

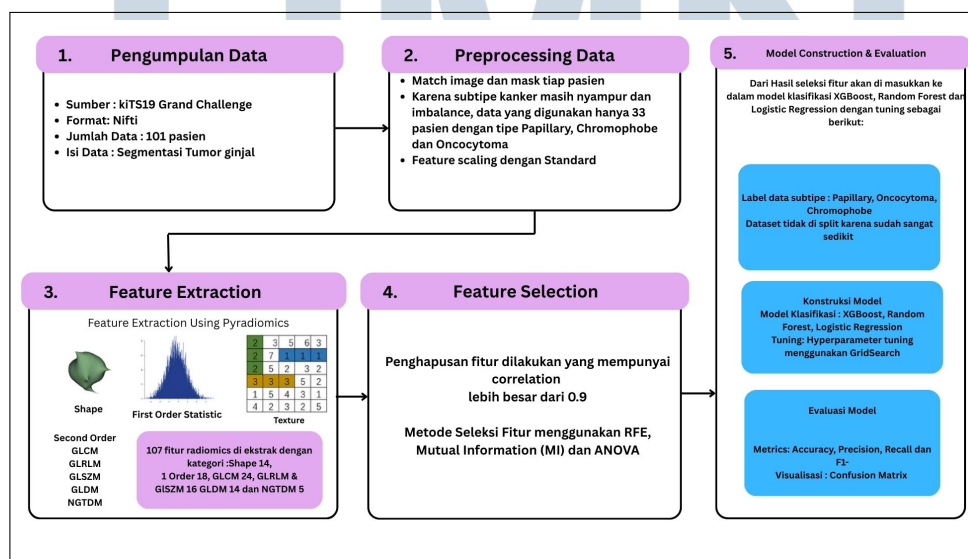
BAB 3

METODE PENELITIAN

Bab ini membahas secara komprehensif rancangan metodologis, strategi implementasi, serta prosedur teknis yang digunakan dalam penelitian untuk mengembangkan sistem klasifikasi tipe kanker ginjal berdasarkan analisis fitur radiomik dari citra CT. Pendekatan ini memanfaatkan metode machine learning guna mengonversi informasi citra medis menjadi data numerik yang merepresentasikan karakteristik morfologi, intensitas, dan tekstur tumor.

Metodologi penelitian disusun secara sistematis mengikuti tahapan dalam research pipeline, yang mencakup proses pengumpulan data dari dataset publik yaitu kiTS19 *Grand Challenge*, *preprocessing* untuk penyesuaian citra dan label, feature extraction menggunakan PyRadiomics, *feature selection* dengan pendekatan RFE, Mutual Information, dan ANOVA, serta tahap model construction and evaluation menggunakan tiga algoritma utama yaitu XGBoost, Random Forest, dan Logistic Regression.

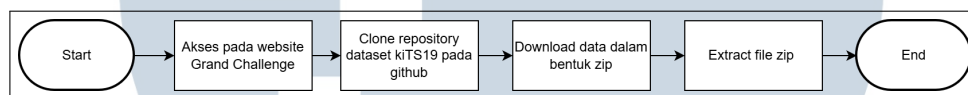
Gambar 3.1 menggambarkan keseluruhan alur penelitian yang mencakup integrasi antara pemrosesan data citra, ekstraksi fitur radiomik, seleksi fitur relevan, hingga evaluasi performa model klasifikasi.



Gambar 3.1. Pipeline penelitian radiomik

3.1 Pengumpulan dan Pembersihan Data

Data citra CT dan mask segmentasi diperoleh dari dataset *Kidney Tumor Segmentation Challenge* (KiTS19) yang merupakan dataset terbuka untuk penelitian segmentasi dan klasifikasi kanker ginjal. Setiap sampel citra dihubungkan dengan label klinis yang memuat informasi sub tipe tumor (Papillary, Chromophobe, atau Oncocytoma). Data kemudian dibersihkan berdasarkan ID pasien untuk memastikan tidak ada duplikasi dan seluruh sampel memiliki label yang valid. Proses pengumpulan data bisa dilihat pada gambar 3.2



Gambar 3.2. Alur pengumpulan dataset

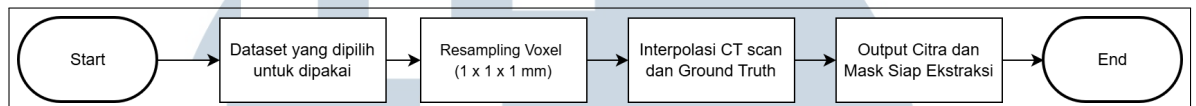
Dataset yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari KiTS19 Grand Challenge, yang dapat diakses secara terbuka melalui tautan <https://kits19.grand-challenge.org/data/> yang di upload pada repositori resmi di GitHub dengan alamat <https://github.com/neheller/kits19>, yang berisi kumpulan folder untuk setiap pasien (*case patient*).

Setiap folder pasien mencakup citra CT mentah dalam format NIfTI (.nii.gz) beserta *ground truth* segmentasi ginjal dan tumor yang telah diberi anotasi secara manual oleh ahli radiologi. Selain berkas citra, dataset ini juga dilengkapi dengan berkas .json yang memuat informasi klinis dan tipe histopatologis masing-masing pasien.

Dalam penelitian ini, hanya data pasien dengan sub tipe *Papillary Renal Cell Carcinoma (PRCC)*, *Chromophobe Renal Cell Carcinoma (ChRCC)*, dan *Oncocytoma* yang digunakan untuk proses klasifikasi. Pemilihan ketiga sub tipe ini didasarkan pada ketersediaan data serta relevansinya terhadap tujuan penelitian, yaitu membangun model *machine learning* yang mampu membedakan pola radiomik antar sub tipe kanker ginjal secara akurat.

3.2 Preprocessing Citra CT

Tahap *preprocessing* citra CT dilakukan untuk memastikan seluruh data memiliki resolusi spasial dan ukuran voxel yang seragam. Proses pada tahap ini dapat dilihat pada Gambar 3.3



Gambar 3.3. Preprocessing Data

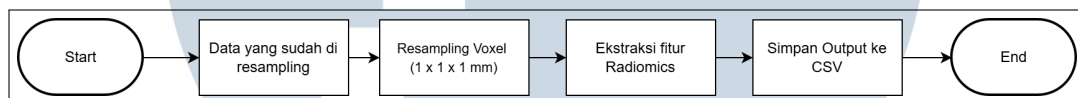
Proses preprocessing diawali dengan pemilihan data, di mana dataset difilter sehingga hanya mencakup tiga subtype renal cell carcinoma (RCC), yaitu papillary, chromophobe, dan oncocytoma. Subtype lain seperti clear cell RCC dikeluarkan untuk menghindari bias kelas serta memastikan kesesuaian dengan tujuan klasifikasi multikelas.

Selanjutnya, dilakukan proses resampling voxel dengan mengubah ukuran voxel menjadi $1 \times 1 \times 1$ mm menggunakan metode interpolasi yang disesuaikan antara citra CT dan berkas mask segmentasi. Pada citra CT digunakan interpolasi B-spline untuk mempertahankan kelancaran intensitas antar voxel, sedangkan pada mask segmentasi digunakan interpolasi Nearest Neighbor agar label anatomi dan area tumor tidak berubah. Pendekatan ini penting untuk menjaga integritas batas area tumor yang telah ditandai oleh ahli radiologi.

Normalisasi intensitas tidak diterapkan pada citra CT guna mempertahankan nilai asli Hounsfield Unit (HU) yang merepresentasikan densitas jaringan. Setelah proses resampling selesai, citra dan mask memiliki resolusi serta dimensi yang identik, sehingga fitur radiomik seperti shape, first-order statistics, dan texture features dapat diekstraksi secara konsisten dan akurat. Seluruh fitur numerik yang dihasilkan kemudian dinormalisasi menggunakan StandardScaler sebelum digunakan pada tahap pelatihan model klasifikasi.

3.3 Feature Extraction

Tahap ini merupakan langkah lanjutan setelah proses *preprocessing*, yang bertujuan untuk mengubah citra CT dan hasil segmentasi menjadi representasi numerik berupa fitur-fitur radiomik. Fitur-fitur tersebut menggambarkan karakteristik morfologi, intensitas, dan tekstur jaringan ginjal serta tumor yang menjadi dasar bagi algoritma *machine learning* dalam melakukan klasifikasi tipe kanker ginjal. Ekstraksi dilakukan menggunakan pustaka *PyRadiomics*, yang telah mengacu pada standar *Image Biomarker Standardization Initiative (IBSI)* agar hasil yang diperoleh bersifat konsisten dan dapat direproduksi. Tahap ini dapat dilihat pada gambar 3.4.



Gambar 3.4. Feature Extraction

Proses ekstraksi dilakukan dengan memanfaatkan kelas `RadiomicsFeatureExtractor` yang dikonfigurasi melalui parameter `params`. Nilai `binWidth` ditetapkan sebesar 25, sesuai dengan praktik umum pada citra CT untuk menjaga keseimbangan antara sensitivitas tekstur dan stabilitas numerik fitur. Proses ekstraksi dilakukan dengan memanggil fungsi `execute()`, yang membaca seluruh voxel di dalam *Region of Interest* (ROI) berdasarkan *mask* segmentasi tumor. Pada tahap ini, normalisasi intensitas tidak dilakukan (`normalize=False`) karena citra CT sudah berada dalam skala absolut *Hounsfield Unit* (HU), yang memiliki makna fisik spesifik untuk jaringan biologis. Dengan demikian, nilai HU dipertahankan agar fitur-fitur radiomik yang dihitung tetap merefleksikan karakteristik radiodensitas asli dari organ dan lesi yang dianalisis.

Fitur yang diekstraksi dalam penelitian ini meliputi beberapa kategori utama, yaitu:

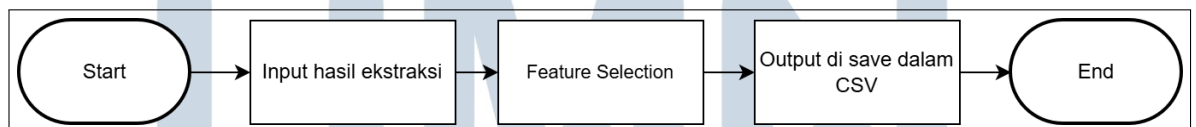
- *Shape Features*
- *First Order Statistics*
- *Gray Level Co-occurrence Matrix* (GLCM)
- *Gray Level Run Length Matrix* (GLRLM)

- *Gray Level Size Zone Matrix (GLSZM)*
- *Gray Level Dependence Matrix (GLDM)*
- *Neighborhood Gray Tone Difference Matrix (NGTDM)*

Seluruh hasil fitur radiomik yang diperoleh dari setiap pasien disimpan ke dalam berkas `radiomics_features_fixed.csv`. Berkas ini menjadi dataset numerik yang akan digunakan pada tahap *feature selection* dan pelatihan model *machine learning* (seperti XGBoost, Random Forest, dan *Logistic Regression*) pada proses klasifikasi tipe kanker ginjal.

3.4 Feature Selection

Tahap ini bertujuan untuk menyaring dan memilih subset fitur yang paling relevan dari kumpulan fitur radiomik yang telah diekstraksi sebelumnya, sehingga dapat meningkatkan efisiensi komputasi serta mengurangi risiko *overfitting*. Proses seleksi fitur menjadi krusial karena fitur radiomik umumnya memiliki jumlah yang sangat banyak dan tingkat korelasi yang tinggi antar fitur, yang dapat menyebabkan model pembelajaran mesin kehilangan kemampuan generalisasi jika seluruh fitur digunakan secara langsung. Proses pada tahap ini dapat dilihat pada gambar 3.5.



Gambar 3.5. Flowchart Fitur Seleksi

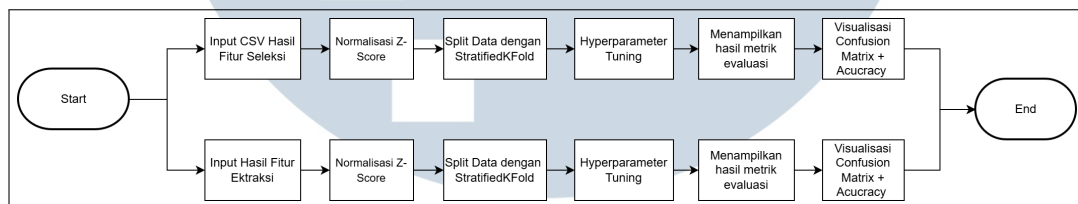
Pada penelitian ini digunakan tiga pendekatan utama dalam proses *feature selection*, yaitu *Recursive Feature Elimination* (RFE), *Mutual Information* (MI), dan *Analysis of Variance* (ANOVA). Ketiga metode tersebut mewakili dua kategori teknik seleksi fitur, yakni metode berbasis *wrapper* dan *filter*.

Ketiga pendekatan tersebut dikombinasikan untuk memperoleh keseimbangan antara efisiensi komputasi dan relevansi prediktif. Metode *filter* seperti MI dan ANOVA memberikan tahap awal penyaringan cepat terhadap fitur yang tidak relevan, sementara RFE menyempurnakan

pemilihan dengan mempertimbangkan kinerja model pembelajaran itu sendiri. Hasil akhir berupa subset fitur yang paling informatif kemudian disimpan dalam berkas CSV sebagai masukan untuk tahap pembangunan model klasifikasi pada bagian berikutnya.

3.5 Pembangunan dan Evaluasi Model

Tahap ini merupakan proses pembangunan model klasifikasi berdasarkan fitur radiomik yang telah diperoleh dari tahap ekstraksi dan, pada beberapa skenario, seleksi fitur. Tujuan utama dari tahap ini adalah untuk mengevaluasi performa algoritma *machine learning* dalam membedakan tipe kanker ginjal berdasarkan pola radiomik yang tersedia, serta menganalisis pengaruh penerapan seleksi fitur terhadap akurasi dan stabilitas model.



Gambar 3.6. Pembangunan dan Evaluasi Model

Seperti ditunjukkan pada Gambar 3.6, pembangunan model dilakukan melalui dua jalur utama, yaitu:

- (a) Menggunakan seluruh fitur hasil ekstraksi tanpa proses seleksi fitur, untuk menilai performa dasar model ketika seluruh informasi radiomik digunakan.
- (b) Menggunakan subset fitur terpilih hasil metode seleksi fitur *Analysis of Variance* (ANOVA), *Recursive Feature Elimination* (RFE), dan *Mutual Information* (MI), guna mengamati dampak reduksi dimensi terhadap performa model dan potensi peningkatan generalisasi.

Pemisahan dua jalur ini bertujuan untuk mengukur sejauh mana proses seleksi fitur dapat membantu meningkatkan akurasi klasifikasi sekaligus mengurangi risiko *overfitting*, yang umum terjadi pada dataset radiomik dengan jumlah fitur tinggi dan ukuran sampel yang relatif terbatas. Evaluasi dilakukan pada tiga algoritma utama, yaitu *XGBoost*, *Random Forest*, dan

Logistic Regression, dengan penerapan *cross-validation* dan *hyperparameter tuning* untuk memperoleh model terbaik pada setiap skenario klasifikasi.

Pada tahap ini, tiga algoritma *machine learning* utama digunakan, yaitu *XGBoost*, *Random Forest*, dan *Logistic Regression*. Setiap model dibangun dengan pendekatan *pipeline* yang mencakup proses normalisasi menggunakan *StandardScaler*, pencarian parameter optimal melalui *RandomizedSearchCV* atau *GridSearchCV*, serta validasi menggunakan *Stratified K-Fold Cross Validation* untuk memastikan evaluasi yang adil terhadap data tidak seimbang.

Output dari tahap ini berupa metrik performa model yang meliputi *accuracy*, *precision*, *recall*, *F1-score*, dan *confusion matrix*. Metrik-metrik ini digunakan untuk:

- Mengevaluasi kemampuan model dalam mengklasifikasikan tipe kanker ginjal (*Papillary*, *Chromophobe*, dan *Oncocytoma*);
- Membandingkan performa model dengan dan tanpa seleksi fitur;
- Menentukan kombinasi metode seleksi fitur dan algoritma klasifikasi yang paling optimal untuk menghasilkan model dengan generalisasi terbaik.

