



## Segmentasi dan pengorakan citra mikroskopik Pap smear menggunakan algoritme K-means dan J48

*Segmentation and analysis of Pap smear microscopic images using the K-means and J48 algorithms*

Sri Hadianti<sup>1)</sup>, Dwiza Riana<sup>2\*)</sup>

<sup>1)</sup>Program Studi Sistem Informasi, Sekolah Tinggi Manajemen Informatika dan Komputer Nusa Mandiri  
Jl. Raya Jatiwaringin No 2, Cipinang Melayu, Makasar, Jakarta Timur, Indonesia 13620

<sup>2)</sup>Program Studi Ilmu Komputer, Sekolah Tinggi Manajemen Informatika dan Komputer Nusa Mandiri  
Jl. Raya Jatiwaringin No 2, Cipinang Melayu, Makasar, Jakarta Timur, Indonesia 13620

---

**Cara sitasi:** S. Hadianti and D. Riana, "Segmentasi dan pengorakan citra mikroskopik pap smear menggunakan algoritme K-means dan J48," *Jurnal Teknologi dan Sistem Komputer*, vol. 9, no. 2, pp. 113-119, 2021. doi: [10.14710/jtsiskom.2021.13943](https://doi.org/10.14710/jtsiskom.2021.13943)

---

**Abstract – A Pap smear is used to early detection cervical cancer. This study proposes the segmentation and analysis method of Pap smear cells images using the K-means algorithm so that cytoplasmic cells, nuclear cells, and inflammatory cells can be segmented automatically. The results of the feature analysis from the cytoplasmic, nuclear, and inflammatory cell images were classified using the J48 algorithm with 37 training data. The training resulted in an accuracy of 94.594 %, precision of 95 %, and sensitivity of 94.6 %. The classification of 24 testing images resulted in an accuracy of 91.6%, a precision of 92.5 %, and a sensitivity of 91.7 %.**

**Keywords** – k-means; GLCM; J48; pap smear; segmentation

**Abstrak – Pap smear merupakan salah satu metode untuk melakukan deteksi dini dari kanker leher rahim. Kajian ini membahas metode segmentasi dan analisis citra sel Pap smear menggunakan algoritme K-means agar sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang dapat tersegmentasi secara otomatis. Hasil analisis fitur dari citra sel sitoplasma, nukleus, dan radang tersebut diklasifikasikan menggunakan algoritme J48 dengan data latih sebanyak 37 citra dan menghasilkan akurasi sebesar 94,594 %, presisi 95 %, dan sensitivitas sebesar 94,6 %. Pengujian klasifikasi pada data uji sebanyak 24 citra menghasilkan akurasi sebesar 91,6 %, presisi sebesar 92,5 % dan sensitivitas sebesar 91,7 %.**

**Kata kunci** – k-means; GLCM; J48; pap smear; segmentasi

### I. PENDAHULUAN

Tahun 2018 pengidap kanker leher rahim di Indonesia mencapai 23,4 per 100.000 penduduk [1]. Pencegahan terjadinya penyakit kanker leher rahim perlu dilakukan agar perempuan di Indonesia terhindar dari penyakit kanker leher Rahim. Cara deteksi dini penyakit kanker leher rahim salah satunya dapat dilakukan dengan pemeriksaan Pap smear.

Pap smear merupakan teknik untuk mengetahui adanya perubahan dari sel yang berada pada dinding rahim. Dengan Pap smear, seorang perempuan dapat diketahui mengidap kanker leher rahim atau tidak. Pap smear dilakukan oleh ahli patologi secara manual dengan bantuan mikroskop [2]. Waktu yang dibutuhkan untuk identifikasi sel Pap smear cukup lama. Hal tersebut dikarenakan beragamnya sel. Pengolahan citra perlu dilakukan agar waktu untuk identifikasi lebih cepat dan kesalahan dalam diagnosis semakin kecil [3].

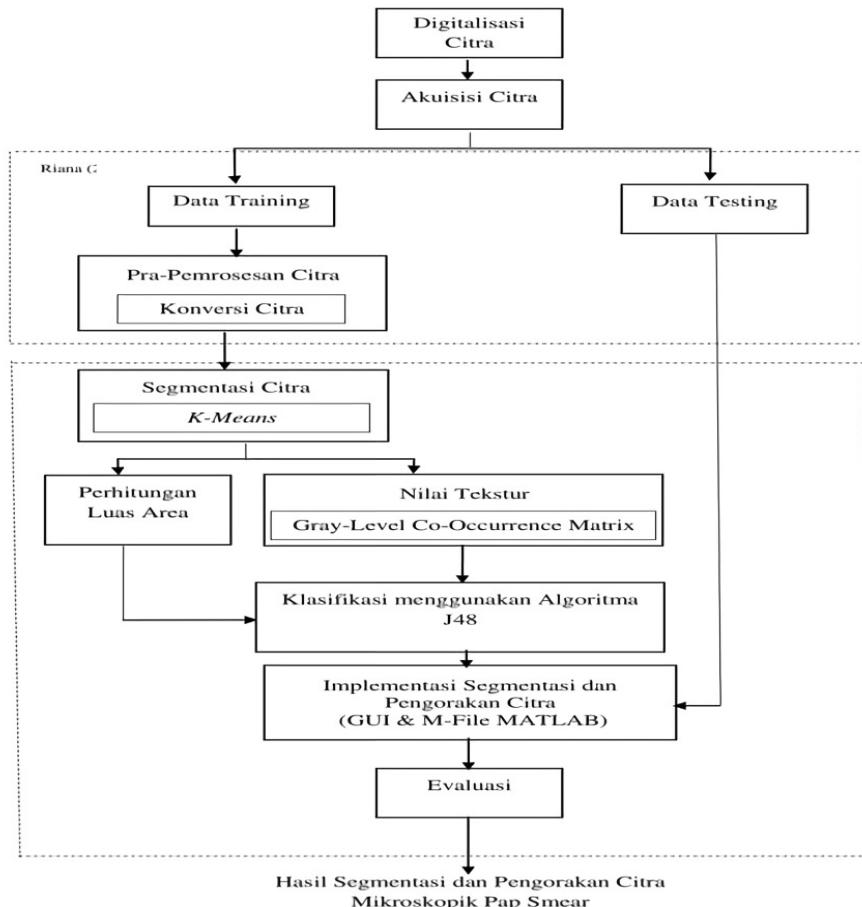
Kajian pengolahan citra dalam proses identifikasi sel melalui segmentasi pada sitoplasma dan nukleus dengan hasil yang baik telah dikembangkan, dimana nukleus dan sitoplasma dapat tersegmentasi sempurna [4]-[6]. Algoritme yang sering digunakan untuk melakukan segmentasi citra sel Pap smear adalah algoritme K-means. Kajian tersebut berhasil melakukan segemantasi citra nukleus dengan menggunakan algoritme K-means [7]. Algoritme K-means juga berhasil melakukan segmentasi citra sel Pap smear tumpang tindih [8]. Algoritme K-means digunakan dalam segmentasi citra sel sitoplasma dan nukleus dalam [3], [9].

Ekstraksi fitur setelah proses segmentasi perlu dilakukan. Hal tersebut bertujuan untuk mengetahui nilai-nilai dari fitur citra yang diteliti sebelum dilakukan klasifikasi. Ekstraksi fitur yang sering digunakan dalam penelitian Pap smear adalah metode GLCM, seperti pada [10], [11]. Metode GLCM dapat digunakan untuk menganalisis tekstur citra sel Pap smear yang dikaji.

Klasifikasi dari citra sel Pap smear dilakukan untuk mengetahui secara otomatis bagian-bagian dari sel yang

---

<sup>\*)</sup>Penulis korespondensi (Dwiza Riana)  
Email: dwiza@nusamandiri.ac.id



**Gambar 1.** Model penelitian segmentasi dan pengorakan citra Pap smear

diteliti. Proses klasifikasi dilakukan setelah diketahui hasil dari analisis tekstur. Kajian tentang klasifikasi citra sel Pap smear sebelumnya dilakukan menggunakan metode Random Forest, naïve Bayes dan J48 [12]. Metode J48 juga digunakan dalam melakukan klasifikasi dengan analisis tekstur menggunakan metode GLRM dalam [13].

Berbeda dengan [3], [7]-[9] yang menggunakan dataset publik dan melakukan segmentasi citra sel nukleus dan sel sitoplasma, penelitian ini melakukan segmentasi citra sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang menggunakan dataset privat dari Laboratorium Patologi Bandung. Penelitian ini juga melakukan analisis tekstur, dimana nilai-nilai tekstur yang didapat berasal dari fitur GLCM yang meliputi *Contrast*, *Energy*, *Correlation*, *Homogeneity*, *Entropy*, digabungkan dengan nilai dari luas dan perimeter, yang berbeda dari [10], [11]. Algoritme J48 diusulkan untuk klasifikasi dari sitoplasma, nukleus, dan sel radang pada penelitian ini seperti [13]. Penelitian ini juga diimplementasikan dalam sistem yang dapat mendeteksi sitoplasma, nukleus, dan radang.

## II. METODE PENELITIAN

Kajian segmentasi dan analisis Pap smear ini menggunakan metode eksperimen berdasarkan [10].

Penelitian melibatkan penyelidikan perilaku pada parameter atau variabel tergantung dari penelitiannya, dan menggunakan uji yang dikendalikan oleh peneliti sendiri. Desain model penelitian dinyatakan pada [Gambar 1](#).

### A. Digitalisasi citra

Tahap digitalisasi citra pada penelitian ini melakukan konversi dari citra analog menjadi citra digital menggunakan mikroskop *Olympus* model CX33RTFS2 yang sudah dipasangkan kamera khusus dengan resolusi yang bisa diubah sesuai dengan kebutuhan. [Gambar 2](#) menunjukkan tahapan proses digitalisasi citra. Tahap digitalisasi dengan menggunakan mikroskop dengan kamera khusus juga dilakukan dalam [14], namun digunakan dalam identifikasi sel darah putih.

### B. Akuisisi citra

Akuisisi citra pada penelitian ini merupakan proses penangkapan (*capture*) atau pemindai citra analog sehingga diperoleh citra digital. Hal-hal yang diperhatikan dalam proses akuisisi citra di antaranya adalah resolusi alat akuisisi, jarak dan sudut pengambilan citra, pencahayaan, perbesaran, pergerakan objek maupun pergerakan kamera, dan citra hasil akuisisi [15]. Citra-citra yang diperoleh dari proses

akuisisi citra memiliki nilai piksel yang sama. Perbesaran lensa pada penelitian ini sebanyak 40 kali, resolusi citra  $1280 \times 720$  piksel, dan jarak lensa 2 cm dari objek. Citra yang dihasilkan memiliki hasil dan ukuran yang sama dengan menggunakan teknik akuisisi citra tersebut.

### C. Dataset dan pra pemrosesan citra

Dataset yang digunakan pada penelitian ini merupakan citra analog dari citra Pap smear yang diperoleh dari Laboratorium Khusus Patologi Veteran Bandung, Jawa Barat, Indonesia. Pemrosesan data awal dilakukan dengan melakukan digitalisasi citra, dimana data analog dari Pap smear ditransformasikan menjadi citra digital.

Dataset yang diperoleh dari digitalisasi citra tunggal adalah sebanyak 61 citra. [Gambar 3](#) merupakan contoh dari beberapa citra Pap smear yang digunakan dalam penelitian ini. Dataset sebanyak 61 citra Pap smear dilakukan pembagian data, yaitu data latih dan data uji dengan perbandingan 60:40. Data latih sejumlah 37 citra dan data uji sebanyak 24 citra.

Tahapan pra-pemrosesan citra dilakukan untuk mendapatkan informasi tentang citra yang digunakan dalam pengolahan citra dengan melakukan konversi citra. Pada penelitian ini dilakukan konversi citra RGB menjadi citra keabuan. Tujuan dari proses ini adalah untuk menyederhanakan citra agar mudah untuk diproses pada tahapan segmentasi seperti [\[16\]](#). Contoh hasil konversi citra ke citra keabuan ditunjukkan pada [Gambar 4](#).

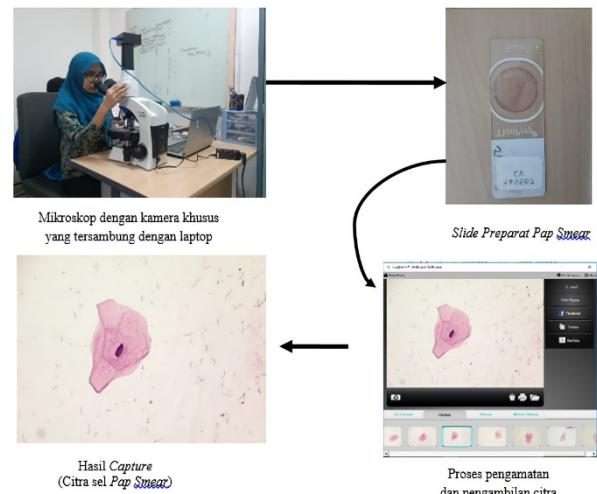
### D. Segmentasi citra

Segmentasi menggunakan algoritme K-means untuk mengetahui objek sitoplasma, nukleus, dan radang yang terdapat pada dataset citra sel Pap smear sebanyak 37 citra yang telah dilakukan pra pemrosesan. Algoritme K-means mengelompokkan objek dari citra sel Pap smear berdasarkan atribut ke dalam pembagi klastering  $k$  [\[17\]](#). Proses klastering dalam algoritme K-means melakukan identifikasi data yang dikelompokkan menjadi  $X_{ij}(i = 1, \dots, n; j = 1, \dots, m)$  dengan  $n$  merupakan jumlah data yang dikelompokkan dan  $m$  merupakan jumlah variabel. Iterasi awal pada pusat setiap klaster ditandai huruf  $k$  dan ditentukan secara bebas dengan  $k = 1, \dots, k; j = 1, \dots, m$ .

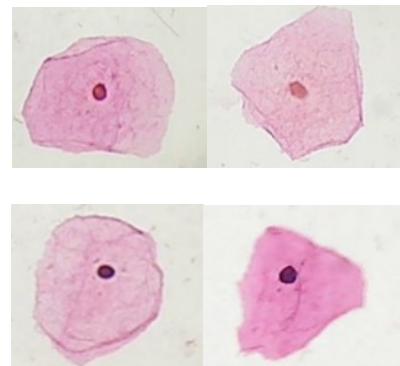
Jarak antara setiap data dengan pusat klaster dihitung dengan menggunakan rumus Euclidean seperti pada Persamaan 1. Parameter  $d_{ik}$  menyatakan jarak data ke-i ( $k_i$ ) dan pusat klaster ke-k ( $C_{kj}$ ).

$$d_{ik} = \sqrt{\sum_{j=1}^M (k_{ij} - C_{kj})^2} \quad (1)$$

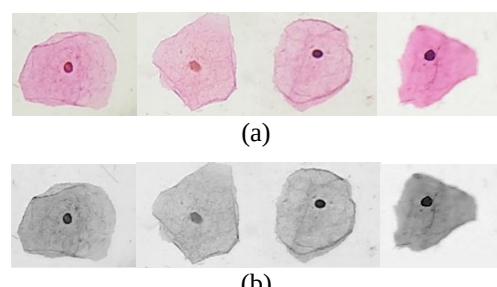
Data yang termasuk klaster ke-k merupakan data yang memiliki jarak data ke pusat klaster kecil jika dibandingkan dengan pusat klaster yang lain. Data-data anggota setiap klaster dikelompokkan dan dihitung pusat klasternya (*centroid*) dengan Persamaan 2.



**Gambar 2.** Proses digitalisasi citra



**Gambar 3.** Empat contoh citra sel tunggal Pap smear



**Gambar 4.** Konversi citra: (a) citra sel tunggal Pap smear, dan (b) hasil konversi menjadi citra keabuan

Parameter  $X_{ij}$  merupakan anggota klaster ke- $k$  dan  $p$  menyatakan banyaknya anggota klaster ke- $k$ .

$$C_{kj} = \frac{\sum_{i=1}^p X_{ij}}{p} \quad (2)$$

### E. Analisis tekstur, perhitungan luas area, dan klasifikasi

Analisis tekstur dalam kajian ini menggunakan metode GLCM [\[18\]](#). Fitur-fitur GLCM yang digunakan adalah *contras*, *energy*, *correlation*, *homogeneity*, dan *entropy* seperti [\[10\]](#), [\[11\]](#). Fitur ini digabungkan dengan

nilai dari luas dan perimeter. Analisis tekstur menggunakan metode GLCM yang diujikan pada 37 citra yang tergabung dalam dataset latih dan digunakan untuk mencari aturan klasifikasi.

Nilai tekstur dan hasil perhitungan dari area pada penelitian ini diolah menggunakan metode pengklasifikasi *Decision Tree J48* yang menghasilkan aturan klasifikasi [19]-[21]. Tahapan klasifikasi dengan menggunakan algoritme J48 adalah penyiapan data latih berjumlah 37 untuk dilakukan klasifikasi, akar dari pohon, dan menghitung nilai *gain* menggunakan Persamaan 3. Data latih yang sudah dianalisis tekturnya menggunakan metode GLCM, diolah kembali menggunakan metode pengklasifikasi J48 sehingga dihasilkan model klasifikasi.

$$Entropy(S) = \sum_{i=1}^n -pi * \log_2 pi \quad (3)$$

Hasil dari kajian ini diimplementasikan dalam GUI yang dilakukan menggunakan bantuan Matlab R15. Sistem yang dirancang dapat digunakan oleh pengguna untuk mengetahui bagian-bagian yang berada pada sel Pap smear. Pengguna memasukkan citra sel Pap smear dan sistem akan melakukan segmentasi sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang dengan metode K-means. Klasifikasi dari citra sel Pap smear dengan menggunakan metode J48 dilakukan setelah semua objek dapat tersegmentasi sempurna.

### III. HASIL DAN PEMBAHASAN

#### A. Hasil segmentasi, analisis tekstur dan klasifikasi dengan data latih

Dataset yang diujikan dalam penelitian ini menggunakan  $k$  bernilai 1, 2, 3, 4, dan 5. Angka-angka ini dipilih berdasarkan uji coba yang dilakukan setelah tahap pelatihan, seperti yang dilakukan [22]. Sitoplasma dapat terdeteksi pada  $k=1$ , dengan rentang kontras antara 200–300 piksel. Sel nukleus dapat terdeteksi pada  $k=1$  dengan rentang kontras antara 100–300 piksel. Sel radang dapat terdeteksi pada  $k=1$ , dengan rentang kontras 50–300 piksel. Hasil tersebut menunjukkan

**Tabel 1.** Hasil segmetnasi data latih

Hasil segmentasi	Citra latih	Jumlah
Dapat	T01-T05, T07-T17, T20,	32
disegmentasi	T22, T23, T25-T37	
Tidak dapat	T06, T18, T19, T21, T24	5
disegmentasi		
sempurna		

bawa algoritme K-means dapat digunakan untuk segmentasi dari area sitoplasma, nukleus, dan radang yang diperoleh dari citra mikroskopik sel Pap smear.

Segmentasi pada data latih dilakukan terhadap 37 citra sel Pap smear. [Tabel 1](#) menunjukkan hasil dari segmentasi terhadap 37 citra latih. Citra hasil segmentasi dari data latih tersebut dinyatakan dalam lampiran. Hasil segmentasi ini menunjukkan bahwa sebagian besar dari data latih yang diujikan dapat tersegmentasi dengan baik. Lima citra, yaitu T06, T18, T19, T21, dan T24, tidak dapat disegmentasi dengan sempurna.

Analisis tekstur dilakukan setelah citra berhasil disegmentasi. Orientasi sudut yang dilakukan dalam analisis tekstur menggunakan metode GLCM dimulai dari  $0^\circ$ ,  $45^\circ$ ,  $90^\circ$  dan  $135^\circ$ , sehingga didapatkan nilai tekstur fitur yang dijadikan aturan penelitian. Orientasi yang digunakan adalah  $0^\circ$  karena pada derajat tersebut nilai dari *metric*, *eccentricity*, *contrast*, *correlation*, *energy*, *homogeneity*, luas, dan perimeter terlihat perbedaannya secara signifikan. Fitur yang digunakan dalam perhitungan adalah *metric*, *eccentricity*, *contrast*, *correlation*, *energy*, *homogeneity*, luas, dan perimeter sesuai dengan [9]. [Tabel 2](#) menunjukkan nilai deskriptif data dari GLCM dengan derajat  $0^\circ$  dari sitoplasma, [Tabel 3](#) menunjukkan nilai deskriptif data dari GLCM dengan derajat  $0^\circ$  dari nukleus. [Tabel 4](#) menunjukkan nilai deskriptif data dari GLCM dengan derajat  $0^\circ$  dari sel radang.

Pembentukan model klasifikasi menggunakan algoritme J48 diimplementasikan ke dalam GUI Explorer WEKA. [Gambar 5](#) menunjukkan aturan dari model klasifikasi yang dilakukan. Jika dari citra yang dimasukkan memiliki nilai *centroid* lebih dari 125,6888 piksel, maka dinyatakan Sitoplasma. Jika nilai *centroid* kurang dari 125,6888 piksel, nilai *energy* lebih dari

**Tabel 2.** Nilai deskriptif GLCM sitoplasma

	<b>metric</b>	<b>eccentricity</b>	<b>contrast</b>	<b>correlation</b>	<b>energy</b>	<b>homogeneity</b>	<b>luas</b>	<b>perimeter</b>
Max	0,80	0,88	1,19	0,98	0,96	0,99	126869,00	3445,75
Min	0,11	0,36	0,19	0,57	0,29	0,94	46660,00	1057,59
Mean	0,50	0,64	0,39	0,90	0,55	0,97	84522,07	1621,31
Stdev	0,24	0,15	0,21	0,15	0,21	0,01	22982,57	497,94

**Tabel 3.** Nilai deskriptif GLCM nukleus

	<b>metric</b>	<b>eccentricity</b>	<b>contrast</b>	<b>correlation</b>	<b>energy</b>	<b>homogeneity</b>	<b>luas</b>	<b>perimeter</b>
Max	1,06	0,87	0,37	0,94	0,95	0,99	2987,00	265,67
Min	0,67	0,23	0,01	0,59	0,55	0,96	304,00	24,55
Mean	0,87	0,62	0,07	0,81	0,89	0,99	989,96	163,93
Stdev	0,09	0,15	0,08	0,09	0,09	0,01	575,16	66,44

**Tabel 4.** Nilai deskriptif GLCM radang

	<b>metric</b>	<b>eccentricity</b>	<b>contrast</b>	<b>correlation</b>	<b>energy</b>	<b>homogeneity</b>	<b>luas</b>	<b>perimeter</b>
Max	1,07	0,71	0,08	0,88	0,98	0,99	95,00	50,85
Min	0,91	0,15	0,04	0,15	0,21	0,01	30,00	19,68
Mean	1,00	0,51	0,06	0,80	0,97	0,99	71,25	33,46
Stdev	0,07	0,19	0,02	0,04	0,01	0,00	25,08	11,16

**Tabel 5.** Matriks konfusi klasifikasi terhadap data latih

<b>Prediksi</b>	<b>Kondisi rill</b>			<b>Total</b>
	<b>Sitoplasma</b>	<b>Nukleus</b>	<b>Radang</b>	
Sitoplasma	16	0	0	16
Nukleus	1	10	1	11
Radang	0	0	9	9
Total	17	10	10	37

**Tabel 6.** Matriks konfusi klasifikasi terhadap data uji

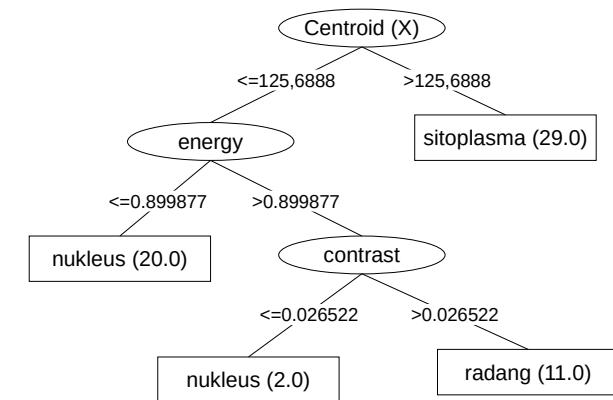
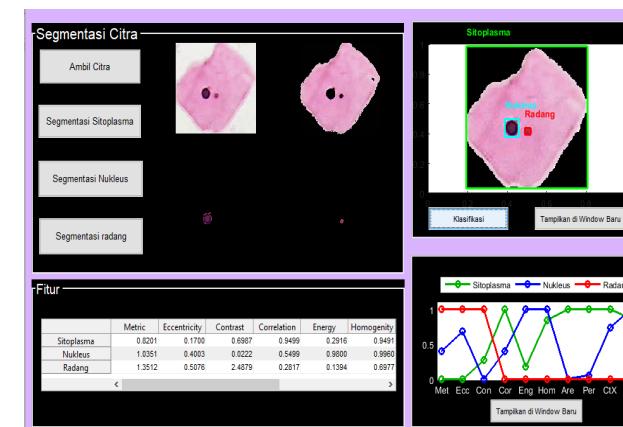
<b>Prediksi</b>	<b>Kondisi rill</b>			<b>Total</b>
	<b>Sitoplasma</b>	<b>Nukleus</b>	<b>Radang</b>	
Sitoplasma	11	1	0	12
Nukleus	1	5	3	9
Radang	0	0	3	3
Total	12	6	6	24

0,899877 piksel, dan nilai *contrast* lebih dari 0,026522 piksel, maka dinyatakan radang. Jika nilai *centroid* kurang dari 125,6888 piksel, nilai *energy* lebih dari 0,899877 piksel, dan nilai *contras* kurang dari 0,026522 piksel, maka dinyatakan nukleus. Jika nilai *centroid* kurang dari 125,6888 piksel, dan nilai *energy* kurang dari 0,899877 piksel, maka dinyatakan nukleus.

Tabel 5 menunjukkan matriks konfusi dari klasifikasi data latih menggunakan metode J48 dan memperoleh akurasi sebesar 94,594 %, presisi 95 %, dan sensitivitas sebesar 94,6 %. Hal tersebut cukup bagus dalam proses klasifikasi, namun masih ada dua citra yang tidak terkласifikasi dengan baik karena ada beberapa objek yang hampir serupa.

## B. Klasifikasi data uji

Klasifikasi citra sel Pap smear dilakukan secara langsung untuk melihat kemampuan sistem mengenali citra sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang secara otomatis. Gambar 6 menunjukkan antarmuka dari sistem klasifikasi citra sel Pap smear dengan enam tombol, yaitu tombol ambil citra, segmentasi sitoplasma, segmentasi nukleus, segmentasi radang, klasifikasi, dan perintah untuk menampilkan di jendela baru. Tombol ambil citra digunakan untuk mengambil citra sel Pap smear pada lokasi penyimpanan citra. Tombol segmentasi sitoplasma digunakan untuk melakukan segmentasi sel sitoplasma yang berada pada citra sel Pap smear. Tombol segmentasi nukleus digunakan untuk melakukan segmentasi sel nukleus yang berada pada citra sel Pap smear. Tombol segmentasi radang digunakan untuk melakukan segmentasi sel radang yang

**Gambar 5.** Pohon keputusan J48**Gambar 6.** Rancangan sistem klasifikasi citra sel Pap smear

berada pada citra sel Pap smear. Tombol klasifikasi digunakan untuk melakukan klasifikasi secara otomatis sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang pada citra sel Pap smear dan memunculkan nilai analisis tekstur. Tombol tampilkan di jendela baru digunakan untuk melihat grafik analisis tekstur dari citra sel Pap smear yang diklasifikasikan.

Hasil klasifikasi terhadap 24 citra uji dinyatakan dalam Tabel 6. Akurasi dari klasifikasi mencapai 91,67 %, presisi 9,25 %, dan sensitivitas 9,17 %. Seperti [12], penelitian ini berhasil melakukan klasifikasi citra sel Pap smear dengan baik. Namun, klasifikasi citra sel Pap smear ini memiliki akurasi lebih tinggi daripada klasifikasi citra Pap smear menggunakan algoritme J48 dan analisis tekstur menggunakan metode GLRM dengan akurasi sebesar 75,04 % dalam [13], dan klasifikasi citra sel Pap smear dalam [23] dengan akurasi sebesar 84,51 %.

Penerapan algoritme K-means dalam segmentasi, analisis tekstur dengan metode GLCM, dan klasifikasi dengan algoritme J48 telah berhasil mengenali data testing citra sel Pap smear dengan baik. Berdasarkan pengujian yang telah dilakukan, metode-metode yang digunakan dalam penelitian ini mampu bekerja dengan baik. Penelitian tentang klasifikasi citra sel Pap smear selanjutnya dapat dilakukan pada citra Pap smear berkelompok untuk melihat seberapa akurat metode yang digunakan dalam pengujian sel tunggal Pap smear ini jika dilakukan pada sel berkelompok Pap smear.

#### IV. KESIMPULAN

Segmentasi menggunakan algoritme K-means berhasil melakukan segmentasi sel sitoplasma, sel nukleus, dan sel radang pada citra sel Pap smear dengan data latih dan data uji. Data latih berjumlah 37 citra berhasil dimodelkan menggunakan algoritme J48, dan menghasilkan nilai akurasi sebesar 94,594 %. Klasifikasi pada data uji berjumlah 24 citra menghasilkan akurasi sebesar 91,667 %.

#### DAFTAR PUSTAKA

- [1] Infodatin, "Beban kanker di Indonesia," Pusat Data dan Informasi Kementerian Kesehatan RI, 2019. [Online]. Available: <https://pusdatin.kemkes.go.id>
- [2] S. Anggraeni, "Self efficacy wanita usia subur untuk melakukan pap smear ditinjau dari pengetahuan dan dukungan suami," *Viva Medika*, vol. 10, no. 18, pp. 86–93, 2017.
- [3] R. S. D. Wijaya, A. Adiwijaya, A. B. Suksmono, and T. L. R. Mengko, "Segmentasi citra kanker serviks menggunakan markov random field dan algoritma K-means," *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem Dan Teknologi Informasi)*, vol. 5, no. 1, pp. 139-147, 2021. doi: [10.29207/resti.v5i1.2816](https://doi.org/10.29207/resti.v5i1.2816)
- [4] L. Zhao *et al.*, "Automatic cytoplasm and nuclei segmentation for color cervical smear image using an efficient gap-search MRF," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 71, pp. 46–56, 2016. doi: [10.1016/j.combiomed.2016.01.025](https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2016.01.025)
- [5] Y. Song, L. Zhang, S. Chen, D. Ni, B. Lei, and T. Wang, "Accurate segmentation of cervical cytoplasm and nuclei based on multiscale convolutional network and graph partitioning," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 62, no. 10, pp. 2421–2433, 2015. doi: [10.1109/TBME.2015.2430895](https://doi.org/10.1109/TBME.2015.2430895)
- [6] D. Riana, M. E. Plissiti, C. Nikou, D. H. Widiantoro, T. L. R. Mengko, and O. Kalsoem, "Inflammatory cell extraction and nuclei detection in pap smear images," *International Journal of E-Health and Medical Communications (IJEHMC)*, vol. 6, no. 2, pp. 27–43, 2015. doi: [10.4018/IJEHMC.2015040103](https://doi.org/10.4018/IJEHMC.2015040103)
- [7] H. Bandyopadhyay and M. Nasipuri, "Segmentation of pap smear images for cervical cancer detection," in *2020 IEEE Calcutta Conference*, Kolkata, India, Feb. 2020, pp. 30–33. doi: [10.1109/CALCON49167.2020.9106484](https://doi.org/10.1109/CALCON49167.2020.9106484)
- [8] D. Riana, H. Tohir, and A. N. Hidayanto, "Segmentation of overlapping areas on pap smear images with color features using K-means and otsu methods," in *Third International Conference on Informatics and Computing*, Palembang, Indonesia, Oct. 2018, pp. 1–5. doi: [10.1109/IAC.2018.8780561](https://doi.org/10.1109/IAC.2018.8780561)
- [9] N. Merlina, E. Noersasongko, P. Nurtantio, M. Soeleman, D. Riana, and S. Hadianti, "Detecting the width of pap smear cytoplasm image based on GLCM feature," in *Smart Trends in Computing and Communications: Proceedings of SmartCom 2020*, pp. 231–240, 2020. doi: [10.1007/978-981-15-5224-3\\_22](https://doi.org/10.1007/978-981-15-5224-3_22)
- [10] D. Kashyap *et al.*, "Cervical cancer detection and classification using Independent Level sets and multi SVMs," in *39th international conference on telecommunications and signal processing (TSP)*, Vienna, Austria, Jun. 2016, pp. 523–528. doi: [10.1109/TSP.2016.7760935](https://doi.org/10.1109/TSP.2016.7760935)
- [11] M. Arya, N. Mittal, and G. Singh, "Texture-based feature extraction of smear images for the detection of cervical cancer," *IET Computer Vision*, vol. 12, no. 8, pp. 1049–1059, 2018. doi: [10.1049/iet-cvi.2018.5349](https://doi.org/10.1049/iet-cvi.2018.5349)
- [12] W. Wasswa, J. Obungoloch, A. H. Basaza-Ejiri, and A. Ware, "Automated segmentation of nucleus, cytoplasm and background of cervical cells from pap-smear images using a trainable pixel level classifier," in *IEEE Applied Imagery Pattern Recognition Workshop (AIPR)*, Washington, USA, Oct. 2019, pp. 1–9. doi: [10.1109/AIPR47015.2019.9174599](https://doi.org/10.1109/AIPR47015.2019.9174599)
- [13] D. Riana, D. H. Widiantoro, and T. L. Mengko, "Extraction and classification texture of inflammatory cells and nuclei in normal pap smear images," in *4th International Conference on Instrumentation, Communications, Information Technology, and Biomedical Engineering*, Bandung, Indonesia, Nov. 2015, pp. 65–69. doi: [10.1109/ICICI-BME.2015.7401336](https://doi.org/10.1109/ICICI-BME.2015.7401336)
- [14] A. Siswanto, A. Fadlil, and A. Yudhana, "Ekstraksi ciri metode gray level co-occurrence matrix untuk identifikasi sel darah putih," *JOINTECS (Journal of Information Technology and Computer Science)*, vol. 5, no. 2, pp. 71–88, 2020. doi: [10.31328/jointecs.v5i2.1334](https://doi.org/10.31328/jointecs.v5i2.1334)
- [15] V. K. Mishra, S. Kumar, and N. Shukla, "Image acquisition and techniques to perform image acquisition," *SAMRIDDH: A Journal of Physical Sciences, Engineering and Technology*, vol. 9, no. 1, 2017.
- [16] M. T. Sreedevi, B. S. Usha, and S. Sandya, "Papsmear image based detection of cervical cancer," *International Journal of Computer Applications*, vol. 45, no. 20, pp. 35–40, 2012. doi: [10.5120/1948-9946\\_4520\\_3540](https://doi.org/10.5120/1948-9946_4520_3540)
- [17] S. Hadianti and D. Riana, "Sistem pengenalan otomatis diameter citra mantoux untuk deteksi dini penyakit tbc kelenjar," *Jurnal Techno Nusa*

- Mandiri*, vol. 15, no. 2, pp. 77-83, 2018. doi: [10.33480/techno.v15i2.892](https://doi.org/10.33480/techno.v15i2.892)
- [18] M. Haralick, R. Robert, K. Shanmugam, and I. Dinstein, “Textural features for image classification,” *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics.*, vol. 3, no. 6, pp. 610–621, 1997. doi: [10.1109/TSMC.1973.4309314](https://doi.org/10.1109/TSMC.1973.4309314)
- [19] M. Yusa, E. Utami, and E. Luthfi, “Evaluasi performa algoritma klasifikasi decision tree id3,” *INFOSYS (Information System) Journal*, vol. 4, no. 1, pp. 23–34, 2016.
- [20] J. H. J. C. Ortega, M. R. Resureccion, L. R. Q. Natividad, E. T. Bantug, A. C. Lagman, and S. R. Lopez, “An analysis of classification of breast cancer dataset using J48 algorithm,” *International Journal of Advanced Trends in Computer Science and Engineering*, vol. 9, no. 1.3, pp. 475–480, 2020. doi: [10.30534/ijatcse/2020/7591.32020](https://doi.org/10.30534/ijatcse/2020/7591.32020)
- [21] H. Seif, “Naive bayes and j48 classification algorithms on swahili tweets: performance evaluation,” *International Journal of Computer Science and Information Security*, vol. 14, no. 1, pp. 1-4, 2016.
- [22] I. A. Angreni, S. A. Adisasmita, M. I. Ramli, and S. Hamid, “Pengaruh nilai k pada metode k-nearest neighbor (KNN) terhadap tingkat akurasi identifikasi kerusakan jalan,” *Rekayasa Sipil Mercu Buana*, vol. 7, no. 2, pp. 63-70, 2019. doi: [10.22441/jrs.2018.v07.i2.01](https://doi.org/10.22441/jrs.2018.v07.i2.01)
- [23] S. Fekri-Ershad, “Pap smear classification using combination of global significant value, texture statistical features and time series features,” *Multimedia Tools and Applications.*, vol. 78, no. 22, pp. 31121–31136, 2019. doi: [10.1007/s11042-019-07937-y](https://doi.org/10.1007/s11042-019-07937-y)



©2021. This open-access article is distributed under the terms and conditions of the [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).