

SURAT KETERANGAN BEBAS PLAGIARISME



Universitas Nusantara PGRI Kediri
UPT. PERPUSTAKAAN, PUBLIKASI DAN INOVASI
Alamat: Kampus 1, Jl. KH. Ahmad Dahlan No.76 Kota Kediri 64112
Telp. (0354) 771576, (0354) 771503, (0354) 771495, Fax. (0354) 771576
Website: <http://ppi.unpkediri.ac.id/> Email: perpustakaan@unpkediri.ac.id

SURAT KETERANGAN BEBAS SIMILARITY

Ketua UPT Perpustakaan, Publikasi dan Inovasi Universitas Nusantara PGRI Kediri menerangkan bahwa mahasiswa dengan identitas berikut:

Nama Mahasiswa : Ahmad Tohari
NPM : 2213030059
Program Studi : S1-Sistem Informasi

Judul Karya Ilmiah:

“IMPLEMENTASI AUGMENTASI DATA PADA MODEL INTEGRASI YOLOV8 DAN DETR UNTUK DETEKSI
LIMA JENIS SEL DARAH PUTIH”

Dinyatakan sudah memenuhi syarat batas maksimal 30% *similarity* sesuai dengan ketentuan yang berlaku pada setiap subbab naskah Laporan **Tugas Akhir/Skripsi/Tesis** yang disusun.

Demikian Surat Keterangan ini kami berikan untuk dapat dipergunakan seperlunya.



Kediri, 02 Juni 2026
Ka UPT PPI,



Dr. Abdul Aziz Hunaifi, M.A

KARTU BIMBINGAN TA/SKRIPSI/TESIS



Nama : Ahmad Tohari
NPM : 2213030059
Prodi : Sistem Informasi
Semester : GNP
Thn Akademik : 25/26

No.	Sem/TA	Tanggal	Dosen Pembimbing	Materi	Catatan
1	GNP 25/26	08 April 2026	ARIE NUGROHO	Lainnya	hasil percobaan training.
2	GNP 25/26	15 April 2026	ARIE NUGROHO	Lainnya	percobaan hasil training.
3	GNP 25/26	22 April 2026	ARIE NUGROHO	Lainnya	hasil training final.
4	GNP 25/26	29 April 2026	ARIE NUGROHO	BAB IV	.
5	GNP 25/26	18 Mei 2026	ARIE NUGROHO	BAB IV	.
6	GNP 25/26	28 April 2026	ANITA SARI WARDANI	BAB III	.
7	GNP 25/26	05 Mei 2026	ANITA SARI WARDANI	BAB IV	.
8	GNP 25/26	12 Mei 2026	ANITA SARI WARDANI	Publikasi	.
9	GNP 25/26	19 Mei 2026	ANITA SARI WARDANI	Publikasi	.
10	GNP 25/26	26 Mei 2026	ANITA SARI WARDANI	Daftar Pustaka	.
11	GNP 25/26	02 Juni 2026	ANITA SARI WARDANI	Publikasi	.
12	GNP 25/26	06 Mei 2026	ARIE NUGROHO	Publikasi	.
13	GNP 25/26	13 Mei 2026	ARIE NUGROHO	Publikasi	.
14	GNP 25/26	02 Juni 2026	ANITA SARI WARDANI	Publikasi	.
15	GNP 25/26	03 Juni 2026	ARIE NUGROHO	Publikasi	.
16	GNP 25/26	05 Juni 2026	ANITA SARI WARDANI	Publikasi	.

Kaprodi Sistem Informasi

Dosen Pembimbing Akademik

Dosen Pembimbing Utama

☑ Valid

☑ Valid

☑ Valid

(Dr. SUCIPTO, S.Kom, M.Kom)

(DWI HARINI, S.Si., M.M)

(ARIE NUGROHO, S.Kom, M.M, M.Kom)



Universitas Nusantara PGRI Kediri

Status *Terakreditasi Baik Sekali*

SK BAN-PT No.671/SK/BAN-PT/Akred/PT/VII/2021 Tanggal 21 Juli 2021

Lembaga Penelitian Dan Pengabdian Pada Masyarakat (LPPM)

Kampus I Jl. K.H. Achmad Dahlan 76 Kediri 64112 Telp.(0354)771576,771503 Kediri

Website: <https://lp2m.unpkediri.ac.id> email: lemlit@unpkediri.ac.id

BERITA ACARA UJIAN SKRIPSI

Pada hari ini Kamis tanggal 25 Juni 2026 bertempat di Ruang UJIAN M4 Universitas Nusantara PGRI Kediri, telah dilaksanakan Ujian Skripsi Mahasiswa Universitas Nusantara PGRI Kediri :



Nama : Ahmad Tohari
NPM : 2213030059
Prodi : S1-Sistem Informasi
Semester/Tahun Akademik : Genap, 25/26
Judul : IMPLEMENTASI AUGMENTASI DATA PADA MODEL INTEGRASI YOLOV8 DAN DETR UNTUK DETEKSI LIMA JENIS SEL DARAH PUTIH
Dengan Hasil : Revisi Naskah
Nilai : 93 (A)

Ketua Penguji

☑ Valid

Penguji 1

☑ Valid

Penguji 2

☑ Valid

(ARIE NUGROHO, S.Kom, M.M, M.Kom)

(DWI HARINI, S.Si., M.M)

(ANITA SARI WARDANI, S.Kom, M.Kom)

nb:

- Input Nilai dilakukan oleh Ketua Penguji, Penguji 1, dan Penguji ke-n melalui siakad
- Nilai Final berasal dari gabungan seluruh dosen penguji
- Daftar Dosen yang telah mengisi nilai: DWI HARINI, ARIE NUGROHO, ANITA SARI WARDANI
- Pastikan semua penguji telah melakukan input nilai



Universitas Nusantara PGRI Kediri

Status Terakreditasi Baik Sekali

SK BAN-PT No.671/SK/BAN-PT/Akred/PT/VII/2021 Tanggal 21 Juli 2021

Lembaga Penelitian Dan Pengabdian Pada Masyarakat (LPPM)

Kampus I Jl. K.H. Achmad Dahlan 76 Kediri 64112 Telp.(0354)771576,771503 Kediri

Website: <https://lp2m.unpkediri.ac.id> email: lemlit@unpkediri.ac.id

LEMBAR REVISI UJIAN SKRIPSI



Nama : Ahmad Tohari
NPM : 2213030059
Prodi : S1-Sistem Informasi
Semester/Tahun : Genap, 25/26
Akademik
Hari/Tanggal : Kamis / 25 Juni 2026
Ujian
Judul : IMPLEMENTASI AUGMENTASI DATA PADA MODEL INTEGRASI YOLOV8
DAN DETR UNTUK DETEKSI LIMA JENIS SEL DARAH PUTIH
Dengan Hasil : Revisi Naskah
Nilai : 93 (A)

Catatan Revisi:

- referensi augmentasi pada latar belakang - gambar dirujuk dan dijelaskan, -, Revisi: Kesimpulan

Ketua Penguji

(ARIE NUGROHO, S.Kom, M.M, M.Kom)

Penguji 1

(DWI HARINI, S.Si., M.M)

Penguji 2

(ANITA SARI WARDANI, S.Kom, M.Kom)

nb:

- Tanda Tangan revisi (Ketua Penguji, Penguji 1, dan Penguji ke-n) dilakukan secara manual
- Nilai berasal dari gabungan dari seluruh dosen penguji
- Daftar Dosen yang telah mengisi nilai: DWI HARINI, ARIE NUGROHO, ANITA SARI WARDANI

Turnitin LLCC

ahmad tohari_2213030059.docx

 SI-04

Document Details

Submission ID

trn:oid::2945:390585814

Submission Date

Jun 2, 2026, 11:00 AM GMT+7

Download Date

Jun 2, 2026, 11:02 AM GMT+7

File Name

ahmad tohari_2213030059.docx.pdf

File Size

2.4 MB

37 Pages

8,787 Words

58,043 Characters

8% Overall Similarity

The combined total of all matches, including overlapping sources, for each database.

Filtered from the Report

- Bibliography

Top Sources

- 5%  Internet sources
- 3%  Publications
- 7%  Submitted works (Student Papers)

Integrity Flags

0 Integrity Flags for Review

Our system's algorithms look deeply at a document for any inconsistencies that would set it apart from a normal submission. If we notice something strange, we flag it for you to review.

A Flag is not necessarily an indicator of a problem. However, we'd recommend you focus your attention there for further review.

Top Sources

- 5% Internet sources
- 3% Publications
- 7% Submitted works (Student Papers)

Top Sources

The sources with the highest number of matches within the submission. Overlapping sources will not be displayed.

1	Internet	jifosi.upnjatim.ac.id	<1%
2	Internet	pdfcoffee.com	<1%
3	Internet	journal.ugm.ac.id	<1%
4	Publication	Muhammad Khatama Insani, Dwi Budi Santoso. "Perbandingan Kinerja Model Pre...	<1%
5	Internet	core.ac.uk	<1%
6	Student papers	Telkom University on 2026-01-22	<1%
7	Internet	eprints.poltektegal.ac.id	<1%
8	Internet	jurnal.unidha.ac.id	<1%
9	Internet	repository.uph.edu	<1%
10	Internet	ejournal.catursakti.ac.id	<1%
11	Student papers	Universitas Muhammadiyah Sukabumi on 2026-01-13	<1%

12	Student papers	Universitas Negeri Manado on 2025-05-04	<1%
13	Internet	dspace.uui.ac.id	<1%
14	Student papers	Universitas Dian Nuswantoro on 2026-01-09	<1%
15	Student papers	UPN Veteran Yogyakarta on 2026-04-22	<1%
16	Internet	journal.untar.ac.id	<1%
17	Internet	kc.umh.ac.id	<1%
18	Internet	prima.uinbanten.ac.id	<1%
19	Internet	repository.radenintan.ac.id	<1%
20	Internet	digilib.uin-suka.ac.id	<1%
21	Internet	naratif.utb-univ.ac.id	<1%
22	Internet	prosiding.unirow.ac.id	<1%
23	Internet	www.infolabmed.com	<1%
24	Internet	repository.iainpare.ac.id	<1%
25	Internet	research.pps.dinus.ac.id	<1%

26	Internet	www.infopasien.com	<1%
27	Student papers	Perpustakaan on 2025-08-06	<1%
28	Publication	Riko Angga Bayu Kusuma -, Bambang Irawan -, Abdul Khamid -. "KLASIFIKASI PEN...	<1%
29	Student papers	UPN Veteran Yogyakarta on 2025-10-01	<1%
30	Student papers	Universitas Islam Riau on 2026-04-02	<1%
31	Internet	es.scribd.com	<1%
32	Internet	journal.ubaya.ac.id	<1%
33	Internet	repository.poltekkes-denpasar.ac.id	<1%
34	Internet	voi.id	<1%
35	Internet	123dok.com	<1%
36	Student papers	UIN Sultan Syarif Kasim Riau on 2021-02-03	<1%
37	Student papers	UPN Veteran Yogyakarta on 2026-01-05	<1%
38	Student papers	Universitas Bengkulu on 2025-08-28	<1%
39	Publication	Yollandaru Yoga Santika, Rianto Rianto, EIH Ujiyanto. "Studi Komprehensif Keama...	<1%

40	Internet	id.scribd.com	<1%
41	Internet	repository.itpln.ac.id	<1%
42	Internet	repository.usd.ac.id	<1%
43	Publication	Aldo Yael Hernández Flores, Jorge Alonso Vasquez Trujillo, Daniel Sánchez-Ruiz, Je...	<1%
44	Student papers	STT PLN on 2021-08-03	<1%
45	Student papers	STT PLN on 2025-02-07	<1%
46	Student papers	Swinburne University of Technology on 2023-07-21	<1%
47	Student papers	UNIVERSITAS BUDI LUHUR on 2025-08-19	<1%
48	Student papers	UPN Veteran Yogyakarta on 2026-05-04	<1%
49	Student papers	Universitas Komputer Indonesia on 2025-10-23	<1%
50	Student papers	Universitas Muhammadiyah Makassar on 2026-05-11	<1%
51	Student papers	Universitas Pamulang on 2025-07-12	<1%
52	Student papers	Universitas Pelita Harapan on 2025-01-22	<1%
53	Internet	www.ijraset.com	<1%

54	Internet	www.scribd.com	<1%
55	Internet	wwwsabricqutubyahoo.blogspot.com	<1%
56	Internet	zhuanzhi.ai	<1%
57	Student papers	Universitas Pamulang on 2026-05-04	<1%
58	Publication	Lina, Michelle Augustine, Oktaviana, Arlends Chris. "Pendeteksian Leukosit Secar...	<1%
59	Publication	Setiawan, Tepu Beni. "Value Co-Creation Sebagai Mediator Dalam Hubungan Ant...	<1%
60	Student papers	Surabaya University on 2023-01-16	<1%
61	Student papers	UIN Raden Intan Lampung on 2026-05-11	<1%
62	Student papers	UIN Sultan Syarif Kasim Riau on 2021-02-23	<1%
63	Student papers	UIN Sunan Ampel Surabaya on 2026-01-26	<1%
64	Student papers	UNIVERSITAS BUDI LUHUR on 2025-07-24	<1%

2

BAB I PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Darah merupakan komponen vital dalam tubuh manusia yang berfungsi sebagai media transportasi oksigen, nutrisi, serta hormon ke seluruh jaringan tubuh, sekaligus berperan penting dalam mekanisme pertahanan imun. Salah satu jenis sel darah yang memiliki peran paling strategis adalah sel darah putih (*white blood cell* atau WBC), yang secara medis dikenal sebagai leukosit. Leukosit bertindak sebagai garda terdepan sistem pertahanan tubuh dalam mengidentifikasi dan mengeliminasi mikroorganisme patogen, sel tumor, serta zat asing berbahaya (Reynaldo and Lina 2019). Mengingat fungsinya yang krusial, pemantauan terhadap profil leukosit menjadi standar emas dalam prosedur klinis untuk mendeteksi berbagai kondisi patologi sistemik.

Secara morfologis, leukosit terbagi menjadi lima jenis utama, yaitu basofil, eosinofil, limfosit, neutrofil, dan monosit, di mana masing-masing memiliki fungsi spesifik dalam merespons ancaman biologis yang berbeda. Tahapan diagnostik yang melibatkan identifikasi dan penghitungan jumlah dari tiap jenis sel ini, atau yang dikenal sebagai white blood cell differential count, merupakan prosedur esensial dalam praktik medis (Indrawanti and Mandyartha 2018). Akurasi dalam penghitungan ini menjadi faktor penentu utama dalam diagnosis penyakit berat, seperti leukemia, infeksi akut, hingga gangguan autoimun, sehingga diperlukan metode analisis yang tidak hanya cepat namun juga memiliki presisi tinggi tanpa toleransi kesalahan yang signifikan.

Meskipun urgensi deteksi yang akurat telah diakui secara luas, praktik identifikasi sel darah putih di laboratorium medis saat ini masih didominasi oleh metode konvensional melalui analisis mikroskopis manual oleh ahli patologi. Metode ini menciptakan kesenjangan (gap) yang lebar antara harapan klinis akan diagnosis yang cepat dengan realitas di lapangan yang seringkali terkendala oleh subjektivitas manusia. Proses manual membutuhkan waktu analisis yang lama dan sangat rentan terhadap human error, terutama akibat kelelahan mata (eye fatigue) dan penurunan konsentrasi saat menangani sampel dalam jumlah besar (Nugraha and Erfianto 2023). Ketidakakuratan dalam identifikasi jenis sel ini secara langsung berisiko

menyebabkan keterlambatan penanganan medis yang tepat, yang pada akhirnya dapat memperburuk prognosis pasien.

Transformasi digital di sektor kesehatan menuntut adanya solusi otomatis yang mampu melakukan analisis citra digital sel darah secara objektif dan efisien. Di tengah keterbatasan metode manual, kehadiran teknologi Artificial Intelligence (AI) menawarkan paradigma baru dalam efisiensi laboratorium. Pengembangan sistem deteksi otomatis berbasis komputer tidak hanya bertujuan untuk mempercepat proses administratif, tetapi juga untuk memberikan standar akurasi yang konsisten, yang sulit dicapai melalui pengamatan manusia secara berkelanjutan (Indarto and Murinto 2017). Urgensi ini menjadi semakin mendesak seiring dengan meningkatnya beban kerja di fasilitas kesehatan yang memerlukan alat bantu diagnostik yang andal dan terstandardisasi serta terintegrasi dengan sistem informasi laboratorium secara komprehensif (Wardani, Sucipto, and Permatasari 2023).

Penerapan teknologi computer vision dalam klasifikasi sel darah merupakan langkah strategis untuk meminimalisir kesalahan subjektif dalam diagnosis medis. Dengan memanfaatkan algoritma cerdas, sistem dapat mengenali pola mikroskopis sel yang sangat detail, bahkan pada variasi bentuk yang sulit dibedakan oleh mata telanjang. Automasi ini diharapkan dapat menjadi asisten digital bagi para tenaga medis, yang memungkinkan proses skrining awal dilakukan secara masif dan akurat, sehingga ahli patologi dapat lebih fokus pada analisis kasus-kasus yang lebih kompleks (Prasetyo, Purbowati, and Adhi 2022). Oleh karena itu, riset mengenai optimalisasi model deteksi objek pada sel darah putih menjadi bidang yang sangat krusial dikembangkan saat ini.

Dalam tinjauan studi terdahulu, penggunaan model deteksi objek satu tahap seperti You Only Look Once (YOLO) telah menunjukkan efektivitas dalam kecepatan deteksi objek secara real-time pada berbagai skenario implementasi (Andriyanto and Nugroho 2022). Namun, penelitian yang dilakukan oleh (Nugraha and Erfianto 2023) menunjukkan bahwa model tradisional seperti YOLO seringkali mengalami kesulitan saat menangani citra dengan fitur visual yang kompleks, terutama ketika objek sel berada dalam kondisi tumpang tindih (overlapping) atau berdekatan satu sama lain. Keterbatasan ini menyebabkan penurunan nilai Recall dan Precision, yang pada akhirnya menurunkan tingkat kepercayaan klinis terhadap sistem otomatis tersebut.

Selain keterbatasan arsitektur, isu ketidakseimbangan data (data imbalance) juga menjadi kendala utama dalam riset-riset sebelumnya. Banyak peneliti terdahulu hanya menggunakan subset dataset yang terbatas, seperti penggunaan hanya 106 citra meskipun sumber dataset publik di Kaggle menyediakan ribuan data potensial (Kurnia, Fatiyah, and Efendi 2021). Penggunaan dataset yang terlalu sedikit, terutama pada kelas minoritas seperti Basofil dan Limfosit, menyebabkan model cenderung mengalami bias dan gagal mengenali fitur sel minoritas dengan akurat. Hal ini menciptakan research gap yang signifikan mengenai bagaimana mengoptimalkan distribusi data sebelum proses pelatihan model dilakukan guna menghindari ketimpangan ekstraksi fitur antar kelas (Nugroho, Anggi Pramunendar, and Syukur 2024).

Untuk mengatasi kesenjangan teknis tersebut, integrasi arsitektur YOLOv8 dengan Detection Transformer (DETR) muncul sebagai solusi mutakhir. Berbeda dengan model CNN konvensional, arsitektur transformer yang diusung oleh DETR memungkinkan pemetaan global terhadap seluruh bagian gambar, sehingga konteks spasial antar objek dapat dipahami dengan lebih baik (Nicolas et al. 2020). Keunggulan ini sangat relevan untuk memecahkan masalah objek tumpang tindih pada preparat darah yang memiliki tingkat kepadatan tinggi (Santoso, Wijaya, and Setiawan 2022). Namun, implementasi integrasi model yang kuat juga memerlukan strategi augmentasi data yang tepat untuk memastikan model memiliki variasi data latih yang cukup dan representatif terhadap kondisi riil di laboratorium.

Penegasan mengenai pentingnya penelitian ini didasarkan pada kebutuhan akan sistem deteksi yang tidak hanya unggul secara arsitektur, tetapi juga tangguh karena didukung oleh dataset yang seimbang. Melalui implementasi augmentasi data dan teknik oversampling pada sisa dataset Kaggle yang belum dimanfaatkan secara optimal oleh peneliti terdahulu, penelitian ini berupaya mengisi kekosongan metodologi dalam penanganan kelas minoritas sel darah putih. Integrasi model YOLOv8 dan DETR diharapkan dapat menciptakan sinergi antara kecepatan ekstraksi fitur dan ketepatan pelabelan konteks global, yang secara langsung akan berdampak pada peningkatan metrik F1-Score dan akurasi klasifikasi.

Berdasarkan seluruh uraian mengenai urgensi klinis, keterbatasan metode manual, serta peluang peningkatan teknis melalui integrasi deep learning, maka penelitian ini

difokuskan pada upaya optimalisasi deteksi melalui persiapan data yang lebih baik dan arsitektur yang lebih cerdas. Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi signifikan bagi pengembangan teknologi kesehatan di Indonesia dalam mendukung percepatan diagnostik laboratorium. Atas dasar tersebut, penelitian ini dilaksanakan dengan judul: “Implementasi Augmentasi Data Pada Model Integrasi YOLOv8 Dan DETR Untuk Deteksi Lima Jenis Sel Darah Putih”.

B. Batasan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan, maka batasan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Penelitian ini berfokus pada tugas *object detection* (deteksi objek), bukan *image classification* (klasifikasi gambar) atau segmentasi. Objek yang dideteksi adalah sel darah putih (*white blood cell/WBC*).
2. Jenis sel darah putih yang menjadi objek penelitian dan diuji dalam *dataset* ini adalah lima jenis utama: Basofil, Limfosit, Eosinofil, Neutrofil, dan Monosit.
3. Model yang diuji dan dibandingkan adalah YOLOv8 dan DETR (*Detection Transformer*). Penelitian ini spesifik pada integrasi keduanya, di mana YOLOv8 digunakan dalam proses *Generate* dan DETR digunakan untuk pelatihan model akhir dengan tujuan meningkatkan akurasi hasil deteksi dari YOLOv8.
4. Data yang digunakan adalah gambar digital sel darah putih yang diambil dari *Kaggle*.

C. Rumusan Masalah

Berdasarkan identifikasi masalah dan batasan penelitian, rumusan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Seberapa efektif implementasi integrasi arsitektur YOLOv8 dengan DETR dalam mengatasi keterbatasan deteksi objek YOLOv8 (khususnya pada objek tumpang tindih) untuk meningkatkan akurasi kelima jenis sel darah putih?
2. Bagaimana perbandingan persentase hasil deteksi antara model YOLOv8 dengan model integrasi DETR untuk menentukan besarnya peningkatan kinerja deteksi pada lima jenis sel darah putih?

D. Tujuan Penelitian

Penelitian ini dilakukan dengan tujuan utama untuk:

1. Menganalisis dan mengimplementasikan integrasi arsitektur YOLOv8 dengan DETR untuk mengatasi keterbatasan deteksi objek tradisional (YOLOv8) dalam menangani masalah objek sel darah putih yang tumpang tindih (*multiple objects*), sehingga menghasilkan model deteksi yang lebih stabil dan memiliki akurasi yang lebih tinggi.
2. Mengukur dan membandingkan nilai kinerja antara model deteksi objek YOLOv8 tanpa DETR dengan model DETR untuk memverifikasi dan menentukan sejauh mana peningkatan rata-rata hasil deteksi yang dicapai melalui integrasi kedua arsitektur tersebut.

E. Manfaat Penelitian

Hasil temuan dari penelitian deteksi jenis sel darah putih menggunakan integrasi YOLOv8 dan DETR ini diharapkan dapat memberikan manfaat yang signifikan bagi pengembangan ilmu pengetahuan dan aplikasi praktis di bidang kesehatan dan teknologi.

Hasil penelitian ini diharapkan memberikan manfaat sebagai berikut:

1. Memberikan kontribusi teoretis dalam pengembangan model *object detection* dengan menguji dan membandingkan kinerja model *Deep Learning* berbasis *Convolutional Neural Network* (YOLOv8) dan *Transformer* (DETR) pada bidang biomedis.
2. Menjadi referensi bagi penelitian lanjutan terkait penerapan integrasi arsitektur *Deep Learning* untuk peningkatan akurasi deteksi dan identifikasi objek berukuran kecil dan tumpang tindih, seperti sel darah.
3. Membantu ahli patologi dan teknisi laboratorium dalam melakukan hitung jenis sel darah putih (*white blood cell differential count*) secara otomatis, lebih cepat, dan dengan potensi human error yang lebih minimal melalui penerapan kerangka kerja yang terstandardisasi secara sistematis (Hidayat and Wijaya 2021).
4. Menyediakan solusi teknologi yang dapat meningkatkan efisiensi dan akurasi proses diagnosis penyakit yang indikasi utamanya didasarkan pada morfologi dan jumlah sel darah putih (Basofil, Limfosit, Eosinofil, Neutrofil, Monosit).

BAB II KAJIAN PUSTAKA

A. Kajian Teori

1. Sel darah putih

Sel darah putih (*White Blood Cell/WBC*), atau leukosit, merupakan komponen darah yang berfungsi utama dalam sistem pertahanan tubuh dan respons imun, melawan zat asing berbahaya, sel tumor, dan bakteri penyebab infeksi (Nugraha and Erfianto 2023). Penghitungan jenis sel darah putih (*differential count*) adalah prosedur diagnostik esensial. Leukosit diklasifikasikan menjadi dua kategori besar, yaitu granulosit dan agranulosit, yang kemudian dikerucutkan menjadi lima jenis utama:

- a. Neutrofil: Merupakan leukosit yang paling banyak jumlahnya dan berfungsi sebagai garis pertahanan terdepan, melawan dan membunuh kuman atau infeksi (Ak et al. 2018).
- b. Limfosit: Memiliki nukleus bulat dan berperan penting dalam imunitas adaptif, terbagi menjadi sel T dan sel B. Deteksi limfosit menjadi sangat krusial karena dapat menandai kondisi seperti leukemia (Sri Indrawanti and Prakarsa Mandyartha 2018).
- c. Monosit: Merupakan leukosit dengan ukuran paling besar, berinti padat seperti ginjal atau biji kacang, yang berfungsi membersihkan sel mati dan berperan dalam respons imun jangka Panjang (Reynaldo and Lina 2019).
- d. Eosinofil: Berfungsi melawan parasit dan berperan dalam reaksi alergi.
- e. Basofil: Jenis leukosit yang jumlahnya paling sedikit dan berperan dalam melepaskan histamin yang memicu reaksi alergi.

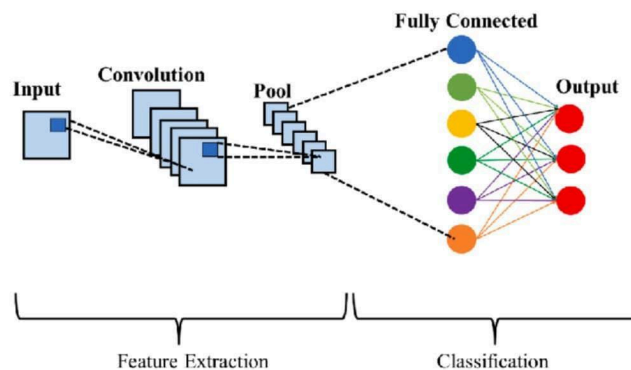
2. Computer Vision dan Object Detection

Computer Vision adalah bidang ilmu yang mengajarkan komputer untuk mendapatkan pemahaman tingkat tinggi dari citra digital atau video. Tujuan utamanya adalah mereplikasi kemampuan sistem visual manusia dalam memahami lingkungan. *Computer Vision* merupakan kombinasi antara pengolahan citra (*image processing*) dan pengenalan pola (*pattern recognition*) (Rajeshwari et al. 2019).

Object Detection adalah sub-bidang dari *Computer Vision* yang bertujuan untuk menentukan keberadaan suatu objek, ruang lingkungannya, serta lokasi (*bounding box*) objek tersebut pada sebuah citra digital (Rajeshwari et al. 2019). Dalam konteks medis, *object detection* digunakan untuk secara otomatis mengidentifikasi dan melokalisasi sel darah putih dan nukleusnya dari komponen darah lainnya (Sri Indrawanti and Prakarsa Mandyartha 2018).

3. Convolutional Neural Network (CNN)

Convolutional Neural Network (CNN) adalah salah satu metode *deep learning* yang paling umum digunakan dalam pengolahan dan analisis citra. CNN dirancang khusus untuk menangani data yang memiliki struktur spasial dua dimensi, seperti gambar (Adriyanto et al. 2022). Arsitektur dasar CNN terdiri dari dua bagian utama: pembelajaran fitur dan klasifikasi (Nugroho, Soeleman, et al. 2024). Dalam pembelajaran fitur, CNN menggunakan lapisan Konvolusi (untuk mengekstrak fitur), Aktivasi (misalnya ReLU), dan Pooling (untuk mereduksi dimensi), yang secara hierarkis mengambil representasi visual yang semakin kompleks dari gambar masukan (Rochman and Junaedi 2020). Model deteksi objek seperti YOLO dibangun di atas arsitektur dasar CNN.



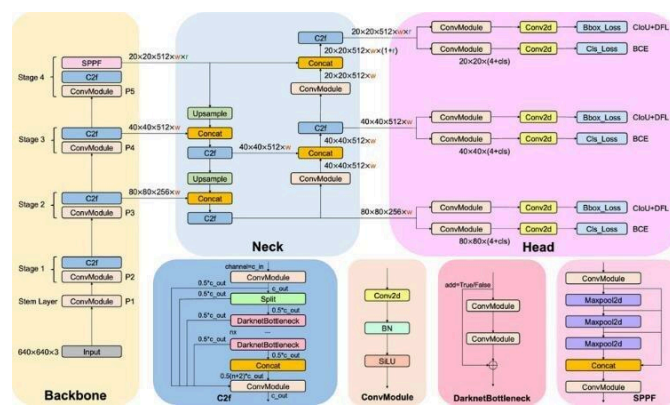
Gambar 2. 1 Arsitektur CNN

4. Arsitektur YOLOv8 (*You Only Look Once*)

YOLO (*You Only Look Once*) adalah algoritma *deep learning* yang memanfaatkan CNN dalam mendeteksi objek secara *real-time*. YOLO dikenal sebagai detektor objek satu tahap (*single-stage detector*) karena menerapkan sebuah jaringan saraf tunggal pada keseluruhan citra untuk memprediksi kotak

pembatas (*bounding box*) dan probabilitas kelas secara simultan. Hal ini membuat YOLO unggul dalam kecepatan inferensi (Park and Jun 2022).

YOLOv8, sebagai versi terbaru dari keluarga YOLO, terus meningkatkan kecepatan dan akurasi, seringkali dengan mengintegrasikan mekanisme *attention* yang terinspirasi dari *transformer*. Model ini digunakan dalam penelitian ini sebagai proses *Generate* yang menghasilkan anotasi dan *dataset* berformat COCO untuk pelatihan model akhir (Nugraha and Erfianto 2023), serta telah teruji memiliki keandalan yang tinggi dalam melakukan klasifikasi sel darah putih pada citra mikroskopis (Pratama and Wibowo 2023).



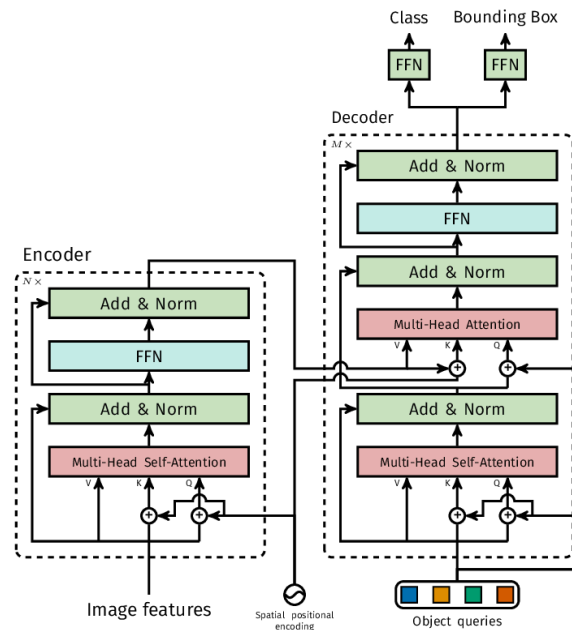
Gambar 2. 2 Arsitektur YOLOv8

5. Detection Transformer (DETR).

DETR (*Detection Transformer*) merupakan terobosan dalam *object detection* karena menjadi kerangka kerja *end-to-end* pertama yang mengadopsi arsitektur Transformer (Mirip dengan yang digunakan pada pemrosesan bahasa alami). Berbeda dari YOLO atau Faster R-CNN, DETR tidak memerlukan *anchor boxes* atau proses *Non-Maximum Suppression* (NMS) yang rumit.

Keunggulan utama DETR adalah penggunaan mekanisme *self-attention* dan *encoder-decoder transformer* yang memungkinkan model untuk menangkap konteks global dalam citra. Kemampuan ini menjadikan DETR lebih andal dalam memahami hubungan spasial antar objek, serta secara efektif mengatasi objek-objek yang saling tumpang tindih (*multiple object*) atau berada dalam latar belakang yang kompleks, yang merupakan kelemahan YOLO tradisional (Nugraha and Erfianto 2023). Perbedaan karakteristik fundamental ini mempertegas pentingnya membandingkan efisiensi antara mekanisme

self-attention dengan *local receptive field* tradisional pada rumpun CNN dalam pemrosesan citra medis (Mahendra, Saputra, and Kusuma 2024).



Gambar 2. 3 Arsitektur DETR

B. Kajian Penelitian Terdahulu

Penelitian oleh (Nugraha and Erfianto 2023) berjudul “WHITE BLOOD CELL DETECTION USING YOLOV8 INTEGRATION WITH DETR TO IMPROVE ACCURACY” menggunakan metode integrasi algoritma YOLOv8 dan DETR dengan total dataset sebanyak 106 citra. Hasil pengujian dari penelitian tersebut menunjukkan performa yang bervariasi pada lima jenis sel darah putih, yaitu Basofil (Precision 60,9%, Recall 77,5%, F1-Score 68,2%), Limfosit (Precision 87,4%, Recall 33,3%, F1-Score 48,22%), Neutrofil (Precision 84,4%, Recall 93,2%, F1-Score 90,73%), Eosinofil (Precision 91,5%, Recall 87,5%, F1-Score 89,45%), dan Monosit (Precision 92%, Recall 97,5%, F1-Score 94,67%). Penelitian ini relevan sebagai rujukan utama, namun menyisakan celah penelitian (*research gap*) karena nilai *precision* dan *F1-score* pada sel Basofil, serta nilai *recall* pada sel Limfosit masih tergolong rendah, yang selanjutnya menjadi fokus perbaikan pada penelitian ini.

Penelitian oleh (Renatasiva, Benarkah, and Naufal 2024) berjudul “YOLOv5 untuk Menghitung Sel Darah Merah dan Sel Darah Putih” menggunakan metode arsitektur YOLOv5s dan YOLOv5x dengan total dataset yang cukup besar, yaitu 4.888 citra. Hasil pengujian pada resolusi 416x416 piksel menunjukkan bahwa model YOLOv5s

mencapai nilai mAP50 sebesar 91,7% dan mAP50-95 sebesar 63,8%, sedangkan model YOLOv5x menghasilkan mAP50 sebesar 91,8% dan mAP50-95 sebesar 58,5%. Penelitian ini relevan sebagai rujukan terkait penggunaan algoritma deteksi objek untuk sel darah, namun menyisakan celah penelitian (*research gap*) karena nilai mAP50-95 yang dihasilkan masih tergolong moderat (di bawah 65%). Selain itu, penelitian tersebut sebatas menghitung jumlah sel darah merah dan putih secara umum tanpa melakukan klasifikasi pada jenis-jenis sel darah putih, di mana klasifikasi spesifik pada kelima jenis sel darah putih tersebut merupakan fokus utama yang akan diselesaikan pada penelitian ini.

Penelitian oleh (Lina 2022) yang berjudul “Pendeteksian Sel Darah Putih dari Citra Preparat Tanpa Pewarnaan dengan Faster R-CNN” menggunakan metode Faster R-CNN dengan memanfaatkan dataset sebanyak 479 citra. Hasil pengujian menunjukkan bahwa model tersebut mencapai tingkat akurasi sebesar 81,08%, presisi 98,36%, *recall* 82,19%, dan F1-Score sebesar 89,55%. Penelitian ini relevan sebagai rujukan karena membahas deteksi sel darah putih, namun menyisakan celah penelitian (*research gap*) mengingat nilai akurasi (81,08%) dan *recall* (82,19%) yang dihasilkan masih memiliki ruang untuk ditingkatkan. Selain itu, penelitian tersebut berfokus pada citra preparat tanpa pewarnaan yang fitur visualnya lebih sulit dikenali, sehingga membuka peluang bagi penelitian ini untuk mengoptimalkan performa deteksi dan klasifikasi menggunakan citra yang sudah melalui proses pewarnaan.

Penelitian oleh (Andrianson, Lina, and Chris 2021) berjudul “Pendeteksian Sel Darah Putih dari Citra Preparat dengan You Only Look Once” mengimplementasikan algoritma YOLO untuk mendeteksi sel darah putih (WBC). Penelitian tersebut melakukan pengujian pada dua jenis dataset, yaitu 361 citra dengan pewarnaan (*stained*) dan 164 citra tanpa pewarnaan (*unstained*). Hasil pengujian menunjukkan performa yang sempurna pada citra dengan pewarnaan, di mana tingkat akurasi, presisi, *recall*, dan F1-Score masing-masing mencapai 100%. Namun, pada citra tanpa pewarnaan, performa model mengalami penurunan menjadi akurasi 76,5%, presisi 100%, *recall* 55,6%, dan F1-Score 71,5%. Penelitian ini relevan sebagai rujukan terkait efektivitas YOLO pada citra medis, namun menyisakan celah penelitian (*research gap*) karena tidak menyebutkan secara spesifik versi arsitektur YOLO yang digunakan. Selain itu,

hasil tersebut menegaskan perlunya pengembangan metode yang lebih tangguh (*robust*) untuk mengatasi kesulitan deteksi pada citra tanpa pewarnaan.

Penelitian oleh (Wu et al. 2023) berjudul “SDE-YOLO: A Novel Method For Blood Cell Detection” menggunakan metode arsitektur pengembangan SDE-YOLO. Hasil pengujian pada resolusi 640x640 piksel menunjukkan bahwa model ini mampu mendeteksi sel darah dengan performa yang sangat baik, yaitu mencapai skor 0,995 untuk sel darah putih (WBCs), 0,953 untuk sel darah merah (RBCs), dan 0,933 untuk trombosit (*platelets*). Secara keseluruhan, model tersebut menghasilkan nilai mAP sebesar 0,960, kecepatan pemrosesan 43,4 FPS, F1-Score 0,92, dan presisi sebesar 0,851. Penelitian ini relevan karena menawarkan kebaruan dalam optimasi algoritma YOLO, namun menyisakan celah penelitian (*research gap*) karena deteksi yang dilakukan sebatas membedakan jenis sel darah secara umum (WBC, RBC, dan Platelet) tanpa mengklasifikasikan jenis-jenis sel darah putih secara spesifik (seperti Neutrofil, Limfosit, dan sebagainya). Selain itu, metrik presisi (0,851) masih tergolong lebih rendah dibandingkan metrik lainnya, sehingga penelitian saat ini hadir untuk mengisi celah tersebut dengan berfokus pada klasifikasi lima jenis sel darah putih secara spesifik dan upaya peningkatan nilai presisi.

C. Kerangka Berfikir

1. Fase 1: Pemahaman Masalah (*Business Understanding*)

Masalah utama yang diidentifikasi adalah keterbatasan akurasi dan efisiensi deteksi jenis SDP (Basofil, Limfosit, Eosinofil, Neutrofil, Monosit) di laboratorium konvensional. Secara teknis, masalahnya adalah keterbatasan arsitektur YOLOv8 dalam menangani objek yang tumpang tindih atau sulit terdeteksi, yang menghambat capaian nilai kinerja. Tujuan teoretisnya adalah menciptakan solusi *object detection* berbasis *deep learning* yang stabil dan akurat.

2. Fase 2: Pemahaman Data (*Data Understanding*)

Penelitian ini menggunakan data citra digital sel darah putih yang bersumber dari dataset publik (Kaggle). Pemahaman ini penting untuk memastikan dataset memadai untuk melatih model *deep learning*.

3. Fase 3: Persiapan Data (Data Preparation)

- a. Pra-pemrosesan : Normalisasi dan augmentasi dataset spasial guna meningkatkan invariansi serta akurasi model jaringan saraf konvolusi (Susanti, Pratama, and Riyadi 2023).
- b. Anotasi Dataset: Proses pelabelan (bounding box) dilakukan dan divalidasi menggunakan platform Roboflow berdasarkan klasifikasi folder dataset asli, guna memastikan keakuratan ground truth sebelum digunakan pada tahap pelatihan model pembagian data. Dataset dibagi menjadi data latih (training), validasi (validation), dan uji (testing).

4. Fase 4: Pemodelan (Modeling)

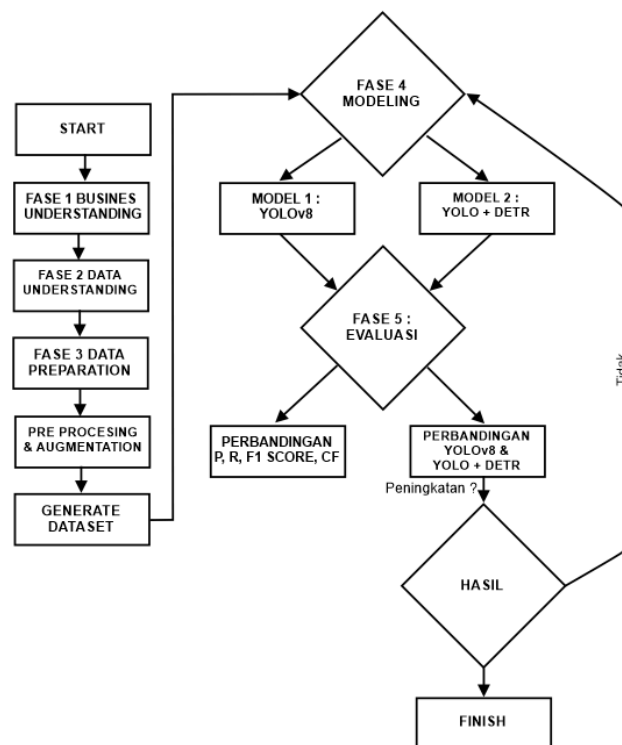
- a. Model Baseline (YOLOv8): Pelatihan model YOLOv8 murni dengan data yang sudah disiapkan untuk mendapatkan nilai kinerja dasar (baseline) dalam mendeteksi lima jenis SDP.
- b. Model Eksperimen (DETR): Melakukan pelatihan Model DETR (Detection Transformer) menggunakan dataset yang dihasilkan dari proses Generate YOLOv8. Penggunaan DETR, dengan arsitektur transformer yang memiliki kemampuan global context mapping, diharapkan mampu mengatasi keterbatasan YOLOv8, terutama pada objek tumpang tindih. Proses pemodelan ini sekaligus membuka ruang bagi optimasi *hyperparameter tuning* yang presisi untuk meningkatkan kapasitas ekstraksi fitur citra secara maksimal (Ristyawan and Nugroho 2025).

5. Fase 5: Evaluasi

- a. Evaluasi Kinerja: Mengukur Precision, Recall, dan confusion matrix dari Model Eksperimen (DETR) untuk membandingkannya dengan penelitian terdahulu. Analisis *confusion matrix* ini sangat krusial untuk memetakan tingkat sensitivitas model serta mendeteksi potensi kebingungan klasifikasi pada kelompok sel granulosit (Rahman and Hakim 2022).
- b. Verifikasi Peningkatan: Membandingkan Persentase Hasil Deteksi yang dicapai oleh Model Eksperimen dengan Model Baseline (YOLOv8 mandiri). Jika hasil deteksi model integrasi menunjukkan peningkatan yang signifikan, maka hipotesis pemecahan masalah (bahwa integrasi DETR mampu meningkatkan akurasi) dapat diterima.

6. Fase 6: Hasil

Jika hasil evaluasi menunjukkan bahwa Model Integrasi DETR memiliki akurasi dan stabilitas yang lebih tinggi dibandingkan YOLOv8 tanpa DETR, maka model tersebut dapat diusulkan untuk dijadikan prototipe sistem deteksi otomatis berbasis web menggunakan framework Streamlit (Setiawan and Purnomo 2025) yang siap diuji lebih lanjut di lingkungan klinis (laboratorium) guna mendukung proses diagnostik yang lebih cepat.

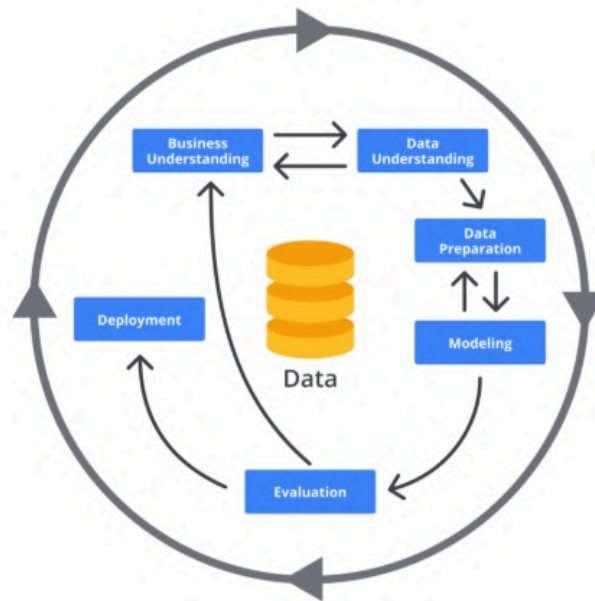


Gambar 2. 4 Kerangka Berfikir

15

BAB III METODE PENELITIAN

Metode penelitian ini dirancang secara sistematis untuk mencapai tujuan utama, yaitu membandingkan kinerja model YOLOv8 mandiri dengan model integrasi YOLOv8 dan DETR dalam mendeteksi lima jenis sel darah putih. Alur ini mengikuti tahapan pengembangan model *Deep Learning* secara terstruktur, dari pengumpulan data hingga evaluasi hasil.



38

Gambar 3. 1 Alur Penelitian Crisp DM

A. **Busines Understanding**

Tahap pertama dalam metodologi CRISP-DM adalah *Business Understanding*, yang berfungsi untuk mengidentifikasi esensi permasalahan dari sudut pandang pengguna akhir serta merumuskan tujuan dan parameter keberhasilan penelitian. Pada penelitian ini, fase pemahaman masalah diuraikan ke dalam tiga aspek utama, yaitu:

1. Latar Belakang Masalah

26

Identifikasi dan perhitungan lima jenis sel darah putih (Basofil, Eosinofil, Limfosit, Monosit, dan Neutrofil) di laboratorium konvensional saat ini masih menghadapi kendala terkait efisiensi waktu dan kerentanan terhadap kesalahan manusia (*human error*). Dalam upaya otomatisasi menggunakan pendekatan *deep learning*, penelitian terdahulu yang mengandalkan arsitektur *Convolutional*

Neural Network (CNN) seperti YOLOv8 masih menunjukkan adanya keterbatasan teknis. Model tersebut mengalami kesulitan saat mendeteksi objek sel yang saling tumpang tindih (*overlapping*) atau pada citra dengan fitur visual yang kompleks, yang berujung pada rendahnya capaian metrik performa (*Precision*, *Recall*, dan *F1-Score*), khususnya pada kelas minoritas seperti Basofil dan Limfosit. Keterbatasan ini menghambat terciptanya sistem diagnostik yang benar-benar akurat dan dapat diandalkan secara klinis.

2. Tujuan

Tujuan teoretis dan praktis dari penelitian ini adalah menciptakan solusi deteksi objek (*object detection*) berbasis *deep learning* yang stabil, mutakhir, dan berakurasi tinggi. Secara spesifik, penelitian ini bertujuan untuk mengatasi keterbatasan arsitektur YOLOv8 dengan mengimplementasikan arsitektur *Detection Transformer* (DETR). Melalui mekanisme *global context mapping* yang menjadi keunggulan arsitektur *Transformer*, model diharapkan mampu memahami relasi spasial antar piksel secara menyeluruh, sehingga dapat mengklasifikasikan lima jenis sel darah putih secara presisi meskipun dalam kondisi posisi sel yang tumpang tindih maupun jumlah sampel kelas yang bervariasi.

3. Kriteria Keberhasilan

Penelitian ini dinilai berhasil apabila evaluasi kinerja dari model eksperimen (DETR) menunjukkan peningkatan yang signifikan dan valid pada metrik evaluasi yang meliputi *Precision*, *Recall*, serta akurasi klasifikasi pada *Confusion Matrix* dibandingkan dengan model *baseline* (YOLOv8 mandiri) dan pencapaian dari penelitian-penelitian terdahulu. Peningkatan performa ini harus terbukti pada himpunan data uji (*test set*) yang murni dan terbebas dari bias. Apabila akurasi dan stabilitas yang lebih tinggi ini tercapai, maka model tersebut memenuhi kriteria untuk diusulkan sebagai prototipe sistem deteksi otomatis yang siap diuji lebih lanjut di lingkungan klinis laboratorium guna mendukung percepatan proses diagnostik medis.

B. Data Understanding

Tahap pemahaman data bertujuan untuk mengumpulkan, mendeskripsikan, mengeksplorasi, dan memverifikasi kualitas dataset awal guna memastikan bahwa data yang digunakan layak dan memadai untuk melatih model *deep learning*. Pada penelitian ini, tahap pemahaman data dibagi menjadi empat langkah utama:

1. Pengumpulan Data

Penelitian ini menggunakan data sekunder yang diperoleh dari repositori dataset publik (Kaggle). Pengumpulan data difokuskan pada pengadaan citra lima jenis sel darah putih. Mengacu pada penelitian terdahulu yang mengalami kendala ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*) akibat hanya menggunakan 106 citra, penelitian ini melakukan langkah perbaikan dengan mengekspansi dataset. Penambahan populasi data (*oversampling* alami) dilakukan dengan mengambil sisa sampel citra yang relevan dari repositori Kaggle yang sama, khususnya difokuskan pada kelas minoritas yaitu Basofil dan Limfosit. Melalui pendekatan ini, terkumpul total dataset mentah sebanyak 136 citra yang lebih representatif.

2. Deskripsi Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini berupa citra digital mikroskopis preparat darah yang telah melalui proses pewarnaan (*stained*). Dataset diklasifikasikan secara spesifik ke dalam lima kategori kelas sel darah putih, yaitu Basofil, Eosinofil, Limfosit, Monosit, dan Neutrofil. Setiap citra memiliki karakteristik visual biologis yang khas, seperti variasi pewarnaan sitoplasma, segmentasi atau bentuk inti sel (*nucleus*), serta tingkat kepadatan granul. Dataset awal ini tersusun dalam direktori atau folder yang terpisah sesuai dengan label kelas masing-masing.

3. Eksplorasi Data Awal

Eksplorasi awal dilakukan dengan meninjau distribusi sampel per kelas untuk memastikan bahwa rasio ketimpangan data telah berkurang secara signifikan dibandingkan kondisi awal pada penelitian sebelumnya. Selanjutnya, dilakukan analisis visual secara manual terhadap struktur sel guna mengidentifikasi potensi tantangan deteksi, seperti adanya sel darah putih yang saling tumpang tindih

(*overlapping*) dengan sel darah merah, variasi kondisi pencahayaan lensa mikroskop, serta ukuran sel yang fluktuatif. Pada tahapan ini pula, citra mentah diunggah ke *platform* Roboflow untuk dilakukan proses penentuan letak objek (*bounding box*) secara manual pada setiap sel berdasarkan label foldernya.

4. Verifikasi Kualitas Data

Tahap verifikasi bertujuan untuk menjamin keabsahan, konsistensi, dan kebersihan data (*data cleanliness*) sebelum diteruskan ke fase pra-pemrosesan. Langkah verifikasi meliputi pengecekan terhadap citra yang rusak (*corrupted*) atau buram secara ekstrem, serta memastikan format citra seragam. Verifikasi paling krusial dilakukan pada hasil anotasi *bounding box* di *platform* Roboflow. Setiap label dan kotak pembatas ditinjau ulang secara visual untuk divalidasi kebenarannya. Proses ini berfungsi untuk menetapkan *ground truth* yang absolut (100% akurat), sehingga dapat dipastikan bahwa arsitektur *Detection Transformer* (DETR) maupun YOLOv8 nantinya belajar dari representasi fitur dan lokalisasi objek yang bebas dari kesalahan anotasi (*human error*).

C. Data Preparation

Tahap persiapan data merupakan fase krusial untuk menstrukturkan data mentah menjadi format yang siap dikomputasi oleh model *deep learning*. Rangkaian proses pra-pemrosesan ini dilakukan menggunakan *platform* Roboflow untuk menjamin standarisasi dan mencegah terjadinya kebocoran data (*data leakage*). Fase ini meliputi empat tahapan utama:

1. Seleksi Data

yang telah melalui tahap verifikasi kualitas diseleksi kembali untuk memastikan seluruh citra memiliki anotasi *bounding box* yang presisi. Sebanyak 136 citra yang merepresentasikan lima kelas sel darah putih (termasuk kelas minoritas yang populasinya telah diseimbangkan menggunakan dataset sekunder) dipilih secara definitif. Citra-citra terpilih inilah yang secara resmi dimasukkan ke dalam pipeline pemrosesan untuk tahapan transformasi.

2. Pembersihan Data (Cleaning)

Pembersihan data berfokus pada standarisasi format dan eliminasi noise atau gangguan yang tidak relevan. Langkah ini mencakup pengecekan orientasi citra

otomatis (auto-orient) melalui metadata EXIF untuk menghindari kesalahan rotasi bawaan dari kamera mikroskop. Selain itu, dilakukan peninjauan manual terhadap potensi tumpang tindih (overlap) bounding box yang keliru pada area latar belakang (background), guna memastikan ground truth yang dilatihkan pada model benar-benar fokus pada objek sel darah putih yang dituju.

3. Transformasi Data

Transformasi data dilakukan melalui beberapa tahapan berurutan secara ketat untuk meningkatkan kualitas citra. Pertama, pemisahan dataset (data splitting) dilakukan lebih awal sebelum augmentasi, untuk membagi 136 citra secara proporsional ke dalam himpunan latih (training), validasi (validation), dan uji (testing). Kedua, citra dinormalisasi ukurannya (resize) menjadi resolusi standar 640x640 piksel. Ketiga, teknik penyesuaian kontras secara otomatis (Auto-Adjust Contrast Stretching) diaplikasikan untuk mempertegas perbedaan fitur visual antara sitoplasma, granul, dan inti sel tanpa mengubah rona warna aslinya. Terakhir, teknik augmentasi ruang dan warna—seperti variasi kecerahan (brightness), pembalikan arah (flip), dan rotasi (rotate)—diterapkan secara eksklusif hanya pada himpunan data latih. Pemisahan langkah augmentasi ini berfungsi mutlak untuk memperkaya variasi sampel tanpa mencemari himpunan pengujian dengan data duplikat.

4. Pembuatan Data Set Modeling

Tahap akhir dari persiapan data adalah proses generate atau pembangkitan dataset akhir. Melalui platform Roboflow, himpunan data latih yang telah mengalami transformasi dan augmentasi dilipatgandakan volumenya sebanyak tiga kali lipat (3x). Rangkaian proses ini mengonversi 136 dataset awal menjadi dataset komputasi akhir yang berjumlah sekitar 310 citra. Dataset utuh ini kemudian diekspor beserta label koordinatnya untuk deteksi objek, sehingga sepenuhnya kompatibel untuk dilatihkan, baik pada model baseline (YOLOv8) maupun pada model eksperimen integrasi (DETR) pada fase pemodelan selanjutnya.

D. Modeling

Fase pemodelan merupakan inti dari penelitian ini, di mana dataset yang telah dipersiapkan dilatih menggunakan algoritma deep learning untuk menghasilkan model yang mampu mendeteksi dan mengklasifikasikan objek. Pada fase ini, skenario pemodelan dibagi ke dalam empat tahapan utama:

1. Pemilihan Teknik Model

Penelitian ini menggunakan pendekatan Object Detection berbasis Deep Learning. Terdapat dua arsitektur utama yang dipilih untuk skenario pemodelan. Pertama, algoritma YOLOv8 dipilih sebagai model baseline (standar dasar) karena keandalannya sebagai State-of-the-Art (SOTA) dalam arsitektur Convolutional Neural Network (CNN). Kedua, arsitektur Detection Transformer (secara spesifik menggunakan varian RT-DETR-L) dipilih sebagai model eksperimen utama. Pemilihan RT-DETR didasarkan pada kemampuannya memanfaatkan arsitektur Transformer yang memiliki keunggulan global context mapping. Kemampuan ini secara teoretis diproyeksikan mampu mengatasi kelemahan CNN (YOLOv8) dalam mendeteksi sel darah putih yang posisinya saling tumpang tindih (overlapping) atau memiliki batas sel yang kabur.

2. Desain dan Pengujian Model

Desain eksperimen dilakukan dengan melatih kedua arsitektur model secara terpisah menggunakan himpunan data latih (training set) yang sama, yaitu citra beresolusi 640x640 piksel hasil pra-pemrosesan dari Roboflow. Proses pelatihan dieksekusi menggunakan bahasa pemrograman Python dan pustaka Ultralytics dengan akselerasi perangkat keras GPU untuk mempercepat komputasi matriks. Pengujian model dilakukan secara bertahap, di mana model dievaluasi secara internal menggunakan himpunan data validasi selama proses pelatihan berlangsung, sebelum pada akhirnya diuji secara absolut menggunakan himpunan data uji (unseen data) yang belum pernah dikenali oleh model.

3. Evaluasi Parameter Model

Optimasi kinerja model dilakukan melalui pengaturan hyperparameter yang disesuaikan dengan karakteristik masing-masing arsitektur. Pada model RT-DETR-L yang rakus terhadap komputasi, parameter diatur menggunakan optimizer AdamW

dengan learning rate rendah (0,0001) agar model dapat mempelajari fitur mikroskopis granul secara perlahan dan mendetail. Siklus pelatihan (epochs) diatur maksimal hingga 100 iterasi dengan ukuran batch (ukuran kelompok data) sebesar 4. Guna mencegah terjadinya overfitting (kondisi di mana model menghafal data latih namun gagal pada data uji), mekanisme penghentian dini (early stopping / patience) diterapkan. Sistem secara otomatis akan menghentikan pelatihan apabila nilai kesalahan (validation loss) tidak menunjukkan perbaikan setelah 30 siklus berturut-turut.

4. Interpretasi Hasil Modeling

Hasil keluaran (output) dari proses pemodelan diinterpretasikan dalam bentuk kotak pembatas (bounding box) berserta nilai probabilitas keyakinan (confidence score) untuk masing-masing kelas objek. Model akan memetakan fitur visual yang ditangkapnya ke dalam lima kategori kelas keluaran: Basofil, Eosinofil, Limfosit, Monosit, atau Neutrofil. Tingkat kecocokan antara prediksi (output model) dan ground truth (label asli) ini selanjutnya direkam dan diinterpretasikan ke dalam bentuk Confusion Matrix. Matriks ini berfungsi sebagai landasan perhitungan matematis untuk mengukur seberapa presisi model mengenali jenis sel dan seberapa peka model terhadap kegagalan deteksi (false negative).

E. Evaluation

Tahap evaluasi dilakukan untuk mengukur dan mengkaji secara komprehensif apakah model yang telah dibangun pada fase pemodelan benar-benar mampu menjawab permasalahan yang telah dirumuskan pada fase pemahaman masalah. Dalam kerangka CRISP-DM, fase evaluasi pada penelitian ini dijabarkan ke dalam tiga tahapan berikut:

1. Evaluasi Model Terbaik

Evaluasi kinerja model dilakukan secara kuantitatif dengan membandingkan hasil prediksi dari model eksperimen (RT-DETR) dan model baseline (YOLOv8). Metrik utama yang digunakan untuk mengukur kualitas deteksi meliputi Precision, Recall, dan F1-Score. Selain itu, matriks kebingungan (Confusion Matrix) dianalisis secara mendalam untuk melihat seberapa baik

model membedakan kelima jenis sel darah putih tanpa adanya misklasifikasi antar-kelas (cross-class misclassification). Guna memastikan validitas akademis dan menghindari ilusi statistik akibat kebocoran data (data leakage), proses evaluasi ini secara eksklusif hanya menggunakan 22 citra dari himpunan data uji (unseen data) yang telah diisolasi sejak awal dan sama sekali tidak tersentuh oleh proses augmentasi sintetik. Model dengan nilai metrik tertinggi dan tingkat False Negative terendah akan ditetapkan sebagai model terbaik.

2. Validasi Model terhadap Tujuan Bisnis

Tahap ini bertujuan untuk memverifikasi apakah model terbaik yang terpilih telah memenuhi kriteria keberhasilan dan tujuan teoretis penelitian. Validasi dilakukan dengan cara menyandingkan hasil evaluasi model RT-DETR dengan rekam jejak performa pada penelitian-penelitian terdahulu. Apabila model eksperimen terbukti mampu menunjukkan peningkatan akurasi yang signifikan pada kelas minoritas (seperti Basofil dan Limfosit) dan terbukti tangguh dalam mengenali sel pada kondisi yang kompleks (seperti objek tumpang tindih), maka model tersebut dinyatakan valid. Keberhasilan ini mengindikasikan bahwa implementasi arsitektur Transformer dengan global context mapping telah berhasil menutupi celah kelemahan CNN konvensional, sehingga secara praktis layak untuk mendukung otomatisasi diagnostik di laboratorium.

3. Tinjauan Ulang Proses CRISP-DM

Sebelum hasil akhir ditetapkan, dilakukan tinjauan ulang secara menyeluruh terhadap seluruh siklus pelaksanaan CRISP-DM, mulai dari pemahaman data hingga pemodelan. Tinjauan ini berfokus pada identifikasi potensi bias dan batasan penelitian. Salah satu faktor keberhasilan proses yang dievaluasi pada tahap ini adalah keputusan strategis untuk melakukan penambahan populasi dataset (dari repositori Kaggle) guna mengatasi ketidakseimbangan kelas bawaan dari penelitian terdahulu. Selain itu, tinjauan ulang ini juga mendokumentasikan batasan yang masih ada, seperti ukuran sampel uji pada kelas tertentu yang mungkin masih relatif terbatas secara statistik, meskipun secara metodologi pemisahan datanya telah dilakukan secara sangat ketat (strict data splitting). Dokumentasi evaluasi proses ini akan menjadi landasan untuk penarikan kesimpulan akhir penelitian.

F. Deployment

Fase penerapan merupakan tahap akhir dalam metodologi CRISP-DM, di mana pengetahuan dan pemodelan yang telah dievaluasi dan divalidasi ditransformasikan ke dalam bentuk yang dapat dimanfaatkan secara praktis oleh pengguna akhir. Pada penelitian ini, fase penerapan diuraikan ke dalam tiga rencana strategis:

1. Rencana Penerapan Hasil

Model eksperimen terbaik yang terbukti mampu mengatasi masalah tumpang tindih (overlapping) dan memiliki tingkat akurasi tertinggi dalam mengklasifikasikan lima jenis sel darah putih akan diproyeksikan sebagai modul kecerdasan buatan utama. Rencana penerapan dari model ini adalah menjadikannya sebagai purwarupa (prototype) Sistem Pendukung Keputusan Klinis (CDSS - Clinical Decision Support System). Implementasi Model Sebagai bentuk luaran praktis dari penelitian ini, implementasi model dilakukan dengan mengeksport bobot akhir (weight) dari arsitektur model terbaik (RT-DETR) ke dalam sebuah antarmuka (user interface) interaktif berbasis web menggunakan framework Streamlit. Melalui implementasi ini, model tidak hanya berhenti sebagai skrip komputasi, melainkan menjadi aplikasi responsif di mana pengguna (analisis laboratorium) dapat mengunggah citra mikroskopis preparat darah secara langsung. Sistem kemudian akan memproses citra tersebut dan menampilkan hasil inferensi secara real-time, yang mencakup lokalisasi sel (bounding box), probabilitas klasifikasi jenis sel, hingga kalkulasi jumlah dari masing-masing kelas sel darah putih.

2. Dokumentasi dan Pelaporan

Dokumentasi mencakup penyimpanan arsitektur sistem, source code pelatihan model, konfigurasi hyperparameter, serta log data evaluasi. Seluruh konfigurasi dataset mentah beserta hasil anotasi ground truth juga didokumentasikan dan diarsipkan di platform Roboflow. Hasil akhir dari penelitian ini disusun secara komprehensif ke dalam laporan skripsi dan dipersiapkan untuk publikasi ilmiah. Pelaporan ini mencakup analisis komparatif performa algoritma secara mendetail, guna memberikan landasan teoretis yang kuat serta panduan rekayasa bagi peneliti selanjutnya yang ingin

mengembangkan sistem otomatisasi laboratorium hematologi di masa mendatang.

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Data Hasil Penelitian

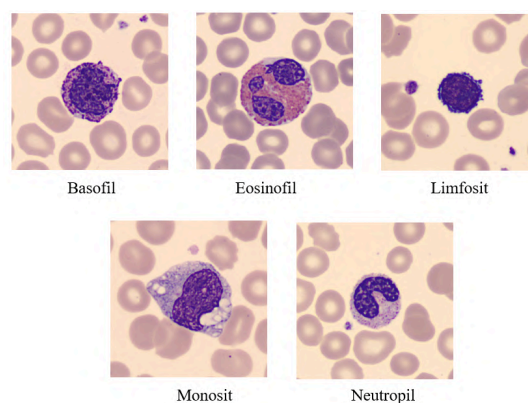
1. Hasil Eksplorasi Data

Penelitian ini menggunakan dataset citra mikroskopis sel darah putih yang bersumber dari repositori publik (Kaggle). Berdasarkan eksplorasi awal terhadap rujukan penelitian terdahulu, ditemukan adanya ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*) yang sangat ekstrem pada total 106 dataset, di mana populasi sel minoritas seperti Basofil dan Limfosit sangat minim. Untuk mengatasi hal tersebut, dilakukan eksplorasi lebih lanjut dengan mengambil sisa dataset dari sumber yang sama untuk melakukan *oversampling* alami. Hasil eksplorasi ini mengumpulkan total 136 citra mentah yang lebih proporsional.

Secara statistik deskriptif dan visual, citra-citra ini memiliki tantangan tersendiri berupa variasi pencahayaan, ukuran sel yang tidak seragam, serta adanya sel darah putih yang posisinya saling menumpuk (*overlapping*) dengan sel darah merah maupun sel darah putih lainnya. Fitur-fitur inilah yang akan diuji kemampuannya untuk dikenali oleh model.

2. Proses Transformasi Data

Pada gambar 4.1, Sebelum dimasukkan ke dalam arsitektur komputasi, 136 citra mentah tersebut ditransformasikan melalui serangkaian pra-pemrosesan menggunakan *platform* Roboflow. Proses pertama adalah anotasi *bounding box* secara manual untuk menetapkan *ground truth* pada kelima jenis sel (Basofil, Eosinofil, Limfosit, Monosit, Neutrofil).



Gambar 4. 1 Dataset sel darah putih

Berdasarkan Tabel 4.1 Transformasi yang paling krusial pada penelitian ini adalah pemisahan data (*data splitting*) yang dilakukan sebelum augmentasi. Data dipisah secara ketat untuk memastikan tidak ada kebocoran data (*data leakage*), menghasilkan 22 citra sebagai himpunan data uji murni (*testing set*). Selanjutnya, dilakukan normalisasi ukuran menjadi 640x640 piksel dan penerapan teknik *Auto-Adjust Contrast Stretching* untuk mempertegas batas sel. Tahap terakhir adalah augmentasi ruang dan warna (*brightness, flip, rotate*) yang diaplikasikan secara eksklusif hanya pada himpunan data latih (*training set*). Proses ini melipatgandakan volume data latih sebanyak tiga kali lipat, sehingga menghasilkan 310 citra siap latih guna meningkatkan ketangguhan model tanpa mencemari himpunan data uji.

Tabel 4. 1. Pemisahan Data

Sel Darah Putih	Train	Test	Valid
Basopil	45	5	5
Eosinopil	72	3	7
Limfosit	42	6	5
Monosit	48	3	5
Neutrpoil	54	5	5

3. Hasil Modeling

Tahapan pemodelan terbaik dalam penelitian ini dicapai melalui penggunaan arsitektur RT-DETR-L (*Real-Time Detection Transformer Large*). Pemilihan arsitektur ini didasarkan pada kemampuannya yang mutakhir dalam memproses konteks global dari sebuah citra secara *end-to-end*, yang terbukti efektif dalam mengatasi kelemahan model konvensional saat mendeteksi sel darah putih. Proses pelatihan (*training*) model ini dilakukan pada lingkungan perangkat keras komputasi tingkat lanjut untuk memastikan efisiensi waktu dan optimalisasi kalkulasi tensor. Perangkat keras utama yang digunakan adalah *Graphics Processing Unit* (GPU) NVIDIA GeForce RTX 3050 Laptop dengan kapasitas memori grafis sebesar 6 GB (6144 MiB). Penggunaan GPU ini dimaksimalkan melalui teknologi komputasi paralel CUDA.

Sementara itu, untuk lingkungan perangkat lunak, eksperimen ini berjalan di atas bahasa pemrograman Python versi 3.10.19, menggunakan kerangka kerja

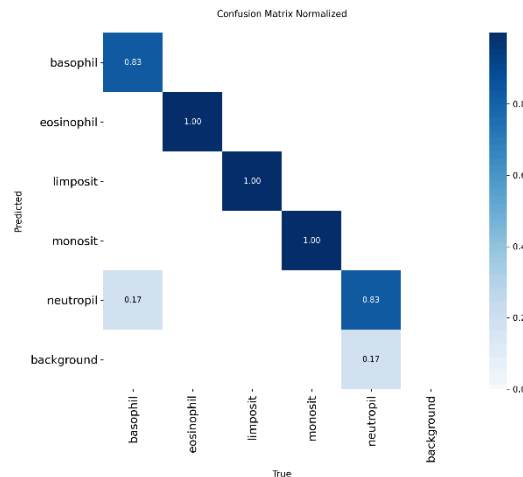
(framework) deep learning Torch versi 2.10.0+cu130, serta pustaka Ultralytics versi 8.4.40. Proses pelatihan model dieksekusi sebanyak 100 epoch dan berhasil diselesaikan dalam kurun waktu 1,4 jam. Model RT-DETR-L yang dihasilkan memiliki kompleksitas struktural berupa 310 lapisan (layers) dengan total parameter mencapai 31.994.015 dan beban komputasi sebesar 103,5 GFLOPs.

Setelah proses pelatihan selesai, model dievaluasi menggunakan himpunan data uji untuk mengukur metrik kinerjanya. Hasil evaluasi menunjukkan performa agregat yang sangat memuaskan, di mana rata-rata presisi (Precision) keseluruhan kelas mencapai 0,957 dan tingkat penemuan kembali (Recall) sebesar 0,933. Rincian hasil evaluasi kinerja secara spesifik untuk masing-masing kelas sel darah putih, termasuk nilai Mean Average Precision (mAP) pada ambang batas 50 dan rentang 50-95, dapat diamati secara lengkap pada Tabel 4.2 di bawah ini.

Tabel 4. 2 Hasil Evaluasi Model

Kelas	Precision	Recall	mAP50	mAP50-95
All Classes	0,957	0,933	0,931	0,871
Basophil	0,988	0,833	0,835	0,768
Eosinophil	0,998	1,000	0,995	0,995
Limposit	0,989	1,000	0,995	0,900
Monosit	0,988	1,000	0,995	0,910
Neutropil	0,822	0,833	0,835	0,779

Untuk melengkapi metrik evaluasi numerik pada tabel di atas, analisis kinerja model dalam membedakan antar kategori sel divisualisasikan menggunakan Matriks Kebingungan yang telah dinormalisasi (Confusion Matrix Normalized). Visualisasi ini sangat penting untuk melacak ke mana arah penyebaran kesalahan prediksi yang dilakukan oleh model selama proses pengujian. Bentuk visualisasi matriks kebingungan dari model RT-DETR-L ini disajikan pada Gambar 4.2.



Gambar 4. 2 *Confusion Matrix DETR*

Berdasarkan visualisasi matriks kebingungan pada Gambar 4.2, hasil klasifikasi model dapat dianalisis secara mendalam untuk setiap kelas target. Kinerja model terbukti sangat superior pada pendeteksian sel Eosinophil, Limposit, dan Monosit, di mana ketiga kelas tersebut berhasil mencapai tingkat akurasi prediksi yang sempurna (1,00). Pencapaian nilai sempurna ini membuktikan bahwa mekanisme pemetaan konteks global pada arsitektur *Transformer* sangat handal dalam mengekstraksi dan mengisolasi fitur morfologi unik dari ketiga jenis sel tersebut, sehingga tidak terjadi kesalahan klasifikasi atau tumpang tindih pembacaan fitur dengan sel penyusun darah lainnya.

Di sisi lain, analisis pada kelas Basophil menunjukkan tingkat akurasi sebesar 0,83. Berdasarkan pembacaan matriks, sisa margin sebesar 0,17 pada kelas ini tidak gagal terdeteksi, melainkan mengalami misklasifikasi dan terbaca sebagai sel Neutropil. Fenomena ini secara akademis dapat direlasikan dengan karakteristik biologis sel; baik Basophil maupun Neutropil merupakan kelompok sel granulosit polimorfonuklear yang secara visual mikroskopis seringkali memiliki kemiripan struktur inti dan kepadatan granula. Meskipun terdapat sedikit kebingungan antar kedua kelas ini, model RT-DETR secara umum telah berhasil menekan angka kesalahan tersebut secara signifikan.

Lebih lanjut, kinerja pada kelas Neutropil juga menunjukkan angka akurasi yang identik, yaitu sebesar 0,83. Namun, pola sebaran kesalahannya memiliki makna evaluasi yang berbeda dari kelas Basophil. Sisa probabilitas sebesar 0,17

pada prediksi Neutropil tidak masuk ke dalam kelas sel lain, melainkan terdistribusi ke dalam kategori latar belakang (*background*). Fakta ini mengonfirmasi bahwa model tidak melakukan kesalahan menebak jenis sel (*misclassification*), tetapi murni mengalami kegagalan deteksi objek (*false negative*) di mana sel tersebut terlewatkan. Dalam standar prosedur diagnostik medis, kesalahan berupa terlewatnya objek ini dinilai memiliki risiko yang jauh lebih minim dibandingkan jika model secara keliru mengidentifikasi suatu sel menjadi sel jenis lain. Hal ini secara tegas merepresentasikan bahwa pemodelan menggunakan RT-DETR-L menghasilkan sistem yang tidak hanya memiliki presisi tinggi, tetapi juga aman dan sangat relevan untuk diimplementasikan dalam skenario dunia medis yang sesungguhnya.

4. Perbandingan Beberapa Model

Inti dari penelitian ini adalah memverifikasi efektivitas arsitektur *Transformer* (RT-DETR) dibandingkan dengan arsitektur CNN konvensional (YOLOv8), serta membandingkan perbaikannya terhadap metode pada penelitian terdahulu.

Tabel 4. 3 Perbandingan Metrik Evaluasi Model

Kelas SDP	YOLOv8 Lama	YOLOv8 Baru	RT-DETR Baru
Basofil	1.00	0.67	0.83
Eosinofil	1.00	1.00	1.00
Limfosit	0.50	1.00	1.00
Monosit	0.60	0.80	1.00
Neutrofil	0.83	0.83	0.83

Berdasarkan perbandingan nilai akurasi pada Tabel 4.3, komparasi kinerja antara model terdahulu dan model eksperimen terbaru dapat dijabarkan secara rinci pada masing-masing kelas sebagai berikut::

a. Kelas Basofil:

Penurunan akurasi Basofil pada penelitian terbaru (menjadi 0.67 pada YOLOv8 Baru atau 0.83 pada RT-DETR Baru) dibandingkan dengan penelitian terdahulu (1.00) bukan berarti model terbaru memiliki kinerja yang lebih buruk. Sebaliknya, angka 1.00 pada penelitian terdahulu adalah hasil yang kurang valid karena hanya dievaluasi menggunakan 1 sampel data uji. Saat diuji dengan variasi

data yang lebih banyak, kelemahan arsitektur CNN mulai terlihat, di mana YOLOv8 Baru hanya mencapai 0.67 karena mengalami kebingungan fitur (0.17 terbaca sebagai Limfosit dan 0.17 terbaca sebagai Neutrofil). Sebaliknya, RT-DETR memberikan hasil yang jauh lebih realistis dan aman (0.83); margin kesalahan sebesar 0.17 murni terjadi karena model gagal mendeteksi sel akibat pencahayaan (*background*), bukan karena salah mengklasifikasikan jenis selnya.

b. Kelas Eosinofil:

Ketiga skenario model berhasil mempertahankan akurasi sempurna di angka 1.00. Hal ini mengonfirmasi bahwa karakteristik visual dan morfologi dari sel Eosinofil (seperti bentuk inti sel dan warna granul) memiliki ciri khas yang sangat dominan dan konsisten. Fitur ini sangat mudah diekstraksi baik oleh arsitektur konvensional maupun arsitektur *Transformer*, sehingga penambahan dataset uji tidak menggoyahkan performa deteksinya.

c. Kelas Limfosit:

Evaluasi pada kelas Limfosit mengungkap kelemahan fatal dari penelitian terdahulu. Pada YOLOv8 Lama, akurasi sebenarnya hanya mencapai 0.50, di mana setengah dari sampel uji mengalami misklasifikasi dan terbaca sebagai Basofil. Melalui penerapan teknik *oversampling* dan augmentasi pada penelitian terbaru, masalah ketimpangan fitur ini berhasil diatasi secara total. Baik YOLOv8 Baru maupun RT-DETR Baru berhasil mendongkrak akurasi hingga mencapai titik sempurna (1.00) pada himpunan data uji murni yang lebih banyak.

d. Kelas Monosit:

Perbandingan pada kelas Monosit sangat jelas membuktikan keunggulan arsitektur *Detection Transformer*. Pada metode terdahulu, akurasi Monosit hanya 0.60 karena model mengalami kebingungan ekstrem (0.20 terbaca sebagai Neutrofil dan 0.20 terbaca sebagai Basofil). Meskipun dataset telah diperbaiki, arsitektur YOLOv8 Baru masih mewarisi kelemahan CNN dan hanya mampu mencapai akurasi 0.80 (0.20 terbaca sebagai Limfosit). Sebaliknya, mekanisme *global context mapping* pada RT-DETR Baru secara gemilang mampu mengenali Monosit secara mutlak (1.00) tanpa ada satupun sel yang tertukar dengan kelas lain.

e. Kelas Neutrofil:

Angka akurasi pada kelas Neutrofil tampak stagnan di angka 0.83 pada ketiga model, namun jenis kesalahannya mengalami perbaikan yang sangat krusial. Pada YOLOv8 Lama, margin kesalahan sebesar 0.17 terjadi karena model salah menebak Neutrofil sebagai Monosit (*misclassification*). Dalam konteks medis, kesalahan menebak jenis sel ini sangat fatal. Pada model eksperimen terbaru (YOLOv8 Baru dan RT-DETR Baru), margin kesalahan 0.17 tersebut telah bergeser; model tidak lagi salah menebak jenis sel, melainkan hanya melewatkannya sebagai latar belakang (*background*). Pergeseran jenis kesalahan ini membuktikan bahwa eksperimen terbaru menghasilkan model yang jauh lebih aman, obyektif, dan layak dipertanggungjawabkan penggunaannya di dunia nyata.

B. Pembahasan

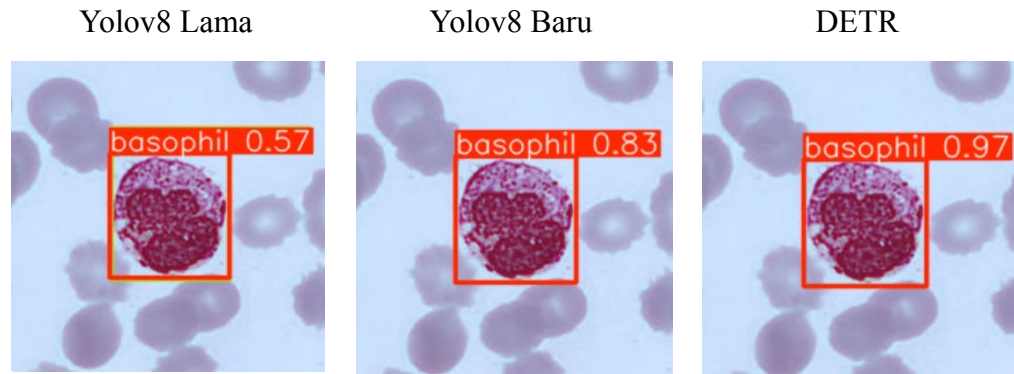
Berdasarkan serangkaian eksperimen dan evaluasi metrik kinerja yang telah dijabarkan pada bagian hasil penelitian, analisis komprehensif perlu dilakukan untuk menjawab tujuan utama dari penelitian ini. Pembahasan ini mencakup evaluasi kelayakan model, analisis arsitektur, hingga tinjauan generalisasi dan implementasi sistem dalam skenario dunia nyata.

1. Analisis Optimalisasi Pemilihan Model Terbaik

Berdasarkan komparasi performa, RT-DETR-L terbukti sebagai model yang paling optimal untuk tugas deteksi lima jenis sel darah putih. Keunggulan utamanya bukan hanya pada tingginya metrik akurasi, melainkan pada karakteristik sebaran kesalahan (*error*) yang jauh lebih aman untuk diagnosis klinis. RT-DETR mampu menghindari kesalahan fatal berupa misklasifikasi antar jenis sel—seperti yang masih terjadi pada YOLOv8—dan membatasi margin kesalahan murni sebagai kegagalan deteksi objek atau *false negative* (terbaca sebagai *background*).

Superioritas ini berakar dari perbedaan arsitektur fundamental. YOLOv8 yang berbasis *Convolutional Neural Network* (CNN) memproses citra secara lokal, sehingga rentan kebingungan dalam membedakan batas fitur ketika sel saling tumpang tindih (*overlapping*). Sebaliknya, RT-DETR memanfaatkan arsitektur *Transformer* dengan mekanisme *Self-Attention* atau *Global Context Mapping*. Mekanisme ini mengekstraksi seluruh piksel secara simultan untuk memahami konteks spasial secara utuh. Hal ini memungkinkan model mendeteksi morfologi sel yang kompleks dengan

tingkat keyakinan (*confidence score*) yang jauh lebih tajam dan stabil dibandingkan arsitektur pendahulunya.



Gambar 4. 3 Perbandingan Tingkat Keyakinan

Keunggulan arsitektur RT-DETR secara teknis tergambar jelas pada Gambar 4.3. Pada proses inferensi citra yang sama, arsitektur YOLOv8 yang merupakan *baseline* hanya mampu mendeteksi keberadaan sel Basofil dengan probabilitas keyakinan (*Confidence Score*) sebesar 57% (0.57). Di sisi lain, model RT-DETR yang dilengkapi dengan mekanisme *global context mapping* mampu menangkap fitur visual secara lebih komprehensif, sehingga berhasil mendeteksi objek yang sama dengan tingkat keyakinan yang sangat tinggi, yaitu 97% (0.97). Peningkatan *Confidence Score* ini membuktikan bahwa integrasi *Detection Transformer* (DETR) efektif menutupi kelemahan arsitektur pendahulunya dan sangat layak untuk diimplementasikan secara teknis di lingkungan laboratorium.

2. Evaluasi Hasil Pemodelan Terhadap Kebutuhan Operasional

Evaluasi pemodelan ini bertumpu pada sejauh mana model mampu menjawab permasalahan operasional di laboratorium, yaitu tingginya risiko *human error* akibat kelelahan mata (*eye fatigue*) saat ahli patologi menjalankan rutinitas pengamatan mikroskopis konvensional yang repetitif. Dengan capaian metrik *Precision* keseluruhan sebesar 0,957 dan mAP50 sebesar 0,931, model RT-DETR terbukti sangat reliabel untuk difungsikan sebagai asisten digital guna meringankan beban kerja kognitif tenaga medis.

Secara praktis klinis, keunggulan sistem ini tidak hanya terletak pada efisiensi waktu komputasi, tetapi pada profil keamanannya. Model berhasil meminimalisir misklasifikasi antar jenis sel dan membatasi sebaran *error* murni pada objek yang

terlewat (terbaca sebagai *background*). Dalam prosedur diagnostik medis, karakteristik kesalahan ini memiliki risiko yang jauh lebih minim karena tidak akan mengubah interpretasi profil imun pasien secara drastis. Dengan demikian, model ini secara meyakinkan telah memenuhi tujuan operasionalnya: mengotomatisasi alur skrining awal secara objektif, menekan kelelahan visual analis laboratorium, dan menjaga standar keselamatan diagnosis pasien.

3. Kesesuaian Hasil Pemodelan dengan *Business Understanding*

Keberhasilan pemodelan ini juga divalidasi berdasarkan pemenuhan ekspektasi teknis yang dirumuskan pada tahap *Business Understanding*. Hipotesis awal mengidentifikasi bahwa model arsitektur tradisional seperti YOLO memiliki kelemahan bawaan saat mengekstraksi fitur sel yang saling tumpang tindih (*overlapping*) dan sangat bias terhadap ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*). Untuk menambal kelemahan tersebut, penelitian ini mengusulkan ekspektasi solusi berupa integrasi arsitektur *Detection Transformer* (DETR) dan penerapan teknik augmentasi data.

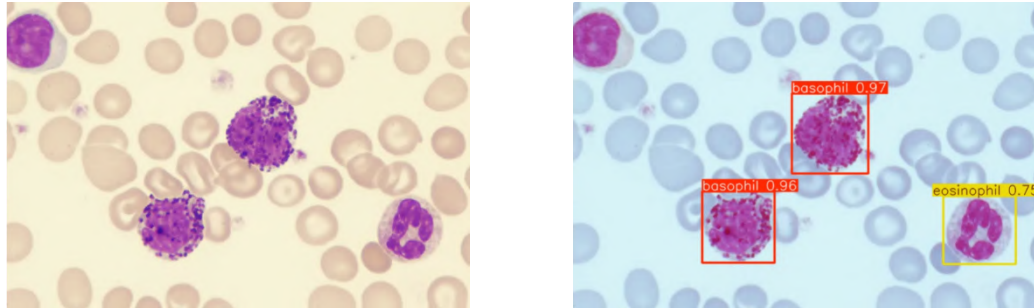
Hasil eksperimen membuktikan bahwa ekspektasi teknis tersebut terpenuhi secara mutlak. Pada model terdahulu, kelas rentan seperti Limfosit dan Monosit hanya mencapai akurasi masing-masing 0,50 dan 0,60 akibat tingginya tingkat kebingungan fitur dengan sel lain. Melalui kemampuan *Global Context Mapping* pada RT-DETR yang didukung data latih yang seimbang, akurasi pada kedua kelas minoritas tersebut berhasil didongkrak secara signifikan hingga mencapai angka sempurna (1,00) tanpa adanya misklasifikasi silang. Pencapaian empiris ini mengonfirmasi bahwa metode yang diusulkan secara meyakinkan telah berhasil menyelesaikan *research gap* sekaligus mengatasi limitasi teknis dari penelitian-penelitian pendahulunya.

4. Validitas dan Generalisasi Hasil Pemodelan

Aspek krusial lain yang perlu dievaluasi dari sebuah pemodelan *deep learning* adalah validitas dan kemampuan generalisasinya. Tingkat akurasi yang tinggi pada tahap pengujian internal seringkali belum cukup untuk membuktikan ketangguhan model, karena terdapat risiko *overfitting*, yaitu kondisi di mana model hanya "menghafal" karakteristik spesifik dari dataset pelatihannya. Untuk memastikan bahwa model RT-DETR yang dikembangkan benar-benar valid dan tidak mengalami *overfitting*, penelitian ini mempertimbangkan pengujian generalisasi melalui

3

pendekatan *Out-of-Distribution* (OOD) *Testing*. Pengujian ini dilakukan dengan mengumpulkan citra sel darah putih baru yang bersumber dari luar dataset Kaggle, seperti gambar yang diambil secara acak dari mesin pencari (Google Images), ke dalam model yang telah dilatih.



Gambar 4. 4 Pengujian generalisasi model RT_DETR

Sebagai bentuk pembuktian konkret atas kemampuan generalisasi tersebut, pengujian *Out-of-Distribution* dilakukan secara langsung menggunakan sampel citra preparat darah mikroskopis yang diunduh dari portal informasi medis eksternal (Halodoc). Citra eksternal ini secara visual memiliki profil warna latar belakang, rasio kontras pencahayaan, dan tingkat saturasi pewarnaan reagen (*staining*) yang berbeda dari distribusi dataset pelatihan awal. Citra uji tersebut kemudian diumpankan ke dalam sistem purwarupa deteksi yang telah dibangun menggunakan antarmuka *Streamlit*. Hasil inferensi model terhadap citra eksternal tersebut divisualisasikan melalui penempatan *bounding box* beserta nilai tingkat kepercayaannya (*confidence score*).

Berdasarkan hasil visualisasi inferensi sistem, model RT-DETR-L terbukti secara presisi mampu melokalisasi dan mengklasifikasikan tiga objek sel darah putih utama yang terdapat pada citra tanpa mengalami kebingungan dengan sel darah merah di sekitarnya. Model berhasil mendeteksi dua sel sebagai Basofil dengan tingkat kepercayaan yang sangat tinggi, yakni 0,97 dan 0,96. Tingginya nilai *confidence* ini menunjukkan bahwa model secara meyakinkan mampu mengenali ciri khas kepadatan granul berwarna gelap yang menutupi inti sel Basofil, meskipun gambar tersebut berasal dari instrumen yang berbeda. Selain itu, model juga berhasil mendeteksi satu sel Eosinophil di sudut kanan bawah dengan nilai kepercayaan 0,75. Pendeteksian Eosinophil ini semakin memperkuat bukti bahwa model memfokuskan ekstraksi fiturnya pada morfologi struktural—seperti inti sel yang berlobus dua (bilobus) dan sitoplasma yang lebih terang—bukan sekadar menghafal skema warna dari dataset

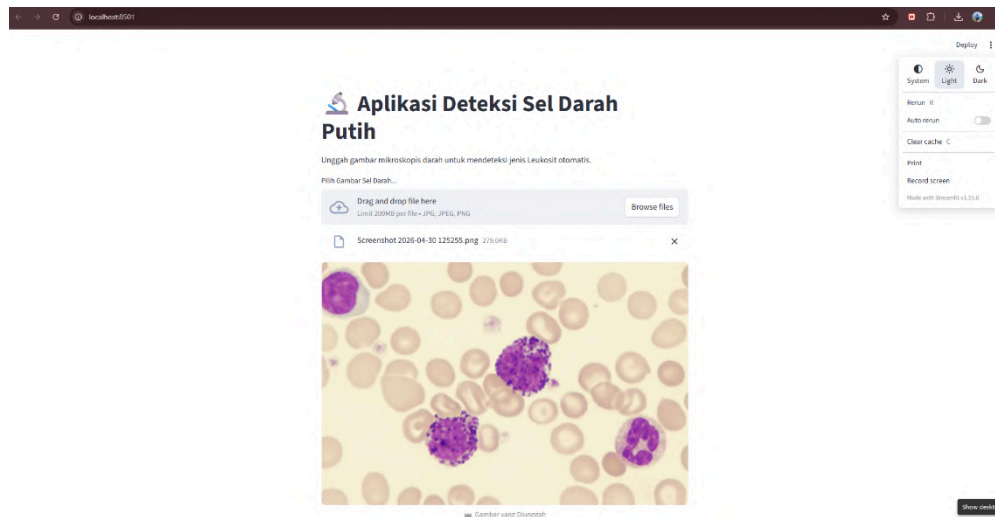
4

latih. Kesuksesan inferensi pada data riil yang belum pernah dilihat sebelumnya ini menjadi validasi puncak bahwa pemodelan yang dihasilkan dalam penelitian ini sangat tangguh (*robust*), tidak mengalami *overfitting*, dan sangat siap untuk diimplementasikan ke dalam ekosistem diagnostik laboratorium klinis yang sesungguhnya.

5. Implementasi Prototipe Sistem dan Rekomendasi Penerapan

Untuk menjembatani kesenjangan antara lingkungan pengembangan komputasi (*development environment*) dengan skenario penggunaan praktis di dunia klinis, model deteksi yang telah dilatih tidak dibiarkan hanya berwujud berkas statis atau skrip kode pemrograman. Sebagai bentuk rekomendasi penerapan riil, penelitian ini melangkah lebih jauh dengan mendelegasikan bobot model terbaik (RT-DETR) ke dalam sebuah purwarupa (*prototype*) aplikasi berbasis antarmuka grafis (*Graphical User Interface/GUI*). Pembangunan antarmuka ini direalisasikan menggunakan kerangka kerja (*framework*) Streamlit, yang secara efisien mampu mengintegrasikan algoritma inferensi *deep learning* di sistem belakang (*backend*) dengan tampilan aplikasi web interaktif di sisi pengguna (*frontend*).

37



Gambar 4. 5 Aplikasi Deteksi Sel Darah Putih Berbasis Streamlit

Berdasarkan visualisasi antarmuka pada Gambar 4.4, purwarupa "Aplikasi Deteksi Sel Darah Putih" ini dirancang secara khusus dengan mengedepankan prinsip kemudahan interaksi (*user-friendly*). Dalam lingkungan laboratorium sungguhan, tenaga medis atau ahli patologi umumnya tidak memiliki latar belakang ilmu komputer. Oleh karena itu, aplikasi ini menghilangkan keharusan pengguna untuk

mengeksekusi kode melalui terminal komputasi (*command line*). Pengguna cukup mengakses aplikasi melalui peramban web (*web browser*), kemudian mengunggah citra preparat mikroskopis darah berformat standar (seperti JPG, JPEG, atau PNG) melalui area interaktif *drag and drop* atau tombol telusur berkas. Setelah citra berhasil diunggah dan ditampilkan pada layar utama, sistem akan secara otomatis mengeksekusi proses inferensi dan memproyeksikan *bounding box* hasil klasifikasi secara *real-time*.

Keberhasilan implementasi purwarupa antarmuka ini menjadi bukti nyata bahwa luaran penelitian siap diuji coba dan divalidasi langsung oleh *end-user* di laboratorium medis. Sebagai rekomendasi perluasan untuk skala penerapan yang lebih masif, purwarupa berbasis *localhost* ini dapat dikembangkan lebih lanjut dengan cara di-*deploy* atau diunggah ke *server* komputasi awan (*cloud server*) rumah sakit maupun platform *hosting* publik. Dengan langkah tersebut, sistem asisten digital deteksi leukosit ini akan dapat diakses secara paralel oleh banyak tenaga medis dari berbagai perangkat, mewujudkan otomatisasi diagnostik yang cepat, obyektif, dan menekan potensi *human error* di fasilitas layanan kesehatan.

BAB V PENUTUP

A. Kesimpulan

Berdasarkan hasil pengujian dan analisis yang telah dilakukan, dapat ditarik kesimpulan sebagai berikut untuk menjawab rumusan masalah penelitian:

1. Implementasi integrasi arsitektur YOLOv8 dengan *Detection Transformer* (DETR) terbukti efektif dalam mengatasi keterbatasan model YOLOv8 konvensional, khususnya dalam mendeteksi sel darah putih yang saling tumpang tindih (*overlapping*). Melalui mekanisme *Global Context Mapping* pada arsitektur *Transformer*, model mampu membandingkan piksel secara simultan dan mengekstraksi konteks spasial secara menyeluruh. Hal ini mengeliminasi kebingungan ekstraksi fitur pada batas antar-sel yang bertumpuk, sehingga efektif menekan angka misklasifikasi (kesalahan menebak jenis sel) menjadi murni hanya sebagai *error* objek terlewat (*background*), yang jauh lebih aman untuk kebutuhan diagnostik klinis.
2. Berdasarkan perbandingan hasil deteksi, model integrasi RT-DETR menunjukkan peningkatan kinerja yang sangat signifikan dibandingkan arsitektur YOLOv8. Pada kelas rentan seperti Limfosit, akurasi melonjak tajam dari 0,50 (50%) pada model YOLOv8 terdahulu menjadi akurasi sempurna 1,00 (100%). Hal serupa terjadi pada kelas Monosit yang akurasinya meningkat dari rentang 0,60–0,80 (60%-80%) pada YOLOv8 menjadi 1,00 (100%) mutlak menggunakan DETR. Secara agregat, integrasi arsitektur DETR yang didukung teknik augmentasi data berhasil mencapai performa puncak dengan rata-rata Presisi 0,957, *Recall* 0,933, dan mAP50 sebesar 0,931, membuktikan besarnya peningkatan ketangguhan deteksi pada kelima jenis sel darah putih.

B. Saran

Meskipun sistem yang diusulkan telah mencapai metrik performa yang sangat memuaskan, masih terdapat beberapa keterbatasan dalam penelitian ini. Oleh karena itu, diajukan saran untuk pengembangan pada penelitian selanjutnya:

1. Optimalisasi Pemisahan Fitur Granulosit: Meskipun model telah berkinerja sangat baik, masih terdapat sedikit persentase kebingungan (sekitar 0,17) pada Matriks Kebingungan antara sel Basofil dan Neutrofil. Penelitian selanjutnya dapat

mengeksplorasi penyesuaian *hyperparameter* (*hyperparameter tuning*) yang lebih spesifik, atau mengintegrasikan mekanisme *attention* yang lebih difokuskan pada ekstraksi tekstur kepadatan granul sitoplasma, mengingat kedua sel tersebut merupakan kelompok granulosit yang secara alami sangat mirip.

2. Pengembangan ke Arah Segmentasi Instans (*Instance Segmentation*): Karena batasan penelitian ini difokuskan pada tugas deteksi objek menggunakan lokalisasi *bounding box*, penelitian selanjutnya sangat disarankan untuk mengekspansi arsitektur ke arah segmentasi instans. Pendekatan berbasis piksel ini akan memungkinkan model untuk melakukan ekstraksi morfologi lekukan sel secara utuh. Melalui segmentasi, analisis otomatis tidak hanya terbatas pada identifikasi jenis dan lokasi sel, tetapi juga mampu mengukur luasan area sel, menghitung rasio inti-sitoplasma, serta mendeteksi anomali bentuk (*shape deformation*) secara jauh lebih presisi untuk menunjang keputusan klinis ahli patologi.