

Analisis Fitur Citra untuk Deteksi Kanker Prostat Menggunakan GLCM dan T-Test

Mhd. Hanafi^{*1}, Hendra Setiawan¹, Yessi Jusman²

¹Magister Rekayasa Elektro, Universitas Islam Indonesia, Indonesia
Jl. Kaliurang KM. 14,5, Sleman, D.I. Yogyakarta, +62 274 898444

²Universitas Muhammadiyah Yogyakarta, Indonesia
Jl. Brawijaya, Bantul, D.I. Yogyakarta, Indonesia, +62 274 387656
Email : 23925011@students.uui.ac.id

INFO ARTIKEL

Alamat Web Artikel:

<https://journal.umy.ac.id/index.php/mt/article/view/23440>

DOI:

<https://doi.org/10.18196/mt.v6i2.23440>

Data Artikel:

Diterima:

30 Juli 2024

Direview:

17 September 2024

Direvisi :

11 Februari 2025

Disetujui :

01 Maret 2025

Korespondensi:

23925011@students.uui.ac.id

ABSTRAK

Kanker prostat merupakan salah satu kelainan paling umum pada kelenjar prostat yang dapat menyebabkan gangguan buang air kecil hingga nyeri tulang akibat penyebaran ke tulang. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis perbedaan antara sel prostat normal dan abnormal menggunakan metode pengolahan citra *Gray Level Co-occurrence Matrix* (GLCM) dan klasifikasi statistik T-Test. Data citra yang digunakan memiliki resolusi 1024×1024 piksel dalam format grayscale, diperoleh dari hasil pencitraan mikroskop cahaya. Citra tersebut kemudian diekstraksi menggunakan GLCM untuk mendapatkan nilai tekstur seperti kontras, korelasi, energi, dan homogenitas. Proses klasifikasi dilakukan menggunakan uji T-Test dengan parameter P-value sebagai acuan validitas fitur dalam membedakan sel normal dan abnormal. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari 16 fitur yang diekstraksi, sebanyak 14 fitur memiliki nilai P-value $< 0,05$ yang berarti dapat membedakan sel normal dan abnormal, sedangkan 2 fitur (*Energy2* dan *Energy4*) tidak signifikan dalam klasifikasi. Dengan demikian, metode GLCM dan T-Test terbukti efektif dalam analisis citra sel prostat dan dapat diintegrasikan ke dalam sistem diagnosis berbasis citra untuk mendukung deteksi dini kanker prostat.

Kata Kunci: Kanker Prostat, GLCM, T-Test, Pengolahan Citra, Klasifikasi Sel.

ABSTRACT

*Prostate cancer is one of the most common disorders of the prostate gland, which can cause urinary problems and bone pain due to metastasis. This study aims to analyze the differences between normal and abnormal prostate cells using the Gray Level Co-occurrence Matrix (GLCM) image processing method and statistical classification with the T-Test. The image data used in this study have a resolution of 1024×1024 pixels in grayscale format, obtained from light microscope imaging. These images were then extracted using GLCM to obtain texture values such as contrast, correlation, energy, and homogeneity. The classification process was carried out using the T-Test, with the P-value parameter serving as a validity measure for distinguishing normal and abnormal cells. The results showed that out of the 16 extracted features, 14 had P-values < 0.05 , indicating their effectiveness in differentiating normal and abnormal cells, while 2 features (*Energy2* and *Energy4*) were not significant for classification. Thus, the GLCM and T-Test methods proved effective in prostate cell image analysis and can be integrated into image-based diagnostic systems to support early detection of prostate cancer.*

Keywords: Prostate Cancer, GLCM, T-Test, Image Processing, Cell Classification.

1. PENDAHULUAN

Menurut data dari WHO, kanker prostat memiliki prevalensi tertinggi secara global dan menduduki peringkat kelima di antara semua jenis kanker. Sekitar 95% kasus terjadi pada usia 45-89 tahun, dengan usia rata-rata penderitanya adalah 72 tahun. Insidensinya meningkat seiring bertambahnya usia, dan risiko pria terkena kanker prostat hampir mencapai 10%.[1].

Banyak peneliti telah memfokuskan penelitian pada diagnosis keabnormalan sel prostat, termasuk penelitian yang dilakukan oleh Adam dan rekan-rekannya[3] pada tahun 2002. Mereka mengembangkan metode fingerprinting protein serum yang digabungkan dengan algoritma

pencocokan pola untuk membedakan kanker prostat dari hiperplasia prostat jinak dan pria sehat. Studi ini menghasilkan temuan bahwa profil protein SELDI yang dipadukan dengan algoritma pembelajaran mesin dapat secara akurat memisahkan pasien dengan kanker prostat dari kelompok non-kanker (BPH dan pria sehat). Sistem klasifikasi proteomik ini mencatat tingkat sensitivitas 83%, spesifisitas 97%, dan nilai prediktif positif 96% dalam populasi studi, serta 91% dalam populasi umum, menunjukkan tingkat akurasi yang tinggi dalam deteksi dini kanker prostat.

Pada tahun 2007, Keles dan rekan-rekannya[4] melakukan penelitian menggunakan metode Neuro-Fuzzy dengan NEFCLASS-J untuk mengklasifikasikan kanker prostat. Studi ini menemukan bahwa pendekatan Neuro-Fuzzy menggunakan NEFCLASS-J mampu memberikan akurasi tinggi dalam membedakan antara kanker prostat dan kondisi non-kanker. Penggunaan fungsi keanggotaan berbentuk lonceng menghasilkan akurasi klasifikasi terbaik mencapai 85,56% dalam set pengujian, dan mencapai 92,22% saat ukuran aturan maksimum dipilih. Temuan ini menunjukkan potensi besar dari pendekatan Neuro-Fuzzy dalam meningkatkan diagnosis kanker prostat.

Pada tahun 2011, Witeti[5] melakukan penelitian tentang identifikasi sel kanker prostat dengan metode segmentasi berdasarkan ukuran objek pada citra. Hasilnya menunjukkan bahwa program yang dikembangkan dapat mengenali citra sel kanker prostat dengan akurasi tinggi. Penelitian ini mengidentifikasi jumlah piksel minimum dan maksimum untuk sel prostat sakit sebelum dan setelah penebalan tepi, serta untuk sel prostat sehat sebelum dan setelah penebalan tepi. Toleransi untuk sel prostat sakit adalah 15,73%, sedangkan untuk sel prostat sehat adalah 11,74%.

Pada tahun 2016, Prastika dan Mulyanto[6], mengembangkan sistem pakar menggunakan metode Certainty Factor untuk mendiagnosa dini penyakit prostat. Sistem ini dirancang sebagai media konsultasi praktis yang dapat mempercepat diagnosis melalui gejala yang dirasakan pengguna. Dengan tingkat keberhasilan diagnosa tertinggi, sistem ini memberikan informasi tentang jenis penyakit prostat berdasarkan gejala yang diinputkan, serta berperan sebagai alat bantu awal dalam diagnosis.

Pada tahun 2019, Pratiwi dan Irhamah[7], melakukan penelitian tentang klasifikasi kanker prostat menggunakan metode Fuzzy Support Vector Machine (FSVM) dan Genetic Algorithm (GA) dengan fast correlation-based filter. Mereka menemukan bahwa proporsi kelas tumor dan normal pada 102 pasien kanker prostat hampir sama, dengan 51% pasien tergolong dalam kelas tumor dan 49% dalam kelas normal. Nilai optimal untuk cost dan gamma adalah 2^9 dan 2^{-15} , yang menghasilkan akurasi klasifikasi sebesar 90,18%. Sensitivitas klasifikasi mencapai 86%, menunjukkan kemampuan sampel untuk membedakan kelas tumor secara efektif. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa penggunaan seleksi dan optimasi genetic algorithm meningkatkan akurasi klasifikasi FSVM dibandingkan tanpa seleksi.

Pada tahun 2020, Daniswara[8], meneliti pencitraan kanker prostat dan menemukan bahwa modalitas seperti TRUS dan MRI efektif dalam membantu diagnosis dan penentuan stadium. Mereka menunjukkan bahwa pencitraan dapat mengenali lesi hipoeoik yang mengindikasikan kanker serta mengevaluasi ekspansi ekstrakapsular dan metastasis ke limfonodus atau tulang.

Pada tahun 2020, Karim[2], melakukan studi mengenai biomarker molekuler dan genomik untuk deteksi awal kanker prostat. Hasil penelitian menunjukkan bahwa PCA3, TMPRSS2, miRNA, dan CTCs efektif dalam mendeteksi dini dan memprediksi prognosis kanker prostat. PCA3 membantu mengidentifikasi kebutuhan biopsi ulang, TMPRSS2 berkaitan dengan risiko kekambuhan yang tinggi, miRNA membedakan antara penyakit jinak dan ganas, dan CTCs berfungsi sebagai indikator prognosis yang buruk. PTEN yang tidak berfungsi digunakan untuk membedakan antara bentuk penyakit kanker prostat yang tidak aktif dan agresif serta memprediksi respons terhadap terapi. Secara keseluruhan, biomarker ini meningkatkan kemampuan prediksi risiko kanker prostat dan menjadi penting dalam pendekatan personalisasi terhadap deteksi dini dan pengobatan.

Pada tahun 2021, Kartika Sari dan rekan-rekannya[9] melakukan penelitian tentang evaluasi teknik pemfilteran kontras dan penajaman tepi untuk memproses citra ultrasonografi prostat. Hasil studi menunjukkan bahwa kombinasi filter median dengan CLAHE efektif dalam

meningkatkan visualisasi kapsul dan ukuran prostat dibandingkan dengan kombinasi filter lainnya. Meskipun kombinasi filter gaussian dan CLAHE menghasilkan nilai Signal-to-Noise Ratio (SNR) tertinggi, penggunaan kombinasi ini kurang disukai secara visual oleh klinisi karena mengaburkan detail objek.

Pada tahun 2022, Alimin dan Riyadi[10] melakukan penelitian menggunakan Convolutional Neural Network (CNN) untuk mendeteksi kanker prostat berdasarkan citra mikroskopis sel prostat. Mereka menggunakan total 240 gambar sebagai data, dengan 180 gambar digunakan sebagai data pelatihan (90 gambar sel prostat normal dan 90 gambar sel kanker prostat) dan 60 gambar sebagai data pengujian yang juga terbagi rata antara sel prostat normal dan kanker. Sistem yang dikembangkan berhasil mencapai tingkat akurasi sebesar 93,3%. Proses segmentasi objek dilakukan menggunakan teknik thresholding untuk memisahkan objek dari latar belakang, sementara deteksi tepi objek menggunakan metode Canny yang terbukti efektif dalam mengenali tepi dengan baik. Meskipun demikian, dalam uji coba, 4 citra tidak teridentifikasi karena adanya kemiripan fitur yang signifikan.

Pada tahun 2023, Dwi Septiana dan rekan-rekannya[11] melakukan penelitian tentang perbandingan gambaran histopatologi jaringan prostat dengan waktu fiksasi yang berbeda. Hasil penelitian menunjukkan bahwa waktu fiksasi berpengaruh signifikan terhadap gambaran histopatologi jaringan prostat. Fiksasi selama 24 jam menghasilkan preparat dengan sitoplasma dan inti sel yang jelas terlihat. Sebaliknya, fiksasi selama 2 jam menyebabkan preparat dengan inti sel dan sitoplasma yang kurang jelas karena larutan fiksasi belum meresap sepenuhnya. Jaringan prostat yang difiksasi selama 48 jam menunjukkan sitoplasma dan inti sel yang tetap jelas namun mengalami sedikit penyusutan. Sedangkan fiksasi selama 72 jam menyebabkan inti sel yang lebih kecil dan mengalami penyusutan lebih lanjut. Analisis dengan uji Pearson Chi-Square menunjukkan adanya perbedaan signifikan ($p < 0,05$) dalam gambaran histopatologi berdasarkan waktu fiksasi pada sitoplasma dan inti sel jaringan prostat.

Pada tahun 2023, Merung dan rekan-rekannya[12] melakukan penelitian untuk menciptakan sebuah model prediktif yang dapat memproyeksikan kemungkinan penyebaran kanker prostat ke tulang dan prognosinya, menggunakan data ALP dan skor Gleason. Temuan dari penelitian ini mengindikasikan bahwa terdapat korelasi yang signifikan antara kadar PSA, ALP, dan skor Gleason dengan tingkat keganasan kanker prostat.

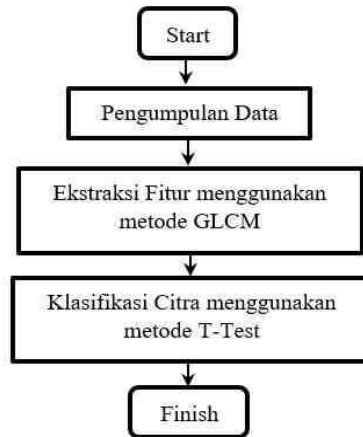
Pada tahun 2023, Muzakir dan rekan-rekannya[1] melakukan penelitian mengenai klasifikasi kanker prostat menggunakan algoritma Naïve Bayes dan K-Nearest Neighbor (K-NN). Hasil penelitian menunjukkan bahwa algoritma Naïve Bayes mencapai tingkat akurasi 80%, sementara K-NN mencapai 90%. Rata-rata presisi Naïve Bayes adalah 71,5%, sedangkan K-NN adalah 93%. Recall untuk Naïve Bayes adalah 88% dan untuk K-NN adalah 87,5%. Meskipun K-NN menunjukkan kinerja yang lebih baik dalam mengklasifikasikan kanker prostat berdasarkan evaluasi akurasi, presisi, dan recall, Naïve Bayes juga memberikan hasil yang memuaskan dengan nilai di atas 70%.

Penelitian ini mengusulkan pendekatan baru dalam deteksi kanker prostat melalui analisis fitur citra dengan menggunakan metode *Gray Level Co-occurrence Matrix* (GLCM) dan T-Test. Hal ini bertujuan untuk mengatasi kekurangan dari penelitian sebelumnya yang umumnya hanya berfokus pada segmentasi citra dan klasifikasi berbasis data mining, tanpa mempertimbangkan fitur tekstur citra yang lebih mendetail. Misalnya, penelitian sebelumnya seperti yang dilakukan oleh Witeti[5] dan Alimin dan Riyadi[10], cenderung hanya mengidentifikasi sel kanker prostat berdasarkan deteksi tepi. Dengan mengintegrasikan GLCM untuk ekstraksi fitur dan T-Test untuk validasi fitur yang signifikan, penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi yang lebih akurat dan mendalam dalam klasifikasi keabnormalan kanker prostat, serta membuka peluang baru untuk pengembangan metode diagnostik yang lebih efektif.

Berdasarkan latar belakang dan *review paper* sebelumnya maka pada penelitian ini dilakukan analisa perbedaan antara sel normal prostat dan sel abnormal prostat serta dilakukan pembuktian bahwa fitur dapat mengklasifikasi keabnormalan sel prostat. Hasil keluaran dari sistem ini diharapkan fitur dapat membedakan keabnormalan sel prostat yang terdiri dari (normal, dan abnormal).

2. METODE PENELITIAN

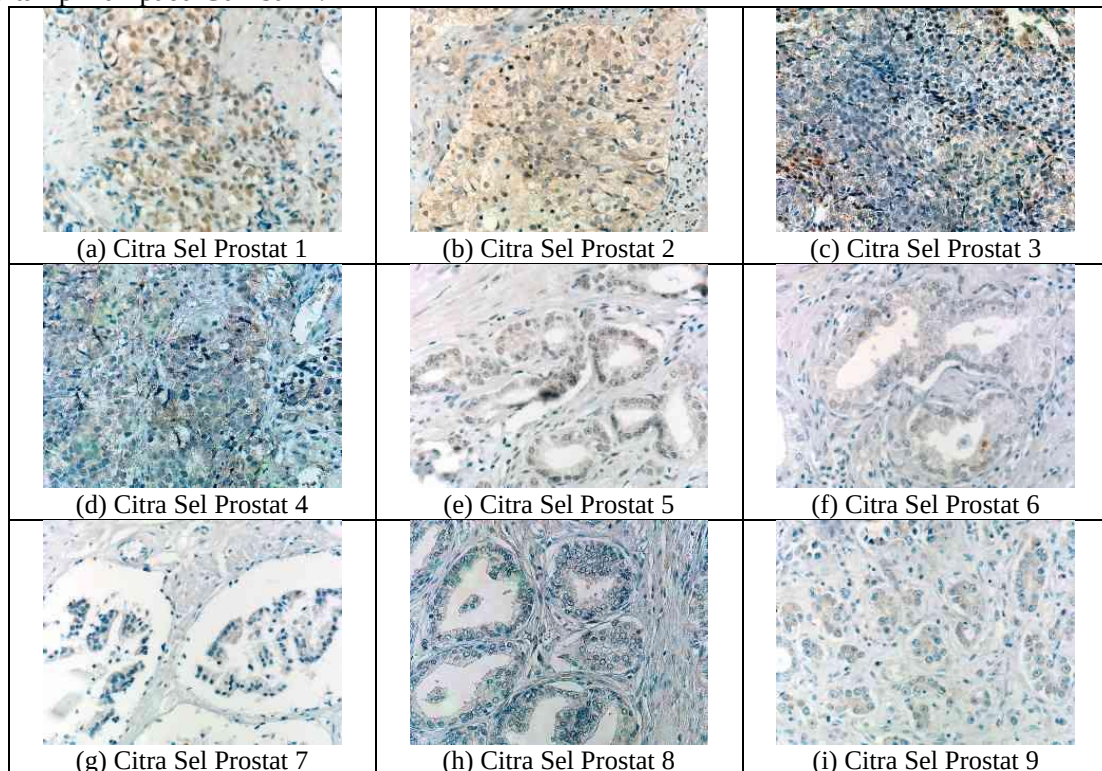
Tahapan ini terdiri dari beberapa langkah, antara lain pengumpulan data, ekstraksi fitur dari citra, dan klasifikasi, seperti pada Gambar 1.

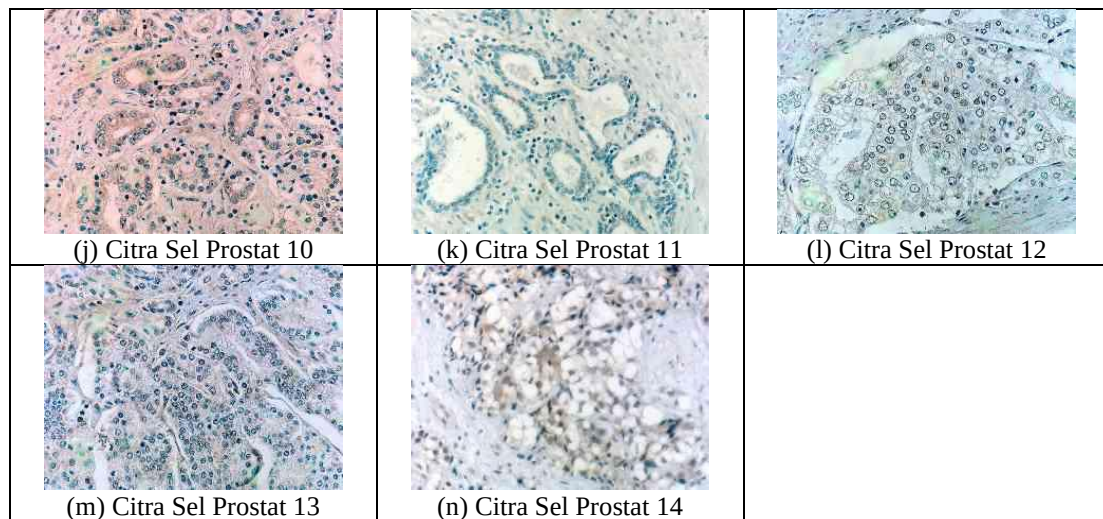


Gambar 1. Kerangka Kerja

2.1. Pengumpulan Data

Langkah awal dalam penelitian ini adalah pengumpulan data, baik berupa tinjauan pustaka maupun citra sel prostat. Pengumpulan data dari tinjauan pustaka dilakukan dengan menggunakan penelitian-penelitian terbaru dalam 10 tahun terakhir yang telah dipublikasikan di jurnal ilmiah, buku, skripsi, dan sumber relevan lainnya. Setelah itu, proses dilanjutkan dengan pengumpulan data citra sel prostat. Citra sel prostat yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari Rumah Sakit Universitas Indonesia (Jakarta). Setiap citra diambil sebanyak 1–10 kali, dengan resolusi 1024×1024 piksel. Citra tersebut diperoleh melalui hasil capture menggunakan mikroskop cahaya, yang mencakup sel normal dan sel tidak normal. Dalam penelitian ini, digunakan total 14 citra sel prostat untuk analisis lebih lanjut. Contoh citra yang digunakan dalam penelitian ini ditampilkan pada Gambar 2.



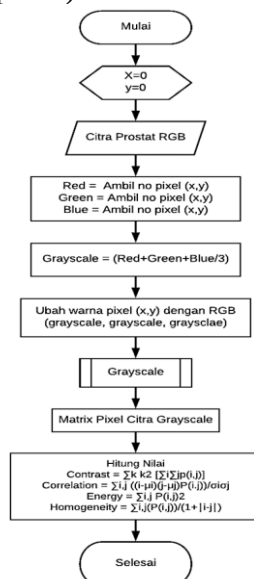


Gambar 2. Data Citra Sel Prostat

2.2. Ekstraksi Fitur

Fitur yang digunakan untuk membedakan antara sel normal dengan sel tidak normal dalam analisis citra adalah luas dan tekstur. Tekstur sendiri merupakan salah satu ciri yang sangat penting dalam sebuah gambar karena menyediakan informasi mengenai susunan dan pola struktur permukaan gambar tersebut, yang dapat menunjukkan perbedaan karakteristik morfologis antar objek yang diamati. Dalam konteks penelitian ini, metode yang digunakan untuk mengekstraksi ciri tekstur adalah Gray Level Co-occurrence Matrix (GLCM), yaitu sebuah matriks yang menghitung frekuensi kemunculan pasangan piksel dengan tingkat keabuan tertentu pada jarak dan orientasi yang telah ditentukan.

Metode GLCM termasuk dalam kategori metode statistik, di mana dalam perhitungan statistiknya menggunakan distribusi derajat keabuan (histogram) dengan cara mengukur beberapa parameter penting seperti tingkat kontras, granularitas, dan kekasaran suatu area berdasarkan hubungan ketetanggaan antar piksel di dalam citra. Ekstraksi ciri dengan analisis tekstur ini dilakukan dengan mengambil informasi dari citra grayscale untuk membedakan satu objek dengan objek lainnya. Proses ekstraksi ini didasarkan pada beberapa parameter utama, yaitu kontras (untuk menilai perbedaan intensitas antar piksel), energi (untuk menunjukkan keseragaman), homogenitas (untuk mengukur kesamaan nilai piksel yang berdekatan), dan korelasi (untuk mengevaluasi hubungan linier antar piksel).



Gambar 3. Flowchart GLCM

Menurut Sugiarta et al. [13], tahapan yang digunakan dalam pengambilan ciri tekstur dari sebuah gambar adalah sebagai berikut:

- Citra warna dirubah menjadi citra grayscale.
- Masing-masing nilai dari RGB citra dirubah menjadi abu-abu dengan menggunakan rumus keabuan dengan persamaan berikut : $0.2989 * R + 0.5870 * G + 0.1140 * B$, dimana R, G, B adalah nilai intensitas dari komponen warna merah, hijau, dan biru dalam kisaran 0 hingga 255. 0.2989, 0.5870, dan 0.1140 adalah koefisien yang memberikan bobot relatif untuk setiap komponen warna dalam citra abu-abu.
- Piksel baru = setPixel (255, nilai keabuan)
- Membuat area kerja matriks.
- Menentukan hubungan spasial antara piksel referensi dengan piksel tetangga, berapa nilai sudut θ dan jarak d.
- Menghitung jumlah kookurensi dan mengisikannya pada area kerja.
- Menjumlahkan matriks kookurensi dengan *transpose*-nya untuk menjadikannya simetris.
- Normalisasi matriks untuk mengubahnya ke bentuk probabilitas.
- Hitung informasi ciri tekstur yaitu yaitu *contrast*, *correlation*, *energy*, *homogeneity*, dan *entropy*.

Contrast dihitung dengan persamaan berikut :

$$\sum_k k^2 \left[\sum_{i,j} p(i,j) \right]$$

Dengan k adalah Jarak spasial antara pasangan piksel, $p(i,j)$ adalah Nilai dari matriks *co-occurrence* pada posisi (i,j) , yang mewakili frekuensi pasangan piksel dengan nilai intensitas i dan j muncul bersama dalam jarak tertentu dalam gambar.

Correlation dihitung dengan persamaan berikut :

$$\sum_{i,j} \frac{(i - \mu_i)(j - \mu_j)P(i,j)}{\sigma_i \sigma_j}$$

Dengan μ_i adalah Nilai rata-rata dari intensitas i . μ_j adalah Nilai rata-rata dari intensitas j , σ_i adalah standar deviasi dari intensitas i , σ_j adalah Standar deviasi dari intensitas j .

Energy dihitung dengan persamaan berikut :

$$\sum_{i,j} P(i,j)^2$$

Dengan $P(i,j)$ adalah probabilitas bersama dari pasangan intensitas i dan j .

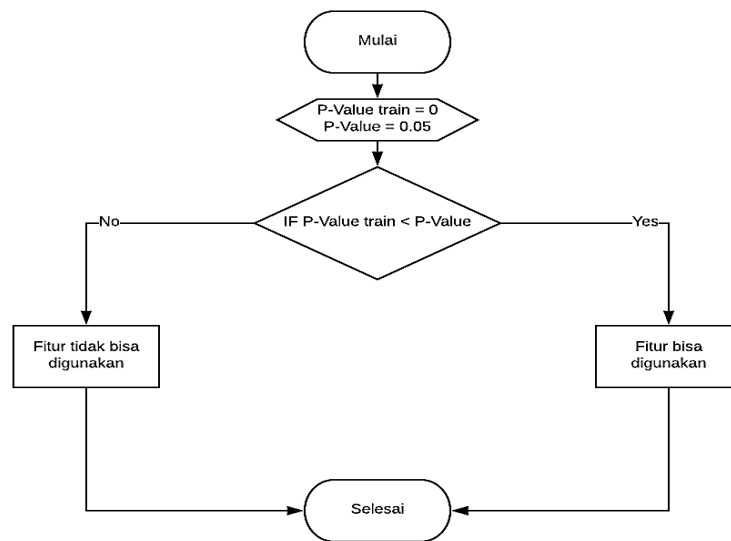
Homogeneity dihitung dengan persamaan berikut :

$$\sum_{i,j} \frac{P(i,j)}{1 + |i - j|}$$

Dengan $P(i,j)$ adalah probabilitas bersama dari pasangan intensitas i dan j .

2.3. Klasifikasi Citra

Hasil dari ekstraksi fitur akan dilanjutkan dengan proses klasifikasi. Metode klasifikasi citra yang digunakan yaitu *T-Test* dan standar yang digunakan pada klasifikasi adalah *P-value*.



Gambar 4. Flowchart T-Test

2.4. Device Akuisisi Data

Penelitian ini menggunakan perangkat keras (*Hardware*) dan perangkat lunak (*Software*) sebagai berikut:

- a. Komputer : Digunakan sebagai perangkat utama dalam penelitian ini untuk menjalankan perangkat lunak MATLAB. Adapun spesifikasi komputer yang digunakan adalah sebagai berikut:
 - CPU : Intel Core i3
 - Model Prosesor : Intel (R) Core(TM) i3-6006U
 - Kecepatan Prosesor : 1.99 GHz
 - RAM : 4 GB
 - Sistem Operasi : Windows 11
- b. MATLAB R2010a : Digunakan sebagai perangkat lunak utama dalam pengolahan citra prostat, ekstraksi fitur, serta analisis statistik menggunakan uji T (T-Test).

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

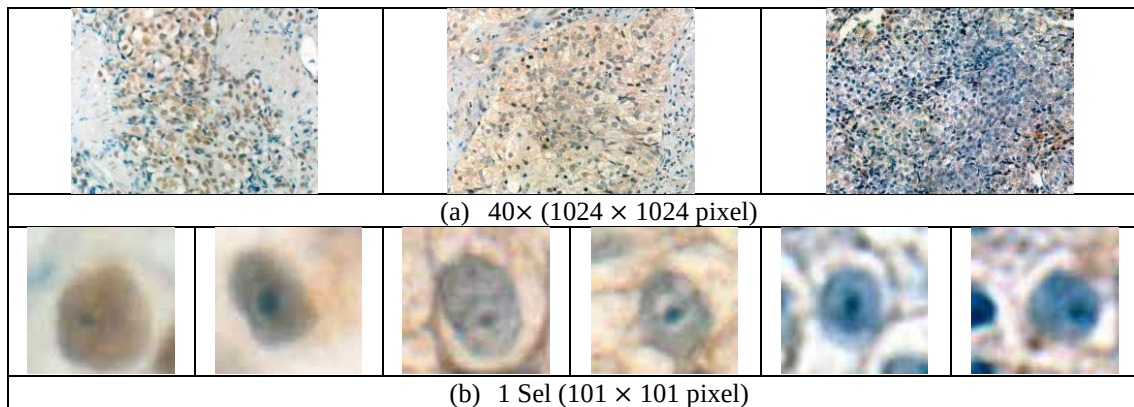
Hasil penelitian yang diperoleh mulai dari pengumpulan data citra, proses ekstraksi fitur menggunakan metode GLCM hingga proses mengklasifikasi keabnormalan sel prostat menggunakan metode T-Test pada statistik.

3.1. Data Citra

Langkah pertama yang dilakukan dalam penelitian ini adalah pengumpulan data citra sel prostat. Citra-citra tersebut diperoleh dari Rumah Sakit Universitas Indonesia (Jakarta) dan diambil menggunakan mikroskop cahaya, yang terdiri dari sel normal maupun sel abnormal. Setiap citra diambil dengan pembesaran 40 kali dan memiliki resolusi 1024×1024 piksel dalam format RGB (citra berwarna). Dari gambar citra tersebut, beberapa sel akan dipilih untuk dilanjutkan ke proses pengolahan citra, sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 5 dan Gambar 6. Sel-sel yang telah dipilih kemudian diproses lebih lanjut untuk analisis tekstur dan identifikasi karakteristik sel.

3.2. Citra Normal

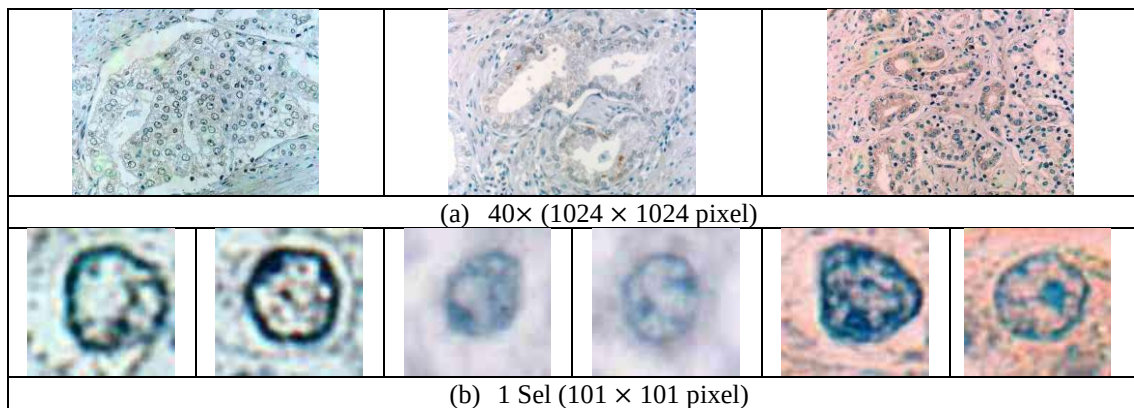
Gambar 5(a) adalah *capture* citra prostat normal, dengan perbesaran 40 kali, sedangkan citra pada Gambar 5(b) adalah citra sebuah sel yang di crop dari Gambar 5(a). Untuk penelitian ini, citra Gambar 5(b) digunakan untuk proses selanjutnya.



Gambar 5. Citra Sel Prostat Normal

3.3. Citra Abnormal

Gambar 6(a) adalah *capture* citra prostat abnormal, dengan perbesaran 40 kali, sedangkan citra pada Gambar 6(b) adalah citra sebuah sel yang dicrop dari Gambar 6(a). Untuk penelitian ini, citra 6(b) digunakan untuk proses selanjutnya.

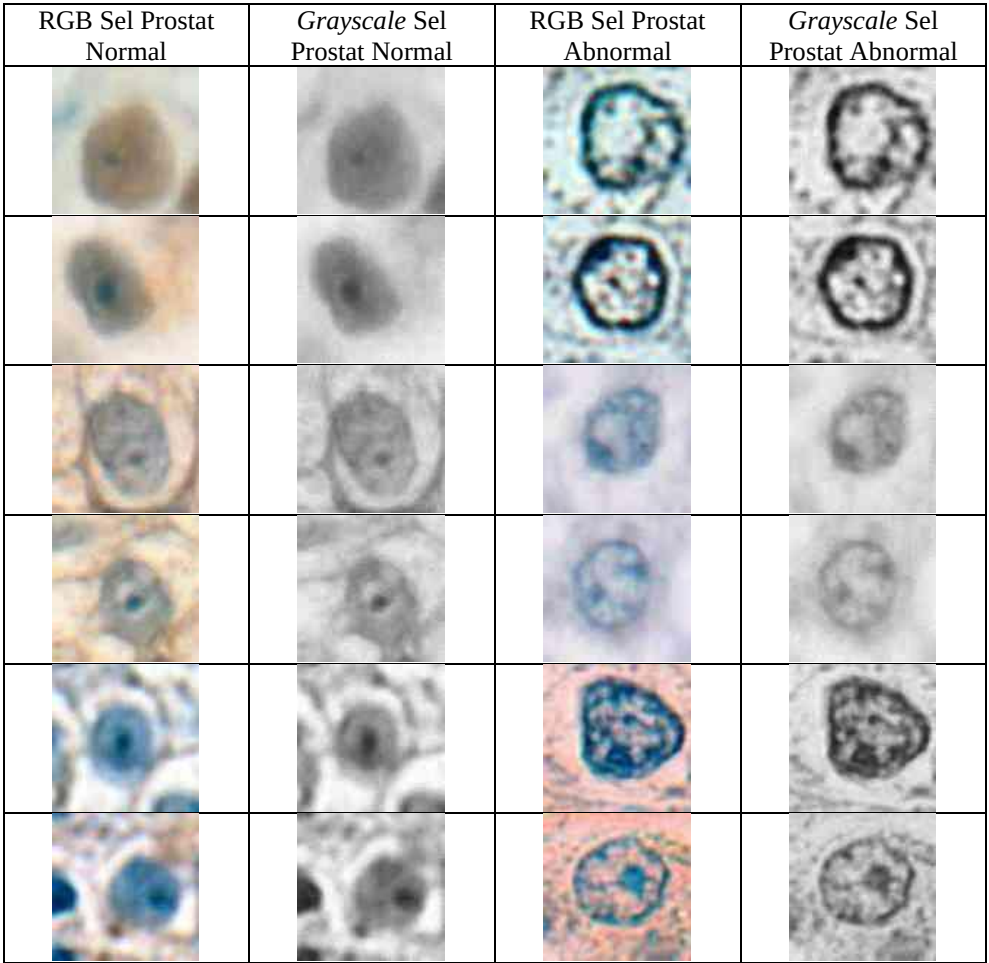


Gambar 6. Citra Sel Prostat Abnormal

3.4. Ekstraksi Fitur

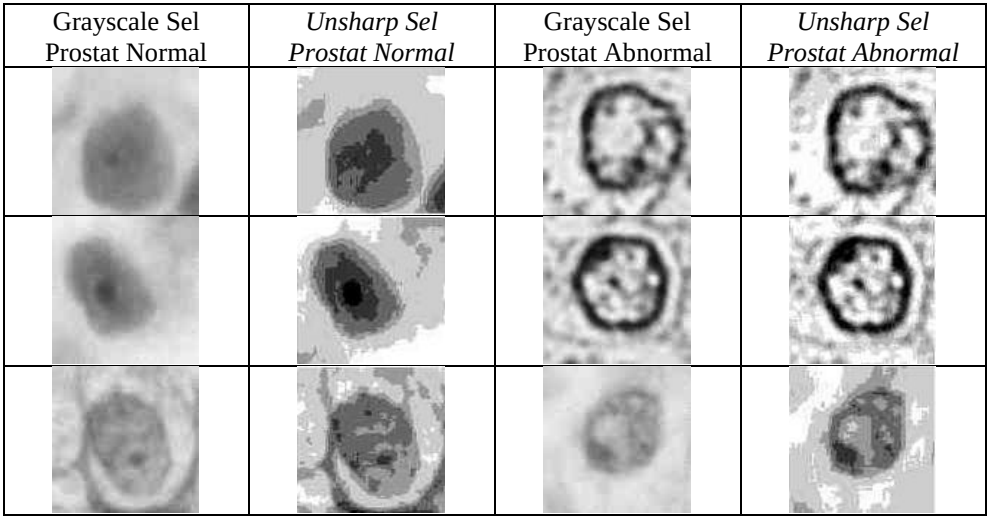
Citra sel normal dan abnormal memiliki perbedaan yang bisa dilihat dengan kasat mata. Perbedaan tersebut menjadi acuan untuk menentukan jenis sel (i.e. normal atau abnormal). Citra sel prostat normal memperlihatkan unsur sel dengan jelas yaitu nukleus dan sitoplasma seperti pada Gambar 5(b). Nukleus berada ditengah sel dan sitoplasma mengelilingi nukleus, sedangkan citra sel prostat abnormal tidak memperlihatkan sel dengan jelas, nukleus terlihat pecah sehingga tersebar didalam sitoplasma seperti pada Gambar 6(b).

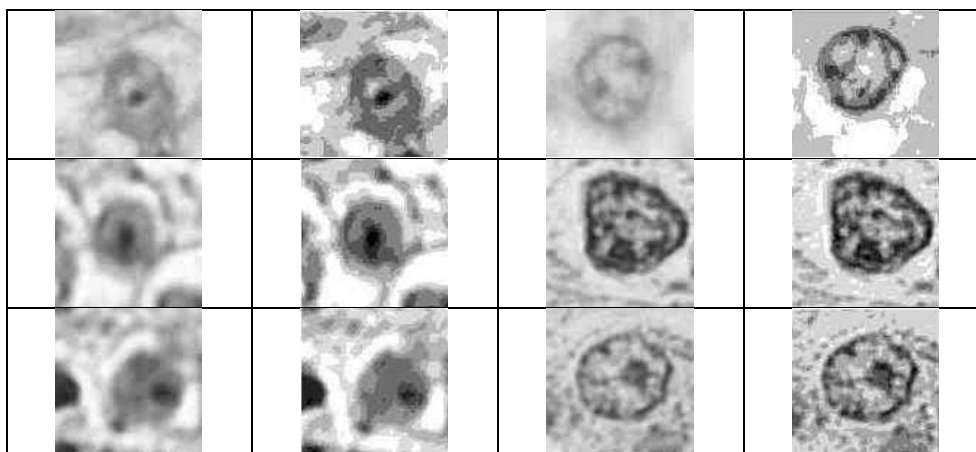
Sel citra yang dihasilkan dari proses *capture* mikroskop yang dikenali sebagai citra RGB akan diubah warnanya menjadi *grayscale*. Metode pengolahan citra yang digunakan untuk mengubah citra sel prostat format RGB menjadi format *grayscale* adalah dengan menggunakan aplikasi MATLAB seperti Gambar 7.



Gambar 7. Perbandingan Citral Sel Prostat Menggunakan RGB dan Grayscale Pada Citra Sel Prostat Normal dan Abnormal

Setelah citra diubah menjadi aras keabuan (i.e.grayscale). Seluruh citra dalam bentuk sel ini diproses supaya selnya terlihat lebih jelas dan tajam dengan menggunakan teknik unsharp melalui aplikasi MATLAB seperti pada Gambar 8.





Gambar 8. Perbandingan Citral Sel Prostat Menggunakan Grayscale dan Unsharp Pada Citra Sel Prostat Normal dan Abnormal

Hasil dari proses unsharp seperti pada Gambar 8 digunakan untuk proses ekstraksi fitur dengan menggunakan metode GLCM. Dari citra tersebut dapat dilihat perbedaan tekstur antara citra sel normal dan abnormal. Melalui metode GLCM, ada 4 jenis fitur yang diekstrak dari citra (i.e. *contrast*, *corellation*, *energy*, *homogeneity*). Ekstraksi fitur dapat divariasikan seperti pada Tabel 1 (sesuai dengan sudut yang digunakan).

Tabel 1. Fitur yang Digunakan	
Fitur	Nama Fitur
4 Fitur	<i>Contrast1, Corellation1, Energy1, Homogeneity1</i>
8 Fitur	<i>Contrast1, Contrast2, Corellation1, Corellation2, Energy1, Energy2, Homogeneity1, Homogeneity2.</i>
12 Fitur	<i>Contrast1, Contrast2, Contrast3, Corellation1, Corellation2, Corellation3, Energy1, Energy2, Energy3, Homogeneity1, Homogeneity2, Homogeneity3.</i>
16 Fitur	<i>Contrast1, Contrast2, Contrast3, Contrast4, Corellation1, Corellation2, Corellation3, Corellation4, Energy1, Energy2, Energy3, Energy4, Homogeneity1, Homogeneity2, Homogeneity3, Homogeneity4.</i>

Tabel 1 menyajikan daftar fitur yang digunakan dalam ekstraksi citra sel prostat. Tabel ini mengelompokkan fitur berdasarkan jumlah, yaitu 4, 8, 12, dan 16 fitur. Pada kategori 4 fitur, digunakan *contrast1*, *correlation1*, *energy1*, dan *homogeneity1*, yang mewakili tingkat perbedaan, keteraturan, energi, dan homogenitas dalam citra. Selanjutnya pada kategori 8 fitur, tambahan fitur *contrast2*, *correlation2*, *energy2*, dan *homogeneity2* disertakan untuk meningkatkan akurasi analisis tekstur. Kategori 12 fitur perluasan cakupan dengan menambahkan *contrast3*, *correlation3*, *energy3*, dan *homogeneity3*, yang memungkinkan analisis tekstur lebih mendetail. Terakhir, kategori 16 fitur yang melibatkan empat kelompok fitur, yaitu *contrast1-4*, *correlation1-4*, *energy1-4*, dan *homogeneity1-4*. Selanjutnya fitur fitur inilah yang akan digunakan untuk mengubah data citra kualitatif menjadi data citra kuantitatif.

3.4.1. Citra 4 Fitur

Citra 4 fitur yang telah dituliskan di Tabel 1 adalah fitur yang digunakan untuk mengubah data citra kualitatif menjadi data citra kuantitatif. Hasil dari pengolahan citra sel prostat menggunakan GLCM (pada MATLAB) dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2. Citra Sel Prostat yang Diubah Kedalam 4 Fitur

Fitur	Sel 1	Sel 2	Sel 3	Sel 4	Sel 7	Sel 8
Contrast 1	0,103	0,083	0,109	0,079	0,089	0,080
Correlation 1	0,955	0,966	0,959	0,977	0,973	0,977
Energy 1	0,238	0,222	0,223	0,254	0,241	0,184
Homogeneity 1	0,949	0,958	0,946	0,960	0,956	0,960

Tabel 2 menunjukkan hasil ekstraksi fitur dari citra sel prostat yang diubah menjadi 4 fitur. Fitur yang digunakan terdiri dari *contrast* 1, *correlation* 1, *energy* 1, dan *homogeneity* 1. Nilai kontras berkisar antara 0,079 hingga 0,109, yang menunjukkan variasi tekstur antar sel prostat. Nilai korelasi berada dalam rentang 0,955 hingga 0,977, menunjukkan adanya keteraturan tinggi dalam distribusi piksel citra. Sementara itu, nilai energi berkisar antara 0,184 hingga 0,254, yang mencerminkan tingkat keseragaman tekstur yang berbeda pada setiap sel. Nilai homogenitas tetap tinggi dengan rentang antara 0,946 hingga 0,960, yang menunjukkan bahwa sebagian besar citra memiliki tekstur yang relatif seragam.

3.4.2. Citra 8 Fitur

Citra 8 fitur yang telah dituliskan di Tabel 1 adalah fitur yang digunakan untuk mengubah data citra kualitatif menjadi data citra kuantitatif. Hasil dari pengolahan citra sel prostat menggunakan GLCM (pada MATLAB) dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3. Citra Sel Prostat yang Diubah Kedalam 4 Fitur

Fitur	Sel 9	Sel 11	Sel 12	Sel 13	Sel 14	Sel 15
Contrast 1	0,080	0,074	0,088	0,079	0,074	0,077
Contrast 2	0,122	0,109	0,110	0,106	0,107	0,111
Correlation 1	0,979	0,966	0,960	0,949	0,961	0,962
Correlation 2	0,968	0,951	0,950	0,930	0,943	0,946
Energy 1	0,173	0,259	0,297	0,378	0,250	0,234
Energy 2	0,160	0,244	0,286	0,363	0,235	0,219
Homogeneity 1	0,960	0,963	0,956	0,960	0,963	0,961
Homogeneity 2	0,939	0,945	0,945	0,947	0,946	0,944

Tabel 3 menunjukkan hasil ekstraksi fitur dari citra sel prostat yang diubah menjadi 8. Fitur yang digunakan terdiri dari *contrast* 1-2, *correlation* 1-2, *energy* 1-2, dan *homogeneity* 1-2. Nilai kontras berkisar antara 0,074 hingga 0,110, yang menunjukkan perbedaan variasi tekstur dalam citra sel prostat. Nilai korelasi berada dalam rentang 0,950 hingga 0,976, menunjukkan bahwa distribusi piksel dalam citra memiliki keteraturan yang cukup tinggi. Nilai energi berkisar antara 0,234 hingga 0,363, mencerminkan tingkat keseragaman tekstur pada berbagai sel prostat. Sementara itu, nilai homogenitas tetap tinggi dengan rentang antara 0,939 hingga 0,960, yang menunjukkan bahwa sebagian besar citra memiliki tekstur yang relatif seragam.

3.4.3. Citra 12 Fitur

Citra 12 fitur yang telah dituliskan di Tabel 1 adalah fitur yang digunakan untuk mengubah data citra kualitatif menjadi data citra kuantitatif. Hasil dari pengolahan citra sel prostat menggunakan GLCM (pada MATLAB) dapat dilihat pada Tabel 4.

Tabel 4. Citra Sel Prostat yang Diubah Kedalam 12 Fitur

Fitur	Sel 18	Sel 19	Sel 22	Sel 23	Sel 26	Sel 27
Contrast 1	0,072	0,087	0,082	0,077	0,093	0,072
Contrast 2	0,099	0,129	0,121	0,095	0,131	0,106
Contrast 3	0,064	0,088	0,082	0,067	0,086	0,074
Correlation 1	0,962	0,930	0,970	0,969	0,953	0,924
Correlation 2	0,948	0,895	0,956	0,961	0,934	0,888
Correlation 3	0,966	0,929	0,970	0,973	0,956	0,921
Energy 1	0,246	0,304	0,203	0,292	0,271	0,345
Energy 2	0,233	0,284	0,187	0,283	0,253	0,326
Energy 3	0,251	0,307	0,202	0,296	0,274	0,345
Homogeneity 1	0,964	0,956	0,959	0,962	0,953	0,964
Homogeneity 2	0,951	0,935	0,940	0,952	0,935	0,947
Homogeneity 3	0,968	0,956	0,959	0,967	0,957	0,963

Tabel 4 menunjukkan hasil ekstraksi fitur dari citra sel prostat yang diubah menjadi 12 fitur. Fitur-fitur yang digunakan terdiri dari *contrast* 1-3, *correlation* 1-3, *energy* 1-3, dan *homogeneity* 1-3. Nilai kontras berkisar antara 0,064 hingga 0,131, yang menunjukkan adanya variasi tekstur antar sel prostat. Nilai korelasinya memiliki rentang antara 0,888 hingga 0,973, yang menunjukkan bahwa pola distribusi piksel dalam citra memiliki keteraturan yang cukup tinggi. Nilai energi menunjukkannya dengan rentang 0,187 hingga 0,345, yang mencerminkan tingkat keseragaman tekstur yang berbeda-beda pada setiap sel prostat. Sementara itu, nilai homogenitas tetap tinggi dengan rentang antara 0,935 hingga 0,968, yang menunjukkan bahwa sebagian besar citra memiliki tekstur yang relatif seragam.

3.4.4. Citra 16 Fitur

Citra 16 fitur yang telah dituliskan di Tabel 1 adalah fitur yang digunakan untuk mengubah data citra kualitatif menjadi data citra kuantitatif. Hasil dari pengolahan citra sel prostat menggunakan GLCM (pada MATLAB) dapat dilihat pada Tabel 5.

Tabel 5. Citra Sel Prostat yang Diubah Kedalam 16 Fitur

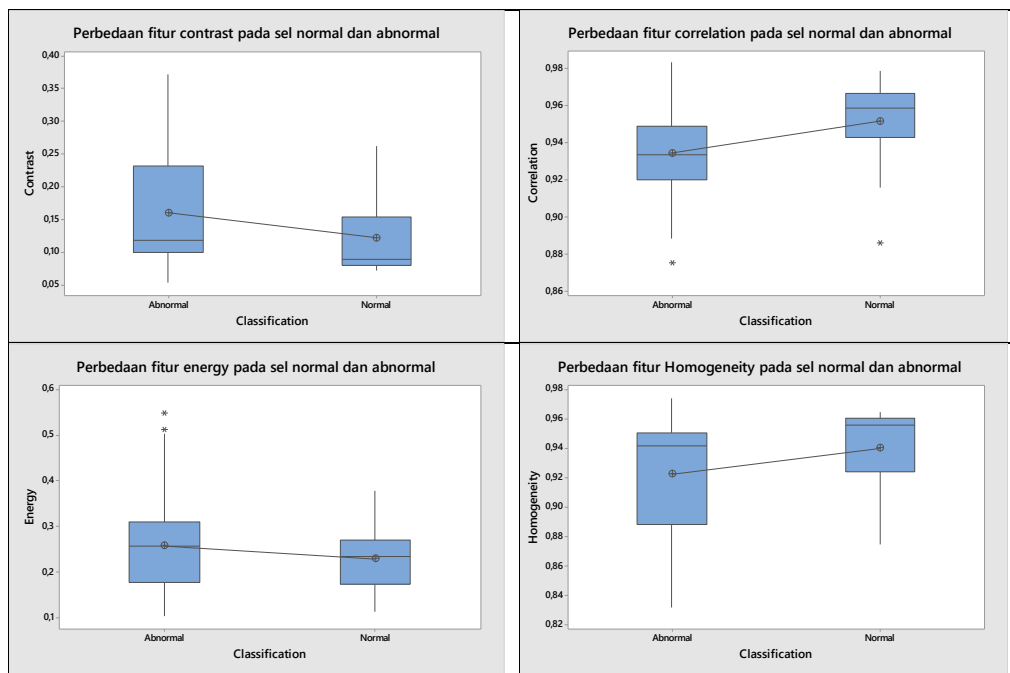
Fitur	Sel 28	Sel 29	Sel 30	Sel 32	Sel 33	Sel 34	Sel 35
Contrast 1	0,088	0,162	0,132	0,120	0,139	0,118	0,160
Contrast 2	0,115	0,234	0,186	0,178	0,193	0,176	0,247
Contrast 3	0,072	0,145	0,126	0,135	0,124	0,135	0,181
Contrast 4	0,110	0,195	0,176	0,186	0,186	0,181	0,246
Correlation 1	0,953	0,946	0,952	0,943	0,923	0,938	0,964
Correlation 2	0,938	0,923	0,933	0,915	0,891	0,906	0,944
Correlation 3	0,961	0,952	0,955	0,935	0,930	0,928	0,959
Correlation 4	0,941	0,936	0,937	0,911	0,895	0,903	0,944
Energy 1	0,237	0,273	0,269	0,214	0,235	0,230	0,149
Energy 2	0,225	0,246	0,247	0,190	0,215	0,208	0,129
Energy 3	0,245	0,280	0,272	0,207	0,245	0,225	0,143
Energy 4	0,227	0,261	0,249	0,188	0,218	0,206	0,127
Homogeneity 1	0,956	0,920	0,934	0,940	0,931	0,941	0,920
Homogeneity 2	0,942	0,887	0,908	0,912	0,904	0,913	0,880
Homogeneity 3	0,964	0,928	0,937	0,933	0,938	0,932	0,910
Homogeneity 4	0,945	0,905	0,912	0,908	0,907	0,910	0,878

Tabel 5 menunjukkan hasil ekstraksi fitur dari citra sel prostat yang diubah menjadi 16 fitur. Fitur-fitur yang digunakan yaitu *contrast* 1-4, *corelation* 1-4, *energy* 1-4, dan *homogeneity* 1-4. Nilai kontras berkisar antara 0,088 hingga 0,247, yang menunjukkan perbedaan variasi tekstur dalam citra sel prostat. Nilai korelasi berada dalam rentang 0,891 hingga 0,964, yang menunjukkan bahwa distribusi piksel dalam citra memiliki keteraturan yang cukup tinggi. Nilai energi berkisar antara 0,127 hingga 0,280, mencerminkan tingkat keseragaman tekstur pada berbagai sel prostat. Sementara itu, nilai homogenitas tetap tinggi dengan rentang antara 0,878

hingga 0,964, yang menunjukkan bahwa sebagian besar citra memiliki tekstur yang relatif seragam.

3.5. Klasifikasi Citra

Hasil dari ekstraksi fitur dilanjutkan dengan pengujian untuk melihat kemampuan 4 fitur dalam membedakan antara sel normal dan abnormal. Dilihat pada Gambar 9 dan Tabel 6.



Gambar 9. Perbedaan 4 Fitur Pada Sel Norma dan Abnormal

Tabel 6 Klasifikasi dengan 4 Fitur

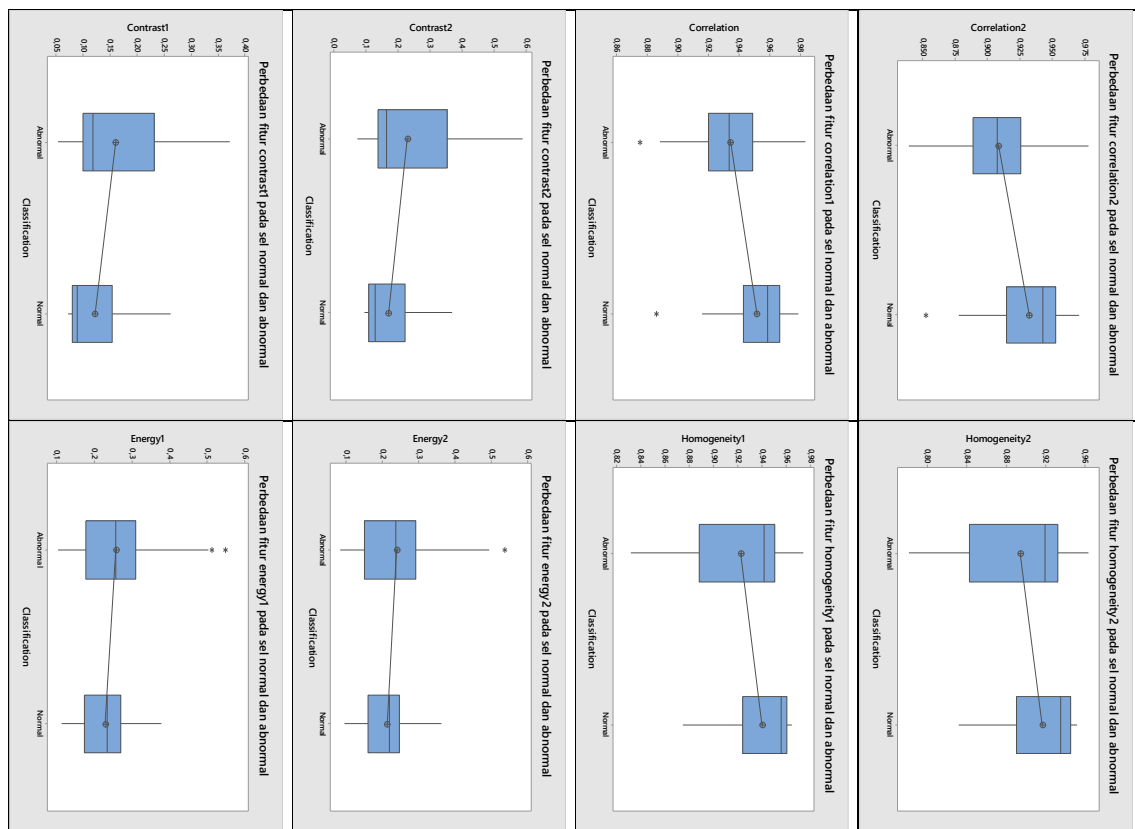
Fitur	Classification	Mean	StDev	P-Value
Contrast	Abnormal	0,1598	0,0833	0,004
	Normal	0,1214	0,0595	
Correlation	Abnormal	0,9345	0,0214	0,000
	Normal	0,9516	0,0213	
Energy	Abnormal	0,2579	0,0975	0,037
	Normal	0,2288	0,0619	
Homogeneity	Abnormal	0,9222	0,0384	0,005
	Normal	0,9399	0,0287	

Jika P-Value < 0,05 maka fitur dapat membedakan sel normal dan abnormal.

- P-Value pada contrast (0,004) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada correlation (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada energy (0,037) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada homogeneity (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity dapat membedakan sel normal dan abnormal.

Pengujian selanjutnya adalah melihat kemampuan 8 fitur dalam membedakan antara sel normal dan abnormal. Dilihat pada Gambar 10 dan Tabel 6.

Hanafi, Setiawan, Jusman
Analisis Fitur Citra untuk Deteksi Kanker Prostat Menggunakan GLCM dan T-Test



Gambar 10. Perbedaan 8 Fitur Pada Sel Norma dan Abnormal

Tabel 6. Klasifikasi dengan 8 Fitur

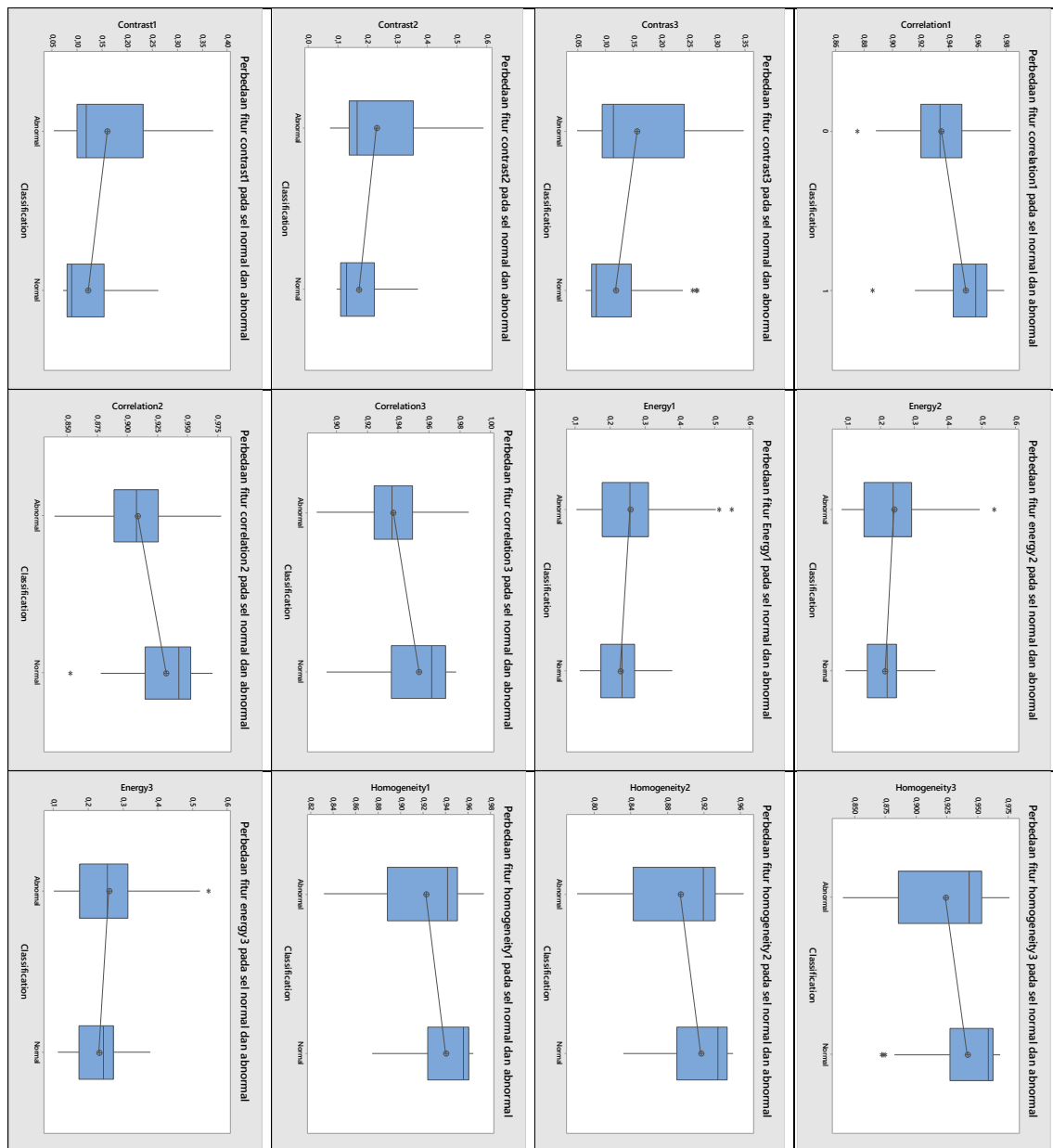
Fitur	Classification	Mean	StDev	P-Value
Contrast1	Abnormal	0,1598	0,0833	0,004
	Normal	0,1214	0,0595	
Contrast2	Abnormal	0,229	0,13	0,003
	Normal	0,1703	0,0851	
Correlation1	Abnormal	0,9345	0,0214	0,000
	Normal	0,9516	0,0213	
Correlation2	Abnormal	0,9084	0,0293	0,000
	Normal	0,9321	0,0302	
Energy1	Abnormal	0,2579	0,0975	0,037
	Normal	0,2288	0,0619	
Energy2	Abnormal	0,2387	0,0995	0,060
	Normal	0,2121	0,0631	
Homogeneity1	Abnormal	0,9222	0,0384	0,005
	Normal	0,9399	0,0287	
Homogeneity2	Abnormal	0,8942	0,0521	0,008
	Normal	0,9167	0,0392	

Jika P-Value < 0,05 maka fitur dapat membedakan sel normal dan abnormal.

- P-Value pada contrast1 (0,004) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast1 dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada contrast2 (0,003) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast2 dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada correlation1 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation1 dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- P-Value pada correlation2 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation2 dapat membedakan sel normal dan abnormal.

- e. P-Value pada energy1 (0,037) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy1 dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- f. P-Value pada energy2 (0,060) lebih besar dari 0,05 maka fitur energy2 tidak dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- g. P-Value pada homogeneity1 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity1 dapat membedakan sel normal dan abnormal.
- h. P-Value pada homogeneity2 (0,008) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity2 dapat membedakan sel normal dan abnormal.

Setelah pengujian 8 fitur dilakukan, proses selanjutnya adalah pengujian 14 fitur untuk melihat kemampuan 14 fitur dalam membedakan antara sel normal dan abnormal. Dilihat pada Gambar 11 dan Tabel 7.



Gambar 11. Perbedaan 12 Fitur Pada Sel Norma dan Abnormal

Tabel 7. Klasifikasi dengan 12 Fitur

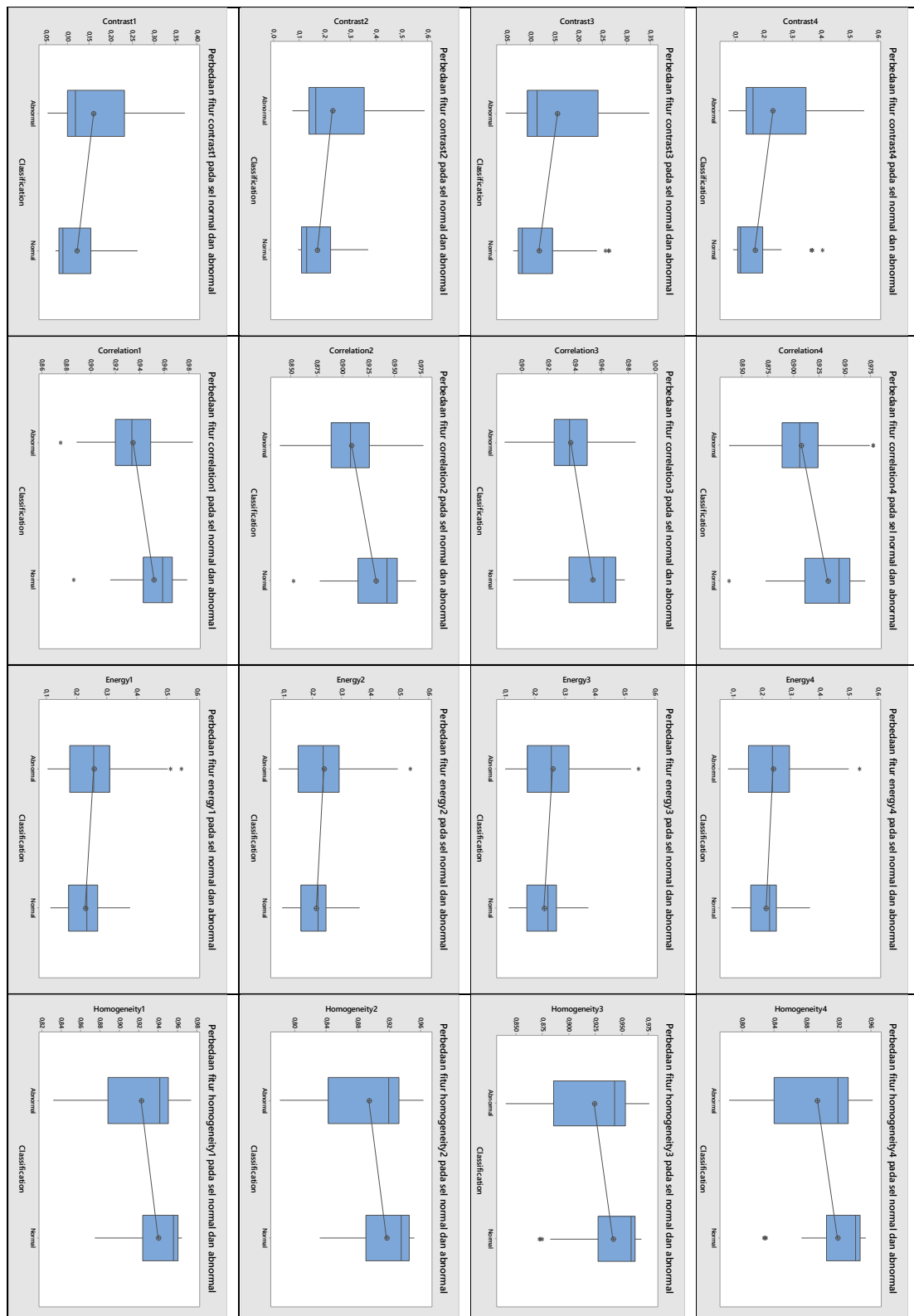
Fitur	Classification	Mean	StDev	P-Value
Contrast1	Abnormal	0,1598	0,0833	0,004
	Normal	0,1214	0,0595	
Contrast2	Abnormal	0,229	0,13	0,003
	Normal	0,1703	0,0851	
Contrast3	Abnormal	0,1558	0,0835	0,005
	Normal	0,1173	0,0632	
Correlation1	Abnormal	0,9345	0,0214	0,000
	Normal	0,9516	0,0213	
Correlation2	Abnormal	0,9367	0,0201	0,000
	Normal	0,9534	0,0225	
Correlation3	Abnormal	0,9367	0,0201	0,000
	Normal	0,9534	0,0225	
Energy1	Abnormal	0,2579	0,0975	0,037
	Normal	0,2288	0,0619	
Energy2	Abnormal	0,2387	0,0995	0,060
	Normal	0,2121	0,0631	
Energy3	Abnormal	0,2592	0,0984	0,045
	Normal	0,2308	0,0634	
Homogeneity1	Abnormal	0,9222	0,0384	0,005
	Normal	0,9399	0,0287	
Homogeneity2	Abnormal	0,8942	0,0521	0,008
	Normal	0,9167	0,0392	
Homogeneity3	Abnormal	0,9239	0,0391	0,007
	Normal	0,9417	0,0309	

Jika P-Value < 0,05 maka fitur dapat membedakan sel normal dan abnormal.

- a. P-Value pada contrast1 (0,004) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- b. P-Value pada contrast2 (0,003) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- c. P-Value pada contrast3 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- d. P-Value pada correlation1 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- e. P-Value pada correlation2 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- f. P-Value pada correlation3 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- g. P-Value pada energy1 (0,037) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- h. P-Value pada energy2 (0,060) lebih besar dari 0,05 maka fitur energy2 tidak dapat membedakan sel normal dan abnormal
- i. P-Value pada energy3 (0,045) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- j. P-Value pada homogeneity1 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- k. P-Value pada homogeneity2 (0,008) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- l. P-Value pada homogeneity3 (0,007) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity3 dapat membedakan sel normal dan abnormal

Proses selanjutnya adalah pengujian 16 fitur untuk melihat kemampuan dalam membedakan antara sel normal dan abnormal. Dilihat pada Gambar 12 dan Tabel 8.

Hanafi, Setiawan, Jusman
Analisis Fitur Citra untuk Deteksi Kanker Prostat Menggunakan GLCM dan T-Test



Gambar 12. Perbedaan 16 Fitur Pada Sel Normal dan Abnormal

Tabel 8. Klasifikasi dengan 16 Fitur

Fitur	Classification	Mean	StDev	P-Value
Contrast1	Abnormal	0,1598	0,0833	0,004
	Normal	0,1214	0,0595	
Contrast2	Abnormal	0,229	0,13	0,003
	Normal	0,1703	0,0851	
Contrast3	Abnormal	0,1558	0,0835	0,005
	Normal	0,1173	0,0632	
Contrast4	Abnormal	0,231	0,128	0,003
	Normal	0,1681	0,0933	
Correlation1	Abnormal	0,9345	0,0214	0,000
	Normal	0,9516	0,0213	
Correlation2	Abnormal	0,9084	0,0293	0,000
	Normal	0,9321	0,0302	
Correlation3	Abnormal	0,9367	0,0201	0,000
	Normal	0,9534	0,0225	
Correlation4	Abnormal	0,9076	0,0288	0,000
	Normal	0,9336	0,0321	
Energy1	Abnormal	0,2579	0,0975	0,037
	Normal	0,2288	0,0619	
Energy2	Abnormal	0,2387	0,0995	0,060
	Normal	0,2121	0,0631	
Energy3	Abnormal	0,2592	0,0984	0,045
	Normal	0,2308	0,0634	
Energy4	Abnormal	0,2381	0,0993	0,092
	Normal	0,2138	0,0649	
Homogeneity1	Abnormal	0,9222	0,0384	0,005
	Normal	0,9399	0,0287	
Homogeneity2	Abnormal	0,8942	0,0521	0,008
	Normal	0,9167	0,0392	
Homogeneity3	Abnormal	0,9239	0,0391	0,007
	Normal	0,9417	0,0309	
Homogeneity4	Abnormal	0,8934	0,0516	0,005
	Normal	0,9183	0,0417	

Jika P-Value < 0,05 maka fitur dapat membedakan sel normal dan abnormal.

- a. P-Value pada contrast1 (0,004) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- b. P-Value pada contrast2 (0,003) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- c. P-Value pada contrast3 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- d. P-Value pada contrast4 (0,003) lebih kecil dari 0,05 maka fitur contrast4 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- e. P-Value pada correlation1 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation1 dapat membedakan sel normal dan abnormal

- f. P-Value pada correlation2 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- g. P-Value pada correlation3 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- h. P-Value pada correlation4 (0,000) lebih kecil dari 0,05 maka fitur correlation4 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- i. P-Value pada energy1 (0,037) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- j. P-Value pada energy2 (0,060) lebih besar dari 0,05 maka fitur energy2 tidak dapat membedakan sel normal dan abnormal
- k. P-Value pada energy3 (0,045) lebih kecil dari 0,05 maka fitur energy3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- l. P-Value pada energy4 (0,092) lebih besar dari 0,05 maka fitur energy4 tidak dapat membedakan sel normal dan abnormal
- m. P-Value pada homogeneity1 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity1 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- n. P-Value pada homogeneity2 (0,008) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity2 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- o. P-Value pada homogeneity3 (0,007) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity3 dapat membedakan sel normal dan abnormal
- p. P-Value pada homogeneity4 (0,005) lebih kecil dari 0,05 maka fitur homogeneity4 dapat membedakan sel normal dan abnormal

4. KESIMPULAN DAN SARAN

Analisis Fitur Citra untuk Deteksi Kanker Prostat Menggunakan metode pengolahan citra digital yaitu GLCM yang dipadukan dengan teknik klasifikasi *T-Test* pada statistik. Dalam proses penelitian ini dijelaskan mulai dari proses pengumpulan data, proses *pre-processing*, ekstraksi fitur hingga proses klasifikasi citra. Pada tahap pengumpulan data, citra diambil dari Rumah Sakit Universitas Indonesia (Jakarta) dengan perbesaran 40 kali ($1024 \times 1024 \text{ pixel}$) yang terdiri dari sel normal dan sel tidak normal. Kemudian dilanjutkan dengan proses *pre-processing* yaitu menetapkan *region of interest* (ROI) sel prostat dan perbaikan kontras. Proses dilanjutkan dengan ekstraksi fitur dimana hasil *capture* citra sel prostat dalam bentuk RGB diubah menjadi aras keabuan dan diproses dengan menggunakan metode GLCM. Total fitur yang bisa digunakan untuk membedakan citra sel prostat normal dan abnormal adalah 14 fitur sedangkan 2 fitur (i.e. *Energy2*, *energy4*) tidak bisa membedakan citra sel prostat normal dan abnormal karena *P-Value* $> 0,05$.

Jadi dari hasil *P-Value* yang telah didapatkan bahwa 14 fitur dapat membedakan citra prostat normal dan abnormal. Dengan demikian, 14 fitur tersebut dapat digunakan untuk membangun sistem klasifikasi keabnormalan sel prostat.

Berdasarkan hasil penelitian dan analisa yang telah dilakukan, ada beberapa hal yang dapat disarankan yaitu :

- a. Sistem klasifikasi keabnormalan sel prostat dengan menggunakan metode *T-Test* diharapkan dapat digunakan dan diaplikasikan dalam dunia kesehatan.
- b. Sistem klasifikasi keabnormalan sel prostat dengan menggunakan metode *T-Test*, perlu dilakukan penelitian lebih lanjut untuk dapat dikembangkan dengan pembuatan sistem otomatis berdasarkan fitur-fitur yang telah dianalisa pada penelitian ini. Sistem klasifikasinya dapat menggunakan neural network, algoritma genetik, dan lain lain.
- c. Aplikasi yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan Matlab R2010a, untuk pengembangan selanjutnya diharapkan sistem klasifikasi citra prostat abnormal dapat menggunakan aplikasi Netbeans, PHP, dan aplikasi lainnya.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] A. Muzakir, A. Desiani, and A. Amran, "Klasifikasi Penyakit Kanker Prostat Menggunakan Algoritma Naïve Bayes dan K-Nearest Neighbor," *Komputika J. Sist. Komput.*, vol. 12, no. 1, pp. 73–79, 2023, doi: 10.34010/komputika.v12i1.9629.
- [2] J. A. Karim, "Molecular dan Genomic Biomarker sebagai Deteksi Dini pada Diagnosis Kanker Prostat," *J. Ilm. Kedokt. Wijaya Kusuma*, vol. 9, no. 2, p. 156, 2020, doi: 10.30742/jikw.v9i2.803.
- [3] B. L. Adam *et al.*, "Serum protein fingerprinting coupled with a pattern-matching algorithm distinguishes prostate cancer from benign prostate hyperplasia and healthy men," *Cancer Res.*, vol. 62, no. 13, pp. 3609–3614, 2002.
- [4] A. Keles, A. Samet Hasiloglu, A. Keles, and Y. Aksoy, "Neuro-fuzzy classification of prostate cancer using NEFCLASS-J," *Comput. Biol. Med.*, vol. 37, no. 11, pp. 1617–1628, 2007, doi: 10.1016/j.compbiomed.2007.03.006.
- [5] Witeti, "Identifikasi Sel Kanker Prostat menggunakan Metode Segmentasi Berdasar Ukuran Objek pada Citra," *Jur. Tek. Elektro Fak. Tek. Univ. Diponegoro*, no. 121080200127, pp. 1–8, 2011.
- [6] I. A. Prastika and E. Mulyanto, "Sistem Pakar Diagnosa Penyakit Prostat menggunakan Metode Certainty Factor," *Jur. Tek. Inform. Fasilkom, Univ. Dian Nuswantoro*, 2016.
- [7] C. A. Pratiwi and I. Irhamah, "Klasifikasi Microarray 'Prostate Cancer' Menggunakan Metode Fuzzy Support Vector Machine (FSVM)-Genetic Algorithm," *J. Sains dan Seni ITS*, vol. 7, no. 2, 2019, doi: 10.12962/j23373520.v7i2.36446.
- [8] C. L. Daniswara, "Pencitraan Kanker Prostat," *Cdk-283*, vol. 47, no. 2, pp. 144–148, 2020.
- [9] N. L. Kartika Sari, R. D. Iriani, and B. Santoso, "Evaluasi Teknik Filtering Contrast Enhancement dan Edge Sharpening untuk Pengolahan Citra Ultrasonografi Prostat," *J. Ilm. Giga*, vol. 24, no. 1, p. 1, 2021, doi: 10.47313/jig.v24i1.1076.
- [10] Alimin and S. Riyadi, "Sistem pengembangan deteksi kanker prostat berbasis image processing dengan metode convolutional neural network," *J. Explor. IT*, vol. 14, no. 2, pp. 52–63, 2022, [Online]. Available: <https://doi.org/10.35891/explorit>
- [11] A. Dwi Septiana, A. Mulyanto, T. A. Sudarsono, I. C. Ningrom, and Perbandingan gambaran histopatologi jaringan prostat dengan perbedaan waktu fiksasi, "The Comparison Of Histopathological Images Of Prostat Tissue With Different Fixation Times," *J. Med. Lab. Res.*, vol. 2, no. 1, pp. 30–34, 2023.
- [12] M. Merung, C. Toreh, A. Agram, and F. G. Langi, "Penentuan Model Prediktif Metastasis Tulang dan Prognosis Kanker Prostat Menggunakan Alkaline Phosphatase dan Skor Gleason," *Med. Scope J.*, vol. 6, no. 1, pp. 64–71, 2023, [Online]. Available: <https://ejournal.unsrat.ac.id/v3/index.php/msj/article/view/48491>
- [13] I. G. R. A. Sugiarta, M. Sudarma, and I. M. O. Widyantara, "Ekstraksi Fitur Warna, Tekstur dan Bentuk untuk Clustered-Based Retrieval of Images (CLUE)," *Maj. Ilm. Teknol. Elektro*, vol. 16, no. 1, p. 85, 2016, doi: 10.24843/mite.1601.12.