

TEKNIK PEMOTONGAN CITRA KROMOSOM TUMPANG TINDIH ATAU BERSENTUHAN

Moehammad Sarosa

Teknik Elektro, Politeknik Negeri Malang

E-mail: msarosa@yahoo.com

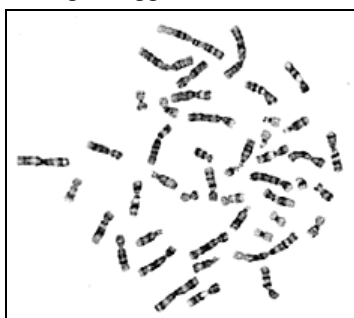
Abstrak

Dalam melakukan analisis citra kromosom seringkali ditemukan kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan, hal ini akan menyulitkan proses analisis karena ekstraksi ciri struktur pita kromosom tidak dapat dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk mencari teknik/cara pemotongan/pemisahan citra kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan. Tahapan pemotongan citra kromosom terbagi dalam dua tahap yaitu segmentasi untuk memilah citra kromosom dari latar belakangnya, dan dilanjutkan dengan separasi yaitu memisahkan citra kromosom dari citra utama berdasarkan hasil analisis background dan foreground suatu citra kromosom. Proses analisis background dan foreground terbagi dalam tiga langkah, langkah pertama melakukan proses penipisan dan deteksi tepian terhadap daerah background dan foreground citra kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan. Langkah kedua mengekstraksi ciri titik-titik pada kerangka-kerangka hasil proses penipisan dan deteksi tepian. Langkah terakhir, berdasarkan hasil ekstraksi ciri titik yang diperoleh dilakukan pencarian koordinat posisi pemotongan dan melakukan separasi untuk memisahkan citra kromosom dari citra utama.

Kata kunci: citra kromosom, segmentasi, analisis background/foreground, penipisan kerangka, deteksi tepian.

1. PENDAHULUAN

Citra kromosom adalah suatu citra yang berisikan sekumpulan kromosom hasil dari pemotretan kromosom-kromosom suatu sel yang sedang mengalami pembelahan. Bentuk maupun posisi suatu kromosom dalam setiap citra kromosom selalu acak. Sebuah contoh citra kromosom ditampilkan pada Gambar 1. Ketidak-teraturan ini mengakibatkan kemungkinan terjadinya dua atau lebih kromosom saling tumpang tindih atau bersentuhan sangat tinggi.



Gambar 1. Citra Kromosom [4]

Tabel 1 Gaya sentuhan citra kromosom

Kategori	Tipe	Gaya Sentuhan	Contoh
Tunggal	1		
Ber-sentuhan	2		
Tumpang tindih	3		

Berdasarkan posisi atau gaya sentuhannya, citra kromosom dapat dibedakan dalam 3 kategori, yaitu kromosom tunggal, kromosom bersentuhan, dan kromosom tumpang tindih. Pada Tabel 1 ditampilkan contoh ketiga macam kategori tersebut.

2. PENGOLAHAN CITRA KROMOSOM

Proses pengolahan citra kromosom merupakan proses awal yang harus dilakukan untuk memperbaiki kualitas citra sebelum dilakukan proses segmentasi dan separasi (pemisahan) citra. Proses pengolahan citra pada penelitian ini menggunakan metoda-metoda yang berbasis bidang spasial, yaitu penghalusan dan penajaman tepian citra, secara lengkap dijelaskan pada Gonzales & Wintz, (1992).

3. SEGMENTASI DAN SEPARASI

Proses segmentasi citra merupakan proses pemilahan citra sehingga citra kromosom dapat dibedakan dengan citra dasarnya. Pada penelitian ini segmentasi biner dilakukan sebelum deteksi tepian untuk mendapatkan batas-batas lokasi kromosom dalam citra. Sedangkan proses separasi citra merupakan proses pemisahan segmen citra kromosom dari citra utama. Kesuksesan proses analisis kromosom sangat bergantung pada keberhasilan dalam melakukan proses pemotongan (segmentasi dan separasi) citra kromosom.

a. Segmentasi Biner

Segmentasi ini pada prinsipnya memilah daerah-daerah pada citra utama berdasarkan derajat keabuannya. Persamaan (1) akan menyeleksi piksel-piksel citra kromosom sesuai dengan nilai ambang T (Gonzales & Wintz, 1992).

$$R(x, y) = \begin{cases} 1 & \text{jika } f(x, y) \geq T \\ 0 & \text{sebaliknya} \end{cases} \quad (1)$$

b. Separasi Citra

Separasi citra adalah proses memisahkan masing-masing citra kromosom menjadi *n* buah citra tunggal (segmen). Dalam satu segmen hanya terdapat sebuah citra kromosom. Untuk melakukan proses ini diperlukan dua buah citra, pertama citra asli yang akan dipisah-pisahkan citranya, dan kedua citra hasil proses segmentasi biner sebagai acuan untuk menentukan posisi citra yang akan dipisahkan. Piksel-piksel citra bernilai ‘1’ (mewakili piksel warna hitam) dan ‘0’ (mewakili piksel warna putih).

Proses separasi citra dapat pula dianggap sebagai melakukan pengkopian sekelompok piksel yang membentuk sebuah citra ke *n* buah tempat citra tunggal. Mekanisme proses separasi citra diperlihatkan pada Gambar 2 dengan urutan pengkopian piksel menggunakan aturan diagram pohon biner. Diagram pohon ini dibangun menggunakan acuan *mask* separasi piksel seperti ditampilkan pada Gambar 2b. Setiap piksel $f(x,y)$ memiliki satu atau lebih piksel tetangga yaitu di sebelah timur $f(x+1,y)$, dan di sebelah selatan $f(x,y+1)$ kecuali piksel terakhir. Dengan dimulai dari piksel paling utara dan timur, $f(x,y)$ *mask* pengkopian digerakkan, sesuai koordinat piksel tetangganya di sebelah timur $(x+1,y)$ dan di sebelah barat $(x,y+1)$.

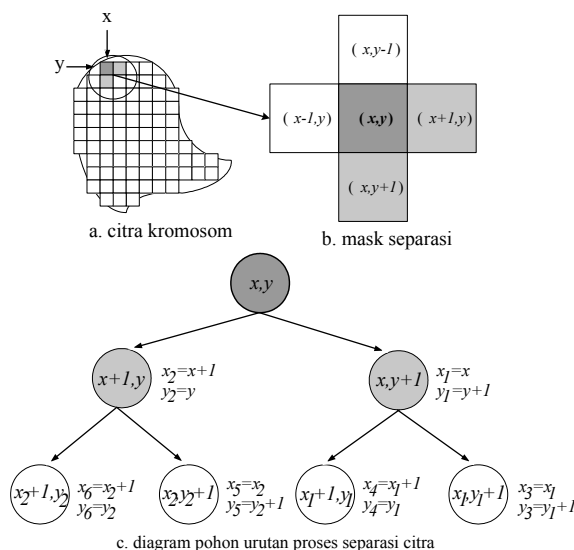
Pada proses pengkopian citra ini melibatkan 3 buah citra, yaitu:

- ◆ Citra $A(x,y)$: citra asli yang akan dikopikan.
- ◆ Citra $B(x,y)$: citra hasil segmentasi biner.
- ◆ Citra $C_i(x,y)$: citra sebagai tujuan pengkopian.

Algoritma pengkopian citra terdiri atas beberapa tahap berikut

1. Atur nilai $i=1$, sebagai nomor urut segmen (citra hasil separasi).
2. Berawal dari posisi koordinat (1,1) atau kiri-atas citra, cari piksel bernilai ‘1’ pada Citra *B* dan catat koordinatnya sebagai (x,y) yaitu sebagai penunjuk posisi piksel yang akan dikopikan.
3. Dengan menggunakan koordinat (x,y) sebagai penunjuk, lakukan:
 - ◆ $C_i(x,y) = A(x,y)$ untuk $i=1,2,3 \dots n$
 - ◆ $B(x,y) = 0$
4. Dengan mengacu ke diagram pohon pada Gambar gunakan *mask* pengkopian untuk menentukan posisi (x_j,y_j) untuk $j=1,2,3, \dots m$. Koordinat (x_j,y_j) adalah penunjuk lokasi pengkopian berikutnya, koordinat ini menunjukkan posisi piksel ‘1’ di sekitar koordinat (x,y) , yaitu di sebelah timur, dan selatan (x,y) . Pindahkan penunjuk (x_j,y_j) ke (x,y) dan ulangi langkah 3 dan 4 sampai piksel ‘1’ dalam satu segmen habis.
5. Kembali ke langkah 2 untuk mengkopikan citra berikutnya. Ulangi langkah ini untuk nilai $i=i+1$ sampai semua citra habis terkopikan, dan nilai i

menunjukkan jumlah segmen citra yang ada pada citra *A*.



Gambar 2 Metode pengkopian citra pada proses separasi

4. TAHAPAN PEMOTONGAN KROMOSOM

Beberapa tahapan yang harus dilewati selama proses pemotongan kromosom adalah:

a. Deteksi Tepian Citra

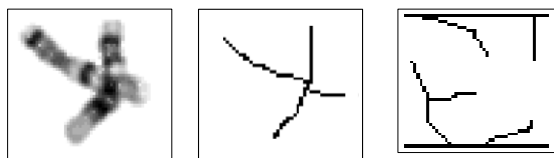
Proses ini untuk mencari batas-batas tepi citra kromosom sebagai proses awal sebelum dilakukan ekstraksi ciri titik kerangka dan segmentasi citra menggunakan analisis *foreground* dan *background* jika ditemukan titik cabang. Untuk mencari batas tepi suatu citra kromosom digunakan konsep gradient, secara lebih detail dijelaskan pada Gonzalez & Wintz (1992).

b. Penipisan Foreground dan Background

Tujuan dilakukan proses penipisan suatu objek adalah untuk mendapatkan kerangka objek. Penelitian ini melakukan dua kali proses penipisan yaitu penipisan terhadap objek (*foreground*) dan penipisan terhadap latar belakang objek (*background*). Untuk melakukan penipisan kedua daerah tersebut digunakan algoritma yang dikembangkan oleh Zhang & Suen (1984) seperti apa yang dijelaskan pada Gonzalez & Wintz (1992).

Sebelum melakukan penipisan, citra yang akan ditipiskan harus disegmentasi biner sehingga derajat keabuan piksel-piksel citra tersebut berubah menjadi bernilai ‘1’ dan ‘0’. Untuk melakukan penipisan kedua daerah *foreground* dan *background* perlu memperhatikan nilai piksel daerah yang akan dilakukan penipisan. Proses penipisan ini hanya akan mempengaruhi daerah yang nilai pikselnya ‘1’, sehingga dalam menggunakan algoritma ini nilai piksel bagi daerah yang akan ditipiskan dibuat sedemikian hingga bernilai ‘1’. Jadi dalam

melakukan penipisan daerah *foreground* dan *background*, hanya diperlukan pembalikan nilai piksel, yang sebelumnya bernilai '1' dibalik menjadi bernilai '0', begitu pula sebaliknya. Gambar 4 menampilkan citra asli dan contoh hasil penipisan *foreground* serta penipisan *background*.



a. Citra Asli b. Hasil penipisan *foreground* c. Hasil penipisan *background*

Gambar 3 Citra hasil proses penipisan

c. Ekstraksi Ciri Titik pada Kerangka

Citra kromosom hasil segmentasi merupakan citra tunggal, tetapi ada kalanya terdapat citra yang merupakan gabungan dua atau lebih kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan. Untuk mengetahui ada tidaknya kromosom yang bersilangan perlu dilihat kerangka *foreground* kromosom tersebut. Terdapat tiga macam titik ciri yang dapat diekstraksi ciri dari sebuah kerangka *foreground* (Chen & Wang, 2000) yaitu:

- ◆ *End Point* : titik akhir/ujung suatu kerangka
- ◆ *Fork Point* : titik percabangan suatu kerangka
- ◆ *Corner Point*: titik sudut suatu belokan kerangka

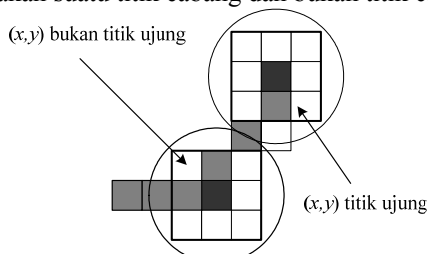
Berikut ini ditampilkan algoritma yang dapat digunakan untuk mengekstraksi ciri titik-titik pada kerangka *foreground*.

➤ **Algoritma untuk mencari *end point*:**

Membuat *mask* 3x3 dan suatu titik (x,y) dikategorikan sebagai ujung suatu kerangka jika terpenuhi salah satu kriteria berikut:

- ◆ jumlah sisi samping yang berpiksel '000' = 3
- ◆ jumlah sisi samping yang berpiksel '000' = 2 dan jumlah piksel pada salah satu garis tengah *mask*=2.

Gambar 4 menunjukkan contoh titik yang merupakan suatu titik cabang dan bukan titik cabang.



Gambar 4 Contoh titik cabang dan bukan titik cabang

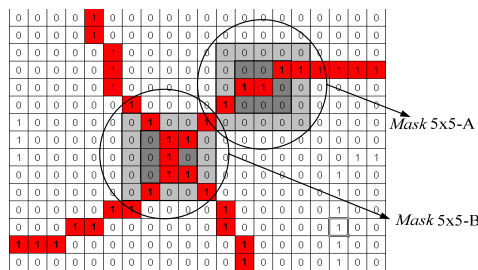
➤ **Algoritma untuk mencari *fork point*:**

- ◆ Membuat *mask* 5x5 dengan pusat $w(x,y)$, seperti tampak pada Gambar 5.
- ◆ Di pusat *mask* 5x5 dibuat *mask* 3x3

- ◆ Cari piksel w_n di sisi *mask* 5x5 yang bernilai '1' yang memiliki tetangga di sisi *mask* 3x3, jika piksel tersebut memiliki tetangga piksel '1' maka atur $h_n=1$, jika tidak $h_n=0$, dengan $n=9,10,11, \dots 24$.
- ◆ Cari piksel w_m di sisi *mask* 3x3 yang bernilai '1' yang memiliki tetangga di sisi *mask* 5x5, jika piksel tersebut memiliki tetangga piksel '1' maka atur $h_m=1$, jika tidak $h_m=0$, dengan $m=1, 2, 3, \dots 8$.
- ◆ Piksel $w(x,y)$ merupakan titik percabangan jika $\sum_{n=9}^{24} h_n \geq 3$ dan $\sum_{m=1}^8 h_m \geq 3$

w_{23} (x-2,y-2)	w_{24} (x-1,y-2)	w_9 (x,y-2)	w_{10} (x+1,y-2)	w_{11} (x+2,y-2)
w_{22} (x-2,y-1)	w_8 (x-1,y-1)	w_1 (x,y-1)	w_2 (x+1,y-1)	w_{12} (x+2,y-1)
w_{21} (x-2,y+2)	w_7 (x-1,y)	w (x,y)	w_3 (x+1,y)	w_{13} (x+2,y)
w_{20} (x-2,y+1)	w_6 (x-1,y+1)	w_5 (x,y+1)	w_4 (x+1,y+1)	w_{14} (x+2,y+1)
w_{19} (x-2,y+2)	w_{18} (x-1,y+2)	w_{17} (x,y+2)	w_{16} (x+1,y+2)	w_{15} (x+2,y+2)

Gambar 5 *Mask* 5x5 untuk mencari titik cabang



Gambar 6 Contoh kerangka dengan titik potong.

Misalkan diperoleh kerangka seperti tampak pada Gambar 6, pada *Mask*5x5A piksel yang bernilai '1' ada pada w_{12} , w_{20} , w_2 dan w_7 sedangkan pada *Mask*5x5B piksel yang bernilai '1' ada pada w_{11} , w_{15} , w_{18} , w_{24} , w_1 , w_2 , w_4 dan w_5 . Dengan kondisi kerangka seperti tersebut maka:

Untuk *mask* 5x5A diperoleh :
 $\sum_{n=9}^{24} h_n = h_{12} + h_{20} = 2$ dan $\sum_{m=1}^8 h_m = 1$ sehingga kondisi $\sum_{n=9}^{24} h_n \geq 3$ dan $\sum_{m=1}^8 h_m \geq 3$ tidak terpenuhi, jadi piksel

pada pusat *mask*5x5-A bukanlah titik potong.
 Sedangkan untuk *mask* 5x5B diperoleh :

$$\sum_{n=1}^{24} h_n = h_{11} + h_{15} + h_{18} + h_{24} = 4 \text{ dan } \sum_{m=1}^{24} h_m = h_1 +$$

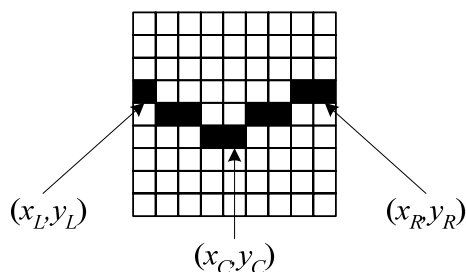
$$h_2 + h_4 + h_5 = 4 \text{ sehingga kondisi } \sum_{n=1}^{24} h_n \geq 3 \text{ dan } \sum_{m=1}^{24} h_m \geq 3$$

terpenuhi jadi piksel pada pusat *mask* 5x5-B adalah titik potong.

➤ **Algoritma untuk mencari Corner point:**

Membuat *mask* 9x9 dan mencari piksel bernilai '1' pada masing-masing sisi *mask* sebagai (x_L, y_L) dan (x_R, y_R) , titik (x_C, y_C) sebagai titik sudut, sudut belok ini dapat diperoleh menggunakan Persamaan (2).

$$\text{angle} = \left[\tan^{-1} \left(\frac{y_R - y_C}{x_R - x_C} \right) - \tan^{-1} \left(\frac{y_C - y_L}{x_C - x_L} \right) \right] \quad (2)$$



Gambar 7 Mask mencari titik sudut

Tabel 2 Contoh hasil ekstraksi ciri kerangka *foreground* dan kesimpulannya.

Citra Asli	Kerangka <i>Foreground</i>	Hasil ekstraksi ciri	Kesimpulan
		2 titik ujung tanpa titik potong	Citra kromosom Tunggal
		3 titik ujung 1 titik potong	Citra kromosom Ganda Bersentuhan
		4 titik ujung 1 titik potong	Citra Kromosom Ganda Tumpang tindih
		6 titik ujung 2 titik potong	Lebih dari dua citra Kromosom Tumpang tindih

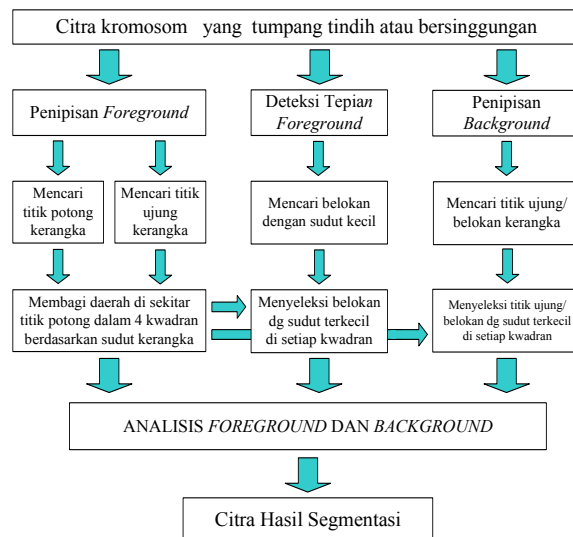
Tabel 2 menampilkan contoh hasil ekstraksi ciri kerangka *foreground* dan banyaknya citra kromosom dalam satu citra, kesimpulan terhadap banyaknya citra kromosom terangkum sebagai berikut:

- ◆ Sebuah citra kromosom, jika hanya ditemukan dua buah titik ujung kerangka.
- ◆ Dua citra kromosom bersentuhan, jika ditemukan tiga buah titik ujung kerangka dan sebuah titik percabangan.

- ◆ Dua citra kromosom bersilangan, jika ditemukan empat buah titik ujung kerangka dan sebuah titik percabangan.
- ◆ Lebih dari dua citra kromosom tumpang tindih atau bersentuhan, jika ditemukan sebuah atau lebih titik cabang dan lebih dari empat buah titik ujung (kasus ini tidak termasuk dalam penelitian).

5. ANALISIS FOREGROUND & BACKGROUND

Citra kromosom yang tumpang tindih atau bersentuhan harus dipisahkan atau dipotong sehingga diperoleh dua buah segmen citra kromosom. Tabel 2 memperlihatkan macam-macam hasil penipisan kerangka *foreground* citra kromosom. Penelitian ini menggunakan analisis ciri-ciri yang diperoleh dari hasil penipisan *foreground* dan *background* serta deteksi tepian *foreground*. Gambar 8 memperlihatkan tahapan yang harus dilakukan sebelum proses segmentasi.

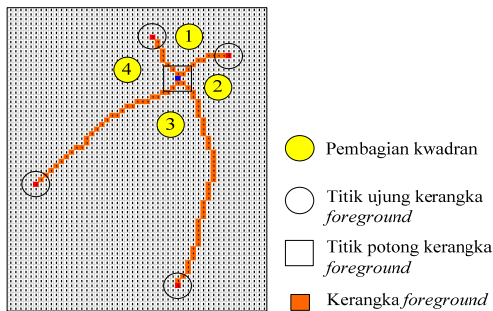


Gambar 8 Diagram proses segmentasi citra kromosom

Tahapan proses sebelum dilakukan analisis *foreground* dan *background* dikelompokkan dalam tiga tahap yaitu:

a. Melakukan penipisan foreground

Dari hasil penipisan *foreground* akan diperoleh titik-titik ujung, titik potong dan percabangan kerangka. Berdasarkan posisi titik potong dan cabang kerangka, daerah di sekitar titik potong dibagi ke dalam 4 kwadran sebagai kriteria dalam mencari posisi pemotongan segmen. Gambar 9 menampilkan pembagian kwadran daerah di sekitar titik potong kerangka *foreground*.

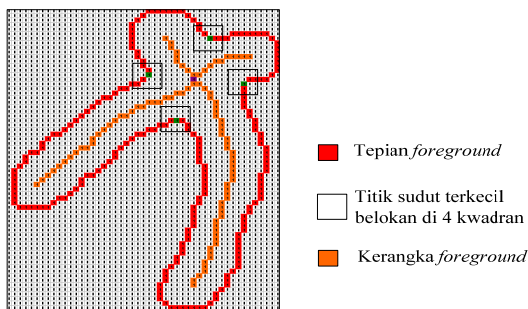


Gambar 9. Pembagian kwadran

Pemotongan citra kromosom didasarkan pada hasil ekstraksi citra kerangka foreground kromosom. Pada penelitian ini dibatasi hanya melakukan pemotongan terhadap dua kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan.

b. Mendeteksi tepian foreground

Hasil dari deteksi tepian berupa garis tipis yang mengelilingi citra, di sepanjang garis ini akan diperoleh belokan-belokan dengan sudut yang bervariasi. Belokan yang memiliki sudut terkecil dalam satu kwadran dipilih sebagai kandidat posisi pemotongan kromosom. Gambar 10 menampilkan tepian foreground dan 4 titik belok dengan sudut terkecil yang terdapat pada masing-masing kwadran sebagai kandidat posisi pemotongan kromosom.

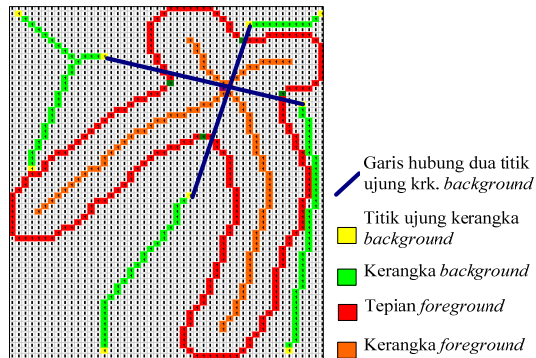


Gambar 10 Tepian foreground dan titik belok

c. Melakukan penipisan daerah background

Karena kompleksnya bentuk background suatu citra, maka hasil penipisan daerah ini akan memberikan tiga kemungkinan bentuk kerangka, yaitu kerangka yang hanya memiliki titik ujung (kerangka berbentuk garis lurus), kerangka yang selain memiliki titik ujung juga memiliki belokan dan kerangka yang selain memiliki titik ujung juga memiliki titik cabang. Titik cabang ini diabaikan karena ciri yang dimilikinya tidak dapat digunakan untuk menentukan posisi pemotongan segmen. Berdasarkan pembagian kwadran dari proses sebelumnya, dicari titik ujung atau titik belok dengan sudut terkecil dan paling dekat dengan titik potong kerangka foreground (pusat percabangan kerangka). Gambar 11 menampilkan kerangka background dan titik-titik ujung terkecil dengan titik potong kerangka background. Dua titik ujung kerangka background yang terdekat dengan titik potong

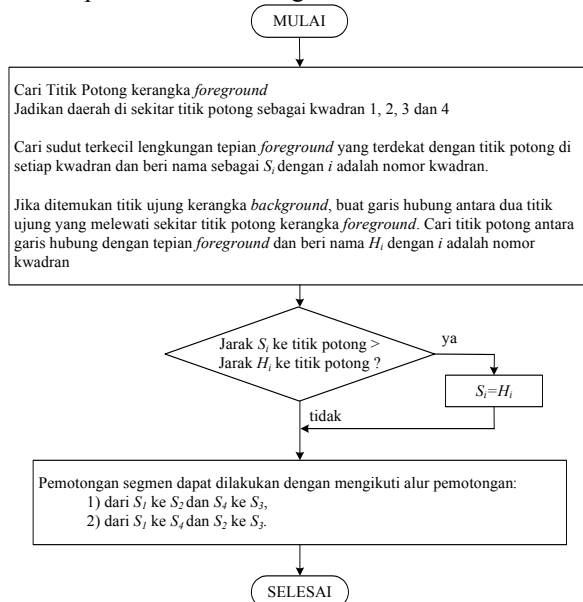
kerangka foreground dihubungkan dari kwadran 1 ke kwadran 3 dan kwadran 2 ke kwadran 4. Perpotongan garis-garis tersebut dengan tepian foreground merupakan kandidat lain posisi pemotongan segmen.



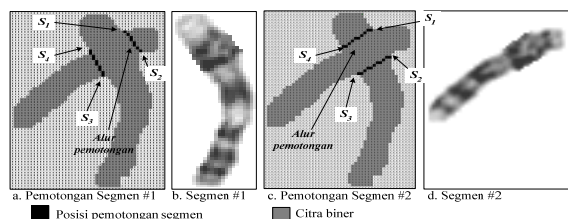
Gambar 11 Kerangka background dan titik ujungnya

d. Penentuan Posisi Pemotongan

Pada tahap ini dilakukan penentuan terakhir posisi dan alur pemotongan kromosom. Berdasarkan ciri-ciri yang diperoleh dari hasil penipisan background, foreground, dan deteksi tepian maka penentuan posisi dan alur pemotongan citra dapat diikuti diagram yang ditampilkan pada Gambar 12. Contoh hasil pemotongan citra kromosom yang bersilangan ditampilkan pada Gambar 14. Gambar a. menunjukkan posisi dan alur pemotongan segmen citra pertama, Gambar b. menampilkan citra hasil segmentasi pertama, Gambar c. menunjukkan posisi dan alur pemotongan citra kedua, dan Gambar d. menampilkan citra hasil segmentasi kedua.



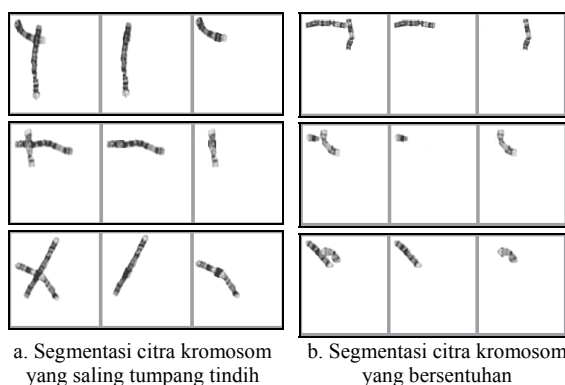
Gambar 12 Diagram alir teknik segmentasi menggunakan analisis foreground dan background.



Gambar 13 Contoh pemotongan citra dan hasilnya

6. PEMBAHASAN DAN HASIL

Dengan menggunakan algoritma-algoritma di atas dan diagram alir seperti pada Gambar 12, penelitian ini telah berhasil melakukan pemotongan citra kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan. Beberapa contoh hasil pemotongan citra kromosom diperlihatkan pada Gambar 14.



Gambar 14 Contoh hasil pemotongan citra kromosom

Penggunaan diagram alir pada Gambar 12 terbatas pada dua citra kromosom yang saling tumpang tindih atau bersentuhan, sedangkan untuk jumlah citra kromosom yang lebih banyak perlu dilakukan pengembangan algoritma lebih lanjut. Perlu dilakukan pengujian jumlah titik cabang dalam suatu kerangka *foreground* dan proses segmentasi dilakukan sebanyak jumlah totok potong tersebut. Untuk kasus-kasus tertentu dimana suatu teknik segmentasi tidak dapat dilakukan karena kompleksnya citra, maka dilakukan pengujian dengan mengganti citra kromosom namun masih dari pasien yang sama.

KESIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan dapat diambil kesimpulan dan saran sebagai berikut.

- ◆ Proses pengolahan citra sangat menentukan tingkat keberhasilan pemotongan citra kromosom yang tumpang tindih atau bersentuhan.
- ◆ Teknik pemotongan dengan membagi citra kromosom yang tumpang tindih atau bersentuhan menjadi 4 kwadran di sekitar titik potong kerangka *foreground* dapat menentukan posisi pemotongan citra kromosom.
- ◆ Teknik pemotongan yang dikembangkan pada penelitian ini telah berhasil melakukan pemotongan terhadap dua kromosom yang saling

tumpang tindih atau bersentuhan, sedangkan untuk jumlah kromosom yang lebih banyak masih perlu dilakukan pengembangan lebih lanjut.

PUSTAKA

1. Gonzales, RC. And Wintz, P, *Digital Image Processing*, Addison-Wesley Publishing Company, California, USA, 1992.
2. Chen, YK, *Segmentation of Single- or Multiple-Touching Handwritten Numeral String Using Background and Foreground Analysis*, IEEE Trans. On Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol. 22, No. 11, Nov. 2000.
3. Lerner, B., *Toward A Completely Automatic Neural Network Based Human Chromosome Analysis*, IEEE Trans. on System, Man, Cybernetics Special issue on ANN, vol 28, pt. B, pp. 544-552, New York, USA, 1998.
4. Martinez, C., Juan, A. and Casacuberta, F, *Using Recurrent Neural Networks for Automatic Chromosome Classification*, Universidad Politecnica de Valencia, Valencia, Spain, 2002.
5. Errington, P.A. and Graham, J. *Classification of Chromosomes using a Combination of Neural Networks*, Department of Medical Biophysics, University of Manchester, Oxford Road, Manchester, UK, 1996.