

Deteksi Bakteri Pada Citra BTA Menggunakan Multi Thresholding dan K-Means

Detection of Bacteria in BTA Images Using Multi Thresholding and K-Means

Novian Adhipurna¹, Bio Putri Ayanti², Yustin Ari Prihandini³, Nurbidayah⁴

¹Program Studi Farmasi, Universitas Borneo Lestari

^{2,4}Program Studi Analisis Kesehatan, Universitas Borneo Lestari

³Program Studi Gizi, Universitas Borneo Lestari

E-mail: ¹novian.research@gmail.com, ²bioputriayanti.analis@gmail.com,

³yustinariprihandini92@gmail.com, ⁴day91queen@gmail.com

Abstrak

Tuberkulosis (TB) merupakan jenis penyakit kronis yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis* yang dapat menular dari 1 orang ke orang lainnya melalui udara atau yang disebut dengan *airbone*. Pendeteksian bakteri *M.tuberculosis* pada citra sputum penderita TB merupakan suatu tantangan dalam menentukan identifikasi untuk dapat membedakan bakteri tersebut dengan background dengan hasil pewarnaan sputum yang cenderung memiliki tingkat warna yang bervariasi, sehingga dapat menurunkan hasil akurasi pendeteksian. Oleh karena itu diperlukan suatu pendekatan yang lebih akurat dalam mendeteksi bakteri TB pada citra BTA. Untuk itu penelitian ini bertujuan melakukan pengolahan citra berupa segmentasi pada citra BTA dengan menerapkan preprocessing ruang warna CIE Lab, menentukan batas ambang yang maksimal dengan Multi Thresholding dan dilakukan segmentasi menggunakan K-Means Clustering. Hasil eksperimen didapatkan bahwa pengaplikasian metode Multi Thresholding dan K-Means memberikan tingkat akurasi sebesar 99.57% pada pendeteksian bakteri TB.

Kata kunci: Tubekulosis, Ziehl Neelsen, Multi Thresholding, K-Means.

Abstract

*Tuberculosis (TB) is a type of chronic disease caused by the bacteria *Mycobacterium tuberculosis* which can be transmitted from one person to another through the air or what is called airborne. Detecting *M. tuberculosis* bacteria in sputum images of TB patients is a challenge in determining identification to be able to distinguish the bacteria from the background with sputum staining results that tend to have varying levels of color, so that it can reduce the accuracy of detection. Therefore, a more accurate approach is needed in detecting TB bacteria in AFB images. For this reason, this study aims to conduct image processing in the form of segmentation of AFB images by applying CIE Lab color space preprocessing, determining the maximum threshold limit with Multi Thresholding and segmentation using K-Means Clustering. The experimental results showed that the application of the Multi Thresholding and K-Means methods provided an accuracy level of 99.57% in detecting TB bacteria.*

Keywords: Tuberculosis, Ziehl Neelsen, Multi Thresholding, K-Means

1. PENDAHULUAN

Penyakit tuberkulosis (TB) menjadi salah satu penyebab kematian tertinggi di seluruh dunia dari agen infeksius bakteri *Mycobacterium tuberculosis* yang menyebar melalui udara sehingga dapat dengan mudah menular [1]. Global WHO tahun 2023 melaporkan jumlah kasus tuberkulosis di Indonesia tercatat menempati urutan kedua tertinggi didunia setelah India, dengan angka kematian mencapai 68% [2]. Berdasarkan TB report 2023, estimasi kasus TBC meningkat menjadi 1.060.000 kasus baru pertahun dan angka kematian mencapai 134 ribu per tahun. Dalam dekade tahun terakhir, banyak pusat kesehatan telah mengalihkan fokus penegakkan diagnosa TB

menggunakan teknologi molekuler (seperti Xpert MTB) [3]. Namun, beberapa temuan hasil riset mikrobiologi mengemukakan bahwa teknologi molekuler masih memberikan hasil positif selama berbulan-bulan ketika pengobatan berjalan dengan baik [4]. Keberhasilan pengobatan tuberkulosis paru bergantung pada diagnosis awal dan pemantauan cermat respon pengobatan penderita.

Diagnosis tuberkulosis (TB) yang dilakukan oleh tenaga kesehatan ATLM menjadi kunci penting dalam menemukan pasien baru tuberkulosis. Diagnosa *gold standard* TB serta pemantauan respon pengobatan dilakukan dengan pemeriksaan mikroskopis sputum/dahak suspek penderita, diwarnai dengan cat khusus Ziehl Neelsen (ZN) dan diamati pada mikroskop. Hasil positif ditemukan bakteri tahan asam (BTA) tuberkulosis berbentuk batang berwarna merah dengan latar belakang biru. Pengamatan mikroskopis BTA dilakukan manual sepanjang 100 bidang pandang mikroskop dan memberikan hasil citra bakteri yang kompleks [5]. Hal tersebut sangat membutuhkan kompetensi tenaga kesehatan ATLM yang terlatih, konsentrasi mata yang tinggi dalam membedakan BTA dengan non BTA dan menghitung jumlahnya sering berakibat pada kesalahan pengamatan serta waktu pemeriksaan cukup lama. Selain itu, penentuan hasil keputusan yang subjektif dari ATLM menjadi salah satu penyebab tidak akuratnya hasil pemeriksaan tuberkulosis dan menimbulkan dampak hasil akurasi diagnosa yang rendah.

Ilmu komputer berkontribusi penting dalam sistem kesehatan yang modern dan dinamis. Teknologi komputer yang kolaboratif memberikan kemudahan layanan kepada tenaga kesehatan, organisasi healthcare, pasien, serta peneliti [6]. Penggunaan teknologi *Machine Learning*, khususnya pengolahan citra/gambar otomatis (image processing) memberikan keunggulan dalam membantu kecepatan hasil pemeriksaan, peluang peningkatan nilai akurasi diagnostik dan efisiensi kerja ATLM dalam proses deteksi penyakit salah satunya tuberkulosis [7], [8], [9], [10]. Pendekatan yang dapat dilakukan pada gambar hasil pewarnaan bakteri tuberkulosis, salah satunya adalah segmentasi citra terhadap bakteri TB. Proses segmentasi citra BTA hasil pewarnaan Zeihl Neelsen bertujuan untuk memisahkan citra menjadi biner, objek akan dibagi menjadi foreground dan background sehingga dengan mudah dapat membedakan bakteri TB dan non bakteri TB.

Segmentasi terhadap citra hasil pengamatan mikroskopis bakteri tahan asam (BTA) dapat membantu dalam mengidentifikasi kelompok yang terinfeksi penyakit tuberkulosis dengan cepat dan akurat. Terdapat beberapa studi kasus penelitian yang terkait yang telah menggunakan metode dan teknik yang berbeda. Rijul Saurabh Soans dkk. [2] melakukan penelitian menggunakan ruang warna HSV dengan menggunakan algoritma SVM dan KNN untuk mengklasifikasi bakteri TB dari citra Ziehl Neelsen pada penderita penyakit tuberkulosis. Dari penelitian yang telah dilakukan menghasilkan tingkat akurasi sebesar 94.40%. Dalam penelitian Waluyo, N. dkk. [11] dilakukan pengujian komparasi menggunakan algoritma CNN dan CNN-KNN untuk mendeteksi koloni bakteri TB. Dalam proses preprocessing dilakukan ekstraksi fitur menggunakan metode CNN dan dilakukan pengklasifikasian dengan algoritma KNN. Hasil pengujian yang diperoleh menunjukkan bahwa rata-rata akurasi mencapai 92.50% dengan menggunakan fitur kombinasi, sedangkan dengan hanya menggunakan CNN akurasi sebesar 90%.

Penelitian Ainul K., Rafikha A. dkk. [12] mengusulkan metode Otsu Thresholding dalam melakukan pemrosesan gambar untuk melakukan segmentasi bakteri TB. Metode Otsu dikombinasikan dengan peningkatan gambar dari kontras lokal dan parsial. Dari 50 Citra sputum yang diuji diperoleh hasil akurasi sebesar 98.93%. Christian del C., dkk. [13] mengusulkan segmentasi dengan menerapkan peningkatan kontras warna pada citra basil. Hasil citra yang sudah ditingkatkan kontras warnanya dilakukan segmentasi dengan memanfaatkan ruang warna RGB dan CIE Lab, kemudian dilakukan klasifikasi menggunakan algoritma SVM. Dari penelitian ini didapatkan nilai sensitivity tertinggi sebesar 93.67%.

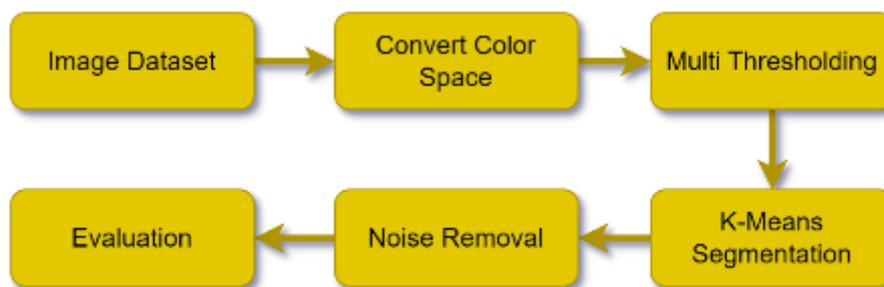
Pengujian menggunakan model warna berbeda dalam segmentasi bakteri TB telah dilakukan oleh A. Kurniawardhani dkk. [14]. Model warna yang diuji menggunakan model warna RGB, HSV, CIELAB, YCbCr, dan C-Y. metode yang digunakan dalam melakukan segmentasi menggunakan K-Means. Dari hasil penelitian didapatkan hasil bahwa semua kondisi citra dengan model warna blue, hue, Cr, and Ry dapat melakukan segmentasi dengan baik dalam

satu cluster. Jorge Luis D., dkk. [15] telah menerapkan metode *detect acid-fast bacilli* (AFB) *bacilloscopy* pada penderita TB paru. Segmentasi menerapkan K-Means dan metode pengklasifikasi menerapkan GMM. Hasil pengujian telah dilakukan evaluasi menggunakan Jaccard dengan nilai efektivitas sebesar 92% dengan kondisi warna citra dan kontras yang berbeda.

Dari hasil penelitian sebelumnya metode deteksi bakteri TB sudah cukup baik, namun pada citra pewarnaan BTA dapat memiliki tingkat warna yang berbeda, sehingga dapat mengurangi akurasi pendeteksian. Pada penelitian ini mengusulkan metode kombinasi dari algoritma Multi Thresholding dan K-Means Clustering untuk mengatasi permasalahan tersebut dan dapat meningkatkan akurasi pendeteksian bakteri.

2. METODE PENELITIAN

Metode penelitian yang diterapkan dalam studi ini mencakup pengumpulan sampel citra BTA, Konversi color space, penerapan metode Multi Thresholding, penerapan metode K-Means, Noise removal, dan pengukuran hasil evaluasi kinerja. Alur metode penelitian yang dilakukan dapat dilihat pada Gambar 1:



Gambar 1. Metode Penelitian

2.1 Convert Color Space

Proses konversi citra dimulai dengan mengubah citra dari ruang warna RGB ke CIE Lab. Perubahan ini dilakukan karena ruang warna Lab lebih efektif dalam membedakan perbedaan warna kecil yang mungkin tidak terlihat jelas dalam ruang RGB [16]. Setelah konversi, perhatian difokuskan pada channel *a*, yang mengandung informasi tentang distribusi warna hijau hingga merah. Channel ini sering memberikan kontras yang lebih tinggi antara objek bakteri dan latar belakang, sehingga memudahkan segmentasi.

Ekstraksi warna dari ruang warna Lab yang terbagi atas $L = \text{Lightness}$, $a = \text{antara Merah dan Hijau}$, $b = \text{antara kuning dan biru}$. Dalam penelitian ini, channel *a* diambil secara spesifik untuk memperjelas bakteri pada citra. Dengan mengisolasi channel ini, variasi warna yang terkait dengan bakteri dapat lebih terlihat jelas, terutama ketika bakteri memiliki karakteristik warna merah yang berbeda dengan latar belakang atau artefak lainnya. Selanjutnya, citra channel *a* yang diperoleh digunakan sebagai input untuk proses segmentasi lanjutan.

2.2 Multi Thresholding

Segmentasi dengan memanfaatkan thresholding dilakukan dengan membagi warna menjadi 2 nilai, yaitu hitam = 0 dan putih = 255 berdasarkan ambang batas yang ditentukan secara otomatis oleh algoritma Mullti Thresholding.

Pada penelitian ini, kami mengimplementasikan metode Multi Thresholding untuk melakukan segmentasi citra mikroskopis bakteri. Proses ini diawali dengan menerapkan metode thresholding secara berulang dengan menggunakan beberapa algoritma thresholding, seperti Otsu dan Yen [17], untuk mendapatkan berbagai ambang batas yang optimal. Setiap ambang batas

digunakan untuk memisahkan bakteri berdasarkan variasi intensitas yang ada pada citra. Hasil dari masing-masing threshold dipilih untuk menyempurnakan hasil segmentasi. Yen thresholding bekerja dengan mengoptimalkan entropi dalam citra untuk menentukan ambang batas yang memisahkan objek dan latar belakang secara jelas [18]. Metode ini menghitung histogram intensitas dari citra, kemudian memilih ambang batas yang memaksimalkan perbedaan informasi antara dua kelas (piksel objek dan latar belakang).

2.3 K-Means Clustering

Hasil citra bakteri yang telah tersegmentasi diterapkan metode clustering pada setiap piksel citra. Metode clustering menerapkan algoritma machine learning K-means untuk proses segmentasi. Dalam hal ini, setiap piksel dikelompokkan ke dalam salah satu dari sejumlah kluster yang telah ditentukan [19]. Jumlah K sebanyak 3 kelas, Angka tersebut mengacu pada pembagian 3 jenis warna meliputi bakteri (basil/batang), Artefak, dan latar belakang. Setelah mencapai batas iterasi atau sudah mencapai konvergen sebelum iterasi selesai, maka dilakukan proses ekstraksi pada nilai K yang mensegmentasi hanya bakteri basil.

Tujuan dari penerapan K-Means setelah Multi Thresholding adalah untuk memperhalus dan mempertegas batas antara objek bakteri dan latar belakang, serta untuk memisahkan area-area yang mungkin masih belum tersegmentasi secara sempurna oleh metode Multi Thresholding.

Proses ini dimulai dengan menentukan jumlah kluster yang optimal, biasanya berdasarkan eksperimen atau observasi dari distribusi intensitas citra. Setiap piksel kemudian dipetakan ke pusat kluster terdekat menggunakan metrik jarak Euclidean. Algoritma K-Means kemudian diiterasikan hingga kluster yang paling sesuai terbentuk, yang menghasilkan peta segmentasi yang lebih jelas dan terperinci.

Langkah-langkah dalam prosedur algoritma k-means [20], yaitu :

1. Tentukan k sebagai jumlah cluster yang akan dibuat. Dalam paper ini $k = 3$, dengan asumsi pada citra grayscale smear sputum diperkirakan terdapat sekitar 3 tingkatan warna keabuan.
2. Penentuan letak posisi centroid awal.
3. Hitung jarak setiap objek ke masing-masing centroid dari masing-masing cluster, disini menggunakan perhitungan jarak Euclidian Distance.

$$d(x, y) = ||x - y|| \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i + y_i)^2 ; i = 1,2,3, \dots, n} \quad (1)$$

Dimana :

- x_i adalah objek x ke- i
- y_i adalah objek y ke- i
- n adalah banyaknya jumlah cluster

4. Alokasikan masing-masing objek ke dalam centroid yang terdekat.
5. Lakukan iterasi, untuk menentukan posisi centroid baru menggunakan :

$$C_k = \frac{1}{Nc_k} \sum_{i=1}^{Nc_k} F_i \quad (2)$$

Dimana:

Nc_k adalah banyaknya jumlah anggota cluster k .

6. Ulangi proses iterasi sampai tidak ada perubahan pada centroid baru.

2.4 Noise Removal

Tahap menghapus sisa noda yang masih ikut muncul pada sekitar area bakteri atau pada latar belakang citra dengan diameter kecil yang tidak termasuk bakteri (25). Hasil dari proses segmentasi biasanya meninggalkan beberapa bercak kotoran pada area gambar, bercak tersebut tidak ikut terhapus pada proses segmentasi, maka dari itu diperlukan sebuah proses penghapusan noise yang dapat menghilangkan sisa kotoran kecil pada area gambar. Proses penghapusan hanya menghapus bercak kecil dan tidak menghapus area bakteri.

Tahap noise removal dilakukan dengan menggunakan teknik filtrasi dan morfologi citra untuk membersihkan hasil segmentasi. Salah satu teknik yang umum digunakan adalah operasi morfologi seperti *opening* dan *closing*. Operasi ini bekerja dengan menghilangkan noise berupa area kecil dan menghaluskan tepi objek bakteri, yang dapat memperbaiki hasil segmentasi.

Proses ini dimulai dengan menerapkan filter morfologi pada citra hasil segmentasi. Operasi *opening* dilakukan untuk menghapus area-area kecil yang tersebar di sekitar objek, yang dianggap sebagai noise. Setelah itu, operasi *closing* diterapkan untuk menutup celah-celah kecil di dalam area objek yang mungkin muncul setelah segmentasi dengan K-Means.

2.4 Pengukuran Performa

Evaluasi performa metode segmentasi citra sangat penting untuk memastikan keakuratan dalam mengidentifikasi objek yang relevan, seperti bakteri pada citra mikroskopis. Salah satu cara yang umum digunakan untuk mengevaluasi hasil segmentasi adalah dengan menggunakan *confusion matrix* [21], Dimana memungkinkan analisis secara menyeluruh terhadap prediksi segmen yang dihasilkan. Dalam konteks segmentasi citra, *confusion matrix* membandingkan hasil segmentasi dengan *ground truth*, yakni data referensi yang menggambarkan segmen yang sebenarnya untuk mengukur berbagai metrik evaluasi seperti akurasi, presisi, recall, dan F1-score.

		Prediksi	
		Positif	Negatif
Fakta	Positif	TP	FP
	Negatif	FN	TN

Gambar 2. *Confusion Matrix*

Metode *confusion matrix* mengevaluasi hasil segmentasi dengan mengukur empat kategori utama yang berasal dari perbandingan hasil segmentasi terhadap *ground truth*:

1. **True Positive (TP)** Piksel yang secara benar terdeteksi sebagai bagian dari objek bakteri.
2. **True Negative (TN)** Piksel yang secara benar diklasifikasikan sebagai latar belakang.
3. **False Positive (FP)** Piksel yang secara salah diklasifikasikan sebagai bagian dari objek bakteri, padahal seharusnya latar belakang.
4. **False Negative (FN)** Piksel yang seharusnya merupakan bagian dari objek bakteri, tetapi secara salah diklasifikasikan sebagai latar belakang.

Dengan *confusion matrix* ini, beberapa metrik evaluasi kunci dapat dihitung:

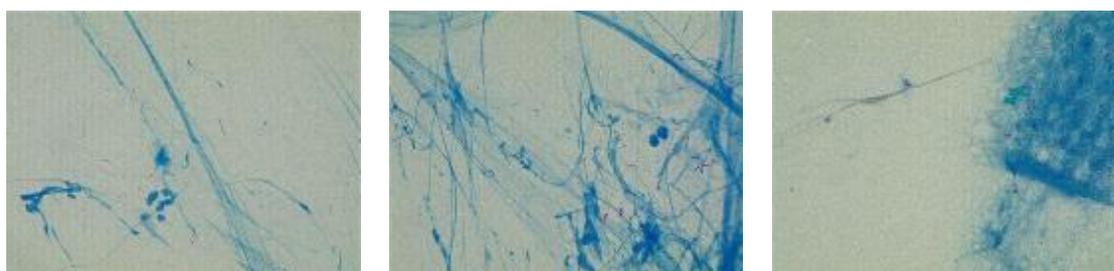
1. **Akurasi** Proporsi total piksel yang diklasifikasikan dengan benar, dihitung sebagai (TP

- + TN) / (TP + TN + FP + FN). Akurasi memberikan gambaran umum mengenai seberapa baik keseluruhan segmentasi, tetapi tidak memperhitungkan distribusi antara kelas objek dan latar belakang.
2. **Presisi** Mengukur seberapa tepat prediksi model dalam mendeteksi bakteri, dihitung sebagai $TP / (TP + FP)$. Presisi menekankan pada pengurangan *false positive*, yakni jumlah area non-bakteri yang salah diklasifikasikan sebagai bakteri.
 3. **Recall (Sensitivity)** Mengukur kemampuan model untuk mendeteksi semua bakteri yang sebenarnya ada, dihitung sebagai $TP / (TP + FN)$. Recall fokus pada seberapa banyak bakteri yang berhasil dideteksi, dan mengurangi *false negative*.
 4. **F1-Score** Metrik gabungan yang mempertimbangkan keseimbangan antara presisi dan recall, dihitung sebagai $2 * (Precision * Recall) / (Precision + Recall)$. F1-score menjadi penting ketika ada ketidakseimbangan antara kelas bakteri dan latar belakang, sehingga memberikan metrik yang lebih adil.

Ground truth merupakan peta referensi manual yang dibuat oleh ATLM atau metode validasi yang menunjukkan lokasi dan area bakteri secara akurat dalam citra. Dalam penelitian ini, hasil segmentasi yang dihasilkan dari metode otomatis dibandingkan langsung dengan *ground truth* untuk memastikan validitas dan keakuratan. Proses ini memberikan data tentang berapa banyak piksel yang diklasifikasikan dengan benar sebagai bakteri (*true positive*) atau latar belakang (*true negative*), serta berapa banyak kesalahan klasifikasi yang terjadi (*false positive* dan *false negative*).

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

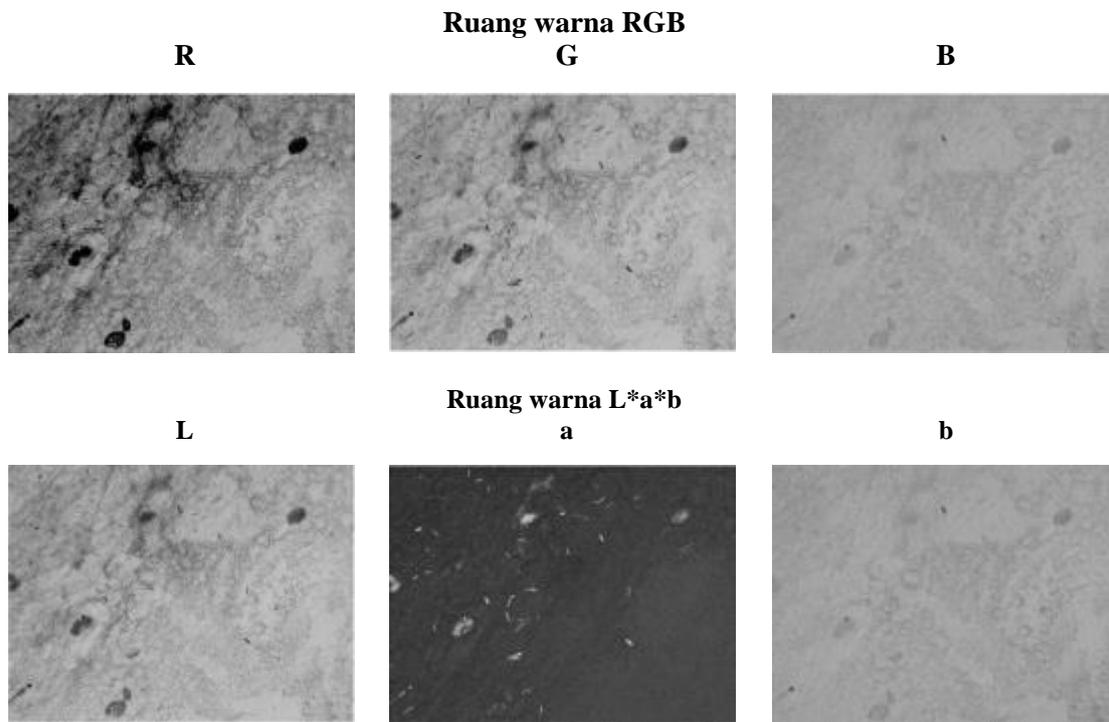
Model pendeteksian Citra bakteri BTA diimplementasikan menggunakan bahasa pemrograman Python pada Komputer dengan spesifikasi Prosesor Intel Core i5 2GHz dengan RAM 8GB. Ujicoba dilakukan dengan menggunakan slide BTA sebanyak 66 citra, Dimana setiap slide memiliki bakteri dikategorikan Positif 3 dengan ukuran 1600 x 1200 Piksel, Gambar dapat dilihat pada Gambar 3. Pengukuran evaluasi yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan confusion matrix dengan nilai akurasi, yaitu ratio antara jumlah citra yang berhasil dideteksi dengan benar dan jumlah citra yang digunakan dalam pengujian.



Gambar 3. Dataset Citra BTA.

Dalam dataset citra sputum yang sudah dilakukan pengecatan BTA, bakteri tuberculosis dapat dibedakan dengan warna yang dihasilkan berwarna merah sedangkan pada latar belakang hasil pewarnaan akan berwarna biru. Berdasarkan ruang warna maka warna bakteri dapat dibedakan dengan warna background dengan cukup jelas. Banyak ruang warna yang dapat diterapkan, namun warna yang lebih signifikan berdasarkan ruang warna Lab seperti perbandingan ruang warna RGB dan CIE Lab pada Gambar 4 di bawah. Berdasarkan distribusi

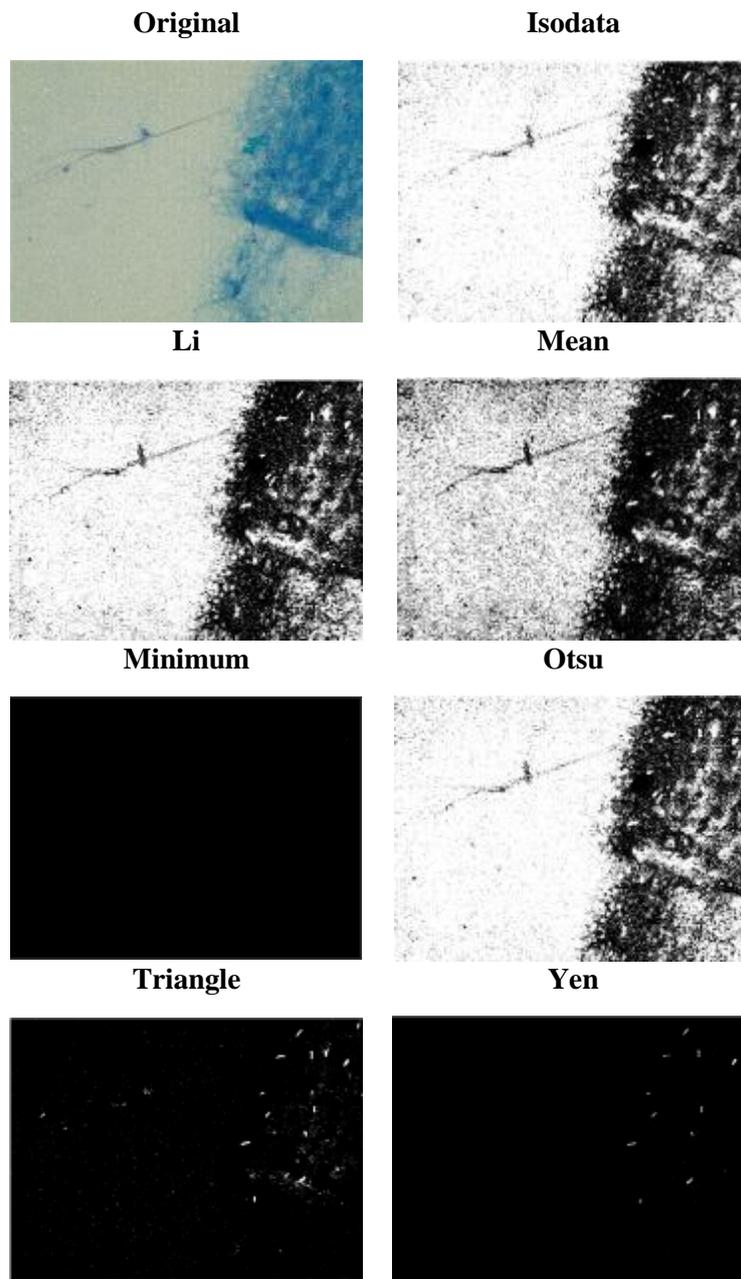
warna pada Lab, channel A lebih mendekati warna objek bakteri, maka perlu dilakukan pemisahan dari channel lainnya.



Gambar 4. Perbandingan citra pada ruang warna

Penggunaan channel *a* dari ruang warna CIE Lab terbukti efektif dalam meningkatkan visibilitas bakteri pada citra mikroskopis. Hasil konversi menunjukkan peningkatan kontras yang signifikan antara objek bakteri dan latar belakang, memungkinkan segmentasi yang lebih jelas dan presisi. Dibandingkan dengan ruang warna RGB, channel *a* memberikan distribusi intensitas yang lebih stabil dan dapat memisahkan bakteri dari noise warna yang mungkin ada di latar belakang. Penggunaan channel *a* juga membantu memperbaiki batas-batas bakteri yang sebelumnya sulit terdeteksi dalam ruang warna RGB. Hal ini memberikan kontribusi positif terhadap hasil segmentasi, terutama dalam meningkatkan nilai metrik akurasi, karena lebih banyak piksel bakteri yang teridentifikasi secara akurat.

Hasil citra keabuan dari ruang warna Lab dilakukan segmentasi menggunakan multi thresholding dapat dilihat pada Gambar 5.

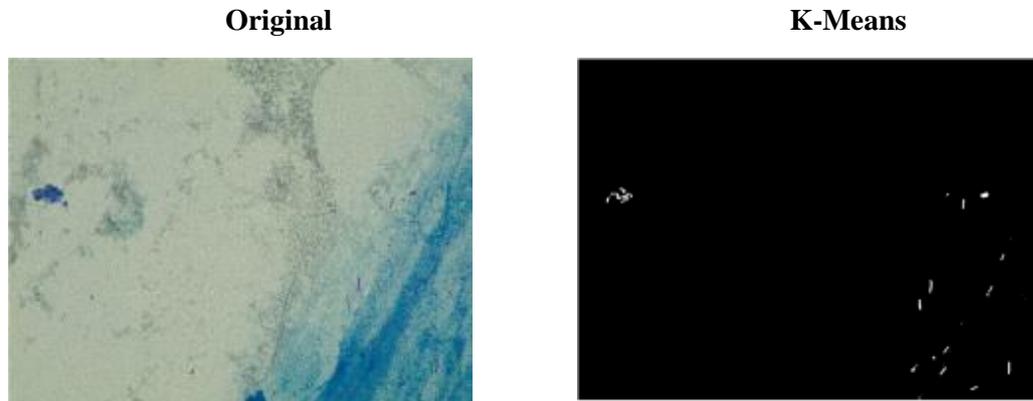


Gambar 5. Segmentasi Multi Thresholding

Yen thresholding berhasil menghasilkan segmen yang lebih terdefinisi pada citra mikroskopis bakteri. Dibandingkan dengan metode thresholding lainnya, seperti Otsu atau metode global lainnya, Yen thresholding mampu menghasilkan pemisahan yang lebih baik dalam situasi di mana distribusi intensitas objek tidak seragam. Yen thresholding merupakan pilihan yang ideal untuk menyempurnakan hasil segmentasi pada citra biologis yang kompleks, seperti citra bakteri. Ketika digunakan setelah multi-thresholding, metode ini memberikan hasil segmentasi yang lebih akurat dengan pemisahan yang lebih jelas antara objek dan latar belakang. Keunggulan dalam pengoptimalan entropi memungkinkan metode ini untuk menangani variasi intensitas yang tinggi, sehingga meningkatkan akurasi segmentasi dalam aplikasi analisis gambar mikroskopis. Penerapan metode multi-thresholding ini menunjukkan peningkatan akurasi dalam segmentasi bakteri dibandingkan metode thresholding tunggal. Dengan pendekatan ini, kami

dapat memisahkan bakteri dari latar belakang secara lebih konsisten, meskipun terdapat variasi pencahayaan dan intensitas pada citra.

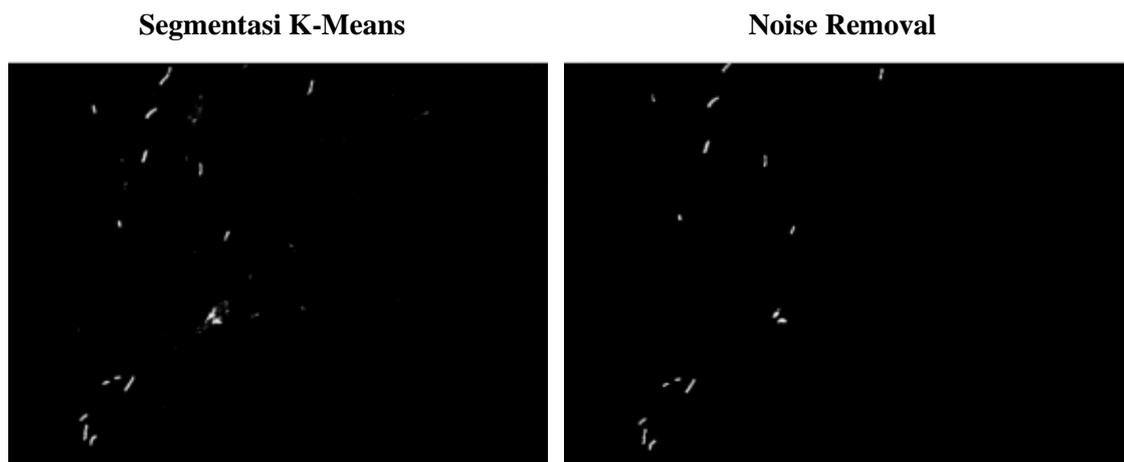
Bakteri yang telah tersegmentasi dilakukan segmentasi kembali dengan menggunakan K-Means, Dimana perbandingannya dapat dilihat pada Gambar 6.



Gambar 6. Segmentasi K-Means

Penerapan K-Means clustering setelah Yen thresholding memberikan peningkatan signifikan dalam segmentasi citra mikroskopis bakteri. Hasil dari K-Means mampu menyempurnakan area yang tersegmentasi dengan lebih baik, terutama pada bagian tepi objek bakteri yang cenderung kabur atau tidak jelas hanya dengan thresholding. Dengan cara ini, piksel-piksel yang memiliki karakteristik serupa dikelompokkan bersama, yang menghasilkan batas objek yang lebih presisi dan pengelompokan area bakteri yang lebih tepat.

Hasil dari proses segmentasi biasanya meninggalkan beberapa bercak kotoran pada area gambar, bercak tersebut tidak ikut terhapus pada proses segmentasi, maka dari itu diperlukan sebuah proses penghapusan noise yang dapat menghilangkan sisa kotoran kecil pada area gambar. Proses penghapusan hanya menghapus bercak kecil dan tidak menghapus area bakteri.



Gambar 7. Penghapusan Noise dari hasil Segmentasi

Hasil dari tahap noise removal menunjukkan peningkatan kualitas citra yang signifikan. Setelah penghapusan noise, citra menjadi lebih bersih dengan batas objek bakteri yang lebih jelas

dan terdefinisi. Noise yang sebelumnya ada pada hasil segmentasi K-Means berhasil dihilangkan, terutama area kecil yang tersebar di latar belakang, yang sering muncul sebagai artefak selama proses segmentasi.

Dengan demikian, noise removal membantu meningkatkan akurasi hasil segmentasi secara keseluruhan, terutama dalam metrik evaluasi seperti precision dan recall. Selain itu, penghapusan noise juga mengurangi kesalahan identifikasi objek yang disebabkan oleh artefak atau area kecil yang tidak relevan. Penghapusan noise setelah segmentasi dengan K-Means clustering merupakan langkah penting untuk meningkatkan kualitas dan akurasi hasil segmentasi citra mikroskopis bakteri. Melalui teknik filtrasi dan operasi morfologi, area kecil yang tidak diinginkan dapat dihilangkan, sehingga hasil segmentasi menjadi lebih bersih dan siap untuk analisis lanjutan. Penerapan noise removal terbukti efektif dalam mengurangi artefak dan meningkatkan presisi deteksi objek bakteri.

Dari total 66 citra setelah dilakukan evaluasi dengan pengukuran confusion matrix berdasarkan hasil ground truth didapatkan nilai akhir akurasi sebesar 99.57%, Precision 32.04%, Recall 77.92%, dan F1-Score 42.70%. Hasil evaluasi menunjukkan bahwa kombinasi antara Multi thresholding dan K-Means clustering meningkatkan akurasi segmentasi secara keseluruhan. Hasil yang didapatkan selanjutnya dilakukan perbandingan dengan penelitian sebelumnya yang ditampilkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Perbandingan dengan penelitian sebelumnya

Penulis	Dataset	Color Space	Model	Akurasi
Rijul Saurabh Soans, dkk. [2]	Ziehl-Neelsen Images	HSV	SVM + KNN	94.40
Waluyo Nugroho, dkk. [11]	Ziehl-Neelsen Images	Grayscale	CNN+KNN	92.50
Ainul Kamillah Mohd Yusoff, dkk. [12]	Ziehl-Neelsen Images	Grayscale	Otsu Thresholding	98.93
Metode Usulan	Ziehl-Neelsen Images	CIE Lab	Multi Thresholding + K-Means	99.57

Pada Tabel 1 menunjukkan hasil bahwa segmentasi citra Ziehl-Nelseen dengan menerapkan metode yang diusulkan memiliki akurasi yang tinggi sebesar 99.57 dibandingkan dengan penelitian sebelumnya. Segmentasi dengan menerapkan model Otsu Thresholding juga memberikan hasil akurasi yang tinggi sebesar 98.93, meskipun hanya melakukan konversi citra abu-abu pada ruang warna. Penerapan metode pengklasifikasi seperti KNN, CNN, dan SVM mendapatkan nilai akurasi dibawah 95%. Hal ini membuktikan bahwa pemrosesan citra dengan ruang warna yang tepat, pemilihan model thresholding dan algoritma yang diusulkan sangat mempengaruhi tingkat akurasi deteksi. Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan dapat disimpulkan bahwa metode yang diusulkan memberikan hasil akurasi yang baik dalam mendeteksi bakteri TB pada citra BTA.

4. KESIMPULAN DAN SARAN

Deteksi bakteri pada citra BTA dengan menggunakan kombinasi Multi Thresholding dan K-Means clustering kombinasi antara Multi thresholding dan K-Means clustering menawarkan solusi segmentasi yang lebih robust untuk analisis citra mikroskopis bakteri BTA. Dengan memanfaatkan kemampuan Multi thresholding dalam menentukan ambang batas optimal dan keunggulan K-Means clustering dalam mengelompokkan piksel berdasarkan kemiripan, pendekatan ini berhasil meningkatkan akurasi segmentasi. Hasil pengukuran mendapatkan akurasi sebesar 99.57%, namun untuk nilai recall secara keseluruhan masih di bawah 80%. Ke

depannya, penelitian ini dapat dikembangkan lebih lanjut dengan melakukan pengklasifikasian terhadap bakteri dan artefak, serta dapat melakukan penghitungan jumlah bakteri secara otomatis. Pendekatan dengan variasi metode lain juga dapat dilakukan untuk meningkatkan keakuratan hasil deteksi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didukung dan didanai dari Hibah Direktorat Riset, Teknologi, dan Pengabdian kepada Masyarakat (DRTPM) Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset, dan Teknologi (Ditjen Diktiristek) Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi (Kemendikbudristek) Program Penelitian Dosen Pemula (PDP) Afirmasi Tahun Anggaran 2024 dengan kontrak No. 113/E5/PG.02.00.PL/2024.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] A. Bhargava and M. Bhargava, "Tuberculosis deaths are predictable and preventable: Comprehensive assessment and clinical care is the key," *J. Clin. Tuberc. Other Mycobact. Dis.*, vol. 19, p. 100155, May 2020, doi: 10.1016/j.jctube.2020.100155.
- [2] R. S. Soans, A. G. Ramakrishnan, V. P. Shenoy, and R. R. Galigekere, "Classification of bacterial morphotypes from images of ZN-stained sputum-smears towards diagnosing drug-resistant TB," *2016 Int. Conf. Signal Process. Commun. SPCOM 2016*, pp. 0–4, 2016, doi: 10.1109/SPCOM.2016.7746682.
- [3] A. W. Kay *et al.*, "Xpert MTB/RIF Ultra assay for tuberculosis disease and rifampicin resistance in children," *Cochrane Database Syst. Rev.*, vol. 2022, no. 9, Sep. 2022, doi: 10.1002/14651858.CD013359.pub3.
- [4] D. Hopmeier, T. Lampejo, J. Rycroft, S. Tiberi, and M. Melzer, "The limitations of the Cepheid GeneXpert® Mtb/Rif assay for the diagnosis and management of polyresistant pulmonary tuberculosis," *Clin. Infect. Pract.*, vol. 7–8, p. 100038, Oct. 2020, doi: 10.1016/j.clinpr.2020.100038.
- [5] T. . Pathrikar, V. . Bansal, M. . Mulay, and H. . Ghogare, "Comparison of Ziehl-Neelsen Smear Microscopy and AFB Culture in a Resource Limited Setting from Various Clinical Samples," *Int. J. Heal. Sci. Res.*, vol. 10, no. 4, pp. 46–51, 2020, [Online]. Available: www.ijhsr.org
- [6] O. Hrizi *et al.*, "Tuberculosis Disease Diagnosis Based on an Optimized Machine Learning Model," *J. Healthc. Eng.*, vol. 2022, no. 1, pp. 1–13, Mar. 2022, doi: 10.1155/2022/8950243.
- [7] M. Zachariou *et al.*, "Automated Methods for Tuberculosis Detection/Diagnosis: A Literature Review," *BioMedInformatics 2023, Vol. 3, Pages 724-751*, vol. 3, no. 3, pp. 724–751, Sep. 2023, doi: 10.3390/BIOMEDINFORMATICS3030047.
- [8] M. Sirohi, M. Lall, S. Yenishetti, L. Panat, and A. Kumar, "Development of a Machine learning image segmentation-based algorithm for the determination of the adequacy of Gram-stained sputum smear images," *Med. J. Armed Forces India*, vol. 78, no. 3, pp. 339–344, Jul. 2022, doi: 10.1016/J.MJAFI.2021.09.012.
- [9] L. Horvath *et al.*, "Machine-assisted interpretation of auramine stains substantially increases through-put and sensitivity of microscopic tuberculosis diagnosis," *Tuberculosis (Edinb.)*, vol. 125, Dec. 2020, doi: 10.1016/J.TUBE.2020.101993.
- [10] K. S. Mithra and W. R. S. Emmanuel, "An efficient approach to sputum image segmentation using improved fuzzy local information C means clustering algorithm for tuberculosis diagnosis," in *2017 International Conference on Inventive Computing and Informatics (ICICI)*, IEEE, Nov. 2017, pp. 126–130. doi: 10.1109/ICICI.2017.8365321.
- [11] W. N. Waluyo, R. Rizal Isnanto, and Adian Fatchur Rochim, "Comparison of Mycobacterium Tuberculosis Image Detection Accuracy Using CNN and Combination

- CNN-KNN,” *J. RESTI (Rekayasa Sist. dan Teknol. Informasi)*, vol. 7, no. 1, pp. 80–87, 2023, doi: 10.29207/resti.v7i1.4626.
- [12] Ainul Kamilah Mohd Yusoff, Rafikha Aliana A Raof, Norfadila Mahrom, Siti Suraya Md Noor, Fazrul Faiz Zakaria, and Phak Len, “Enhancement and Segmentation of Ziehl Neelson Sputum Slide Images using Contrast Enhancement and Otsu Threshold Technique,” *Adv. Res. Appl. Sci. Eng. Technol.*, vol. 30, no. 1, pp. 282–289, Mar. 2023, doi: 10.37934/araset.30.1.282289.
- [13] C. Del Carpio *et al.*, “An algorithm for detection of tuberculosis bacilli in Ziehl-Neelsen sputum smear images,” *Int. J. Electr. Comput. Eng.*, vol. 9, no. 4, p. 2968, Aug. 2019, doi: 10.11591/ijece.v9i4.pp2968-2981.
- [14] A. Kurniawardhani, R. Kurniawan, I. Muhimmah, and S. Kusumadewi, “Study of Colour Model for Segmenting Mycobacterium Tuberculosis in Sputum Images,” *IOP Conf. Ser. Mater. Sci. Eng.*, vol. 325, no. 1, p. 012010, Mar. 2018, doi: 10.1088/1757-899X/325/1/012010.
- [15] J. L. Díaz-Huerta, A. C. Téllez-Anguiano, J. A. Gutiérrez-Gnecchi, S. Arellano-Calderón, and J. C. Olivares-Rojas, “Analysis and comparison of image processing and artificial intelligence algorithms to detect AFB in pulmonary tuberculosis images,” *Tuberculosis*, vol. 134, p. 102196, May 2022, doi: 10.1016/J.TUBE.2022.102196.
- [16] T. Azetsu and N. Suetake, “Chroma Enhancement in CIELAB Color Space Using a Lookup Table,” *Des. 2021, Vol. 5, Page 32*, vol. 5, no. 2, p. 32, May 2021, doi: 10.3390/DESIGNS5020032.
- [17] Y. Guo, Y. Wang, K. Meng, and Z. Zhu, “Otsu Multi-Threshold Image Segmentation Based on Adaptive Double-Mutation Differential Evolution,” *Biomimetics*, vol. 8, no. 5, Sep. 2023, doi: 10.3390/BIOMIMETICS8050418.
- [18] S. H. Hossen, K. Mukherjee, A. Dey, and S. Kundu, “Paddy Leaf Diseases Detection Using Otsu and Yen Thresholding with Deep Convolutional Neural Network,” *Internet Things-Based Mach. Learn. Healthc. Technol. Appl.*, pp. 126–146, Jan. 2024, doi: 10.1201/9781003391456-7/PADDY-LEAF-DISEASES-DETECTION-USING-OTSU-YEN-THRESHOLDING-DEEP-CONVOLUTIONAL-NEURAL-NETWORK-SK-HAPIJUL-HOSSEN-KUNTAL-MUKHERJEE-ARKAPRAVA-DEY-SUMANA-KUNDU.
- [19] A. M. Ikotun, A. E. Ezugwu, L. Abualigah, B. Abuhaija, and J. Heming, “K-means clustering algorithms: A comprehensive review, variants analysis, and advances in the era of big data,” *Inf. Sci. (Ny)*, vol. 622, pp. 178–210, Apr. 2023, doi: 10.1016/J.INS.2022.11.139.
- [20] Y. Zhao and X. Zhou, “K-means Clustering Algorithm and Its Improvement Research,” *J. Phys. Conf. Ser.*, vol. 1873, no. 1, p. 012074, Apr. 2021, doi: 10.1088/1742-6596/1873/1/012074.
- [21] K. M. Ting, “Confusion Matrix,” in *Encyclopedia of Machine Learning*, Boston, MA: Springer US, 2011, pp. 209–209. doi: 10.1007/978-0-387-30164-8_157.