Abir et al., 2022). InceptionV3 bersama dengan dataset yang relevan dapat menjadi alat yang baik dalam pengembangan model AI untuk mendukung diagnosis medis

pada kasus serupa di masa depan. Meskipun pada penelitian yang dilakukan memperoleh nilai akurasi yang cukup tinggi, akan tetapi masih terdapat sedikit penurunan pada kinerja model yang digunakan. Dimana penurunan tersebut berdampak pada terjadinya kesalahan dalam klasifikasi terhadap beberapa data yang digunakan.

Penurunan kinerja model pada data validasi dibandingkan dengan data latih merupakan salah satu masalah yang sering terjadi dalam analisis data. Hal ini dapat disebabkan oleh berbagai faktor, salah satu faktor utama yang dapat menyebabkan penurunan kinerja adalah ketidakseimbangan dalam data yang digunakan untuk pelatihan dan validasi terhadap model yang digunakan. Dimana ketidakseimbangan ini terjadi ketika proporsi atau frekuensi dari masing-masing kelas yang ada dalam data validasi tidak sebanding dengan data pelatihan. Dengan kata lain, distribusi kelas pada data validasi berbeda dengan data latih.

Pada penelitian yang dilakukan, terdapat dua kelas (ALL dan hem) yang digunakan dalam melakukan klasifikasi leukemia dengan data latih pada kelas ALL berjumlah sebanyak 7272 data dan pada kelas hem berjumlah sebanyak 3389 data, dengan total data yang dimiliki sebanyak 10661 data latih. Untuk data validasi yang digunakan berjumlah sebanyak 4453 data. Hal tersebut dapat mempengaruhi kinerja model, terutama jika satu kelas lebih dominan di data validasi, karena akurasi pada data validasi akan terpengaruh. Selain itu, ukuran data validasi yang terlalu kecil juga dapat menjadi faktor. Jika data validasi tidak mencakup variasi yang cukup dari data latih, performa model pada data validasi mungkin tidak mencerminkan kinerja sebenarnya dari model tersebut.

Kesalahan deteksi atau klasifikasi dapat terjadi dalam algoritma CNN pada penelitian AI di bidang medis, terutama pada klasifikasi leukemia ALL dan kondisi sehat, memiliki potensi untuk mengakibatkan konsekuensi serius terhadap kesejahteraan dan keselamatan manusia. Dalam situasi di mana algoritma CNN memberikan diagnosis yang salah terhadap kasus leukemia ALL, pasien dapat mengalami penundaan dalam menerima diagnosis yang tepat dan perawatan yang sesuai. Keterlambatan ini bisa mempengaruhi prognosis serta tingkat keberhasilan pengobatan. Selain itu, diagnosa yang tidak akurat juga dapat mengakibatkan pengobatan yang tidak tepat bahkan berbahaya bagi pasien. Oleh karena itu, mengingat dampak serius yang mungkin timbul, penting untuk melaksanakan proses validasi dan evaluasi yang cermat terhadap model AI, terutama di lingkungan medis. Diperlukan pengujian yang ketat, serta verifikasi oleh para ahli medis, selain itu implementasi mekanisme penanganan kesalahan yang memadai juga menjadi langkah penting untuk meminimalkan risiko kesalahan deteksi dalam penerapan AI di bidang medis.

BAB V

PENUTUP

5.1. Kesimpulan

Berdasarkan hasil pada percobaan yang telah dilakukan terhadap dua arsitektur yang digunakan dapat disimpulkan bahwa:

1. Metode Convolutional Neural Network (CNN) terutama pada arsitektur InceptionV3 dan VGG19 memiliki kemampuan dalam melakukan klasifikasi antara sel yang terjangkit Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) dan sel normal (hem) pada citra. CNN mampu memproses data citra dan mengidentifikasi pola-pola yang penting untuk mengklasifikasikan kedua kelas tersebut.
2. Dari penelitian yang telah dilakukan, hasil akurasi tertinggi yang berhasil didapatkan adalah sebesar 0.9741 dan nilai loss sebesar 0.0982 dengan menggunakan arsitektur InceptionV3. Hal tersebut dikarenakan InceptionV3 tergolong arsitektur yang kompleks dan memungkinkan jaringan untuk belajar serta mengekstrak fitur dari berbagai skala dan tingkat kompleksitas. Oleh sebab itu model InceptionV3 dapat mengenali pola dan objek pada skala yang berbeda dengan lebih baik. Ini menunjukkan bahwa InceptionV3 adalah pilihan yang lebih cocok untuk melakukan klasifikasi dengan hasil tingkat akurasi yang tinggi.

5.2. Saran

Adapun beberapa saran yang dapat direkomendasikan untuk penelitian selanjutnya pada topik penelitian yang sama adalah sebagai berikut.

1. Diharapkan pada penelitian kedepannya dapat memuat perbandingan model arsitektur dan skenario yang lebih banyak untuk diujikan, termasuk variasi parameter dan metode preprocessing data yang berbeda. Tujuannya adalah agar dapat menemukan perbandingan yang lebih luas dan bervariasi terhadap keefektifan dari setiap model dalam melakukan klasifikasi, terutama dalam mengidentifikasi penyakit ALL.
2. Dalam proses pengklasifikasi, disarankan untuk menampilkan kategori atau kelas yang lebih beragam dalam melakukan klasifikasi penyakit ALL. Selain itu, pada penelitian kedepannya perlu juga untuk memperluas cakupan perbandingan dataset Leukemia lainnya, agar dapat memberikan hasil perbandingan yang lebih beragam. Tujuannya agar dapat memberikan manfaat yang lebih besar dalam penanganan dan pengklasifikasian penyakit ALL.
3. Untuk mengembangkan penelitian yang telah dilakukan, diharapkan kedepannya dapat mempertimbangkan penggunaan balancing terhadap dataset C-NMC Leukemia yang digunakan. Hal tersebut bertujuan untuk menyeimbangkan distribusi dari berbagai kelas atau label yang ada pada dataset. Dengan melakukan hal tersebut, diharapkan model yang dikembangkan akan memberikan hasil prediksi yang lebih akurat untuk semua kelas, sehingga meningkatkan hasil analisis yang dilakukan.

DAFTAR PUSTAKA

PUSTAKA BUKU

- Bain, B. J., & Estcourt, L. (2013). FAB Classification of Leukemia. Brenner's Encyclopedia of Genetics: Second Edition, 5–7. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00515-5>
- Bhavsar, P., Safro, I., Bouaynaya, N., Polikar, R., & Dera, D. (2017). Machine Learning in Transportation Data Analytics. Data Analytics for Intelligent Transportation Systems, 283–307. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809715-1.00012-2>
- Deng, L. (2014). Deep Learning: Methods and Applications. Foundations and Trends® in Signal Processing, 7(3–4), 197–387. <https://doi.org/10.1561/20000000039>
- Kim, P. (2017). MATLAB Deep Learning. Apress. <https://doi.org/10.1007/978-1-4842-2845-6>
- Morrison C., H. C. S. (2012). Patients' Guide to Leukemia (Panduan untuk Penderita Leukemia). PT Indeks.
- Sugiyono. (2017). Metode Penelitian Kuantitatif, Kualitatif Dan R&D.

PUSTAKA MAJALAH, JURNAL ILMIAH ATAU PROSIDING

- Abir, W. H., Uddin, Md. F., Khanam, F. R., Tazin, T., Khan, M. M., Masud, M., & Aljahdali, S. (2022). Explainable AI in Diagnosing and Anticipating

- Leukemia Using Transfer Learning Method. *Computational Intelligence and Neuroscience*, 2022, 1–14. <https://doi.org/10.1155/2022/5140148>
- Afaq, S., & Rao, S. (2020). Significance Of Epochs On Training A Neural Network. *International Journal of Scientific & Technology Research*, 9(6), 485–488. www.ijstr.org
- Ahmed, M., Afreen, N., Ahmed, M., Sameer, M., & Ahamed, J. (2023). An inception V3 approach for malware classification using machine learning and transfer learning. *International Journal of Intelligent Networks*, 4, 11–18. <https://doi.org/10.1016/j.ijin.2022.11.005>
- Ahmed, Yigit, Isik, & Alpkocak. (2019). Identification of Leukemia Subtypes from Microscopic Images Using Convolutional Neural Network. *Diagnostics*, 9(3), 104. <https://doi.org/10.3390/diagnostics9030104>
- Akter Hossain, M., Islam Sabik, M., Muntasir, I., Muzahidul Islam, A. K. M., Islam, S., & Ahmed, A. (2020). Leukemia Detection Mechanism through Microscopic Image and ML Techniques. *2020 IEEE REGION 10 CONFERENCE (TENCON)*, 61–66. <https://doi.org/10.1109/TENCON50793.2020.9293925>
- Ali, L., Alnajjar, F., Jassmi, H. al, Gochoo, M., Khan, W., & Serhani, M. A. (2021). Performance evaluation of deep CNN-based crack detection and localization techniques for concrete structures. *Sensors*, 21(5), 1–22. <https://doi.org/10.3390/s21051688>

- Anilkumar, K. K., Manoj, V. J., & Sagi, T. M. (2022). Automated Detection of B Cell and T Cell Acute Lymphoblastic Leukaemia Using Deep Learning. *IRBM*, 43(5), 405–413. <https://doi.org/10.1016/J.IRBM.2021.05.005>
- Azis, H., Azis, H., Purnawansyah, P., Fattah, F., & Putri, I. P. (2020). Performa Klasifikasi K-NN dan Cross Validation pada Data Pasien Pengidap Penyakit Jantung. *ILKOM Jurnal Ilmiah*, 12(2), 81–86. <https://doi.org/10.33096/ilkom.v12i2.507.81-86>
- Berrar, D. (2019). Cross-Validation. *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology: ABC of Bioinformatics*, 1–3, 542–545. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20349-X>
- Clark, K., Vendt, B., Smith, K., Freymann, J., Kirby, J., Koppel, P., Moore, S., Phillips, S., Maffitt, D., Pringle, M., Tarbox, L., & Prior, F. (2013). The Cancer Imaging Archive (TCIA): Maintaining and Operating a Public Information Repository. *Journal of Digital Imaging*, 26(6), 1045–1057. <https://doi.org/10.1007/s10278-013-9622-7>
- Crammer, K., & Singer, Y. (2001). On the Algorithmic Implementation of Multiclass Kernel-based Vector Machines. In *Journal of Machine Learning Research* (Vol. 2).
- di Ruberto, C., & Puztu, L. (2013). White Blood Cells Identification and Counting from Microscopic Blood Image. *International Journal of Medical, Health, Biomedical and Pharmaceutical Engineering*, 7, 15–22.

- Do, N. Q., Selamat, A., Krejcar, O., Yokoi, T., & Fujita, H. (2021). Phishing Webpage Classification via Deep Learning-Based Algorithms: An Empirical Study. *Applied Sciences*, 11(19), 9210. <https://doi.org/10.3390/app11199210>
- Duran-Lopez, L., Dominguez-Morales, J. P., Conde-Martin, A. F., Vicente-Diaz, S., & Linares-Barranco, A. (2020a). PROMETEO: A CNN-Based Computer-Aided Diagnosis System for WSI Prostate Cancer Detection. *IEEE Access*, 8, 128613–128628. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3008868>
- Duran-Lopez, L., Dominguez-Morales, J. P., Conde-Martin, A. F., Vicente-Diaz, S., & Linares-Barranco, A. (2020b). PROMETEO: A CNN-Based Computer-Aided Diagnosis System for WSI Prostate Cancer Detection. *IEEE Access*, 8, 128613–128628. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3008868>
- Dwi Nugroho, K., Sucipto, U., Pengajar Prodi, D. S., Tinggi Ilmu Kesehatan Panti Waluya Malang, S., & Pengajar Profesi Ners Sekolah Tinggi Ilmu Kesehatan Panti Waluya Malang, D. (2020). *Studi Fenomenologi: Dampak Pengabaian Gejala Kanker Bagi Klien Dan Keluarga Phenomenology Study: The Impact Of Cancer Symptoms For Clients And Families*. <http://jurnal.stikespantiwaluya.ac.id/>
- Fauziyya, N. R. (2021). Metoda Convolutional Neural Network (CNN) untuk Pendeteksi Tangga pada Alat Pemandu Arah bagi Penyandang Tunanetra. *Telekontran : Jurnal Ilmiah Telekomunikasi, Kendali Dan Elektronika Terapan*, 8(2), 145–153. <https://doi.org/10.34010/telekontran.v8i2.4709>
- Gunawan, D., & Setiawan, H. (2022). *Convolutional Neural Network dalam Analisis Citra Medis* (Vol. 2, Issue 2).

- Gupta, A., & Gupta, R. (2019). ALL Challenge dataset of ISBI 2019 [Data set]. *The Cancer Imaging Archive*.
<https://doi.org/https://doi.org/10.7937/tcia.2019.dc64i46r>
- Ha, M. K., Trinh, T. X., Choi, J. S., Maulina, D., Byun, H. G., & Yoon, T. H. (2018). Toxicity Classification of Oxide Nanomaterials: Effects of Data Gap Filling and PChem Score-based Screening Approaches. *Scientific Reports*, 8(1).
<https://doi.org/10.1038/s41598-018-21431-9>
- Ilahiyah, S., & Nilogiri, A. (2018). Implementasi Deep Learning Pada Identifikasi Jenis Tumbuhan Berdasarkan Citra Daun Menggunakan Convolutional Neural Network. *JUSTINDO (Jurnal Sistem & Teknologi Informasi Indonesia)*.
- Indolia, S., Goswami, A. K., Mishra, S. P., & Asopa, P. (2018). Conceptual Understanding of Convolutional Neural Network- A Deep Learning Approach. *Procedia Computer Science*, 132, 679–688.
<https://doi.org/10.1016/j.procs.2018.05.069>
- Joshi, K., Tripathi, V., Bose, C., & Bhardwaj, C. (2020). Robust Sports Image Classification Using InceptionV3 and Neural Networks. *Procedia Computer Science*, 167, 2374–2381. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2020.03.290>
- Khasanah, M. N., Harjoko, A., & Candradewi, I. (2016). Klasifikasi Sel Darah Putih Berdasarkan Ciri Warna dan Bentuk dengan Metode K-Nearest Neighbor (K-NN). *IJEIS*, 6(2), 151–162.
- Mauricio de Oliveira, J., & Dantas, D. (2021). Classification of Normal versus Leukemic Cells with Data Augmentation and Convolutional Neural

- Networks. *Proceedings of the 16th International Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications*, 685–692. <https://doi.org/10.5220/0010257406850692>
- Meena, G., Mohbey, K. K., Indian, A., & Kumar, S. (2022). Sentiment Analysis from Images using VGG19 based Transfer Learning Approach. *Procedia Computer Science*, 204, 411–418. <https://doi.org/10.1016/J.PROCS.2022.08.050>
- Mohapatra, S., Patra, D., & Satpathy, S. (2014). An ensemble classifier system for early diagnosis of acute lymphoblastic leukemia in blood microscopic images. *Neural Computing and Applications*, 24(7–8), 1887–1904. <https://doi.org/10.1007/S00521-013-1438-3/METRICS>
- Ouyang, N., Wang, W., Ma, L., Wang, Y., Chen, Q., Yang, S., Xie, J., Su, S., Cheng, Y., Cheng, Q., Zheng, L., & Yuan, Y. (2021). Diagnosing acute promyelocytic leukemia by using convolutional neural network. *Clinica Chimica Acta*, 512, 1–6. <https://doi.org/10.1016/J.CCA.2020.10.039>
- Pojoh, V. S., Mantik, M. F. J., & Manoppo, J. I. Ch. (2019). Hubungan Indeks Massa Tubuh dan Tercapainya Remisi pada Anak Penderita Leukemia Limfoblastik Akut. *E-CliniC*, 8(1). <https://doi.org/10.35790/eccl.8.1.2020.27186>
- PRATIWI, N. K. C., IBRAHIM, N., FU'ADAH, Y. N., & RIZAL, S. (2021). Deteksi Parasit Plasmodium pada Citra Mikroskopis Hapusan Darah dengan Metode Deep Learning. *ELKOMIKA: Jurnal Teknik Energi Elektrik, Teknik Telekomunikasi, & Teknik Elektronika*, 9(2), 306. <https://doi.org/10.26760/elkomika.v9i2.306>

- Safuan, S. N. M., Tomari, R., Zakaria, W. N. W., & Othman, N. (2017). *White blood cell counting analysis of blood smear images using various segmentation strategies*. 020018. <https://doi.org/10.1063/1.5002036>
- Samuel, A. L. (1959). Some Studies in Machine Learning Using the Game of Checkers. *IBM Journal of Research and Development*, 3(3), 210–229. <https://doi.org/10.1147/RD.33.0210>
- Shawly, T., & Alsheikhy, A. A. (2022). Biomedical Diagnosis of Leukemia Using a Deep Learner Classifier. *Computational Intelligence and Neuroscience*, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/1568375>
- Simonyan, K., & Zisserman, A. (2014). *Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition*. <http://arxiv.org/abs/1409.1556>
- Sulaiman, A., Kaur, S., Gupta, S., Alshahrani, H., Reshan, M. S. Al, Alyami, S., & Shaikh, A. (2023). ResRandSVM: Hybrid Approach for Acute Lymphocytic Leukemia Classification in Blood Smear Images. *Diagnostics*, 13(12), 2121. <https://doi.org/10.3390/diagnostics13122121>
- Syidada, S., & Hariyanto, B. (2021). Identifikasi Acute Lymphoblastic Leukemia pada Citra Mikroskopis Menggunakan Algoritma Naïve Bayes. *Rekayasa*, 14(1), 78–83. <https://doi.org/10.21107/rekayasa.v14i1.9110>
- Szegedy, C., Ioffe, S., Vanhoucke, V., & Alemi, A. (2016). *Inception-v4, Inception-ResNet and the Impact of Residual Connections on Learning*.
- Szegedy, C., Vanhoucke, V., Ioffe, S., Shlens, J., & Wojna, Z. (2016). Rethinking the Inception Architecture for Computer Vision. *2016 IEEE Conference on*

- Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2818–2826.
<https://doi.org/10.1109/CVPR.2016.308>
- Ward, E., Desantis, C., Robbins, ; Anthony, Kohler, B., & Jemal, A. (2014). Childhood and adolescent cancer statistics, 2014. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 64(2), 83–103. <https://doi.org/10.3322/CAAC.21219>
- Whittaker, J. A., Withey, J., & Powell, D. E. €3. (1979). Leukaemia Classification: a Study of the Accuracy of Diagnosis in 456 Patients. In *British journal of Haematology*.
- Widyaningsih, Y., Arum, G. P., & Prawira, K. (2021). APLIKASI K-FOLD CROSS VALIDATION DALAM PENENTUAN MODEL REGRESI BINOMIAL NEGATIF TERBAIK. *BAREKENG: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, 15(2), 315–322. <https://doi.org/10.30598/barekengvol15iss2pp315-322>
- Yu, Y., Waltereit, M., Matkovic, V., Hou, W., & Weis, T. (2020). Deep Learning-Based Vibration Signal Personnel Positioning System. *IEEE Access*, 8. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3044497>
- Zakir Ullah, M., Zheng, Y., Song, J., Aslam, S., Xu, C., Kiazolu, G. D., & Wang, L. (2021). An Attention-Based Convolutional Neural Network for Acute Lymphoblastic Leukemia Classification. *Applied Sciences*, 11(22), 10662. <https://doi.org/10.3390/app112210662>
- Zhang, R., Han, X., Lei, Z., Jiang, C., Gul, I., Hu, Q., Zhai, S., Liu, H., Lian, L., Liu, Y., Zhang, Y., Dong, Y., Zhang, C. Y., Lam, T. K., Han, Y., Yu, D., Zhou, J., & Qin, P. (2022). RCMNet: A deep learning model assists CAR-T

therapy for leukemia. *Computers in Biology and Medicine*, 150, 106084.
<https://doi.org/10.1016/J.COMPBIOMED.2022.106084>

Zolfaghari, M., & Sajedi, H. (2022). A survey on automated detection and classification of acute leukemia and WBCs in microscopic blood cells. *Multimedia Tools and Applications*, 81(5), 6723–6753.
<https://doi.org/10.1007/S11042-022-12108-7/METRICS>

PUSTAKA ELEKTRONIK

Surveillance Epidemiology and End Result. (2022). Leukemia — Cancer Stat Facts.
<https://seer.cancer.gov/statfacts/html/leuks.html>

World Health Organization. (2022). Cancer. https://www.who.int/health-topics/cancer#tab=tab_1