

# IMPLEMENTASI FILTER GRAY LEVEL CO-OCCURANCE MATRIKS TERHADAP SISTEM KLASIFIKASI KANKER PAYUDARA DENGAN METODE CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK

Muhammad Ariefur Rohman<sup>\*</sup>), Panca Mudjirahardjo dan M. Aziz Muslim

Jurusan Teknik Elektro, Universitas Brawijaya Malang  
Jl. MT. Haryono No.167, Malang, Jawa Timur 65145, Indonesia

<sup>\*</sup>E-mail : arifurmuhammadr@student.ub.ac.id

## Abstrak

Kanker payudara merupakan salah satu penyakit dengan proyeksi kematian terbesar selama 10 tahun terakhir dengan indeks kematian mencapai rata-rata 5 juta per-tahun, dan diprediksi akan terus naik hingga 60% di seluruh dunia. Umumnya, banyak metode yang digunakan untuk mendeteksi penyakit ini, salah satunya dengan mengamati jaringan histopatologi. Banyak dari para ilmuwan, yang menggunakan jaringan histopatologi untuk menganalisa, mengamati dan membuat sistem klasifikasi kanker payudara dengan berbagai metode, seperti: convolutional neural network, deep learning, support vector machine. Penggunaan metode convolutional neural network terbukti paling unggul pada sistem klasifikasi kanker payudara, namun akurasi rata-rata yang dihasilkan relatif cukup rendah. Selain itu, penggunaan metode convolutional neural network, membutuhkan waktu komputasi yang relatif lama untuk mengklasifikasikan 7909 dataset ukuran 4 GB. Berdasarkan alasan tersebut, desain sebuah sistem klasifikasi dengan mengimplementasikan Gray Level Co-occurrence Matrix pada saat prapengolahan data CNN di butuhkan. Hasil penelitian menunjukkan bahwa, penggunaan metode CNN menghasilkan waktu komputasi lebih lama, yaitu: 3300 detik dibandingkan dengan kombinasi metode GLCM Entropy dan CNN 2040 detik. Sedangkan rata-rata akurasi latih dan uji yang dihasilkan oleh metode kombinasi GLCM entropy dan CNN adalah 92,26% dan 94,16%, lebih unggul dibandingkan dengan metode CNN, yaitu: 88,41% untuk data latih, dan 87,68% untuk data uji.

*Kata kunci: Convolutional neural network, gray level co-occurrence matriks, kanker payudara, neural network*

## Abstract

*Breast cancer is one of the diseases with the greatest projected mortality over the last decade with a mortality index reaching an average of 5 million per year and is predicted to continue to rise to 60% worldwide. Generally, many methods are used to detect this disease, one of which is by observing histopathological tissue. Many scientists used histopathology tissue to analyze, observe and create a breast cancer classification system with various methods, such as CNN, deep learning, SVM, and so on. CNN method is proven to be the most superior in the breast cancer classification system, but the average accuracy produced is relatively low and requires a relatively long computational time to classify 7909 datasets with a size of 4 GB. The implementation of GLCM is needed for CNN. The results showed that the use of the CNN method resulted in a longer computational time, namely: 3300 seconds compared to the GLCM Entropy and CNN methods of 2040 seconds. The average training and test accuracy produced by the combination method of GLCM entropy and CNN is 92.26% and 94.16%, which is superior to the CNN method, namely: 88.41% for training data, and 87.68% for test data.*

*Keywords: Convolutional neural network, gray level co-occurrence matrix, breast cancer, neural network*

## 1. Pendahuluan

Kanker payudara merupakan salah satu penyakit mematikan dengan indeks kematian yang tinggi di dunia dan umumnya terjadi pada wanita. Dalam sejarah penelitian Amerika Serikat pada tahun 2019, terdapat 268.200 wanita dan 2.670 pria terdiagnosis kanker payudara tipe invasif dan sebanyak 42.260 diantaranya meninggal dunia. Dalam 7 dekade terakhir, proyeksi

kematian yang terjadi akibat kanker payudara mencapai indeks 2,6% per tahun nya dan terjadi pada wanita dengan umur <80 tahun. Sedangkan di wilayah jawa barat, Indonesia, penelitian pada bulan januari 2014 hingga desember 2018 menunjukkan bahwa 913 wanita terdiagnosis kanker payudara dengan rata-rata umur kurang dari 50 tahun [1][2]. Sedangkan di wilayah Jawa Tengah, Indonesia, profil sebaran kasus kanker payudara cukup tinggi sebesar 11.310 kasus pada tahun

2007 dan 9.271 kasus pada tahun 2008 [3]. Berdasarkan fakta ini, bisa disimpulkan bahwa kasus kanker payudara akan terus berkembang jika tidak ada upaya pencegahan dan terapi yang tepat.

Upaya pencegahan dalam kanker payudara bisa dilakukan dengan beberapa tindakan, diantaranya: melakukan *screening*, kemopreventif dan tindakan pencegahan secara biologis. Tindakan preventif yang paling umum dilakukan oleh kebanyakan orang adalah melakukan *screening* baik secara mandiri maupun dengan bantuan tenaga medis dan teknologi. Proses *screening* memiliki banyak sekali jenis, diantaranya: Mammografi, MRI, USG, termografi, PPK (Pemeriksaan payudara klinik) dan *Histopathology* (pengambilan sampel pada jaringan) [4] [5]. Metode yang paling umum digunakan untuk pendeteksian kanker payudara dari sampel biopsi payudara adalah *histopathology*, yaitu memvisualisasikan berbagai komponen jaringan di bawah mikroskop dengan mewarnai bagian-bagian jaringan dengan satu atau lebih zat warna menggunakan *Hematoxylin-Eosin* [6] [7].

Gambar *Histopathology* secara umum memiliki informasi medis pasien dalam tingkat sel maupun jaringan, dan menjadi salah satu variabel data yang banyak digunakan oleh peneliti untuk membuat suatu sistem klasifikasi yang membantu tenaga medis dalam mengklasifikasikan kanker payudara secara akurat dan tepat.

Sebagian besar peneliti telah melakukan sebuah penelitian tentang sistem klasifikasi untuk kanker payudara, dengan menggunakan jaringan *histopathology* pada sel kanker payudara. Berdasarkan hasil penelitian [8] dapat di analisis, bahwa penggunaan metode CNN gabungan menggunakan parameter *F-score* dengan perbesaran gambar yang bervariasi menghasilkan akurasi yang cukup sempurna sebesar 96.00%, 92.00%, 96.24% dan 94.67%. Selain penggunaan metode CNN, system tersebut menggunakan teknik perbaikan citra dengan metode GLCM secara dibalik, dipotong dan diputar. Namun, kelemahan dari sistem tersebut hanya mengklasifikasikan kanker payudara menjadi dua jenis yaitu: jinak dan ganas. Sedangkan penelitian [9], system klasifikasi kanker payudara menggunakan metode CNN I dan CNN II dengan parameter ekstraksi fitur pada bagian jumlah jaringan secara keseluruhan, morfologi, *Delaunay triangulation* dan *area voronoi* jaringan kanker payudara. Sistem klasifikasi tersebut menghasilkan tingkat akurasi sebesar 95,5% untuk CNN I dan 92% untuk CNN II. Kelemahan dari metode ini adalah hanya mengklasifikasikan kanker payudara tipe jinak.

Berdasarkan penelitian [10], metode CNN yang digunakan hanya memfokuskan pada satu parameter yaitu pada inti sel jaringan kanker payudara, sehingga proses

ekstraksi fitur yang dianalisis cenderung sedikit. Selain itu pada penelitian [11] menyebutkan bahwa implementasi metode CNN dengan mempertimbangkan 4 faktor: *True Positive*, *True Negative*, *False positive* dan *False Negative* pada *whole slide imaging* (WSI) untuk memperoleh nilai akurasi dan presisi sebesar 91.5%, namun sampel yang digunakan masih bersifat homogen dan banyak informasi medis yang tidak digunakan. Berdasarkan penelitian [12], metode CNN digunakan untuk mengklasifikasikan kanker payudara menjadi 8 *subclass* dengan tingkat akurasi sebesar 73,68 %.

Penelitian [13] menggunakan jaringan *histopathology* sebagai variabel data, serta kombinasi metode *deep learning CNN Alex Net* dengan metode stokastik gradient dan *Parameter-Free Threshold Adjacency Statistics (PFTAS)*. Sistem tersebut menghasilkan tingkat akurasi rata-rata sebesar 83,125% untuk parameter *image level* dengan *max fusion rule* dan rata-rata akurasi sebesar 87,275% untuk jenis *patient level* dengan *fusion rule*. Sistem tersebut menggunakan gambar jaringan kanker payudara dengan perbesaran yang variatif.

Implementasi metode GLCM berdasarkan penelitian [14] dimana *dataset* yang digunakan adalah gambar mammogram dari kanker payudara, terbukti bahwa metode tersebut mampu meningkatkan kualitas dataset dalam ekstraksi fitur. Selain itu, penggunaan metode GLCM juga mempengaruhi tingkat akurasi sistem sebesar 2%-14%. Penelitian [15] menunjukkan bahwa implementasi GLCM pada *dataset* kanker paru-paru mampu memperjelas bagian-bagian data yang akan di ekstraksi, sehingga fitur-fitur *dataset* yang digunakan lebih akurat. Sedangkan penelitian [16] menunjukkan bahwa implementasi metode GLCM pada *dataset* polip mampu mengurangi ukuran *dataset* menjadi lebih kecil, memperbaiki kualitas *dataset* dan mampu memberikan solusi pada hasil klasifikasi yang *overfitting*.

Berdasarkan beberapa riset tersebut, dapat disimpulkan bahwa metode CNN memberikan performa yang baik pada tingkat akurasi namun membutuhkan memori yang besar dan cukup lambat dalam waktu komputasi, serta banyak ekstraksi fitur yang tidak digunakan. Rata-rata system klasifikasi pada penelitian terdahulu hanya mengklasifikasikan kanker payudara menjadi 2 jenis, yaitu: jinak dan ganas.

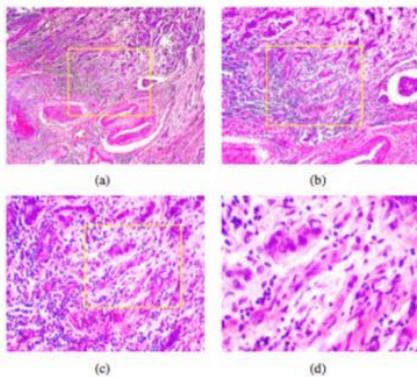
Berdasarkan analisis permasalahan tersebut, penggunaan metode CNN sangat sesuai sebagai algoritma dasar klasifikasi kanker payudara dalam pengolahan citra digital jaringan sel kanker payudara. Selain itu, penambahan metode GLCM pada CNN mampu memperbaiki kualitas *dataset*, mengurangi ukuran *dataset* yang terlalu besar serta mampu mengatasi masalah *overfitting* pada sistem klasifikasi. Dapat disimpulkan sebuah hipotesis bahwa penggunaan metode CNN saja tidak cukup dalam merancang sistem klasifikasi

kanker payudara. Sehingga untuk meningkatkan akurasi klasifikasi sistem, penambahan metode GLCM untuk meningkatkan kualitas dari dataset diperlukan.

## 2. Metode

### 2.1. Sumber Data

Dataset yang digunakan adalah “Breast cancer histopathological database (BreakHis)” [14]. Dataset ini terdiri dari 7.909 gambar mikroskopis jaringan tumor payudara yang dikumpulkan dari 82 pasien dengan menggunakan pembesaran 40x, 100x, 200x, dan 400x oleh Laboratorium P&D-Patological Anatomy and Cytopathology, Parana, Brazil.



Gambar 1. Sampel dataset Kanker Payudara BreakHis [17]

Dataset diambil menggunakan mikroskop Olympus BX-50 dan Kamera digital Samsung berwarna tipe SCC-131AN lalu disimpan dalam 3-channel RGB dengan kedalaman warna 8-bit dan format gambar PNG. BreakHis dataset dibagi menjadi dua kategori utama yaitu tumor jinak dan tumor ganas yang masing-masing kategori memiliki sub-kategori, detail untuk masing-masing kategori dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Struktur BreakHis Dataset

Kategori	Sub-kategori	Perbesaran				Total
		40x	100x	200x	400x	
Tumor Jinak	Adenosis	114	113	111	106	444
	Fibroadenoma	253	260	264	237	1014
	Tubular Adenoma	149	150	140	130	569
	Phyllodes Tumor	109	121	108	115	453
	Ductal Carcinoma	864	903	896	788	3451
	Lobular Carcinoma	156	170	163	137	626
	Mucinous Carcinoma	205	222	196	169	792
Tumor Ganas	Papillary Carcinoma	145	142	135	138	560

### 2.2. Variabel Penelitian

Pengujian yang akan dilakukan pada penelitian ini adalah menghitung nilai-nilai yang menunjukkan tingkat keberhasilan metode dengan mempertimbangkan beberapa hal berikut: *True positive*, *true negative*, *false positive* dan *false negative* [15]. Nilai yang di hitung adalah rata-rata akurasi dan galat yang dihasilkan dari sistem tersebut. Untuk perhitungan nilai akurasi menggunakan persamaan 1.

$$accuracy = \frac{(TP + TN)}{(TP + TN + FP + FN)} \quad (1)$$

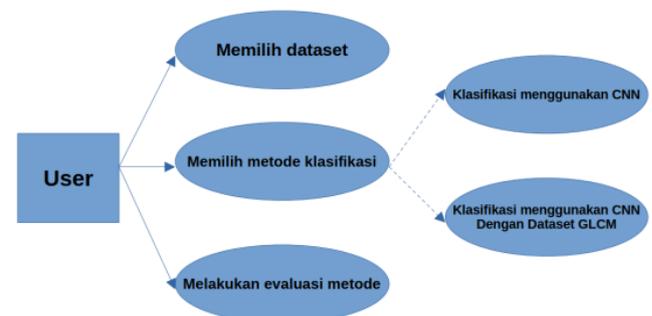
Dimana:

TP = True Positive  
TN = True Negative  
FP = False Positive  
FN = False Negative

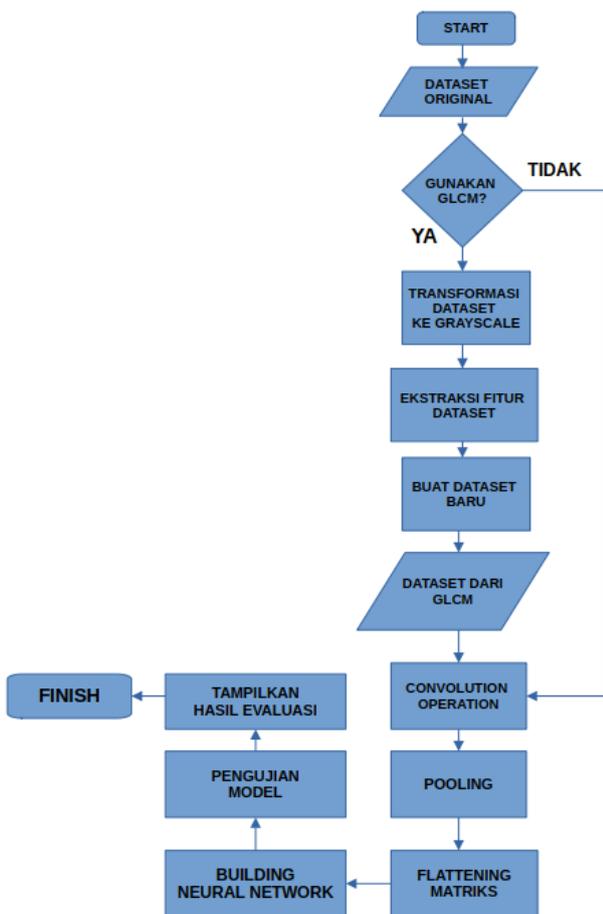
### 2.3. Perancangan Sistem

Perancangan sistem dilakukan dengan menggunakan bahasa pemrograman *Python* dan *framework/library* yang digunakan meliputi *BreakHis dataset*, *OpenCV*, *Scikit-Learn*, *TensorFlow*, *Keras*, dan *PyTorch*. Untuk spesifikasi perangkat keras yang digunakan, dikarenakan besarnya ukuran dataset serta banyaknya proses perhitungan yang perlu dilakukan akibat penggunaan 2 metode dengan 3 sub-tipe, maka sistem membutuhkan perangkat dengan spesifikasi tinggi. Oleh karena itu, perangkat khusus yang disediakan oleh *Google*, yaitu *Google Colaboratory* sangat sesuai dengan sistem yang akan dirancang.

Selain itu, analisis kebutuhan sistem pada penelitian ini menggunakan *use case* dan *flowchart diagram* yang ditunjukkan pada gambar 5 dan gambar 6. *Use case diagram* menjelaskan kebutuhan-kebutuhan apa saja yang harus dimiliki oleh sistem sehingga seluruh tujuan pengguna menggunakan sistem dapat terpenuhi. Sedangkan *flowchart diagram*, menunjukkan algoritma dan alur program dalam sistem klasifikasi.

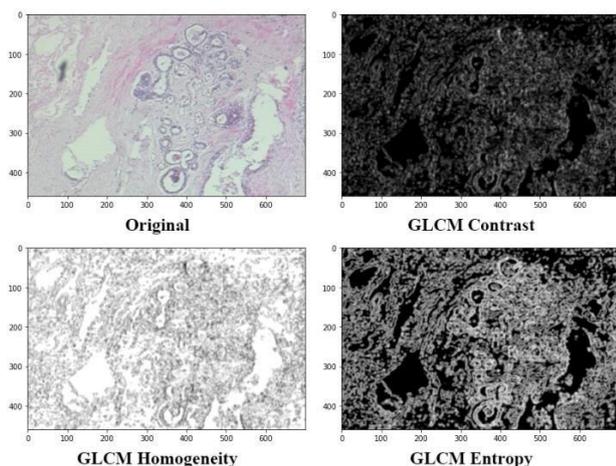


Gambar 2. Use Case Diagram



Gambar 3. Flowchart Diagram

#### 2.4. Implementasi Filter *Gray Level Co-occurrence Matrix (GLCM)*



Gambar 4. Hasil konversi *original dataset* menjadi *dataset GLCM contrast, entropy dan homogeneity*

Gray-Level Co-Occurrence Matrix (GLCM) adalah matriks yang diaplikasikan pada sebuah gambar pada offset tertentu. Metode GLCM digunakan sebagai

pendekatan analisis citra digital pada berbagai aplikasi terutama dalam analisis citra medis dan merupakan metode ekstraksi fitur berbasis tekstur yang populer. GLCM menentukan hubungan tekstur antar piksel dengan melakukan operasi berdasarkan statistik orde kedua pada gambar. Operasi ini biasanya menggunakan 2 piksel. GLCM merepresentasikan hubungan antara dua piksel yang berdekatan dengan intensitas abu-abu, jarak dan sudut. 8 sudut dapat digunakan di GLCM, termasuk  $0^\circ$ ,  $45^\circ$ ,  $90^\circ$ ,  $135^\circ$ ,  $180^\circ$ ,  $225^\circ$ ,  $270^\circ$  atau  $315^\circ$ . Parameter jarak dalam GLCM dihitung dari jumlah piksel antara piksel referensi dan piksel yang berdekatan [16][17].

Matriks fitur GLCM, yang menggunakan atribut ini merepresentasikan gambar dengan parameter yang lebih sedikit [17][18]. Pada penelitian ini, hanya mengimplementasikan 3 jenis GLCM, yaitu: *contrast*, *entropy* dan *homogeneity*. Untuk formula dari masing-masing GLCM adalah sebagai berikut:

1. GLCM Contrast

$$\sum_{i,j=0}^{N-1} P_{i,j} (i-j)^2 \quad (2)$$

2. GLCM Entropy

$$\sum_{i,j=0}^{N-1} P_{i,j} (-\ln P_{i,j}) \quad (3)$$

3. GLCM Homogeneity

$$\sum_{i,j=0}^{N-1} \left( \frac{P_{i,j}}{1} + (i-j)^2 \right) \quad (4)$$

Dimana:

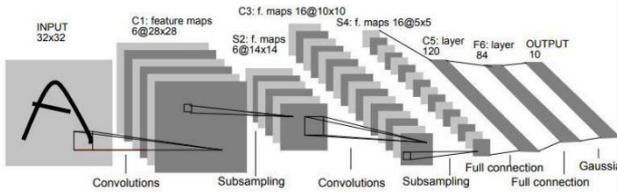
$N$  = merupakan koordinat piksel pada matriks GLCM

$i, j$  = merupakan rentang *gray tone*, pada citra digital 0–255 ( $N=256$ )

$P_{i,j}$  = merupakan nilai piksel pada koordinat  $i, j$  GLCM matriks

#### 2.5. Implementasi Model Convolutional Neural Network (CNN)

*Convolutional Networks*, atau lebih dikenal dengan sebutan *Convolutional Neural Networks (CNN)* menggunakan teknik *weighted sharing*, *downsampling*, dan *local connection* sehingga mengurangi jumlah parameter yang diperlukan serta menurunkan tingkat kompleksitas dari *neural networks*. Selain itu CNN tidak membutuhkan teknik prapengolahan gambar yang kompleks, sehingga gambar asli bisa langsung digunakan sebagai data masukan [19].



Gambar 5. Arsitektur CNN [24]

Secara umum, CNN terdiri dari 3 tahapan utama yaitu *Convolution Operation*, *Pooling*, dan *Full Connection* [20]. Dua proses pertama digunakan untuk melakukan ekstraksi fitur pada gambar, dan proses yang ketiga memetakan fitur yang telah diekstraksi menjadi keluaran yang digunakan untuk melakukan klasifikasi. Gambar 1 merepresentasikan proses yang dilakukan pada algoritma CNN.

Arsitektur CNN dimodelkan untuk memanfaatkan struktur 2D dari gambar input, yang biasanya diimplementasikan oleh koneksi dan bobot yang berdekatan, dan kemudian digabungkan beberapa kali untuk menghasilkan fitur terjemahan invariant [21]. Pada penelitian ini, arsitektur yang digunakan adalah *Visual Geometry Group* tipe 16, dengan detail seperti pada Tabel 2.

Tabel 2. Arsitektur CNN VGG16 pada sistem klasifikasi Kanker Payudara

Layer	Jumlah Neuron	Ukuran Kernel	Ukuran Input	Akt.	Str.	Pad.
Conv.	16	3x3	458x698	ReLu	3	3
Max Pool		2x2	229x349		2	0
Conv.	32	3x3	227x347	ReLu	3	3
Max Pool		2x2	113x173		2	0
Flatten			625568			
Dense	256		160145664	ReLu		
Dense (1)	128		32896	ReLu		
Dense (2)/Output	8		1032	Soft-Max		

## 2.6. Pengujian Data dengan K-cross Validation

Teknik K-fold Cross Validation (teknik validasi silang) adalah salah satu pendekatan yang paling banyak digunakan oleh praktisi untuk pemilihan model dan estimasi kesalahan pengklasifikasi. KCV terdiri dari pemisahan kumpulan data menjadi k-subset; kemudian, secara berulang, beberapa data akan digunakan untuk mempelajari model yang dikenal dengan istilah data uji, sementara data lainnya dimanfaatkan untuk menilai kinerja sistem atau yang dikenal dengan data latih [22]. Validasi silang K-fold adalah metode yang populer untuk memperkirakan kinerja sebenarnya dari model machine learning, memungkinkan pemilihan model dan

penyetelan parameter. Namun, proses validasi silang itu sendiri memerlukan partisi data secara acak serupa dengan stokastik, dengan variabilitas yang dapat menjadi substansial untuk tugas pemrosesan bahasa alami [23].

Untuk lebih meningkatkan kualitas pengujian yang dilakukan, penulis juga menambahkan metode “k-fold cross validation” untuk membagi dataset menjadi data latih dan data uji sehingga seluruh data memiliki kesempatan yang sama untuk menjadi data latih dan data uji. k-fold cross validation membagi dataset menjadi beberapa grup sesuai dengan nilai k yang dipilih, lalu 1 grup akan digunakan sebagai data uji sedangkan grup yang lain menjadi data latih. Proses ini dilakukan berulang-kali sebanyak nilai k. Skenario pengujian memiliki peran sebagai pemandu dalam melakukan proses pengujian yang tepat. Dalam penelitian ini rancangan skenario pengujian yang digunakan adalah sebagai berikut:

1. Persiapkan dataset yang berupa gambar mikroskopis jaringan tumor payudara.
2. Selanjutnya penulis memilih nilai “k” (4, 5, 6, dan 7) untuk *k-fold cross validation*.
3. Dataset dibagi menjadi beberapa grup sesuai dengan nilai “k” yang dipilih.
4. Satu grup akan digunakan sebagai data uji, sedangkan grup sisanya akan digunakan sebagai data latih.
5. Lakukanlah perhitungan nilai-nilai pengujian dari metode yang digunakan.
6. Satu grup akan digunakan sebagai data uji, sedangkan grup sisanya akan digunakan sebagai data latih.
7. Hitunglah nilai-nilai pengujian dari metode yang digunakan
8. Lalu pengujian dilanjutkan dengan memilih 1 grup selanjutnya sebagai data uji yang baru, sedangkan grup sisanya akan digunakan sebagai data latih yang baru.
9. Setelah dilakukan beberapa percobaan sebanyak nilai k maka buatlah laporan hasil pengujian.
10. Pengujian akan dilakukan sebanyak 4 kali untuk menguji sistem dengan menggunakan metode CNN saja, GLCM *Contrast* dengan CNN, GLCM *Entropy* dengan CNN, dan GLCM *Homogeneity* dengan CNN.



Gambar 6. Ilustrasi Metode K-cross Validation [25]

### 3. Hasil dan Analisis

Proses penelitian awal yang dilakukan adalah mengimplementasikan 3 jenis metode GLCM pada dataset asli, yang terdiri dari: GLCM Contrast, Entropy dan Homogeneity. Dataset tersebut akan dikonversi menjadi grayscale sesuai dengan formula dari masing-masing jenis metode GLCM, seperti yang ditunjukkan pada gambar 4. Dataset GLCM tersebut selanjutnya diproses untuk pra-pengolahan, dimana data tersebut akan dibagi menjadi data latih dan data uji, sesuai dengan nilai  $k$  yang ditentukan yaitu: 4,5,6, dan 7 (perhatikan tabel 3). Selanjutnya, data tersebut akan di proses pada lapisan konvolusi untuk mengekstraksi fitur-fitur unik dari dataset dan mencari hubungan antara piksel dengan mempelajari fitur gambar dari data masukan yang selanjutnya akan disimpan di kernel dengan ukuran  $3 \times 3$ , stride 3, padding 3, dan aktivasi layer ReLu. Ekstraksi fitur dari kernel dapat dilakukan dengan menentukan beberapa parameter, yaitu: dimensi Feature Map yang merupakan ukuran dari pemetaan fitur, Strides yaitu nilai berapa piksel pergeseran dari fitur sebelumnya dan berapa kali proses konvolusi akan diulang.

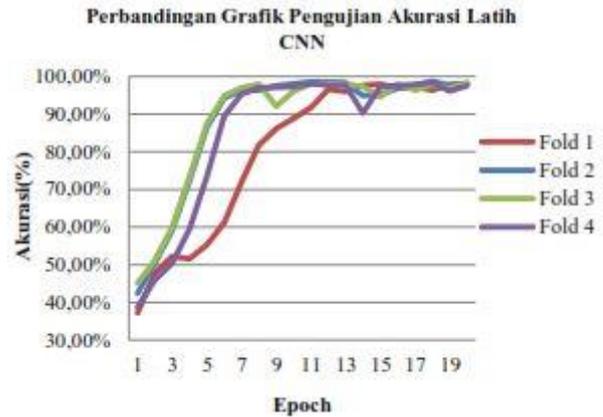
Tabel 3. Pembagian data sesuai dengan koefisien K

Nilai K	Jumlah Data Latih	Jumlah Data Uji
4	5929	1980
5	6324	1585
6	6588	1321
7	6776	1133

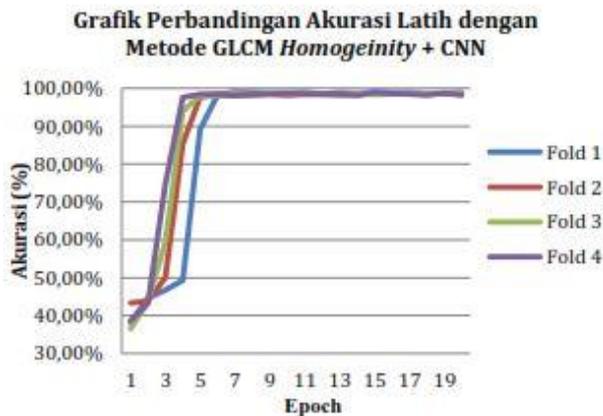
Setelah ekstraksi fitur pada lapisan konvolusi selesai, proses selanjutnya adalah pooling dimana sistem ini menggunakan tipe max pooling. Fungsi dari layer ini adalah untuk mengurangi ukuran dari fitur yang didapatkan pada proses konvolusi terutama untuk gambar masukan yang berukuran besar sehingga mengurangi beban proses komputasi pada sistem. Max Pooling juga berfungsi menghitung nilai maksimum dari porsi gambar yang dicakup oleh kernel. Layer ini menggunakan *kernel* dengan ukuran  $2 \times 2$  dan *stride* ukuran 2.

Data yang berupa kumpulan matriks selanjutnya akan diproses dengan cara di *flattening*, dan akan dibuat jaringan syarafnya. Proses selanjutnya adalah tahap pengujian yang dilakukan dengan menggunakan ukuran *batch* 32 sebanyak 20 *epoch*, untuk masing data latih dan data uji. Pengujian performa selanjutnya dilakukan dengan menganalisa dan mengamati hasil akurasi pada setiap *fold* dengan metode *k-cross validation*. Pengujian *fold* terbaik di tunjukkan oleh gambar berikut ini. Gambar 7 menunjukkan perbandingan grafik pengujian akurasi latih metode CNN, gambar 8 menunjukkan perbandingan grafik pengujian akurasi latih metode GLCM *homogeneity* dan metode CNN, gambar 10 menunjukkan perbandingan grafik

pengujian akurasi latih metode GLCM *entropy* dan metode CNN, serta gambar 11 menunjukkan perbandingan grafik pengujian akurasi latih metode GLCM *contrast* dan metode CNN.



Gambar 7. Pengujian fold untuk sistem klasifikasi Kanker Payudara dengan metode CNN



Gambar 8. Pengujian fold untuk sistem klasifikasi Kanker Payudara dengan menggunakan metode GLCM Homogeneity dan CNN



Gambar 9. Pengujian fold untuk sistem klasifikasi Kanker Payudara dengan menggunakan metode GLCM Entropy dan CNN



Gambar 10. Pengujian fold untuk sistem klasifikasi Kanker Payudara dengan menggunakan metode GLCM Contrast dan CNN

Dari gambar 7,8,9, dan 10 bisa disimpulkan, bahwa untuk sistem klasifikasi kanker payudara dengan menggunakan metode GLCM *homogeneity* dengan CNN memiliki hasil klasifikasi terbaik pada *fold* 1. Sedangkan untuk GLCM *entropy*, *contrast* dan metode CNN saja, masing-masing memiliki hasil klasifikasi terbaik pada *fold* 2.

Tabel 4. Hasil rata-rata akurasi dan waktu komputasi pengujian sistem dengan 4 metode

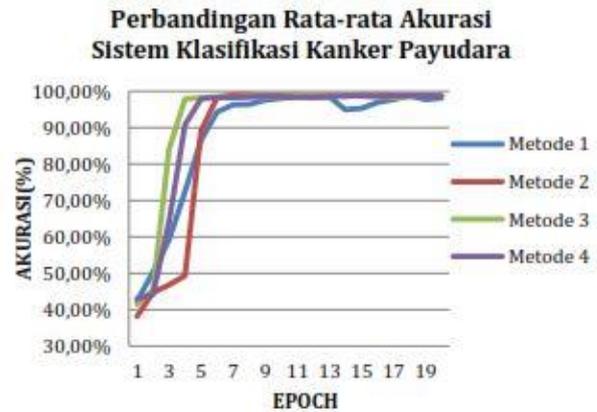
Metode	AKURASI		Waktu Komputasi (Detik)
	Training	Testing	
CNN	88,41%	87,68%	3300
GLCM CONTRAST + CNN	90,88%	89,58%	1860
GLCM ENTROPY + CNN	92,26%	94,16%	2040
GLCM HOMOGEINITY + CNN	91,46%	93,02%	1860

Tabel 5. Hasil rata-rata galat pengujian sistem dengan 4 metode

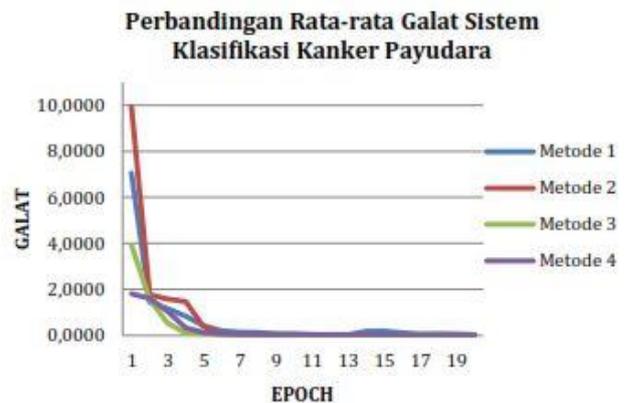
Metode	GALAT	
	TRAINING	TESTING
CNN	0,6192	0,67327
GLCM CONTRAST + CNN	0,2765	0,3985
GLCM ENTROPY + CNN	0,3331	0,1860
GLCM HOMOGEINITY + CNN	0,7793	0,3127

Sedangkan, untuk perbandingan tingkat akurasi rata-rata dan galat pada sistem klasifikasi menggunakan metode CNN saja dan yang telah di implementasikan metode GLCM ditampilkan pada Tabel 4 dan 5. Sedangkan, untuk grafik perbandingan rata-rata akurasi dan galat ditampilkan pada gambar berikut. Gambar 11 menunjukkan perbandingan rata-rata akurasi sistem klasifikasi kanker

payudara sedangkan gambar 12 perbandingan rata-rata galat sistem klasifikasi kanker payudara.



Gambar 11. Perbandingan rata-rata akurasi sistem klasifikasi kanker payudara



Gambar 12. Perbandingan rata-rata galat sistem klasifikasi kanker payudara

**Keterangan:**

- Metode 1 adalah metode CNN
- Metode 2 adalah metode GLCM tipe *homogeneity* dan CNN
- Metode 3 adalah metode GLCM tipe *entropy* dan CNN
- Metode 4 adalah metode GLCM tipe *contrast* dan CNN

Tabel 4 menunjukkan bahwa nilai rata-rata akurasi sistem klasifikasi kanker payudara menggunakan metode CNN dengan metode GLCM *entropy* terbukti paling unggul, yaitu: 92,26% untuk rata-rata akurasi latih dan 94,16% untuk rata-rata akurasi uji, dibandingkan dengan sistem yang hanya menggunakan metode CNN saja, yaitu 88,41% untuk rata-rata akurasi latih dan 87,68% untuk akurasi uji. Sedangkan untuk nilai galat pada Tabel 5 menunjukkan bahwa, sistem klasifikasi dengan menggunakan metode GLCM *entropy*, terbukti unggul yaitu: 0,3331 untuk galat latih dan 0,1860 untuk galat uji dibandingkan dengan metode yang lain.

Selain itu, pada tabel 4 juga menunjukkan, bahwa waktu komputasi sistem ketika di implementasikan metode

GLCM relatif lebih cepat (1860-2040 detik) dibandingkan dengan sistem yang hanya menggunakan metode CNN saja (3300 detik).

#### 4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, bisa disimpulkan bahwa penambahan metode GLCM pada sistem klasifikasi kanker payudara dengan menggunakan metode CNN terbukti dapat meningkatkan rata-rata akurasi sistem, mengurangi nilai galat serta mengurangi waktu komputasi secara signifikan. Hal ini dibuktikan dari hasil nilai rata-rata akurasi, yaitu: penggunaan metode CNN saja menghasilkan akurasi sebesar 88,41 % untuk data latih, 87,68 % untuk data uji, sedangkan penggunaan metode GLCM jenis entropy terbukti paling unggul dalam meningkatkan rata-rata akurasi menjadi 92,26% untuk data latih dan 94,16% untuk data uji. Selain itu, penggunaan metode GLCM jenis entropy pada sistem juga menghasilkan nilai galat yang lebih kecil dibandingkan hanya menggunakan metode CNN, yaitu: 0,3331 untuk galat latih dan 0,1860 untuk galat uji. Keunggulan lain dari penggunaan GLCM adalah mengurangi waktu komputasi sistem hingga mendekati setengahnya, dari yang awalnya 3300 detik menjadi 2040 detik. Untuk saran dalam penelitian selanjutnya adalah mengoptimalkan dataset yang akan digunakan, dikarenakan jumlah data yang besar serta memperbaiki resolusi gambar yang kecil dan buram. Selain itu, perlu ditambahkan pengujian tambahan dengan parameter lain seperti presisi, recall, kappa, MCC, ROC, RMSE, MAE, dan sebagainya. Penggunaan metode lain juga memungkinkan untuk meningkatkan kinerja sistem, meskipun berpengaruh pada memori dan kecepatan komputasi.

#### Referensi

- [1]. ACS - American Cancer Society, *Breast cancer Facts & Figures 2019-2020*. Atlanta: American Cancer Society, Inc., 2019.
- [2]. Y. Azhar, H. Agustina, M. Abdurahman, and D. Achmad, "Breast Cancer in West Java: Where Do We Stand and Go?," *Indones. J. Cancer*, vol. 14, no. 3, p. 91, 2020, doi: 10.33371/ijoc.v14i3.737.
- [3]. L. Anggorowati, "Faktor Risiko Kanker Payudara Wanita," *KEMAS J. Kesehat. Masy.*, vol. 8, no. 2, pp. 121–126, 2013, doi: 10.15294/kemas.v8i2.2635.
- [4]. Y. S. Sun *et al.*, "Risk factors and preventions of breast cancer," *Int. J. Biol. Sci.*, vol. 13, no. 11, pp. 1387–1397, 2017, doi: 10.7150/ijbs.21635.
- [5]. E. J. Watkins, "Overview of breast cancer," *J. Am. Acad. Physician Assist.*, vol. 32, no. 10, pp. 13–17, 2019, doi: 10.1097/O1.JAA.0000580524.95733.3d.
- [6]. S. H. Bhandari, "A bag-of-features approach for malignancy detection in breast histopathology images," *Proc. - Int. Conf. Image Process. ICIP*, vol. 2015-Decem, no. 1lc, pp. 4932–4936, 2015, doi: 10.1109/ICIP.2015.7351745.
- [7]. A. D. Belsare, M. M. Mushrif, M. A. Pangarkar, and N. Meshram, "Classification of breast cancer histopathology images using texture feature analysis," *IEEE Reg. 10 Annu. Int. Conf. Proceedings/TENCON*, vol. 2016-Janua, pp. 1–5, 2016, doi: 10.1109/TENCON.2015.7372809.
- [8]. K. Das, S. P. K. Karri, A. Guha Roy, J. Chatterjee, and D. Sheet, "Classifying histopathology whole-slides using fusion of decisions from deep convolutional network on a collection of random multi-views at multi-magnification," *Proc. - Int. Symp. Biomed. Imaging*, pp. 1024–1027, 2017, doi: 10.1109/ISBI.2017.7950690.
- [9]. B. Ehteshami Bejnordi *et al.*, "Deep learning-based assessment of tumor-associated stroma for diagnosing breast cancer in histopathology images," *Proc. - Int. Symp. Biomed. Imaging 2017*, pp. 929–932, 2017, doi: 10.1109/ISBI.2017.7950668.
- [10]. S. K. Jafarbiglo, H. Danyali, and M. S. Helfroush, "Nuclear Atypia Grading in Histopathological Images of Breast Cancer Using Convolutional Neural Networks," *Proc. - 2018 4th Iran. Conf. Signal Process. Intell. Syst. ICSPIS 2018*, pp. 89–93, 2018, doi: 10.1109/ICSPIS.2018.8700540.
- [11]. S. A. Adeshina, A. P. Adedigba, A. A. Adeniyi, and A. M. Aibinu, "Breast cancer histopathology image classification with deep convolutional neural networks," *14th Int. Conf. Electron. Comput. ICECCO 2018*, pp. 206–212, 2019, doi: 10.1109/ICECCO.2018.8634690.
- [12]. P. T. Nguyen, T. T. Nguyen, N. C. Nguyen, and T. T. Le, "Multiclass Breast Cancer Classification Using Convolutional Neural Network," *Proc. - 2019 Int. Symp. Electr. Electron. Eng. ISEE 2019*, pp. 130–134, 2019, doi: 10.1109/ISEE2.2019.8920916.
- [13]. F. A. Spanhol, P. R. Cavalin, L. S. Oliveira, C. Petitjean, and L. Heutte, "Deep features for breast cancer histopathological image classification," *2017 IEEE Int. Conf. Syst. Man, Cybern. SMC 2017*, vol. 2017-Janua, pp. 1868–1873, 2017, doi: 10.1109/SMC.2017.8122889.
- [14]. V. College *et al.*, "Mammograms Classification Using Gray-level Co-occurrence Matrix and Radial Basis Function Neural Network," *Procedia Comput. Sci.*, vol. 59, no. 7, pp. 83–91, 2015, doi: 10.1016/j.procs.2015.07.340.
- [15]. S. Sharma, M. Kaur, and D. Saini, "Lung cancer detection using convolutional neural network," *Int. J. Eng. Adv. Technol.*, vol. 8, no. 6, pp. 3256–3262, 2019, doi: 10.35940/ijeat.F8836.088619.
- [16]. J. Tan *et al.*, "Glm-cnn: Gray level co-occurrence matrix based cnn model for polyp diagnosis," *2019 IEEE EMBS Int. Conf. Biomed. Heal. Informatics, BHI 2019 - Proc.*, pp. 1–4, 2019, doi: 10.1109/BHI.2019.8834585.
- [17]. F. A. Spanhol, L. S. Oliveira, C. Petitjean, and L. Heutte, "A Dataset for Breast Cancer Histopathological Image Classification," *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 63, no. 7, pp. 1455–1462, 2016, doi: 10.1109/TBME.2015.2496264.
- [18]. N. Mehdiyev, D. Enke, P. Fettke, and P. Loos, "Evaluating Forecasting Methods by Considering Different Accuracy Measures," *Procedia Comput. Sci.*, vol. 95, pp. 264–271, 2016, doi: 10.1016/j.procs.2016.09.332.

- [19]. K. Adi, C. E. Widodo, A. P. Widodo, R. Gernowo, A. Pamungkas, and R. A. Syifa, "Detection lung cancer using Gray Level Co-Occurrence Matrix (GLCM) and back propagation neural network classification," *J. Eng. Sci. Technol. Rev.*, vol. 11, no. 2, pp. 8–12, 2018, doi: 10.25103/jestr.112.02.
- [20]. M. Benco, R. Hudec, P. Kamencay, M. Zachariasova, and S. Matuskal, "An advanced approach to extraction of colour texture features based on GLCM," *Int. J. Adv. Robot. Syst.*, vol. 11, no. 1, 2014, doi: 10.5772/58692.
- [21]. Ş. Öztürk and B. Akdemir, "Application of Feature Extraction and Classification Methods for Histopathological Image using GLCM, LBP, LBGLCM, GLRLM and SFTA," *Procedia Comput. Sci.*, vol. 132, no. Iccids, pp. 40–46, 2018, doi: 10.1016/j.procs.2018.05.057.
- [22]. D. T. A. Alasadi and W. R. Baiee, "Analysis of GLCM Feature Extraction for Choosing Appropriate Angle Relative to BP Classifier," *IOSR J. Comput. Eng.*, vol. 16, no. 1, pp. 65–69, 2014, doi: 10.9790/0661-16176569.
- [23]. H. Salman, J. Grover, and T. Shankar, "Hierarchical Reinforcement Learning for Sequencing Behaviors," vol. 2733, pp. 2709–2733, 2018, doi: 10.1162/NECO.
- [24]. S. Sakib, Ahmed, A. Jawad, J. Kabir, and H. Ahmed, "An Overview of Convolutional Neural Network: Its Architecture and Applications," *ResearchGate*, no. November, 2018, doi: 10.20944/preprints201811.0546.v1.
- [25]. R. P. Bunker and F. Thabtah, "A machine learning framework for sport result prediction," *Appl. Comput. Informatics*, vol. 15, no. 1, pp. 27–33, 2019, doi: 10.1016/j.aci.2017.09.005.