



REPUBLIK INDONESIA
KEMENTERIAN HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA

SURAT PENCATATAN CIPTAAN

Dalam rangka perlindungan ciptaan di bidang ilmu pengetahuan, seni dan sastra berdasarkan Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta, dengan ini menerangkan:

Nomor dan tanggal permohonan : EC00202303444, 12 Januari 2023

Pencipta

Nama : **Muhammad Afrizal Amrustian, S.Kom., M.Kom dan Merlinda Wibowo, S.T., M.Phil.**

Alamat : **JI Dr Cipto No 24 , BOJONEGORO, JAWA TIMUR, 62116**

Kewarganegaraan : **Indonesia**

Pemegang Hak Cipta

Nama : **Institut Teknologi Telkom Purwokerto**

Alamat : **JI D.I. Panjaitan No.128 Purwokerto, BANYUMAS, JAWA TENGAH, 53147**

Kewarganegaraan : **Indonesia**

Jenis Ciptaan : **Program Komputer**

Judul Ciptaan : **BreastCancer Classifier**

Tanggal dan tempat diumumkan untuk pertama kali di wilayah Indonesia atau di luar wilayah Indonesia : **12 Desember 2022, di Purwokerto**

Jangka waktu perlindungan : **Berlaku selama 50 (lima puluh) tahun sejak Ciptaan tersebut pertama kali dilakukan Pengumuman.**

Nomor pencatatan : **000436366**

adalah benar berdasarkan keterangan yang diberikan oleh Pemohon.
Surat Pencatatan Hak Cipta atau produk Hak terkait ini sesuai dengan Pasal 72 Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta.



a.n Menteri Hukum dan Hak Asasi Manusia
Direktur Jenderal Kekayaan Intelektual
u.b.
Direktur Hak Cipta dan Desain Industri

Anggoro Dasananto
NIP.196412081991031002

Disclaimer:

Dalam hal pemohon memberikan keterangan tidak sesuai dengan surat pernyataan, Menteri berwenang untuk mencabut surat pencatatan permohonan.

BreastCancer Classifier

Program untuk membantuk klasifikasi Breast Cancer berdasarkan citra Histopatologi

I. Introduction

a. Purpose

Tujuan dari dibuatnya program Breast Cancer Classifier adalah untuk membuat model untuk mengklasifikasi Breast Cancer berdasarkan data citra histopatologi. Model yang telah dibuat dari program akan membantu tim medis dalam memberikan hasil diagnosa penyakit breast cancer.

b. Scope

Program akan menghasilkan sebuah model yang dapat menganalisis citra histopatologi pasien. Hasil analisis akan terbagi menjadi dua yakni, hasil positif menderita breast cancer dan hasil negative. Dari hasil tersebut akan memudahkan tim medis dalam meneliti lebih detail dari citra pasien.

c. Overview

Program dibangun berdasarkan dua bagian utama yakni preprocess data dan pembuatan model dengan metode CNN. Pada bagian preprocess data, data citra akan diinput, kemudian diberi kelas pada masing-masing file citra. Langkah berikutnya adalah penghilangan noise menggunakan metode gaussian. Kemudian dibagi menjadi data training dan data test. Langkah terakhir adalah pembuatan model menggunakan metode CNN.

II. System Overview

a. Preprocess

```
cancer_rays_dir =
os.listdir("drive/MyDrive/ITTP/Penelitian/hibah/PDP/2022/penelitian/Breast_Cancer/d
ataset/histopathological_image/IDC_regular_ps50_idx5/")
all_rays_dir =
"drive/MyDrive/ITTP/Penelitian/hibah/PDP/2022/penelitian/Breast_Cancer/dataset/his
topathological_image/IDC_regular_ps50_idx5/"
cancer_rays_dir_str
="drive/MyDrive/ITTP/Penelitian/hibah/PDP/2022/penelitian/Breast_Cancer/dataset/hi
stopathological_image/IDC_regular_ps50_idx5/"
for patient in cancer_rays_dir:
    path_0 = cancer_rays_dir_str + str(patient) + '/0'
    path_1 = cancer_rays_dir_str + str(patient) + '/1'
    file_list_0 = os.listdir(path_0)
    file_list_1 = os.listdir(path_1)
    print(file_list_0)
for patient in cancer_rays_dir:
    path_0 = cancer_rays_dir_str + str(patient) + '/0'
    path_1 = cancer_rays_dir_str + str(patient) + '/1'
    file_list_0 = os.listdir(path_0)
    file_list_1 = os.listdir(path_1)
    for fname in file_list_0:
        src = os.path.join(path_0, fname)
        dst = os.path.join(all_rays_dir, fname)
        shutil.copyfile(src, dst)
    for fname in file_list_1:
        src = os.path.join(path_1, fname)
        dst = os.path.join(all_rays_dir, fname)
        shutil.copyfile(src, dst)
data.target = data.target.astype(np.int)
```



```
random_image_path = np.random.choice(data[data.target == 0].index, size=1,
replace=False,)
path = os.path.join(all_rays_dir, data.loc[random_image_path[0], 'image_id'])
image = mpimg.imread(path)
plt.imshow(image)
gaussian_image = gaussian(image)
plt.imshow(gaussian_image)
noise_image = random_noise(image)
plt.imshow(noise_image)
noise_gaussian_image = random_noise(gaussian_image)
plt.imshow(noise_gaussian_image)
```

b. Pembuatan Model

```
def build_model(backbone, lr=1e-4):
    model = Sequential()
    model.add(backbone)
    model.add(layers.GlobalAveragePooling2D())
    model.add(layers.Dropout(0.5))
    model.add(layers.BatchNormalization())
    model.add(layers.Dense(2, activation='softmax'))
    model.compile(
        loss='binary_crossentropy',
        optimizer=Adam(lr=lr),
        metrics=['accuracy']
    )

    return model
```