

IMPLEMENTASI AUGMENTASI DATA PADA INTEGRASI YOLOV8 DAN DETR UNTUK DETEKSI SEL DARAH PUTIH

Ahmad Tohari ¹⁾, Arie Nugroho ²⁾, Anita Sari Wardani ³⁾

¹⁾ Sistem Informasi, Fakultas Teknik & Ilmu Komputer, Universitas Nusantara PGRI Kediri
Email : atohari08@email.com ¹⁾, arienugroho@unpkediri.ac.id ²⁾, anita@unpkediri.ac.id³⁾

ABSTRAK

Identifikasi sel darah putih konvensional rentan terhadap kelelahan visual manusia. Penelitian terdahulu yang menggunakan arsitektur *Convolutional Neural Network* (CNN) murni masih menyisakan kesenjangan berupa rendahnya akurasi pada objek sel yang saling tumpang tindih (*overlapping*) dan rentan bias akibat ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*). Menjawab kesenjangan tersebut, penelitian ini menawarkan kebaruan (*novelty*) berupa implementasi pendekatan yang mengintegrasikan kerangka kerja YOLOv8 dengan *Detection Transformer* (DETR). Kebaruan ini secara spesifik menonjolkan pemanfaatan mekanisme *Global Context Mapping* dari DETR untuk melokalisasi batas sel yang tumpang tindih secara utuh, dipadukan dengan strategi augmentasi data spasial dan *oversampling* sebagai nilai tambah untuk menanggulangi ketidakseimbangan kelas minoritas. Menggunakan metodologi CRISP-DM, ekspansi 136 citra mentah menjadi 310 citra latih terbukti mendongkrak performa model RT-DETR-L secara signifikan, mencapai nilai Presisi 0,957, *Recall* 0,933, dan mAP50 sebesar 0,931. Model ini sukses mencapai akurasi sempurna (1,00) pada klasifikasi Eosinofil, Limfosit, dan Monosit. Kontribusi unik dari penelitian ini tidak sekadar pada peningkatan metrik evaluasi teoritis, melainkan pada keberhasilannya mentransformasikan keunggulan model tersebut menjadi sebuah purwarupa asisten diagnostik medis berbasis *web* yang siap diimplementasikan untuk meningkatkan objektivitas dan efisiensi di laboratorium klinis.

Kata Kunci : sel darah putih, deep learning, object detection, yolov8, detr, augmentasi data.

ABSTRACT

Conventional white blood cell identification is highly susceptible to human visual fatigue. Previous studies using pure Convolutional Neural Network (CNN) architectures still leave a research gap, particularly in their low accuracy on overlapping cell objects and their susceptibility to bias caused by class imbalance. Addressing this gap, this study offers a novelty by implementing an approach that integrates the YOLOv8 framework with the Detection Transformer (DETR). This novelty specifically highlights the utilization of DETR's Global Context Mapping mechanism to completely localize overlapping cell boundaries, combined with spatial data augmentation and oversampling strategies as an added value to tackle minority class imbalance. Employing the CRISP-DM methodology, expanding 136 raw images into 310 training images has proven to significantly boost the performance of the RT-DETR-L model, achieving a Precision of 0.957, a Recall of 0.933, and an mAP50 of 0.931. The model successfully achieved perfect accuracy (1.00) in classifying Eosinophils, Lymphocytes, and Monocytes. The unique contribution of this research lies not merely in the improvement of theoretical evaluation metrics, but in its success in transforming the model's advantages into a web-based medical diagnostic assistant prototype ready to be implemented to enhance objectivity and efficiency in clinical laboratories.

Keywords: white blood cells, deep learning, object detection, yolov8, detr, data augmentation.

1. PENDAHULUAN

Darah manusia terdiri dari berbagai komponen kompleks yang memiliki fungsi vital, salah satunya adalah sel darah putih atau leukosit yang berperan sebagai sistem pertahanan tubuh terhadap infeksi dan benda asing (Reynaldo and Lina, 2019). Dalam praktik klinis, penghitungan jenis sel darah putih (*differential count*) yang mencakup Basofil, Eosinofil, Limfosit, Monosit, dan Neutrofil sangat krusial untuk mendiagnosis berbagai kondisi medis, mulai dari infeksi bakteri, peradangan kronis, hingga keganasan sel darah seperti leukemia (Indrawanti and Mandyartha, 2018). Analisis kuantitatif maupun kualitatif terhadap kelima jenis leukosit ini menjadi indikator utama untuk menentukan status imunologis dan respons terapeutik pada pasien (Ak *et al.*, 2018). Saat ini, prosedur identifikasi di banyak fasilitas kesehatan masih mengandalkan pengamatan mikroskopis secara konvensional oleh tenaga ahli patologi. Meskipun merupakan standar emas, metode ini memiliki tantangan nyata dalam hal subjektivitas dan kelelahan visual (*eye fatigue*) jika dilakukan secara repetitif dalam volume sampel yang besar (Nugraha and Erfianto, 2023). Penurunan konsentrasi pengamat akibat kelelahan tersebut dapat memicu terjadinya *human error* yang berdampak fatal pada kesalahan interpretasi profil darah pasien, sehingga pengembangan sistem deteksi otomatis berbasis komputer sangat diperlukan untuk memberikan standar akurasi yang konsisten dan objektif (Indarto and Murinto, 2017).

Transformasi digital melalui teknologi *Computer Vision* dan algoritma *Deep Learning* telah menunjukkan potensi besar dalam segmentasi dan deteksi sel medis (Prasetyo, Purbowati and Adhi, 2022). Namun, arsitektur populer seperti rumpun YOLOv5 maupun YOLOv8 yang berbasis *Convolutional Neural Network* (CNN) murni seringkali mengalami penurunan performa yang signifikan ketika dihadapkan pada citra preparat yang memiliki kepadatan tinggi atau objek yang saling bertumpuk (*overlapping*) (Andrianson, Lina and Chris, 2021). Limitasi ini dipicu oleh karakteristik lapisan konvolusi CNN yang

beroperasi menggunakan prinsip *local receptive field* atau pemetaan secara lokal, sehingga kesulitan mendefinisikan batas antar-sel yang berdekatan (Park and Jun, 2022). Selain itu, keterbatasan dataset publik di platform seperti Kaggle seringkali dibarengi dengan masalah ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*) yang ekstrem, di mana jumlah sampel sel seperti Basofil jauh lebih sedikit dibandingkan Neutrofil, sehingga memicu bias performa yang tinggi pada kelas minoritas (Kurnia, Fatiyah and Efendi, 2021).

Sebagai upaya mengatasi limitasi arsitektur lokal tersebut, integrasi dengan model berbasis *Transformer* mulai dieksplorasi. Penelitian terdahulu oleh (Nugraha and Erfianto, 2023) yang berjudul "*White Blood Cell Detection Using Yolov8 Integration With Detr To Improve Accuracy*" menerapkan metode integrasi algoritma YOLOv8 dan DETR dengan total dataset terbatas sebanyak 106 citra. Hasil pengujian dari penelitian tersebut menunjukkan performa yang tidak seimbang 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 tersebut menyisakan celah penelitian (*research gap*) yang besar karena nilai *precision* dan *F1-score* pada sel Basofil, serta nilai *recall* pada sel Limfosit masih tergolong rendah akibat kurangnya representasi fitur data laten pada kelas minoritas. Padahal, untuk memaksimalkan mekanisme *Self-Attention* yang mampu membaca konteks global gambar secara utuh, model memerlukan distribusi data yang optimal dan seimbang (Nicolas *et al.*, 2020).

Menjawab kesenjangan tersebut, penelitian ini secara eksplisit menawarkan kebaruan (*novelty*) sebagai penelitian pertama yang menguji integrasi arsitektur YOLOv8 dengan Detection Transformer (secara spesifik varian RT-DETR-L) untuk mendeteksi lima jenis leukosit dengan fokus pengujian pada kondisi dataset publik yang terbatas dan

memiliki tingkat tumpang tindih (*overlapping*) sel yang tinggi. Penerapan arsitektur RT-DETR-L dihadirkan sebagai solusi mutakhir atas keterbatasan model CNN murni. Melalui pemanfaatan mekanisme *Global Context Mapping* berbasis *Self-Attention*, model mampu mengkorelasikan hubungan spasial antar-sel di seluruh bagian citra secara simultan, sehingga tetap tangguh memisahkan dan mengenali objek yang saling bertumpuk secara presisi tanpa kehilangan gambaran morfologi strukturalnya.

Selain keunggulan arsitektur hibrida tersebut, penelitian ini memberikan kontribusi praktis yang signifikan melalui penerapan teknik augmentasi data spasial dan *oversampling* adaptif (Adriyanto *et al.*, 2022). Strategi pra-pemrosesan data ini dirancang secara khusus sebagai nilai tambah untuk menyeimbangkan distribusi kelas minoritas sejak awal fase pelatihan, sehingga mengeliminasi bias model terhadap kelas mayoritas. Melalui integrasi taktik pengelolaan data dan ketangguhan arsitektur *Transformer* ini, kontribusi unik dari penelitian tidak sekadar berhenti pada peningkatan metrik evaluasi teoritis, melainkan berhasil mentransformasikannya ke dalam wujud nyata berupa rancangan purwarupa sistem diagnostik medis otomatis berbasis *web* menggunakan Streamlit yang siap diimplementasikan untuk mendukung efisiensi operasional di laboratorium klinis.

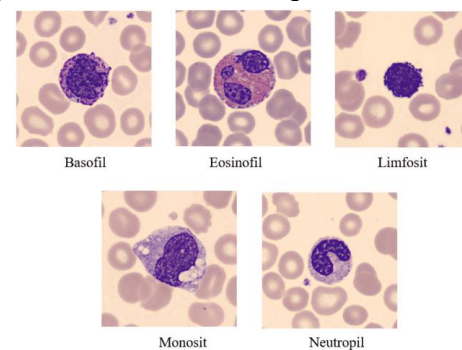
2. METODE

Penelitian ini menerapkan kerangka kerja *Cross-Industry Standard Process for Data Mining* (CRISP-DM) yang dirancang secara adaptif untuk mengakomodasi arsitektur hibrida *deep learning*. Sisi kebaruan metodologi dalam penelitian ini terletak pada integrasi taktik manajemen data kelas minoritas dengan penyusunan *pipeline* deteksi yang menggabungkan efisiensi konvolusi dan ketajaman *transformer*.

2.1 Business Understanding dan Data Understanding

Tahap awal metodologi difokuskan pada pemetaan kebutuhan operasional klinis dan

analisis karakteristik data mentah. Dataset primer berupa citra mikroskopis sel darah putih yang diperoleh dari repositori publik Kaggle memiliki tantangan inheren berupa keterbatasan volume (hanya 136 citra representatif) serta masalah ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*) yang ekstrem antara kelompok granulosit dan agranulosit. Secara konseptual, aspek krusial yang diidentifikasi pada tahap ini—dan belum banyak dieksplorasi dalam literatur deteksi leukosit sebelumnya—adalah tingginya densitas dan fenomena sel yang saling tumpang tindih (*overlapping*). Karakteristik tumpang tindih ini diidentifikasi sebagai faktor utama yang memicu tingginya angka misklasifikasi pada model CNN tradisional. Sumber data mentah dipetakan dan dapat diakses publik melalui tautan repositori Kaggle, dengan representasi visual morfologi karakteristik lima kelas sel darah putih yang disajikan secara sistematis pada Gambar 1.



Gambar 1 Dataset Sel Darah Putih
<https://www.kaggle.com/datasets/bzhhbz35/peripheral-blood-cell>

2.2 Data Preparation dan Augmentasi

Proses persiapan data dilakukan secara terpusat menggunakan platform Roboflow. Tahap awal prapemrosesan mencakup normalisasi dimensi citra ke resolusi 640x640 piksel agar sesuai dengan standar *input* arsitektur model, dilanjutkan dengan penerapan *Auto-Adjust Contrast* untuk menyeragamkan intensitas pencahayaan pada seluruh dataset.

Sebagai solusi praktis untuk menanggulangi masalah ketidakseimbangan kelas (*class imbalance*), teknik *oversampling* diterapkan secara spesifik pada kelas minoritas, yakni Basofil dan Limfosit.

Langkah ini bertujuan mencegah model menghasilkan prediksi yang bias terhadap kelas mayoritas. Untuk lebih memperkaya variasi fitur tanpa mengumpulkan data baru, diterapkan dua teknik augmentasi data, yaitu:

1. Augmentasi Spasial: Meliputi *horizontal flip*, *vertical flip*, dan rotasi 90 derajat. Teknik ini memastikan model invarian (kebal) terhadap berbagai variasi orientasi dan posisi sel pada citra mikroskopis.
2. Augmentasi Warna: Melibatkan penyesuaian *brightness* dalam rentang -15% hingga +15%. Modifikasi ini berfungsi menyimulasikan berbagai kondisi intensitas pencahayaan lampu mikroskop yang mungkin berbeda antar-laboratorium.

Melalui tahapan tersebut, dataset mentah berhasil diekspansi secara terstruktur menjadi 310 citra latih. Seluruh proses augmentasi dan *oversampling* ini dikontrol secara ketat agar hanya diterapkan pada set data latih, sehingga kemurnian data uji (*hold-out test set*) tetap terjaga untuk menjamin validitas hasil evaluasi model.

2.3 Lingkungan Pengembangan dan Pemodelan

Keberhasilan fase pelatihan model *deep learning* sangat bergantung pada ketersediaan infrastruktur komputasi yang mampu menangani beban proses iterasi pada arsitektur yang kompleks. Lingkungan pengembangan dalam penelitian ini dirancang untuk memastikan seluruh proses ekstraksi fitur dan pemetaan konteks global berjalan secara efisien melalui integrasi perangkat keras dengan performa tinggi serta dukungan perangkat lunak yang mutakhir. Pemanfaatan akselerasi berbasis GPU menjadi komponen krusial dalam mempercepat waktu komputasi selama fase pelatihan dan evaluasi performa model. Rincian mengenai spesifikasi lingkungan pengembangan yang digunakan dalam penelitian ini disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Spesifikasi Lingkungan Pengembangan dan Parameter Pemodelan

Komponen	Spesifikasi Teknis
CPU	Intel Core i5-12450HX
GPU	NVIDIA GeForce RTX 3050 (6GB VRAM)
RAM	12GB
Storage	512 GB
Akselerasi Perangkat Keras	CUDA:0
Bahasa Pemrograman	Python 3.10.19
Kerangka Kerja (<i>Framework</i>)	Ultralytics versi 8.4.40
Model Arsitektur	RT-DETR-L
Konfigurasi Lapisan	310 Lapisan
Jumlah <i>Epochs</i>	100 <i>Epochs</i>

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Analisis Hasil Pelatihan Data

Setelah melalui proses persiapan data yang ketat, dataset dibagi menjadi data latih, validasi, dan uji. Penggunaan augmentasi secara khusus ditujukan untuk memperkuat kemampuan model dalam mengenali tekstur granulosit yang kompleks.

Tabel 2. Pemisahan Data

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

Proses pelatihan model RT-DETR-L menghasilkan kurva konvergensi yang stabil. Durasi total pelatihan mencapai 1,404 jam dengan beban komputasi sebesar 103,5 GFLOPs. Model ini mampu memproses citra secara *real-time* dengan waktu inferensi yang sangat singkat, menjadikannya layak untuk aplikasi praktis.

3.2 Performa Metrik Evaluasi Per Kelas

Hasil pengujian pada data murni menunjukkan bahwa model memiliki kemampuan klasifikasi yang sangat presisi. Rincian metrik untuk setiap kelas sel disajikan pada Tabel 3.

Tabel 3. Hasil Evaluasi Model

Kelas	Precision	Recall	mAP 50	mAP 50-95
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

Analisis mendalam pada tabel tersebut menunjukkan bahwa kelas Eosinofil, Limposit, dan Monosit mencapai nilai *Recall* 1,000, yang berarti model tidak melewatkan satupun sel dari ketiga jenis tersebut pada data uji. Capaian mAP50 yang tinggi (0,931) mengonfirmasi bahwa model memiliki batas deteksi (*threshold*) yang sangat akurat dalam menentukan lokasi objek sel.

3.3 Analisis Optimalisasi Arsitektur (YOLOv8 vs DETR)

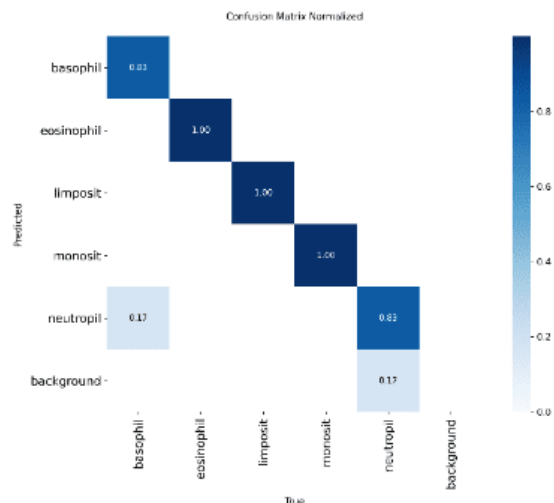
Perbedaan mendasar antara YOLOv8 dan RT-DETR terlihat pada cara model menangani fitur sel. YOLOv8 yang berbasis CNN menggunakan *local receptive field* yang bekerja seperti kaca pembesar yang digeser. Ketika dihadapkan pada sel darah yang saling menumpuk, YOLOv8 seringkali mengalami degradasi fitur karena batas antar-sel yang kabur di area lokal.

Sebaliknya, RT-DETR menggunakan mekanisme *Self-Attention (Global Context Mapping)*. Saat proses pelatihan, model membandingkan setiap piksel dengan seluruh piksel lainnya secara simultan. Hal ini

memungkinkan model memahami hubungan struktural antara inti sel (*nucleus*) dan sitoplasma secara menyeluruh, meskipun sebagian tubuh sel tertutup oleh sel lain. Analisis tingkat kepercayaan (*confidence score*) menunjukkan bahwa RT-DETR memberikan prediksi yang lebih stabil dan tajam dibandingkan YOLOv8.

3.4 Analisis Matriks Kebingungan (Confusion Matrix)

Visualisasi kinerja model dalam mengklasifikasikan setiap jenis sel darah putih disajikan melalui *Confusion Matrix Normalized* pada Gambar 4.x. Matriks ini memberikan gambaran detail mengenai tingkat keberhasilan prediksi serta arah penyebaran kesalahan (*error*) yang dilakukan oleh model RT-DETR-L.



Gambar 2 Confusion Matrix

Berdasarkan visualisasi *Confusion Matrix Normalized* pada Gambar 2, model RT-DETR-L menunjukkan performa prediksi yang sangat stabil dengan mencapai tingkat akurasi sempurna (1,00) tanpa misklasifikasi silang pada kelas Eosinofil, Limposit, dan Monosit. Sementara itu, pada kelompok granulosit, kelas Basophil dan Neutropil masing-masing mencatatkan akurasi sebesar 0,83. Margin kesalahan sebesar 0,17 pada kelas Basophil diprediksi sebagai Neutropil yang secara biologis disebabkan oleh kemiripan visual struktur granulanya, sedangkan margin kesalahan yang sama pada prediksi Neutropil murni terbaca sebagai *background* (kegagalan deteksi objek). Karakteristik persebaran

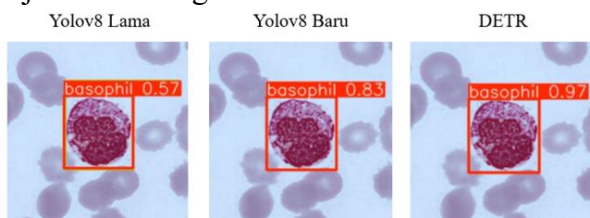
kesalahan ini menegaskan efektivitas mekanisme *Global Context Mapping* pada arsitektur DETR yang berhasil menekan angka salah tebak (*misclassification*) antar jenis sel, sehingga luaran prediksi tidak hanya akurat secara komputasi, tetapi juga sangat reliabel dan berisiko rendah saat diimplementasikan untuk keputusan diagnostik medis.

Keberhasilan ini didorong oleh fitur *Global Context Mapping* pada arsitektur *Transformer*. Tidak seperti CNN (YOLOv8) yang rentan kebingungan oleh batas sel tumpang tindih akibat batasan *local receptive field*, DETR mampu mengkorelasikan seluruh piksel gambar secara bersamaan.

3.5 Analisis Optimalisasi Arsitektur (YOLOv8 vs DETR)

Perbedaan mendasar antara YOLOv8 dan RT-DETR terlihat pada cara model menangani fitur sel. YOLOv8 yang berbasis CNN menggunakan *local receptive field* yang bekerja seperti kaca pembesar yang digeser. Ketika dihadapkan pada sel darah yang saling menumpuk, YOLOv8 seringkali mengalami degradasi fitur karena batas antar-sel yang kabur di area lokal.

Sebaliknya, RT-DETR menggunakan mekanisme *Self-Attention (Global Context Mapping)*. Saat proses pelatihan, model membandingkan setiap piksel dengan seluruh piksel lainnya secara simultan. Hal ini memungkinkan model memahami hubungan struktural antara inti sel (*nucleus*) dan sitoplasma secara menyeluruh, meskipun sebagian tubuh sel tertutup oleh sel lain. Analisis tingkat kepercayaan (*confidence score*) menunjukkan bahwa RT-DETR memberikan prediksi yang lebih stabil dan tajam dibandingkan YOLOv8

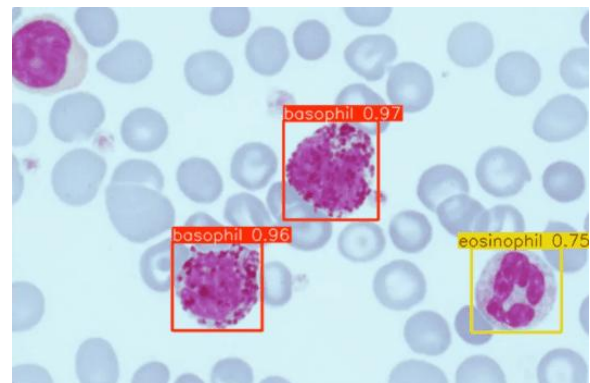


Gambar 3 Perbandingan Tingkat Keyakinan

3.6 Validasi Generalisasi dan Pengujian Data Eksternal

Untuk membuktikan bahwa model tidak mengalami *overfitting*, dilakukan pengujian *Out-of-Distribution (OOD)*. Pengujian ini menggunakan citra sel darah putih yang berasal dari sumber eksternal (Halodoc) yang memiliki karakteristik pencahayaan dan pewarnaan (*staining*) yang berbeda dari dataset Kaggle.

Hasil pengujian menunjukkan model tetap mampu mendeteksi dua sel Basofil dengan tingkat kepercayaan 0,97 dan 0,96, serta sel Eosinofil dengan tepat. Hal ini membuktikan validitas model yang sangat tinggi; model benar-benar mempelajari fitur morfologi sel, bukan sekadar menghafal distribusi piksel pada dataset pelatihan. Kemampuan generalisasi ini sangat krusial agar sistem dapat digunakan secara luas di berbagai laboratorium dengan perangkat mikroskop yang berbeda-beda.



Gambar 4 Pengujian Generalisasi RT-DETR

3.7 Implementasi Berbasis Streamlit

Sebagai wujud nyata penerapan hasil penelitian, model terbaik diintegrasikan ke dalam antarmuka aplikasi berbasis *web* menggunakan Streamlit. Aplikasi ini dirancang untuk memudahkan pengguna non-teknis seperti analis laboratorium. Pengguna cukup mengunggah foto preparat, dan sistem akan langsung menampilkan *bounding box* hasil deteksi beserta jenis selnya secara otomatis. Implementasi ini membuktikan bahwa luaran penelitian siap bertransformasi dari sekadar model eksperimental menjadi asisten digital yang aplikatif.



Gambar 4 Aplikasi Deteksi Sel Darah Putih Berbasis Streamlit

4. PENUTUP

4.1. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang menerapkan kerangka kerja CRISP-DM, dapat disimpulkan bahwa implementasi arsitektur RT-DETR-L yang dipadukan dengan teknik augmentasi data dan *oversampling* terbukti sangat efektif dalam mengatasi keterbatasan deteksi objek pada model YOLOv8 konvensional, khususnya dalam menangani sel darah putih yang saling tumpang tindih (*overlapping*). Kemampuan *Global Context Mapping* pada arsitektur *Transformer* berhasil meningkatkan akurasi pendeteksian secara signifikan dengan capaian performa optimal meliputi nilai Presisi sebesar 0,957, *Recall* 0,933, dan *mAP50* sebesar 0,931.

Perbandingan hasil menunjukkan adanya peningkatan kinerja yang drastis dibandingkan arsitektur sebelumnya, di mana model ini mampu menekan tingkat misklasifikasi antar kelas sel dan menunjukkan kemampuan generalisasi yang tinggi saat diuji menggunakan citra dari sumber eksternal. Dengan hasil tersebut, sistem ini terbukti tangguh dan sangat layak untuk diimplementasikan sebagai asisten diagnostik laboratorium otomatis berbasis *web* menggunakan platform Streamlit

4.2. Saran

Meskipun model telah menunjukkan kinerja yang sangat memuaskan dalam mengklasifikasikan jenis leukosit, penelitian selanjutnya disarankan untuk melakukan optimalisasi pada pemisahan fitur granulosit guna mengatasi sedikit persentase kebingungan (sekitar 0,17) antara sel Basofil dan Neutrofil pada Matriks Kebingungan.

Mengingat kedua sel tersebut merupakan kelompok granulosit yang secara alami memiliki kemiripan morfologi yang sangat tinggi, pengembangan ke depan dapat dilakukan dengan mengeksplorasi penyesuaian *hyperparameter* (*hyperparameter tuning*) yang lebih spesifik atau mengintegrasikan mekanisme *attention* yang lebih difokuskan pada ekstraksi tekstur kepadatan granul dalam sitoplasma.

Selain itu, integrasi dataset citra mikroskopis langsung dari rumah sakit lokal untuk memperkaya variasi teknik pewarnaan (*staining*) serta pengembangan skala *deployment* ke dalam Sistem Informasi Laboratorium (SIL) berbasis *cloud server* akan sangat mendukung efisiensi pelayanan tenaga medis secara lebih masif.

5. DAFTAR PUSTAKA

- Adriyanto, T. *et al.* (2022) "Classification of dog and cat images using the CNN method," *ILKOM Jurnal Ilmiah*, 14(3), pp. 203–208.
- Ak, S.B. *et al.* (2018) "ANALISIS JUMLAH LEUKOSIT DAN JENIS LEUKOSIT PADA INDIVIDU YANG TIDUR DENGAN LAMPU MENYALA DAN YANG DIPADAMKAN," *Jurnal Media Analis Kesehatan*, 1(1).
- Andrianson, F., Lina, L. and Chris, A. (2021) "Pendeteksian Sel Darah Putih Dari Citra Preparat Dengan You Only Look Once," *Jurnal Ilmu Komputer dan Sistem Informasi*, 9(1), pp. 75–78.
- Indarto, I. and Murinto, M. (2017) "Klasifikasi Jenis Sel Darah Putih Berdasarkan Ciri Warna dan Bentuk dengan Metode K-Nearest Neighbor," *Jurnal Informatika*, 11(2), pp. 25–32. Available at: <https://doi.org/10.26555/jurnal.v11i2.6417>.
- Indrawanti, A.S. and Mandyartha, E.P. (2018) "Deteksi Limfoblas pada Citra Sel Darah Menggunakan Fitur Geometri dan Local Binary Pattern," *Jurnal Nasional Teknik Elektro dan Teknologi Informasi (JNTETI)*, 7(4), pp. 404–410.
- Kurnia, R., Fatiyah, R. and Efendi, R.P. (2021)

- “Identifikasi Jenis Sel Darah Putih Menggunakan Metode Convolutional Neural Network,” *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem dan Teknologi Informasi)*, 5(3), pp. 540–546. Available at: <https://doi.org/10.29207/resti.v5i3.3135>.
- Nicolas, C. *et al.* (2020) “End-to-End Object Detection with Transformers,” in. Springer International Publishing. Available at: <https://doi.org/10.1007/978-3-030-58452-8>.
- Nugraha, S.J.A. and Erfianto, B. (2023) “Deteksi Sel Darah Putih Menggunakan Integrasi Yolov8 dengan DETR untuk Meningkatkan Akurasi,” *Sinkron: Jurnal dan Penelitian Teknik Informatika*, 8(3), pp. 1908–1916. Available at: <https://doi.org/10.33395/sinkron.v8i3.128>
- 11.
- Park, Y.H. and Jun, T.H. (2022) “Klasifikasi Biji Kedelai [*Glycine max* (L.) Merr.] Berbasis Deep Learning Menggunakan Model YOLOV5,” *Plant Breeding and Biotechnology*, 10(1), pp. 75–80.
- Prasetyo, E., Purbowati, N. and Adhi, K.S. (2022) “Deep Learning for White Blood Cell Segmentation and Classification: A Review,” *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, 13(5). Available at: <https://doi.org/10.14569/IJACSA.2022.0130545>.
- Reynaldo, D. and Lina (2019) “Kajian tentang Deteksi Sel Darah Putih dengan Teknik Segmentasi Watershed.”