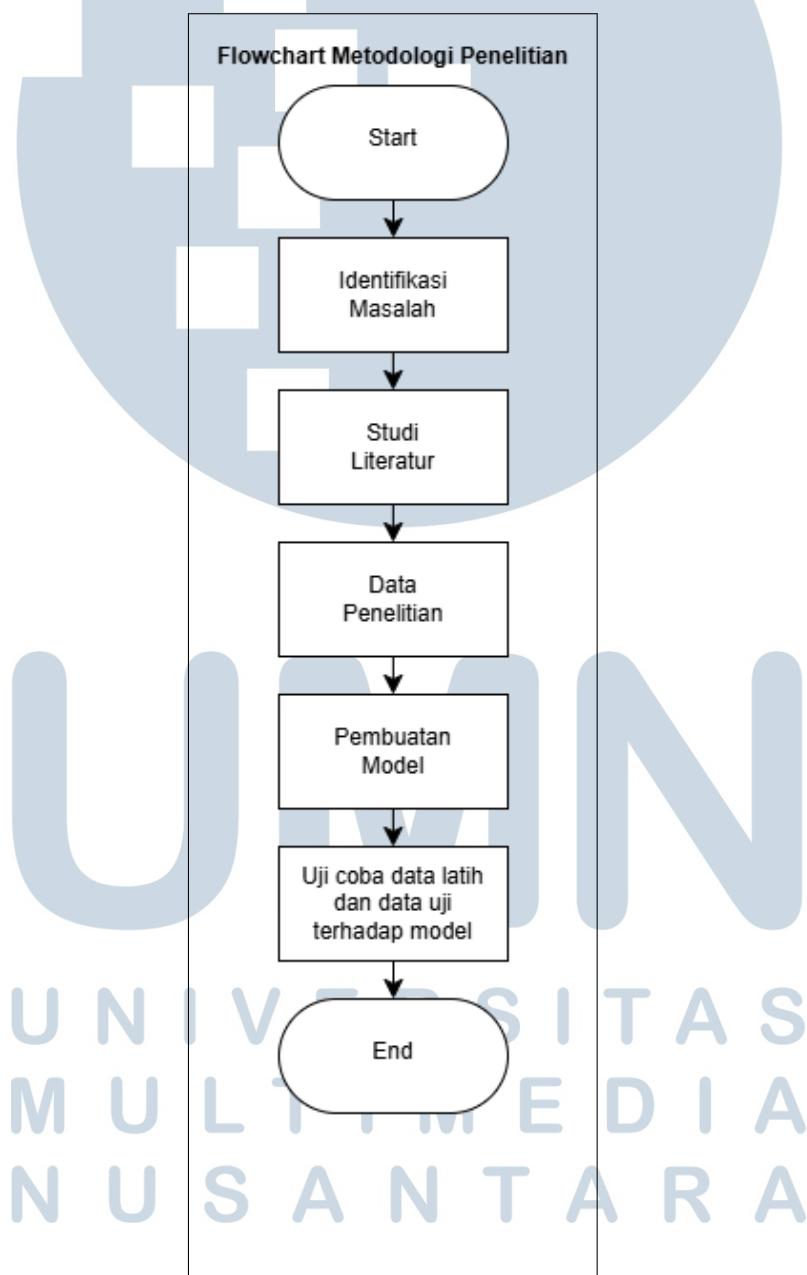


## BAB 3

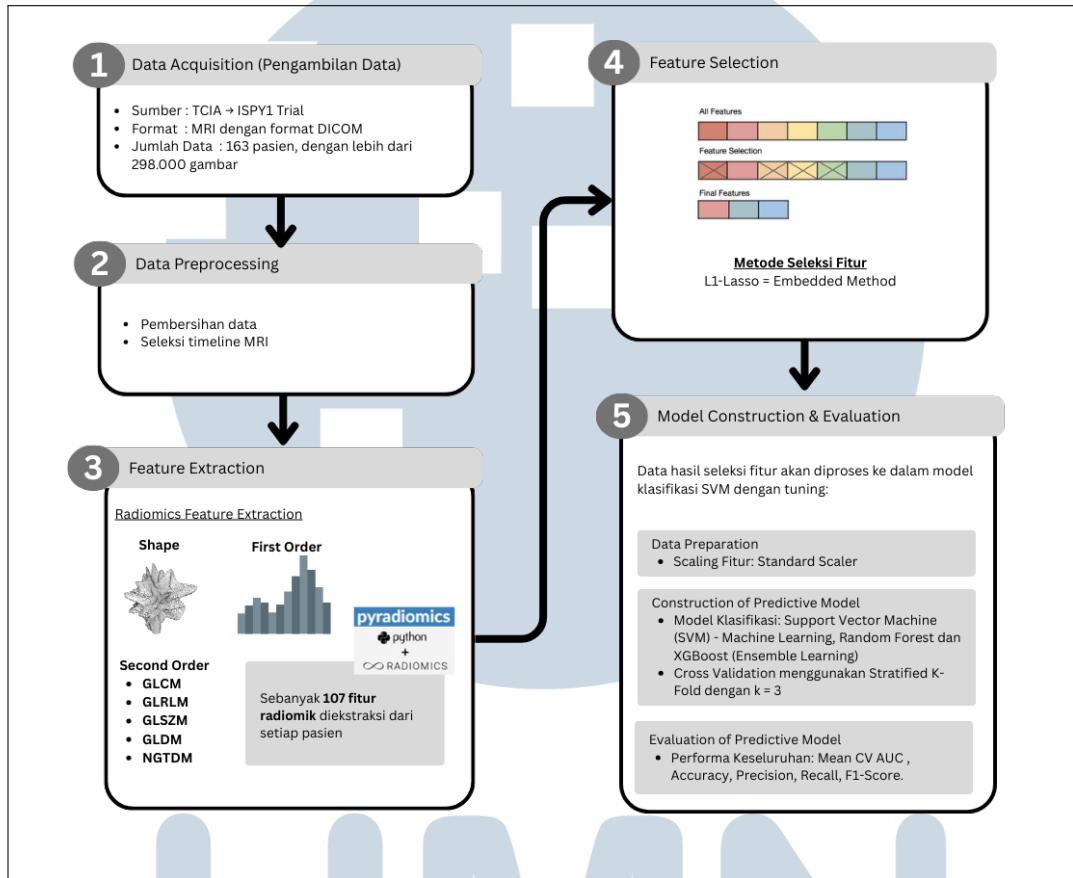
### METODOLOGI PENELITIAN

Gambar 3.1 menunjukkan alur tahapan yang dilakukan dalam penelitian ini secara rinci, mulai dari proses awal hingga akhir. Diagram tersebut bertujuan untuk menjelaskan secara sistematis alur penelitian yang dilakukan.



Gambar 3.1. *Flowchart* Metodologi Penelitian

Gambar 3.2 menunjukkan alur penelitian (*research pipeline*) yang digunakan dalam penelitian ini, mulai dari tahap persiapan data hingga evaluasi model prediksi kekambuhan kanker payudara.



Gambar 3.2. *Research Pipeline*

### 3.1 Identifikasi Masalah

Prediksi risiko kekambuhan kanker payudara merupakan permasalahan yang kompleks karena dipengaruhi oleh berbagai faktor klinis, patologis, dan biologis yang saling berkaitan. Dalam praktis klinis, penilaian risiko kekambuhan masih bergantung pada interpretasi subjektif citra MRI oleh radiolog, sehingga berpotensi menimbulkan variasi penilaian dan keterbatasan dalam menangkap heterogenitas intratumoral secara meneluruh.

Pendekatan radiomik memungkinkan ekstraksi fitur kuantitatif dari citra MRI, tetapi jumlah fitur yang dihasilkan umumnya sangat besar sehingga berisiko menimbulkan *overfitting* dan menurunkan performa model prediksi apabila tidak dilakukan

seleksi fitur yang tepat. Oleh karena itu, diperlukan suatu pendekatan yang menggabungkan ekstraksi fitur radiomik, seleksi fitur yang efektif, serta model klasifikasi yang andal untuk menghasilkan prediksi risiko kekambuhan kanker payudara yang lebih akurat dan objektif.

### 3.2 Studi Literatur

Pada tahap studi literatur, dilakukan pengkajian berbagai referensi ilmiah yang relevan sebagai dasar dalam perancangan penelitian ini. Literatur yang dikaji mencakup konsep dasar kanker payudara dan kekambuhannya, perbandingan payudara normal dan lesi kanker pada citra MRI, rekayasa fitur radiomik yang meliputi ekstraksi fitur radiomik menggunakan *PyRadiomics* dan seleksi fitur menggunakan LASSO serta metode klasifikasi *Support Vector Machine* (SVM).

### 3.3 Data Penelitian

Data yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari I-SPY 1 (*Investigation of Serial Studies to Predict Your Therapeutic Response with Imaging and Molecular Analysis*), yaitu sebuah dataset publik yang tersedia melalui *The Cancer Imaging Archive* (TCIA) [38]. Dataset ini dikumpulkan dari uji klinis I-SPY 1 / ACRIN 6657 dan berisi citra *Dynamic Contrast-Enhanced Magnetic Resonance Imaging* (DCE-MRI) payudara yang diperoleh dari berbagai pusat medis (*multi-center*).

Dataset I-SPY 1 mencakup citra MRI payudara pra-terapi dari pasien kanker payudara dan juga disediakan informasi klinis serta segmentasi tumor yang dapat digunakan sebagai acuan dalam analisis radiomik dan pengembangan model prediksi. Oleh karena itu, dataset ini akan digunakan dalam penelitian ini untuk pengembangan dan validasi model prediksi klinis berbasis MRI, khususnya pada kanker payudara.

### 3.4 Pembuatan Model

Pada tahap pembuatan model, fitur radiomik yang telah diekstraksi dan di seleksi digunakan sebagai input untuk membangun model pembelajaran mesin yang bertujuan untuk memprediksi kekambuhan kanker payudara. Proses ini mencakup pembagian data menjadi data latih dan data uji, serta pemilihan algoritma klasifikasi yang sesuai.

### 3.4.1 Data Preprocessing

Tahap *data preprocessing* dilakukan untuk memastikan kualitas dan konsistensi data sebelum digunakan untuk proses ekstraksi fitur dan pembuatan model. Pada tahap ini, pemeriksaan dilakukan untuk mengecek kelengkapan data dengan mengidentifikasi nilai yang hilang (*missing values*) atau tidak valid pada data klinis maupun citra, sehingga sampel yang tidak memenuhi kriteria dapat dikeluarkan dari analisis. Selain itu, pemilihan seri citra MRI juga dilakukan dengan menentukan satu set citra yang digunakan secara konsisten, yaitu seri 0000, 0001, atau 0002, guna menghindari redundansi informasi antar waktu akuisisi. Untuk proses segmentasi tumor, digunakan beberapa jenis *mask* sebagai pembanding, yaitu segmentasi manual oleh radiolog (STV manual), hasil segmentasi otomatis berbasis ResUNet (STV ResUNet), serta *Functional Tumor Volume* (FTV), yang masing-masing merepresentasikan pendekatan segmentasi dengan tingkat otomatisasi dan karakteristik yang berbeda.

Dari beberapa seri citra yang tersedia, penelitian ini menggunakan citra dengan indeks 0001 sebagai representasi citra pasca-kontras yang dipilih secara konsisten untuk seluruh pasien. Untuk segmentasi tumor, digunakan *Functional Tumor Volume* (FTV) sebagai *mask* tumor, yang merepresentasikan area tumor aktif berdasarkan karakteristik peningkatan kontras, sehingga memungkinkan ekstraksi fitur radiomik yang lebih fokus pada aktivitas biologis tumor.

### 3.4.2 Feature Extraction

Ekstraksi fitur radiomik pada penelitian ini dilakukan dengan menggunakan pustaka *PyRadiomics*, yang merupakan perangkat lunak standar dan banyak digunakan dalam analisis radiomik berbasis citra medis. *Mask* yang digunakan dari citra MRI yaitu *Functional Tumor Volume* (FTV) untuk memastikan bahwa informasi yang diperoleh berfokus pada area tumor. Jenis fitur yang diekstraksi meliputi fitur orde pertama (*first-order*) yang merepresentasikan distribusi intensitas voxel, fitur bentuk (*shape*) yang menggambarkan karakteristik geometris tumor, serta fitur tekstur orde kedua (*second-order*) yang menangkap pola hubungan spasial antar voxel. Secara keseluruhan, proses ini menghasilkan total 107 fitur radiomik yang selanjutnya digunakan sebagai input dalam seleksi fitur.

### 3.4.3 Feature Selection

Seleksi fitur dilakukan menggunakan metode *Least Absolute Shrinkage and Selection Operator* (LASSO) untuk mengurangi dimensi fitur radiomik serta mengatasi potensi *overfitting* akibat jumlah fitur yang relatif besar. LASSO bekerja dengan menambahkan regularisasi berbasis  $L_1$  yang mampu mengecilkan koefisien fitur yang kurang relevan hingga bernilai nol, sehingga hanya fitur - fitur paling informatif yang dipertahankan.

Pemilihan parameter regularisasi optimal pada LASSO dilakukan menggunakan *GridSearchCV* dengan skema validasi silang. Dari total 107 fitur radiomik hasil ekstraksi, proses seleksi fitur ini menghasilkan 4 fitur terpilih yang selanjutnya digunakan sebagai input pada tahap pembuatan dan evaluasi model klasifikasi.

### 3.4.4 Pelatihan Model *Support Vector Machine* (SVM)

Pada tahap pelatihan model, algoritma *Support Vector Machine* (SVM) digunakan untuk membangun model prediksi kekambuhan kanker payudara berdasarkan fitur radiomik terpilih. Dataset dibagi menjadi data pelatihan dan data pengujian dengan proporsi 85% untuk pelatihan dan 15% untuk pengujian. Untuk meningkatkan stabilitas dan mengurangi bias akibat ukuran dataset yang relatif terbatas, proses pelatihan model menerapkan *cross validation* dengan nilai  $k = 3$  pada data pelatihan.

### 3.4.5 Evaluasi Model

Evaluasi model dilakukan untuk menilai kinerja model *Support Vector Machine* (SVM) dalam memprediksi risiko kekambuhan kanker payudara berdasarkan fitur radiomik yang telah diekstraksi dan diseleksi. Mengingat permasalahan klasifikasi medis sering melibatkan data yang tidak seimbang, penggunaan beberapa metrik evaluasi diperlukan agar performa model dapat dinilai secara lebih komprehensif. Selain metrik akurasi, presisi, *recall* dan *F1-score*, evaluasi kinerja model juga dilakukan menggunakan *Area Under the Receiver Operating Characteristic Curve* (ROC AUC) melalui metode *stratified cross-validation*. Nilai performa model kemudian dirangkum dalam bentuk nilai rata-rata (*mean*) ROC AUC hasil *cross-validation* sebagai indikator utama kemampuan generalisasi model.

1. **ROC AUC** mengukur kemampuan model dalam membedakan kelas positif

dan negatif berdasarkan probabilitas prediksi pada berbagai nilai ambang keputusan.

2. **Accuracy score** digunakan untuk mengukur proporsi prediksi yang benar dibandingkan dengan seluruh jumlah data, dan dirumuskan sebagai:

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (3.1)$$

3. **Precision** digunakan untuk menilai ketepatan model dalam memprediksi kasus pasien yang mengalami kekambuhan, yaitu seberapa banyak prediksi positif yang benar dari seluruh prediksi positif yang dihasilkan model:

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (3.2)$$

4. **Recall** mengukur kemampuan model dalam mengidentifikasi seluruh kasus kekambuhan yang benar-benar terjadi:

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3.3)$$

5. **F1-score** merupakan metrik yang menggabungkan *precision* dan *recall* dalam bentuk rata-rata harmonik, sehingga memberikan gambaran keseimbangan antara ketepatan dan kelengkapan prediksi model:

$$\text{F1-score} = \frac{2 \cdot \text{Precision} \cdot \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (3.4)$$

#### 3.4.6 Pengujian Model dengan Data Testing

Setelah proses pelatihan data selesai, model diuji menggunakan 15% data yang dialokasikan sebagai data pengujian. Data ini tidak dilibatkan selama proses pembelajaran model dan digunakan untuk mengevaluasi kemampuan generalisasi model dalam memprediksi label pada data yang belum pernah dilihat sebelumnya.