



PERBANDINGAN PERFORMA ARSITEKTUR MODEL U-NET DAN DEEPLAB UNTUK SEGMENTASI LOW GRADE GLIOMA (LGG) BERBASIS CITRA MAGNETIC RESONANCE IMAGING (MRI)

Juha Yuwardika

Fakultas Teknik, Universitas Tanjungpura, Pontianak
juhayuwardika28@gmail.com

Abstract

Brain tumor segmentation in Magnetic Resonance Imaging (MRI) is an essential step in supporting accurate diagnosis and appropriate medical treatment planning. This study aims to compare the performance of U-Net and DeepLabV3 models in segmenting Low Grade Glioma (LGG) brain tumors based on MRI images. The dataset used in this research was obtained from Kaggle, consisting of 20 selected datasets, including 10 datasets with large tumors and 10 datasets with small tumors. The data were divided into training and testing sets with an 80:20 ratio. The training process was conducted by applying data augmentation techniques, such as resizing and normalization, and optimizing the models using the Adamax algorithm. On the LGG 1 (Big Tumor dataset), DeepLabV3 achieved a Dice Coefficient of 89.60% and an IoU of 81.25% on the testing data, while U-Net achieved a Dice Coefficient of 86.60% and an IoU of 76.49%. On the LGG 2 (Small Tumor dataset), DeepLabV3 also demonstrated superior performance with a Dice Coefficient of 88.14% and an IoU of 79.47%, whereas U-Net only reached a Dice Coefficient of 55.95% and an IoU of 39.84%. These findings indicate that DeepLabV3 is more effective in multi-scale segmentation, especially for small tumor objects, compared to U-Net. Further development is recommended to utilize larger and more diverse datasets, and to integrate the model into medical decision support systems to enhance the effectiveness of brain tumor diagnosis.

Keywords: Image Segmentation, Brain Tumor, U-Net, DeepLabV3, MRI, Low Grade Glioma

Article History

Received: December 2025

Reviewed: January 2026

Published: January 2026

Plagiarism Checker No: 235

Prefix DOI :

[10.8734/Kohesi.v1i2.365](https://doi.org/10.8734/Kohesi.v1i2.365)

Copyright : Author

Publish by : Kohesi



This work is licensed under
a [Creative Commons
Attribution-NonCommercial
4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

PENDAHULUAN

Glioma merupakan tumor otak yang tumbuh dan berkembang pada sel glial, sel glial sendiri merupakan sel yang mengelilingi, mendukung, serta berfungsi membantu kerja sel-sel saraf (neuron) di otak. kasus glioma tercatat menyumbang angka sekitar 80% dari total kasus tumor ganas primer yang ada pada sistem saraf pusat, khususnya pada orang dewasa [1]. Glioma sendiri dikelompokkan menjadi glioma tingkat rendah (LGG) dan glioma tingkat tinggi (HGG) berdasarkan karakteristik histopatologis dan kecepatan pertumbuhan sel tumor tersebut [2].

Glioma tingkat rendah (LGG) merupakan tumor dengan jenis glioma yang memiliki tingkat I dan II berdasarkan klasifikasi dari World Health Organization. Berbeda halnya dengan jenis glioma yang berada pada tingkat III dan IV umumnya seringkali dapat disembuhkan melalui proses pembedahan, glioma tingkat I dan II lebih memiliki kecenderungan bersifat invasif dan memiliki peluang tinggi untuk kambuh serta memiliki potensi untuk berkembang sehingga dapat



menjadi lesi dengan tingkat keganasan yang lebih tinggi [3][4][5]. Data menunjukkan sekitar 30% dari angka keseluruhan kasus glioma itu sendiri masuk ke dalam kategori Low Grade Glioma (LGG), di antara subtype yang paling sering ditemukan misalnya astrositoma, oligodendroglioma, dan ganglioglioma. Berbeda dengan High Grade Glioma (HGG), sel-sel Low Grade Glioma (LGG) memiliki tampilan yang lebih menyerupai sel normal sehingga sulit untuk dikenali dan memiliki pertumbuhan yang lebih lambat, hal ini yang menyebabkan pertumbuhannya sulit untuk dievaluasi [6].

Segmentasi tumor pada citra MRI pada dasarnya dapat dilakukan secara manual oleh radiolog atau ahli dalam bidang tersebut. Akan tetapi, proses ini memiliki beberapa kekurangan seperti sangat memakan waktu, memerlukan keahlian tinggi, dan seringkali menunjukkan variabilitas antar-pengamat (inter-observer variability), terutama untuk LGG yang memiliki batas yang kurang jelas. Keterbatasan ini mendorong perlunya metode segmentasi otomatis yang cepat, konsisten, dan akurat [7].

Dalam beberapa tahun terakhir, kemajuan pesat dalam bidang *deep learning*, khususnya Convolutional Neural Networks (CNN), telah menunjukkan performa yang luar biasa dalam tugas analisis citra medis, termasuk segmentasi tumor. Dua arsitektur turunan dari CNN yang populer dalam tugas segmentasi citra medis adalah U-Net dan model *DeepLab* meskipun kedua arsitektur ini telah banyak diterapkan dalam segmentasi citra medis, performa relatif keduanya dapat bervariasi tergantung pada karakteristik data dan jenis lesi yang disegmentasi [8][9].

LANDASAN TEORI

Penelitian terkait segmentasi tumor otak berbasis citra Magnetic Resonance Imaging (MRI) telah banyak dilakukan dengan menggunakan berbagai metode dan arsitektur deep learning. Penelitian-penelitian terdahulu ini menjadi referensi penting dalam pengembangan model yang lebih akurat dan efisien. Berikut beberapa penelitian terdahulu yang berkaitan dengan penelitian ini. Xu et al. [10] Metode yang digunakan mencakup pra-pemrosesan data, augmentasi data, dan penggunaan model jaringan UNet++. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa algoritma ini dapat mencapai hasil segmentasi otomatis yang lebih baik untuk citra glioma tingkat rendah dibandingkan dengan model segmentasi berbasis U-Net, dengan Dice rata-rata 89,1%. Zhang et al. [11] Penelitian ini memperkenalkan implementasi baru dari arsitektur Columbia-University-Net (CU-Net) untuk segmentasi tumor otak menggunakan dataset BraTS 2019. Model CU-Net memiliki struktur simetris berbentuk U dan menggunakan lapisan konvolusional, max pooling, dan operasi upsampling untuk mencapai segmentasi resolusi tinggi. Model CU-Net mencapai skor Dice 82,41%, melampaui dua model lainnya seperti Swin UNet mencapai 81,45%, dan TransUNet mencapai 82,31%. Aboussaleh et al. [12] Arsitektur U-Net yang efisien dengan tiga encoder berbeda (VGG-19, ResNet50, dan MobileNetV2) berdasarkan transfer learning, diikuti dengan bidirectional features pyramid network (Bi-FPN) yang diterapkan pada setiap encoder. Saluja, Trivedi, and Sarangdevot. [13] Kustomisasi U-Net untuk segmentasi dan VGG-16 untuk klasifikasi glioma menggunakan dataset BraTS 2018. Hafeez et al. [3] Model berbasis CNN yang ringan diuji pada dataset publik (Brats-2017, Brats-2018, & Brats-2019) dan dataset yang dikembangkan secara lokal. Model yang diusulkan mencapai akurasi tinggi dalam klasifikasi: 97,85% (BraTS-2017), 97,15% (BraTS-2018), 97,15% (BraTS-2019), dan 97,99% (dataset lokal).

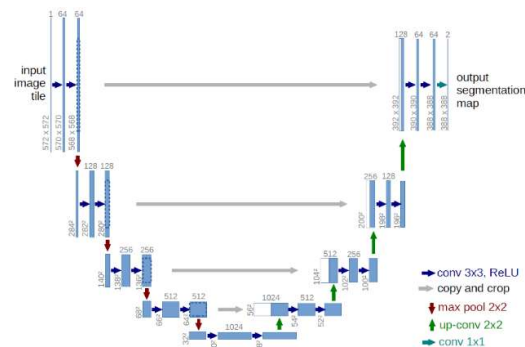
U-Net

Model U-Net terdiri dari dua jalur utama, yaitu jalur kontraktif (encoder) dan jalur ekspansif (decoder), yang membentuk struktur simetris menyerupai huruf "U". Model menerima input berupa citra berukuran $572 \times 572 \times 1$ piksel, yang diasumsikan sebagai citra grayscale hasil dari pemindaian MRI. Pada tahap awal, citra tersebut diproses melalui dua buah lapisan konvolusi dengan ukuran kernel 3×3 dan fungsi aktivasi ReLU, sehingga menghasilkan 64 feature maps berukuran 568×568 piksel.

Selanjutnya, jaringan memasuki tahap encoder (contracting path) yang terdiri dari empat blok konvolusi. Masing-masing blok terdiri dari dua lapisan konvolusi 3×3 dengan fungsi aktivasi ReLU, yang diikuti dengan operasi max pooling berukuran 2×2 untuk mereduksi dimensi spasial. Seiring dengan bertambahnya kedalaman jaringan, jumlah channel meningkat secara bertahap dari 64 menjadi 128, 256, dan 512. Setelah melewati keempat blok tersebut, jaringan mencapai bagian terdalam (bottleneck) yang terdiri dari dua lapisan konvolusi 3×3 dan menghasilkan 1024 feature maps dengan ukuran spasial yang paling kecil.

Proses selanjutnya adalah tahap decoder (expanding path), yang bertujuan untuk merekonstruksi resolusi spasial feature maps agar kembali mendekati ukuran awal input. Tahap ini diawali dengan proses up-convolution (transposed convolution) berukuran 2×2 yang meningkatkan resolusi spasial dan menurunkan jumlah channel. Hasil dari upsampling ini kemudian digabungkan (concatenation) dengan feature maps dari jalur encoder yang sejajar melalui mekanisme skip connection. Penggabungan ini berfungsi untuk mempertahankan informasi spasial penting yang diperoleh selama proses encoding. Setelah proses concatenation, dilakukan kembali dua lapisan konvolusi 3×3 dengan ReLU. Jumlah channel secara bertahap dikurangi dari 1024 menjadi 512, lalu ke 256, 128, hingga akhirnya 64.

Pada bagian output, jaringan menggunakan lapisan konvolusi 1×1 untuk mengubah 64 feature maps menjadi 2 channel output, yang masing-masing merepresentasikan kelas segmentasi, yaitu tumor dan non-tumor. Ukuran output yang dihasilkan adalah 388×388 piksel, lebih kecil dari ukuran input awal karena tidak digunakannya padding pada proses konvolusi. Untuk menentukan kelas akhir dari tiap piksel, digunakan fungsi aktivasi Softmax apabila segmentasi bersifat multikelas, atau Sigmoid apabila segmentasi bersifat biner, tergantung pada jumlah kelas yang terdapat dalam dataset.



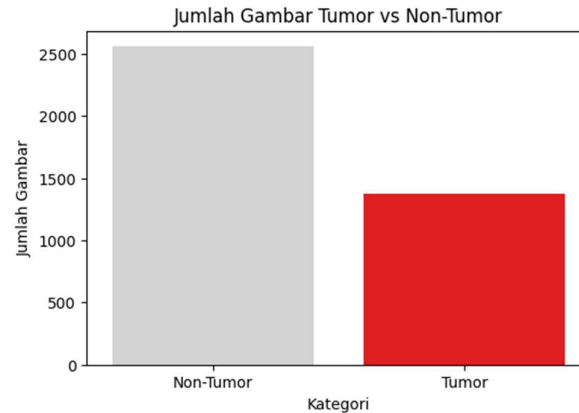
Gambar 1. U-Net

METODE DAN BAHAN

Dataset

Dataset yang digunakan dalam penelitian ini adalah Brain MRI Segmentation Dataset yang tersedia pada platform Kaggle dan diunggah oleh *Mateusz Buda*. Dataset ini merupakan kumpulan data dari The Cancer Genome Atlas (TCGA) dan The Cancer Imaging Archive (TCIA) yang berisi citra MRI otak pasien dengan diagnosis Lower Grade Glioma (LGG). Dataset ini menyediakan citra FLAIR MRI serta masker segmentasi manual yang telah dianotasi oleh para ahli radiologi. Setiap citra pada dataset memiliki pasangan ground truth mask yang menandai area tumor dengan label piksel 1 dan area non-tumor dengan label piksel 0.

Dataset ini terdiri dari 110 pasien. Populasi pasien ini berasal dari lima institusi berbeda, yaitu Thomas Jefferson University (TCGA-CS) sebanyak 16 pasien, Henry Ford Hospital (TCGA-DU) sebanyak 45 pasien, University of North Carolina (TCGA-EZ) sebanyak 1 pasien, Case Western (TCGA-FG) sebanyak 14 pasien, dan Case Western - St. Joseph's (TCGA-HT) sebanyak 34 pasien. Penyebaran asal pasien yang beragam ini memberikan variasi pada data dan meningkatkan generalisasi model.



Gambar 3. Distribusi Jumlah Data Gambar

Total pasangan citra dan mask dalam dataset ini berjumlah 3.929. Dari keseluruhan data, terdapat 2.556 pasangan citra-mask yang merepresentasikan area non-tumor, sedangkan 1.373 pasangan citra-mask merepresentasikan area tumor. Perbandingan ini menunjukkan adanya ketidakseimbangan kelas (class imbalance) di mana jumlah sampel non-tumor hampir dua kali lipat dari sampel tumor

Preprocessing Data

Tahap preprocessing data dalam penelitian ini meliputi resize, normalisasi, dan augmentasi data. Pada tahap resize citra gambar diubah menjadi ukuran 256×256 pixel. Kemudian pada tahap normalisasi setelah citra dibaca dilakukan normalisasi dengan membagi setiap piksel citra dengan 255

Split Data

Tahap split data merupakan langkah penting dalam preprocessing untuk memisahkan dataset menjadi dua bagian utama, yaitu data latih (training set), dan data uji (test set). Pada penelitian ini, pembagian dilakukan dengan proporsi 80% data digunakan untuk pelatihan model (training), 20% data untuk pengujian akhir (testing).

Train Model

Pada tahap ini dilakukan train model sebanyak 4 kali percobaan dengan menggunakan dua jenis algoritma yang digunakan, yaitu U-Net dan DeepLab dengan masing-masing dikombinasikan dengan optimizer adamax dan learning rate sebesar $1e-3$. Proses pelatihan dilakukan dengan ukuran *batch size* sebesar 8 dan jumlah *epoch* maksimum sebanyak 200.

Evaluasi Performa Model

Evaluasi dilakukan dengan menghitung beberapa metrik performa yang umum digunakan dalam segmentasi citra, yaitu accuracy, Intersection over Union (IoU), dan Dice Coefficient.

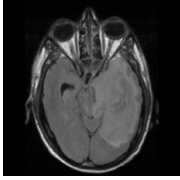
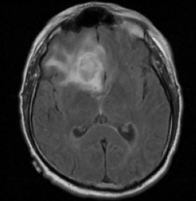
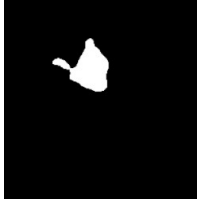
Hasil Segmentasi Citra Tumor

Setiap hasil ditampilkan dalam bentuk perbandingan antara citra input, ground truth (mask referensi dari ahli), dan hasil prediksi dari model.

HASIL DAN PEMBAHASAN

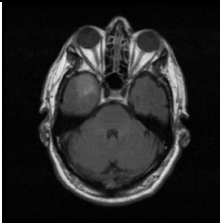
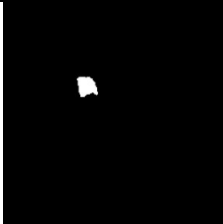
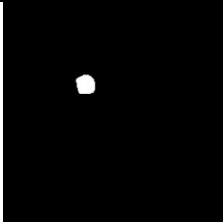
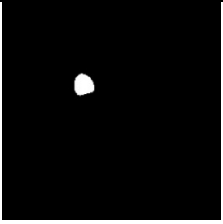
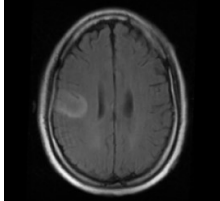
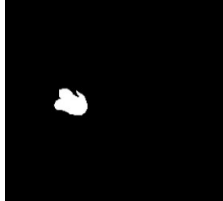
Berdasarkan hasil pada Tabel 1. model U-Net memperoleh nilai Dice Similarity sebesar 86,60%, yang menunjukkan tingkat kemiripan yang cukup baik antara hasil segmentasi dan ground truth. Sementara itu, model DeepLab menghasilkan performa yang lebih tinggi dengan Dice Similarity sebesar 89,60%.

Tabel 1. Hasil Segmentasi Data Test LGG 1 (Tumor Besar)

Citra MRI	True Mask	U-Net	DeepLabv3
			
			

Berdasarkan hasil pada Tabel 2. model U-Net memperoleh nilai Dice Similarity sebesar 55,95%, yang menunjukkan bahwa tingkat kemiripan antara hasil segmentasi dan ground truth masih tergolong rendah. Hal ini mengindikasikan bahwa model U-Net pada penelitian ini belum mampu memisahkan area tumor dengan baik dan masih terdapat banyak perbedaan antara hasil segmentasi dengan ground truth. Sementara itu, model DeepLab menghasilkan performa yang jauh lebih baik dengan Dice Similarity sebesar 88,14%. Nilai ini menunjukkan bahwa model DeepLab mampu melakukan segmentasi dengan akurasi tinggi dan hasil prediksinya memiliki kemiripan yang sangat dekat dengan ground truth.

Tabel 1. Hasil Segmentasi Data Test LGG 2 (Tumor Kecil)

Citra MRI	True Mask	U-Net	DeepLabv3
			
			

Pada Tabel 3. model U-Net LGG 1 menunjukkan performa segmentasi yang cukup baik dengan kemampuan generalisasi yang stabil. Peningkatan performa pada data uji mengindikasikan bahwa model ini mampu mengenali dan memisahkan area tumor berukuran besar dengan baik. Dice coefficient dan IoU yang cukup tinggi menunjukkan segmentasi yang akurat dan presisi pada citra dengan objek besar.



Tabel 2. Performa U-Net LGG 1 (Tumor Besar)

Data	Accuracy	IoU Score	Dice Score	Loss
Train	97,19%	63,04%	77,30%	-0,7730
Test	98,15%	76,49%	86,60%	-0,8660

Pada Tabel 4. model DeepLabV3 LGG 1 menghasilkan performa yang sangat baik dan stabil. Meskipun terjadi sedikit penurunan performa pada data uji, nilai dice coefficient dan IoU tetap tinggi. Hal ini menunjukkan bahwa DeepLabV3 sangat efektif dalam melakukan segmentasi pada tumor berukuran besar dan memiliki tingkat generalisasi yang baik.

Tabel 4. Performa DeepLab LGG 1 (Tumor Besar)

Data	Accuracy	IoU Score	Dice Score	Loss
Train	99,64%	93,48%	96,63%	-0,9663
Test	98,62%	81,25%	89,60%	-0,8960

Pada Tabel 5. model U-Net LGG 2 mengalami penurunan performa yang signifikan pada data uji. Dice coefficient dan IoU turun drastis dibandingkan hasil pada data latih. Hal ini mengindikasikan kesulitan model U-Net dalam melakukan segmentasi pada tumor berukuran kecil. Model cenderung overfitting pada data latih dan kurang mampu mendeteksi objek kecil dengan presisi yang baik pada data uji.

Tabel 5. Performa U-Net LGG 2 (Tumor Kecil)

Data	Accuracy	IoU Score	Dice Score	Loss
Train	99,74%	71,80%	83,41%	0,8218
Test	98,68%	39,84%	55,95%	-0,5146

Pada Tabel 6. model DeepLabV3 LGG 2 menunjukkan performa yang sangat baik dan stabil baik pada data latih maupun data uji. Meskipun tumor berukuran kecil, model ini tetap mampu mendeteksi dan melakukan segmentasi dengan baik. Hal ini menunjukkan bahwa DeepLabV3 lebih unggul dalam mendeteksi objek kecil berkat keunggulan dari arsitektur ASPP yang mampu menangkap informasi multi-skala.

Tabel 3. Performa DeepLab LGG 2 (Tumor Kecil)

Data	Accuracy	IoU Score	Dice Score	Loss
Train	99,74%	86,77%	92,84%	0,0053
Test	98,68%	79,47%	88,14%	0,0179

KESIMPULAN

Model U-Net dan DeepLabV3 mampu melakukan segmentasi tumor berukuran besar dengan hasil yang cukup baik. Namun, DeepLabV3 menunjukkan performa yang lebih unggul dibandingkan U-Net. Hal ini ditunjukkan oleh nilai dice coefficient dan IoU yang lebih tinggi pada DeepLabV3, baik pada data latih maupun data uji. Dengan demikian, DeepLabV3 lebih efektif dalam mengenali dan memisahkan area tumor besar pada citra MRI LGG. Sedangkan, Model U-Net mengalami kesulitan dalam mendeteksi dan melakukan segmentasi pada tumor berukuran kecil. Hal ini terlihat dari penurunan performa yang signifikan pada data uji, dengan dice coefficient dan IoU yang jauh lebih rendah dibandingkan dengan hasil pada data latih, mengindikasikan overfitting dan keterbatasan U-Net dalam menangkap detail objek kecil. Sebaliknya, model DeepLabV3 tetap mampu memberikan performa yang baik dan stabil pada tumor berukuran kecil, berkat keunggulan modul Atrous Spatial Pyramid Pooling (ASPP) yang efektif dalam menangkap informasi pada berbagai skala.



REFERENSI

- [1] E. Lyutfi, R. Georgieva, G. Stoyanov, and D. Dzhenkov, "Tumor growth patterns in central nervous system tumors with astrocytic differentiation," *Glioma*, vol. 3, no. 2, p. 67, 2020, doi: 10.4103/glioma.glioma_8_20.
- [2] S. Mueller and M. A. Karajannis, "Pediatric Brain Tumors - High-Grade Glioma," in *Swaiman's Pediatric Neurology (Sixth Edition)*, 2017, pp. 979-984. doi: <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-37101-8.00126-0>.
- [3] H. A. Hafeez *et al.*, "A CNN-Model to Classify Low-Grade and High-Grade Glioma From MRI Images," *IEEE Access*, vol. 11, no. April, pp. 46283-46296, 2023, doi: 10.1109/ACCESS.2023.3273487.
- [4] W. Aiman, *Low grade gliomas*. 2023. doi: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560668/>.
- [5] The Cancer Genome Atlas Research Network, "Comprehensive, Integrative Genomic Analysis of Diffuse Lower-Grade Gliomas," *N. Engl. J. Med.*, vol. 372, no. 26, pp. 2481-2498, 2015, doi: 10.1056/nejmoa1402121.
- [6] H. Du, C. Piyawajanusorn, G. Ghislat, and P. J. Ballester, "Predicting temozolomide response in low-grade glioma patients with large-scale machine learning," *bioRxiv*, 2024, doi: <https://doi.org/10.1101/2024.12.22.629995>.
- [7] B. H. Menze *et al.*, "The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS)," *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 34, no. 10, pp. 1993-2024, 2015, doi: 10.1109/TMI.2014.2377694.
- [8] O. Ronneberger, P. Fische, and T. Brox, "U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2015*, 2015, pp. 234-241. doi: https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4_28.
- [9] L. C. Chen, G. Papandreou, I. Kokkinos, K. Murphy, and A. L. Yuille, "DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs," *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 40, no. 4, pp. 834-848, 2018, doi: <https://doi.org/10.1109/TPAMI.2017.2699184>.
- [10] D. Xu, X. Zhou, X. Niu, and J. Wang, "Automatic segmentation of low-grade glioma in MRI image based on UNet++ model," *J. Phys. Conf. Ser.*, vol. 1693, no. 1, 2020, doi: 10.1088/1742-6596/1693/1/012135.
- [11] Q. Zhang, W. Qi, H. Zheng, and X. Shen, "CU-Net: A U-Net Architecture for Efficient Brain-Tumor Segmentation on BraTS 2019 Dataset," *2024 4th Int. Conf. Mach. Learn. Intell. Syst. Eng. MLISE 2024*, pp. 255-258, 2024, doi: 10.1109/MLISE62164.2024.10674119.
- [12] I. Aboussaleh, J. Riffi, K. El Fazazy, M. A. Mahraz, and H. Tairi, "Efficient U-Net Architecture with Multiple Encoders and Attention Mechanism Decoders for Brain Tumor Segmentation," *Diagnostics*, vol. 13, no. 5, 2023, doi: 10.3390/diagnostics13050872.
- [13] S. Saluja, M. C. Trivedi, and S. S. Sarangdevot, "Advancing glioma diagnosis: Integrating custom U-Net and VGG-16 for improved grading in MR imaging," *Math. Biosci. Eng.*, vol. 21, no. 3, pp. 4328-4350, 2024, doi: 10.3934/mbe.2024191.