

METODE *SAMPLE BOOTSTRAPPING* UNTUK MENINGKATKAN PERFORMA ALGORITMA *NAIVE BAYES* PADA CITRA TUNGGAL *PAP SMEAR*

Yumi Novita Dewi ¹, Findi Ayu Sariasih ²

^{1,2}Sistem Informasi, Ilmu Komputer
STMIK Nusa Mandiri Jakarta
yuminovitadewi@gmail.com¹, findi.ayu@gmail.com²

ABSTRACT

Research on cell classification of single pap smear images is an interesting thing to discuss, where the value of consent is very important to determine whether the cells are normal or not. An example of this study is to determine whether using the bootstrapping sample method can improve the performance of the Bayes naive algorithm to classify single pap smear images that are on the herlev dataset. Approval values will be given for two classes and seven classes. The method used consists of several stages, namely preprocessing, knowledge rules, evaluation, and performance reports. The results of this study prove that the bootstrap sample method can increase the accuracy of seven classes to 85.24% and 93.24% for accuracy values with two classes.

Keywords: *Sample Bootstrapping, Naive Bayes, Pap Smear*

ABSTRAK

Penelitian mengenai klasifikasi sel citra tunggal *pap smear* menjadi hal yang menarik untuk dibahas, dimana nilai akurasi tersebut sangat penting untuk menentukan apakah sel-sel tersebut normal atau tidak. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan apakah penggunaan metode *sample bootstrapping* dapat meningkatkan kinerja algoritma naive bayes untuk mengklasifikasikan citra tunggal *pap smear* yang ada pada dataset herlev. Nilai akurasi akan diperiksa untuk dua kelas dan tujuh kelas. Metode yang digunakan terdiri dari beberapa tahapan yaitu *preprocessing, knowledge rule, evaluation*, dan *performance report*. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa metode *sample bootstrapping* dapat meningkatkan nilai akurasi tujuh kelas menjadi 85,24% dan 93,24% untuk nilai akurasi dengan dua kelas.

Kata Kunci: *Sample Bootstrapping, Naive Bayes, Pap Smear*

I. PENDAHULUAN

Menurut data WHO, Kanker serviks merupakan penyakit ke empat yang menyerang wanita, ada sekitar 530.000 kasus baru pada tahun 2012 yang mewakili sekitar 7,5% menyebabkan kematian bagi sebagian besar wanita di dunia. Diperkirakan lebih dari 270.000 kematian akibat kanker serviks setiap tahun. Kanker serviks itu menyerang pada bagian leher serviks yang disebabkan oleh *Human Papilloma Virus* (HPV) yang tidak secara langsung terasa oleh penderitanya, sehingga rata-rata penderita penyakit kanker serviks ini baru akan mengetahui ketika sudah mencapai stadium lanjut. Tentunya hal ini akan menyebabkan kematian bagi penderitanya jika tindakan medis terlambat. Kurangnya kesadaran untuk melakukan pemeriksaan dini dan terbatasnya ketersediaan pakar yang dapat melakukan diagnosa *Pap Smear*, menyebabkan angka kematian yang semakin meningkat.

Awal penelitian tentang deteksi dini penyakit kanker serviks dilakukan oleh ilmuwan bernama Georgeus Papanicolaou pada tahun 1930, dimana Georgeus Papanicolaou menemukan mekanisme diagnosa pra-kanker serviks, sehingga deteksi dini penyakit kanker serviks itu dikenal dengan istilah *Pap Smear* [1]. Dari penelitian yang dilakukan oleh Georgeus Papanicolaou tersebut menghasilkan suatu metode untuk mengkategorikan sel-sel spesimen normal dan abnormal. Informasi terhadap data sel kanker serviks tersebut dikenal dengan istilah data herlev oleh peneliti bernama Jantzen, Norup, Dounias, & Bjerregaard, dimana dataset tersebut dapat dilakukan penelitian lebih lanjut tentang perkembangan penyakit kanker serviks.

Dalam perkembangannya, penelitian mengenai klasifikasi sel citra tunggal *Pap smear* telah menjadi fokus yang menarik untuk dibahas. Klasifikasi langsung juga ditujukan untuk mengetahui bentuk klasifikasi antara sel normal dan sel tidak normal. Sampai saat ini, lingkup pengklasifikasian masih terus dilakukan peneliti untuk mengetahui lebih jauh perkembangan penyakit kanker serviks dengan konsep *data mining*. Menurut [2], *Data mining* adalah proses penggalian pengetahuan dari data yang besar dari basis data atau *repository data base* lainnya.

Untuk pengklasifikasian dengan dataset sel citra tunggal *Pap Smear*, perlu adanya model

algoritma *Sample Bootstrapping*, dimana telah diketahui bahwa dataset sel citra tunggal *Pap Smear* dikategorikan dalam dataset dengan dimensi skala besar, dan perlu adanya teknik untuk mengurangi jumlah data *training* untuk diproses dan mengurangi atribut sehingga mampu meningkatkan akurasi [3]. Metode *Sample Bootstrapping* digunakan untuk mengurangi jumlah data *training* yang akan diproses [4] (Olive DJ, 2017). Untuk dapat mengatasi persoalan dengan dataset dengan dimensi besar, maka perlu adanya sampel data (*sampling*) secara acak agar data yang akan diproses menjadi lebih kecil [5] (Liu, Zhou, 2009) sehingga dapat menghasilkan nilai akurasi terbaik.

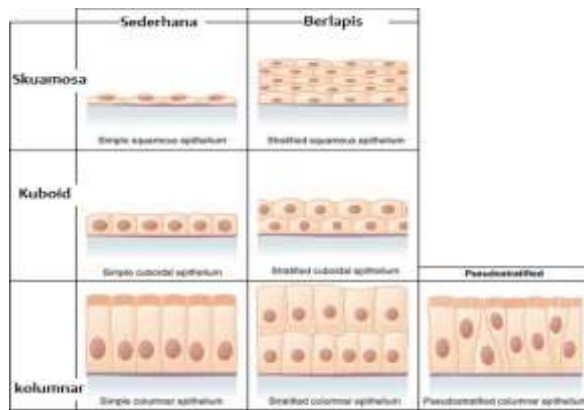
II. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 *Pap Smear*

Penelitian tentang *Pap Smear* diawali pada tahun 1930 oleh Georgeus Papanicolaou dengan menemukan mekanisme diagnosa pra-kanker servik yang kemudian dikenal dengan nama metode Papanicolaou. Metode ini merupakan suatu mekanisme untuk mendiagnosis sel pra kanker servik yang dikenal dengan istilah *Pap Smear*. Hal ini dilakukan sebagai usaha pengukuran penyakit kanker servik yang saat ini menjadi ancaman yang serius bagi wanita.

Secara teknik *Pap Smear* dilakukan dengan mengambil lendir dengan menggunakan spatula yang diletakkan pada gelas objek. Seorang ahli sitologi sel akan memeriksa gelas objek tersebut dengan *mikroskop*. Metode *papanicolaou*, diawali dengan peletakan spesimen sampel sel leher rahim pada *glass slide*. Selanjutnya menggunakan suatu cairan khusus, kemudian sampel sel tersebut diberi warna dengan tujuan untuk mempermudah diagnosis yang dilakukan dibawah *miskroskop*.

Sel-sel *spesimen* pada metode *papanicolaou* tersebut kemudian dikenal dengan sebutan *Pap Smear*. Secara umum sel tunggal *Pap Smear* terdiri atas 3 bagian wilayah, yaitu nukleus, sitoplasma yang mengelilingi nukleus, serta latar belakang yang bukan merupakan area sel. Sel-sel *spesimen* tersebut kebanyakan diambil dari wilayah *columnar epithelium* dan *squamous epithelium* [4] seperti pada Gambar 1.



Sumber: Dewi, Riana, dkk, 2017.

Gambar 1. Wilayah *columnar epithelium* dan *squamous epithelium*.

Kondisi normal akan berubah ketika terdapat sel-sel pra-kanker pada leher rahim atau yang disebut dengan sel-sel *dysplastic*, informasi genetik dari sel-sel tersebut akan berubah, sehingga sel-sel tersebut tidak lagi terbagi ke dalam lapisan-lapisan perkembangan seperti seharusnya [5].

Berdasarkan diagnosis, terdapat 2 (dua) jenis sel pra-kanker, yaitu *dysplasia* yang berarti perkembangan yang tidak beraturan, dan *carcinoma in situ* [6]. Sel *dysplasia* sendiri dapat dibagi menjadi tiga jenis, yaitu *mild*, *moderate*, dan *severe displasia*. Dengan demikian, setiap sel yang terdapat pada leher rahim dapat dikelompokkan ke dalam tujuh kelas sel.

Adapun karakteristik dari ke tujuh kelas sel tunggal *Pap Smear* [4], seperti terlihat pada Tabel 1. berikut ini:

Tabel 1. Karakteristik Sel Tunggal *Pap Smear*

No.	Nama Kelas	Karakteristik
1.	Normal <i>Superficial</i>	<ul style="list-style-type: none"> Sel berbentuk oval. Nucleus berukuran sangat kecil. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma sangat kecil.
2.	Normal <i>Intermediate</i>	<ul style="list-style-type: none"> Sel berbentuk bulat. Nucleus berukuran besar. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma kecil.
3.	Normal <i>Columnar</i>	<ul style="list-style-type: none"> Sel berbentuk seperti kolom. Nucleus berukuran besar. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma sedang.

4.	<i>Mild (Light) Dysplasia</i>	<ul style="list-style-type: none"> Nucleus berukuran besar dan berwarna terang. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dan sitoplasma sedang.
5.	<i>Moderate Dysplasia</i>	<ul style="list-style-type: none"> Nucleus berukuran besar dan berwarna gelap. Sitoplasma berwarna gelap. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma besar.
6.	<i>Severe Dysplasia</i>	<ul style="list-style-type: none"> Nucleus berukuran besar, berwarna gelap, dan bentuknya tidak teratur. Sitoplasma berwarna gelap. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma sangat besar.
7.	<i>Carinoma In Situ</i>	<ul style="list-style-type: none"> Nucleus berukuran besar, berwarna gelap, dan bentuknya tidak teratur. Perbandingan luas wilayah <i>nucleus</i> dengan luas wilayah sitoplasma sangat besar.

Sumber: [4].

Setelah pada tahun 2003, Erik Martin [7] melakukan klasifikasi terhadap sel *Pap Smear* yang terdiri dari tujuh kelas yaitu tiga kelas normal dan empat kelas abnormal seperti pada Tabel 1. Pada tahun 2005, Jantzen et al [8], mengusulkan dua puluh fitur yang dapat diekstraksi dari hasil segmentasi sel citra *Pap Smear* dimana dua puluh fitur ini merupakan jumlah fitur yang cukup besar.

2.2 Metode Algoritma *Naïve Bayes*

Klasifikasi adalah proses untuk menentukan model atau fungsi yang menjelaskan atau membedakan konsep atau kelas data, dengan tujuan untuk dapat memperkirakan kelas dari suatu objek yang labelnya diketahui. Klasifikasi dengan *naïve bayes* bekerja berdasarkan teori probabilitas yang memandang semua fitur dari data sebagai bukti dalam probabilitas. Hal ini memberikan karakteristik *naïve bayes* sebagai berikut:

- a. Metode *naïve bayes* bekerja teguh (*robust*) terhadap data-data yang terisolasi yang biasanya merupakan data dengan karakteristik berbeda (*outliner*). *Naïve bayes* juga bisa menangani nilai atribut yang salah dengan mengabaikan data latih selama proses pembangunan model dan prediksi.

- b. Tangguh menghadapi atribut yang tidak relevan.

Atribut yang mempunyai korelasi bisa mendegradasi kinerja klasifikasi *naïve bayes* karena asumsi independensi atribut tersebut sudah tidak ada.

2.3 Metode *Sample Bootstrapping*

Bootstrapping adalah suatu metode untuk mendeviasikan estimasi yang kuat dari *error standar* dan interval kepercayaan untuk mengestimasi proporsi, rata-rata, *median*, *odds ratio*, *koefisien korelasi* atau *koefisien regresi* [9]. *Bootstrapping* juga dapat digunakan untuk mengembangkan uji hipotesis.

Bootstrapping sangat berguna sebagai alternatif untuk estimasi parameter ketika peneliti merasa ragu dapat memenuhi asumsi pada data dengan dimensi skala besar ataupun kasus *heteroskedastisitas* yang muncul pada analisis regresi karena ukuran sampel yang dimiliki kecil [10]. *Bootstrapping* juga berguna ketika *inferensi* parametrik tidak mungkin dilakukan atau memerlukan rumus yang sangat rumit untuk menghitung *error standar* untuk *median*, *kuartil*, *persentil* dan lainnya.

Menurut Wasserman dan Bochenhold, “dengan metode *bootstrap* ukuran *contoh* dapat diperbesar tanpa memperbesar biaya, tenaga, dan waktu”. Banyak penelitian yang telah dilakukan untuk mencari suatu teori atau teknik yang tidak sensitif terhadap ukuran, salah satu tekniknya adalah metode *bootstrap*. Metode *bootstrap* seperti yang telah dikemukakan oleh Efron dan Tibshirani, merupakan metode simulasi berdasarkan data untuk pengambilan kesimpulan secara statistika. Metode ini digunakan untuk menjawab pertanyaan-pertanyaan statistika yang dalam pemecahannya terbentur pada rumus-rumus matematis yang rumit. Fiellin dan Feinskin, menyatakan bahwa metode *bootstrap* tidak memerlukan asumsi model teoritis maupun model matematis, selain itu data tidak harus berasal dari sebaran tertentu atau dapat dikatakan bebas sebaran. Metode *bootstrap* merupakan metode penaksiran *nonparametric* yang dapat digunakan untuk menaksir parameter dan nilai signifikansi atau *significance level*.

Ide dasar pengambilan ulang *sample empiris* ini adalah memperbanyak setiap titik *sample* sehingga berukuran besar. Selanjutnya semua *sample* tersebut dimasukkan ke dalam suatu mesin acak dan dari mesin tersebut ditarik suatu *sample* berukuran tertentu atau sama

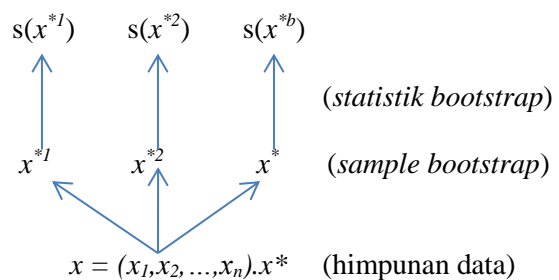
dengan ukuran *sample* semula dan dilakukan dengan pengembalian. Dari *sample* tersebut dilakukan terus menerus sampai pada saat dimana nilai dugaan yang diperoleh menjadi *konvergen*, sehingga nilai dugaan parameter dari *sample-sample* diharapkan dapat menggambarkan keadaan parameter yang sebenarnya.

Misalkan himpunan data asli $x = (x_1, x_2, \dots, x_n).x^*$ merupakan *sample bootstrap* yang diambil secara acak sebanyak n dari data asli dengan pengembalian. Misalkan $s(x)$ adalah statistik dari *sample* dari *sample* data asli, maka $s(x)$ adalah taksiran nilai data asli, pengambilan *sample bootstrap* dilakukan sebanyak b dan nilai taksiran parameter atau statistik diperoleh dari nilai statistik dari kumpulan *statistic* $s(x^{*i})$ dimana $i = 1, 2, \dots, b$.

Berbeda dengan penaksiran dalam statistika parametrik, metode *sample bootstrap* tidak memerlukan macam-macam asumsi. Satu-satunya yang diperlukan hanyalah bahwa *sample* yang digunakan sudah cukup mewakili (*representative*) populasinya. Di samping itu, metode ini memberikan kemudahan penerapan untuk hampir semua jenis statistik.

Banyaknya *sample bootstrap* yang harus diambil idealnya adalah $b \infty$. Sedangkan lamanya komputer memproses akan meningkatkan secara *liner* seiring dengan bertambahnya jumlah b . Pengambilan ukuran *sample* acak untuk *bootstrap* yang sudah dianggap dapat berkisar antara 1.000 sampai 2.000 ulangan.

Metode *sample bootstrap* lebih luas penerapannya yaitu dapat digunakan pada *sample* dengan ukuran kurang dari 16 ($n \leq 15$). Metode ini digunakan pada masalah-masalah yang tidak biasa dimana tidak mungkin atau sulit menduga keragaman statistik. Adapun skema proses *sample bootstrap* adalah:



Gambar 2. Skema proses *bootstrap*

Metode *sample bootstrap* dapat juga diterapkan pada hampir semua pendugaan antara lain:

- a. Tidak hanya pada data tunggal x tapi juga pada data lebih dari satu atau berpasangan seperti *regresi*, *matrix*, dan *vector*.
- b. Statistik $t(x)$ yang akan diduga dapat apa saja selama dapat apa saja selama dapat hitung penduga tersebut dari *sample bootstrap* $t(x)$.
- c. Data tidak harus berasal dari sebarang peluang tertentu dan dapat digunakan pada analisis *regresi*, deret waktu, dan analisis lain yang salah satunya adalah analisis tabel kontingensi.

Ukuran keakuratan yang dapat digunakan selain *standart error* adalah *bias*, *mean absolute deviation*, dan selang kepercayaan.

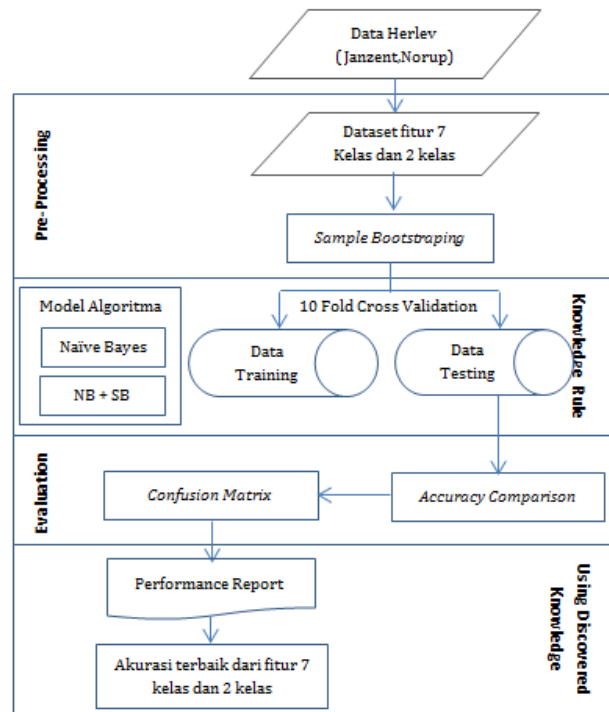
III. METODOLOGI

Metode penelitian yang digunakan adalah pendekatan kuantitatif. Aspek kuantitatif tersebut menekankan pengukuran yang mendasar karena memberikan hubungan antara observasi dan formalisasi model, teori, dan hipotesis [11]. Penelitian merupakan kegiatan yang bertujuan untuk membuat kontribusi orisinal terhadap ilmu pengetahuan [12].

Pada penelitian ini, data yang digunakan merupakan dataset sel tunggal *Pap Smear* atau sering juga disebut dengan bank data *Herlev*. Dataset ini merupakan data bertipe numerik, dimana dataset sel tunggal *Pap Smear* ini memiliki 20 *fiture attribute*, terbagi menjadi 7 kelas, yaitu: kelas normal dan kelas abnormal sebanyak 917 dataset.

Tiga kelas di antaranya adalah kategori kelas sel normal yang meliputi: *Normal Superficial* (NS), *Normal Intermediate* (NI), dan *Normal Columnar* (NC). Sedangkan empat kelas lainnya adalah kategori kelas abnormal, yaitu: *Mild (Light) Dyplasia* (MLD), *Moderate Dyplasia* (MD), *Severe Dyplasia* (SD), dan *Carcinoma In Situ* (CIS).

Tipe fitur diberi penamaan yang mengacu pada penamaan fitur yang telah dilakukan oleh peneliti sebelumnya. Adapun model yang akan diusulkan adalah seperti pada Gambar 3 sebagai berikut:



Gambar 3. Rancangan skema model algoritma usulan

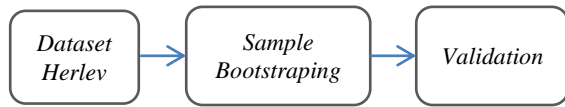
Model yang diusulkan pada penelitian ini adalah model klasifikasi terhadap dataset citra tunggal *Pap Smear*, dengan teknik pengujian menggunakan teknik *10-fold cross validation*, dimana dataset dibagi menjadi 10 bagian, kemudian akan dilakukan komparasi antara algoritma *naive bayes* dan *sample bootstrapping* dan *weighted PCA* dengan implementasi *Rapid Miner v7.0*.

IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

Bootstrap adalah prosedur statistika yang melakukan *sampling* dari populasi yang dikerjakan dengan cara *resampling* dari sampel dataset sel tunggal *pap smear* sebanyak 917 data, dengan harapan *sample* tersebut dapat mewakili data populasi sebenarnya. Adapun langkah dalam pengambilan *sample* dengan metode *sample bootstrapping* pada dataset sel tunggal *pap smear* adalah:

- a. Melakukan *preprocessing* menggunakan *sampling*. Algoritma yang digunakan adalah algoritma *Sample Bootstrapping*.
- b. Kemudian memilih *parameter sample* yaitu; *relative* (sampel dibuat sebagai sebagian kecil dari jumlah total contoh dalam sampel data), dan nilai *sample ratio* yang diinput antara 0-1.
- c. Setelah dilakukan *sampling*, maka data *bootstrap* tersebut divalidasi dengan *k-fold*

cross validation sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Tahapan pengujian algoritma *Naïve Bayes* dengan metode *sample*

Pada Gambar 4 merupakan tahapan pengujian *performance* pada algoritma *naive bayes* dengan *sample bootstrap*. Dalam pengujian ini akan diuji dengan mengimplementasikan aplikasi *rapidminer* versi 7.0. Pengujian dataset sel tunggal *Pap Smear* meliputi fitur tujuh kelas dan dua kelas dengan menggunakan *10-fold cross validation* dengan algoritma *naive bayes* sebagai data

training terhadap dataset sel tunggal *pap smear* sebagai input, kemudian hasilnya digunakan untuk sebagai data *testing* dengan menggunakan dataset yang sama.

10-fold cross validation bekerja dengan membagi dataset masukan menjadi 10 bagian yang sama rata. 9 bagian kemudian di-*training*, sedangkan yang satu bagian lainnya digunakan untuk *testing*. Proses ini diulang sebanyak 10 kali untuk setiap bagian sehingga setiap bagian dari kesepuluh bagian pernah menjadi data *testing*.

Cross Validation melakukan proses *10-fold cross validation* ini untuk kedua algoritma yaitu: model *Sampe Bootstrapping* dan *Weighted-Principal Component Analisis (PCA)*. Berikut ini adalah hasil pengujian akurasi dengan model *Sampe Bootstrapping*:

	true Norma...	true Norma...	true Norma...	true Mid (L...	true Severe...	true Moder...	true Carcin...	clas
pred Norma...	248	9	0	0	0	0	0	96.5
pred Norma...	7	279	0	0	0	0	0	97.5
pred Norma...	0	0	309	39	0	0	0	84.7
pred Mid (L...	0	0	15	529	50	2	0	88.7
pred Severe...	0	0	0	99	330	44	0	89.7
pred Moder...	0	0	0	8	104	789	75	80.4
pred Carcin...	0	0	0	0	0	50	426	89.5
class recall	97.25%	96.88%	95.37%	78.37%	88.18%	88.90%	85.03%	

Gambar 5. Nilai *accuracy* tujuh kelas dengan *sample bootstrap*

Pada Gambar 5 menunjukkan bahwa dataset sel tunggal *Pap Smear* tujuh kelas dengan diklasifikasikan menggunakan metode *naïve bayes* dan metode *Sampe Bootstrapping* secara benar dapat memberikan nilai *accuracy* dengan hasil prediksi sebesar 85,24%. Dan nilai

recall yang merupakan jumlah data *true positive* dibagi dengan jumlah data yang sebenarnya *positive (true positive + true negative)* sebesar 87,23% seperti tertera pada Gambar 6 berikut:

	true Norma...	true Norma...	true Norma...	true Mid (L...	true Severe...	true Moder...	true Carcin...	clas
pred Norma...	248	9	0	0	0	0	0	96.5
pred Norma...	7	279	0	0	0	0	0	97.5
pred Norma...	0	0	309	39	0	0	0	84.7
pred Mid (L...	0	0	15	529	50	2	0	88.7
pred Severe...	0	0	0	99	330	44	0	89.7
pred Moder...	0	0	0	8	104	789	75	80.4
pred Carcin...	0	0	0	0	0	50	426	89.5
class recall	97.25%	96.88%	95.37%	78.37%	88.18%	88.90%	85.03%	

Gambar 6. Nilai *Recall* tujuh kelas dengan *sample bootstrap*

Criterion: accuracy, recall, weighted mean recall, **weighted mean precision**, correlation

Table View Plot View

weighted_mean_precision: 87.50% +/- 2.35% (mikro: 87.33%, weights: 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1)

	true Norma.	true Norma.	true Norma.	true Mid L.	true Severe.	true Moder.	true Carcin.	class
pred. Norm.	248	0	0	0	0	0	0	98.0
pred. Norm.	7	279	0	0	0	0	0	97.0
pred. Norm.	0	0	308	38	0	0	0	88.7
pred. Mid L.	0	0	15	529	50	2	0	88.7
pred. Severe	0	0	0	98	330	44	0	88.7
pred. Moder	0	0	0	0	104	799	76	88.4
pred. Carcin.	0	0	0	0	0	50	428	88.0
class recall	97.25%	96.88%	95.37%	78.37%	68.18%	88.90%	85.03%	

Gambar 7. Nilai *precision* tujuh kelas dengan *sample bootstrap*

Gambar 7 merupakan nilai *precision* dimana jumlah data yang *true positive* (jumlah data *positive* yang dikenali secara benar sebagai *positive*) dibagi dengan jumlah data yang dikenali sebagai *positive*. Hasil pengujian nilai *precision* sebesar 87,50%. Sedangkan

pengujian *performance* pada algoritma *naive bayes* dengan metode *sample bootstrap* terhadap dataset dua kelas sel tunggal *Pap Smear* juga mengalami peningkatan akurasi seperti pada Gambar 8.

Criterion: accuracy, precision, recall, AUC (optimistic), AUC, AUC (pessimistic)

Table View Plot View

accuracy: 93.24% +/- 6.67% (mikro: 93.15%)

	true Normal Superficial	true Normal Intermediate	class precision
pred. Normal Superficial	66	5	92.96%
pred. Normal Intermediate	5	70	93.33%
class recall	92.96%	93.33%	

Gambar 8. Nilai *accuracy* dua kelas dengan *sample bootstrap*

Criterion: accuracy, precision, **recall**, AUC (optimistic), AUC, AUC (pessimistic)

Table View Plot View

recall: 93.38% +/- 11.74% (mikro: 93.33%) (positive class: Normal Intermediate)

	true Normal Superficial	true Normal Intermediate	class precision
pred. Normal Superficial	66	5	92.96%
pred. Normal Intermediate	5	70	93.33%
class recall	92.96%	93.33%	

Gambar 9. Nilai *recall* dua kelas dengan *sample bootstrap*

	true Normal Superficial	true Normal Intermediate	class precision
pred. Normal Superficial	86	5	92.96%
pred. Normal Intermediate	5	70	93.33%
class recall	92.96%	93.33%	

Gambar 10. Nilai precision dua kelas dengan sample bootstrap

Dari data tersebut dapat disimpulkan bahwa nilai accuracy dari rule dua kelas mengalami kenaikan sehingga nilai accuracy menjadi sebesar 93,24%, dengan nilai recall 93,39%, dan precision sebesar 93,67%. Hal ini membuktikan bahwa algoritma naïve bayes dengan metode sample bootstrap terhadap dataset berdimensi skala kecil dapat dengan cepat diklasifikasikan hingga mencapai nilai akurasi terbaik terhadap dataset dua kelas sel tunggal Pap Smear.

Dari penjelasan tersebut telah membuktikan bahwa algoritma naïve bayes dengan metode sample bootstrapping merupakan metode yang tepat untuk menaikan nilai accuracy terhadap dataset tujuh kelas dan dua kelas sel tunggal Pap Smear.

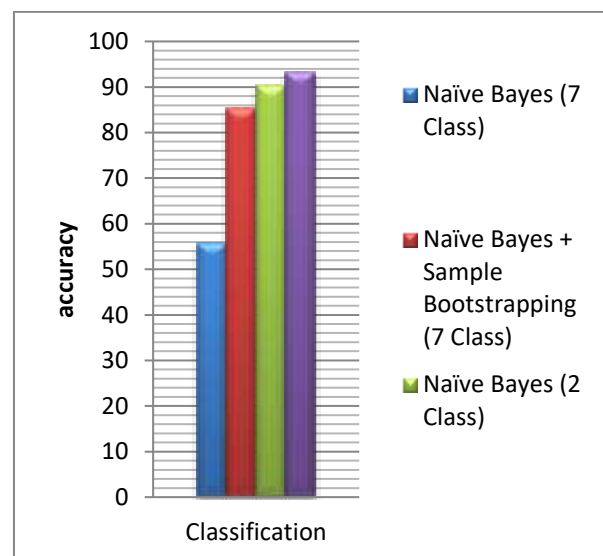
Berikut ini merupakan tabel perbandingan dari algoritma naïve bayes dan naïve bayes dengan metode sample bootstrapping:

Tabel 2. Perbandingan algoritma naïve bayes dengan sample bootstrapping

Model Algoritma	Hasil Akurasi	Kelas
Naïve Bayes	55,73%	7 Class
Naïve Bayes	90,42%	2 Class
Naïve Bayes + Sample Bootstrapping	85,24%	7 Class
Naïve Bayes + Sample Bootstrapping	93,24%	2 Class

Tabel 2 memperlihatkan perbandingan nilai akurasi pada algoritma naïve bayes dan model naïve bayes dengan sample bootstrapping. Dimana hasil akurasi dari algoritma naïve bayes dengan fitur tujuh kelas lebih kecil dari pada dengan model algoritma lainnya. Dan kombinasi model naïve bayes dengan sample bootstrapping-lah yang menunjukkan nilai akurasi terbaik. Pada Gambar 11. Berikut ini merupakan grafik dari

tabel perbandingan algoritma Naïve Bayes dengan Sample Bootstrapping yang menunjukkan bahwa chart tertinggi ditunjukkan oleh hasil komparasi algoritma naïve bayes dengan model sample bootstrapping.



Gambar 11. Grafik perbandingan algoritma Naïve Bayes dengan Sample Bootstrapping

Dan selanjutnya akan dilakukan uji-t guna melihat apakah peningkatan yang didapatkan memberikan pengaruh yang cukup signifikan terhadap data. Hasil dari pengujian uji-t adalah seperti yang ditunjukkan pada Tabel 3. berikut ini:

Tabel 3. Uji-t kelas 7 dan 2 terhadap naïve bayes dan sampe bootstrapping

	0,872	0,872
0,872	-	1,000
0,872	-	-

Hasil uji-t dari algoritma Naïve Bayes model Sampe Bootstrapping terhadap dataset tujuh kelas dan dua kelas adalah 1,000. Angka ini lebih besar dari nilai α yaitu 0,05. Artinya,

tidak ada perbedaan yang signifikan terhadap keduanya.

V. PENUTUP

Secara keseluruhan algoritma *naïve bayes* dapat diunggulkan dalam hal pengukuran akurasi untuk dataset dua kelas, karena algoritma *naïve bayes* akan mampu dengan cepat dan akurat untuk menangani dataset dalam dimensi skala kecil. Sedangkan uji dataset *naïve bayes* dengan dimensi skala besar mengalami penurunan nilai akurasi. Solusi dari persoalan ini adalah dengan mengkomparasikan algoritma *naïve bayes* dengan model *sample bootstrapping* sehingga mampu meningkatkan nilai akurasi algoritma *naïve bayes* terutama menangani dataset dengan dimensi skala besar. Sehingga nilai akurasi untuk dataset tujuh kelas dapat meningkat menjadi 85,24% dan 93,24%. Maka dapat disimpulkan bahwa algoritma *naïve bayes* dengan model *Sampe Bootstrapping* mampu meningkatkan akurasi pada dataset sel tunggal *Pap Smear* dengan fitur tujuh kelas menjadi lebih baik.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] D. Riana, *Hierarchical Decision Approach Berdasarkan Importance Performance Analysis Untuk Klasifikasi Citra Tunggal Pap Smear Menggunakan Fitur Kuantitatif dan Kualitatif*, Tesis, Universitas Indonesia, 2010.
- [2] Shweta Kharya. "Using Data Mining Techniques for Diagnosis and Prognosis of Cancer Disease". Chhatisgarh, India: Bhilai Institute of Technology. 2012.
- [3] J. Han, M. Kamber, and J. Pei. *Data Mining. Concepts and Techniques*, 3rd Edition. 2012
- [4] YN Dewi, D Riana, T Mantoro, *Conference on Computing, Engineering, and Design*, "Improving Naive Bayes Performance in single Image Pap Smear Usig Weighted Principal Component Analysis (WPCA)", 2017.
- [5] D. Riana, D. Ekashanti, O. Dewi, D. H. Widyantoro, and T. L. R. Mengko, "Segmentation and Area Measurement in Abnormal Pap Smear Images Using Color Canals Modification with Canny Edge Detection," in *International Conference on Women's Health in Science & Engineering*, 2012, pp. 1–4.
- [6] Kohavi, Ron (1995). "A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection". *Proceedings of the Fourteenth International Joint Conference on Artificial Intelligence*. San Mateo, CA: Morgan Kaufmann. 2 (12): 1137–1143.
- [7] Martin, Erik. "Pap-Smear Classification". *Technical University of Denmark-DTU*, (2003). <http://fuzzy.iau.dtu.dk/download/martin2003>.
- [8] J. Jantzen, J. Norup, G. Dounias, and B. Bjerregaard, "Pap-smear Benchmark Data For Pattern Classification", *Technical University of Denmark, Denmark*, 2005.
- [9] Mc.Roberts, R. E., Magnussen, S., Tomppo, E. O., & Chirici, G. (2011). "Parametric, bootstrap, and jackknife variance estimators for the k-Nearest Neighbors technique with illustrations using forest inventory and satellite image data". *Remote Sensing of Environment*, 115(12), 3165–3174.doi:10.1016/j.rse.2011.07.002
- [10] Tri Agus Setiawan, Romi SW., & Abdul S."Integrasi Metode Sample Bootstrapping dan Weighted Principal Component Analysis untuk Meningkatkan Performa k Nearest Neighbor pada Dataset Besar", ISSN 2356-3982. *Journal of Intelligent Systems*, Vol. 1, No. 2, December 2015. 320–328. doi:10.1016/j.apenergy.2014.08.110.
- [11] Berndtsson, M., Hansson, J., Olsson, B., Lundell, B., "Thesis Projects: Guide for Students in Computer Science and Information Systems", Springer, 2008.
- [12] C. Dawson. *Introduction To Research Methods* 4E. Little, Brown, May 29, 2009.

Hak Cipta

Semua naskah yang tidak diterbitkan, dapat dikirimkan di tempat lain. Penulis bertanggung jawab atas ijin publikasi atau pengakuan gambar, tabel dan bilangan dalam naskah yang dikirimkannya. Naskah bukanlah naskah jiplakan dan tidak melanggar hak-hak lain dari pihak ketiga. Penulis setuju bahwa keputusan untuk menerbitkan atau tidak menerbitkan

naskah dalam jurnal yang dikirimkan penulis, adalah sepenuhnya hak Pengelola. Sebelum penerimaan terakhir naskah, penulis diharuskan menegaskan secara tertulis, bahwa tulisan yang dikirimkan merupakan hak cipta penulis dan menugaskan hak cipta ini pada pengelola.