

MODEL DEEP LEARNING RINGAN UNTUK KLASIFIKASI BAKTERI MENGUNAKAN MNASNET

M. Amirul Ghiffari ^{1*}, Febri Dolis Herdiani ², Ishak Ariawan ³, Dea Aisyah Rusmawati ⁴

¹ Industrial Technology, Politeknik Bhakti Asih Purwakarta, West Java, Indonesia.

² Information System, Institut Teknologi Al-Muhajirin, West Java, Indonesia.

³ Marine Information System, Universitas Pendidikan Indonesia, West Java, Indonesia.

⁴ Department of Food Technology, University of Sultan Ageng Tirtayasa, Banten, Indonesia.

e-mail: *amirulghiffari@polbap.ac.id

Identifikasi bakteri yang cepat dan akurat merupakan tantangan penting dalam bidang mikrobiologi dan industri pangan. Penelitian ini mengevaluasi arsitektur Mobile Neural Architecture Search Network (MNASNet) untuk tugas klasifikasi citra bakteri. Hasil eksperimen menunjukkan bahwa MNASNet mampu mencapai akurasi validasi sebesar 0.9725, F1-score 0.9722, serta validation loss terendah 0.2176, melampaui model ringan lain yang diuji. Evaluasi lebih lanjut pada dataset uji independen memperkuat kemampuan generalisasi model dengan accuracy 0.9623, precision 0.9646, sensitivity 0.9620, dan F1-score 0.9610. Dari sisi efisiensi, MNASNet hanya memerlukan 423.37 MFLOPs, dengan jumlah parameter sekitar 3.14 juta, serta latensi inferensi 1.11 ms per citra, menjadikannya arsitektur yang ringan namun sangat andal. Hasil ini menegaskan bahwa MNASNet tidak hanya unggul secara prediktif tetapi juga efisien secara komputasi, sehingga berpotensi besar untuk diimplementasikan pada sistem diagnostik cepat berbasis citra dalam lingkungan nyata dengan keterbatasan sumber daya.

Kata Kunci— Augmentasi, Deep Learning, Identifikasi Bakteri, MNASNet.

I. PENDAHULUAN

Klasifikasi bakteri merupakan salah satu topik yang sangat penting dalam bidang mikrobiologi, kesehatan, dan industri pangan [1]. Identifikasi jenis bakteri secara akurat menjadi langkah awal yang krusial dalam menentukan diagnosis penyakit, mengendalikan kontaminasi, serta memastikan keamanan pangan [2]. Proses identifikasi tradisional masih banyak mengandalkan metode kultur laboratorium, pewarnaan *gram*, serta pengamatan mikroskopis manual oleh tenaga ahli [3], [4]. Walaupun metode ini memiliki tingkat akurasi tinggi jika dilakukan dengan benar, kendala utamanya adalah waktu yang relatif lama, biaya yang tinggi, serta ketergantungan pada keterampilan dan pengalaman analis [5]. Selain itu, subjektivitas manusia dalam mengamati morfologi bakteri sering kali menimbulkan inkonsistensi hasil [6].

Seiring dengan perkembangan teknologi informasi, khususnya pada bidang *computer vision* dan *artificial intelligence* (AI), pendekatan berbasis *deep learning* mulai banyak digunakan untuk mengotomatisasi proses klasifikasi bakteri [7]. *Deep learning* [8] mampu mengekstraksi fitur kompleks secara otomatis dari citra mikroskopis tanpa memerlukan rekayasa fitur manual. Hal ini menjadikan teknologi ini sangat menjanjikan untuk menggantikan sebagian keterbatasan metode tradisional. Beberapa arsitektur *convolutional neural networks* (CNN) seperti VGG [9], ResNet [10], Xception [11], MobileNet [12], hingga EfficientNet [13] telah diaplikasikan dalam berbagai studi terkait klasifikasi organisme mikro, termasuk bakteri.

Meskipun demikian, penggunaan arsitektur *deep learning* yang besar sering kali menghadapi tantangan terkait kebutuhan komputasi. Model seperti VGG dan ResNet, meskipun mampu mencapai akurasi tinggi, membutuhkan jumlah parameter yang sangat besar serta sumber daya GPU yang signifikan untuk pelatihan maupun inferensi. Hal ini menjadi kendala khususnya pada penelitian dengan jumlah data terbatas atau pada aplikasi dunia nyata yang memerlukan implementasi di perangkat dengan keterbatasan memori dan kecepatan pemrosesan, seperti *edge devices* atau sistem laboratorium portabel [5]. Oleh karena itu, dibutuhkan arsitektur yang tidak hanya akurat tetapi juga efisien secara komputasi.

Dalam konteks inilah, MNASNet [14] menjadi salah satu arsitektur yang relevan untuk diteliti lebih lanjut. MNASNet merupakan hasil dari pendekatan *Mobile Neural Architecture Search* (NAS) yang dikembangkan untuk menemukan keseimbangan optimal antara akurasi, jumlah parameter, dan kecepatan inferensi.

Beberapa penelitian terdahulu telah menggunakan MNASNet untuk mengklasifikasikan berbagai objek seperti penyakit, tarian, dan spesies *lactobacillus*. Tahun 2023, Uysal menggunakan MNASNet untuk deteksi penyakit *Monkeypox* menggunakan 4 kelas dengan akurasi 0.85 [15] dan Wen et al. untuk deteksi penyakit daun Gandum menggunakan 3 kelas dengan akurasi 0.9865 [16].

Kemudian di tahun 2024 Rusmawati et al. menggunakan MNASNet untuk identifikasi spesies *Lactobacillus* menggunakan 11 kelas dengan akurasi 0.9915 [7]. Tahun 2025, Yan et al. menggunakan MNASNet untuk klasifikasi tarian tradisional India menggunakan 9 kelas dengan akurasi 0.9320 [17] dan Yu et al. deteksi *Glucoma* dengan akurasi 0.818 [18].

Berdasarkan penelitian tersebut, MNASNet menunjukkan kemampuan generalisasi yang baik pada berbagai dataset klasifikasi citra. Karakteristik citra bakteri yang kaya tekstur, variasi bentuk sel, serta adanya latar belakang berwarna dari pewarnaan mikroskopis menjadikan tugas klasifikasi ini cukup menantang. Oleh karena itu, penggunaan MNASNet yang efisien dan fleksibel diharapkan dapat memberikan hasil yang lebih stabil serta akurat, terutama dalam kondisi *dataset* terbatas yang sering ditemui pada penelitian biologi atau laboratorium kecil.

Adapun kontribusi utama dari penelitian ini dapat dirumuskan sebagai berikut:

- Mengimplementasikan arsitektur MNASNet untuk tugas klasifikasi citra bakteri.
- Melakukan evaluasi komprehensif terhadap performa MNASNet dengan membandingkannya arsitektur deep learning populer lainnya, meliputi *accuracy* (Acc), *precision* (Prec), *sensitivity* (Sens), dan *F1-score* (F1).
- Menunjukkan potensi MNASNet sebagai solusi yang efektif, efisien, dan dapat diimplementasikan pada perangkat dengan keterbatasan sumber daya komputasi.

Dengan demikian, penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi dalam memperluas penerapan arsitektur efisien seperti MNASNet pada bidang teknologi pangan, khususnya untuk mendukung otomatisasi klasifikasi bakteri yang cepat, akurat.

II. METODE PENELITIAN

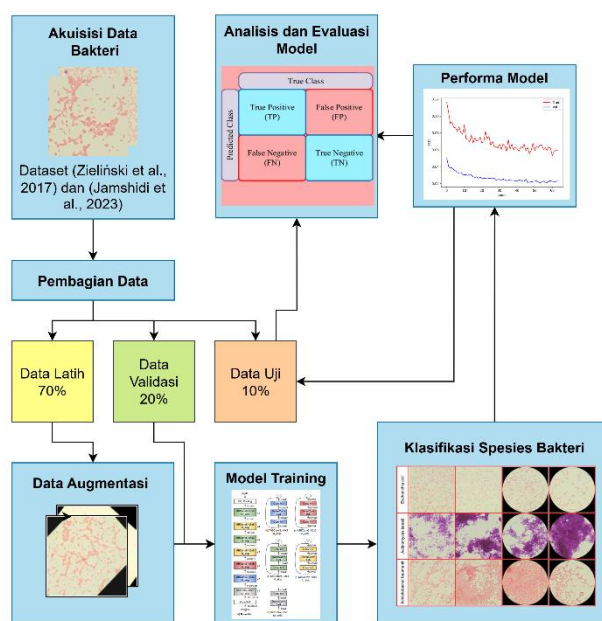
Dalam penelitian ini, arsitektur MNASNet dikembangkan dan diuji untuk tugas klasifikasi. Model awalnya telah dilatih pada *dataset* ImageNet, kemudian dilakukan proses *transfer learning* dengan menyesuaikan karakteristik *dataset* penelitian, termasuk penyesuaian jumlah kelas target yang akan diprediksi.

Arsitektur ini dirancang khusus untuk kebutuhan komputasi rendah, *edge-device*, dan pemrosesan citra berskala kecil hingga menengah. Selanjutnya, tahapan penelitian yang dilakukan dijelaskan secara sistematis pada Gambar 1.

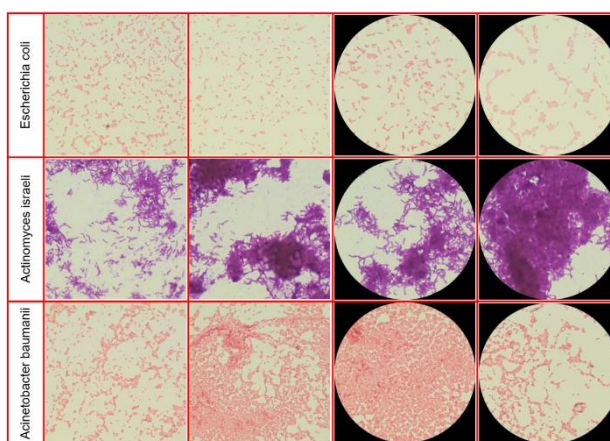
A. Akuisisi dan Persiapan Data

Penelitian ini menggunakan data dari DIBaS (Zieliński et al., 2017) [3] dan *bacteria species images* (Jamshidi et al., 2023) [4]. DIBaS merupakan basis data publik yang berisi 689 citra mikroskopis yang terdistribusi secara merata di antara 32 spesies bakteri dan 1 spesies jamur. Seluruh citra dalam DIBaS dikumpulkan oleh Universitas Jagiellonian di Polandia, menggunakan mikroskop

biologis tegak Olympus CX31 yang dilengkapi dengan kamera SC30 (Olympus Corporation, Jepang). Sedangkan data *bacteria species images* juga basis data *public* yang berisi 2033 citra mikroskopis. Sama halnya dengan DIBaS *dataset* ini terdistribusi secara merata di antara 32 spesies bakteri dan 1 spesies jamur. Sampel pada *dataset* ini berasal dari darah, urin, dan kulit pasien. Setelah dilakukan kultur murni, bakteri tersebut diwarnai menggunakan metode pewarnaan *gram*. Adapun proses pengambilan citra dilakukan menggunakan mikroskop Nikon E200 dengan lensa objektif 100x. Gabungan kedua *dataset public* tersebut menghasilkan 2722 citra. Contoh dari setiap *dataset* ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 1. Tahapan Penelitian



Gambar 2. Tiga sampel citra spesies bakteri yang digunakan untuk penelitian ini. Variabilitas di dalam masing-masing spesies dapat diamati dengan jelas.

Dataset citra dibagi menjadi tiga himpunan data yang berbeda: 70% sebagai data latih, 20% sebagai data validasi, dan 10% sebagai data uji. Proses pembagian ini dilakukan dengan memastikan keseimbangan kelas dipertahankan pada setiap himpunan. Secara kuantitatif, alokasi ini terdiri dari 1905 citra untuk data latih, 544 citra untuk data

validasi, dan 272 citra untuk data uji. Distribusi data untuk setiap spesies secara rinci disajikan pada Tabel 1.

Selanjutnya, dilakukan augmentasi data pada 482 citra asli dari dataset DIBaS yang dialokasikan sebagai bagian dari data latih untuk memperbanyak jumlahnya. Teknik augmentasi yang diterapkan meliputi rotasi 180°, *flip*, *zooming*, *color jitter*, dan *gaussian blur* [19]. Proses ini menghasilkan 4820 citra tambahan, sehingga total data latih menjadi 6725 citra (1905 citra asli + 4820 citra augmentasi). Himpunan data latih dan validasi selanjutnya digunakan dalam fase pelatihan model, sementara himpunan data uji digunakan untuk mengevaluasi performa akhir model.

Tabel 1. Jumlah data spesies dan alokasi data pelatihan, validasi, serta pengujian sebelum data training diaugmentasi

No	Species of bacteria	Lab	Latih	Val	Uji
1	Acinetobacter baumannii	C00	56	16	8
2	Actinomyces israelii	C01	63	18	9
3	Bacteroides fragilis	C02	62	18	9
4	Bifidobacterium spp	C03	61	17	9
5	Candida albicans	C04	57	16	8
6	Clostridium perfringens	C05	60	17	9
7	Enterococcus faecalis	C06	56	16	8
8	Enterococcus faecium	C07	54	15	8
9	Escherichia coli	C08	55	16	8
10	Fusobacterium	C09	60	17	9
11	Lactobacillus casei	C10	56	16	8
12	Lactobacillus crispatus	C11	54	15	8
13	Lactobacillus delbrueckii	C12	55	16	8
14	Lactobacillus gasseri	C13	57	16	8
15	Lactobacillus jensenii	C14	60	17	9
16	Lactobacillus johnsonii	C15	57	16	8
17	Lactobacillus paracasei	C16	56	16	8
18	Lactobacillus plantarum	C17	57	16	8
19	Lactobacillus reuteri	C18	56	16	8
20	Lactobacillus rhamnosus	C19	56	16	8
21	Lactobacillus salivarius	C20	56	16	8
22	Listeria monocytogenes	C21	60	17	9
23	Micrococcus spp	C22	59	17	9
24	Neisseria gonorrhoeae	C23	64	18	9
25	Porphyromonas gingivalis	C24	62	18	9
26	Propionibacterium acnes	C25	59	17	8
27	Proteus	C26	56	16	8
28	Pseudomonas aeruginosa	C27	58	17	8
29	Staphylococcus aureus	C28	59	17	8
30	Staphylococcus epidermidis	C29	55	16	8
31	Staphylococcus saprophyticus	C30	56	16	8
32	Streptococcus agalactiae	C31	60	17	9
33	Veionella	C32	56	16	8
Total			1905	544	272

B. Model Deep learning (MNASNet)

MNASNet menggunakan teknik *depthwise separable convolution* untuk mencapai keseimbangan antara kinerja (performance) dan efisiensi komputasi [14]. Arsitektur ini menggunakan dua lapisan konvolusi untuk setiap blok:

Pertama, *depthwise convolution layer* dengan kernel berukuran 3×3 atau 5×5 yang bertugas mengekstraksi fitur spasial. Kedua, *pointwise convolution layer* dengan kernel 1×1 yang berfungsi menggabungkan informasi dari fitur yang telah diekstraksi sebelumnya. Seluruh jaringan ini juga menerapkan transformasi ekspansi dan kontraksi *channel*, yaitu perubahan dinamis jumlah saluran fitur (*channels*) untuk mengoptimalkan efisiensi komputasi dan

kapasitas representasi jaringan. Transformasi ini dilakukan dengan tujuan mengurangi beban komputasi pada lapisan-lapisan tertentu di jaringan.

Selain itu, MNASNet juga menggunakan *harmonious bottleneck layer*, yang dirancang untuk menurunkan beban komputasi secara keseluruhan [20], seperti yang diperlihatkan pada Gambar 3. Lapisan ini berfokus pada transformasi dimensi spasial dan kanal, sehingga menghasilkan ukuran *feature map* yang lebih ramping. Dengan memperkenalkan lapisan ini, MNASNet mampu menyeimbangkan antara akurasi model dan efisiensi komputasi. Lapisan *bottleneck* ini bekerja dengan melakukan ekspansi dan kontraksi dimensi spasial dan *channel* secara harmonis [21], yang menghasilkan model konvolusi yang lebih efisien tanpa mengorbankan akurasi.

Perbandingan antara blok *depthwise separable convolution* dan *harmonious bottleneck layer* dijelaskan melalui Persamaan (1) dan (2). Ukuran spasial dari *input* dan *output feature map* adalah $H \times W$, jumlah *channel* awal dan akhir adalah $c1$ dan $c2$, dan ukuran kernel adalah $K \times K$. Sementara itu, B menunjukkan biaya komputasi blok antara proses kontraksi dan ekspansi spasial. Biaya total untuk *depthwise separable convolution* adalah:

$$(H \times W \times C1 \times K \times K) + (H \times W \times C1 \times C2) \quad (1)$$

dimana fungsi B menggambarkan kompleksitas komputasi terkait proses ekspansi-kontraksi spasial dan kanal dalam lapisan *bottleneck* tersebut.

$$\frac{B}{s^2} \left(\frac{H}{s} \times \frac{W}{s} \times C1 + H \times W \times C2 \right) \times K^2 \quad (2)$$

C. Evaluasi Model

Dalam *deep learning*, pengukuran kinerja merupakan kriteria esensial untuk mengevaluasi seberapa baik model klasifikasi memprediksi gambar yang diberikan. Terdapat beberapa pengukuran kinerja yang umum digunakan untuk model klasifikasi. Di antaranya, kami menerapkan 4 matriks berikut, seperti yang dijelaskan pada Tabel 2, untuk mengevaluasi dan membandingkan kinerja model klasifikasi bakteri yang diusulkan dengan model-model SoTA (*state-of-the-art*) ternama lainnya. TP, TN, FP, dan FN dalam tabel tersebut masing-masing merujuk pada *true positive*, *true negative*, *false positive*, dan *false negative* [22]. Selain itu, penelitian ini juga mengukur efisiensi dari model-model tersebut, seperti *Latency*, FLOPs, dan total Parameter [6].

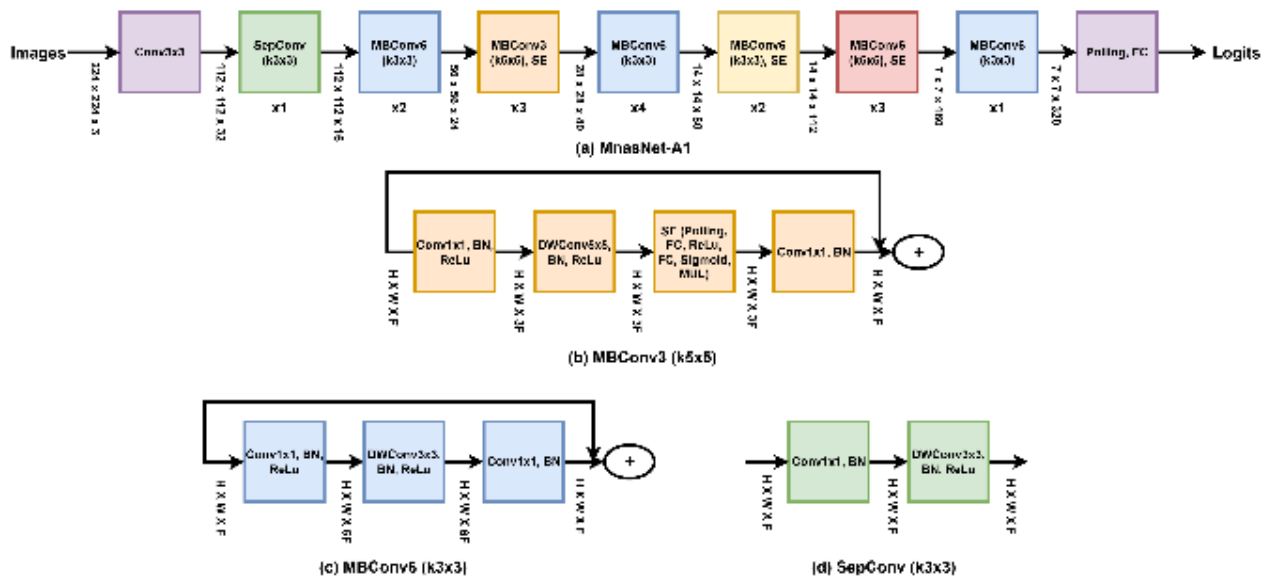
III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Detail Pelatihan

Pelatihan model dilakukan menggunakan Python 3.10.12 dengan pustaka PyTorch 2.0.0 pada lingkungan *local machine* yang dilengkapi dengan akselerator NVIDIA GeForce RTX 4060 GPU. Konfigurasi komputasi yang digunakan mencakup sistem operasi Windows 11 (64-bit), prosesor Intel i9 generasi ke-14, serta RAM 32 GB. Untuk mengoptimalkan proses pelatihan, berbagai algoritma *optimizer* diuji, dan hasil eksperimen

menunjukkan bahwa algoritma Adam memberikan performa yang lebih stabil baik pada data pelatihan maupun validasi. Tingkat pembelajaran (*learning rate*) ditetapkan sebesar 0.0001 dengan ukuran *batch* 32, serta

jumlah *epoch* sebanyak 500. Selain itu, fungsi *callback* diterapkan untuk menghentikan pelatihan lebih awal apabila akurasi validasi tidak menunjukkan peningkatan selama 20 epoch berturut-turut.



Gambar 3. Arsitektur MNASNet [7]

Tabel 2. Pengukuran kinerja model

Metrik	Formula/ Description
<i>Accuracy</i>	$\frac{TP + TN}{TN + FP + TP + FN}$
<i>Precision</i>	$\frac{TP}{TP + FP}$
<i>Sensitivity</i>	$\frac{TP}{TP + FN}$
<i>F1 Score</i>	$2 \times \frac{Precision \times Sensitivity}{Precision + Sensitivity}$
<i>Latency</i>	Waktu yang dibutuhkan model untuk melakukan satu prediksi (inference time), biasanya diukur dalam milidetik (ms).
FLOPs	Floating Point Operations: Jumlah operasi komputasi yang dibutuhkan untuk satu proses inferensi. Menggambarkan kompleksitas komputasi model.
<i>Parameters</i>	Total jumlah parameter yang dapat dilatih (misalnya bobot dan bias) dalam model. Metrik ini menunjukkan ukuran dan kapasitas model.

Tabel 3. Perbandingan kinerja model

Model	Loss	Acc	Prec	Sens	F1
DeiT-Tiny	0.5540	0.8383	0.8428	0.8383	0.8351
ShuffleNet_V2	0.4189	0.8969	0.9057	0.8969	0.8980
Squeezenet1_1	0.4987	0.8684	0.8767	0.8684	0.8675
ViT-S	0.4449	0.8774	0.8837	0.8774	0.8769
MobileNetV3-Large	0.2194	0.9715	0.9753	0.9715	0.9713
MNASNet	0.2176	0.9725	0.9741	0.9725	0.9723

Berdasarkan konfigurasi tersebut, sejumlah arsitektur deep learning populer kemudian dibandingkan kinerjanya dalam tugas klasifikasi bakteri. Model yang dievaluasi mencakup arsitektur ringan berbasis CNN seperti

ShuffleNet_V2, SqueezeNet, MobileNetV3-Large, dan MNASNet, serta arsitektur berbasis transformer seperti DeiT-Tiny dan ViT-S. Seluruh model dilatih dengan pendekatan *transfer learning* menggunakan bobot awal dari ImageNet, kemudian dilakukan penyesuaian melalui proses *fine-tuning* pada *dataset* bakteri dengan menambahkan lapisan *dense* sebagai *classification head*. Dengan cara ini, setiap model diuji dalam kondisi yang seragam sehingga perbandingan performa dapat dilakukan secara adil.

Hasil evaluasi menunjukkan adanya variasi kinerja di antara model yang diuji (Tabel 3). DeiT-Tiny, sebagai transformer berukuran kecil, hanya mencapai *accuracy* 0.8382 dan *F1-score* 0.8351, menandakan keterbatasan kapasitas representasi pada *dataset* dengan kompleksitas morfologi tinggi. ViT-S yang lebih besar sedikit lebih baik (0.8774 *accuracy*; 0.8769 *F1-score*), namun masih tertinggal dibandingkan CNN ringan yang dioptimalkan. ShuffleNet_V2 (0.8960 *accuracy*; 0.8980 *F1-score*) dan SqueezeNet1_1 (0.8683 *accuracy*; 0.8674 *F1-score*) menunjukkan bahwa efisiensi parameter tidak selalu sejalan dengan *accuracy*. Performa tertinggi dicapai oleh MobileNetV3-Large (0.9714 *accuracy*; 0.9712 *F1-score*) dan MNASNet (0.9725 *accuracy*; 0.9722 *F1-score*, validation loss 0,2176), dengan keunggulan MNASNet yang konsisten dikaitkan dengan mekanisme *neural architecture search* (NAS) dalam menyeimbangkan *accuracy* dan efisiensi.

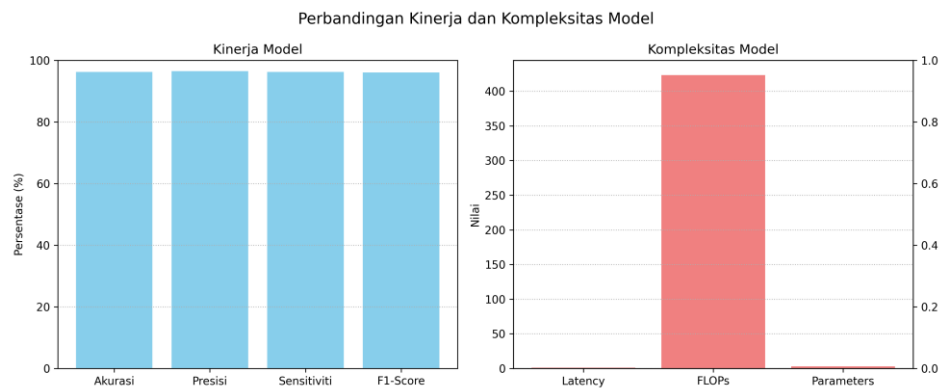
Secara keseluruhan, hasil eksperimen ini menegaskan bahwa arsitektur CNN ringan yang dioptimalkan melalui NAS, khususnya MNASNet, mampu memberikan performa superior dibandingkan baik arsitektur CNN

klasik berparameter kecil seperti SqueezeNet maupun varian transformer berskala kecil seperti DeiT-Tiny dan ViT-S. Hal ini menegaskan potensi MNASNet sebagai pilihan utama dalam implementasi klasifikasi bakteri, terutama pada skenario yang menuntut efisiensi komputasi tanpa mengorbankan akurasi prediksi.

B. Pengujian dan Pembahasan

Dalam tahap akhir penelitian ini, arsitektur MNASNet dievaluasi secara mendalam menggunakan dataset uji

independen yang sepenuhnya terpisah dari data pelatihan dan validasi. Tujuan dari tahap ini adalah untuk mengukur kemampuan generalisasi model pada data baru yang belum pernah ditemui sebelumnya, sehingga hasil yang diperoleh dapat merefleksikan performa riil dalam skenario penerapan nyata. Evaluasi ini tidak hanya berfokus pada efektivitas prediktif, tetapi juga pada efisiensi komputasi, karena kedua aspek tersebut merupakan faktor penentu keberhasilan implementasi model dalam sistem dunia nyata. Hasil evaluasi ditunjukkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Performa dan efisiensi model MNASNet pada data uji.

Hasil pengujian menunjukkan bahwa MNASNet mampu mencapai performa prediktif yang sangat kompetitif. *Accuracy* model tercatat sebesar 0.9623, dengan *precision* 0.9646, *sensitivity* 0.9620, dan *F1-score* 0.9610. Pencapaian ini menegaskan bahwa MNASNet mampu mempertahankan konsistensi kinerja bahkan pada data yang benar-benar baru, sekaligus memastikan bahwa model tidak hanya akurat dalam mengklasifikasikan citra bakteri, tetapi juga seimbang dalam mendeteksi kelas positif dan negatif. Dengan kata lain, model tidak hanya baik dalam memberikan prediksi benar, tetapi juga mampu mengurangi risiko kesalahan klasifikasi yang dapat berimplikasi penting pada konteks aplikatif, misalnya dalam deteksi cepat mikroorganisme pada industri pangan atau kesehatan.

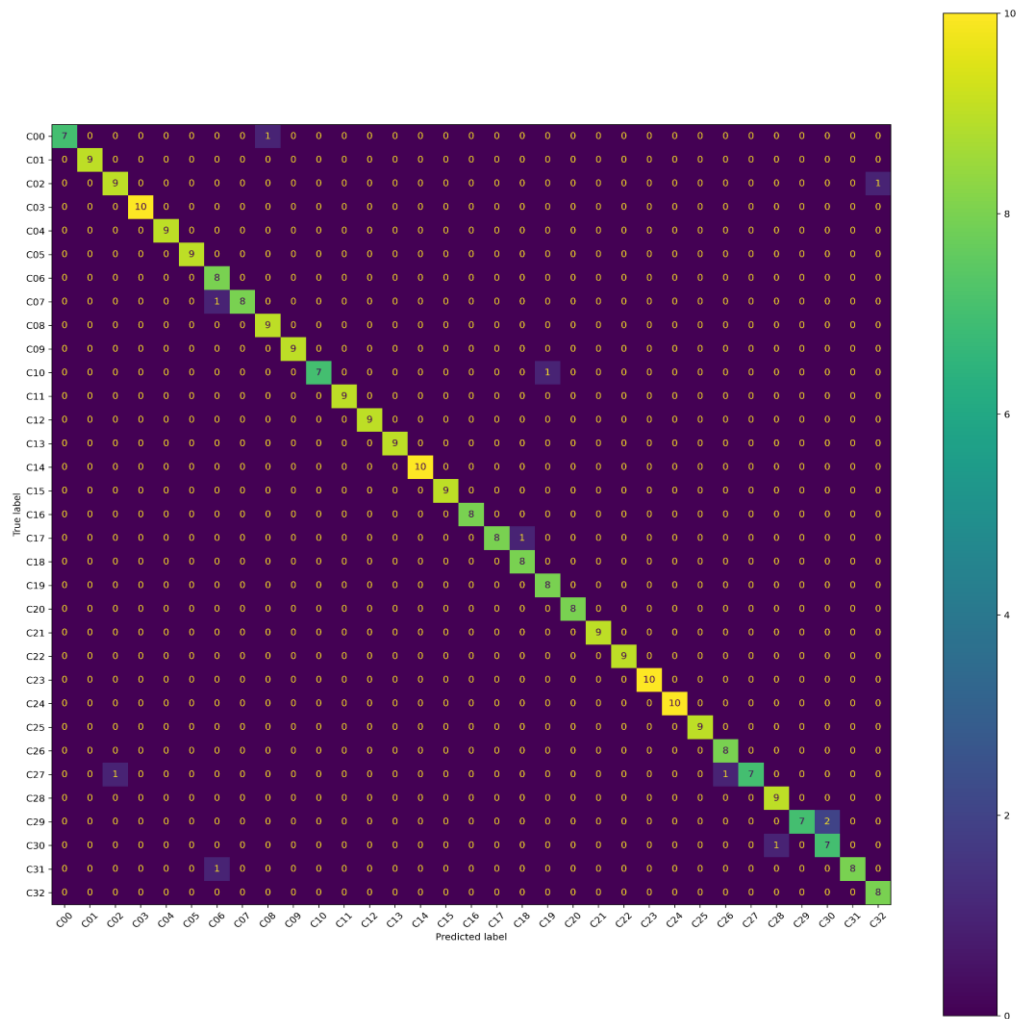
Selain efektivitas prediktif, efisiensi komputasi MNASNet juga menjadi sorotan utama. Model ini hanya membutuhkan 1.11 milidetik per citra untuk melakukan inferensi, sehingga sangat layak diimplementasikan pada sistem dengan kebutuhan prediksi cepat. Dari sisi kompleksitas, MNASNet beroperasi pada tingkat 423.37 MFLOPs, dengan total parameter sekitar 3.14 juta. Ukuran parameter yang relatif kecil ini menunjukkan bahwa MNASNet termasuk dalam kategori arsitektur ringan, yang tidak hanya hemat sumber daya komputasi tetapi juga mempermudah proses *deployment* pada perangkat keras dengan spesifikasi terbatas.

Kombinasi antara akurasi tinggi dan efisiensi komputasi ini menunjukkan kekuatan utama dari MNASNet sebagai hasil dari pendekatan *neural architecture search* (NAS). Dengan desain blok *inverted residual* yang dioptimalkan secara otomatis, MNASNet mampu menyeimbangkan *trade-off* antara *accuracy* dan kebutuhan komputasi. Hal

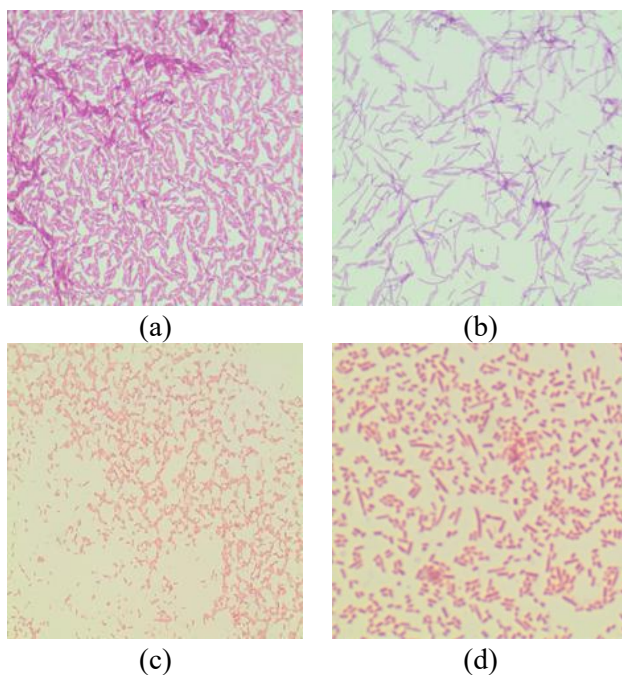
ini membedakannya dari arsitektur besar seperti *vision transformer*, yang meskipun kuat secara representasi, cenderung memerlukan sumber daya komputasi yang jauh lebih tinggi.

Secara keseluruhan, evaluasi pada data independen ini menegaskan bahwa MNASNet tidak hanya memiliki performa prediktif yang kompetitif, tetapi juga efisiensi komputasi yang sangat baik. Capaian ini memperkuat argumen bahwa MNASNet adalah pilihan yang tepat untuk implementasi klasifikasi bakteri pada lingkungan nyata, terutama pada skenario yang membutuhkan kombinasi antara akurasi, kecepatan inferensi, serta keterbatasan sumber daya perangkat keras.

Analisis lebih lanjut terhadap confusion matrix pada tahap pengujian memperlihatkan bahwa kesalahan klasifikasi model MNASNet terutama terjadi di antara spesies bakteri yang memiliki kemiripan morfologi tinggi dalam genus atau kelompok fenotipe yang sama. Salah satu pola yang paling jelas adalah kesalahan pada *Lactobacillus casei* (C10) yang terprediksi sebagai *Lactobacillus rhamnosus* (C19), serta *Lactobacillus plantarum* (C17) yang terprediksi sebagai *Lactobacillus reuteri* (C18). Spesies-spesies tersebut termasuk dalam kelompok *Lactobacillus* batang pendek yang memiliki ukuran, bentuk, dan pola penyusunan sel yang sangat mirip. Kesamaan morfologi ini membuat model sulit menemukan batas fitur visual yang jelas di antara kelas, terutama karena pewarnaan Gram positif dan pola penyusunan rantai selnya hampir identik. Secara mikrobiologis, bahkan pengamatan manual sering membutuhkan uji biokimia tambahan untuk membedakan antar spesies dalam genus ini.



Gambar 5. Confusion matrix hasil pengujian model MNASNet

Gambar 6. Beberapa contoh gambar yang mengalami salah klasifikasi dimana (a) *Lactobacillus casei*, (b) *Lactobacillus rhamnosus*, (c) *Pseudomonas aeruginosa*, dan (d) *Proteus*.

Selain itu, model juga menunjukkan kesalahan antar kelompok kokus Gram-positif yang memiliki susunan sel serupa. Misalnya, *Enterococcus faecium* (C07) salah diprediksi sebagai *Enterococcus faecalis* (C06), dan *Streptococcus agalactiae* (C31) juga teridentifikasi sebagai *Enterococcus faecalis* (C06). Pola kesalahan ini menggambarkan bagaimana kesamaan morfologi antara kokus berantai pendek pada *Enterococcus* dan *Streptococcus* dapat menyebabkan fitur yang diekstraksi model menjadi tumpang tindih. Dalam pengamatan mikroskopis, kedua genus tersebut sering kali tampak identik karena sama-sama Gram positif dan tersusun dalam rantai, perbedaan utamanya hanya terletak pada panjang rantai atau tingkat hemolisis pada media tertentu. Oleh karena itu, kesalahan klasifikasi ini wajar terjadi karena model mengandalkan pola bentuk yang sangat halus untuk membedakan antar spesies dengan karakter visual yang hampir sama.

Sementara itu, beberapa kesalahan lain terjadi pada kelompok Gram-negatif batang, seperti *Acinetobacter baumannii* (C00) yang terdeteksi sebagai *Escherichia coli* (C08), serta *Pseudomonas aeruginosa* (C27) yang salah dikenali sebagai *Proteus* (C26). Bakteri-bakteri ini memiliki bentuk batang lurus dengan ukuran dan pola

distribusi yang relatif seragam, sehingga model kesulitan mengenali ciri pembeda yang cukup kuat. Pola serupa juga terlihat pada *Staphylococcus epidermidis* (C29) yang diklasifikasikan sebagai *Staphylococcus saprophiticus* (C30), di mana keduanya sama-sama berbentuk kokus berkelompok khas genus *Staphylococcus*. Dengan demikian, kesalahan-kesalahan yang teridentifikasi pada confusion matrix mencerminkan keterbatasan diskriminasi morfologi yang juga dihadapi dalam identifikasi mikrobiologi konvensional, terutama pada spesies yang berada dalam genus atau kelompok fenotipe yang sama.

IV. KESIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini menegaskan bahwa MNASNet merupakan arsitektur efisien yang mampu memberikan akurasi tinggi sekaligus *latency* rendah dalam klasifikasi bakteri, menjadikannya relevan untuk aplikasi nyata pada perangkat dengan keterbatasan sumber daya. Hasil ini penting bagi pengembangan sistem diagnostik cepat di bidang kesehatan maupun pemantauan kualitas pada industri pangan. Ke depan, integrasi dengan data multimodal dan peningkatan aspek interpretabilitas menjadi langkah strategis untuk memperkuat keandalan model serta memperluas cakupan penerapannya.

UCAPAN TERIMA KASIH

Karya ini didukung oleh Kementerian Pendidikan Tinggi, Ilmu Pengetahuan, dan Teknologi (KEMDIKTI SAINTEK) melalui skema Hibah Dosen Pemula (PDP) yang diberikan kepada M. Amirul Ghiffari pada tahun 2025.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] P. S. Hiremath and P. Bannigidad, "Automatic classification of bacterial cells in digital microscopic images," presented at the Second International Conference on Digital Image Processing, Singapore, Singapore, Feb. 2010, p. 754613. doi: 10.1117/12.853303.
- [2] X. Dong, A. Huang, L. He, C. Cai, and T. You, "Recent advances in foodborne pathogen detection using photoelectrochemical biosensors: from photoactive material to sensing strategy," *Front. Sustain. Food Syst.*, vol. 8, p. 1432555, Aug. 2024, doi: 10.3389/fsufs.2024.1432555.
- [3] B. Zieliński, A. Plichta, K. Misztal, P. Spurek, M. Brzywczy-Włoch, and D. Ochońska, "Deep learning approach to bacterial colony classification," *PLoS ONE*, vol. 12, no. 9, pp. 1–14, Sept. 2017, doi: 10.1371/journal.pone.0184554.
- [4] M. (Behdad) Jamshidi, S. Sargolzaei, S. Foorginezhad, and O. Moztarzadeh, "Metaverse and microorganism digital twins: A deep transfer learning approach," *Applied Soft Computing*, vol. 147, p. 110798, Nov. 2023, doi: 10.1016/j.asoc.2023.110798.
- [5] R. G. García, S. J. Rodríguez, B. B. Martínez, C. H. Gracidas, and R. M. Torres, "Efficient Deep Learning Architectures for Fast Identification of Bacterial Strains in Resource-Constrained Devices," June 11, 2021. doi: <https://doi.org/10.48550/arXiv.2106.06505>.
- [6] S. Visitsattapong, M. Bunkum, C. Pintavirooj, and M. P. Paing, "A Deep Learning Model for Bacterial Classification Using Big Transfer (BiT)," *IEEE Access*, vol. 12, pp. 15609–15621, 2024, doi: 10.1109/ACCESS.2024.3358671.
- [7] D. A. Rusmawati, I. Ariawan, and A. Firminda, "Comparison of Efficient Deep Learning Architectures for Lactobacillus Species Identification," *Karbala International Journal of Modern Science*, vol. 10, no. 4, Nov. 2024, doi: 10.33640/2405-609X.3379.
- [8] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, "Deep learning," *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, May 2015, doi: 10.1038/nature14539.
- [9] K. Simonyan and A. Zisserman, "Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition," Apr. 10, 2015, *arXiv:1409.1556*. doi: <https://doi.org/10.48550/arXiv.1409.1556>.
- [10] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep Residual Learning for Image Recognition," in *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Las Vegas, NV, USA: IEEE, June 2016, pp. 770–778. doi: 10.1109/CVPR.2016.90.
- [11] F. Chollet, "Xception: Deep Learning with Depthwise Separable Convolutions," in *2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Honolulu, HI: IEEE, July 2017, pp. 1800–1807. doi: 10.1109/CVPR.2017.195.
- [12] A. G. Howard et al., "MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications," 2017, *arXiv*. doi: 10.48550/ARXIV.1704.04861.
- [13] M. Tan and Q. V. Le, "EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks," 2019, doi: 10.48550/ARXIV.1905.11946.
- [14] M. Tan et al., "MnasNet: Platform-Aware Neural Architecture Search for Mobile," in *2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, Long Beach, CA, USA: IEEE, June 2019, pp. 2815–2823. doi: 10.1109/CVPR.2019.00293.
- [15] F. Uysal, "Detection of Monkeypox Disease from Human Skin Images with a Hybrid Deep Learning Model," *Diagnostics*, vol. 13, no. 10, p. 1772, May 2023, doi: 10.3390/diagnostics13101772.
- [16] X. Wen, M. Zeng, J. Chen, M. Maimaiti, and Q. Liu, "Recognition of Wheat Leaf Diseases Using Lightweight Convolutional Neural Networks against Complex Backgrounds," *Life*, vol. 13, no. 11, p. 2125, Oct. 2023, doi: 10.3390/life13112125.
- [17] X. Yan, J. Yang, and T. Salami, "Classification of Indian classical dances using MnasNet architecture with advanced polar fox optimization for hyperparameter optimization," *Sci Rep*, vol. 15, no. 1, p. 18624, May 2025, doi: 10.1038/s41598-025-03054-z.
- [18] Z. Yu, W. Xu, Q. Du, R.-L. Wang, and S. Gao, "Toward Biological Plausible Learning: A Novel Dendritic MnasNet Model," *IEICE Trans. Inf. & Syst.*, p. 2024EDL8097, 2025, doi: 10.1587/transinf.2024EDL8097.
- [19] M. Xu, S. Yoon, A. Fuentes, and D. S. Park, "A Comprehensive Survey of Image Augmentation Techniques for Deep Learning," *Pattern Recognition*, vol. 137, p. 109347, May 2023, doi: 10.1016/j.patcog.2023.109347.
- [20] P. Shah and M. El-Sharkawy, "A-MnasNet: Augmented MnasNet for Computer Vision," in *2020 IEEE 63rd International Midwest Symposium on Circuits and Systems (MWSCAS)*, Springfield, MA, USA: IEEE, Aug. 2020, pp. 1044–1047. doi: 10.1109/MWSCAS48704.2020.9184619.
- [21] S. Aghera, H. Gajera, and S. K. Mitra, "MnasNet Based Lightweight CNN for Facial Expression Recognition," in *2020 IEEE International Symposium on Sustainable Energy, Signal Processing and Cyber Security (iSSSC)*, Gunupur Odisha, India: IEEE, Dec. 2020, pp. 1–6. doi: 10.1109/iSSSC50941.2020.9358903.
- [22] A. Tharwat, "Classification assessment methods," *Applied Computing and Informatics*, vol. 17, no. 1, pp. 168–192, Jan. 2021, doi: 10.1016/j.aci.2018.08.003.