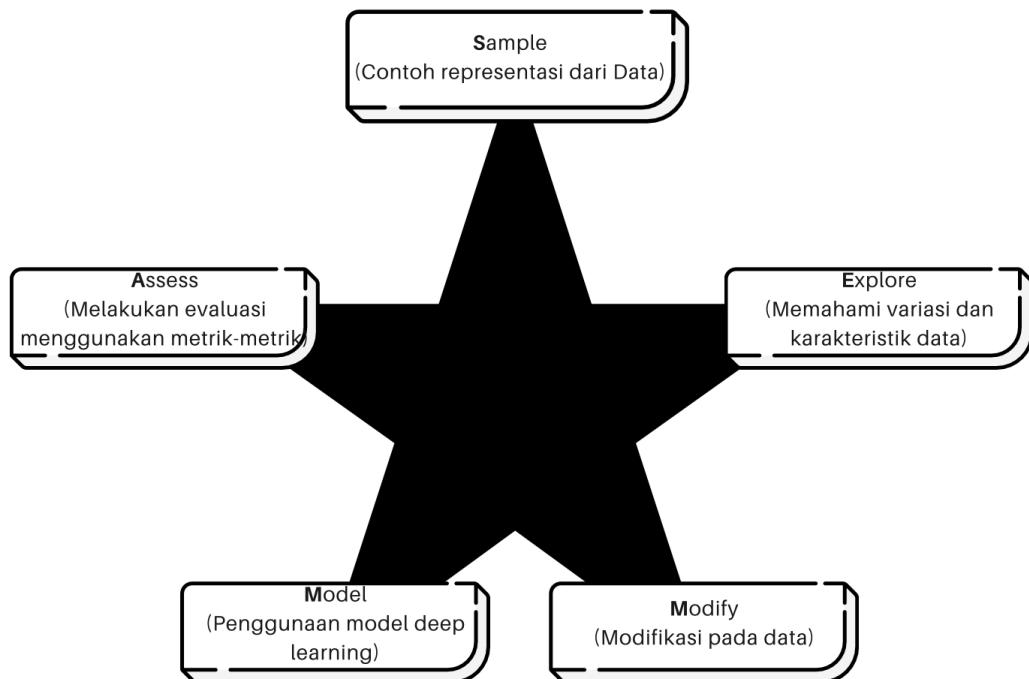


BAB III

METODE PENELITIAN

3.1. Metode Penelitian



Gambar 3.1 Metode SEMMA

Pada penelitian ini digunakan metode yang bernamakan SEMMA sesuai dengan Gambar 3.1 yang merupakan kepanjangan dari Sample, Explore, Modify, Model dan Assess yang dimana merupakan metodologi analisis data yang dikembangkan oleh SAS Institute dalam melakukan proses data mining secara struktur hingga evaluasi. SEMMA sendiri merupakan kerangka kerja yang digunakan oleh peneliti dalam mengelola alur analisis data untuk mengubah data awal menjadi informasi yang berguna untuk dapat divalidasi nantinya dan juga kelebihan dari SEMMA ini adalah membantu peneliti dalam mengidentifikasi pola dalam data, menganalisis hubungan antar variabel, membersihkan data agar nantinya dapat dilakukan pemodelan, membangun sebuah model prediktif hingga melakukan evaluasi akhir untuk memecahkan sebuah permasalahan. Berikut merupakan tahapan rinci dari metodologi SEMMA:

1) Sample

Tahapan Sample ini mempunyai fokus dalam memilih data yang akan dianalisis oleh model nantinya, tujuan utamanya adalah untuk mendapatkan subset data seperti training, validation dan test yang representatif, baik, efisien dan cukup bagi model untuk melakukan pelatihan yang mendalam.

2) Explore

Selanjutnya merupakan tahapan Explore, yang dimana melakukan pemahaman terhadap karakteristik data melalui visualisasi seperti misalkan identifikasi pada pola, tren dan anomali, juga melakukan deteksi data hilang atau data yang tidak wajar.

3) Modify

Tahapan selanjutnya adalah Modify yang dimana melakukan proses pembersihan, persiapan dan pengubahan struktur pada data agar sesuai dengan kebutuhan dan template struktur data dari model, tahapan ini meliputi *data cleaning* hingga *data normalization* dan *data standardization*.

4) Model

Tahapan selanjutnya adalah Model yang dimana melakukan penerapan model *machine learning* atau *deep learning* pada data pilihan yang meliputi berbagai macam tahapan seperti memilih dan membandingkan algoritma yang terbaik, melatih (*training*) model menggunakan subset data yang sudah ditentukan, melakukan optimasi juga mencari parameter yang terbaik, untuk menghasilkan model terbaik sesuai dengan tujuan awal dari penelitian.

5) Assess

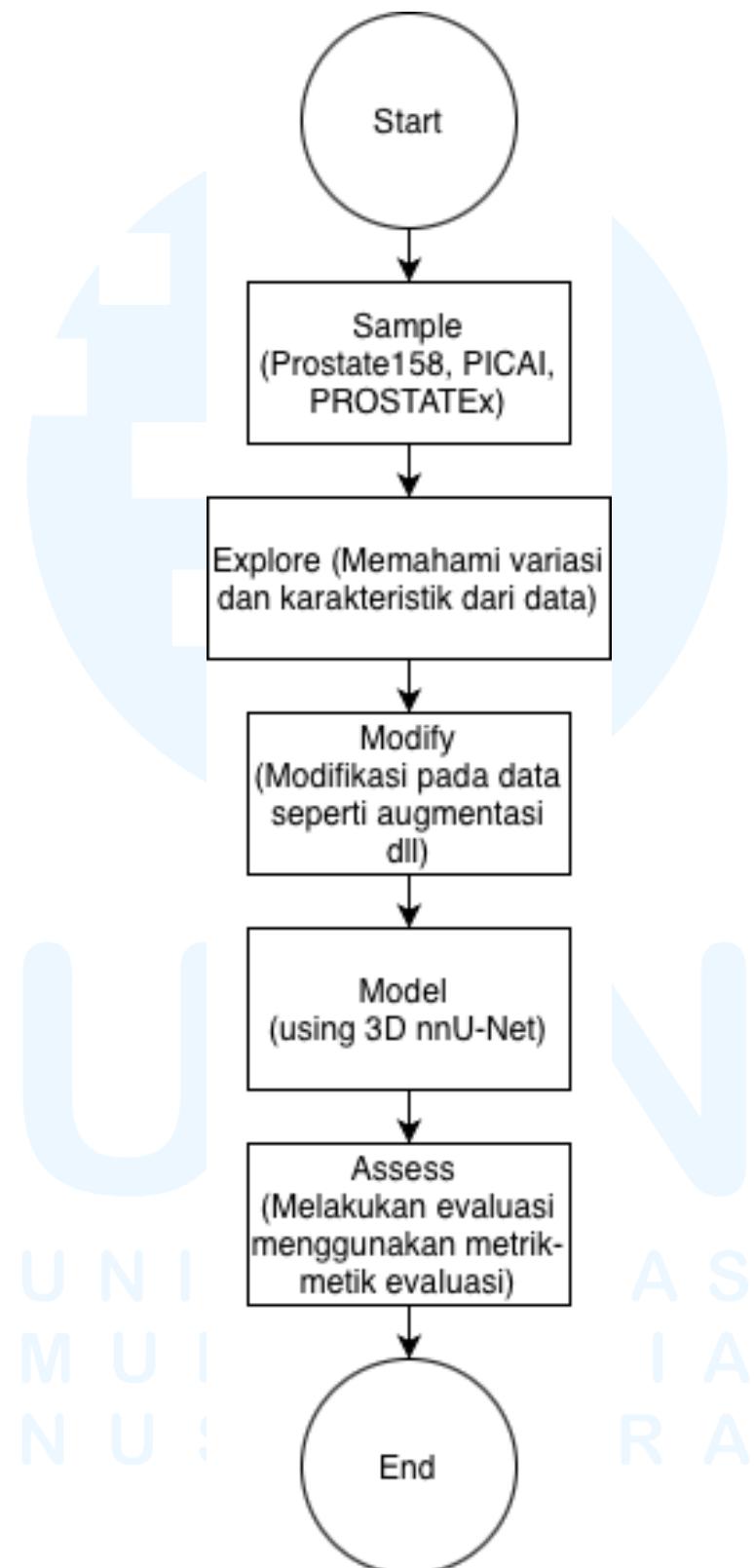
Tahapan terakhir yang dilakukan adalah Assess, yaitu untuk menilai kinerja dari model yang sudah dilatih menggunakan subset data yang sudah dipilih dengan tujuan untuk memastikan keakuratan, konsistensi dan kelayakan kegunaan dari model. Mempunyai tahapan seperti misalkan mengukur model dengan metrik

evaluasi, membandingkan model untuk dipilih yang terbaik dan yang paling penting adalah memastikan hasil dari model sesuai dengan tujuan utama penelitian dan analisis data..



UMN
UNIVERSITAS
MULTIMEDIA
NUSANTARA

3.1.1 Alur Penelitian



Gambar 3. 2 Alur SEMMA pada penelitian segmentasi tumor prostat

Alur penelitian pada Gambar 3.2 ini dibuat sebagai implementasi metodologi dari SEMMA yang bersifat berurutan namun tetap berkembang, yang memungkinkan adanya penyesuaian secara langsung berdasarkan temuan sepanjang proses. Proses yang ada pada semua ini dimulai dari pengumpulan data mentah hingga evaluasi dan validasi model akhir, dengan mekanisme *fallback* yang memungkinkan adanya optimasi yang berkelanjutan. Pendekatan yang digunakan ini tidak hanya mengikuti metode *data mining* yang dikembangkan oleh SAS saja, namun tetap menyesuaikan dengan adanya kompleksitas data gambar volumetrik MRI prostat, dimana terdapat sumber yang bervariasi dan heterogenitas pada data klinis mempunyai tujuan untuk adaptif dan fleksibilitas tinggi agar bias sistematis dapat dikurangi. Pada konsep yang diterapkan, alur penelitian dimulai dengan adanya pengambilan data dari tiga dataset utama Prostate158, PI-CAI, dan PROSTATEx, yang diproses melalui tahap SEMMA secara berurutan, namun tetap ada kemungkinan untuk *fallback* ke tahap sebelumnya bila performa awal kurang memuaskan, misalnya Dice Similarity Coefficient yang tidak memadai. Kelebihan pendekatan menggunakan SEMMA adalah pada penerapan feedback real-time, seperti misalnya pemantauan loss function selama *training*, hingga penyesuaian parameter yang dapat dilakukan secara langsung dan adaptif tanpa harus mengulang pipeline awal. Metode SEMMA ini juga menggunakan pendekatan fleksibel (agile) dalam penelitian medis, menekankan pada efisiensi komputasi dan kepatuhan pada etis medis.

Tahap Sample merupakan tahapan pertama yang dilakukan dalam metode SEMMA yang dimulai dengan adanya pengumpulan data MRI untuk keperluan penelitian dari berbagai macam sumber publik di internet, yang kemudian akan dievaluasi satu per satu sebelum dipilih menjadi data sample. Setelah data dari ketiga dataset yaitu Prostate158, PROSTATEx dan PICAI sudah dievaluasi, akan dilakukan pemahaman pada struktur datanya seperti pengecekan bentuk volume (shape), resolusi voxel, konsistensi dari orientasi, serta kompatibilitas format untuk memastikan seluruh berkas data dapat diproses secara setara. Setelah melakukan validasi pada data Sample, setiap data volume akan dianalisis menggunakan peta segmentasi untuk mengidentifikasi ada atau tidaknya tumor pada pasien, yang

dilakukan melalui perhitungan volumetrik voxel tumor. Pasien dengan keberadaan tumor pada prostatnya akan dijadikan sebagai data utama dalam penelitian ini, untuk nantinya akan dibagi menjadi Training, Test dan Validation, sementara pasien tanpa tumor prostat akan dikeluarkan dari dataset utama. Kemudian akan dilanjutkan dengan otomatisasi menggunakan skrip Python custom yang mengekstraksi volume tumor dan memisahkan sampel positif secara sistematis. Data pasien dengan tumor prostat dari ketiga dataset akan digabungkan menjadi satu sehingga menghasilkan dataset final yang bernama picai158_mixx yang akan dijadikan data utama dalam penelitian ini.

Berikutnya adalah tahap Explore yang difokuskan pada analisis awal untuk memastikan konsistensi dan kelengkapan ketiga dataset yang digunakan. *Exploratory Data Analysis* (EDA) dilakukan menggunakan Python melalui Jupyter Notebook. Pemeriksaan yang dilakukan adalah seperti verifikasi pada struktur data, apakah setiap folder pasien mempunyai tiga komponen utama yang diperlukan dalam penelitian ini, seperti *MRI image*, mask anatomi prostat (*whole gland*), serta mask lesi tumor serta pengecekan kecocokan dimensi antar file. Lalu juga dilakukan perubahan pada data yang awalnya mempunyai format nii.gz (Niifti zip) diconvert menjadi png untuk memahami data per slice pada data volumetrik 3D. Selain itu juga dilakukan inferensi T2W MRI, Masking Anotasi Prostat dan Masking Anotasi Kanker Prostat yang dilakukan secara 2D dan 3D dengan tujuan untuk memahami isi dari data lebih baik.

Pada tahap Modify, hal pertama yang dilakukan adalah melakukan pelabelan anotasi, yang dimana memastikan bahwa mask anatomi whole gland dan tumor prostat telah sesuai dengan label 0 = *MRI Background*, 1 = Whole Gland dan 2 = Tumor Prostat untuk memastikan nanti model akan secara konsisten mempelajari data sesuai dengan pelabelannya masing-masing. Tahap selanjutnya adalah melakukan resampling data menggunakan interpolasi linear dan nearest neighbor pada mask, dengan tujuan untuk menyamakan resolusi spasial antar data. Selanjutnya pada tahap Modify adalah untuk melakukan oversampling terhadap data training yang awalnya data training adalah 535 menjadi 2140, dengan tujuan

untuk mengatasi ketidakseimbangan pada data akibat sedikitnya voxel tumor prostat. Pada tahap Modify ini juga dilakukan teknik *stratified data splitting*, yaitu teknik pembagian antara data *train*, *validation*, and *test* secara seimbang berdasarkan keberadaan tumor, sehingga nantinya model tidak hanya belajar dari kasus mudah saja tetapi juga belajar dari kasus sulit.

Setelah itu masuk pada tahapan Model, yang merupakan inti dari proses pelatihan model deep learning dengan menggunakan data hasil Modify, yaitu dengan model 3D nnU-Net v2, yang dimana berjalan pada segmentasi volumetrik. Sebelum melakukan pelatihan, model nnU-Net v2 mempunyai *automatic planning* dan *preprocessing* pada model arsitektur U-Net v2 untuk menyetarakan kembali apakah struktur data yang disediakan sudah sesuai atau belum dengan template dari model nnU-Net. Pelatihan model deep learning dimulai dengan menggunakan konfigurasi *3D full-resolution*, sehingga nantinya model dapat mempelajari pola tekstur dan karakteristik data pada setiap irisan MRI secara detail. Setelah model menghasilkan segmentasi awal, hasil tersebut divisualisasikan dalam bentuk 3D menggunakan PyVista untuk mengevaluasi konsistensi anatomi *whole gland* prostat maupun lesi tumornya. Setelah kualitas segmentasi awal dipastikan memadai, pipeline kemudian dilanjutkan ke tahap segmentasi volumetrik 3D penuh. Proses training akan dilakukan pada environment PyTorch dan dipercepat komputasinya menggunakan GPU berbasis CUDA. Model dari 3D U-Net memberikan kelebihan dalam bentuk fleksibilitas penuh untuk memodifikasi arsitekturnya, sedangkan 3D nnU-Net sudah menyediakan konfigurasi otomatis sehingga dapat langsung di konfigurasi dengan sangat optimal pada dataset medis. Hasil prediksi nantinya akan divisualisasikan dalam bentuk 2D dan 3D untuk melihat akurasi segmentasi anatomi *whole gland* prostat dan juga tumor prostat dengan membandingkannya dengan *Ground Truth*.

Terakhir adalah tahap Assess, performa dari model deep learning akan dievaluasi dengan data *validation* dan *test* yang telah dipisahkan melalui *stratified splitting* pada tahap modify. Evaluasi dilakukan menggunakan *Dice Coefficient Score* (DSC) yang dimana mengukur tingkat akurasi antara prediksi model dan mask ground truth, baik untuk segmentasi *whole gland* maupun tumor prostat. Sejak

awal, segmentasi pada tumor prostat umumnya akan lebih sulit dikarenakan ukurannya yang sangat kecil dan mempunyai batas tepi yang kurang teratur, DSC tumor merupakan indikator utama yang paling kritis dari kualitas sebuah model. Selain evaluasi secara kuantitatif, dilakukan juga analisis secara visual pada overlay hasil segmentasi pada volume MRI menggunakan PyVista untuk melakukan evaluasi, apakah model gagal menangkap lesi tumor kecil atau kehilangan anatomi prostat di bagian tertentu.

3.2 Tahapan Penelitian

Berikut merupakan tahapan penelitian yang dilakukan berdasarkan alur penelitian yang ada diatas:

1) Tahap Sample

Tahap Sample ini melakukan pengumpulan pada seluruh data MRI prostat dan tumor prostat dari tiga dataset publik (Prostate158, PI-CAI, dan PROSTATEx), dengan melakukan proses seleksi untuk memastikan kelengkapan file citra MRI, mask dari anatomy whole gland dan mask dari tumor prostat, serta memisahkan folder pasien yang terkena kasus tumor prostat dengan pasien yang tidak mempunyai kasus tumor prostat berdasarkan analisis voxel mask tumor.

2) Tahap Explore

Pada tahapan Explore dilakukan Exploratory Data Analysis (EDA) untuk melakukan pemeriksaan konsistensi data, kesesuaian isi data untuk melakukan segmentasi (background, whole gland, tumor), serta deteksi anomali pada data volume MRI sehingga nantinya akan memperoleh pemahaman awal terhadap karakteristik data dari ketiga dataset tersebut.

3) Tahap Modify

Tahap Modify fokus dalam melakukan preprocessing dan augmentasi data, penyesuaian mask sesuai label 0 = *Background*, 1 = *Whole Gland*, 2 = *Tumor Prostat*, augmentasi data volumetrik 3D, serta penerapan teknik *stratified data splitting* agar pembagian antara data *train*, *validation* dan *test* seimbang berdasarkan distribusi dari tumor.

4) Tahap Model

Pada tahap Model dilakukan pelatihan model deep learning menggunakan arsitektur 3D nnU-Net v2 di lingkungan PyTorch dengan menggunakan GPU CUDA dengan spesifikasi RTX 3090 24GB, mencakup pelatihan *full resolution* berbasis 3D, visualisasi 3D dengan menggunakan library PyVista, serta pelatihan model volumetrik penuh untuk segmentasi whole gland dan tumor prostat.

5) Tahap Assess

Tahap Assess melakukan evaluasi pada performa model menggunakan Dice Coefficient Score (DSC) pada data test, disertai dengan adanya visualisasi overlay hasil segmentasi untuk memastikan kualitas dari prediksi baik dari struktur prostat maupun lesi tumor kecil.

3.3 Teknik Pengumpulan Data

Teknik Pengumpulan data yang dilakukan pada penelitian ini dilakukan secara *online* melalui website ilmiah yang berbasis open access, seperti Zenodo, GitHub dan lain-lain, yang dimana menyediakan dataset pencitraan medis. Tiga dataset yang dipilih sebagai sumber data pada penelitian, yaitu Prostate158 (<https://zenodo.org/records/6481141>), PROSTATEx Challenge Dataset (<https://www.cancerimagingarchive.net/collection/prostatex/>), dan PI-CAI (<https://zenodo.org/records/6517398>), yang didalamnya terdapat data citra MRI prostat menggunakan format standar penelitian medis yaitu nii.gz. Ketiga dataset ini dipilih dan akan digunakan pada penelitian karena mempunyai dokumentasi yang baik seperti memberikan arahan data mana yang menjadi training test dan val, lalu juga menyediakan kualitas anotasi prostat yang tinggi, juga sudah digunakan di berbagai penelitian segmentasi prostat dan deteksi kanker prostat. Setelah itu dataset diunduh, lalu diperiksa struktur folder dan kelengkapan berkasnya.

Setelah seluruh dataset sudah di unduh dan digabungkan menjadi satu folder utama yang besar, setelah itu akan dilakukan proses evaluasi awal untuk melakukan pengecekan apakah setiap folder pasien mempunyai tiga komponen data inti yang diperlukan dalam penelitian, seperti data citra MRI (T2-weighted atau multi-parametric MRI), mask anatomi prostat (whole gland), dan mask lesi tumor. Pengecekan ini akan dilakukan menggunakan skrip Python dan library medis seperti SimpleITK untuk memastikan struktur data, format yang kompatibel serta kecocokan dimensi antar berkas. Terlihat dari hasil pengecekan bahwa tidak semua pasien dari ketiga dataset tersebut mempunyai tumor prostat. Kemudian penemuan ini dibincangkan dengan dosen pembimbing, dan memutuskan bahwa penelitian ini hanya akan menggunakan pasien yang mempunyai tumor prostat, yang dimana mengingat bahwa model deep learning yang dikembangkan mempunyai tujuan untuk melakukan segmentasi tumor prostat. Maka, pasien yang tidak terkena tumor prostat akan dikeluarkan dari dataset final.

Setelah proses seleksi dan pemisahan pasien tumor selesai, selanjutnya akan dilakukan standardisasi kualitas data untuk memberikan kepastian pada seluruh data yang akan digunakan pada tahap *training*, *validation*, dan *test* harus mempunyai karakteristik yang konsisten. Standardisasi yang dilakukan mencakup penyetaraan pada *brightness* dan penyesuaian bentuk volumetrik (shape alignment), karena ketiga sumber data ini berasal dari mesin MRI yang berbeda - beda dan juga protokol akuisisi yang berbeda. Seluruh data citra MRI yang dipertahankan akan tetap pada format NIfTI (.nii.gz) karena format nii.gz ini merupakan standar utama dalam penelitian segmentasi 3D dan pastinya kompatibel dengan framework environment dari PyTorch.

Tahap teknik pengumpulan data berikutnya yang dilakukan adalah proses augmentasi pada data yang dimana berguna untuk meningkatkan variasi spasial dan intensitas pada dataset. Teknik augmentasi yang digunakan pada penelitian ini adalah rotasi acak, *flipping*, *intensity jittering*, dan *cropping* pada area prostat, sehingga nantinya model dapat memahami dan mempelajari berbagai kondisi klinis. Pada tahap ini juga dilakukan pelabelan demi konsistensi untuk seluruh data,

yaitu label 0 untuk background, label 1 untuk whole gland prostat, dan label 2 untuk tumor prostat, sehingga nantinya diharapkan model dapat memisahkan dan membedakan struktur anatomi prostat dan lesi tumor prostat yang benar. Setelah melakukan semua tahapan seperti proses pengumpulan dataset menjadi satu, seleksi hanya menggunakan data pasien yang mempunyai tumor prostat, standarisasi pada data, dan augmentasi, dataset final nantinya akan dibagi menjadi subset *training*, *validation*, dan *test* menggunakan metode *stratified splitting* untuk menjaga dan menstabilkan proporsi tumor.

3.4 Teknik Analisis Data

Teknik analisis data yang dilakukan pada penelitian ini dimulai ketika seluruh dataset MRI prostat sudah siap setelah melewati proses standarisasi dan juga augmentasi. Pada tahap ini, semua data citra MRI, masking anatomi *whole gland* dan masking lesi tumor tetap menggunakan format NIfTI (.nii.gz) karena format nii.gz ini menyimpan struktur volumetrik 3D, sangat ideal ketika digunakan untuk penelitian berbasis segmentasi 3D. Format data ini tidak hanya melakukan penyimpanan bentuk asli prostat secara akurat, tetapi juga yang penting adalah kompatibel dengan library deep learning berbasis environment PyTorch untuk data medis.

Tahap pemodelan dilakukan dengan cara membangun dua arsitektur deep learning utama yang akan dibandingkan, yaitu 3D U-Net serta 3D nnU-Net v2 yang dikenal sebagai model yang adaptif dengan kemampuan *self-configuration*. Kedua model ini nantinya akan dilatih untuk mempelajari tiga label kelas utama yaitu kelas 0 sebagai background MRI, kelas 1 sebagai whole gland prostat berwarna biru, dan kelas 2 sebagai tumor prostat berwarna merah. *Mapping* label berbasis multi kelas seperti ini akan membantu model memahami hubungan antara anatomi prostat normal dan area patologis.

Proses pelatihan model deep learning akan dijalankan menggunakan GPU NVIDIA berbasis CUDA dengan spesifikasi RTX 3090 24GB, yang dimana secara signifikan mempercepat perhitungan konvolusi volumetrik 3D. Data mempunyai ukuran input 3D yang sangat besar, seperti model U-Net konvensional maupun nnU-Net, kecepatannya sangat bergantung pada jalannya GPU agar pelatihan dari

model dapat berjalan dalam waktu yang efisien. Fungsi CUDA yang ada pada GPU membuat operasi tensor masif untuk dieksekusi secara bersamaan, sehingga mempercepat proses training dibandingkan CPU biasa. Pada penelitian ini yang dimana menggunakan GPU NVIDIA berbasis CUDA mempunyai peran yang sangat penting saat menyediakan *forward pass* dan *backpropagation* pada patch dataset 3D.

Agar pelatihan model deep learning ini mendapatkan hasil yang adil, pembagian data akan dilakukan menggunakan teknik *stratified data splitting*, yang memastikan pembagian proporsi kasus tumor tetap seimbang di *subset training, validation*, dan *test*. Teknik yang digunakan pada penelitian ini yaitu stratifikasi sangatlah penting dalam kasus kanker prostat, karena penyebaran tumor pada pasien tidak hanya langka, tetapi juga mempunyai ukuran yang kecil. Tanpa adanya teknik stratifikasi, model deep learning pada saat pelatihan dapat mengalami *bias training*, seperti model terlalu sering melihat tumor yang besar dan gagal saat melakukan deteksi pada tumor kecil. Dengan *stratified split*, *training set* dapat memperoleh pasien dengan kasus tumor dari yang paling mudah hingga paling sulit, sementara itu *subset validation* dan *test set* juga mempunyai kompleksitas klinis yang setara.

Evaluasi model penelitian ini akan menggunakan *Dice Similarity Coefficient* (DSC) untuk memberikan penilaian terhadap kualitas segmentasi baik itu pada whole gland maupun tumor prostat. *Dice Similarity Coefficient* digunakan sebagai metrik evaluasi karena metrik ini sangat sensitif terhadap hasil dari area yang beretumpuk antara prediksi dan juga ground truth, terutama pada kasus struktur kecil seperti tumor. Proses evaluasi dapat dilakukan secara kuantitatif melalui nilai *Dice Similarity Coefficient*, maupun secara kualitatif yaitu melalui visualisasi 3D menggunakan PyVista.