

KLASIFIKASI STADIUM *TROPHOZOITE*, *SCHIZONTS*, *GAMETOCYTER* PADA SEDIAAN DARAH *PLASMODIUM FALCIPARUM* DENGAN PENDEKATAN *SUPPORT VECTOR MACHINE*

Ruliah

ABSTRAK

Identifikasi malaria secara mikroskopis membutuhkan keahlian khusus dan pengalaman analis kesehatan yang cukup. Faktor kesalahan yang terjadi dapat berupa ketidakmampuan dalam mengenal *morphology parasit* dan faktor kelelahan mata dalam melihat *morphology*, hal ini dapat memberikan dampak kesalahan diagnosis yang cukup signifikan. *Morphology Plasmodium Falciparum* dibagi menjadi tiga stadium besar; *Trophozoites*, *Schizonts* dan *Gametocyter*. Dari hasil penelitian dibidang kesehatan menunjukkan, ditemukannya *Schizonts* dalam darah tepi menunjukkan keadaan infeksi berat sehingga merupakan indikasi untuk tindakan pengobatan cepat. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi tiga bentuk stadium *parasit malaria Plasmodium Falciparum* pada citra digital preparat darah yang terindikasi mengandung parasit tersebut.

Sebelum melakukan proses identifikasi, langkah pertama dari prosedur analisis yang dilakukan pada penelitian ini adalah melakukan pemisahan objek dengan menggunakan metode segmentasi *k-mean clustering*. Langkah kedua, melakukan ekstraksi ciri terhadap citra data yang akan diuji. Ekstraksi ciri yang digunakan sebagai masukan pada sistem yang akan dibangun pada penelitian ini menggunakan ciri warna. Langkah terakhir adalah melakukan uji identifikasi mengidentifikasi tiga bentuk stadium *parasit malaria plasmodium falciparum* menggunakan *Support Vector Machine (SVM) multiclass metode ones against ones*.

Hasil dari penelitian ini menggunakan ciri warna sebagai ciri masukannya dan identifikasi menggunakan SVM dapat memberikan tingkat keberhasilan sebesar 93,33 % data citra dengan benar.

Kata Kunci : *Malaria, Morphology Plasmodium Falciparum, k-mean clustering, SVM multiclass metode ones against ones*

1. Pendahuluan

Malaria merupakan penyakit yang diakibatkan oleh parasit yang tergolong dalam filum Apicomplexa, kelas Sporozoa, ordo Haemosporida, suku Plasmodidae, dan genus *Plasmodium*. Dari 20 spesies *Plasmodium*, hanya empat spesies diantaranya yang dapat menginfeksi manusia, yaitu *Plasmodium Falciparum*, *Plasmodium Vivax*, *Plasmodium Ovale*, dan *Plasmodium Malariae* [1]. Namun kasus malaria yang banyak ditemukan di Indonesia hanya spesies *Plasmodium Falciparum*, *Plasmodium Vivax* dan *Mix (Plasmodium Falciparum dan Plasmodium Vivax berada dalam satu sample darah)*. *Plasmodium Falciparum* rentan menimbulkan kematian

[2]. Pola identifikasi yang selama ini dilakukan secara konvensional yaitu dengan menemukan parasit secara mikroskopis pada sediaan darah. Identifikasi malaria secara mikroskopis membutuhkan keahlian khusus dan pengalaman analis kesehatan yang cukup, karena faktor kesalahan yang terjadi dapat berupa ketidakmampuan dalam mengenal *morphology parasit* dan faktor kelelahan mata dalam melihat *morphology*, hal ini dapat memberikan dampak kesalahan diagnosis yang cukup signifikan [3]. Diperlukan *human computer interaction* untuk membantu pekerjaan analisis tersebut.

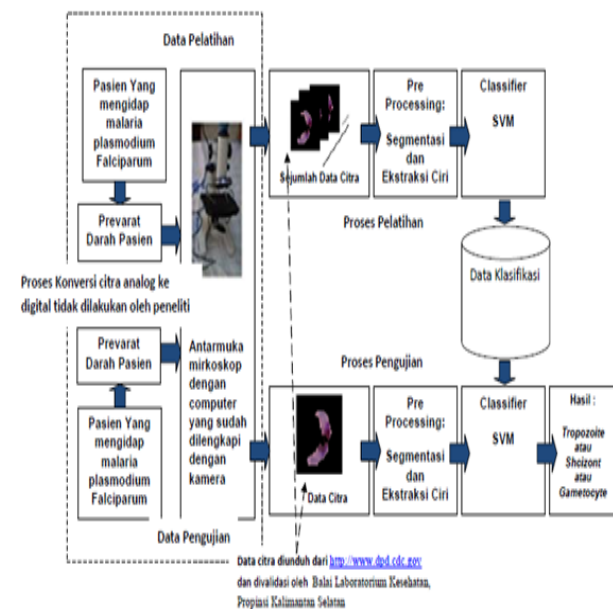
Penelitian yang berkaitan dengan *parasit malaria* dan melibatkan perkembangan teknologi dalam bidang

komputer adalah tentang pengenalan *Parasit Plasmodium Falciparum* dalam darah dengan judul “A Neural Network Architecture for Automated Recognition of Intracellular Malaria Parasites in Stained Blood Films” [4]. Sebagai data pelatihan digunakan 50 segmen citra yang terinfeksi parasit malaria *Plasmodium Falciparum* pada *cyclus ring* dan 50 segmen citra darah yang tidak terinfeksi. Metode *Back Propagation* jaringan syaraf tiruan digunakan untuk mengenali keberadaan ada atau tidaknya *Plasmodium Falciparum* pada sediaan darah hasil *capture* dari mikroskop. Tujuan dari penelitian ini adalah mengidentifikasi sediaan darah terinfeksi parasit malaria atau tidak. *Performance* yang dihasilkan cukup signifikan, namun masih mempunyai biaya komputasi yang tinggi. Dari hasil penelitian tersebut, belum dilakukan secara spesifik klasifikasi atau identifikasi terhadap *Morphology Plasmodium Falciparum*. *Morphology Plasmodium Falciparum* dibagi menjadi tiga stadium besar; *Trophozoite*, *Schizonts* dan *Gametocyter*. Dari hasil penelitian dibidang kesehatan menunjukkan, ditemukannya *Schizonts* dalam darah tepi menunjukkan keadaan infeksi berat sehingga merupakan indikasi untuk tindakan pengobatan cepat [2]. Dimana stadium *Trophozoite* yaitu parasit dalam proses pertumbuhan, Stadium *Shizont* yaitu parasit dalam proses pembiakan dan *Gametocyter* yaitu parasit dalam proses pembentukan kelamin.[2].

Pola yang dilihat pada identifikasi secara mikroskopis, tidak hanya pada perubahan *teksture*, namun juga dipengaruhi oleh unsur warna dari masing-masing *plasmodium*. [1], melakukan identifikasi parasit malaria pada *Plasmodium Falciparum* menggunakan *Learning Vector Quantization* (LVQ) dengan empat *hidden neuron*. Hasil yang dicapai pada

penelitiannya menunjukkan bahwa ciri warna dapat memberikan tingkat keberhasilan yang lebih tinggi dibanding ciri histogram. JST LVQ dengan input ciri warna berhasil mengidentifikasi 91,67% data citra dengan benar dan 81,25% berhasil diidentifikasi dengan benar dengan ciri statistik histogram sebagai ciri masukannya. Pada kasus identifikasi *Plasmodium Falciparum* dilapangan, sebaran data pada citra yang dihasilkan dari Sediaan Darah dominan mempunyai sebaran data yang tidak *linear*. Sehingga memerlukan sebuah metode yang proporsional bekerja pada *problem non linier*.

2. Disain Sistem

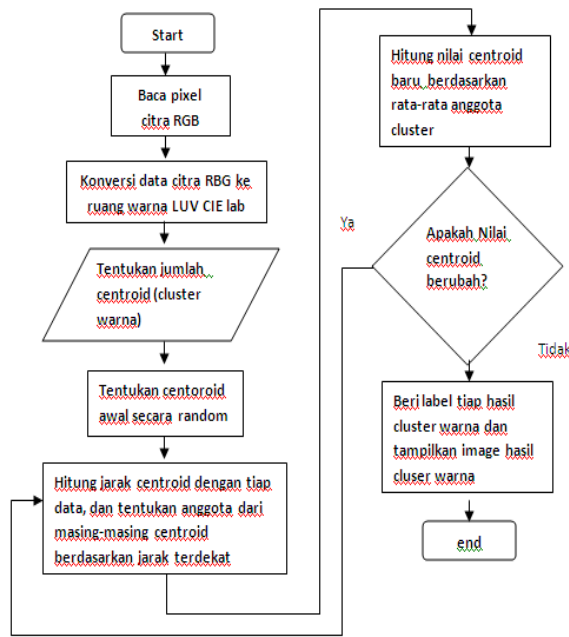


Gambar 1. Diagram blok penelitian

2. Preprocessing

Proses preprocessing sebelum proses klasifikasi melalui 2 tahapan, yaitu segmentasi warna dan ekstraksi ciri. Segmentasi dilakukan untuk memisahkan unsur warna berdasarkan intensitas warna. Hal ini didasarkan

bahwa dalam tiap obyek plasmodium mempunyai perbedaan warna, sehingga ciri warna yang akan diambil pada saat ekstraksi ciri pada proses berikutnya.



Gambar 2. Flowchart proses *k-means* clustering

Berikut ini adalah hasil segmentasi warna plasmodium menggunakan jumlah *cluster* 3, dan sudah diambil hasil *cluster* terbaik dari 2 hasil *cluster* lainnya.



(a)



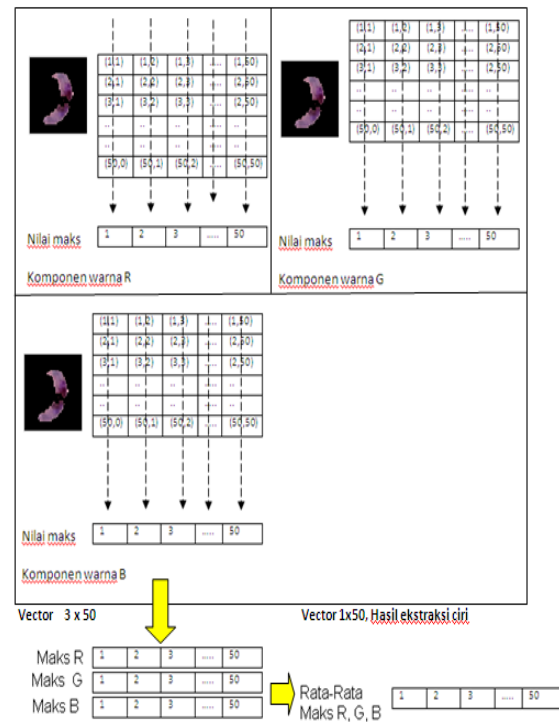
(b)

(a) Citra plasmodium sebelum *cluster*
(b) (b) citra plasmodium hasil *cluster*

Gambar 3. Hasil proses *Kmeans* clustering

Hasil *cluster* terbaik selanjutnya diekstraksi untuk mendapatkan rata-rata nilai maksimum dari komponen warna R, G dan B. Hasil *cluster* menggunakan *kmeans*

berada dalam ruang warna RGB. Proses ekstraksi ciri dapat digambarkan dengan proses berikut :



Gambar 4. Proses ekstraksi ciri

Tiap citra hasil ekstraksi ciri mempunyai ukuran data vector matrik 1 x 50. Proses berikutnya melakukan proses pelatihan menggunakan SVM *multiclass metode ones against ones*

3. Identifikasi Menggunakan SVM

Data pelatihan yang sudah diekstraksi ciri, selanjutnya menjadi data pelatihan SVM. SVM mempunyai dasar klasifikasi 2 kelas (biner). Karena klasifikasi yang dilakukan pada penelitian ini menggunakan 3 kelas, yaitu *Trophozoite*, *Schizonts* dan *Gametocyter* sehingga jumlah SVM biner dihitung menggunakan rumus $k(k+1) / 2$; (k adalah jumlah kelas) dan menghasilkan 3 buah SVM biner. SVM biner yang pertama terdiri dari, *Trophozoite* sebagai kelas 1 dan *Schizonts* sebagai kelas -

1, dan seterusnya seperti yang ditunjukkan pada tabel 1.

Tabel 1. Tiga buah SVM biner dengan metode *ones against ones*

$y_j = 1$	$y_i = -1$	Hipotesis	Training	SVM
<i>Trophozoite</i>	<i>Schizonts</i>	$f^{12}(x) = (w^{12})x + b^{12}$	<i>Trophozoite</i> dan <i>Schizonts</i>	SVM biner Pertama
<i>Trophozoite</i>	<i>Gametocyter</i>	$f^{13}(x) = (w^{13})x + b^{13}$	<i>Trophozoite</i> dan <i>Gametocyter</i>	SVM biner Kedua
<i>Schizonts</i>	<i>Gametocyter</i>	$f^{23}(x) = (w^{23})x + b^{23}$	<i>Schizonts</i> dan <i>Gametocyter</i>	SVM biner Ketiga

Untuk setiap SVM biner, dimulai dari SVM biner yang pertama sampai dengan SVM biner yang ketiga, akan melalui proses pemetaan ke *feature space* menggunakan kernel RBF, mencari sejumlah data pelatihan apakah memiliki nilai $\alpha > 0$ hal ini untuk mendapatkan data pelatihan tersebut sebagai *support vector* atau tidak. Dan yang proses yang terakhir untuk mendapatkan nilai *bias*. Sehingga solusi bidang pemisah terbaik dapat ditemukan. Proses tersebut dapat dijabarkan sebagai berikut :

Salah satu metode yang digunakan SVM untuk mengklasifikasikan data yang mempunyai sebaran data *non linier* adalah dengan mentransformasikan data ke dalam dimensi ruang fitur (*feature space*), sehingga dapat dipisahkan secara *linier* pada *feature space*. Karena *feature space* dalam prakteknya biasanya memiliki dimensi yang lebih tinggi dari vektor input (*input space*). Hal ini mengakibatkan komputasi pada *feature space* sangat besar, karena ada kemungkinan *feature space* dapat memiliki jumlah *feature* yang tidak terhingga. Maka pada SVM digunakan "*kernel trick*". Fungsi kernel yang digunakan pada penelitian ini adalah *Radial Basis Function* (RBF) [14]

$$K(x_i, x_j) = \exp(-\gamma |x_i - x_j|^2), \gamma > 0 \quad \dots(1)$$

Sejumlah *support vector* pada setiap data pelatihan harus dicari untuk mendapatkan solusi bidang pemisah terbaik. Persoalan solusi bidang pemisah terbaik dapat dirumuskan :

$$Q(\alpha) = \sum_{i=1}^l \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^l \alpha_i \alpha_j y_i y_j \bar{x}_i \bar{x}_j \quad \dots\dots(2)$$

Subject to :

$$\alpha_i \geq 0 (i=1,2,\dots,l) \quad \sum_{i=1}^l \alpha_i y_i = 0$$

Data $\bar{x}_i$ yang berkorelasi dengan $\alpha_i > 0$ inilah yang disebut sebagai *support vector*. Dengan demikian, dapat diperoleh nilai yang nantinya digunakan untuk menemukan w . Solusi bidang pemisah didapatkan dengan rumus $w = \sum \alpha_i y_i \bar{x}_i$; $b = y_k - w^T x_k$ untuk setiap x_k , dengan $\alpha_k \neq 0$ [13].

Proses tersebut berulang untuk setiap SVM biner. Setelah proses pelatihan selesai dilakukan, maka dilanjutkan dengan proses pengujian.

Proses pengujian atau klasifikasi dilakukan juga pada setiap SVM biner menggunakan nilai α dan b yang dihasilkan pada proses pelatihan di setiap SVM biner. Fungsi yang dihasilkan untuk proses pengujian adalah :

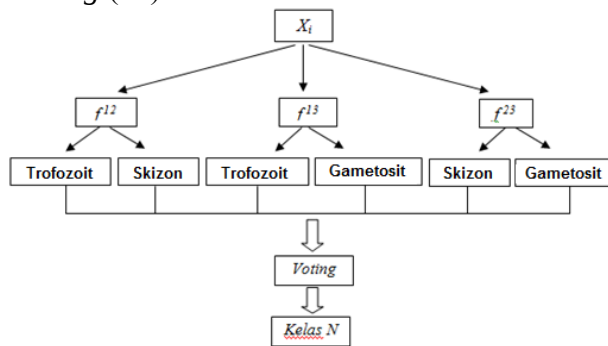
$$f(x_d) = \sum_{i=1}^{ns} \alpha_i y_i K(x_i, x_d) + b \quad \dots(3)$$

(x_i = *support vector*; x_d = *data pengujian*)

Jika $f(x_d) \geq +1$ maka kelas untuk x_d adalah +1, dan jika $f(x_d) \leq -1$ maka kelas untuk x_d adalah -1.

Setelah keseluruhan $k(k-1)/2$ model klasifikasi selesai dibangun, terdapat beberapa metode untuk melakukan

pengujian. Salah satunya adalah metode *voting* (14).



Gambar 5. Proses *voting* menggunakan diagram klasifikasi SVM metode *one against ones*

Pada gambar 5 jika data x dimasukkan ke dalam fungsi hasil pelatihan pada persamaan berikut :

$$f(x) = (w^{ij})^T \phi(x) + b \quad \dots\dots\dots(4)$$

dan hasilnya menyatakan x adalah kelas i , maka suara untuk kelas i ditambah satu. Kelas dari data x akan ditentukan dari jumlah suara terbanyak. Jika terdapat dua buah kelas yang jumlah suaranya sama, maka kelas yang indeksnya lebih kecil dinyatakan sebagai kelas dari data. Jadi pada pendekatan ini terdapat $k(k-1)/2$ buah permasalahan *quadratic programming* yang masing-masing memiliki $2n/k$ variabel (n adalah jumlah data pelatihan).

4. Hasil dan Pembahasan

Data yang digunakan pada penelitian ini data *sample* darah yang terdeteksi mengandung parasit malaria *Plasmodium Falciparum* yang mengandung *morphology stadium Trophozoite*, *Schizont* atau *Gametocyte*, masing masing kelas 15 *sample* untuk dilakukan identifikasi dengan pembagian 10 *sample* sebagai data

pelatihan dan 5 *sample* sebagai data pengujian yang disimpan pada folder tertentu.

Tabel 2. Distribusi data pelatihan dan data pengujian

Data	Plasmodium Falciparum		
	Trophozoite	Schizonts	Gametocyte
Data Pelatihan	Sampel ke 1 s/d 5 dan 11 s/d 15	Sampel ke 1 s/d 5 dan 11 s/d 15	Sampel ke 1 s/d 5 dan 11 s/d 15
	Parasit1_1.png s/d Parasit1_5.png Dan Parasit1_11.png s/d Parasit1_15.png	Parasit2_1.png s/d Parasit2_5.png Dan Parasit2_11.png s/d Parasit2_15.png	Parasit3_1.png s/d Parasit3_5.png Dan Parasit3_11.png s/d Parasit3_15.png
	10	10	10
	30		
	Sampel ke 6 s/d 10	Sampel ke 6 s/d 10	Sampel ke 6 s/d 10
	Parasit1_6.png s/d Parasit1_10.png	Parasit2_6.png s/d Parasit2_10.png	Parasit3_6.png s/d Parasit3_10.png
Data Pengujian	5	5	5
	15		

Tiap data citra mempunyai dimensi 50 x 50 pixel. Data pelatihan dan pengujian melalui tahapan proses seperti pada blok diagram penelitian gambar 1. Setelah melalui tahapan segmentasi dan dipilih hasil *cluster* terbaik, Tiap data citra hasil *cluster* kemudian diekstraksi ciri untuk diambil rata-rata nilai maksimum dari komponen warna RGB. Hasil ekstraksi ciri tiap data citra hasil *cluster* mempunyai ukuran dimensi 1x50. Seluruh data pelatihan selanjutnya disusun berdasarkan komposisi data pelatihan untuk 3 SVM biner. SVM biner pertama mempunyai dimensi data vector matriks 20 x 50 untuk 10 data *trophozoite* dan 10 data *schizont*, SVM biner kedua mempunyai dimensi data vector matriks 20 x 50 untuk 10 data *trophozoite* dan 10 data *gametocyte*, dan yang terakhir SVM biner ketiga mempunyai dimensi data vector matriks 20 x 50 untuk 10 data *Schizont* dan 10 data *gametocyte*, Setiap Sampel baik data uji maupun data pelatihan yang diproses menggunakan SVM

Biner dinormalisasi terlebih dahulu sehingga seluruh nilai pixel diantara -1 dan 1. Target dari hasil pelatihan ini adalah mencari *Hyperplane* terbaik pada masing-masing SVM biner, yang akan digunakan untuk mengidentifikasi setiap data uji, apakah berada dikelas -1 atau +1. Setiap data pelatihan mempunyai nilai alpha yang dicari menggunakan *quadratic programming*. Nilai alpha tersebut menentukan apakah setiap data pelatihan sebagai *support vector* atau bukan. Nilai alpha yang melebihi threshold yang telah ditentukan itulah yang dapat dikatakan sebagai *support vector*. Pada penelitian ini digunakan *threshold alpha* > 1e-5.

Seperti halnya data pelatihan yang disusun menjadi 3 buah SVM biner. maka untuk mengklasifikasi data uji, setiap data uji tersebut diproses dalam setiap SVM biner. Setiap sampel data uji dinormalisasi terlebih dahulu sehingga seluruh nilai pixel diantara -1 dan 1. dan selanjutnya dipetakan ke *feature space* menggunakan kernel RBF.

Proses pengujian mengikuti rumus 3. untuk menentukan apakah hasil dari rumus tersebut bernilai *negative* atau *positive*. Jika hasilnya adalah *negative* maka data uji tersebut berada pada kelas -1 dan jika hasilnya *positive* maka data uji tersebut berada pada kelas +1. Pembagian label +1 dan -1 untuk data pada setiap SVM biner dapat ditunjukkan pada tabel 3.

Tabel 3. Pembagian label untuk data pelatihan

	SVM Biner 1		SVM Biner 2		SVM Biner 3	
Nama Sample	Trophozoite	Schizonts	Trophozoite	Gametocyter	Schizonts	Gametocyter
Label	+1	-1	+1	-1	+1	-1

Jika kelas +1 adalah lebel untuk *Trophozoite* dan kelas -1 adalah lebel untuk *Schizonts*, sedangkan hasil dari SVM biner tersebut bernilai *positive*, maka hasil klasifikasi untuk kelas SVM biner tersebut adalah *Trophozoite* atau nilai *voting Trophozoite*

bertambah 1. Setelah data uji tersebut diproses pada masing-masing SVM biner, maka hasil pengujian akhir mengikuti metode *ones against ones SVM multiclass*. Penentuan suatu data uji masuk dalam kelas *Trophozoite* atau *Schizonts* atau *Gametocyter*, yaitu dengan melakukan *voting* dari hasil seluruh SVM biner.

Tabel 4. Hasil pengujian Trophozoites pada tiap SVM Biner

Data Uji	Hasil Identifikasi Pada Setiap SVM Biner						Hasil Voting
	SVM Biner 1		SVM Biner 2		SVM Biner 3		
	Label	Parasit	Label	Parasit	Label	Parasit	
Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Gametocyte	Trophozoite

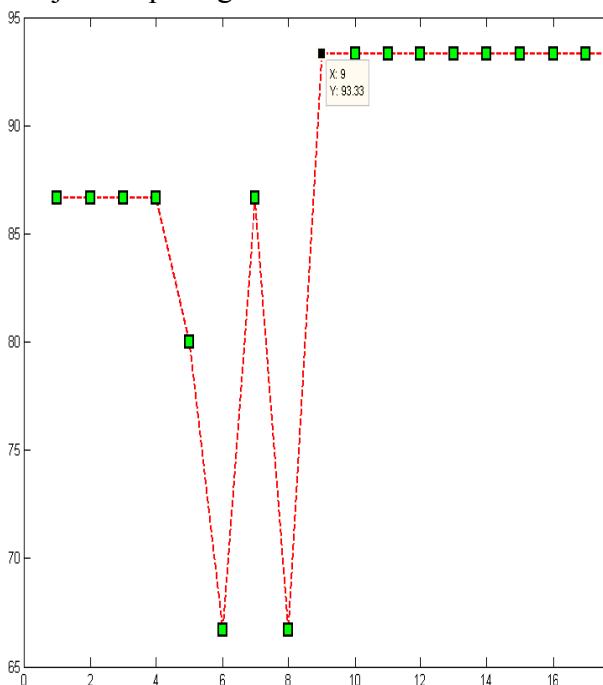
Tabel 4. menunjukkan hasil pengujian sebuah data uji yang diproses pada SVM biner 1, SVM biner 2 dan SVM biner3. Jika pada SVM biner 1, suatu data uji dinyatakan sebagai *Trophozoite*, di SVM biner 2 dinyatakan sebagai *Trophozoite* dan di SVM biner 3 dinyatakan sebagai *Gametocyte*, maka nilai voting untuk data uji tersebut yang terbanyak adalah *Trophozoite*. Dan hasil identifikasi akhir/hasil voting dari data uji tersebut dinyatakan sebagai *Trophozoite*. Hasil keseluruhan pengujian dapat dilihat pada tabel berikut :

Tabel 5. Hasil pengujian seluruh data uji pada tiap SVM biner

No	Data Uji	Hasil Identifikasi Pada Setiap SVM Biner						Hasil Voting
		SVM Biner 1		SVM Biner 2		SVM Biner 3		
		Label	Parasit	Label	Parasit	Label	Parasit	
1	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Schizonts	Trophozoite
2	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	Trophozoite
3	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	Trophozoite
4	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	Trophozoite
5	Trophozoite	1	Trophozoite	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	Trophozoite
6	Schizonts	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts
7	Schizonts	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts
8	Schizonts	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts
9	Schizonts	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts

No	Data Uji	Hasil Identifikasi Pada Setiap SVM Biner						Hasil V
		SVM Biner 1		SVM Biner 2		SVM Biner 3		
		Label	Parasit	Label	Parasit	Label	Parasit	
10	Schizonts	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts
11	Gametocyter	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	-1	Gametocyter	Gametocyter
12	Gametocyter	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	1	Schizonts	Schizonts
13	Gametocyter	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	-1	Gametocyter	Gametocyter
14	Gametocyter	1	Trophozoite	-1	Gametocyter	-1	Gametocyter	Gametocyter
15	Gametocyter	-1	Schizonts	-1	Gametocyter	-1	Gametocyter	Gametocyter

Hasil akurasi identifikasi 93.33% didapatkan setelah melalui beberapa tahap proses pelatihan untuk mendapatkan *hyperplane* terbaik. Gambar plot proses pelatihan untuk mendapatkan akurasi 93.33% yang diambil dari proses matlab ditunjukkan pada gambar berikut ini :

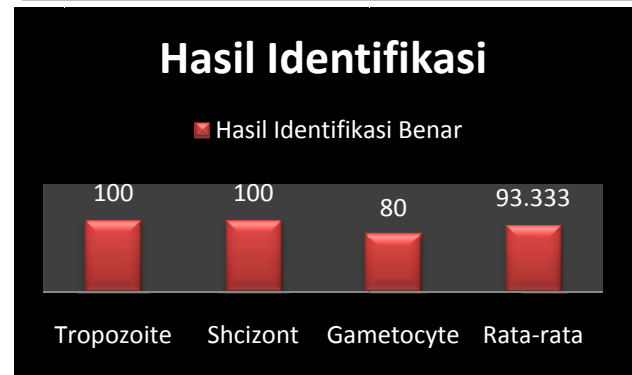


Gambar 6. Gambar proses pelatihan dan pengujian dengan nilai akurasi 93,33% pada pelatihan ke 20

Hasil akurasi pengujian dapat ditunjukkan pada tabel dan gambar diagram batang berikut:

Tabel 6. Tingkat akurasi hasil identifikasi *Plasmodium Falciparum*

Tingkat Akurasi			Rata-Rata Tingkat Akurasi Hasil Identifikasi
<i>Trophozoites</i>	<i>Schizonts</i>	<i>Gametocyter</i>	
100%	100%	80%	93.33%



Gambar 7. Grafik Batang Tingkat Akurasi Hasil Identifikasi *Plasmodium Falciparum*

5. Kesimpulan

Berdasarkan uji coba dan analisis hasil pengujian terhadap Sistem *Identifikasi Plasmodium falciparum* Dalam Sample Darah Menggunakan *Support Vector Machine*, dapat disimpulkan sebagai berikut:

1. Tahapan penelitian yang dilakukan meliputi pengolahan citra digital untuk mengkonversi ruang warna citra dari RGB ke CIE Lab. Dilanjutkan dengan proses segmentasi citra menggunakan *k-mean clustering*. Proses terakhir adalah pelatihan dan identifikasi menggunakan *support vector machine*.
2. Data citra yang digunakan cukup terbatas yaitu 45 citra parasit, terdiri dari 15 citra *Trophozoites*, 15 citra *Schizonts*, 15 citra *Gametocyter* pada percobaan pertama dan 90 citra parasit, terdiri dari 30 citra *Trophozoites*, 30 citra *Schizonts*, 30 citra *Gametocyter* pada percobaan kedua. Hal ini dikarenakan data yang

digunakan disesuaikan dengan data penelitian sebelumnya yang diunduh dari <http://www.dpd.cdc.gov> dan Data pada penelitian ini berdasarkan data validasi yang sudah didapat pada Balai Laboratorium Kesehatan, Propinsi Kalimantan Selatan.

3. Segmentasi menggunakan *k-means clustering* dilakukan dengan nilai $k = 3$ (k adalah jumlah *cluster*). Pada eksperimen yang telah dilakukan dengan menambah nilai k pada kelompok sampel ini, objek akan ikut tereduksi dengan warna objek lainnya sehingga objek akan rusak / hilang bila diberi nilai k yang lebih besar dari 3. Sehingga jumlah *cluster* dengan nilai $k=3$, pada penelitian ini mempunyai hasil segmentasi yang lebih baik untuk meningkatkan akurasi identifikasi.
4. Pada proses ekstraksi ciri, ciri warna yang dipakai adalah rata-rata nilai maksimum dari komponen warna RGB dan dapat mengenali pola pada citra parasit *plasmodium falciparum* dengan rata-rata tingkat akurasi keberhasilan sebesar 93.33%,
5. Tingkat akurasi hasil identifikasi setiap jenis *plasmodium falciparum* menggunakan *Support Vector Machine* yaitu *Throphozoites* (100 %), *Schizonts* (100%), *Gametocyter* (80%). Rata-rata akurasi hasil identifikasi keseluruhan sebesar 93.33 %. Hasil identifikasi *plasmodium falciparum* pada penelitian sebelumnya yang mencapai 91.76% dapat ditingkatkan menjadi 93.33% menggunakan pendekatan *Support Vector Machine*.

6. Daftar Pustaka

- [1]. Iis Hamsir Ayub, Adhi Susanto, and Litasari, 2008. *Classification of Plasmodium Falciparum using Learning Vector Quantization Neural Network*. BME Day 2008, Surabaya : 17
- [2]. Departemen Kesehatan RI, 1991, *Pemeriksaan Parasit Malaria Secara Mikroskopik*, hal : 45 : 49, Jakarta
- [3]. Muslim, 2009, *Parasitologi untuk Keperawatan*, EGC, Jakarta
- [4]. Premaratne, SP., Nadira Dharshani Karunaweera., Shyam Fernando, W. Supun R. Parera., and R.P. Asanga S Rajapahaksa, 2006. *A Neural Network Architecture For Automated Recognition of Intracellular Malaria Parasites in Stained Blood Film*. HYPERLINK
"http://www.lanka.com.lk"
<http://www.lanka.com.lk> .
- [5]. Qussay A. Salih., Abdul Rahman Ramli., Rozi Mahmud, dan Rahmita Wirza, 2004. *3D Visualization For Blood Cells Analysis Versus Edge Detection*, The internet Journal of Medical Technologi.
- [6]. Nursuprianah, Indah., 2005. *Suatu Model Matematika Dinamika Parasit Malaria Dalam Tubuh Manusia*, Bandung , ITB Central Library
- [7]. Stivala, David, Alexander, 2008, *Computational Gene Finding in the Human MalariaParasite Plasmodium vivax*, University Library Digital Repository , Melbourne.
- [8]. Bastian, Olivier, 2006. *Developpments Theoriques et Methods Numeriques Pour Les Analysys Comparatives de Genomes Et Proteomes Biaisés Application A La Comparaison des Genmes et*

- Proteomes de Plasmodium Falciparum et D'arabidopsis Thaliana*, Tehes Doctuer De L'Universite Joseph Four.
- [9]. Widiastuti, Sri., 2006, *Penggunaan Jaringan Syaraf Tiruan untuk Prediksi Pengambilan Tindakan Medis Pasien Berdasarkan Diagnosis Klinis*. Tesis. Teknik Elektro. Universitas Gajah Mada.
- [10]. Hendriyono, 2009, *Malaria*, Banjarmasin, Fakultas Kedokteran
- [11]. Nalwan, A. 1997. *Pengolahan Gambar Secara Digital*, Elek Media Komputindo, Jakarta.
- [12]. Nugroho, Anto Satriyo, 2008, *Support Vector Machine*, PTI & Komunikasi BPP Teknologi, Bandung
- [13]. Nugroho, Anto Satriyo., Witarto, Budi Arief, Handoko, Dwi., 2003, *Support Vector Machine – Teori dan Aplikasinya Dalam Bioinformatika*, BPP, Teknologi.
- [14]. Sembiring, Krisantus., 2007, *Tutorial SVM Bahasa Indonesia*, Bandung, Teknik Informatika ITB.
- [15]. Hsu, Chih-Wei, Chih-Jen Lin, 2002. *A Comparison of Methods for Multiclass Support Vector Machine*, IEEE Transactions on Neural Networks.
- [16]. Angulo, Jesus and Georges Flandrin, 2005, *Microscopic image analysis using mathematical morphology: Application to haematological cytology*, Science, Technology and Education of Microscopy
- [17]. Mixer, F.Mark, 2004. *Blood and Tissue Protozoa*, Departement of Tropical Medicine School of Public Health
- [18]. Hsu, Chih-Wei et al. 2004, *A Practical Guide to Support Vector Classification*, Department of Computer Science and Information Engineering, National Taiwan University, Taiwan.
- [19]. Michael, Biehl, Anarto, Ghosh, Barabara, Hammer, 2007, *Dynamic and Generalization Ability of LVQ Algorithms*, MIT.Press
- [20]. Xiang, Sean, Zhou, Thomas, S, Huang, 2001, *Comparing Discriminating Transformations and SVM for Learning During Multimedia Retrieval*, ACM
- [21]. Sergio, Herrero et al., 2007, *Parallel Multiclass Classification Using on GPUs*, USA, Massachusetts Institute of Technology.
- [22]. Lin, Pei-Yi, Hao, and Yen-Hsiu, 2006, *A New Multi-Class Support Vector Machine with Multi-Sphere in the Feature Space*, Taiwan, National Cheng King University Tainan.
- [23]. Nugroho, Anto, Satriyo., 2000, *Support Vector Machine*, Bandung, Pusat Teknologi Informasi & Komunikasi, BPP Teknologi
- [24]. Uttara, Y., S. Sanon. Y. Traore, V. Mahiou, N. Azas and L. Sawadogo, 2006. *Antimalarial Activity of Swartzia Madagascariensis Desv. (Leguminosae), Combretum glitinosum Guill. & Perr.(Combretaceae) and Tinospora bakis Miers.(Menispermaceae)*, Burkina Faso Medicinal Plants, Fr, J. Tras. 3(1): 75-81.
- [25]. Prasetyorini Nurul, 2008, *Aktivitas Ekstrak Herba Sambiloto, Daun Pepaya, dan Buah Pare-pare Terhadap Plasmodium Falciparum*, Bandung, ITB Central Library
- [26]. Santoso, Budi., 2007, *Data Mining, Teknik Pemanfaatan Data untuk Keperluan Bisnis*, Surabaya, Graha Ilmu.

- [27]. Santoso, Budi, 2007, *Data Mining Terapan dengan MatLab*, Surabaya, Graha Ilmu.
- [28]. T.Sutoyo, Edy Mulyanto, et al. , 2009, *Teori Pengolahan Citra Digital*, Semarang, Andi Offset
- [29]. Siang, Jong Jek,. *Jaringan Syaraf Tiruan*, 2004, Yogyakarta, Andi Offset.
- [30]. Mauridhi, Hery, Purnomo,. Agus, Kurniawan., 2006, *Supervised Neural Network dan Aplikasinya*, Surabaya, Graha Ilmu.
- [31]. Sugiharto, Aris., *Pemrograman GUI dengan MalLab*, 2006, Semarang, Andi Offset
- [32]. Projono, Marvin, Sh. Wijaya & Agus, 2007, *Pengolahan Citra Digital Menggunakan MatLab*, Bandung, Informatika
- [33]. Markos ,Papadonikolakis, Christos-Savvas Bouganis,. 2010, *A Heterogeneous FPGA Architecture for Support Vector Machine Training*, IEEE Annual International Symposium on Field Programmable Custom.
- [34]. Changlin ,Wang, Yimei ,Song,.2010, *Support Vector Machine for Mechanical Faults Diagnosis*, International Conference on Measuring Technology and Mechatronics Automation.
- [35]. Chaobin, Liu1, Yuexiang, Yang1, Chuan, Tang2,. 2010, *An Improved Method for Multi-class Support Vector Machines*, International Conference on Measuring Technology and Mechatronics Automation
- [36]. Victor, Osamor, & Ezekiel, Adebisi,. 2009, *Comparative Functional Classification of Plasmodium falciparum Genes Using kmeansClustering*, International Association of Computer Science

and Information Technology- Spring Conference.

Penulis:

**Dra. Hj. Ruliah S., M.Kom.
Dosen Tetap Yayasan Mandiri
pada STMIK BANJARBARU**