

KLASIFIKASI MALARIA PADA CITRA APUSAN DARAH MENGUNAKAN ARSITEKTUR *INCEPTION V3* DAN *XCEPTION*

Regina Martha

Program Studi Teknik Informatika, Fakultas Teknologi Informasi, Universitas Tarumanagara,
Jln. Letjen S. Parman No. 1, Jakarta, 11440, Indonesia
e-mail: *regina.535210040@stu.untar.ac.id*

ABSTRAK

Plasmodium merupakan spesies yang menjadi penyebab penyakit malaria dan dibawa bersamaan dengan gigitan nyamuk betina. Menurut catatan *World Health Organization*, kasus malaria terus meningkat dari tahun ke tahun dan sudah menjadi masalah utama dunia. Maka, diperlukan sistem untuk melakukan diagnosa parasit malaria secara akurat dan cepat, salah satunya dengan memanfaatkan *Deep Learning*. Penelitian ini membangun sistem yang mampu mendeteksi adanya parasit malaria menggunakan citra apusan darah dengan dua arsitektur *Convolutional Neural Network* (CNN), yaitu *InceptionV3* dan *Xception*. Setelah model dilatih dan diuji, dilakukan evaluasi untuk mengukur kinerja model. Didapatkan nilai akurasi sebesar 97% untuk arsitektur *Inception V3* dan 91% untuk arsitektur *Xception*. Sehingga dapat disimpulkan bahwa arsitektur *InceptionV3* CNN menjadi metode terbaik dalam melakukan diagnosa parasit malaria.

Kata kunci: *Convolutional Neural Network, Citra Apusan Darah, InceptionV3, Malaria, Xception*

ABSTRACT

Plasmodium is the species that causes malaria and is carried by the bite of a female mosquito. According to World Health Organization records, malaria cases continue to increase from year to year and have become a major world problem. Accordingly, a system is needed to diagnose malaria parasites accurately and quickly, one of which is by utilizing Deep Learning. This research builds a system that is able to detect the presence of malaria parasites using blood smear images with two Convolutional Neural Network (CNN) architectures, namely InceptionV3 and Xception. After the model is trained and tested, an evaluation is carried out to measure the model's performance. An accuracy value of 97% was obtained for the InceptionV3 architecture and 91% for the Exception architecture. So it can be concluded that the InceptionV3 CNN architecture is the best method for diagnosing malaria parasites.

Keywords: *Blood Smear Image, Convolutional Neural Network, InceptionV3, Malaria, Xception*

1 PENDAHULUAN

Malaria merupakan penyakit infeksi protozoa yang disebabkan oleh adanya *genus Plasmodium* yang dibawa melalui gigitan nyamuk betina [1]. Hingga saat ini, banyak sekali mamalia, burung, dan reptil yang diinfeksi oleh lebih dari 150 *spesies Plasmodium*. Terdapat 5 jenis *spesies Plasmodium* yang dapat menginfeksi manusia pada kondisi alamiah ataupun eksperimental, yaitu *Plasmodium vivax*, *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium malariae*, *Plasmodium ovale*, dan *Plasmodium knowlesi*. Dari kelima jenis tersebut, terdapat dua jenis spesies yang menjadi ancaman, yaitu *Plasmodium falciparum* dan *Plasmodium vivax* [2]. *Plasmodium falciparum* merupakan parasit malaria yang dapat membunuh manusia dan banyak ditemui di benua Afrika. Sedangkan *Plasmodium vivax* merupakan parasit malaria yang dominan berada di sebagian besar negara luar Afrika Sub-Sahara. Penyakit ini diawali dengan gejala flu biasa seperti demam, sakit kepala, dan menggigil. Jika tidak diobati, dapat menyebabkan komplikasi parah seperti gagal ginjal, anemia, edema paru, fungsi hati tidak normal, malaria serebral, cacat saraf, kejang, dan akhirnya kematian [3].

Malaria sudah menjadi masalah utama dunia dan lebih dari 100 negara terlibat dalam infeksi malaria [4]. Data menurut *World Health Organization* (WHO) pada tahun 2022, diperkirakan terdapat 619.000 kematian yang diakibatkan oleh malaria secara global pada tahun 2021,

dibandingkan dengan pada tahun pertama pandemi Covid-19 sejumlah 625.000 kematian [5]. Pada tahun 2019, sebelum pandemi ini terjadi, jumlah kematian mencapai 568.000 jiwa. Kasus malaria terus meningkat antara tahun 2020 dan 2021, tetapi dengan laju yang lebih lambat dibandingkan periode 2019 hingga 2020. Jumlah kasus malaria secara global mencapai 247 juta pada tahun 2021 dibandingkan dengan 245 juta pada tahun 2020 dan 232 juta pada tahun 2019.

Terdapat beberapa metode untuk mendeteksi malaria dan jumlah sel darah merah yang terinfeksi menjadi hal yang penting sebagai indikator prognosis [6]. Metode yang paling populer dan sering digunakan untuk mendeteksi adanya malaria adalah menggunakan mikroskop cahaya. Dengan mikroskop, semua spesies parasit dapat dideteksi. Hal ini memungkinkan untuk melakukan banyak hal. Metode ini juga tergolong lebih murah dibandingkan metode lain. Untuk mendeteksi malaria menggunakan mikroskop, diteteskan darah pasien ke kaca objek dan direndam ke dalam larutan pewarna agar parasit dapat dilihat lebih jelas. Terdapat dua jenis apusan darah yang biasanya disiapkan untuk diagnosis malaria, yaitu apusan tebal dan tipis.

Metode kedua adalah *Polymerase Chain Reaction (PCR)*. Metode ini menunjukkan sensitivitas dan spesifisitas yang lebih tinggi dibandingkan pemeriksaan menggunakan mikroskopis konvensional pada apusan darah [7]. Namun, PCR termasuk teknologi yang berbiaya tinggi dan membutuhkan waktu berjam-jam untuk diproses. PCR juga tidak dilaksanakan secara rutin di negara-negara berkembang karena rumitnya pengujian dan kurangnya sumber daya manusia secara ekstensif dan teratur.

Salah satu metode alternatif yang dapat digunakan selain dari kedua metode di atas adalah dengan menggunakan *artificial intelligence* untuk mengklasifikasikan apakah seseorang terinfeksi malaria atau tidak berdasarkan fitur tertentu [8]. *Artificial intelligence* tersebut berdasarkan *machine learning* dan *image processing* yang memiliki potensi untuk mendiagnosis malaria dengan cepat, murah, dan meminimalisir kesalahan deteksi yang biasanya terjadi pada pemeriksaan manual [9]. Belakangan ini, *Convolutional Neural Networks (CNN)* menjadi populer untuk memecahkan masalah *machine learning* dan *computer vision* karena dapat mempelajari fitur-fitur data tanpa campur tangan manusia. Salah satu fitur yang dapat digunakan dalam melakukan skrining dan diagnosis malaria adalah citra apusan darah tebal atau tipis.

Deep learning merupakan sub bagian dari *machine learning* yang terinspirasi oleh korteks manusia dengan menerapkan jaringan saraf mirip manusia yang beroperasi pada *hidden layer* [10]. CNN merupakan salah satu metode yang termasuk ke dalam *deep learning* yang dirancang untuk menutupi kesalahan dan kelemahan teknik sebelumnya. Metode sebelumnya memiliki beberapa kelemahan. Namun dengan menggunakan model ini, jumlah parameter bebas dapat dikurangi dan perubahan bentuk citra input dapat diatasi [11].

Penelitian ini bertujuan untuk membangun sistem pendeteksi keberadaan parasit Plasmodium pada citra mikroskopis apusan darah dengan menerapkan dua arsitektur CNN ke dalamnya. Dari kedua arsitektur tersebut, akan dicari model terbaik dalam proses pelatihan dan pengujian dengan tingkat kesalahan paling kecil. Nantinya sistem ini diharapkan dapat bermanfaat pada bidang kesehatan dengan membantu memberikan informasi yang akurat dan cepat atas diagnosa parasit malaria bagi tenaga medis yang belum memiliki sistem memadai.

2 TINJAUAN LITERATUR

Banyak penelitian yang sudah dilakukan mengenai diagnosa malaria berbasis citra apusan darah menggunakan *machine learning*, khususnya *deep learning*. Adanya sistem untuk melakukan diagnosa berdasarkan pengolahan data citra ini diharapkan dapat mempercepat proses dalam melakukan skrining awal apakah seseorang terkena infeksi penyakit malaria atau tidak. Tasdemir Qanbar melakukan penelitian dengan menggunakan pendekatan *deep learning* dari lima arsitektur yang berbeda, yaitu Alexnet, VGG16, MobileNetV2, ResNet50, dan RAN [12]. Hasil pengujian yang diperoleh dari penelitian tersebut adalah RAN dengan nilai akurasi terbaik sebesar 95,51% dan MobileNetV2 sebagai nilai akurasi terburuk sebesar 50%.

Penelitian yang dilakukan oleh Masud dkk terkait deteksi malaria menggunakan model CNN yang terdiri dari empat blok konvolusi [13]. Pengujian pada penelitian tersebut dilakukan dengan *epoch* sebanyak 50, *batch size* 32, *SGD optimizer*, dan skenario perubahan nilai *learning rate* antara 0,00001 hingga 0,1. Performa model dievaluasi menggunakan parameter akurasi, AUC, presisi, recall, sensitivitas, *f1-score*, dan MCC. Hasil penelitian memberikan nilai akurasi, AUC, presisi, recall, sensitivitas, dan *f1-score* sebesar 97%, serta MCC sebesar 94,17%. Dataset yang digunakan pada penelitian Qanbar dan Masud adalah sama, yakni citra apusan darah sejumlah 27.558 dan terbagi ke dalam dua kelas (terinfeksi parasit dan tidak terinfeksi).

Penelitian selanjutnya yang dilakukan oleh Shah dkk merupakan deteksi parasit malaria menggunakan CNN sederhana. Metode CNN tersebut terdiri dari tiga *convolutional layer*, di mana fitur yang digunakan pada setiap filter sejumlah 32, 64, dan 128 [14]. Model didesain menggunakan aktivasi ReLU, Adam *optimizer*, dan *dropout* sebesar 50%. Data yang digunakan sejumlah 17.640 citra dan dibagi menjadi dua kelas, yaitu terinfeksi parasit (8.760 citra) dan tidak terinfeksi parasit (8.880 citra). Setelah diuji, hasil dari citra terinfeksi menghasilkan nilai akurasi sebesar 95,26% dengan *error rate* sebesar 4,74%. Sedangkan hasil uji pada citra tidak terinfeksi, performa sistem menghasilkan nilai akurasi sebesar 94,28% dengan *error rate* 5,72%.

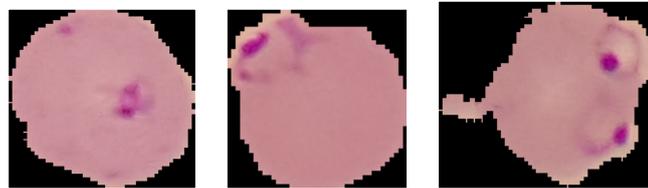
Penelitian terakhir yang dilakukan oleh Zein terkait deteksi penyakit malaria menggunakan citra medis menggunakan arsitektur CNN ResNet [15]. Dalam penelitian tersebut, diperoleh hasil akurasi pengujian sebesar 97%. Informasi mengenai data dan hidden layer yang digunakan pada penelitian tersebut tidak ditemukan. Berdasarkan analisis yang telah dilakukan, belum ditemukan penelitian terkait deteksi parasit malaria menggunakan arsitektur CNN InceptionV3 dan Xception. Penelitian ini berfokus pada perbandingan kedua arsitektur tersebut dan diharapkan menghasilkan kinerja sistem yang lebih bagus.

3 METODE PENELITIAN

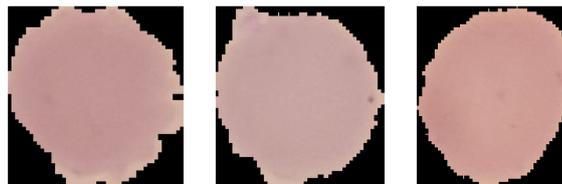
Penelitian ini melibatkan penggunaan bahasa pemrograman Python versi 3.11 sebagai alat utama dalam pengimplementasian program. Python dipilih karena kemudahan penggunaan dan fleksibilitas. Selain itu, penelitian ini memanfaatkan beberapa *library Python* yang relevan, seperti *Numpy*, *Pandas*, *Tensorflow*, dan Keras untuk mendukung pengolahan data [16]. Pendekatan dalam penelitian ini berupa pendekatan secara kuantitatif untuk mendeteksi asupan darah terinfeksi malaria atau tidak. Data dalam penelitian kuantitatif dapat diperoleh dengan cara mengubah data kualitatif, seperti citra menjadi data kuantitatif [17].

Hal pertama yang dilakukan dalam penelitian ini adalah menyiapkan dataset yang terdiri dari set citra mikroskopis apusan darah. Dataset tersebut diperoleh dari *Kaggle Malaria Cell Images Dataset* yang bersumber dari *National Library of Medicine*. Total citra dari dataset tersebut adalah 27.560 citra. Namun, total citra yang digunakan pada penelitian ini hanya sebanyak 6.000 citra. Data tersebut terdiri dari dua kelas, yaitu citra terinfeksi parasit malaria (*Parasitized*) sebanyak 3.000 citra dan citra tidak terinfeksi parasit malaria (*Uninfected*) sebanyak 3.000 citra. Dari total keseluruhan

dataset, komposisi 80% (4800 citra) digunakan sebagai data latih dan sisanya (1200 citra) sebagai data uji. Contoh citra dari masing-masing kelas dapat dilihat pada Gambar 1 dan Gambar 2. Ukuran data citra yang digunakan bervariasi, sehingga data perlu dilakukan *resize* menjadi 224x224 piksel dan dinormalisasikan sebelum digunakan sebagai data latih dan data uji.

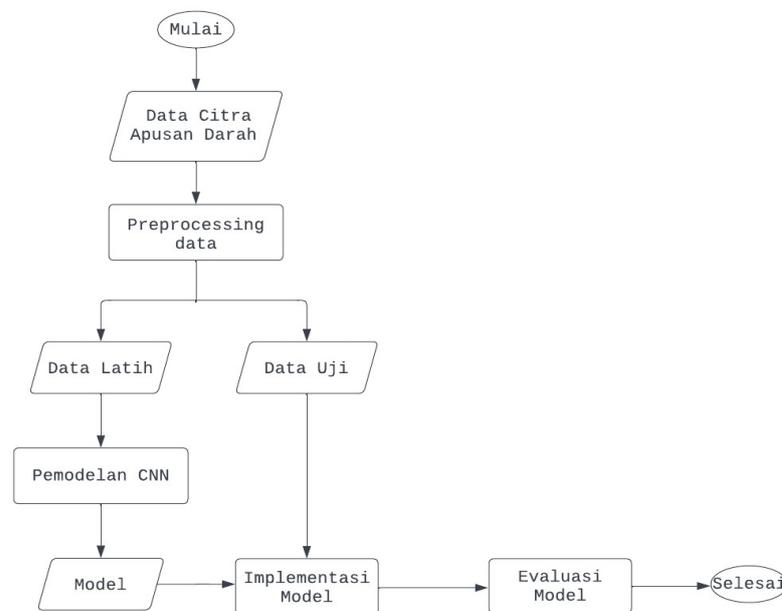


Gambar 1 Data citra dengan Kelas Parasitized



Gambar 2 Data citra dengan Kelas Uninfected

Data yang sudah siap digunakan dan sudah dibagi menjadi data latih akan dimasukkan ke dalam metode CNN yang dirancang. Model dilatih dengan menggunakan *epoch* sebanyak 100 kali dan *batch size*-nya 32. Dalam penelitian ini, digunakan dua arsitektur sebagai pemodelan CNN, yaitu InceptionV3 dan Xception. Model CNN yang akan dibangun terdiri dari tiga *hidden layer* [18]. Di setiap *hidden layer*, data citra akan di konvolusi dan dilakukan proses ReLU aktivasi. Lalu, akan dilakukan proses *flatten* untuk mengubah fitur data citra menjadi satu dimensi. Terakhir, data citra tersebut akan diklasifikasikan menggunakan sigmoid aktivasi. Setelah dilatih, model akan dievaluasi keakuratannya menggunakan data uji. Rancangan eksperimen dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3 Flowchart Skema Eksperimen Penelitian

Metode evaluasi yang digunakan pada penelitian ini adalah *confusion matrix* dan laporan klasifikasi. *Confusion matrix* berisi informasi pengklasifikasian dari data aktual dan data prediksi yang dilakukan oleh *classifier*. *Confusion matrix* merupakan tabel berukuran 2x2 yang

menggambarkan hasil klasifikasi biner pada suatu dataset [19]. Dalam proses pengumpulan data analisis, nilai-nilai dari confusion matrix dapat digunakan untuk mengevaluasi performa kinerja sistem. *Confusion matrix* untuk klasifikasi dua kelas pada dataset ini (*Uninfected* dan *Parasitized*) dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1 Confusion Matrix Klasifikasi Dua Kelas

Kelas	<i>Predicted Parasitized</i>	<i>Predicted Uninfected</i>
<i>Actual Parasitized</i>	<i>True Positive</i> (TP)	<i>False Negative</i> (FN)
<i>Actual Uninfected</i>	<i>False Positive</i> (FP)	<i>True Negative</i> (TN)

Dari *confusion matrix* dapat dicari perhitungan laporan klasifikasi yang terdiri dari parameter presisi, *recall*, *f1-score*, dan akurasi. Presisi merupakan metode pengujian untuk mengetahui jumlah data yang benar positif dari semua hasil prediksi benar positif. Rumus presisi dapat dilihat pada Persamaan 1. *Recall* merupakan metode pengujian untuk mengetahui jumlah data yang prediksi benar positif dari seluruh benar positif. Rumus *recall* dapat dilihat pada Persamaan 2. *F1-score* merupakan metode pengujian untuk mengetahui rata-rata dari perbandingan presisi dan *recall*. Rumus *f1-score* dapat dilihat pada Persamaan 3. Parameter kinerja terakhir adalah akurasi, yaitu metode pengujian untuk mengetahui keakuratan model dalam klasifikasi yang benar [20]. Rumus akurasi dapat dilihat pada Persamaan 4.

$$Presisi = \frac{TP}{TP+FP} \tag{1}$$

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN} \tag{2}$$

$$F1 - Score = 2 \times \frac{Presisi \times Recall}{Presisi + Recall} \tag{3}$$

$$Akurasi = \frac{TP}{TP+FP+TN+FN} \tag{4}$$

4 HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil pengujian secara terperinci akan dijelaskan pada bagian ini. Sistem deteksi parasit malaria menggunakan citra mikroskopis apusan darah dilakukan dengan memadukan dua arsitektur CNN, yaitu InceptionV3 dan Xception. Total keseluruhan dataset yang sudah dilakukan pra pemrosesan dibagi menjadi data latih dan data uji dengan perbandingan 80:20. Pada arsitektur InceptionV3, proses pelatihan menggunakan *learning rate* sebesar 0.0001 dengan *loss binary cross-entropy* dan menggunakan RMSProp sebagai algoritma *optimizer*. Detail dari model ini dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2 Detail Arsitektur InceptionV3

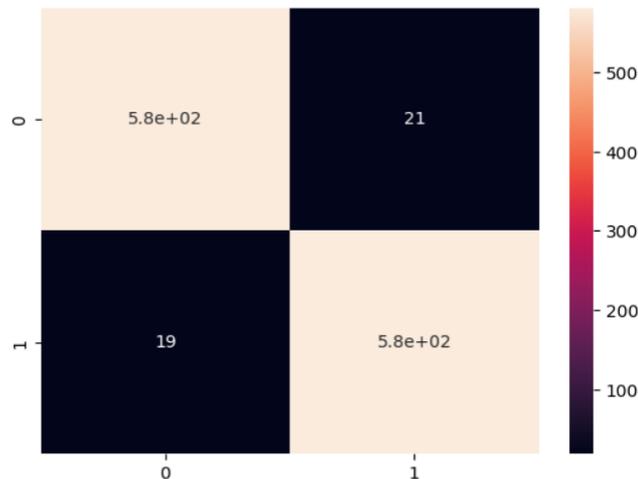
Layer	Output Shape	Parameter
<i>Input image</i>	224, 224, 3	0
<i>Mixed7</i>	12, 12, 768	0
<i>Flatten</i>	110592	0
<i>Dropout</i>	1024	0
<i>Dense</i>	2	2050

Pada arsitektur Xception, proses pelatihan menggunakan *learning rate* sebesar 0.001 dengan *loss categorical cross-entropy* dan menggunakan Adam sebagai algoritma *optimizer*. Detail dari model ini dapat dilihat pada Tabel 3.

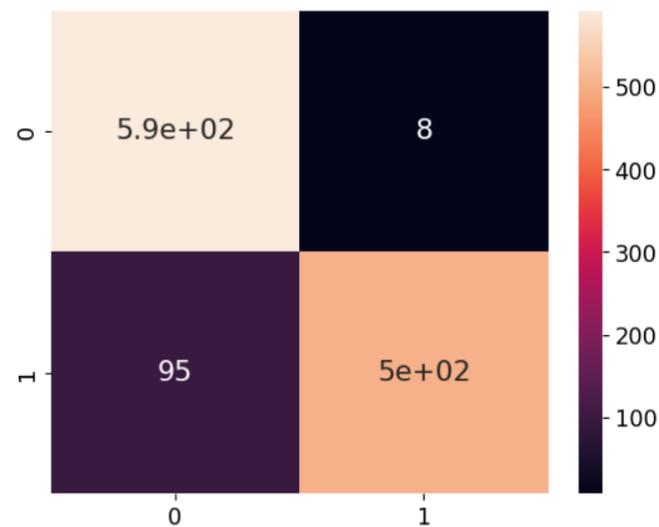
Tabel 3 Detail Arsitektur Xception

<i>Layer</i>	<i>Output Shape</i>	<i>Parameter</i>
<i>Input image</i>	224, 224, 3	0
<i>Xception</i>	7, 7, 2048	20861480
<i>Flatten</i>	100352	0
<i>Dense</i>	2	1026

Hasil pengujian akan dievaluasi dengan menggunakan *confusion matrix* dan laporan klasifikasi. Perbandingan hasil evaluasi menggunakan *confusion matrix* dari kedua arsitektur dapat dilihat melalui Gambar 4 dan Gambar 5.



Gambar 4 *Confusion Matrix* Arsitektur InceptionV3



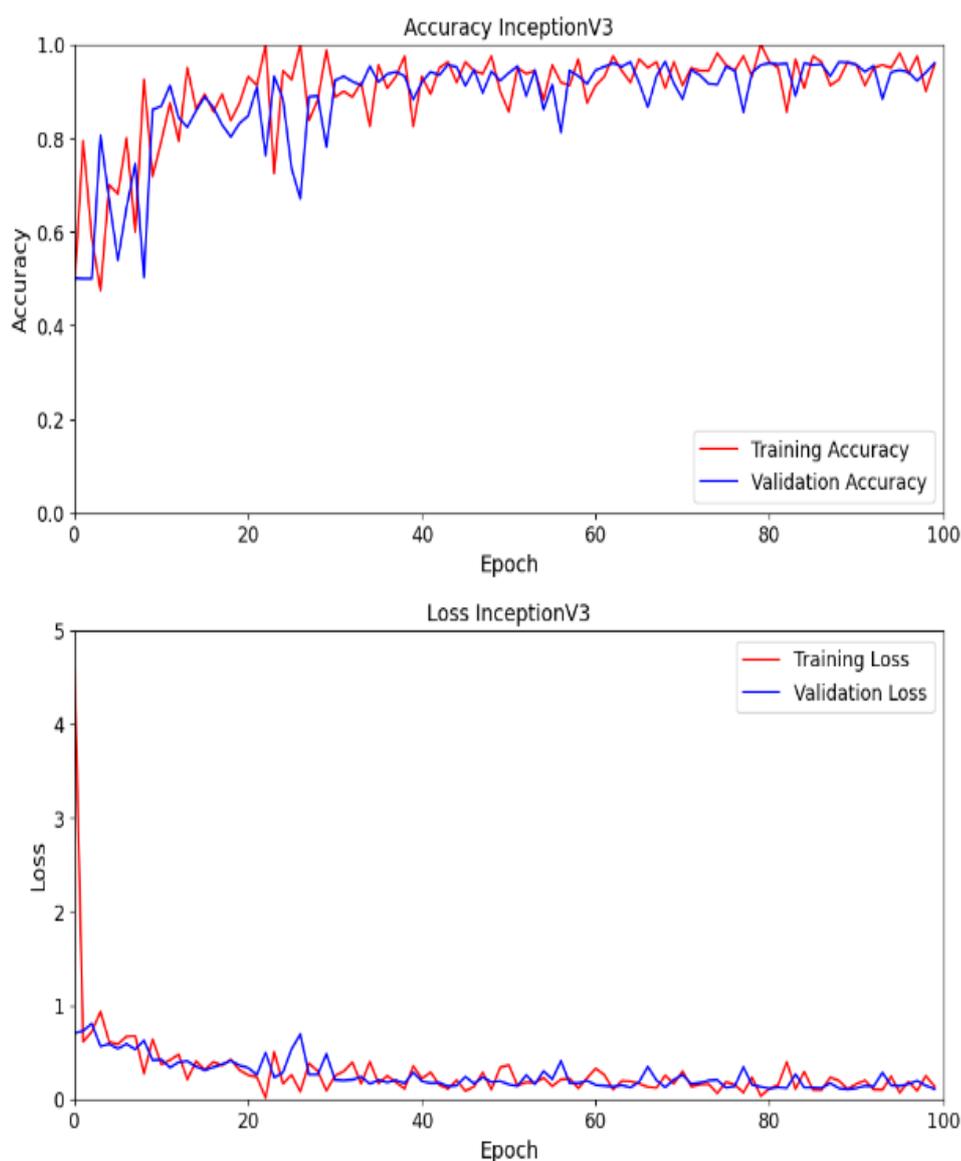
Gambar 5 *Confusion Matrix* Arsitektur Xception

Berdasarkan *confusion matrix* di atas, dapat dihitung nilai presisi, *recall*, *f1-score*, dan akurasi untuk masing-masing arsitektur. Perbandingan keempat nilai tersebut dapat dilihat pada Tabel 4

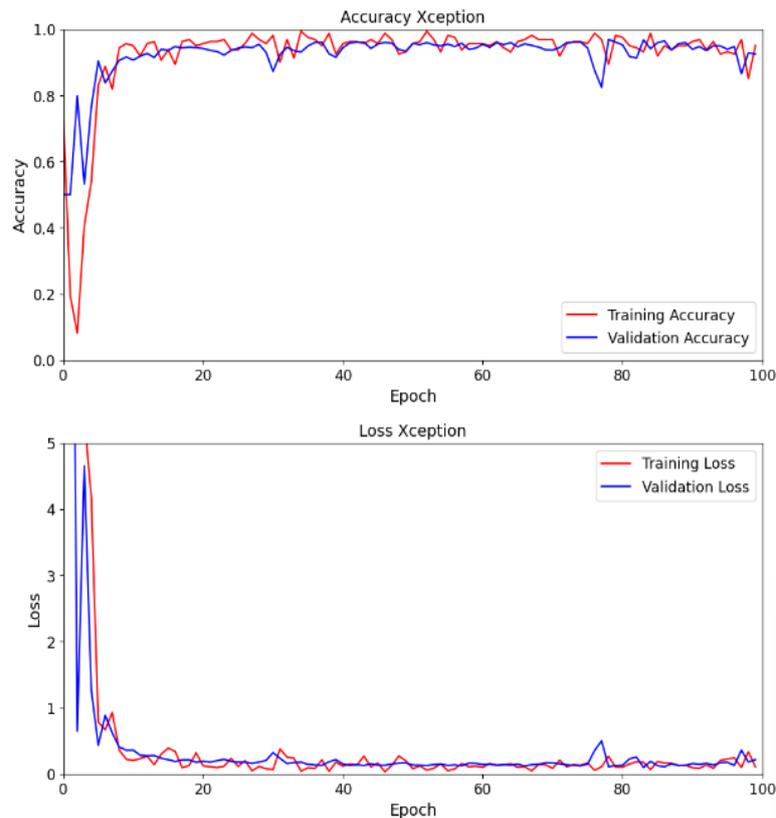
Tabel 4 Perbandingan nilai laporan klasifikasi kedua arsitektur

	InceptionV3	Xception
Presisi	0.97	0.86
<i>Recall</i>	0.96	0.99
F1-Score	0.97	0.92
Akurasi	0.97	0.91

Selain besarnya presisi, *recall*, *f1-score*, dan akurasi, selama proses pelatihan dan validasi juga dievaluasi besarnya akurasi yang dihasilkan. Besarnya nilai akurasi latih dan akurasi validasi dapat dilihat pada Gambar 6 dan Gambar 7.



Gambar 6 Grafik Akurasi dan *Loss* Arsitektur Inception V3



Gambar 7 Grafik Akurasi dan Loss Arsitektur Xception

Berdasarkan hasil evaluasi menggunakan beberapa metode, kedua arsitektur CNN memberikan nilai akurasi yang sangat baik. Arsitektur Inception V3 menghasilkan nilai akurasi, presisi, dan f1-score sebesar 97%, dan nilai *recall* sebesar 96%. Sedangkan arsitektur Xception menghasilkan nilai akurasi sebesar 91%, nilai presisi sebesar 86%, nilai *recall* sebesar 99%, dan nilai f1-score sebesar 92%.

5 KESIMPULAN

Kesimpulan yang dapat diambil dari penelitian ini adalah deteksi parasit malaria pada apusan darah tebal dan tipis dapat dilakukan menggunakan metode CNN dengan berbagai arsitekturnya, terutama InceptionV3 dan Xception. Namun, setelah dilakukan pembangunan model, pelatihan menggunakan data latih, pengujian menggunakan data uji, dan evaluasi masing-masing metode, dapat disimpulkan bahwa arsitektur Inception V3 menjadi arsitektur terbaik dalam mendeteksi parasit malaria. Hal ini dibuktikan dengan akurasi arsitektur Inception V3 menjadi nilai akurasi terbaik sebesar 97% dibandingkan dengan Xception sebesar 91%. Sistem ini diharapkan dapat dipertimbangkan untuk bisa dilakukan uji klinik lapangan sehingga membantu pihak medis dalam mempersingkat waktu diagnosa pasien terhadap penyakit malaria.

DAFTAR PUSAKA

- [1] I. Asmara, "Infection of *Plasmodium knowlesi malaria in human*," Jurnal Penyakit Dalam Indonesia, vol. 5, no. 4, p. 9, 2018.
- [2] R. Rosnelly, B. S. Riza and S. Suparni, "Comparative Analysis of Support Vector Machine and Convolutional Neural Network for Malaria Parasite Classification and Feature Extraction," 2023.

- [3] Y. M. Kassim, K. Palaniappan, F. Yang, M. Poostchi, N. Palaniappan, R. J. Maude, S. Antani and S. Jaeger, "Clustering-based dual deep learning architecture for detecting red blood cells in malaric diagnostic smears," *iee journal of biomedical and health informatics*, vol. 25, no. 5, pp. 1735-1746 2020.
- [4] Y. sitta Dewi, I. W. Gustawan, M. G. D. L. Utama and B. N. P. Arhana, "Karakteristik infeksi malaria pada anak di RSUD Dekai Papua April-Juni 2018," *Medicina*, vol. 50, no. 3, 2019.
- [5] W. H. Organization, World malaria report 2022, World Health Organization, 2022.
- [6] M. Poostchi, K. Silamut, R. J. Maude, S. Jaeger and G. Thoma, "Image analysis and machine learning for detecting malaria," *Translational Research*, vol. 194, pp. 36-55, 2018.
- [7] A. Mbanefo and N. Kumar, "Evaluation of malaria diagnostic methods as a key for successful control and elimination programs," *Tropical Medicine and Infectious Disease*, vol. 5, no. 2, p. 102, 2020.
- [8] B. P. Hartato and others, "Penerapan Convolutional Neural Network pada Citra Rontgen Paru-Paru untuk Deteksi SARS-CoV-2," *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem Dan Teknologi Informasi)*, vol. 5, no. 4, pp 747-759, 2021.
- [9] L. Efrizoni, R. Amin and A. Rizali, "Detection Of Malaria Parasites In Human Blood Cells Using Convolutional Neural Network," *JAIA-Journal of Artificial Intelligence and Applications*, vol. 2, no. 2 pp. 8-14, 2022.
- [10] S. Ependi, D. I. Mulyana and D. Lorinda, "Klasifikasi Pendeteksi Wajah Berhijab Menggunakan Metode CNN (Convolutional Neural Network)," *Jurnal Pendidikan Tambusai*, vol. 6, no. 1, pp. 3157-3164, 2022
- [11] P. Ilmiah and A. Santoso, "Implementasi Deep Learning Berbasis Keras," *PS Informatika, F. Komunikasi, DAN Informatika, and UM Surakarta*, 2018.
- [12] M. M. Qanbar and S. Tasdemir, "Detection of malaria diseases with residual attention network," *International Journal of Intelligent Systems and Applications in Engineering*, vol. 7, no. 4, pp. 238-244 2019.
- [13] M. Masud, H. Alhumyani, S. S. Alshamrani, O. Cheikhrouhou, S. Ibrahim, G. Muhammad, M. S. Hossain and M. Shorfuzzaman, "Leveraging deep learning techniques for malaria parasite detection using mobile application," *Wireless Communications and Mobile Computing*, vol. 2020, pp. 1-15, 2020
- [14] D. Shah, K. Kawale, M. Shah, S. Randive and R. Mapari, "Malaria parasite detection using deep learning:(Beneficial to humankind)," in *2020 4th International Conference on Intelligent Computing and Control Systems (ICICCS)*, IEEE, 2020, pp. 984-988.
- [15] A. Zein, "Pendeteksian Penyakit Malaria Menggunakan Medical Images Analisis Dengan Deep Learning Python," *Sainstech: Jurnal Penelitian dan Pengkajian Sains dan Teknologi*, vol. 29, no. 1, 2019
- [16] S. M. Sam, K. Kamardin, N. N. A. Sjarif, N. Mohamed and others, "Offline signature verification using deep learning convolutional neural network (CNN) architectures GoogLeNet inception-v1 and inception-v3," *Procedia Computer Science*, vol. 161, pp. 475-483, 2019.
- [17] M. Ramdhan and others, Metode penelitian, Cipta Media Nusantara, 2021.
- [18] N. K. C. PRATIWI, N. IBRAHIM, Y. N. FU'ADAH and S. RIZAL, "Deteksi Parasit Plasmodium pada Citra Mikroskopis Hapusan Darah dengan Metode Deep Learning," *ELKOMIKA: Jurnal Teknik Energi Elektrik, Teknik Telekomunikasi, & Teknik Elektronika*, vol. 9, no. 2, p. 306, 2021.
- [19] L. A. Andika, P. A. N. Azizah and R. Respatiwan, "Analisis Sentimen Masyarakat terhadap Hasil Quick Count Pemilihan Presiden Indonesia 2019 pada Media Sosial Twitter Menggunakan Metode Naive Bayes Classifier," *Indonesian Journal of Applied Statistics*, vol. 2, no. 1, pp. 34-41, 2019.
- [20] D. Kaur and G. K. Walia, "A hybrid aco-svm approach for detecting and classifying malaria parasites," *Computational Network Application Tools for Performance Management*, pp. 139-152, 2020.