

BAB III

METODE PENELITIAN

3.1. Metode Penelitian

Penelitian ini menerapkan pendekatan Cross-Industry Standard Process for Data Mining (CRISP-DM) sebagai dasar metodologi untuk mengarahkan seluruh proses analisis. Model CRISP-DM dipilih karena menyediakan langkah kerja yang terstruktur, mulai dari tahap memahami tujuan dan kebutuhan penelitian, mempelajari karakteristik serta kualitas data MRI ginjal, melakukan prapemrosesan dan penyiapan data untuk segmentasi, membangun serta melatih model deep learning, hingga melakukan evaluasi menyeluruh terhadap hasil segmentasi ginjal, tumor, dan kista. Dengan mengikuti alur CRISP-DM, setiap tahapan penelitian dapat dilaksanakan secara sistematis dan konsisten, sehingga model yang dikembangkan mampu menghasilkan segmentasi yang akurat, valid, dan dapat dimanfaatkan dalam konteks analisis medis. Tabel dibawah akan menjelaskan perbandingan dengan framework lain.

Tabel 3.1 Tabel Perbandingan Framework

Aspek	CRISP-DM [48]	KDD [49]	SEMMA [50]
Tujuan Utama	Menyediakan kerangka kerja analitik yang komprehensif dari awal sampai implementasi, cocok untuk riset dan industri.	Fokus pada penemuan pengetahuan dalam data, lebih teoritis dan menitikberatkan pada proses penambangan data.	Fokus pada tahap pemodelan statistik dan machine learning, tetapi kurang membahas konteks bisnis dan deployment.
Tahapan Utama	6 langkah jelas: Business Understanding, Data Understanding, Data Preparation,	5 langkah: Selection, Preprocessing, Transformation, Data Mining, Interpretation/Evaluation.	5 langkah: Sample, Explore, Modify, Model, Assess.

	Modeling, Evaluation, Deployment.		
Cakupan Analisis	Sangat menyeluruh, mencakup konteks masalah, kualitas data, iterasi model, hingga penerapan final.	Cenderung fokus pada transformasi data dan pengetahuan data; kurang mengatur implementasi akhir.	Lebih terfokus pada eksperimen modeling, tidak mencakup tahap pemahaman masalah atau implementasi.
Kesesuaian untuk Penelitian Deep Learning Medis	Sangat sesuai, karena memerlukan alur terstruktur mulai dari pemahaman data MRI ginjal, preprocessing intensif, hingga evaluasi segmentasi.	Cukup sesuai, namun kurang menekankan pemahaman domain medis secara eksplisit.	Kurang cocok karena lebih berorientasi pada modeling dan tidak membahas konteks klinis atau data preparation secara mendalam.
Kelebihan Utama	Fleksibel, terstruktur, mudah diadaptasi, dan paling lengkap dari semua metode. Mendukung proses riset sistematis untuk segmentasi ginjal, tumor, dan kista.	Baik untuk eksplorasi data dan pengetahuan baru, namun tidak sekomprehensif CRISP-DM.	Sangat cepat dalam iterasi model, namun terlalu terbatas untuk penelitian medis yang membutuhkan tahapan komplit.

Pendekatan CRISP-DM (Cross-Industry Standard Process for Data Mining) dipilih sebagai kerangka metodologis dalam penelitian ini karena memiliki struktur yang paling komprehensif, sistematis, dan fleksibel dibandingkan metode lain seperti Knowledge Discovery in Databases (KDD) dan SEMMA (Sample, Explore, Modify, Model, Assess). Berdasarkan perbandingan pada aspek tujuan, alur kerja, fokus utama, fleksibilitas, serta cakupan proses, CRISP-DM menawarkan keunggulan berupa tahapan yang jelas, terdefinisi dengan baik, serta bersifat

iteratif, sehingga memungkinkan penyesuaian dan perbaikan pada setiap tahap penelitian. Karakteristik ini menjadikan CRISP-DM sangat sesuai untuk penelitian segmentasi citra medis yang melibatkan data kompleks, multi-kelas, serta memerlukan proses evaluasi yang ketat dan berulang.

Berbeda dengan SEMMA yang lebih menitikberatkan pada proses pemodelan dan optimasi algoritma, serta KDD yang cenderung berfokus pada eksplorasi dan penemuan pola dari data, CRISP-DM menyediakan alur kerja yang lebih menyeluruh dan terintegrasi dari awal hingga akhir penelitian. Pendekatan ini dimulai dari tahap Business Understanding, yang dalam konteks penelitian ini digunakan untuk merumuskan tujuan utama, yaitu mengembangkan sistem segmentasi otomatis ginjal, tumor, dan kista pada citra CT scan menggunakan arsitektur deep learning CE-ResUNet50-D. Tahap ini memastikan bahwa permasalahan penelitian dan tujuan yang ingin dicapai selaras dengan kebutuhan klinis dan kontribusi ilmiah yang diharapkan.

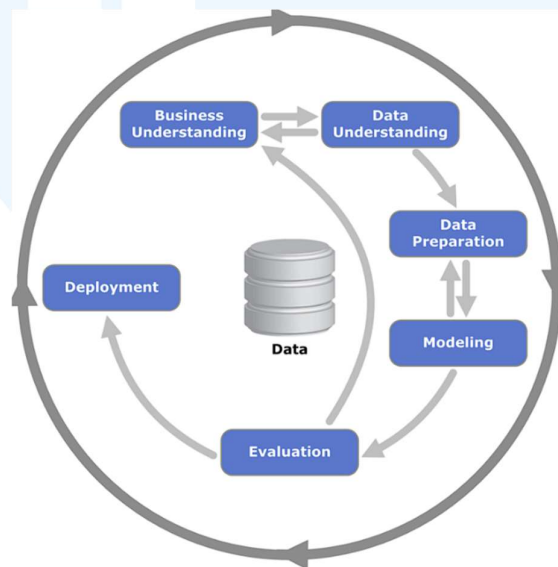
Tahap berikutnya adalah Data Understanding, yang difokuskan pada pemahaman karakteristik data CT ginjal dari dataset KiTS21, termasuk format data NIfTI, distribusi kelas, variasi intensitas citra, serta tantangan seperti ketidakseimbangan jumlah piksel antara kelas ginjal, tumor, kista, dan background. Selanjutnya, pada tahap Data Preparation, dilakukan serangkaian proses prapemrosesan yang mencakup visualisasi citra, pemilihan slice terbaik, normalisasi intensitas, konversi format data, pemisahan mask per kelas, serta augmentasi data untuk meningkatkan keragaman dan kualitas dataset sebelum digunakan pada tahap pelatihan model.

Pada tahap Modeling, penelitian ini menerapkan arsitektur CE-ResUNet50-D yang mengombinasikan backbone ResNet-50 dengan mekanisme Squeeze-and-Excitation untuk meningkatkan kemampuan ekstraksi fitur dan perhatian kanal. Proses ini melibatkan perancangan arsitektur, penyesuaian parameter pelatihan, serta penggunaan fungsi loss adaptif untuk menangani ketidakseimbangan kelas. Tahap Evaluation kemudian dilakukan untuk menilai performa model secara

kuantitatif menggunakan metrik Dice Coefficient dan Intersection over Union (IoU), serta secara kualitatif melalui analisis visual hasil segmentasi dan confusion matrix.

3.2. Tahapan Penelitian

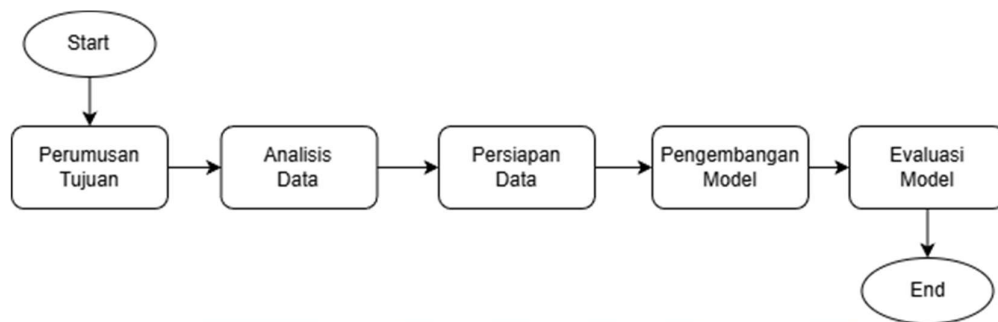
Penelitian ini menerapkan alur penelitian yang disusun dengan mengadaptasi konsep dari framework CRISP-DM, mengingat kerangka kerja tersebut mampu mencakup tahapan-tahapan penting yang dibutuhkan dalam pengembangan model segmentasi berbasis data.



Gambar 2.2 Fase Crisp DM [52]

Gambar 2.2 adalah fase atau alur kerja dari Framework Crisp DM, CRISP-DM dipilih sebagai referensi utama karena menyediakan struktur kerja yang sistematis dan komprehensif dalam mengelola proses penelitian, mulai dari perumusan tujuan hingga evaluasi hasil pemodelan. Selain itu, keunggulan CRISP-DM dibandingkan dengan framework lain yang sejenis telah dianalisis dan dijelaskan pada Tabel 3.1, yang menunjukkan bahwa framework ini lebih sesuai dengan karakteristik penelitian yang berfokus pada pengolahan data dan pembangunan model analitik. Meskipun demikian, penelitian ini belum mencakup tahapan implementasi atau

deployment sebagaimana yang terdapat pada CRISP-DM, karena ruang lingkup penelitian difokuskan pada pengembangan dan evaluasi model segmentasi. Oleh karena itu, alur penelitian yang digunakan dikembangkan secara mandiri dan disesuaikan dengan kebutuhan serta alur kerja proyek dari tahap awal hingga akhir, dengan tetap mempertahankan prinsip-prinsip utama yang diadaptasi dari CRISP-DM. Alur penelitian ini mencakup tahapan pemahaman tujuan penelitian untuk menentukan ruang lingkup dan sasaran pengembangan model, pemahaman serta analisis karakteristik data yang digunakan, proses persiapan data untuk memastikan kualitas dataset, pembangunan dan pelatihan model segmentasi, serta evaluasi kinerja model berdasarkan metrik yang relevan. Keseluruhan tahapan tersebut membentuk suatu siklus penelitian yang saling berkaitan dan mendukung pencapaian tujuan penelitian. Diagram berikut menggambarkan alur tahapan penelitian yang digunakan dalam proyek ini.



Gambar 2.3 Tahapan Penelitian

Terdapat 5 tahapan yang dilakukan dalam project ini :

A. Perumusan Tujuan

Pada penelitian ini, tahap perumusan tujuan difokuskan pada pemahaman tujuan, kebutuhan, serta permasalahan fundamental yang ingin diselesaikan melalui pengembangan model segmentasi citra medis. Kasus penelitian

berfokus pada segmentasi ginjal, tumor, dan kista menggunakan data KiTS21 yang menyediakan citra CT dalam bentuk file NIfTI (.nii.gz). Dari total 300 kasus yang tersedia, penelitian ini menggunakan 147 kasus yang memiliki keberadaan tumor dan kista untuk memastikan model dilatih pada sampel yang benar-benar mewakili target segmentasi.

Permasalahan utama yang diidentifikasi adalah bahwa proses segmentasi ginjal, tumor, dan kista secara manual membutuhkan waktu lama, sangat bergantung pada keahlian radiolog, serta rawan inkonsistensi. Oleh karena itu, diperlukan sebuah model otomatis yang mampu membantu proses analisis citra medis secara cepat, akurat, dan konsisten. Untuk mencapai tujuan tersebut, citra CT dalam format NIfTI perlu diproses terlebih dahulu, mulai dari *unzip* dataset, pemilihan irisan (slice) paling representatif, hingga penggabungan berkas *imaging.nii* dengan *aggregated_MAJ_seg.nii* agar struktur organ dan lesi tampak jelas sebelum akhirnya dikonversi ke format PNG untuk kebutuhan pelatihan model.

Dengan memahami kebutuhan klinis serta tantangan teknis ini, penelitian diarahkan untuk menghasilkan model segmentasi berbasis deep learning khususnya arsitektur CE-ResUNet50D yang mampu mengekstraksi fitur anatomi secara optimal dan memberikan segmentasi ginjal, tumor, serta kista secara otomatis. Tahapan ini memberikan dasar pemahaman yang kuat agar seluruh proses penelitian tetap relevan, terukur, dan berorientasi pada solusi yang bermanfaat bagi analisis citra medis.

B. Analisis Data

Penelitian ini menggunakan dataset KiTS21, yaitu dataset publik untuk segmentasi ginjal dan lesi terkait berupa tumor dan kista dari citra CT. Dataset ini berisi 300 kasus pasien, di mana setiap kasus memiliki citra CT ginjal dalam format NIfTI (.nii.gz) serta mask segmentasi (*aggregated_MAJ_seg.nii*) yang

memberikan anotasi organ dan lesi. Dari total kasus, penelitian ini menggunakan 147 kasus yang memiliki tumor dan kista, sehingga model dilatih pada sampel yang relevan dan sesuai dengan tujuan segmentasi.

Citra CT terdiri dari beberapa potongan (slice) dengan resolusi dan intensitas berbeda, sementara mask segmentasi memberikan label numerik untuk tiap voxel (misal: 0 = background, 1 = ginjal, 2 = tumor, 3 = kista). Tahap eksplorasi dan preprocessing data meliputi unzip dataset, pemilihan slice terbaik yang menampilkan tumor dan kista dengan jelas, penggabungan `imaging.nii` dengan `aggregated_MAJ_seg.nii` agar setiap slice memiliki citra dan mask yang sejajar, serta konversi ke format PNG untuk memudahkan penggunaan pada pipeline deep learning.

Karakteristik data menunjukkan adanya variasi bentuk, ukuran, dan lokasi tumor/kista antar pasien, serta beberapa kasus memiliki tumor kecil atau kista multiple, sehingga memerlukan perhatian khusus pada preprocessing dan augmentasi. Pemahaman terhadap struktur, variasi, dan kualitas data ini menjadi dasar penting untuk memastikan bahwa tahap pelatihan model CE-ResUNet50D dapat berjalan optimal dan menghasilkan segmentasi ginjal, tumor, dan kista yang akurat.

C. Persiapan Data

Tahap Persiapan Data pada penelitian ini bertujuan menyiapkan citra CT ginjal beserta mask segmentasi ginjal, tumor, dan kista agar siap digunakan untuk pelatihan model deep learning. Dataset yang telah diproses dari format NIfTI menjadi PNG disimpan dalam beberapa folder terpisah, yaitu `ctscan`, `ginjal`, `tumor`, `kista`, dan `overlay`. Setiap file citra CT di-load dalam format grayscale, sedangkan mask segmentasi di-load sesuai channel warna tertentu untuk masing-masing kelas.

Tahap awal mencakup eksplorasi data untuk memahami distribusi area pixel tiap kelas dan statistik intensitas citra CT, serta visualisasi proporsi organ dan

lesi per kasus. Analisis ini membantu mendeteksi variasi ukuran, bentuk, dan lokasi tumor/kista, sekaligus memastikan kualitas data sebelum dilakukan augmentasi.

Selanjutnya, dilakukan augmentasi data menggunakan Albumentations, yang meliputi horizontal dan vertical flip, rotasi, perubahan brightness dan contrast, serta transformasi shift-scale-rotate. Augmentasi ini menambahkan variasi pada dataset, meningkatkan jumlah sample hingga 200 citra tambahan, dan membantu model menjadi lebih robust terhadap perbedaan orientasi atau ukuran lesi. Semua citra dan mask kemudian di-resize sesuai ukuran yang diinginkan, dinormalisasi, dan mask dikonversi ke format one-hot untuk memudahkan pemrosesan oleh model.

Dataset dikemas dalam kelas KidneyCTDataset yang memungkinkan iterasi melalui PyTorch DataLoader. Fungsi ini menghasilkan tensor citra dan mask siap pakai, sekaligus menyediakan visualisasi acak berupa citra CT, mask per kelas, dan overlay untuk memeriksa kualitas preprocessing dan augmentasi. Dengan alur ini, data siap digunakan untuk pelatihan model CE-ResUNet50D, memastikan proses segmentasi ginjal, tumor, dan kista dapat dilakukan secara akurat dan konsisten.

D. Pengembangan Model

Tahap Pengembangan Model pada penelitian ini menerapkan arsitektur CE-ResUNet50-D, yaitu pengembangan dari model U-Net yang mengintegrasikan backbone ResNet-50 sebagai encoder serta mekanisme Squeeze-and-Excitation (SE) Attention pada setiap blok decoder untuk meningkatkan kemampuan representasi fitur. Pemilihan ResNet-50 didasarkan pada kemampuannya dalam mengekstraksi fitur hierarkis yang kuat dan stabil melalui struktur residual, sehingga dapat menangkap informasi kontekstual dan spasial secara lebih efektif. Encoder menggunakan bobot pralatih (pretrained) dari ImageNet yang dimodifikasi agar mampu menerima input citra CT dalam bentuk grayscale,

sehingga proses pembelajaran dapat dimulai dari representasi fitur yang lebih matang dan mempercepat konvergensi selama pelatihan.

Pada bagian decoder, model dirancang menggunakan beberapa decoder block yang melakukan proses upsampling secara bertahap untuk mengembalikan resolusi citra ke ukuran semula. Setiap tahap decoding menggabungkan fitur hasil upsampling dengan keluaran encoder melalui mekanisme skip connection, sehingga informasi spasial beresolusi tinggi tetap terjaga. Setelah penggabungan, fitur diproses melalui lapisan konvolusi, normalisasi batch, dan aktivasi ReLU, kemudian diperkuat dengan SE Attention yang secara adaptif menyesuaikan bobot kanal fitur berdasarkan tingkat kepentingannya. Mekanisme ini membantu model lebih fokus pada fitur yang relevan dengan objek target, khususnya pada area tumor dan kista yang memiliki ukuran relatif kecil dan karakteristik visual yang kompleks. Output akhir model berupa peta segmentasi multi-kelas dengan empat channel yang merepresentasikan kelas background, ginjal, tumor, dan kista.

Untuk mengoptimalkan proses pelatihan dan mengatasi permasalahan ketidakseimbangan pixel antar kelas, penelitian ini menerapkan Adaptive Focal-Tversky-Dice Loss sebagai fungsi objektif. Fungsi loss ini merupakan kombinasi dari Dice Loss, Tversky Loss, dan Focal Loss yang dirancang untuk menyeimbangkan sensitivitas terhadap false positive dan false negative, sekaligus memberikan penalti lebih besar pada kesalahan prediksi kelas minoritas seperti tumor dan kista. Bobot kelas dihitung berdasarkan distribusi jumlah pixel pada dataset, sehingga kontribusi setiap kelas terhadap total loss dapat dikontrol secara adaptif dan pelatihan menjadi lebih seimbang.

Dataset dibagi menjadi tiga bagian, yaitu data latih, data validasi, dan data uji dengan rasio 80:10:10. Seluruh data dimuat menggunakan PyTorch DataLoader untuk memastikan proses batching, shuffling, dan loading berjalan efisien. Sebelum masuk ke model, citra CT dinormalisasi untuk menstabilkan distribusi intensitas, sedangkan mask segmentasi dikonversi ke format one-hot

encoding agar sesuai dengan keluaran multi-kelas model. Proses pelatihan dilakukan selama 70 epoch, menggunakan optimizer AdamW yang mampu mengurangi overfitting melalui regularisasi bobot, serta dipadukan dengan Cosine Annealing Learning Rate Scheduler untuk menyesuaikan laju pembelajaran secara dinamis sepanjang pelatihan. Selama proses ini, performa model dipantau menggunakan Dice score per kelas pada data validasi, dan bobot model terbaik disimpan berdasarkan performa tersebut.

Setelah tahap pelatihan selesai, model dievaluasi menggunakan data uji yang tidak pernah dilihat sebelumnya. Prediksi model berupa probabilitas softmax untuk setiap kelas kemudian diproses lebih lanjut dengan menerapkan thresholding guna menghilangkan prediksi dengan tingkat kepercayaan rendah. Selanjutnya, dilakukan proses post-processing menggunakan operasi morfologi seperti binary opening dan binary closing untuk mengurangi noise dan memperbaiki kontur hasil segmentasi. Hasil akhir divisualisasikan dengan cara menampilkan overlay antara peta segmentasi hasil prediksi dan ground truth di atas citra CT asli, sehingga kualitas segmentasi ginjal, tumor, dan kista dapat dianalisis secara kuantitatif maupun kualitatif dengan lebih jelas dan akurat.

E. Evaluasi Model

Evaluasi kinerja model CE-ResUNet50-D dilakukan menggunakan data uji (test set) dengan menerapkan dua metrik evaluasi utama, yaitu Dice Coefficient dan Intersection over Union (IoU), yang umum digunakan dalam tugas segmentasi citra medis karena mampu merepresentasikan tingkat kesesuaian antara hasil prediksi dan ground truth. Evaluasi dilakukan secara terpisah untuk setiap kelas, yaitu background, ginjal, tumor, dan kista. Proses perhitungan metrik didasarkan pada akumulasi nilai True Positive (TP), False Positive (FP), dan False Negative (FN) yang diperoleh dari perbandingan antara mask hasil prediksi model dan mask anotasi asli. Nilai TP, FP, dan FN tersebut kemudian

digunakan untuk menghitung Dice dan IoU pada masing-masing kelas secara kuantitatif.

Hasil evaluasi menunjukkan bahwa model CE-ResUNet50-D memiliki performa yang sangat baik, dengan nilai Dice sebesar 0.9986 untuk kelas background, 0.9353 untuk ginjal, 0.9470 untuk tumor, dan 0.9193 untuk kista. Sementara itu, nilai IoU yang diperoleh adalah 0.9973 untuk background, 0.8785 untuk ginjal, 0.8993 untuk tumor, dan 0.8506 untuk kista. Rata-rata Dice dan IoU yang masing-masing mencapai 0.9501 dan 0.9064 mengindikasikan bahwa model mampu menghasilkan segmentasi yang akurat, stabil, dan konsisten pada data uji, termasuk pada kelas tumor dan kista yang memiliki ukuran relatif kecil dan kompleksitas tinggi. Selain evaluasi numerik, dilakukan pula analisis menggunakan confusion matrix ter-normalisasi untuk memvisualisasikan distribusi kesalahan klasifikasi per piksel pada setiap kelas. Visualisasi ini memberikan gambaran yang lebih jelas mengenai pola kesalahan prediksi yang masih terjadi, serta menjadi dasar untuk pengembangan dan penyempurnaan model pada penelitian selanjutnya. Secara keseluruhan, hasil evaluasi ini menegaskan bahwa model CE-ResUNet50-D mampu menghasilkan segmentasi ginjal, tumor, dan kista yang andal dan berpotensi digunakan sebagai sistem pendukung analisis citra medis.

3.3. Teknik Pengumpulan Data

Data penelitian diperoleh dari situs resmi KiTS21 melalui tautan <https://kits-challenge.org/kits21/>. Proses pengumpulan data dilakukan dengan mengikuti instruksi resmi yang tersedia di repository GitHub KiTS21, termasuk langkah-langkah cloning dataset dan mengunduh file citra CT scan dalam format NIfTI (.nii.gz). Total dataset terdiri dari 300 kasus pasien, dari mana penelitian ini menggunakan 147 kasus yang memiliki keberadaan tumor dan kista untuk memastikan representativitas data terhadap target segmentasi. Setelah pengunduhan selesai, data diorganisir dan diekstrak sesuai struktur folder yang dibutuhkan agar siap untuk tahap preprocessing dan analisis lebih lanjut.

Secara keseluruhan, dataset KiTS21 terdiri dari 300 kasus pasien, namun dalam penelitian ini hanya digunakan 147 kasus yang memiliki anotasi tumor dan kista secara bersamaan. Pemilihan subset data ini dilakukan untuk memastikan bahwa data yang digunakan benar-benar merepresentasikan target penelitian, yaitu segmentasi ginjal, tumor, dan kista, serta untuk meningkatkan kualitas pembelajaran model terhadap kelas-kelas yang relevan. Setelah proses pengunduhan selesai, seluruh data diekstraksi, diorganisir ulang, dan diverifikasi kelengkapannya sesuai dengan kebutuhan penelitian, sehingga siap untuk diproses lebih lanjut pada tahap preprocessing, visualisasi, serta analisis dan pemodelan menggunakan pendekatan deep learning.

3.4. Teknik Analisis Data

3.4.1 Teknik bahasa pemrograman

Penelitian ini menggunakan bahasa pemrograman Python sebagai bahasa utama dalam seluruh tahapan pengolahan data, pengembangan model deep learning, hingga visualisasi hasil segmentasi citra medis. Python dipilih karena memiliki kapabilitas yang kuat dalam komputasi ilmiah, pengolahan data, serta pemrosesan citra digital. Dukungan ekosistem pustaka yang luas dan matang menjadikan Python sangat sesuai untuk penelitian berbasis deep learning. Dalam penelitian ini, beberapa pustaka utama digunakan, antara lain NumPy untuk operasi numerik dan manipulasi array, OpenCV untuk pemrosesan citra CT scan, PyTorch sebagai framework deep learning dalam membangun dan melatih arsitektur CE-ResUNet50D, serta Albumentations untuk melakukan augmentasi data citra medis. Integrasi pustaka-pustaka tersebut memungkinkan pembangunan pipeline pengolahan citra yang terstruktur dan terintegrasi, mulai dari tahap preprocessing, augmentasi, pelatihan model, hingga evaluasi hasil segmentasi.

Selain keunggulan dari sisi teknis, Python juga menawarkan fleksibilitas tinggi dalam pengembangan dan eksperimen model. Bahasa ini mendukung paradigma pemrograman yang sederhana dan mudah dipahami, sehingga memudahkan peneliti dalam mengimplementasikan berbagai skenario percobaan secara iteratif. Ketersediaan komunitas pengguna dan pengembang yang sangat besar, serta dokumentasi yang lengkap dan terus diperbarui, turut mendukung proses pembelajaran, debugging, dan pemecahan masalah yang muncul selama penelitian. Hal ini menjadi aspek penting dalam penelitian yang bersifat eksploratif, khususnya pada pengembangan model deep learning untuk segmentasi ginjal, tumor, dan kista, yang memerlukan penyesuaian arsitektur dan parameter secara berulang untuk memperoleh performa optimal.

Selain itu, Python memungkinkan pemanfaatan akselerasi perangkat keras secara optimal melalui dukungan komputasi GPU, khususnya melalui framework PyTorch yang mendukung pemrosesan paralel berbasis CUDA. Dengan dukungan ini, waktu pelatihan model yang kompleks dapat dipersingkat secara signifikan, sehingga eksperimen dapat dilakukan dengan lebih efisien. Python juga memudahkan otomatisasi proses pelatihan dan evaluasi model, termasuk perhitungan metrik performa seperti Dice Coefficient dan Intersection over Union (IoU), serta visualisasi hasil segmentasi untuk analisis kualitatif. Kombinasi antara fleksibilitas, efisiensi komputasi, dan kelengkapan pustaka menjadikan Python sebagai bahasa pemrograman yang sangat sesuai dan efektif untuk penelitian segmentasi citra medis berbasis deep learning [52] [53].

3.4.2 Alat pendukung pemrograman

Dalam penelitian ini, Google Colaboratory (Google Colab) digunakan sebagai platform utama untuk pengembangan, pelatihan, dan eksperimen model deep learning yang diusulkan. Google Colab dipilih karena menyediakan lingkungan pemrograman berbasis cloud yang telah terintegrasi secara langsung

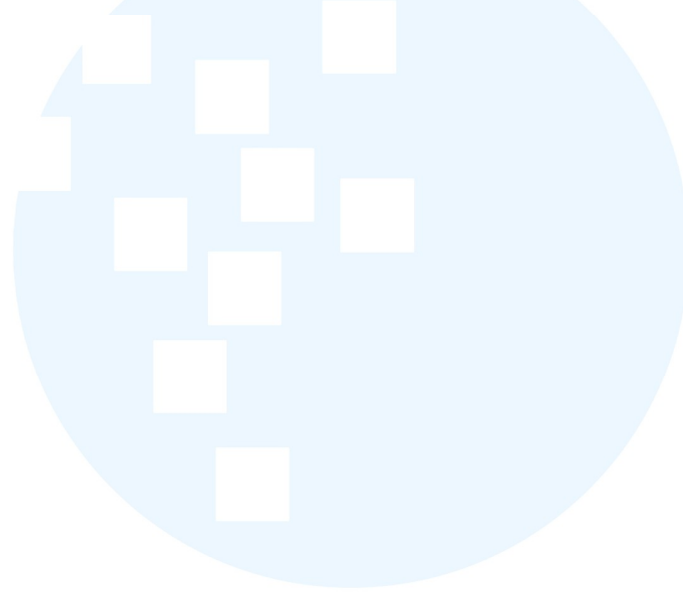
dengan bahasa Python, sehingga memudahkan implementasi dan pengujian model tanpa memerlukan instalasi lingkungan pemrograman secara lokal. Lingkungan ini sangat mendukung penelitian berbasis deep learning karena memungkinkan proses komputasi dilakukan secara terpusat dan terkelola dengan baik.

Salah satu keunggulan utama Google Colab adalah ketersediaan akselerasi perangkat keras berupa GPU dan TPU yang dapat digunakan secara gratis. Dukungan ini sangat penting dalam menangani proses komputasi intensif, khususnya pada pelatihan model segmentasi citra medis yang melibatkan arsitektur jaringan dalam dan dataset berukuran besar. Dengan memanfaatkan GPU atau TPU yang disediakan, waktu pelatihan dan evaluasi model dapat dipersingkat secara signifikan dibandingkan dengan eksekusi pada perangkat dengan spesifikasi terbatas, sehingga memungkinkan peneliti melakukan eksperimen secara lebih efisien dan iteratif.

Jika dibandingkan dengan penggunaan Visual Studio Code (VS Code) yang dijalankan secara lokal, Google Colab menawarkan keunggulan dalam hal ketersediaan sumber daya komputasi yang tidak bergantung pada spesifikasi perangkat pengguna. Hal ini menjadi aspek yang sangat penting mengingat pengolahan citra CT scan ginjal memerlukan kapasitas memori dan daya komputasi yang besar, terutama saat melatih model deep learning dengan arsitektur kompleks. Selain itu, Google Colab mendukung kolaborasi secara real-time melalui fitur berbagi notebook, sehingga kode, parameter eksperimen, dan hasil pengujian dapat diakses serta direproduksi dengan mudah oleh peneliti lain tanpa hambatan konfigurasi lingkungan.

Keunggulan lain dari Google Colab terletak pada antarmuka pengguna yang sederhana dan berbasis notebook interaktif. Antarmuka ini memungkinkan peneliti menjalankan kode secara bertahap, melakukan visualisasi hasil segmentasi secara langsung, serta melakukan debugging dengan lebih mudah. Selain itu, Google Colab mendukung instalasi pustaka Python secara dinamis, seperti PyTorch, OpenCV, dan pustaka pendukung lainnya, tanpa memerlukan pengaturan lingkungan yang rumit. Integrasi langsung dengan Google Drive juga

mempermudah proses penyimpanan, pengelolaan dataset, serta pencatatan hasil pelatihan model secara terpusat. Dengan berbagai kelebihan tersebut, Google Colab menjadi platform yang praktis, fleksibel, dan efisien untuk mendukung pengembangan dan pengujian model segmentasi ginjal, tumor, dan kista berbasis deep learning dalam penelitian ini [54].



UMN
UNIVERSITAS
MULTIMEDIA
NUSANTARA