

**DETEKSI BAKTERI PADA AGAR PLATE MENGGUNAKAN
ALGORITMA *YOU ONLY LOOK ONCE* VERSI 7**

SKRIPSI

MUHAMMAD FIRDAUS ZAMZAMI

191402034



**PROGRAM STUDI S1 TEKNOLOGI INFORMASI
FAKULTAS ILMU KOMPUTER DAN TEKNOLOGI INFORMASI
UNIVERSITAS SUMATERA UTARA
MEDAN
2024**

**DETEKSI BAKTERI PADA AGAR PLATE MENGGUNAKAN
ALGORITMA *YOU ONLY LOOK ONCE* VERSI 7**

SKRIPSI

**Diajukan untuk melengkapi tugas dan memenuhi syarat memperoleh ijazah
Sarjana Teknologi Informasi**

MUHAMMAD FIRDAUS ZAMZAMI

191402034



**PROGRAM STUDI S1 TEKNOLOGI INFORMASI
FAKULTAS ILMU KOMPUTER DAN TEKNOLOGI INFORMASI
UNIVERSITAS SUMATERA UTARA
MEDAN
2024**

PERSETUJUAN

Judul : Deteksi Bakteri pada Agar Plate Menggunakan Algoritma
You Only Look Once Versi 7
 Kategori : Skripsi
 Nama Mahasiswa : Muhammad Firdaus Zamzami
 Nomor Induk Mahasiswa : 191402034
 Program Studi : Sarjana (S-1) Teknologi Informasi
 Fakultas : Ilmu Komputer Dan Teknologi Informasi
 Universitas Sumatera Utara

Medan, 4 Juli 2024

Komisi Pembimbing

Pembimbing 2



Baihaqi Siregar S.Si., M.T.

NIP. 197901082012121002

Pembimbing 1



Dr. Romi Fadillah Rahmat, B.Com.Sc., M.Sc.

NIP. 198603032010121004

Diketahui/disejutui oleh

Program Studi S-1 Teknologi Informasi

Ketua



Dedy Afandi, M.Kom.

NIP. 197908312009121002

PERNYATAAN

DETEKSI BAKTERI PADA AGAR PLATE MENGGUNAKAN ALGORITMA *YOU ONLY LOOK ONCE* VERSI 7

SKRIPSI

Saya mengakui bahwa skripsi ini adalah hasil karya saya sendiri, kecuali beberapa kutipan dan ringkasan yang masing-masing telah disebutkan sumbernya.

Medan, 4 Juli 2024

MUHAMMAD FIRDAUS ZAMZAMI
191402034

UCAPAN TERIMAKASIH

Segala puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT, yang mana atas anugerah rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis berhasil menyelesaikan skripsi ini sebagai bagian dari persyaratan dalam meraih kelulusan dan gelar sarjana Komputer pada program studi S1 Teknologi Informasi di Fakultas Ilmu Komputer dan Teknologi Informasi Universitas Sumatera Utara.

Dalam perjalanan merampungkan skripsi ini, penulis mengakui adanya berbagai kesalahan dan tantangan. Oleh karena itu, penulis menyadari bahwa banyak individu yang telah berkontribusi dalam proses perampungan skripsi ini. Dengan alasan tersebut, izinkan penulis untuk menyampaikan rasa syukur dan terimakasih kepada seluruh pihak yang telah memberikan bantuan, bimbingan, dan doa selama perjalanan penulisan skripsi ini. Adapun sebagai bentuk apresiasi, penulis ingin menyampaikan rasa terima kasih kepada:

1. Allah SWT, yang mana setiap langkah penulis senantiasa didampingin nama-Nya, sehingga penulis kuat, sabar dan tabah dalam proses penyelesaian skripsi ini.
2. Diri sendiri, atas upaya dan jerih payah yang dituangkan dalam setiap kata yang terdapat di dalam skripsi ini.
3. Kedua Orang tua penulis, yakni Bapak Ridwan Abda dan Ibu Fenti Efriza yang telah memberikan dukungan penuh serta doa-doa yang tak pernah putus untuk kebaikan penulis.
4. Kedua kakak penulis, yaitu Rezeki Ayunda dan Wida Isdawaty yang selalu memberikan semangat dan dukungan serta nasehat-nasehat yang berharga. Dan terkhusus kepada keponakan penulis yang tercinta, Savarga Nufail Chandra yang selalu membantu penulis dalam melepas penat selama penggerjaan skripsi ini.
5. Bapak Romi Fadillah Rahmat B.Comp.Sc., M.Sc., selaku dosen pembimbing pertama penulis, dan Bapak Baihaqi Siregar S.Si., M.T., selaku dosen pembimbing kedua penulis, yang telah memberikan bimbingan,

motivasi, dan kritik serta saran yang membangun dalam proses penulisan skripsi ini.

6. Ibu Dr. Maya Silvi Lydia, B.Sc. selaku Dekan Fakultas Ilmu Komputer dan Teknologi Informasi Universitas Sumatera Utara.
7. Bapak Dedy Arisandi, S.T., M.Kom., selaku ketua program studi, dan bapak Ivan Jaya, S.Si., M.Kom. selaku sekretaris program studi S1 Teknologi Informasi Universitas Sumatera Utara.
8. Seluruh dosen program studi S1 Teknologi Informasi yang telah banyak memberikan ilmu dan pengetahuan berharga selama proses perkuliahan.
9. Seluruh staf dan pegawai Fakultas Ilmu Komputer dan Teknologi Informasi yang membantu dalam hal urusan administrasi selama proses perkuliahan.
10. Sahabat serta teman seperjuangan penulis, yakni Nurhaliza Luthfia, Rahma Indriyani, dan Sri Wahyuni Rakhmadani Nasution yang senantiasa menyemangati penulis agar dapat menyelesaikan penulisan skripsi ini.
11. Teman-teman seangkatan penulis dari program studi Teknologi Informasi tahun 2019 yang tidak dapat disebutkan satu persatu yang telah membantu penulis.

Penulis dengan kesadaran penuh mengakui adanya ketidak sempurnaan dan mengakui bahwa masih terdapat berbagai kekurangan dalam perampungan skripsi ini. Maka dari itu, penulis mengundang kritik dan saran yang konstruktif dengan harapan dapat meningkatkan kualitas skripsi ini pada masa mendatang. Dengan kesadaran akan kekurangan tersebut, penulis berharap agar skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi semua pihak yang membacanya.

Medan, 4 Juli 2024

Penulis,

Muhammad Firdaus Zamzami

191402034

ABSTRAK

Bakteri adalah mikroorganisme yang dapat menyebarluaskan penyakit dengan berbagai cara, salah satunya adalah melalui makanan. Di Indonesia, keracunan makanan sering terjadi pada lingkungan penjual kaki lima, makanan kemasan, maupun jasa tata boga. Saat ini, metode yang digunakan dalam mendekripsi dan mengidentifikasi bakteri masih dilakukan secara manual yang mana memerlukan banyak waktu dan rentan terjadi kesalahan. Oleh karena itu diperlukan sistem yang dapat membantu para ahli untuk melakukan deteksi dan identifikasi bakteri dengan lebih efektif dan efisien. Penelitian ini memanfaatkan *You Only Look Once* versi 7 (YOLOv7) sebagai algoritma untuk mendekripsi bakteri pada cawan petri dari spesies *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* dan *Staphylococcus aureus*. Total data citra yang digunakan berjumlah 600 citra dengan 420 citra sebagai data *training*, 120 citra sebagai data *validation* dan 60 citra sebagai data *testing*. Dengan mengimplementasikan data augmentasi, variasi data *training* ditingkatkan dan menghasilkan total 1.260 data. Berdasarkan pengujian yang telah dilakukan pada penelitian ini, diperoleh akurasi sistem sebesar 82,4% dengan nilai *mean Average Precision* (mAP) sebesar 83,6% dengan model menggunakan *Adam optimizer* pada 200 *epochs*.

Kata kunci : Bakteri, deteksi objek, *You Only Look Once* versi 7, data augmentasi

**DETECTION OF BACTERIA ON AGAR PLATE USING
YOU ONLY LOOK ONCE VERSION 7 ALGORITHM**

ABSTRACT

*Bacteria are microorganisms that can spread diseases in various ways, one of which is through food. In Indonesia, foodborne disease frequently occurs in street vendors, packaged food, and catering services. Currently, the methods used for detecting and identifying bacteria are still performed manually, which is time-consuming and prone to errors. Therefore, a system is needed to assist experts in detecting and identifying bacteria more effectively and efficiently. This research utilizes You Only Look Once version 7 (YOLOv7) as an algorithm to detect bacteria on petri dish from species *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* and *Staphylococcus aureus*. Total image data used consists of 600 images, with 420 images as training data, 120 images as validation data, and 60 images as testing data. By implementing data augmentation, the variation of training data is increased, resulting in a total of 1.260 data. Based on the tests conducted in this research, accuracy of the system is 82,4% and mean Average Precision (mAP) value of 83,6% was obtained with the model using Adam optimizer over 200 epochs.*

Keywords : Bacteria, object detection, You Only Look Once version 7, data augmentation

DAFTAR ISI

PERSETUJUAN	iii
PERNYATAAN	iv
UCAPAN TERIMA KASIH	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	viii
DAFTAR ISI	ix
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
BAB 1 PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	4
1.3 Tujuan Penelitian	4
1.4 Batasan Penelitian	4
1.5 Manfaat Penelitian	4
1.6 Metodologi Penelitian	5
1.7 Sistematika Penulisan	6
BAB 2 LANDASAN TEORI	7
2.1 Bakteri	7
2.2 Agar Plate	9
2.3 Object Detection	10
2.4 You Only Look Once Versi 7	10
2.4.1 Arsitektur jaringan YOLOv7	11
2.4.2 Indikator evaluasi YOLOv7	13
2.5 Data augmentasi	15

2.6	Penelitian Terdahulu	16
2.7	Perbedaan Penelitian	19
BAB 3 ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM		20
3.1	Dataset yang Digunakan	20
3.2	Arsitektur Umum	22
3.2.1	Pengumpulan dan pembagian data	24
3.2.2	Resizing	25
3.2.3	Augmentasi	25
3.2.4	Model training	28
3.2.5	Model yang telah dilatih	29
3.2.6	Pengujian model	29
3.2.7	Hasil deteksi	30
3.3	Perancangan Antarmuka Sistem	30
3.3.1	Rancangan tampilan landing page	30
3.3.2	Rancangan tampilan deteksi bakteri	30
3.3.3	Rancangan tampilan hasil deteksi bakteri	31
BAB 4 IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN SISTEM		32
4.1	Implementasi Sistem	32
4.1.1	Spesifikasi perangkat keras dan perangkat lunak	32
4.1.2	Implementasi data	33
4.1.3	Implementasi perancangan antarmuka	34
4.2	Pelatihan Model	36
4.3	Validasi Model	38
4.4	Pengujian Sistem	42
4.5	Diskusi	53
BAB 5 KESIMPUAN DAN SARAN		56
5.1	Kesimpulan	56
5.2	Saran	56
DAFTAR PUSTAKA		57

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1. Data yang digunakan pada penelitian	21
Tabel 4.1. Spesifikasi perangkat keras	32
Tabel 4.2. Spesifikasi perangkat lunak	32
Tabel 4.3. Nilai AP dan mAP untuk setiap model	37
Tabel 4.4. Hasil validasi model YOLOv7	38
Tabel 4.5. Perbandingan data aktual dan data prediksi	40
Tabel 4.6. Hasil pengujian menggunakan 30 data <i>testing</i>	42
Tabel 4.7. Nilai TP, FP dan FN hasil pengujian sistem	50
Tabel 4.8. <i>Precision</i> , <i>recall</i> dan F1 <i>score</i> hasil pengujian sistem	52
Tabel 4.9. Sampel kesalahan deteksi bakteri <i>E. coli</i> dan <i>P. aeruginosa</i>	54

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1. <i>Escherichia Coli</i>	8
Gambar 2.2. <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	8
Gambar 2.3. <i>Staphylococcus aureus</i>	9
Gambar 2.4. Agar plate	9
Gambar 2.5. Arsitektur jaringan YOLOv7 (Wang <i>et al</i> , 2023)	11
Gambar 2.6. Struktur modul CBS, ELAN dan MP-1 (Wang <i>et al</i> , 2023)	12
Gambar 2.7. Struktur SPPCSPC, ELAN-W, REP dan MP-2 (Wang <i>et al</i> , 2023)	12
Gambar 3.1. Arsitektur umum penelitian	23
Gambar 3.2. Data <i>training</i>	24
Gambar 3.3. Contoh implementasi <i>resizing</i>	25
Gambar 3.4. <i>Pseudocode horizontal</i> dan <i>vertical flip</i>	26
Gambar 3.5. <i>Pseudocode</i> rotasi 90°, 180°, dan 270°	26
Gambar 3.6. <i>Pseudocode salt and pepper noise</i>	27
Gambar 3.7. Contoh implementasi data augmentasi	27
Gambar 3.8. <i>Pseudocode training</i> dan validasi model YOLOv7	29
Gambar 3.9. Rancangan <i>landing page</i>	30
Gambar 3.10. Rancangan halaman deteksi bakteri	31
Gambar 3.11. Rancangan halaman hasil deteksi bakteri	31
Gambar 4.1. Citra bakteri <i>E. coli</i>	33
Gambar 4.2. Citra bakteri <i>P. aeruginosa</i>	33
Gambar 4.3. Citra bakteri <i>S. aureus</i>	34
Gambar 4.4. Halaman <i>landing page</i>	34
Gambar 4.5. Halaman deteksi bakteri	35
Gambar 4.6. Halaman hasil deteksi bakteri	35

Gambar 4.7. Kurva <i>Precision-Recall</i> untuk setiap model	37
Gambar 4.8. <i>Confusion matrix</i> Adam <i>optimizer</i> pada 200 <i>epochs</i>	38
Gambar 4.9. <i>Confusion matrix</i> validasi model Adam <i>optimizer</i> pada 200 <i>epochs</i>	39
Gambar 4.10. <i>Confusion matrix</i> hasil pengujian sistem	49
Gambar 4.11. <i>Precision-recall curve</i> hasil pengujian sistem	52

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Bakteri adalah mikroorganisme bersel tunggal yang tidak memiliki inti sel atau organel-organel yang terikat oleh membran. Bakteri memiliki bentuk yang beraneka ragam, seperti bulat, batang, melingkar, koma dan pilin. Oleh karenanya, sulit bagi para ahli mikrobiologis untuk mengklasifikasikan bakteri secara akurat. Tidak hanya dikarenakan bentuknya beragam, ukuran bakteri juga sangat kecil, yaitu antara 0.2-20 mikron (Wahid *et al.* 2019). Terdapat berbagai macam spesies bakteri di dalam tubuh manusia maupun di lingkungan sekitar. Beberapa bakteri berperan penting dalam kehidupan manusia, contohnya dalam mencerna makanan, fermentasi produk susu, produksi obat-obatan, dan lain sebagainya. Selain itu, terdapat juga bakteri yang berbahaya bagi manusia karena dapat menyebarkan berbagai penyakit (Talo, 2019).

Foodborne diseases (FBDs) adalah penyakit yang disebabkan oleh infeksi bakteri dan menjadi penyebab utama morbiditas dan mortalitas global, terutama pada anak-anak di negara berkembang. Pada tahun 2015, kasus diare di Indonesia mencapai 270 per 1000 penduduk. Penyebab utama FBDs yang paling umum adalah *Diarrheagenic Escherichia coli* (DEC) (Syahrul *et al.* 2020). Selain FBDs, infeksi nosokomial akibat bakteri *methicillin-resistant S. aureus* (MRSA) juga merupakan kasus angka kesakitan dan kematian di seluruh dunia. Angka prevalensi infeksi MRSA di Asia mencapai 70%, dimana prevalensi infeksi MRSA di Jawa dan Bali mencapai 3,1% (Fitrandha *et al.* 2023). *Pseudomonas aeruginosa* juga menjadi penyebab infeksi nosokomial dimana bakteri ini menyebabkan infeksi di berbagai jaringan, salah satunya adalah sistem peredaran darah (bakteremia dan septikemia). Dilaporkan angka kematian yang disebabkan septikemia akibat infeksi *P. aeruginosa* mencapai 80% (Kusuma *et al.* 2021).

Secara umum, teknik klasik dalam klasifikasi dan identifikasi bakteri dilakukan dapat dilakukan dengan beberapa metode, salah satunya adalah pewarnaan gram bakteri (Treebupachatsakul *et al.* 2020). Pewarnaan gram adalah metode yang diperkenalkan oleh Hans Christian pada tahun 1884, digunakan untuk menguji noda bakteri pada mikroskop. Hasil dari pewarnaan gram ini adalah bakteri berwarna ungu yang disebut bakteri gram positif, dan bakteri berwarna merah muda yang disebut bakteri gram negatif. Penamaan bakteri juga didasarkan pada bentuk, yaitu kokus untuk bakteri berbentuk bulat dan basil untuk bakteri berbentuk batang. Dari penamaan tersebut, bakteri dapat diklasifikasikan menjadi 4 jenis yaitu kokus gram positif, kokus gram negatif, basil gram positif dan basil gram negatif. (Yoshihara & Hirata 2022).

Saat ini, ahli mikrobiologi mengelompokkan bakteri menggunakan cara klasik, yaitu menggunakan skema pengelompokan berdasarkan fenotip dan genotip bakteri. Skema lainnya yaitu analisis filogenetik, ahli mikrobiologis lebih tertarik pada teknik taksonomi, karena memungkinkan untuk membandingkan gen yang dilestarikan diantara banyaknya spesies. Hasil ini yang kemudian membentuk pohon filogenetik dan dapat menunjukkan keterkaitan antara organisme berbeda (Wahid *et al.* 2019). Metode laboratorium tradisional untuk identifikasi pewarnaan bakteri berdasarkan teknik biokimia atau biologi modular cukup memakan biaya dan waktu dikarenakan persiapan sampel yang rumit. Teknik ini juga membutuhkan spesialis yang berpengetahuan luas dan berpengalaman di bidangnya (Amano *et al.* 2022). Maka dari itu, dibutuhkan sebuah sistem yang dapat menganalisa berbagai spesies mikroorganisme dengan waktu yang singkat dan memberikan hasil yang lebih akurat.

Dalam bidang mikrobiologi, terdapat beberapa metode yang menggunakan bantuan komputer untuk dapat menganalisis berbagai mikroorganisme dan juga mempercepat diagnosis. Seiring dengan perkembangan teknologi, *image processing* dan *pattern recognition* mengalami kemajuan yang cukup signifikan, sehingga menghasilkan berbagai algoritma dan pendekatan klasifikasi yang mampu memberikan performa yang tinggi (Shaily & Kala, 2020). Pada tahun 2019, Wahid *et al* menggunakan algoritma *Convolutional Neural Network* (CNN) dalam penelitiannya untuk mengklasifikasikan 7 varietas bakteri, yang mana menghasilkan akurasi sekitar 97,5%. Penelitian mengenai klasifikasi bakteri juga dilakukan oleh Amano *et al* pada tahun 2022. Dalam penelitiannya, mereka menggunakan algoritma CNN untuk

mengklasifikasikan bakteri berdasarkan morfologi koloni bakteri, dan menghasilkan akurasi tertinggi 97,19%.

Selain algoritma CNN, klasifikasi bakteri juga telah dilakukan dengan menggunakan algoritma YOLO. Pada tahun 2022, Ma *et al* melakukan penelitian mengenai deteksi bakteri pada makanan menggunakan algoritma YOLOv4 yang mana menghasilkan akurasi rata-rata 94% pada data citra bakteri *E. coli*. Yoshihara & Hirata pada tahun 2022 melakukan penelitian yang bertujuan untuk membandingkan algoritma YOLOv5, Faster R-CNN, dan RetinaNet dalam mendeteksi bakteri *Campylobacter* dan aktivitas fagositosis pada leukosit dengan citra pewarnaan gram. Hasil yang diperoleh yaitu YOLOv5 merupakan algoritma tercepat diantara ketiganya dengan akurasi 90%. An *et al* pada tahun 2022 melakukan penelitian untuk mendeteksi *Tuberculosis* pada noda dahak menggunakan algoritma YOLOv5 yang ditingkatkan (DA-YOLO), yang mana diperoleh akurasi keseluruhan 87,6%.

Pada tahun 2022, Wang *et al* melakukan penelitian untuk membandingkan performa dari beberapa versi algoritma YOLO, dengan menggunakan dataset *Microsoft Common Objects in Context* (MS COCO). Hasil dari penelitiannya ini membuktikan bahwa performa YOLOv7 lebih baik dibandingkan versi lainnya, yaitu akurasi rata-rata meningkat 1,5% dibanding YOLOv4 dan YOLOv7-X memiliki akurasi rata-rata 2,2% lebih tinggi dibandingkan YOLOv5-X. Pada tahun yang sama, Wu *et al* melakukan penelitian dalam mendeteksi buah *Camellia oleifera* menggunakan beberapa model deteksi objek, yaitu Faster RCNN, YOLOv3-spp, YOLOv5s, dan YOLOv7. Hasil dari penelitian ini membuktikan bahwa YOLOv7 memberikan akurasi tertinggi, yaitu 94,21% dengan waktu analisis paling singkat, yaitu 0,025 detik per citra.

Berdasarkan beberapa penelitian yang telah dirangkum, dapat disimpulkan bahwa deteksi spesies bakteri menggunakan algoritma *You Only Look Once* versi 7 (YOLOv7) dapat memberikan solusi dalam mempersingkat waktu analisis dalam identifikasi dan deteksi bakteri serta meningkatkan akurasi. Oleh karena itu, penulis mengajukan penelitian untuk melakukan deteksi spesies bakteri menggunakan algoritma *You Only Look Once* versi 7 dan data augmentasi.

1.2 Rumusan Masalah

Infeksi bakteri menjadi penyakit yang harus diperhatikan di Indonesia karena dapat menyebabkan angka kesakitan dan kematian yang tinggi. Namun, metode untuk melakukan deteksi dan diagnosis penyakit akibat infeksi bakteri yang ada pada saat ini membutuhkan waktu yang cukup lama dan rawan kesalahan. Oleh sebab itu, diperlukan sebuah sistem yang dapat mengotomatisasi dan meningkatkan efisiensi serta efektifitas dalam mendeteksi dan mendiagnosis penyakit akibat infeksi bakteri.

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dilaksanakannya penelitian ini yaitu untuk melakukan deteksi spesies bakteri pada *agar plate* menggunakan algoritma *You Only Look Once* versi 7 dengan penyesuaian *hyperparameter* dan penerapan data augmentasi pada data yang terbatas.

1.4 Batasan Penelitian

Untuk menghindari terjadinya penyimpangan terhadap ruang lingkup penelitian, penulis menyertakan beberapa batasan masalah, diantaranya adalah sebagai berikut:

1. Sistem yang akan dibangun hanya bertujuan untuk melakukan deteksi objek.
2. Spesies bakteri yang akan digunakan pada penelitian ini terdiri dari 3 spesies, yaitu *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* dan *Pseudomonas aeruginosa*.
3. Data citra yang digunakan memiliki ekstensi .jpg atau .jpeg.
4. Deteksi spesies bakteri dilakukan berdasarkan citra bakteri yang didapat dari dataset *Annotated Germs for Automated Recognition* (AGAR dataset).
5. Teknik data augmentasi yang akan diterapkan adalah kombinasi dari *flip*, *rotate*, dan *salt and pepper noise*.

1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat yang dapat diperoleh dari penelitian ini yaitu mengetahui performa algoritma *You Only Look Once* versi 7 dan data augmentasi dalam mendeteksi spesies bakteri *E. coli*, *S. aureus*, dan *P. aeruginosa* pada *agar plate*. Penelitian ini juga diharapkan dapat memberikan solusi baru kepada mikrobiologis dalam melakukan deteksi dan diagnosis penyakit akibat infeksi bakteri.

1.6 Metodologi Penelitian

Tahapan-tahapan yang dilaksanakan pada penelitian ini yaitu sebagai berikut:

1. Studi literatur

Tahap pertama penelitian yaitu penulis mengumpulkan referensi dan menelaah informasi yang relevan melalui berbagai sumber guna mendukung penelitian yang akan penulis laksanakan.

2. Analisis permasalahan

Pada tahap ini, penulis menganalisis referensi dan informasi yang telah dikumpulkan melalui studi literatur dengan tujuan meningkatkan pemahaman penulis mengenai permasalahan yang akan diselesaikan dan metode yang akan digunakan, yaitu mendeteksi spesies bakteri menggunakan *You Only Look Once* versi 7 dan data augmentasi.

3. Perancangan sistem

Tahap selanjutnya yaitu penulis mengumpulkan dan mengolah data yang telah didapatkan serta merancang arsitektur umum dari hasil analisis yang telah dilakukan pada tahap sebelumnya.

4. Implementasi

Tahapan ini merupakan hasil dari pengolahan dan analisis data serta perancangan sistem yang telah dilakukan pada tahap sebelumnya.

5. Pengujian sistem

Pada tahap ini, sistem untuk mendeteksi spesies bakteri yang telah dibangun akan diuji dengan tujuan untuk mengukur performa sistem dan hasil yang didapatkan sesuai dengan tujuan yang diharapkan.

6. Dokumentasi dan penyusunan laporan

Pada tahap akhir, penulis melakukan dokumentasi dan menyusun laporan hasil analisis, evaluasi, dan implementasi dari algoritma *You Only Look Once* versi 7 dan data augmentasi dalam mendeteksi spesies bakteri pada *agar plate*.

1.7 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan pada skripsi ini terdiri atas lima bagian, antara lain:

BAB 1: PENDAHULUAN

Pada bab pendahuluan, penulis menguraikan aspek-aspek yang terkait dan menjadi dasar pelaksanaan penelitian ini. Aspek-aspek tersebut meliputi latar belakang pelaksanaan penelitian, perumusan masalah sebagai landasan penelitian, tujuan dilaksanakannya penelitian, batasan-batasan yang ditetapkan dalam melaksanakan penelitian, manfaat yang didapatkan dari penelitian, metode penelitian yang akan digunakan, dan sistematika penulisan.

BAB 2: LANDASAN TEORI

Pada bab ini, disajikan teori-teori terkait objek penelitian dan algoritma yang akan digunakan dalam penelitian ini, termasuk informasi mengenai bakteri, penyakit yang diakibatkan infeksi bakteri, *agar plate* sebagai media budidaya bakteri, *object detection*, algoritma *You Only Look Once* data data augmentasi, serta uraian singkat mengenai penelitian-penelitian yang sudah pernah dilakukan.

BAB 3: ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM

Dalam bab analisis dan perancangan sistem, penulis menjelaskan secara rinci mengenai sistem yang akan dibangun dimulai dari data yang akan digunakan, struktur arsitektur umum sistem, proses pengolahan data dan pembangunan sistem, hingga perancangan antarmuka sistem.

BAB 4: IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN SISTEM

Bab ini berisi pembahasan mengenai hasil implementasi dari sistem yang sudah dirancang pada bab sebelumnya, termasuk proses pelatihan sistem, uji coba sistem, serta spesifikasi perangkat keras dan perangkat lunak yang digunakan dalam menjalankan sistem.

BAB 5: KESIMPULAN DAN SARAN

Bagian akhir dalam penulisan yang menyajikan rangkuman hasil dari implementasi sistem, disertai dengan saran-saran yang dapat menjadi referensi dan masukan untuk penelitian mendatang.

BAB 2

LANDASAN TEORI

2.1 Bakteri

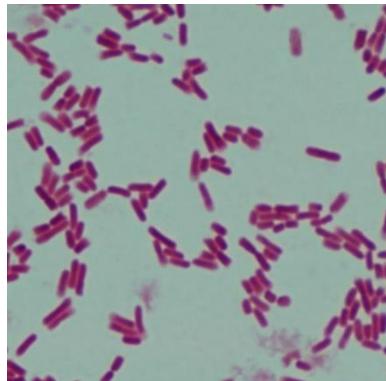
Bakteri adalah mikroorganisme bersel tunggal yang tidak memiliki membran inti, aktif secara metabolismik dan membelah diri dengan pembelahan biner. Meskipun terlihat sederhana, bakteri pada kenyataannya sangat kompleks dan dapat beradaptasi dengan mudah. Bakteri berperan penting dalam bidang kedokteran karena keberadaan mereka yang tersebar luas dan kemampuan adaptasi luar biasa melalui seleksi mutasi spontan untuk menyesuaikan diri dengan lingkungan yang terus berubah (Baron, 1996).

Bakteri memiliki dampak positif dan negatif dalam kehidupan manusia. Salah satu contoh dampak negatif yang diakibatkan bakteri adalah *foodborne diseases* (FBDs). Badan Pangan Nasional Indonesia mencatat terjadinya kasus FBDs sebesar 39,92% diantara penyakit yang berkaitan dengan makanan (Lubis *et al.* 2019). Contoh lainnya yaitu infeksi nosokomial yang mana Indonesia memiliki angka prevalensi tertinggi di asia tenggara, yaitu mencapai 30,4% (Wah Goh *et al.* 2023). Beberapa spesies bakteri yang merupakan patogen dan menyebabkan FBDs maupun infeksi nosokomial:

1. *Escherichia coli*

Escherichia coli (*E. coli*) adalah bakteri gram negatif yang bersifat anaerob dan merupakan mikroflora normal dalam usus manusia. Jumlah bakteri *E. coli* yang tinggi di dalam usus manusia menunjukkan simbiosis antar mikroba normal lainnya dalam tubuh manusia. Meskipun sebagian besar jenis *E. coli* tidak berbahaya bagi kesehatan, namun beberapa jenis lainnya dapat menjadi patogen dan menyerang organ tubuh manusia maupun hewan, sehingga dapat menyebabkan penyakit. Jenis bakteri *E. coli* yang sering dikaitkan dengan penyakit pada saluran pencernaan manusia adalah *Diarrheagenic E. coli* (DEC) dan *Extra-intestinal E. coli* (ExPEC).

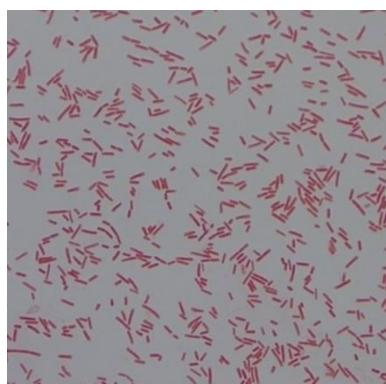
Di antara jenis DEC, terdapat enteropathogenic *E. coli* (EPEC), *shiga toxin-producing E. coli* (STEC), *enterotoxigenic E. coli* (ETEC) dan jenis lainnya yang sering dikaitkan dengan penyakit pada manusia (Aijuka & Buys 2019).



Gambar 2.1. *Escherichia Coli*

2. *Pseudomonas aeruginosa*

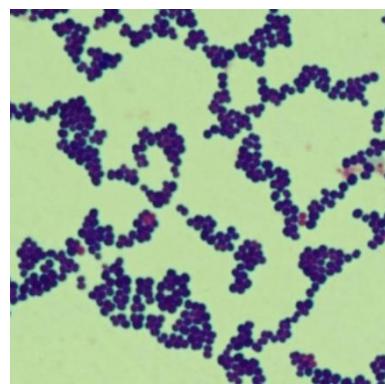
Pseudomonas aeruginosa (*P. aeruginosa*) adalah bakteri gram negatif yang bersifat aerob, mampu bergerak, dan memiliki bentuk yang sedikit melengkung. Bakteri ini tersebar luas di berbagai lingkungan, termasuk udara, air, tanah serta di dalam jaringan tanaman dan hewan. *P. aeruginosa* juga dikenal menjadi patogen bagi manusia, karena bakteri ini dapat menyebabkan infeksi kronis pada pasien dengan kekebalan tubuh rendah, yang mana umumnya pada aliran darah, saluran kemih, saluran pernapasan, jaringan lunak, maupun luka. *P. aeruginosa* juga merupakan spesies kritis dalam pembentukan biofilm dan merupakan paradigma untuk penelitian mengenai biofilm. Laporan mengenai infeksi nosokomial menunjukkan bahwa 65% - 80% infeksi tersebut berkaitan dengan biofilm (Li *et al.* 2023).



Gambar 2.2. *Pseudomonas aeruginosa*

3. *Staphylococcus aureus*

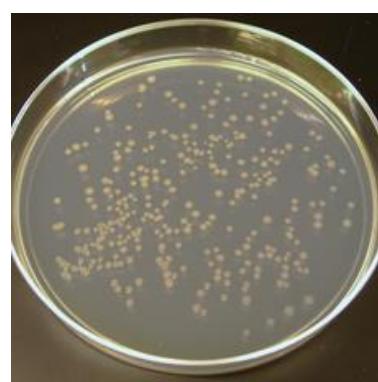
Staphylococcus aureus (*S. aureus*) adalah bakteri patogen gram positif yang sering menyebabkan keracunan makanan. Bakteri ini hidup pada kulit dan hidung manusia, dapat menyebar melalui udara, dan dapat hidup pada permukaan benda mati. Infeksi makanan oleh *S. aureus* disebabkan oleh toksin yang diproduksi, yaitu *staphylococcal enterotoxins* (SEs) yang sering ditemukan pada produk susu, daging, dan ikan. Toksin SEs tahan panas dan resisten terhadap enzim pencernaan, menyebabkan mual, diare, dan sakit perut setelah dikonsumsi (Le *et al.* 2021).



Gambar 2.3. *Staphylococcus aureus*

2.2 Agar Plate

Agar plate adalah cawan petri yang mengandung media pertumbuhan yang dipadatkan menggunakan agar, kadang ditambahkan senyawa selektif seperti antibiotik (Wikipedia 2023). *Agar plate* seringkali digunakan dalam biomedis untuk mengkultivasi bakteri, alga, atau jamur. Dalam mikrobiologi, penggunaan rutin *agar plate* bertujuan untuk melakukan identifikasi terhadap mikroorganisme penyebab infeksi (Vera *et al.* 2013).



Gambar 2.4. *Agar plate*

2.3 Object Detection

Object detection atau deteksi objek adalah prosedur yang dilakukan dalam menentukan sebuah objek termasuk ke dalam sebuah contoh kelas tertentu dan memperkirakan posisi objek tersebut dengan memberikan hasil berupa *bounding box* di sekitar objek (Pathak *et al.* 2018). Dikarenakan deteksi objek hal mendasar dalam *computer vision*, maka deteksi objek dapat menjadi dasar dari berbagai tugas berbeda dalam *computer vision*. Beberapa contoh tugas penting berbasis deteksi objek meliputi pengenalan aktivitas, pemberian deskripsi gambar, deteksi dan pengenalan wajah, pelacakan objek, segmentasi gambar, dan lain sebagainya (Arshad & Raza 2021). Definisi masalah dalam deteksi objek adalah untuk mengidentifikasi posisi objek di dalam sebuah gambar (lokalisasi objek) dan kategori yang sesuai dengan setiap objek (klasifikasi objek). Oleh karena itu, rangkaian langkah dalam model deteksi objek tradisional dapat dibagi menjadi tiga tahap utama, yaitu *informative region selection*, *feature extraction*, dan *classification* (Zhao *et al.* 2019).

2.4 You Only Look Once Versi 7

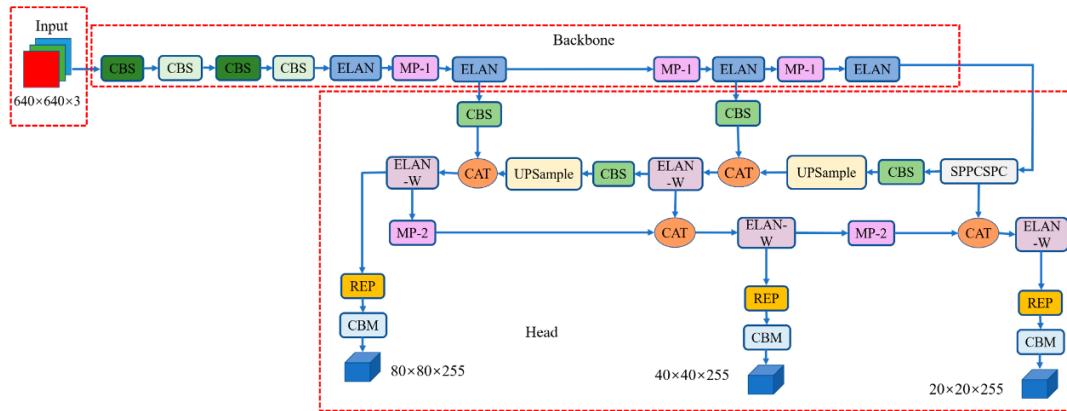
You Only Look Once (YOLO) adalah algoritma deteksi objek yang dikenalkan oleh Redmon *et al.* pada tahun 2015 dan terkenal akan karakteristiknya pada deteksi objek sehingga banyak digunakan secara luas. Inti utama YOLO sebagai deteksi objek terletak pada ukuran model yang kecil dan kecepatan kalkulasi yang tinggi. Struktur YOLO sederhana, sehingga dapat langsung menghasilkan output melalui *neural network* yang berupa posisi dan *bounding box*. YOLO memiliki kecepatan yang tinggi karena YOLO hanya perlu memasukkan citra ke dalam jaringan untuk mendapatkan hasil akhir deteksi, sehingga YOLO juga cocok digunakan untuk melakukan deteksi *real-time* pada video. Arsitektur YOLO terdiri dari 24 *convolution layers*, dan 2 *fully connected layers*. YOLO melakukan prediksi beberapa *bounding box* untuk tiap *grid cell*, namun hanya *bounding box* yang memiliki nilai *Intersection Over Union* (IOU) tertinggi dengan *ground truth* yang akan dipilih, yang disebut sebagai *non-maximum suppression* (NMS) (Jiang *et al.* 2021).

Versi terbaru YOLO yaitu YOLOv7 yang diusulkan oleh penulis YOLOv4 dan scaled-YOLOv4 menunjukkan performa yang luar biasa pada *real-time object*

detection. YOLOv7 menerapkan *extended efficient layer aggregation network* (E-ELAN) dan berbagai metode *bag-of-freebies* yang dapat dilatih dengan tujuan untuk meningkatkan *training* jaringan dan akurasi deteksi tanpa meningkatkan biaya inferensi. YOLOv7 yang dilatih menggunakan dataset COCO, berhasil melampaui *object detector* sebelumnya seperti YOLOR, YOLOX, Scaled-YOLOv4, YOLOv5 dan beberapa lainnya, baik dalam kecepatan maupun akurasi (Dang *et al.* 2023).

2.4.1 Arsitektur jaringan YOLOv7

Struktur jaringan YOLOv7 terdiri dari *input*, *backbone*, dan *head*. Pada YOLOv7, bagian *neck* digabungkan menjadi *head* untuk mengatasi deteksi objek pada skala banyak (Wang *et al.* 2023). Struktur YOLOv7 dapat dilihat pada Gambar 2.5.

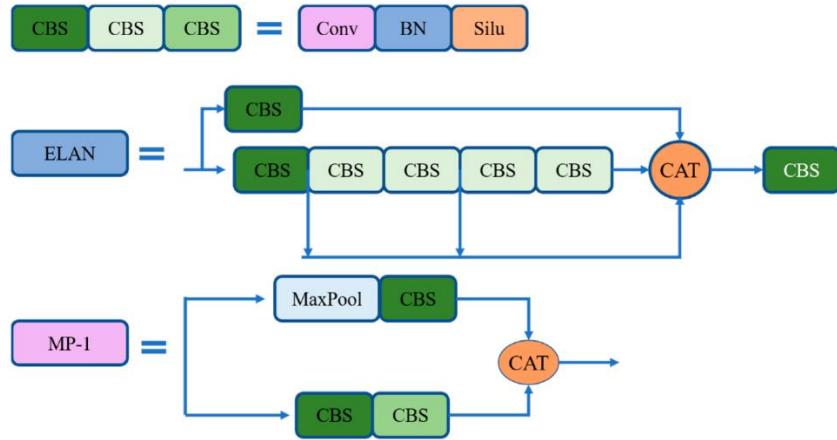


Gambar 2.5. Arsitektur jaringan YOLOv7 (Wang *et al.*, 2023)

Pada jaringan input, YOLOv7 melakukan *preprocessing* pada citra, mengubah ukurannya menjadi 640x640x3 dan memasukkannya pada jaringan *backbone* (Wu *et al.* 2022). Jaringan *backbone* dari YOLOv7 merupakan kombinasi dari modul CBS, modul ELAN, dan modul MP-1. Modul CBS terdiri dari *convolution*, *batch normalization* dan fungsi aktivasi SiLU (*Sigmoid Linear Unit*). Fungsi aktivasi SiLU dirumuskan pada persamaan (2.1). Modul ELAN adalah rangkaian dari banyak modul CBS, yang memungkinkan jaringan yang lebih dalam untuk belajar dan menyatu dengan mengendalikan jalur gradien terpendek dan terpanjang. Modul MP-1 adalah gabungan dari 2 cabang CBS, dimana cabang diatas terdiri dari MaxPool dan CBS, sedangkan cabang dibawah terdiri dari 2 modul CBS (Wang *et al.* 2023).

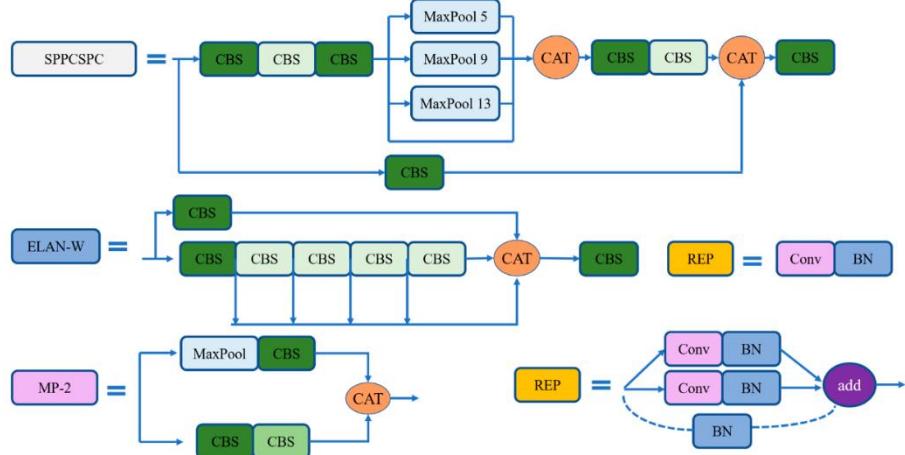
$$SiLU(x) = \frac{x}{1 + e^{-x}} \quad (2.1)$$

Struktur dari modul CBS, modul ELAN, dan modul MP-1 dapat dilihat pada Gambar 2.6.



Gambar 2.6. Struktur modul CBS, ELAN dan MP-1 (Wang *et al*, 2023)

Jaringan head pada YOLOv7 terdiri dari struktur SPPCSPC, struktur ELAN-W, struktur MP-2, dan blok RepVGG (Wang *et al*. 2023). Struktur SPPCSPC, struktur ELAN-w, struktur Rep dan struktur MP-2 dapat dilihat pada Gambar 2.7.



Gambar 2.7. Struktur SPPCSPC, ELAN-W, REP dan MP-2 (Wang *et al*, 2023)

Modul SPPCSPC digunakan untuk meningkatkan bidang reseptif dari suatu jaringan. Pertama, *input feature map* berukuran 512x20x20 diproses dengan 3 operasi konvolusi. Operasi *maxpooling* dengan ukuran kernel 5, 9, dan 13 dilakukan sebanyak 3 kali. Akhirnya, *feature map* dengan ukuran 512x20x20 didapatkan dengan menggabungkan hasilnya dengan data operasi konvolusi 1x1 tanpa *pooling*. Modul SPPCSPC dapat menghasilkan informasi objek dalam banyak skala dengan tetap

mempertahankan ukuran *feature map* (Wu *et al.* 2022). Struktur dari blok RepVGG berbeda pada saat pelatihan dan implementasi. Pada saat pelatihan, blok RepVGG terdiri dari cabang konvolusi 3x3 dan konvolusi 1x1. Jika *channel*, panjang dan lebar dari input dan output sama, maka akan ditambahkan cabang *batch normalization* (BN), kemudian ketiga cabang akan ditambahkan sebagai output. Pada saat implementasi, parameter pada cabang akan dilakukan *re-parameterized* menuju cabang utama, dan output konvolusi dari cabang utama dengan ukuran 3x3 akan diambil. Jaringan *head* akhirnya memberikan output 3 prediksi yang belum diproses dengan ukuran yang berbeda melalui 3 lapisan RepVGG dan Conv (Wang *et al.* 2023).

2.4.2 Indikator evaluasi YOLOv7

Fungsi *loss* dari model YOLOv7 terdiri dari 3 bagian: *confidence loss* (L_{obj}), *classification loss* (L_{cls}), dan *localization loss* (L_{box}). *Total loss* merupakan jumlah dari 3 fungsi loss dengan bobot yang berbeda (Chen *et al.* 2023). Fungsi *Total loss* ditunjukkan pada persamaan (2.2).

$$\text{Loss} = a \times L_{obj} + b \times L_{cls} + c \times L_{box} \quad (2.2)$$

Dimana a, b, dan c adalah faktor pembobotan yang berkaitan dengan 3 bagian *loss*. *Binary cross-entropy loss* digunakan untuk *classification loss* dan *confidence loss*, sedangkan *CIoU loss* digunakan untuk *localization loss*. *Binary cross-entropy loss* dapat dirumuskan sebagai persamaan (2.3).

$$L_p(q) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N y_i \cdot \log(p(y_i)) + (1 - y_i) \cdot \log(1 - p(y_i)) \quad (2.3)$$

Dimana y_i menyatakan label sampel yang sebenarnya, sedangkan $p(y)$ adalah probabilitas prediksi dari titik tersebut menjadi positif untuk semua N titik.

CIoU loss digunakan untuk membandingkan *error* antara kotak prediksi dan kotak kalibrasi secara kuantitatif (Wu *et al.* 2022). Jika A adalah kotak kalibrasi dan B adalah kotak prediksi, maka *CIoU loss* dapat didefinisikan sebagai persamaan (2.4).

$$\text{Loss}_{CIoU} = 1 - IOU + \frac{l_1^2}{l_2^2} + \alpha v \quad (2.4)$$

Dimana

l_1 = jarak antara titik pusat kotak A dan kotak B

l_2 = panjang diagonal dari kotak pembatas minimum kotak A dan kotak B

ν = kesamaan dari *aspect ratio* antara kotak A dan kotak B

α = faktor keseimbangan antara *loss* yang disebabkan oleh ν dan IoU

Dalam mengevaluasi performa model secara akurat dan objektif, digunakan *evaluation metric* berupa *accuracy*, *precision*, *recall*, *mean average precision* (mAP), dan F1 *score*. *Precision* adalah perbandingan antara jumlah target yang benar dengan jumlah target yang terdeteksi, dan merupakan metrik evaluasi yang paling umum digunakan. Meskipun *precision* sangat intuitif, terkadang *precision* yang tinggi tidak menunjukkan segalanya. Untuk itu, diperkenalkan mAP, *recall*, dan F1 *score* untuk evaluasi yang komprehensif (Wu *et al.* 2022). *Accuracy*, *precision*, *recall*, *average precision*, mAP, dan F1 *score* dirumuskan secara berurutan pada persamaan (2.5), (2.6), (2.7), (2.8), (2.9) dan (2.10).

Accuracy:

$$\text{Akurasi} = \frac{\text{Jumlah data diprediksi benar}}{\text{Jumlah seluruh data}} \times 100\% \quad (2.5)$$

Precision:

$$P = \frac{TP}{TP + FP} \times 100\% \quad (2.6)$$

Recall:

$$R = \frac{TP}{TP + FN} \times 100\% \quad (2.7)$$

Average precision:

$$AP = \int_0^1 P(r)dr \quad (2.8)$$

Mean average precision:

$$\text{mAP} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n AP_i \quad (2.9)$$

F1 score:

$$F1 = 2 \times \frac{P \times R}{P + R} \quad (2.10)$$

Dimana TP (*True Positive*) menyatakan jumlah target yang terdeteksi dengan benar, FP (*False Positive*) menyatakan jumlah objek bukan target yang terdeteksi sebagai target, dan FN (*False Negative*) menyatakan jumlah target yang tidak terdeteksi / terlewati.

2.5 Data augmentasi

Data augmentasi merupakan metode yang efektif untuk mencegah *overfitting* pada *deep learning*, terutama dalam klasifikasi citra medis dikarenakan data sampel yang terbatas dan sulit didapatkan. Metode ini biasanya diimplementasikan pada proses *training* model klasifikasi, dan bertujuan untuk meningkatkan ketahanan model. Objektif dari augmentasi data ini adalah untuk meningkatkan jumlah dan keragaman data yang ada sehingga meningkatkan kemampuan generalisasi model. Augmentasi data berdasarkan transformasi geometri seperti *flip*, *rotation*, *translation*, dan *crop* bertujuan untuk meningkatkan variasi data dengan mengubah perspektif dan melakukan deviasi pada posisi citra (Zhang *et al.* 2022). Beberapa teknik *data augmentation* yang dapat digunakan untuk meningkatkan varian data yaitu *random rotation*, *horizontal flip*, *vertical flip* (Hao *et al.* 2021), dan *salt and pepper noise* (Boncelet 2009):

a. Random rotation

Augmentasi *random rotation* akan menghasilkan rotasi searah jarum jam dengan sudut yang dipilih secara acak dengan rentang derajat (-θ, +θ). Piksel di luar area yang dirotasi akan diisi dengan nilai 0. Perhitungan *random rotation* dirumuskan pada persamaan (2.11).

$$\begin{aligned}\hat{x} &= x * \cos \theta - y * \sin \theta \\ \hat{y} &= x * \sin \theta + y * \cos \theta\end{aligned} \quad (2.11)$$

b. Horizontal flip

Augmentasi *horizontal flip* membalik citra input secara horizontal di sepanjang sumbu vertikal dengan probabilitas tertentu. Rumus perhitungan *horizontal flip* dapat dilihat pada persamaan (2.12).

$$\dot{x} = -x, \dot{y} = y \quad (2.12)$$

c. Vertical flip

Augmentasi *vertical flip* membalik citra input secara vertikal di sepanjang sumbu horizontal dengan probabilitas tertentu. Rumus perhitungan *vertical flip* dapat dilihat pada persamaan (2.13).

$$\dot{x} = x, \dot{y} = -y \quad (2.13)$$

d. Salt and pepper noise

Salt and pepper noise adalah proses untuk menghasilkan degradasi citra dimana hanya sedikit piksel yang mengalami *noise*, namun *noise* tersebut sangat signifikan. *Salt and pepper noise* adalah contoh dari *noise* yang sangat *heavy-tailed*. Misalkan $f(x, y)$ adalah citra asli dan $q(x, y)$ adalah citra setelah diberikan *salt and pepper noise*, maka dapat dirumuskan sebagai persamaan (2.14).

$$\begin{aligned} \Pr[q = f] &= 1 - \alpha \\ \Pr[q = \text{MAX}] &= \alpha/2 \\ \Pr[q = \text{MIN}] &= \alpha/2 \end{aligned} \quad (2.14)$$

Konsep dari model ini yaitu piksel tidak mengalami perubahan pada probabilitas $1 - \alpha$. Namun, pada probabilitas α , piksel-piksel tersebut akan diubah menjadi nilai terbesar atau terkecil. Hasil dari perubahan piksel-piksel tersebut akan menampakkan titik-titik hitam dan putih yang tersebar secara acak pada citra.

2.6 Penelitian Terdahulu

Penelitian mengenai pengembangan *deep learning* dalam pengenalan bakteri pernah dilakukan oleh Majchrowska et al pada tahun 2021, dimana mereka melakukan kultivasi bakteri *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis*, *Candida albicans*, *Staphylococcus aureus* dan *Pseudomonas aeruginosa*, serta mengambil gambar bakteri tersebut pada *agar plate* secara langsung. Pada penelitian ini, mereka menggunakan *Faster R-CNN* dan *Cascade R-CNN* untuk melakukan lokalisasi dan klasifikasi berdasarkan gambar cawan petri. Hasil yang didapatkan dari penelitian ini yaitu nilai mAP@.5:95 tertinggi sebesar 59,4% menggunakan algoritma *Cascade R-CNN* (HRNet).

Penerapan algoritma *You Only Look Once* (YOLO) pada klasifikasi dan deteksi bakteri pernah dilakukan pada beberapa penelitian. Pada tahun 2022, Ma *et al* melakukan penelitian yang bertujuan untuk mendeteksi bakteri *Escherichia coli* dan membedakannya dari beberapa bakteri lain yang terdapat pada produk makanan, daging, dan produk susu. Dalam penelitian ini, mereka melakukan inkubasi mikrokoloni bakteri serta pencitraan bakteri selama 3 jam yang kemudian dilakukan *real-time detection* menggunakan YOLOv4. Hasil yang diperoleh dari penelitian ini yaitu membuktikan bahwa YOLOv4 dapat digunakan dalam mendeteksi bakteri dengan kecepatan 30 citra per detik dan akurasi rata-rata 94%.

Sun *et al* pada tahun 2022 melakukan penelitian yang bertujuan untuk mendeteksi dan melacak bakteri *Escherichia coli* pada kedalaman *microchannel* berbeda. Dalam penelitian ini, mereka melakukan perekaman video bakteri *E. coli* pada lapisan *microchannel*, yang kemudian diekstrak untuk menghasilkan dataset berisi 400 citra dengan resolusi 4912x3684. Citra di dalam dataset ini kemudian dikecilkan menjadi 1280x1280, dan dilakukan metode *image enhancement* berupa *image scaling*, *color space adjustment*, dan *Mosaic-8 enhancement*. Dalam melakukan deteksi dan pelacakan, mereka membandingkan 3 model YOLO yaitu YOLOv3, YOLOv4, dan YOLOv5. Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa YOLOv5 memiliki akurasi tertinggi, yaitu mAP@0.5 0,822 diikuti YOLOv4 dan YOLOv3 yaitu 0,789 dan 0,754 secara berurutan.

Pada tahun 2022, An *et al* melakukan penelitian untuk mendeteksi bakteri *Mycobacterium tuberculosis* pada citra noda dahak menggunakan algoritma YOLOv5 yang ditingkatkan (DA-YOLO). Data citra noda dahak yang digunakan pada penelitian ini berisi 1265 citra dengan *bounding box* 9969 bakteri *bacilli*, dan resolusi citra 1632x1224. Algoritma YOLOv5 yang digunakan dimodifikasi pada jaringan *backbone* dengan mengaplikasikan *coordinate attention block* dan *self-attention block*. Dengan menggabungkan kedua mekanisme *attention* tersebut, jaringan *backbone* dapat mengumpulkan informasi yang banyak dan menghasilkan fitur yang kokoh. Hasil yang diperoleh dari penelitian ini yaitu algoritma DA-YOLO memiliki akurasi 87,6%, sedangkan YOLOv5 hanya memiliki akurasi 85,8%.

Penelitian dengan tujuan mendeteksi bakteri juga dilakukan oleh Yoshihara & Hirata pada tahun 2022. Dalam penelitian tersebut, mereka melakukan deteksi bakteri

Campylobacter dan aktivitas fagositosis leukosit menggunakan 3 *object detector*, yaitu *Faster R-CNN*, *RetinaNet*, dan *YOLOv5*. Data yang digunakan untuk mendeteksi bakteri *Campylobacter* adalah 67 citra hasil pewarnaan gram pada feses, yang dibagi menjadi 57 citra *training* dan 10 citra *testing*. Penelitian ini membuktikan bahwa *YOLOv5* dapat memberikan akurasi yang lebih baik dengan waktu deteksi yang lebih singkat dibandingkan dengan *object detector* lainnya. Hasil dari penelitian ini yaitu *YOLOv5*, *Faster R-CNN*, dan *RetinaNet* memiliki nilai mAP 14,6, 5,7 dan 4,1 secara berurutan. Sedangkan waktu rata-rata untuk melalukan deteksi pada sebuah citra, *YOLOv5*, *RetinaNet*, dan *Faster R-CNN* membutuhkan 36,8 ms, 71,8 ms, dan 164 ms secara berurutan.

Penelitian mengenai performa dari beberapa versi algoritma YOLO dilakukan oleh Wang *et al* pada tahun 2022. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk membandingkan beberapa model *object detectors* menggunakan dataset *Microsoft Common Objects in Context* (MS COCO) tanpa *pre-trained weights*. Hasilnya menunjukkan bahwa *YOLOv7* dapat melampaui *object detector* yang ada dalam aspek kecepatan dan akurasi. Dibandingkan dengan *YOLOv4*, *YOLOv7* memiliki parameter 75% lebih sedikit, komputasi 36% lebih sedikit, namun memberikan nilai AP 1,5% lebih tinggi. Jika dibandingkan dengan *state-of-the-art* *YOLOR-CSP*, *YOLOv7* memiliki parameter 43% lebih sedikit, komputasi 15% lebih sedikit, dan nilai AP 0,4% lebih tinggi. Selain itu, *YOLOv7* juga merupakan *trainable bag-of-freebies* sehingga dapat meningkatkan akurasi dalam deteksi objek dan menyelesaikan masalah penggantian *re-parameterized module* dan alokasi *dynamic label assignment*.

Penelitian mengenai pemanfaatan *data augmentation* dalam meningkatkan performa model *object detector* dan mencegah *overfitting* pernah dilakukan oleh Wu *et al* pada tahun 2022. Dalam penelitian ini, mereka menggunakan beberapa teknik *data augmentation* dalam meningkatkan jumlah data citra *Camellia oleifera*, antara lain; *multi-angle rotation*, *horizontal-vertical mirroring*, *brightness enhancement-reduction*, *gaussian noise* dan *mosaic*. Penelitian ini membuktikan bahwa *data augmentation* dapat meningkatkan performa model secara efektif. Sebagai perbandingan, model algoritma *YOLOv7* yang dilatih menggunakan *data augmentation* meningkatkan mAP, *Precision*, *Recall*, dan F1 *score* sebesar 0,29%, 0,53%, 2,41%, dan 1,48% secara berurutan.

2.7 Perbedaan Penelitian

Penelitian yang dilakukan dibandingkan penelitian yang pernah dilakukan oleh Majchrowska et al pada tahun 2021 memiliki persamaan yaitu sumber data yang digunakan dan 3 bakteri dari spesies *E. coli*, *P. aeruginosa* dan *S. aureus*. Namun, penelitian yang dilakukan memiliki tujuan dan metode yang berbeda dari penelitian yang dilakukan oleh Majchrowska et al, dimana penelitian tersebut bertujuan untuk mengembangkan dataset dan mengevaluasi algoritma *Faster R-CNN* dan *Cascade R-CNN* dalam mengenali bakteri.

Perbedaan penelitian yang dilakukan dengan penelitian yang dilakukan oleh Ma et al pada tahun 2022 terletak pada data yang digunakan dimana Ma et al menggunakan citra bakteri yang diambil dibawah mikroskop. Perbedaan lainnya yaitu metode yang digunakan pada penelitian yang dilakukan oleh Ma et al menggunakan algoritma *You Only Look Once* versi 4.

Penelitian yang dilakukan oleh Sun et al pada tahun 2022 memiliki perbedaan dibandingkan penelitian yang dilakukan, yaitu data yang digunakan pada penelitian Sun et al menggunakan citra mikroskopis bakteri. Penelitian tersebut juga melakukan perbandingan antara 3 model *You Only Look Once* dan menggunakan *image enhancement* dalam memperbaiki serta meningkatkan jumlah data.

Perbedaan penelitian yang dilakukan dibanding penelitian yang dilakukan oleh An et al, Yoshihara & Hirata, Wang et al dan Wu et al dapat dilihat dari data yang digunakan sebagai objek penelitian dan tujuan dari dilakukannya penelitian tersebut.

Berdasarkan uraian yang telah dipaparkan di atas, perbedaan penelitian yang dilakukan dibandingkan dengan penelitian-penelitian terdahulu terletak pada objek penelitian, batasan penelitian, tujuan dilaksanakannya penelitian, dan metode serta algoritma yang digunakan. Pada penelitian ini, data yang digunakan adalah citra bakteri pada *agar plate* yang termasuk dalam spesies *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, dan *Pseudomonas aeruginosa*. Metode yang diterapkan adalah algoritma *You Only Look Once* versi 7 yang bertujuan untuk mengekstraksi fitur dan melakukan deteksi.

BAB 3

ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM

3.1 Dataset yang Digunakan

Salah satu metode yang dapat digunakan untuk memperoleh data citra bakteri adalah dengan membudidayakan spesies bakteri pada *agar plate* dan mempersiapkan kamera untuk memotret citra bakteri tersebut. Namun, dibutuhkan biaya yang cukup tinggi dan pengetahuan mumpuni agar dapat membudidayakan bakteri. Selain itu, belum terdapat kolaborasi antara fakultas tempat studi peneliti dengan lembaga penelitian lain dalam hal penelitian bakteri.

Dikarenakan keterbatasan dalam memperoleh data citra bakteri pada *agar plate*, maka data citra yang digunakan pada penelitian ini didapatkan dari basis data sumber terbuka yang dikumpulkan oleh Majchrowska *et al* pada tahun 2021 dalam penelitiannya yang berjudul *AGAR a microbial colony dataset for deep learning detection*. Dataset ini berisikan 18000 citra dari 5 mikroorganisme berbeda, yaitu bakteri *S. aureus*, *B. subtilis*, *P. aeruginosa*, *E. coli* dan jamur *C. albicans*. Namun dalam penelitian ini, hanya digunakan 600 citra dari 3 mikroorganisme, yaitu *S. aureus*, *P. aeruginosa*, dan *E. coli*. Contoh data yang digunakan pada penelitian ini dapat dilihat pada Tabel 3.1.

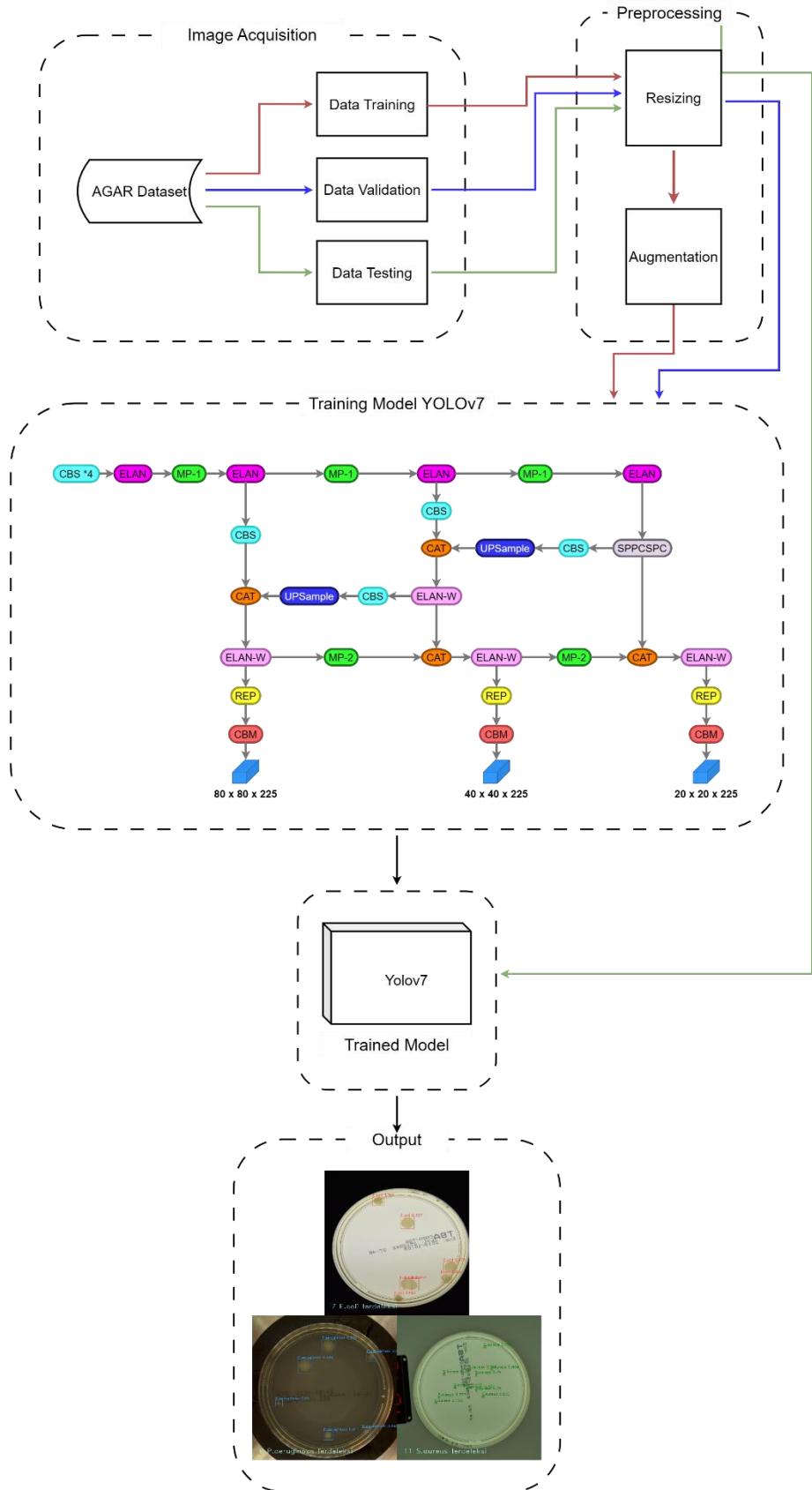
Tabel 3.1. Data yang digunakan pada penelitian

No	Citra	Spesies Bakteri
1	                       	<i>Staphylococcus aureus</i>
2	                       	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>

3	 311.jpg  324.jpg  332.jpg  336.jpg  338.jpg  340.jpg  368.jpg  370.jpg  372.jpg  384.jpg  392.jpg  397.jpg  452.jpg  462.jpg  471.jpg  472.jpg  482.jpg  483.jpg  514.jpg  516.jpg  519.jpg  524.jpg  527.jpg  535.jpg	<i>Escherichia coli</i>
---	--	-------------------------

3.2 Arsitektur Umum

Tahap awal dari penelitian ini yaitu mengumpulkan citra tiga spesies bakteri pada *agar plate* dan membagi data citra tersebut menjadi data *training*, *testing* dan *validation*. Data *training* digunakan dalam melatih model, data *validation* digunakan dalam mengevaluasi performa model untuk memilih model terbaik, dan data *testing* digunakan untuk mengevaluasi performa model akhir yang telah dipilih. Setelah melalui tahap pengumpulan dan pembagian data, data citra akan masuk ke tahap *preprocessing* yang meliputi proses *resizing* dan normalisasi agar dapat diproses model dengan lebih efektif dan efisien. Data citra hasil *preprocessing* kemudian akan diterapkan data augmentasi yaitu teknik augmentasi *flipping*, *rotate*, dan *noise*. Tahap selanjutnya yaitu data *training* digunakan sebagai data input untuk melatih model, yaitu *You Only Look Once* versi 7. Model akhir yang telah dilatih kemudian akan diuji performanya menggunakan data *testing* yang telah disiapkan pada tahap *preprocessing*. Arsitektur umum pada penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 3.1 yang selanjutkan akan dijelaskan secara lebih mendetail.

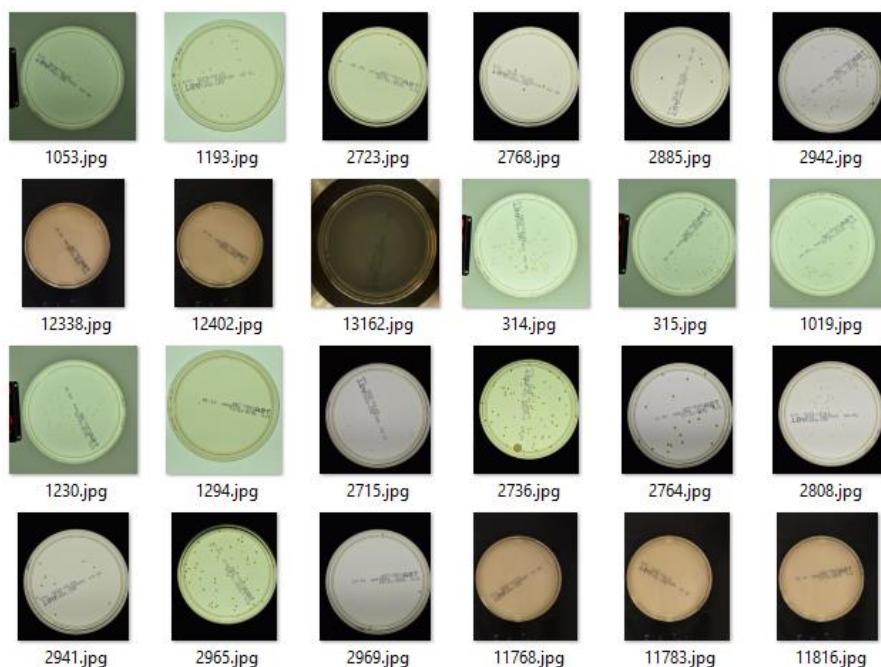


Gambar 3.1. Arsitektur umum penelitian

3.2.1 Pengumpulan dan pembagian data

Data yang digunakan pada penelitian ini berasal dari sumber terbuka yang dikumpulkan oleh Majchrowska *et al* pada tahun 2021 dalam penelitiannya yang berjudul *AGAR a microbial colony dataset for deep learning detection*. Dataset ini berisi citra bakteri yang diambil dengan menggunakan 2 kamera berbeda, yang kemudian dibagi menjadi citra resolusi tinggi dengan ukuran 4000 x 6000 piksel dan citra resolusi rendah dengan ukuran 2048 x 2048 piksel, yang kemudian dibagi lagi berdasarkan kondisi pencahayaan menjadi terang, gelap, dan buram. Dataset ini terdiri dari 5 spesies bakteri, yaitu *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Candida albicans*, dan *Bacillus subtilis* dengan total 18.000 citra.

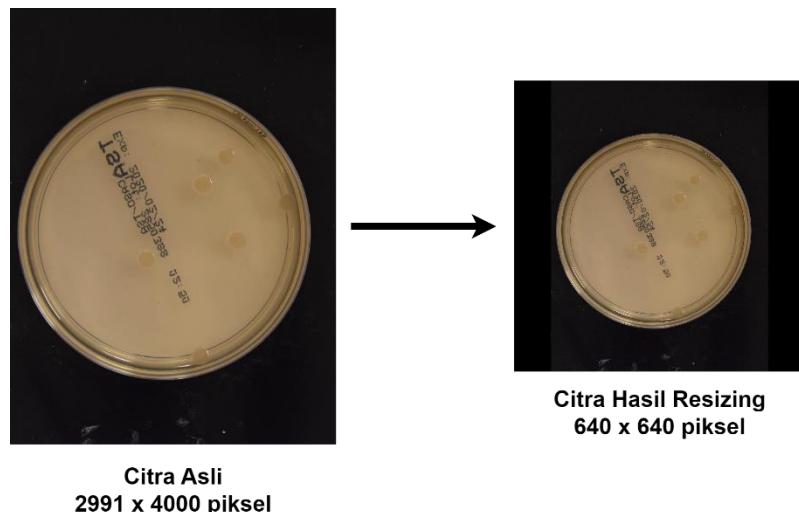
Namun pada penelitian ini, data citra yang digunakan terdiri dari 3 spesies bakteri, yaitu *E. coli*, *S. aureus*, dan *P. aeruginosa* dengan masing-masing spesies berjumlah 200 citra. Data citra ini kemudian akan dikelompokkan ke dalam folder-folder yang sesuai dengan spesies bakteri yang akan dideteksi. Selanjutnya data tersebut akan dibagi menjadi data *training*, data *validation*, dan data *testing* dengan rasio perbandingan 70:20:10 secara acak. Hasil dari pembagian ini yaitu total data untuk masing-masing spesies bakteri pada data *training* yaitu 140 citra, pada data *validation* yaitu 40 citra, dan pada data *testing* yaitu 20 citra. Data citra yang sudah dikumpulkan dan dibagi dapat dilihat pada Gambar 3.2.



Gambar 3.2. Data *training*

3.2.2 Resizing

Resizing adalah proses dimana dimensi citra diubah menjadi ukuran yang lebih besar atau lebih kecil. Tujuan dari proses *resizing* adalah menyamaratakan ukuran seluruh data citra yang akan diolah. Selain itu, proses *resizing* dengan mengubah ukuran menjadi lebih kecil dapat mengurangi penggunaan ruang penyimpanan dan waktu pengujian model. Pada penelitian ini, seluruh data citra akan diubah ke dalam ukuran 640 x 640 piksel. Contoh citra hasil *resizing* dapat dilihat pada Gambar 3.3.



Gambar 3.3. Contoh implementasi *resizing*

3.2.3 Augmentasi

Proses augmentasi merupakan proses meningkatkan kuantitas data dengan menciptakan variasi data yang baru dari data yang ada dengan menggunakan teknik-teknik augmentasi. Tujuan dari dilakukannya proses augmentasi adalah untuk meningkatkan diversitas data dan meningkatkan kemampuan model dalam beradaptasi dengan data yang belum pernah dilihat sebelumnya sehingga dapat meningkatkan akurasi model serta mencegah terjadinya *overfitting*.

Beberapa teknik augmentasi yang diterapkan pada penelitian ini yaitu *flip*, rotasi dan penambahan *noise*. Teknik *flip* digunakan untuk membalikkan citra secara horizontal (*horizontal flip*) maupun vertikal (*vertical flip*). Proses penerapan teknik *horizontal flip* dan *vertical flip* dapat dilihat pada *pseudocode* yang ditampilkan pada Gambar 3.4.

Algorithm 1 Horizontal and Vertical Flip

Input: Gambar G **Output:** Gambar H_Flip dan V_flip

- 1. Horizontal Flip:**
 2. Buat gambar H_Flip dengan dimensi sama dengan gambar G
 3. **For** setiap piksel $G[x][y]$ **do:**
 4. Masukkan piksel $G[W - x][y]$ ke dalam $H_Flip[x][y]$
 5. **End for**
 6. **Vertical Flip:**
 7. Buat gambar V_Flip dengan dimensi sama dengan gambar G
 8. **For** setiap piksel $G[x][y]$ **do:**
 9. Masukkan piksel $G[x][H - y]$ ke dalam $V_Flip[x][y]$
 10. **End for**
-

Gambar 3.4. Pseudocode horizontal dan vertical flip

Teknik rotasi merupakan teknik augmentasi untuk memutar citra searah jarum jam dengan sudut tertentu, dalam penelitian ini sudut yang digunakan adalah 90° , 180° , dan 270° . Langkah-langkah yang dilakukan untuk menerapkan teknik augmentasi rotasi 90° , 180° , dan 270° dapat dilihat pada pseudocode pada Gambar 3.5.

Algorithm 2 Rotasi 90° , 180° , dan 270°

Input: Gambar G **Output:** Gambar $Rotate_90$, $Rotate_180$ dan $Rotate_270$

- 1. Rotasi 90° :**
 2. Buat gambar $Rotate_90$ dengan dimensi sama dengan gambar G
 3. **For** setiap piksel $G[x][y]$ **do:**
 4. Masukkan piksel $G[y][H - x]$ ke dalam $Rotate_90[x][y]$
 5. **End for**
 6. **Rotasi 180° :**
 7. Buat gambar $Rotate_180$ dengan dimensi sama dengan gambar G
 8. **For** setiap piksel $G[x][y]$ **do:**
 9. Masukkan piksel $G[W - x][H - y]$ ke dalam $Rotate_180[x][y]$
 10. **End for**
 11. **Rotasi 270° :**
 12. Buat gambar $Rotate_270$ dengan dimensi sama dengan gambar G
 13. **For** setiap piksel $G[x][y]$ **do:**
 14. Masukkan piksel $G[H - y][x]$ ke dalam $Rotate_270[x][y]$
 15. **End for**
-

Gambar 3.5. Pseudocode rotasi 90° , 180° , dan 270°

Teknik penambahan *noise* yang digunakan dalam penelitian ini adalah *salt and pepper noise*, yaitu teknik untuk menambahkan *noise* dengan cara mengubah beberapa piksel dalam gambar menjadi hitam atau putih. Prosedur penggunaan *salt and pepper noise* dipaparkan pada *pseudocode* pada Gambar 3.6.

Algorithm 3 Salt and pepper noise

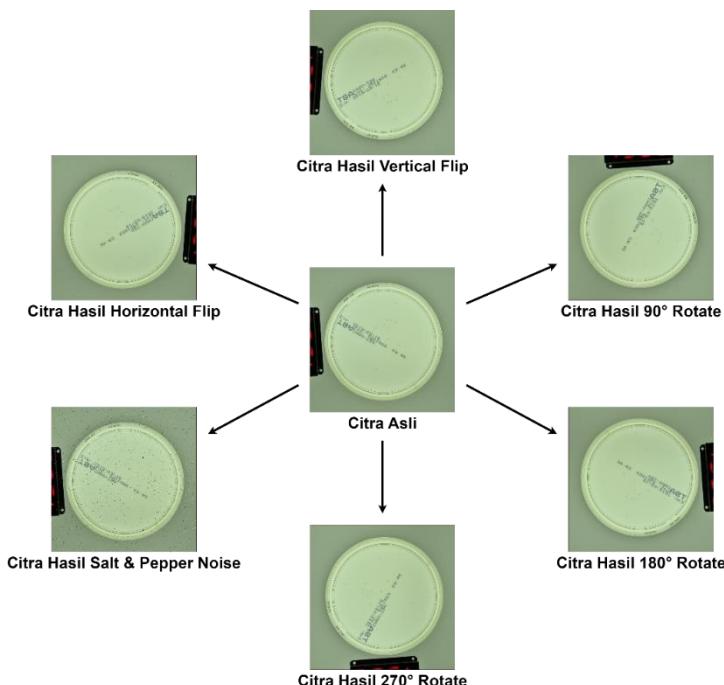
Input: Gambar G , Probabilitas noise P antara 0 dan 1

Output: Gambar *Noise_Image*

1. Salin seluruh piksel $G[x][y]$ ke dalam $Noise_Image[x][y]$
 2. For setiap piksel $Noise_Image[x][y]$ do:
 3. Set: Nilai random r antara 0 dan 1
 4. If $r < \frac{p}{2}$ then:
 5. Ubah piksel $Noise_Image[x][y]$ menjadi 255
 6. Else if $\frac{p}{2} < r < p$ then:
 7. Ubah piksel $Noise_Image[x][y]$ menjadi 0
 8. End if
 9. End for
 10. Return *Noise_Image*
-

Gambar 3.6. *Pseudocode salt and pepper noise*

Contoh hasil penerapan teknik augmentasi yang telah dipaparkan pada penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 3.7.



Gambar 3.7. Contoh implementasi data augmentasi

3.2.4 Model training

Setelah seluruh data citra melewati tahap *preprocessing*, data *training* kemudian akan dijadikan data input dalam melatih model. Total data *training* yang digunakan adalah berjumlah 1260 data dengan masing-masing spesies bakteri berjumlah 420 data. Model yang dibangun dalam penelitian ini menggunakan algoritma YOLOv7 dengan mengaplikasikan *pre-trained weight* yang disediakan.

Arsitektur jaringan YOLOv7 terdiri dari *backbone*, *neck*, dan *head*. Data input pertama kali akan masuk ke dalam jaringan *backbone* untuk dilakukan ekstraksi fitur. Ekstraksi fitur ini penting untuk dilakukan karena model deteksi objek perlu memahami berbagai detail dan pola visual yang terdapat pada citra. Jaringan *backbone* terdiri dari banyak lapisan konvolusi termasuk modul *Efficient Layer Aggregation Network* (ELAN) dan modul konvolusi *Maximum Pooling* (MP). Tujuan dari banyaknya lapisan konvolusi dan lapisan lainnya seperti *pooling* adalah untuk menghasilkan representasi fitur yang semakin abstrak seiring dengan kedalam jaringan.

Hasil ekstraksi fitur dari jaringan *backbone* kemudian akan dimasukkan ke dalam jaringan *neck* untuk dilakukan penggabungan berbagai tingkatan fitur menjadi representasi fitur yang lebih komprehensif. Pada jaringan *neck*, lapisan-lapisan seperti FPN (*Feature Pyramid Network*) diaplikasikan ditambah dengan jalur *bottom-up* tambahan untuk memperpendek jalur informasi dari fitur tingkat rendah dan fitur tingkat tinggi, dimana hal ini membantu dalam mengirimkan sinyal yang akurat dari fitur tingkat rendah.

Kemudian jaringan *head* akan bertanggung jawab untuk melakukan klasifikasi dan regresi berdasarkan fitur yang dihasilkan pada jaringan *neck*. Melalui jaringan *backbone* dan *neck*, diperoleh tiga lapisan fitur yang ditingkatkan dan memadai, yang mana akan dilakukan pemisahan informasi fitur dan menghasilkan posisi, *confidence*, dan jenis target.

Setelah proses training dilakukan, langkah selanjutnya adalah mengevaluasi model yang sudah dilatih dengan menggunakan data validasi. Hal ini bertujuan untuk mengetahui kinerja model, menentukan *hyperparameter* yang optimal, dan memastikan model memiliki kemampuan untuk menggeneralisasikan data *training* ke dalam data yang tidak pernah dilihat sebelumnya.

Proses training menggunakan data training dan evaluasi model menggunakan data validasi dengan hyperparameter tertentu dijabarkan dalam bentuk pseudocode yang dapat dilihat pada Gambar 3.8.

Algorithm 4 Algoritma deteksi objek YOLOv7

Input: Set pelatihan $D = \{x^i, y^i\}_{i=1}^N$, set validasi V , learning rate α , batch b , epoch E

Output: Model deteksi objek $P(x, \theta)$

1. **Initialization** parameter jaringan θ
 2. **For** $e = 1$ sampai E **do**:
 3. Acak urutan sampel dari D
 4. **For** $n = 1$ sampai N **do**:
 5. Ambil sampel b dari set pelatihan D dengan $1 \leq b \leq N$
 6. θ diperbarui menggunakan *gradient descent*, dengan rumus:
 7.
$$g(\theta) = \Delta\theta \frac{1}{b} \sum_i L(P(x^{(i)}; \theta), y^{(i)})$$
 8. $\theta = \theta - \alpha g(\theta)$
 9. **End for**
 10. Model deteksi $P(x, \theta)$ dievaluasi menggunakan set validasi V
 11. **End for**
-

Gambar 3.8. Pseudocode training dan validasi model YOLOv7

3.2.5 Model yang telah dilatih

Hasil dari proses pelatihan model menggunakan algoritma *you only look once* versi 7 adalah model yang sudah dilatih untuk mendekripsi menggunakan data training yang kemudian dinamakan *trained model*. *Trained model* ini kemudian akan dieksport dengan format file onnx agar dapat digunakan untuk melakukan deteksi objek pada saat model berjalan di platform.

3.2.6 Pengujian model

Tahap pengujian model dilakukan setelah model selesai dilatih dan dievaluasi. Data *testing* yang berjumlah 60 citra dengan masing-masing spesies bakteri berjumlah 20 citra digunakan dalam melakukan pengujian model. Data *testing* ini akan diunggah ke dalam sistem yang kemudian dijadikan data input model untuk mendekripsi bakteri. Tujuan dilakukannya pengujian model adalah untuk mengukur kinerja model dalam mendekripsi bakteri pada data citra yang sebenarnya.

3.2.7 Hasil deteksi

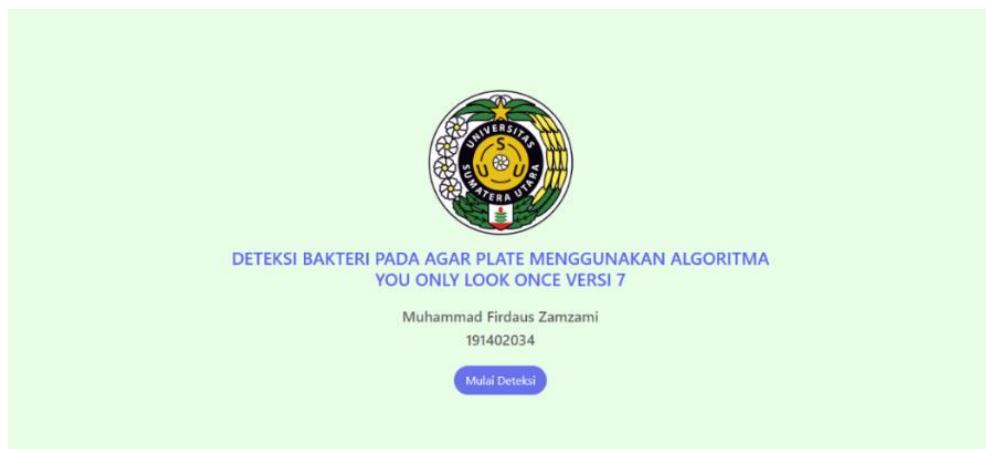
Output yang dikeluarkan dari sistem yang telah dirancang adalah perbandingan antara citra bakteri sebelum dilakukan deteksi dan citra setelah dilakukan deteksi serta jumlah bakteri yang terdeteksi. Spesies bakteri yang dikeluarkan sistem antara lain *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, dan *Pseudomonas aeruginosa*.

3.3 Perancangan Antarmuka Sistem

Pada bagian ini akan dijabarkan mengenai rancangan antarmuka sistem yang bertujuan untuk memudahkan pengguna dalam mengoperasikan sistem dan melihat hasil deteksi citra bakteri dari sistem. Sistem yang dirancang pada platform web dan terdiri dari tiga tampilan, yaitu *landing page*, halaman deteksi dan halaman hasil deteksi.

3.3.1 Rancangan tampilan *landing page*

Tampilan *landing page* merupakan halaman awal yang pertama kali dilihat pengguna saat membuka situs web. Halaman ini terdiri dari logo institusi pendidikan peneliti, nama dan nim peneliti, judul penelitian, keterangan singkat mengenai penelitian, dan tombol yang akan mengarahkan pengguna ke halaman deteksi. Rancangan tampilan *landing page* dapat dilihat pada Gambar 3.9.



Gambar 3.9. Rancangan *landing page*

3.3.2 Rancangan tampilan deteksi bakteri

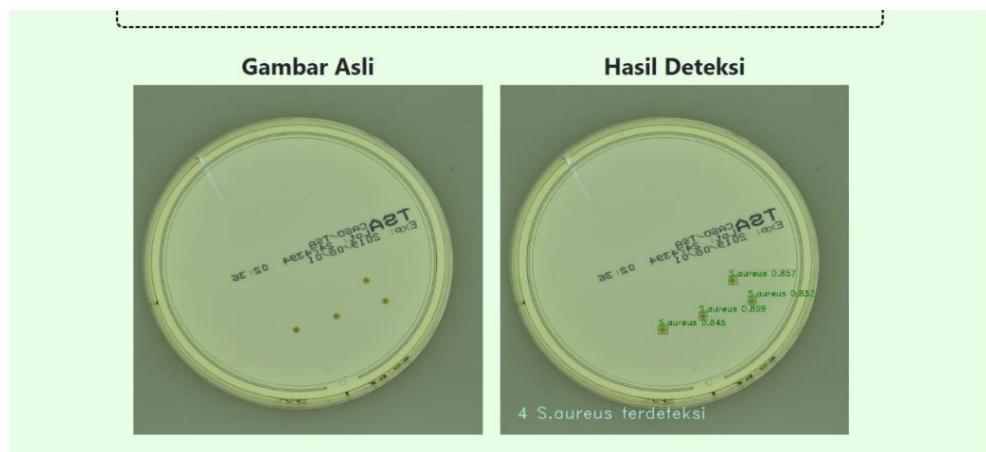
Tampilan deteksi bakteri merupakan halaman dimana pengguna dapat menggunakan fitur sistem untuk melakukan deteksi terhadap citra bakteri. Pada halaman ini terdapat sebuah kotak untuk menerima input dari pengguna berupa citra bakteri pada *agar plate*. Rancangan tampilan halaman deteksi bakteri dapat dilihat pada Gambar 3.10.



Gambar 3.10. Rancangan halaman deteksi bakteri

3.3.3 Rancangan tampilan hasil deteksi bakteri

Tampilan hasil deteksi bakteri merupakan halaman dimana pengguna dapat melihat dan membandingkan citra asli sebelum dilakukan deteksi dan citra setelah dilakukan deteksi, serta melihat spesies bakteri yang dideteksi beserta jumlahnya. Rancangan tampilan hasil deteksi bakteri dapat dilihat pada Gambar 3.11.



Gambar 3.11. Rancangan halaman hasil deteksi bakteri

BAB 4

IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN SISTEM

4.1 Implementasi Sistem

Bagian ini akan membahas mengenai algoritma *you only look once* versi 7 yang diimplementasikan pada sistem untuk mendeteksi spesies bakteri berdasarkan citra bakteri pada *agar plate*, yang dijalankan pada platform web.

4.1.1 Spesifikasi perangkat keras dan perangkat lunak

Rincian perangkat keras dan perangkat lunak yang digunakan dalam penelitian ini untuk membangun model dan sistem dapat dilihat pada Tabel 4.1 dan 4.2.

Tabel 4.1. Spesifikasi perangkat keras

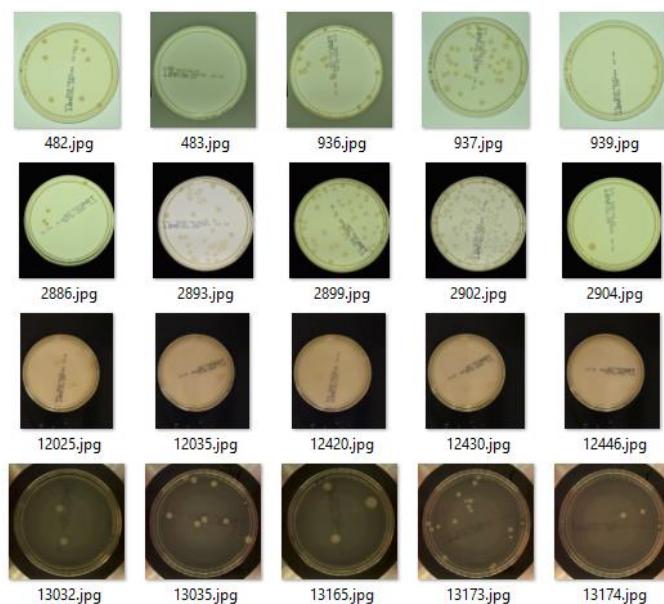
Perangkat Keras	11 th Gen Intel® Core™ i7-11700 @ 2.50 GHz
	16 Gb RAM
	GPU NVIDIA GeForce RTX 3060
	1 TB HDD dan 525 GB SSD

Tabel 4.2. Spesifikasi perangkat lunak

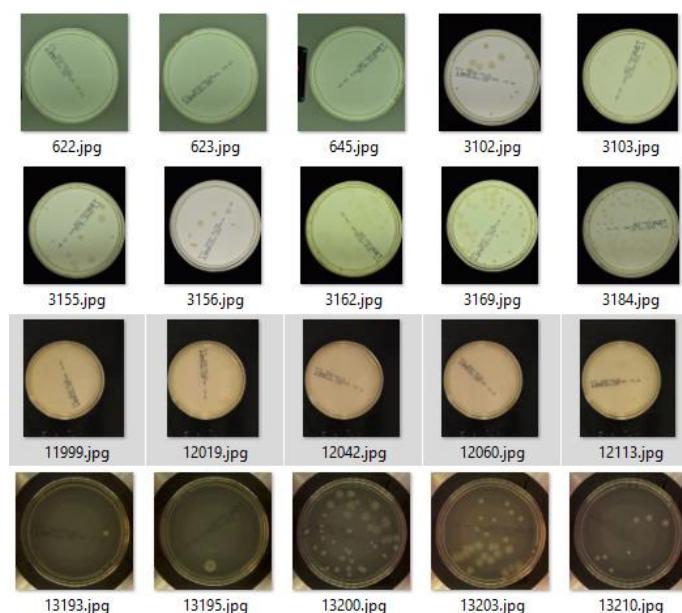
Perangkat Lunak	Windows 11 Pro 64-bit
	Python 3.11.4
	Command Prompt
	Library: flask 3.0.0, matplotlib 3.8.2, numpy 1.23.5, opencv-python 4.8.1.78, Pillow 10.1.0, PyYAML 6.0.1, scipy 1.11.4, tensorflow 2.15.1, pandas 2.1.4, seaborn 0.13.0, ipython 8.18.1, torch 1.12.1+cu113, torchvision 0.13.1+cu113

4.1.2 Implementasi data

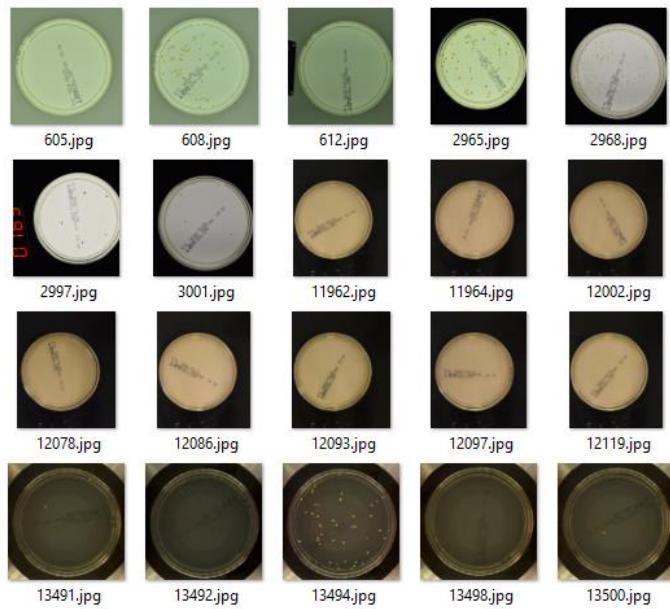
Data yang digunakan pada penelitian ini berjumlah 600 data citra dengan dimensi yang berbeda-beda, didapatkan dari sumber terbuka *AGAR dataset* yang disediakan pada website *NeuroSYS*. Rincian data yang digunakan adalah 200 data citra bakteri *E. coli*, 200 data citra bakteri *S. aureus*, dan 200 data citra bakteri *P. aeruginosa*. Contoh data sampel dari masing-masing spesies bakteri yang digunakan pada penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 4.1, Gambar 4.2 dan Gambar 4.3.



Gambar 4.1. Citra bakteri *E. coli*



Gambar 4.2. Citra bakteri *P. aeruginosa*



Gambar 4.3. Citra bakteri *S. aureus*

4.1.3 Implementasi perancangan antarmuka

Hasil implementasi perancangan antarmuka sistem yang telah dibahas pada bab sebelumnya dirincikan sebagai berikut:

1. Halaman landing page

Halaman ini adalah halaman pertama yang ditunjukkan kepada pengguna saat mengakses website. Halaman ini terdiri dari informasi mengenai peneliti dan tombol untuk mengarahkan pengguna ke halaman deteksi. Tampilan dari halaman *landing page* dapat dilihat pada Gambar 4.4.



Gambar 4.4. Halaman *landing page*

2. Halaman deteksi bakteri

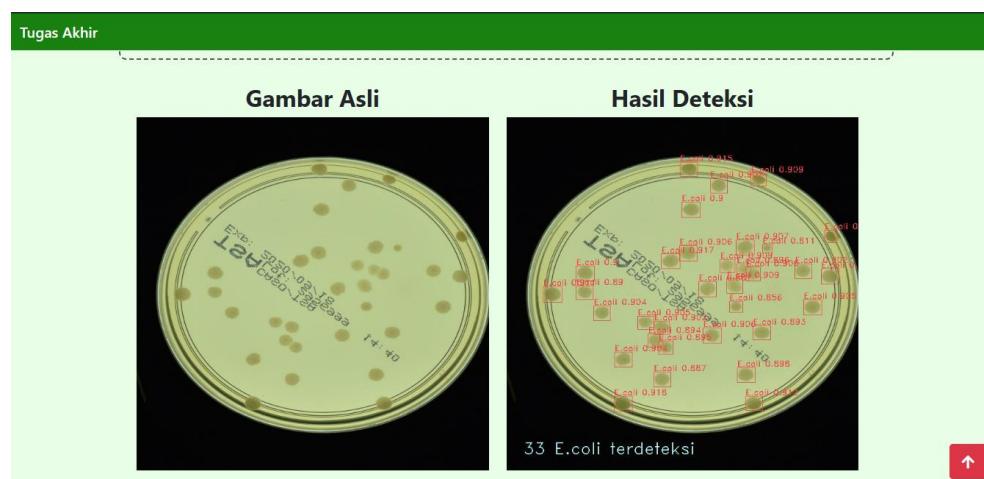
Halaman deteksi bakteri adalah halaman utama dari sistem yang dibangun, dimana pengguna dapat mengunggah citra bakteri pada *agar plate* untuk kemudian dilakukan deteksi pada citra tersebut. Tampilan dari halaman deteksi bakteri dapat dilihat pada Gambar 4.5.



Gambar 4.5. Halaman deteksi bakteri

3. Halaman hasil deteksi bakteri

Halaman hasil deteksi bakteri merupakan halaman akhir dari siklus sistem yang dibangun. Halaman ini berisi informasi hasil deteksi pada citra yang diunggah pengguna, dimana pengguna dapat membandingkan citra sebelum dilakukan deteksi dan setelah deteksi serta jumlah bakteri yang terdeteksi. Tampilan halaman hasil deteksi bakteri dapat dilihat pada Gambar 4.6.



Gambar 4.6. Halaman hasil deteksi bakteri

4.2 Pelatihan Model

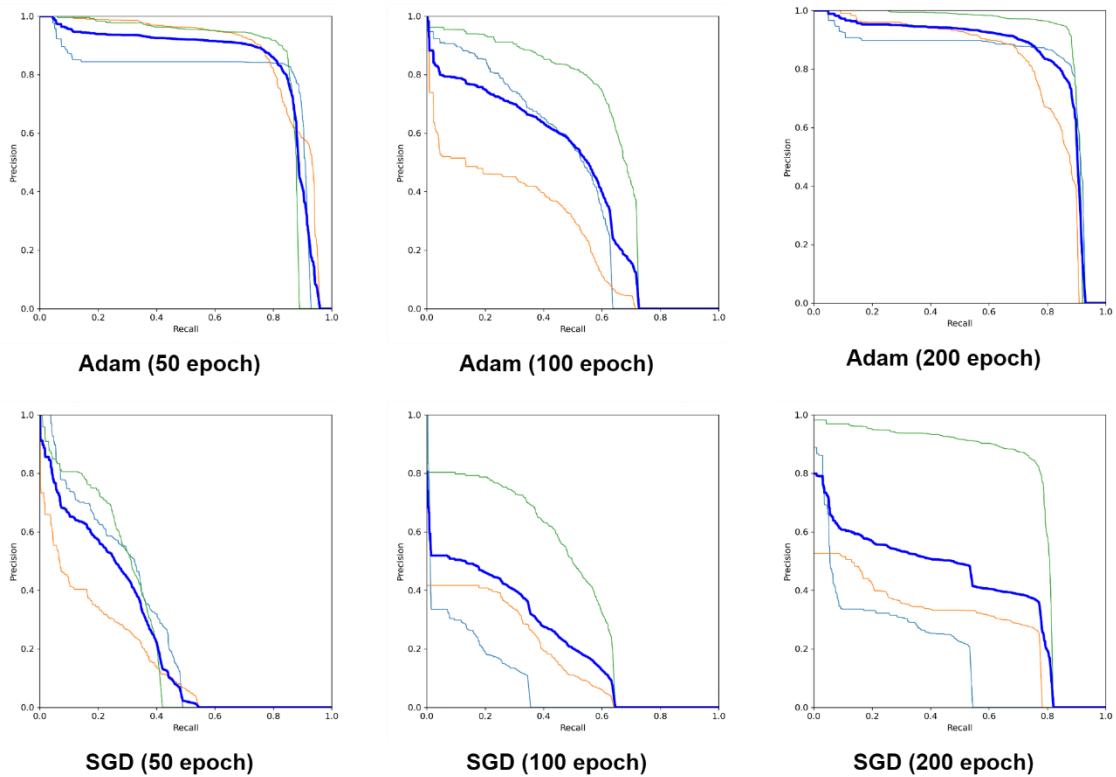
Pada penelitian ini, tahap pelatihan memanfaatkan *repository* YOLOv7 yang disediakan oleh pengembangnya dengan konfigurasi khusus, yaitu mengubah jumlah kelas menjadi tiga, mengubah lokasi folder data *training*, *testing*, dan *validation*, serta menghilangkan fungsi augmentasi yang disediakan pada model YOLOv7. Pelatihan juga memanfaatkan *pre-trained model* YOLOv7 yang sudah dilatih sebelumnya menggunakan dataset COCO (*Common Objects in Context*). Proses pelatihan melibatkan *fine tuning* pada *optimizer* dan jumlah *epoch* untuk meningkatkan kinerja model. *Optimizer* yang digunakan adalah Adam *optimizer* (*Adaptive Moment Estimation*) dengan *learning rate* awal 0,001 dan SGD *optimizer* (*Stochastic Gradient Descent*) dengan *learning rate* awal 0,01. Jumlah *epoch* yang digunakan pada pelatihan adalah 50, 100, dan 200.

Hasil pelatihan dievaluasi menggunakan *evaluation metric* yaitu *precision*, *recall*, *Average Precision* (AP) dan *mean Average Precision* (mAP). Precision adalah rasio objek benar yang terdeteksi terhadap seluruh objek yang terdeteksi, sedangkan recall adalah rasio objek benar yang berhasil terdeteksi terhadap seluruh objek benar pada citra. Kurva *Precision-Recall* (PR curve) menggambarkan hubungan antara precision (sumbu Y) dan recall (sumbu X), sehingga memperjelas akurasi model dalam mendeteksi objek benar pada citra. Nilai AP menghitung area di bawah PR curve untuk setiap kelas, sementara nilai mAP menghitung rata-rata nilai AP untuk seluruh kelas. *Evaluation metric* ini membantu dalam membandingkan model-model setelah dilakukan fine tuning, sehingga dapat menentukan model yang paling optimal.

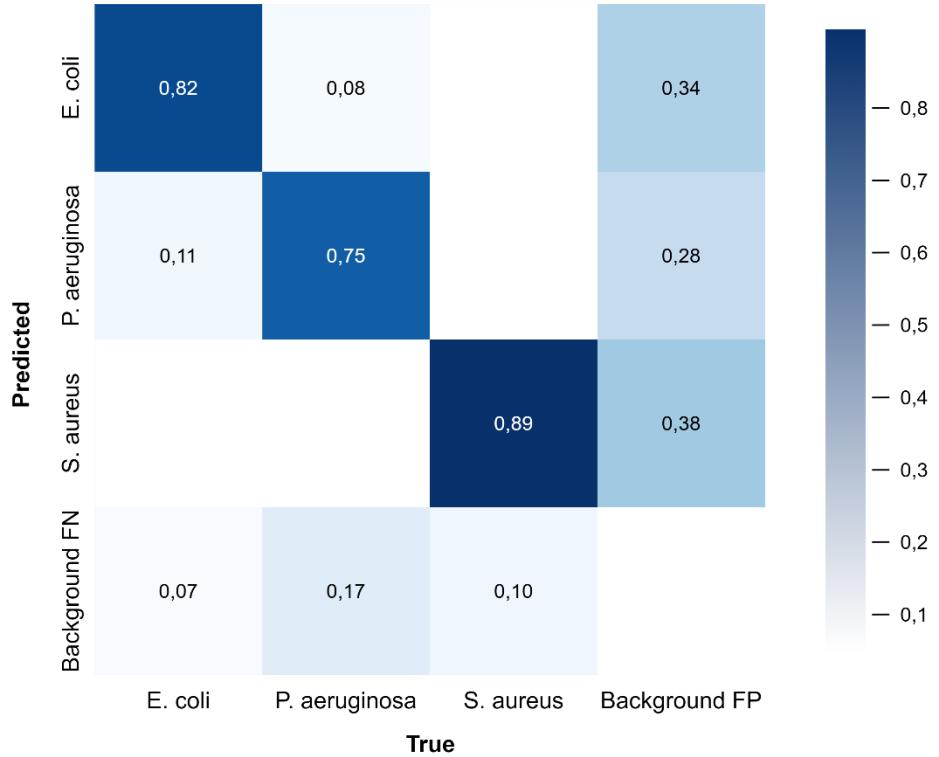
Pada tahap pelatihan dalam penelitian ini, nilai mAP tertinggi pada *Intersection over Union* 0.5 (mAP@0.5) diperoleh model dengan menggunakan Adam *optimizer* pada 200 *epoch*, yaitu 0.836. Perbandingan lebih rinci dari seluruh nilai AP setiap kelas dan nilai mAP untuk setiap model dapat dilihat pada Tabel 4.3 dan kurva PR untuk setiap model dapat dilihat pada Gambar 4.7.

Tabel 4.3. Nilai AP dan mAP untuk setiap model

Model Kelas	Adam Optimizer			SGD Optimizer		
	50	100	200	50	100	200
E. coli	0,778	0,445	0,818	0,277	0,086	0,188
P. aeruginosa	0,864	0,262	0,797	0,160	0,173	0,290
S. aureus	0,841	0,602	0,893	0,270	0,417	0,744
Semua	0,828	0,436	0,836	0,236	0,226	0,407

**Gambar 4.7.** Kurva *Precision-Recall* untuk setiap model

Confusion matrix digunakan untuk mengevaluasi akurasi model berdasarkan proporsi kelas objek dalam data. *Confusion matrix* model dengan *Adam optimizer* pada 200 epochs dapat dilihat pada Gambar 4.8. Analisis menunjukkan bahwa kelas yang dideteksi yaitu *E. coli*, *P. aeruginosa* dan *S. aureus* memiliki tingkat prediksi benar sebesar 82%, 75% dan 89%.



Gambar 4.8. Confusion matrix Adam optimizer pada 200 epochs

4.3 Validasi Model

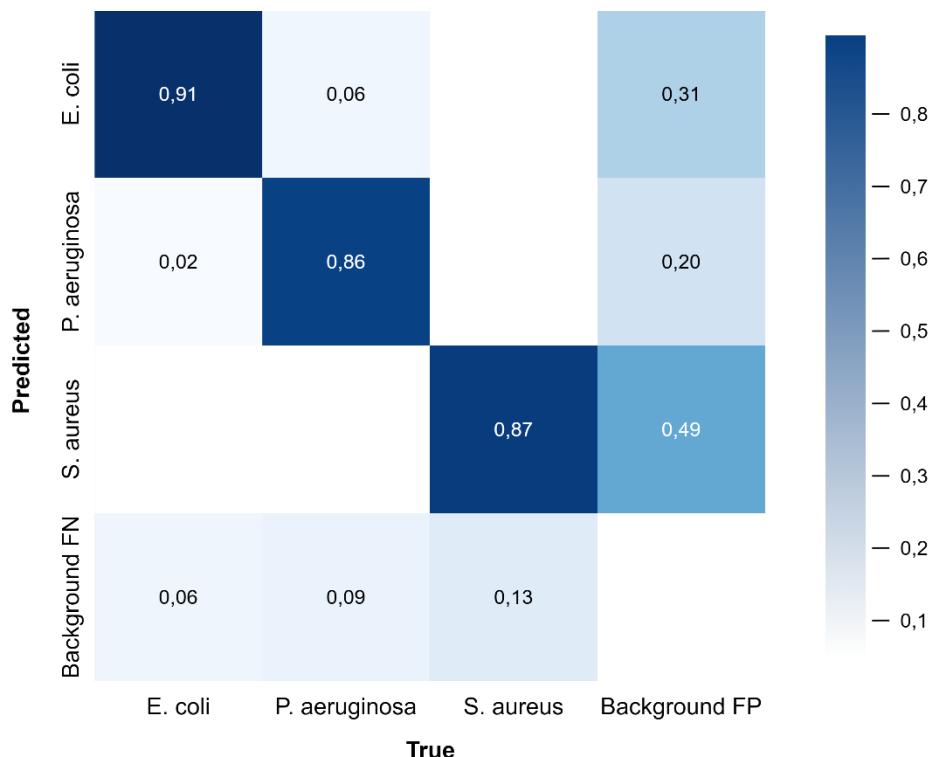
Setelah proses pelatihan selesai, akan dilakukan proses validasi model menggunakan data validation. Hal ini dibutuhkan untuk mengevaluasi seluruh model yang telah dilatih untuk menentukan model yang paling optimal dalam mendeteksi citra. Hasil yang didapat dari proses validasi digunakan sebagai acuan untuk hasil akhir pelatihan model yang dapat dilihat pada Tabel 4.4.

Tabel 4.4. Hasil validasi model YOLOv7

Optimizer	Epoch	P	R	mAP@.5	mAP@.5:.95	Kecepatan per citra
Adam	50	0,861	0,823	0,836	0,478	15,7 ms
	100	0,551	0,620	0,561	0,216	14,7 ms
	200	0,915	0,855	0,887	0,481	15,3 ms
SGD	50	0,412	0,426	0,312	0,123	15,0 ms
	100	0,394	0,385	0,277	0,186	14,7 ms
	200	0,630	0,664	0,572	0,261	14,9 ms

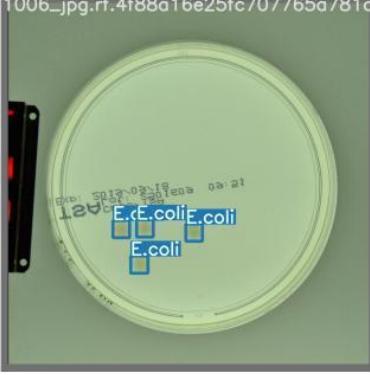
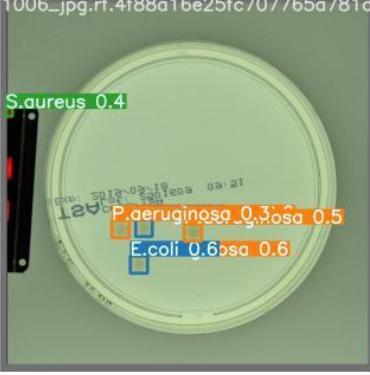
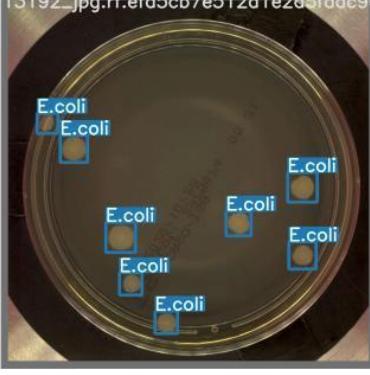
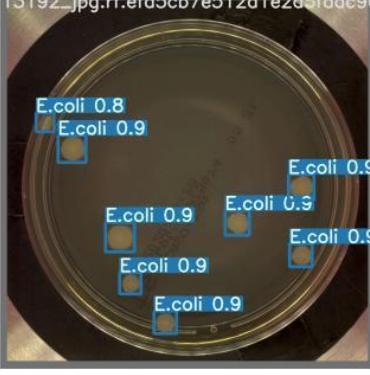
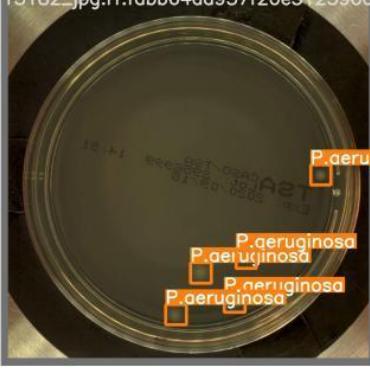
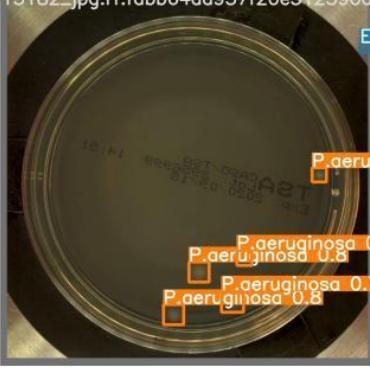
Berdasarkan hasil validasi yang telah dipaparkan, dapat dilihat bahwa model dengan Adam optimizer pada 200 epochs memiliki tingkat akurasi tertinggi dengan nilai precision, recall, mAP@.5 dan mAP@.5: .95 secara berurutan sebesar 91,5%, 85,5%, 88,7% dan 48,1%. Sedangkan kecepatan model dalam mendeteksi objek yaitu 15,3 ms per citra.

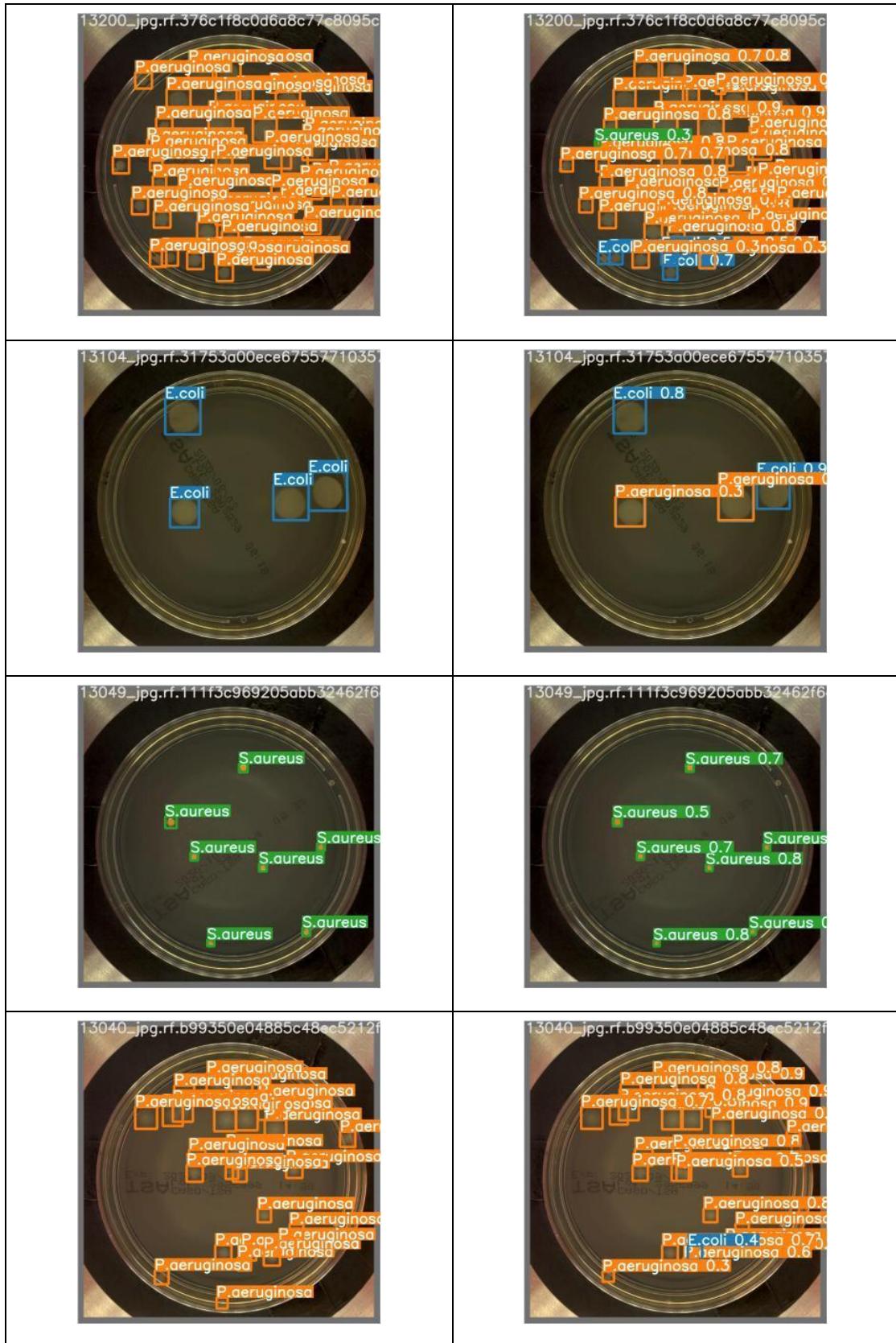
Untuk melihat tingkat performa model yang menggunakan Adam optimizer pada 200 epochs secara lebih rinci, berikut dipaparkan *confusion matrix* yang didapatkan melalui proses validasi yang dapat dilihat pada Gambar 4.9. Untuk meninjau kembali kinerja model pada data citra yang sebenarnya, dipaparkan pula sampel dari data *validation* yang merupakan data aktual serta data yang diprediksi model. Perbandingan sampel data citra ini dapat dapat dilihat pada Tabel 4.5.



Gambar 4.9. *Confusion matrix* validasi model Adam optimizer pada 200 epochs

Tabel 4.5. Perbandingan data aktual dan data prediksi

Aktual	Prediksi
 1006.jpg.rf.4f88a16e25fc707765a781d	 1006.jpg.rf.4f88a16e25fc707765a781d
 13192.jpg.rf.efd5cb7e512d1e2a5fadc90	 13192.jpg.rf.efd5cb7e512d1e2a5fadc90
 13182.jpg.rf.fdbb64da957f20e312590a	 13182.jpg.rf.fdbb64da957f20e312590a
 13286.jpg.rf.094244cf741003486c3edd	 13286.jpg.rf.094244cf741003486c3edd



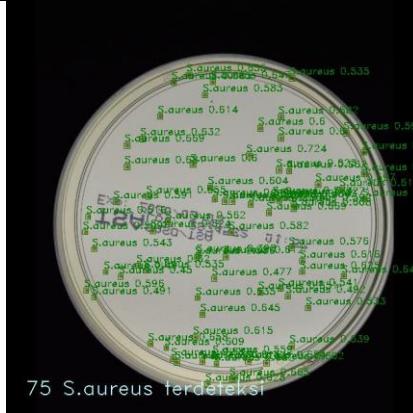
4.4 Pengujian Sistem

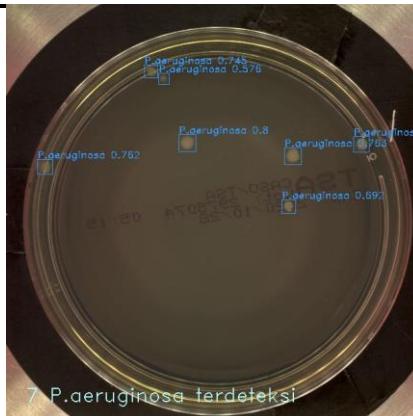
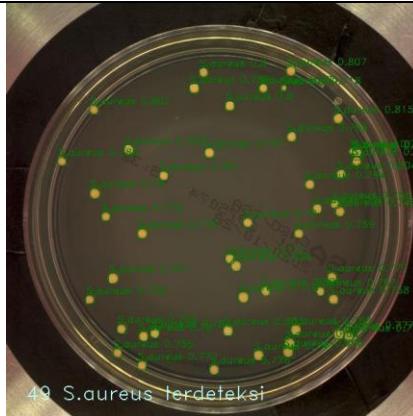
Pengujian sistem adalah proses untuk menguji secara langsung sistem yang dikembangkan dalam penelitian ini, meliputi hasil implementasi antarmuka pengguna, model yang telah dilatih dan dievaluasi, serta performa model pada data citra yang sebenarnya. Data citra yang digunakan pada proses pengujian sistem ini adalah data *testing* dengan total 60 citra, yang mana masing-masing spesies bakteri berjumlah 20 citra.

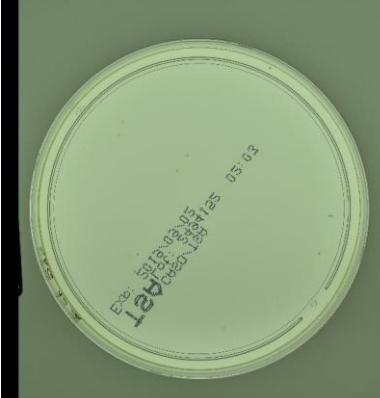
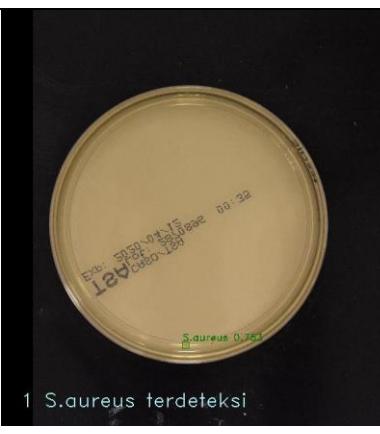
Setelah dilakukan pelatihan dan evaluasi model, didapatkan hasil akhir model yang paling optimal untuk melakukan deteksi terhadap spesies bakteri adalah model yang menggunakan *Adam optimizer* dengan 200 *epochs*. Model ini kemudian akan diubah menjadi format file onnx dengan nama adam-200.onnx agar dapat diintegrasikan langsung pada sistem untuk melakukan deteksi. Hasil pengujian deteksi bakteri pada sistem dapat dilihat pada Tabel 4.6.

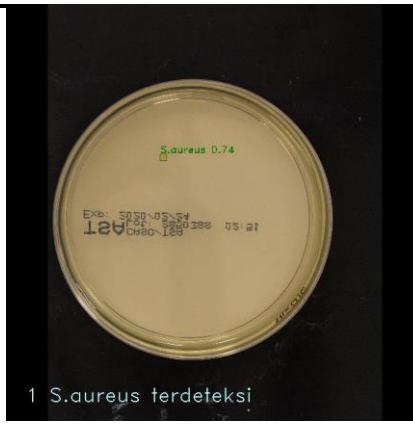
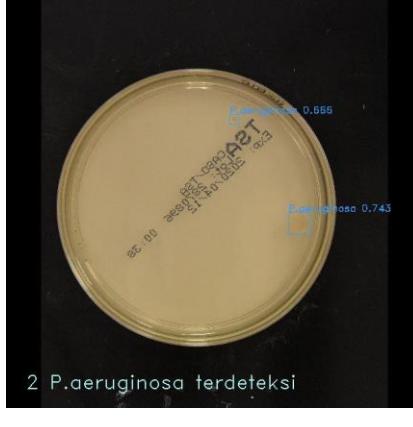
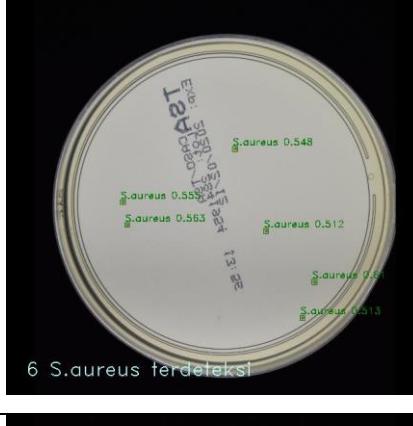
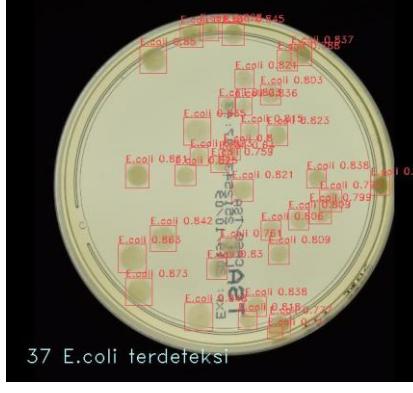
Tabel 4.6. Hasil pengujian menggunakan 30 data *testing*

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
1.		P. aeruginosa: 226	P. aeruginosa: 225
2.		P. aeruginosa: 102	P. aeruginosa: 87

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
3.	 A Petri dish with numerous small green bacterial colonies. A text overlay at the bottom left reads "75 S.aureus terdeteksi". The background is black with white text labels for various bacteria and their detection scores.	S. aureus: 75	S. aureus: 75
4.	 A Petri dish with a large, distinct yellow-green colony. A text overlay at the bottom left reads "110 P.aeruginosa terdeteksi". The background is black with white text labels for various bacteria and their detection scores.	P. aeruginosa: 112	P. aeruginosa: 110
5.	 A Petri dish with a few small green colonies. A text overlay at the bottom left reads "4 S.aureus terdeteksi". The background is black with white text labels for various bacteria and their detection scores.	S. aureus: 4	S. aureus: 4
6.	 A Petri dish with several small green colonies. A text overlay at the bottom left reads "16 E.coli terdeteksi". The background is black with white text labels for various bacteria and their detection scores.	E. coli: 22	E. coli: 16

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
11.		P. aeruginosa: 8	P. aeruginosa: 7
12.		S. aureus: 48	S. aureus: 49
13.		P. aeruginosa: 2	P. aeruginosa: 2 E. coli: 1
14.		E. coli: 2	E. coli: 1 P. aeruginosa: 1

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
15.		S. aureus: 10	S. aureus: 0
16.		S. aureus: 1	S. aureus: 1
17.		E. coli: 16	E. coli: 16
18.		S. aureus: 6	S. aureus: 3

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
19.		S. aureus: 1	S. aureus: 1
20.		P. aeruginosa: 2	P. aeruginosa: 2
21.		S. aureus: 6	S. aureus: 6
22.		E. coli: 37	E. coli: 37

No.	Citra bakteri	Aktual	Prediksi
23.		S. aureus: 86	S. aureus: 77
24.		E. coli: 49	E. coli: 49
25.		P. aeruginosa: 6 E. coli: 5	

Analisis pengujian sistem berdasarkan 25 data *testing* yang dipaparkan pada Tabel 4.6, dapat dilihat bahwa sistem melakukan beberapa kesalahan, seperti tidak terdeteksinya spesies bakteri oleh sistem, kesalahan klasifikasi spesies bakteri oleh sistem, dan mendeteksi bakteri yang sebenarnya tidak ada di posisi tersebut. Agar dapat mengevaluasi performa sistem secara keseluruhan, *confusion matrix* diperlukan untuk melakukan perhitungan kesalahan deteksi dan deteksi yang benar. *Confusion matrix* hasil prediksi spesies bakteri pada penelitian ini dapat dilihat pada Gambar 4.10.

		True		
		E. coli	P. aeruginosa	S. aureus
Predicted	E. coli	656	24	38
	P. aeruginosa	11	528	35
S. aureus		2	308	23
Background FN	62	91	33	Background FP

Gambar 4.10. *Confusion matrix* hasil pengujian sistem

Berdasarkan *confusion matrix* pada Gambar 4.10, dapat dilihat bahwa sistem mampu melakukan deteksi yang benar terhadap spesies bakteri *E. coli* sebanyak 656 koloni, spesies bakteri *P. aeruginosa* sebanyak 528 koloni, dan spesies bakteri *S. aureus* sebanyak 308 koloni. Namun sistem masih melakukan beberapa kesalahan, seperti tidak berhasil mendeteksi spesies bakteri, mendeteksi spesies bakteri yang sebenarnya tidak ada, dan salah melakukan klasifikasi spesies bakteri yang berhasil dideteksi.

Confusion matrix menghasilkan nilai prediksi yang dilakukan oleh sistem, sehingga dapat menghitung nilai dari *true positive* (TP), *false positive* (FP) dan *false negative* (FN). Nilai TP adalah nilai prediksi benar yang positif, nilai FP adalah nilai prediksi yang salah sebagai positif, dan nilai FN adalah nilai prediksi yang salah sebagai negatif. Nilai TP, FP dan FN hasil pengujian sistem dapat dilihat pada Tabel 4.7.

Tabel 4.7. Nilai TP, FP dan FN hasil pengujian sistem

	TP	FP	FN
E. coli	656	62	73
P. aeruginosa	528	46	117
S. aureus	308	25	33

Berdasarkan pengujian sistem yang telah dilakukan, model dengan menggunakan Adam optimizer pada 200 epochs memiliki akurasi sebesar 82,385%. Perhitungan ini didapat dengan menggunakan persamaan (2.5).

$$\text{Akurasi} = \frac{1492}{1811} \times 100\% = 82,385\%$$

Selain akurasi, evaluasi performa sistem juga dapat dilakukan dengan menghitung nilai dari *evaluation metric* berdasarkan nilai TP, FP dan FN pada tabel 4.7. *Evaluation metric* yang digunakan antara lain adalah:

1. Precision

Precision adalah rasio antara jumlah deteksi benar (*true positive*) dan jumlah total deteksi yang dilakukan oleh sistem (*true positive* ditambah *false positive*). *Precision* menunjukkan seberapa akurat model dalam mendekripsi objek yang benar. Nilai *precision* untuk tiap spesies bakteri adalah:

$$\text{Precision}_{E.\text{coli}} = \frac{656}{656 + 62} = \frac{656}{718} = 0,914$$

$$\text{Precision}_{P.\text{aeruginosa}} = \frac{528}{528 + 46} = \frac{528}{574} = 0,92$$

$$\text{Precision}_{S.\text{aureus}} = \frac{308}{308 + 25} = \frac{308}{333} = 0,925$$

2. Recall

Recall adalah rasio antara jumlah deteksi benar (*true positive*) dan jumlah total objek yang sebenarnya ada (*true positive* ditambah *false negative*). *Recall* menunjukkan seberapa baik model dalam menemukan semua objek yang sebenarnya ada. Nilai *recall* untuk tiap spesies bakteri adalah:

$$Recall_{E.coli} = \frac{656}{656 + 73} = \frac{656}{729} = 0,9$$

$$Recall_{P.aeruginosa} = \frac{528}{528 + 117} = \frac{528}{645} = 0,819$$

$$Recall_{S.aureus} = \frac{308}{308 + 33} = \frac{308}{341} = 0,903$$

3. F1 Score

F1 score adalah *evaluation metric* yang digunakan untuk menilai performa sistem dengan mempertimbangkan aspek *precision* dan *recall*. *F1 score* adalah rata-rata harmonis dari *precision* dan *recall*, yang digunakan untuk melihat keseimbangan antara kedua metric tersebut. Nilai *F1 score* untuk tiap spesies bakteri adalah:

$$F1\ Score_{E.coli} = 2 \times \frac{0,914 \times 0,9}{0,914 + 0,9} = 2 \times \frac{0,823}{1,814} = 0,907$$

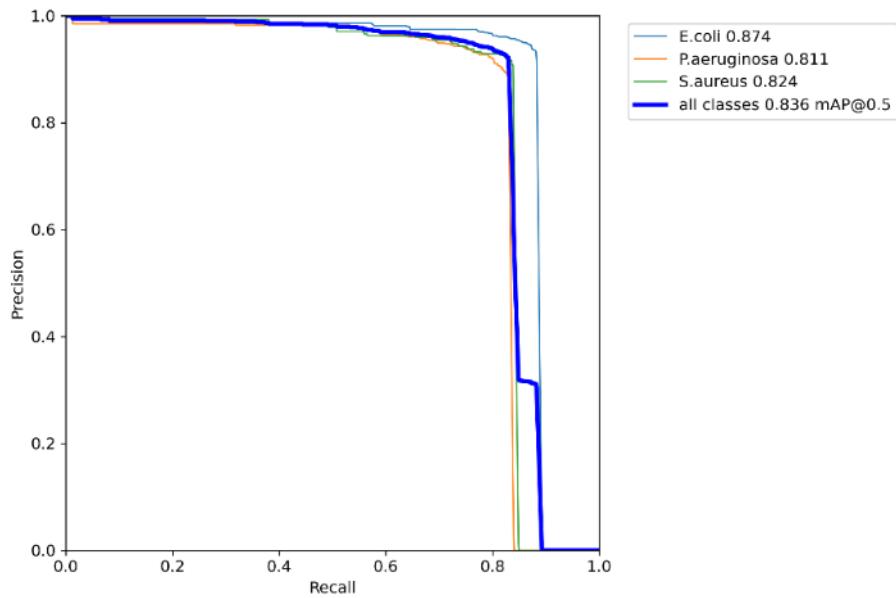
$$F1\ Score_{P.aeruginosa} = 2 \times \frac{0,92 \times 0,819}{0,92 + 0,819} = 2 \times \frac{0,753}{1,739} = 0,866$$

$$F1\ Score_{S.aureus} = 2 \times \frac{0,925 \times 0,903}{0,925 + 0,903} = 2 \times \frac{0,835}{1,828} = 0,914$$

4. Mean Average Precision

Mean Average Precision (mAP) adalah *evaluation metric* yang mengukur performa sistem secara keseluruhan dalam mendeteksi bakteri dari seluruh spesies. Nilai mAP adalah rata-rata dari *Average Precision* (AP) untuk semua spesies bakteri yang ada. Nilai AP sendiri adalah *metric* yang menggabungkan *precision* dan *recall* pada berbagai *threshold* untuk menghasilkan satu nilai yang dapat mewakili performa sistem pada spesies bakteri tertentu.

Untuk menghitung nilai AP dari setiap spesies, digunakan *precision-recall curve* (PR curve) dan menghitung *area under the curve* (AUC). PR curve adalah kurva yang menunjukkan hubungan antara *precision* dan *recall* pada berbagai nilai *confidence threshold* untuk spesies tertentu. PR curve yang didapatkan dari pengujian sistem dapat dilihat pada Gambar 4.11.



Gambar 4.11. *Precision-recall curve* hasil pengujian sistem

Berdasarkan PR *curve* yang ditunjukkan pada Gambar 4.11, dapat dilakukan perhitungan AP untuk tiap spesies bakteri dan nilai mAP untuk mengukur kinerja sistem. Perhitungan nilai mAP adalah sebagai berikut:

$$AP_{E.coli} = 0,874$$

$$AP_{P.aeruginosa} = 0,811$$

$$AP_{S.aureus} = 0,824$$

$$mAP = \frac{AP_{E.coli} + AP_{P.aeruginosa} + AP_{S.aureus}}{3} = \frac{0,874 + 0,811 + 0,824}{3} = 0,836$$

Hasil perhitungan *precision*, *recall*, F1 *score* untuk masing-masing spesies bakteri dapat dilihat pada Tabel 4.8.

Tabel 4.8. *Precision*, *recall* dan F1 *score* hasil pengujian sistem

	Precision	Recall	F1 score
E. coli	0,914	0,9	0,907
P. aeruginosa	0,92	0,819	0,866
S. aureus	0,925	0,903	0,914

Hasil pengujian sistem yang telah dipaparkan menunjukkan bahwa sistem berhasil mendeteksi sebanyak 1492 bakteri dari total 1811 bakteri pada seluruh citra data testing. Model dengan *Adam optimizer* pada 200 *epoch* memberikan nilai mAP sebesar 83,6%. Faktor yang mempengaruhi nilai mAP ini yaitu ketidakseimbangan jumlah bakteri pada seluruh citra, kurangnya variasi data hasil augmentasi, serta pemilihan *optimizer* serta *epoch* yang digunakan pada pelatihan.

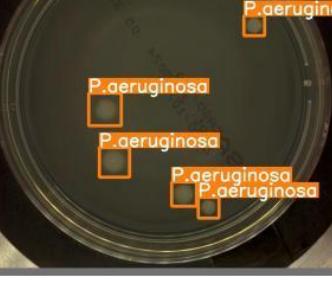
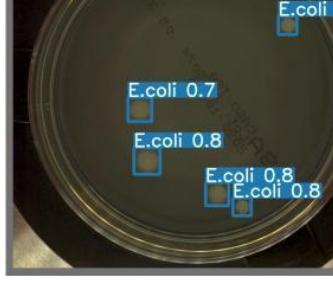
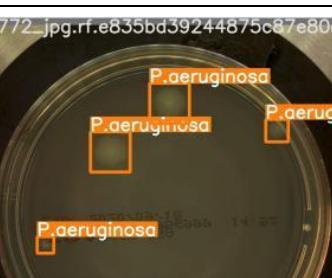
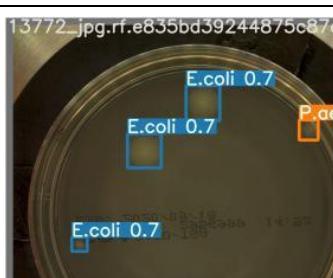
4.5 Diskusi

Penelitian ini dilakukan dengan harapan dapat membantu ahli mikrobiologis dalam mendeteksi dan mengidentifikasi spesies bakteri. Spesies bakteri yang dipilih dalam penelitian ini antara lain adalah *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* dan *Staphylococcus aureus* dengan alasan keterbatasan data yang tersedia dan kemampuan bakteri tersebut dalam menyebarkan penyakit di Indonesia.

Pada penelitian ini, digunakan data citra bakteri dengan total 600 citra bakteri dari spesies *E. coli*, *P. aeruginosa* dan *S. aureus*. Penelitian ini juga membandingkan model yang dibangun menggunakan Adam *optimizer* dan SGD *optimizer* pada *epoch* tertentu. Model dengan SGD *optimizer* memberikan hasil yang kurang memuaskan, sedangkan Adam *optimizer* memberikan hasil yang lebih baik, dikarenakan Adam *optimizer* menyesuaikan *learning rate* untuk parameter secara terpisah sedangkan SGD melakukannya secara bersamaan. Hal ini memungkinkan Adam *optimizer* untuk melakukan konvergensi dengan cepat karena satu *learning rate* mungkin bukan yang terbaik untuk semua parameter di dalam model.

Selain *optimizer*, *epoch* juga memengaruhi akurasi model, semakin banyak *epoch* yang dilakukan semakin tinggi akurasi model sampai pada titik tertentu. Pada penelitian ini, *epoch* yang dilakukan adalah sebanyak 50, 100 dan 200 untuk tiap model, dan hasil terbaik yang diberikan ada pada *epoch* 200. Dengan menggabungkan Adam *optimizer* dan 200 *epoch*, akurasi model terbaik yang didapatkan adalah nilai mAP sebesar 83,6%. Terdapat beberapa kesalahan klasifikasi yang dilakukan model pada saat mendeteksi bakteri *Escherichia coli* dan *Pseudomonas aeruginosa*. Sampel kesalahan yang dilakukan model dapat dilihat pada Tabel 4.9.

Tabel 4.9. Sampel kesalahan deteksi bakteri *E. coli* dan *P. aeruginosa*

Aktual	Prediksi
	
	
	
	



Kesalahan klasifikasi yang dilakukan oleh model dipengaruhi oleh ciri morfologi koloni bakteri *Escherichia coli* dan *Pseudomonas aeruginosa* yang mirip. Kedua bakteri ini dapat memiliki ciri-ciri morfologi koloni berbentuk bulat, permukaan halus dan basah, tekstur agak berlendir, dan ukuran berkisar antara 2-4 mm. Perbedaan fisik antara kedua koloni bakteri ini adalah tepi koloninya, dimana *E. coli* memiliki tepi koloni halus sedangkan *P. aeruginosa* memiliki tepi tidak teratur dan bergerigi. Namun hal ini kurang terlihat mengingat ukuran koloni bakteri ini yang tidak terlalu besar. Selain itu, warna latar belakang dan *agar plate* yang digunakan juga memengaruhi deteksi, dikarenakan warna latar belakang membuat warna dari masing-masing spesies bakteri terlihat sama sehingga sulit bagi model untuk membedakan kedua bakteri ini. Penelitian ini juga mengimplementasikan tahapan *preprocessing*, yaitu *resizing*, pada citra sebelum citra dimasukkan ke dalam model dengan tujuan meningkatkan akurasi model.

BAB 5

KESIMPUAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Pada penelitian ini, sistem untuk mendeteksi spesies bakteri pada agar plate berhasil dirancang dan diimplementasikan dengan memanfaatkan algoritma YOLOv7 dalam mendeteksi bakteri *E. coli*, *P. aeruginosa* dan *S. aureus*. Berdasarkan hasil penelitian yang sudah dilakukan, beberapa kesimpulan yang dapat diambil, antara lain:

1. YOLOv7 dapat mendeteksi bakteri *E. coli*, *P. aeruginosa* dan *S. aureus* pada *agar plate* dengan berbagai kondisi pencahayaan dan ukuran citra, serta mendapatkan nilai mAP sebesar 83,6%.
2. *Hyperparameter tuning* atau penyesuaian kombinasi *hyperparameter* yang tepat dapat meningkatkan keakuratan sistem dalam mendeteksi spesies bakteri.
3. Penggunaan teknik augmentasi yang sesuai untuk meningkatkan variasi data dapat mengatasi ketersediaan data yang terbatas.

5.2 Saran

Beberapa saran yang dapat dipertimbangkan untuk penelitian selanjutnya antara lain:

1. Data yang digunakan memiliki keseimbangan yang lebih baik dalam hal banyaknya objek pada citra untuk setiap kelasnya.
2. Menggunakan teknik augmentasi yang lebih beragam untuk meningkatkan variasi data.
3. Menemukan kombinasi *hyperparameter* yang lebih sesuai untuk *pre-trained model* dan *optimizer* yang digunakan.

DAFTAR PUSTAKA

- Aijuka, M., & Buys, E. M. (2019). Persistence of foodborne diarrheagenic Escherichia coli in the agricultural and food production environment: Implications for food safety and public health. *Journal Of Food Microbiology*, 82(September 2018), 363–370. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2019.03.018>
- Amano, M., Mai, D. T., Sun, G., Vu, T. N., Hoi, L. T., Hoa, N. T., & Ishibashi, K. (2022). Deep Learning Approach for Classifying Bacteria types using Morphology of Bacterial Colony. *Proceedings of the Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBS, 2022-July*, 2165–2168. <https://doi.org/10.1109/EMBC48229.2022.9870986>
- An, L., Peng, K., Yang, X., Feng, P., & Huang, P. (2022). Automated Detection of Tuberculosis Bacilli Using Deep Neural Networks with Sputum Smear Images. *2022 5th International Conference on Pattern Recognition and Artificial Intelligence, PRAI 2022*, 1040–1045. <https://doi.org/10.1109/PRAI55851.2022.9904085>
- Arshad, U. (2021). Object Detection in Last Decade - A Survey. *Scientific Journal of Informatics*, 8(1), 60–70. <https://doi.org/10.15294/sji.v8i1.28956>
- Baron, S. (Ed.). (1996). Medical Microbiology (4th ed.). University of Texas Medical Branch at Galveston. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK7627/>
- Boncelet, C. (2009). Image Noise Models. In *The Essential Guide to Image Processing* (1st ed., Vol. 7). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374457-9.00007-X>
- Centers for Disease Control and Prevention. (2022, December 19). *Foodborne germs and illnesses*. Centers for Disease Control and Prevention. Retrieved May 7, 2023, from <https://www.cdc.gov/foodsafety/foodborne-germs.html>
- Chen, J., Bai, S., Wan, G., & Li, Y. (2023). Research on YOLOv7-based defect detection method for automotive running lights. *Systems Science & Control Engineering*, 11(1). <https://doi.org/10.1080/21642583.2023.2185916>
- Dang, F., Chen, D., Lu, Y., & Li, Z. (2023). YOLOWeeds: A novel benchmark of YOLO object detectors for multi-class weed detection in cotton production systems. *Computers and Electronics in Agriculture*, 205(February). <https://doi.org/10.1016/j.compag.2023.107655>

- Fitranda, M., Salasia, S. I. O., Sianipar, O., Dewananda, D. A., Arjana, A. Z., Aziz, F., Wasissa, M., Lestari, F. B., & Santosa, C. M. (2023). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates derived from humans and animals in Yogyakarta, Indonesia. *Veterinary World*, 16(1), 239–245.
<https://doi.org/10.14202/vetworld.2023.239-245>
- Hao, R., Namdar, K., Liu, L., Haider, M. A., & Khalvati, F. (2021). A Comprehensive Study of Data Augmentation Strategies for Prostate Cancer Detection in Diffusion-Weighted MRI Using Convolutional Neural Networks. *Journal of Digital Imaging*, 34(4), 862–876. <https://doi.org/10.1007/s10278-021-00478-7>
- Jiang, P., Ergu, D., Liu, F., Cai, Y., & Ma, B. (2021). A Review of Yolo Algorithm Developments. *Procedia Computer Science*, 199, 1066–1073.
<https://doi.org/10.1016/j.procs.2022.01.135>
- Kusuma, S., Rostinawati, T., Hendriani, R., Budiman, M., & Parwati, I. (2021). Effect of water reservoirs types on the prevalence and antibiotic resistance profiles of *Pseudomonas aeruginosa* isolated from bathroom water in hospitals. *Journal of Advanced Pharmaceutical Technology and Research*, 12(1), 52–56.
https://doi.org/10.4103/japtr.JAPTR_103_20
- Le, H. H. T., Dalsgaard, A., Andersen, P. S., Nguyen, H. M., Ta, Y. T., & Nguyen, T. T. (2021). Large-scale *staphylococcus aureus* foodborne disease poisoning outbreak among primary school children. *Microbiology Research*, 12(1), 43–52.
<https://doi.org/10.3390/MICROBIOLRES12010005>
- Li, X., Gu, N., Huang, T. Y., Zhong, F., & Peng, G. (2023). *Pseudomonas aeruginosa*: A typical biofilm forming pathogen and an emerging but underestimated pathogen in food processing. *Frontiers in Microbiology*, 13(January), 1–8.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1114199>
- Lubis, N. D. A., Amelia, S., Arrasyid, N. K., & Rozi, M. F. (2019). Modelling of risk factors associated with foodborne disease among school-aged children in Medan, Indonesia. *Open Access Macedonian Journal of Medical Sciences*, 7(19), 3302–3306. <https://doi.org/10.3889/oamjms.2019.721>
- Ma, L., Yi, J., Wisuthiphaet, N., Earles, M., & Nitin, N. (2022). Accelerating the Detection of Bacteria in Food Using Artificial Intelligence and Optical Imaging. *Applied and Environmental Microbiology*. <https://doi.org/10.1128/aem.01828-22>
- Majchrowska, S., Pawłowski, J., Guła, G., Bonus, T., Hanas, A., Loch, A., Pawlak, A., Roszkowiak, J., Golan, T., & Drulis-Kawa, Z. (2021). AGAR a microbial colony dataset for deep learning detection. <http://arxiv.org/abs/2108.01234>
- Pathak, A. R., Pandey, M., & Rautaray, S. (2018). Application of Deep Learning for Object Detection. *Procedia Computer Science*, 132(Iccids), 1706–1717.
<https://doi.org/10.1016/j.procs.2018.05.144>

- Shaily, T., & Kala, S. (2020). Bacterial Image Classification Using Convolutional Neural Networks. *2020 IEEE 17th India Council International Conference, INDICON 2020*. <https://doi.org/10.1109/INDICON49873.2020.9342356>
- Sun, L., Xu, Y., Rao, Z., Chen, J., Liu, Z., & Lu, N. (2022). YOLO Algorithm for Long-Term Tracking and Detection of Escherichia Coli at Different Depths of Microchannels Based on Microsphere Positioning Assistance. *Sensors*, 22(19). <https://doi.org/10.3390/s22197454>
- Syahrul, F., Wahyuni, C. U., Notobroto, H. B., Wasito, E. B., Adi, A. C., & Dwirahmadi, F. (2020). Transmission media of foodborne diseases as an index prediction of diarrheagenic Escherichia coli: Study at elementary school, Surabaya, Indonesia. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(21), 1–13. <https://doi.org/10.3390/ijerph17218227>
- Talo, M. (2019). *An Automated Deep Learning Approach for Bacterial Image Classification*. 1–5. <http://arxiv.org/abs/1912.08765>
- Treebupachatsakul, T., & Poomrittigul, S. (2020). Microorganism image recognition based on deep learning application. *2020 International Conference on Electronics, Information, and Communication, ICEIC 2020*. <https://doi.org/10.1109/ICEIC49074.2020.9051009>
- Vera, S., Perez, F., Lara, L., Ceresa, M., Carranza, N., Herrero Jover, J., & Gonzalez Ballester, M. A. (2013). Automated annotation removal in agar plates. *Proceedings of the Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBS*, 3016–3019. <https://doi.org/10.1109/EMBC.2013.6610175>
- Wahid, M. F., Hasan, M. J., & Alom, M. S. (2019). Deep convolutional neural network for microscopic bacteria image classification. *2019 5th International Conference on Advances in Electrical Engineering, ICAEE 2019*, 866–869. <https://doi.org/10.1109/ICAEE48663.2019.8975588>
- Wang, C., Bochkovskiy, A., & Liao, H. M. (2022). *YOLOv7: Trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors*. 1–15. <http://arxiv.org/abs/2207.02696>
- Wang, Y., Fu, B., Fu, L., & Xia, C. (2023). In Situ Sea Cucumber Detection across Multiple Underwater Scenes Based on Convolutional Neural Networks and Image Enhancements. *Sensors*, 23(4). <https://doi.org/10.3390/s23042037>
- Wikipedia contributors. (2023, October 17). Agar plate. In *Wikipedia, The Free Encyclopedia*. Retrieved 14:45, December 8, 2023, from https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Agar_plate&oldid=1180640722
- Wu, D., Jiang, S., Zhao, E., Liu, Y., Zhu, H., Wang, W., & Wang, R. (2022). Detection of Camellia oleifera Fruit in Complex Scenes by Using YOLOv7 and

- Data Augmentation. *Applied Sciences (Switzerland)*, 12(22).
<https://doi.org/10.3390/app122211318>
- Yoshihara, K., & Hirata, K. (2022). *Object Detection as Campylobacter Bacteria and Phagocytotic Activity of Leukocytes in Gram Stained Smears Images. Icpram*, 534–541. <https://doi.org/10.5220/0010813800003122>
- Zhang, C., Zhang, X., & Tu, D. (2022). A Set of Comprehensive Evaluation System for Different Data Augmentation Methods. *Mobile Information Systems*, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/8572852>
- Zhao, Z. Q., Zheng, P., Xu, S. T., & Wu, X. (2019). Object Detection with Deep Learning: A Review. *IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems*, 30(11), 3212–3232. <https://doi.org/10.1109/TNNLS.2018.2876865>



**KEMENTERIAN PENDIDIKAN, KEBUDAYAAN,
RISET, DAN TEKNOLOGI**
UNIVERSITAS SUMATERA UTARA
FAKULTAS ILMU KOMPUTER DAN TEKNOLOGI INFORMASI

Jalan Universitas No. 9A Gedung A, Kampus USU Medan 20155, Telepon: (061) 821007
Laman: <http://Fasilkomti.usu.ac.id>

**KEPUTUSAN
DEKAN FAKULTAS ILMU KOMPUTER
DAN TEKNOLOGI INFORMASI
NOMOR :2366/UN5.2.14.D/SK/SPB/2024**

**DEKAN FAKULTAS ILMU KOMPUTER
DAN TEKNOLOGI INFORMASI UNIVERSITAS SUMATERA UTARA**

Membaca :

: Surat Permohonan Mahasiswa Fasilkom-TI USU tanggal 3 Juli 2024 perihal permohonan ujian skripsi:
Nama : MUHAMMAD FIRDAUS ZAMZAMI
NIM : 191402034
Program Studi : Sarjana (S-1) Teknologi Informasi
Judul Skripsi : Deteksi Bakteri Pada Agar Plate Menggunakan Algoritma You Only Look Once Versi 7

Memperhatikan :

: Bawa Mahasiswa tersebut telah memenuhi kewajiban untuk ikut dalam pelaksanaan Meja Hijau Skripsi Mahasiswa pada Program Studi Sarjana (S-1) Teknologi Informasi Fakultas Ilmu Komputer dan Teknologi Informasi Universitas Sumatera Utara TA 2023/2024.

Menimbang :

: Bawa permohonan tersebut diatas dapat disetujui dan perlu ditetapkan dengan surat keputusan
1. Undang-undang Nomor 20 Tahun 2003 tentang Sistem Pendidikan Nasional.
2. Peraturan Pemerintah Nomor 17 tahun 2010 tentang pengelolaan dan penyelenggara pendidikan.
3. Keputusan Rektor USU Nomor 03/UN5.1.R/SK/SPB/2021 tentang Peraturan Akademik Program Sarjana Universitas Sumatera Utara.
4. Surat Keputusan Rektor USU Nomor 1876/UN5.1.R/SK/SDM/2021 tentang pengangkatan Dekan Fasilkom-TI USU Periode 2021-2026

MEMUTUSKAN

Menetapkan :

: Membentuk dan mengangkat Tim Penguji Skripsi mahasiswa sebagai berikut:

Ketua	:	Ainul Hizriadi S.Kom, M.Sc NIP: 198510272017061001
Sekretaris	:	Fahrurrozi Lubis B.IT., M.Sc.IT NIP: 198610122018052001
Anggota Penguji	:	Dr. Romi Fadillah Rahmat, B.Comp.Sc., M.Sc. NIP: 198603032010121004
Anggota Penguji	:	Baihaqi Siregar S.Si., MT. NIP: 197901082012121002
Moderator	:	-
Panitera	:	-

Kedua :

: Segala biaya yang diperlukan untuk pelaksanaan kegiatan ini dibebankan pada Dana Penerimaan Bukan Pajak (PNPB) Fasilkom-TI USU Tahun 2024.

Ketiga :

: Keputusan ini berlaku sejak tanggal ditetapkan dengan ketentuan bahwa segala sesuatunya akan diperbaiki sebagaimana mestinya apabila dikemudian hari terdapat kekeliruan dalam surat keputusan ini.

Tembusan :

1. Ketua Program Studi Sarjana (S-1) Teknologi Informasi
2. Yang bersangkutan
3. Arsip

Medan, 04 Juli 2024

Ditandatangani secara elektronik oleh:
Dekan

#TTE

Maya Silvi Lydia
NIP 197401272002122001