

KLASIFIKASI ENAM SPESIES BAKTERI PATOGEN BERBASIS CITRA MENGGUNAKAN EFFICIENTNET

M. Amirul Ghiffari^{1*}, Febri Dolis Herdiani², Dea Aisyah Rusmawati³, Ishak Ariawan⁴

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

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

³Department of Food Technology, University of Sultan Ageng Tirtayasa, Banten, Indonesia

⁴Marine Information System, Universitas Pendidikan Indonesia, West Java, Indonesia

Penulis korespondensi: M. Amirul Ghiffari (amirulghiffari@polbap.ac.id)

Klasifikasi bakteri patogen berbasis citra merupakan salah satu pendekatan deep learning yang dapat digunakan untuk mendukung pengenalan bakteri secara otomatis. Penelitian ini bertujuan mengevaluasi kemampuan EfficientNet-Lite0 dalam mengklasifikasikan citra enam spesies bakteri patogen, yaitu Bacillus cereus, Clostridium perfringens, Escherichia coli, Listeria monocytogenes, Salmonella typhimurium, dan Staphylococcus aureus. Data citra melalui tahap preprocessing dan augmentasi pada data pelatihan, kemudian model dievaluasi menggunakan accuracy, precision, recall, dan F1-score. Hasil evaluasi menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 memperoleh accuracy, precision, recall, dan F1-score sebesar 100%, tanpa ditemukan kesalahan klasifikasi pada data validasi. Model memiliki 3.378.694 parameter, kompleksitas 397,45 MFLOPs, dan latency 4,31 ms per citra. Hasil tersebut menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 mampu melakukan klasifikasi enam spesies bakteri dengan kinerja tinggi pada dataset dan skenario evaluasi penelitian.

Kata Kunci— bakteri patogen, deep learning, EfficientNet-Lite0, klasifikasi citra.

I. PENDAHULUAN

Keamanan pangan merupakan isu strategis yang berpengaruh langsung terhadap kesehatan masyarakat dan keberlanjutan industri pangan [1]. Salah satu ancaman utama dalam sistem produksi pangan adalah kontaminasi bakteri patogen seperti *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes*, dan *Escherichia coli*, yang dapat menyebabkan penyakit bawaan pangan (foodborne diseases) serta kerugian ekonomi akibat penarikan produk dan penurunan kepercayaan konsumen [2]. Oleh karena itu, identifikasi spesies patogen secara cepat, akurat, dan andal menjadi kebutuhan mendesak, terutama pada lingkungan industri pangan yang menuntut proses pengawasan mutu secara *real-time* [3].

Metode identifikasi bakteri patogen yang umum digunakan saat ini masih didominasi oleh pendekatan

konvensional, seperti kultur mikrobiologi, pewarnaan Gram, dan uji biokimia [4]. Meskipun metode tersebut memiliki tingkat akurasi yang tinggi, prosesnya memerlukan waktu yang relatif lama, biaya operasional yang besar, serta ketergantungan pada tenaga ahli [5]. Keterbatasan ini menjadikan metode konvensional kurang efektif untuk diterapkan sebagai sistem monitoring cepat dan berkelanjutan di industri pangan [6], khususnya pada skala UMKM dan fasilitas produksi dengan keterbatasan sumber daya.

Perkembangan *computer vision* [7] dan *deep learning* [8] membuka peluang untuk melakukan identifikasi bakteri melalui analisis citra mikroskopis [9]. Pendekatan berbasis *convolutional neural networks* (CNN) telah menunjukkan kemampuan yang baik dalam mengenali karakteristik morfologi bakteri dan melakukan klasifikasi secara otomatis [4-6], [10-14]. Penelitian terdahulu juga menunjukkan bahwa model CNN dapat mencapai performa klasifikasi yang tinggi pada berbagai dataset bakteri [5], [11], [12], [14], [15]. Namun, penggunaan arsitektur dengan kompleksitas tinggi dapat meningkatkan kebutuhan komputasi, sehingga pengembangan model yang mampu mempertahankan performa klasifikasi dengan kompleksitas yang lebih rendah menjadi penting, terutama untuk mendukung implementasi pada perangkat dengan sumber daya terbatas [6], [13], [16], [17].

Salah satu arsitektur yang relevan untuk kebutuhan tersebut adalah EfficientNet-Lite0, yang dikembangkan sebagai model *mobile-and edge-friendly* dengan fokus pada keseimbangan antara akurasi dan efisiensi komputasi. EfficientNet-Lite0 memiliki sekitar 4,7 juta parameter dan 407 juta *multiply-adds* (MAdds), serta dirancang agar dapat berjalan pada CPU, GPU, maupun perangkat *edge* dengan kebutuhan komputasi yang relatif rendah [18]. Penggunaan EfficientNet-Lite0 juga telah ditunjukkan pada berbagai permasalahan klasifikasi citra [19]. Pada aplikasi berbasis kesehatan, misalnya, EfficientNet-Lite0 digunakan untuk klasifikasi pneumonia dan menghasilkan akurasi 95,39% [20], serta 79,4% pada deteksi retinopati diabetik dari citra fundus [21]. Pada klasifikasi penyakit tanaman, penelitian [22] juga

melaporkan bahwa EfficientNet-Lite0 mencapai akurasi 99.54% dan menunjukkan ketahanan yang lebih baik terhadap variasi pencahayaan dan rotasi dibandingkan MobileNetV2. Sementara itu, penelitian pada klasifikasi bakteri menggunakan dataset DIBaS telah melaporkan penggunaan EfficientNet-Lite0 dalam evaluasi model mobile-friendly dengan akurasi 99.32%, menunjukkan potensinya untuk tugas klasifikasi bakteri sekaligus efisiensi implementasi [18].

Meskipun demikian, kajian mengenai penerapan EfficientNet-Lite0 secara khusus untuk klasifikasi multi-spesies bakteri melalui kombinasi *dataset* sekunder dan *dataset* primer masih terbatas. Selain performa klasifikasi, evaluasi model juga perlu mempertimbangkan aspek efisiensi komputasi untuk mengetahui kelayakannya sebagai model ringan. Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini menggunakan EfficientNet-Lite0 untuk mengembangkan model klasifikasi citra enam spesies bakteri, dengan menggabungkan *dataset* sekunder yang terdiri atas *Escherichia coli*, *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*, dan *Listeria monocytogenes*, serta *dataset* primer yang terdiri atas *Salmonella typhimurium* dan *Bacillus cereus*. Kedua sumber *dataset* tersebut digabungkan menjadi satu *dataset*, kemudian dibagi menjadi data latih dan validasi untuk membangun dan mengevaluasi model. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan dan mengevaluasi EfficientNet-Lite0 untuk klasifikasi citra enam spesies bakteri berdasarkan performa klasifikasi dan efisiensi komputasi sebagai pendekatan *computer vision* untuk mendukung monitoring keamanan pangan.

II. METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan pendekatan *computer vision* dan *deep learning* untuk mengembangkan model klasifikasi citra bakteri patogen. Tahapan penelitian dirancang secara berurutan mulai dari perancangan *dataset* primer, integrasi dengan *dataset* sekunder, pengembangan model klasifikasi, hingga evaluasi dan analisis hasil. *Dataset* primer diperoleh melalui proses akuisisi dan anotasi citra bakteri, sedangkan *dataset* sekunder diperoleh dari sumber *dataset* publik. Kedua *dataset* selanjutnya melalui tahap *preprocessing* dan diintegrasikan menjadi *dataset* yang digunakan untuk pengembangan model. Model *deep learning* kemudian dilatih dan divalidasi menggunakan *dataset* hasil integrasi, sedangkan performanya dievaluasi berdasarkan metrik klasifikasi dan efisiensi komputasi.

Secara keseluruhan, tahapan penelitian ditunjukkan pada Gambar 1 dan dijabarkan sebagai berikut.

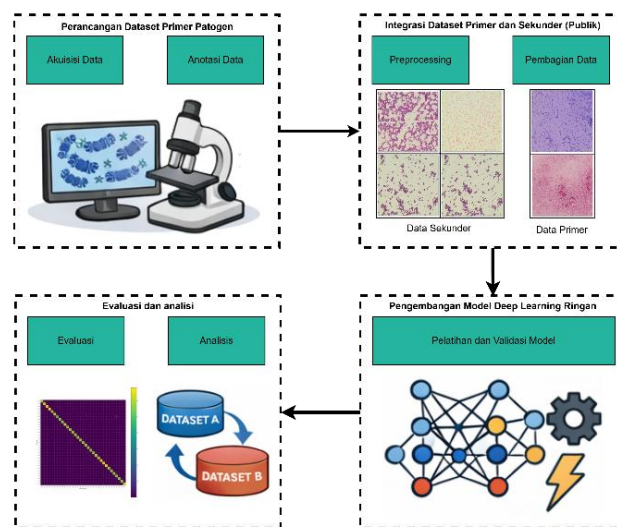
A. Perancangan Dataset Primer Patogen

Tahap pertama adalah perancangan *dataset* primer patogen, yang terdiri atas dua kegiatan utama, yaitu akuisisi data dan anotasi data. *Dataset* primer digunakan untuk memperoleh citra bakteri yang berasal dari proses akuisisi secara langsung sehingga melengkapi *dataset* sekunder yang digunakan dalam penelitian.

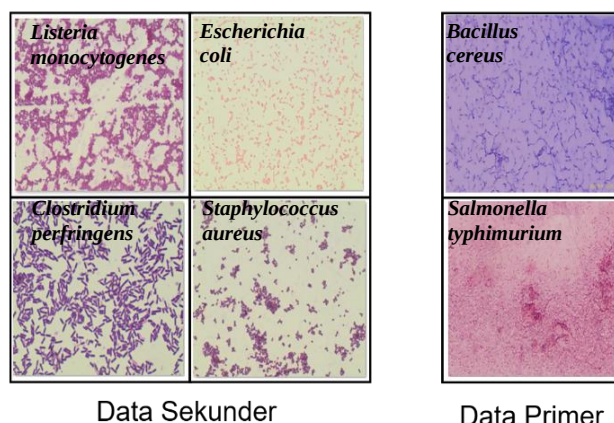
Akuisisi data dilakukan untuk memperoleh citra

mikroskopis bakteri yang akan digunakan sebagai *dataset* primer. Pada penelitian ini, *dataset* primer terdiri atas dua spesies bakteri, yaitu *Salmonella typhimurium* dan *Bacillus cereus*. Sampel pada *dataset* ini berasal dari daging unggas dan makanan bertepung. Setelah dilakukan kultur murni, bakteri tersebut diwarnai menggunakan metode pewarnaan gram. Adapun proses pengambilan citra dilakukan menggunakan mikroskop APEXEL APL-MS003 dengan perbesaran maksimal 100x. Tahap akuisisi memperhatikan kondisi pengambilan citra agar karakteristik visual bakteri dapat terekam dengan baik. Citra yang diperoleh selanjutnya diseleksi untuk memastikan kualitas dan kesesuaian citra dengan kebutuhan penelitian sebelum digunakan pada tahap berikutnya.

Setelah itu, citra hasil akuisisi dianotasi dengan memberikan label berdasarkan spesies bakteri. Anotasi dilakukan untuk memastikan setiap citra memiliki kelas yang sesuai sehingga dapat digunakan sebagai data terlabel dalam proses *supervised learning*. Pada tahap ini, setiap citra *dataset* primer dikelompokkan berdasarkan spesiesnya, yaitu: *Salmonella typhimurium*, dan *Bacillus cereus*. Hasil anotasi kemudian menjadi *dataset* primer terstruktur yang siap diintegrasikan dengan *dataset* sekunder. Contoh dari setiap *dataset* ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 1. Tahapan Penelitian



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

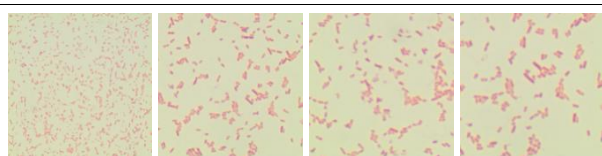
B. Integrasi Dataset Primer dan Sekunder

Tahap kedua adalah integrasi *dataset* primer dan *dataset* sekunder. Tahap ini bertujuan membentuk *dataset* yang memiliki variasi sumber data lebih luas untuk digunakan dalam pengembangan model klasifikasi. *Dataset* sekunder terdiri atas empat spesies bakteri, yaitu: *Escherichia coli*, *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*, dan *Listeria monocytogenes*. Sedangkan *Dataset* primer terdiri atas: *Salmonella typhimurium* dan *Bacillus cereus*.

Sebelum digunakan dalam proses pelatihan model, citra dari kedua sumber *dataset* melalui tahap *preprocessing*. Tahap ini bertujuan untuk menyeragamkan format dan ukuran citra serta mempersiapkan data agar sesuai dengan kebutuhan arsitektur EfficientNet-Lite0. *Preprocessing* meliputi penyesuaian ukuran citra menjadi 224×224 piksel, sesuai dengan ukuran *input* model. Selanjutnya, data yang telah melalui tahap *preprocessing* dibagi menggunakan skema *5-fold cross-validation*. Pada setiap *fold*, sebesar 80% data digunakan untuk pelatihan dan 20% digunakan untuk validasi. Proses *cross-validation* dilakukan secara bergantian pada kelima *fold*, sehingga setiap subset data digunakan sebagai data validasi sebanyak satu kali, sedangkan subset lainnya digunakan untuk pelatihan. Distribusi data per spesies pada keseluruhan *dataset* disajikan dalam Tabel 1.

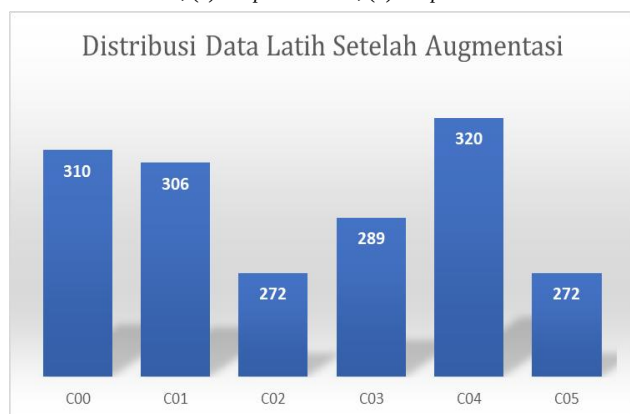
Tabel 1. Jumlah data spesies dan alokasi data pelatihan serta validasi

No	Species of bacteria	Lab	Latih	Val
1	<i>Bacillus cereus</i>	C00	62	16
2	<i>Clostridium perfringens</i>	C01	18	5
3	<i>Escherichia coli</i>	C02	16	4
4	<i>Listeria monocytogenes</i>	C03	17	5
5	<i>Salmonella typhimurium</i>	C04	41	10
6	<i>Staphylococcus aureus</i>	C05	16	4
Total			116	44



(a) (b) (c) (d)

Gambar 3. Proses augmentasi *Escherichia coli* (a) original, (b) Crops 700x700, (c) Crops 600x600, (d) Crops 500x500.

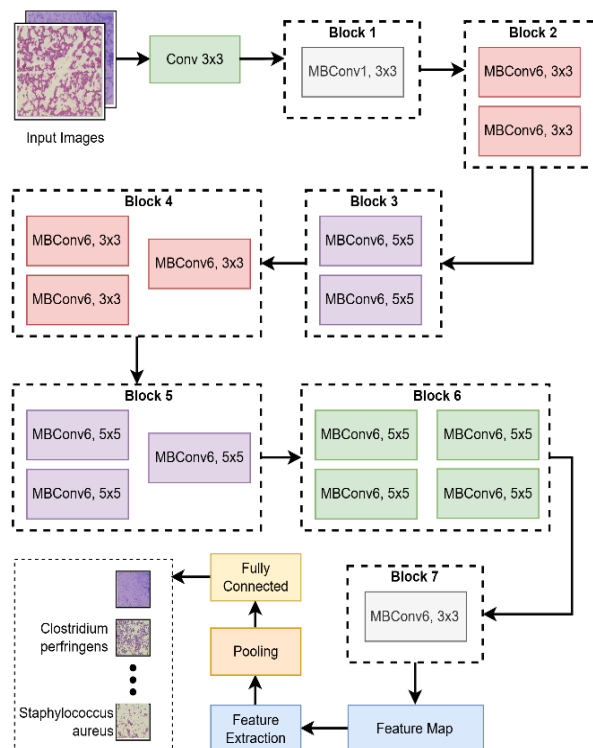


Gambar 4. Distribusi data latih setelah augmentasi

Selain *preprocessing* dasar, data latih dapat diberikan augmentasi untuk meningkatkan variasi citra dan membantu mengurangi risiko *overfitting*. Untuk *dataset* dengan jumlah citra yang terbatas atau tidak seimbang, augmentasi dilakukan secara terkontrol. Pada penelitian ini, proses *multi-scale cropping* dapat menggunakan ukuran *crop* 500×500 , 600×600 , dan 700×700 piksel, kemudian hasil *crop* diubah ukurannya menjadi 224×224 piksel (Gambar 3). Setelah dilakukan proses augmentasi data latih menjadi 1769 dengan distribusi data per spesies ditunjukkan pada Gambar 4.

C. Pengembangan Model Deep Learning Ringan

Model pengenalan spesies patogen dikembangkan menggunakan arsitektur *deep learning* ringan (EfficientNet-Lite0). EfficientNet-Lite0 dipilih karena merupakan arsitektur yang dirancang dengan mempertimbangkan efisiensi model dan kebutuhan komputasi, sehingga sesuai dengan tujuan penelitian untuk mengembangkan model klasifikasi bakteri yang tidak hanya memiliki performa prediksi yang baik tetapi juga relatif ringan. EfficientNet-Lite merupakan varian ringan dari EfficientNet yang mengoptimasi efisiensi komputasi melalui: (1) *compound scaling* untuk menyeimbangkan *depth-width-resolution*, (2) *depthwise separable convolutions*, dan (3) *Squeeze and-Excitation modules*. Arsitektur ini mencapai akurasi setara *baseline* dengan reduksi 30-50% parameter dan 60% FLOPs [23], sehingga optimal untuk aplikasi *mobile* dan *edge devices* yang memerlukan inferensi cepat dengan konsumsi daya minimal.



Gambar 5. Arsitektur EfficientNet-Lite [23].

Arsitektur model *deep learning* ringan (EfficientNet-Lite) ditunjukkan pada Gambar 5. Model menerima citra berukuran 224×224 piksel sebagai input dan melakukan ekstraksi fitur visual secara otomatis melalui jaringan

convolutional. Fitur yang diperoleh kemudian digunakan untuk menentukan kelas spesies bakteri. Pada penelitian ini, lapisan klasifikasi akhir disesuaikan dengan jumlah kelas pada *dataset*, yaitu enam kelas bakteri.

D. Evaluasi dan Analisis 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* [24]. Selain itu, penelitian ini juga mengukur efisiensi dari model-model tersebut, seperti *Latency*, FLOPs, dan total Parameter [4].

Tabel 2. Pengukuran kinerja model

Metrik	Formula/ Description
Accuracy	$\frac{TP + TN}{TN + FP + TP + FN}$
Precision	$\frac{TP}{TP + FP}$
Recall	$\frac{TP}{TP + FN}$
F1 Score	$2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$
Latency	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.
Parameters	Total jumlah parameter yang dapat dilatih (misalnya bobot dan bias) dalam model. Metrik ini menunjukkan ukuran dan kapasitas model.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Detail Pengujian

Pelatihan model dilakukan menggunakan Python versi 3.10.12 dengan pustaka PyTorch versi 2.0.0 pada lingkungan komputasi lokal yang dilengkapi akselerator GPU NVIDIA GeForce RTX 4060.

Konfigurasi komputasi yang digunakan terdiri atas sistem operasi Windows 11 64-bit, prosesor Intel Core i9 generasi ke-14, dan RAM sebesar 32 GB.

Tabel 3. Nilai Hyperparameter

Hyperparameter	Values
Resolution	224 × 224
Augmentation	Zoom crop 300–700 px
Schedule length	500 epochs
Optimizer	Adam
Initial learning rate	0.001
Momentum (Adam β_1)	0.9 ($\beta_2 = 0.999$)
Batch size	32
Patience	20 epochs (early stopping)
Loss	Cross-Entropy

Seluruh model dilatih menggunakan resolusi masukan sebesar 224 × 224 piksel. Pelatihan dilakukan dengan jumlah maksimum 100 *epoch* menggunakan optimizer Adam dengan learning rate awal sebesar 1×10^{-3} dan parameter moment bawaan Adam ($\beta_1 = 0,9$ dan $\beta_2 = 0,999$; istilah momentum dalam konteks ini merujuk pada β_1). Ukuran *mini-batch* ditetapkan sebesar 32. Seluruh konfigurasi eksperimen dirangkum pada Tabel 3.

B. Pengujian dan Pembahasan

Evaluasi model EfficientNet-Lite0 dilakukan menggunakan skema 5-fold *cross-validation*. Pembagian data dilakukan menjadi lima *subset*, dengan setiap *subset* secara bergantian digunakan sebagai data validasi, sedangkan *subset* lainnya digunakan sebagai data pelatihan. Augmentasi citra diterapkan hanya pada data pelatihan sehingga citra pada *subset* validasi digunakan dalam kondisi tanpa augmentasi dari proses pelatihan. Skema tersebut digunakan untuk mengevaluasi konsistensi kemampuan model pada beberapa konfigurasi pembagian data.

Hasil evaluasi menunjukkan bahwa model memperoleh performa yang identik pada seluruh lima *fold*. *Accuracy*, *precision*, *recall*, dan F1-score mencapai 100% pada masing-masing *fold*. Dengan demikian, tidak ditemukan variasi performa antar-*fold* dan seluruh citra pada *subset* validasi pada masing-masing *fold* dapat diklasifikasikan ke kelas yang sesuai.

Tabel 4. Hasil 5-fold *cross-validation* EfficientNet-Lite0

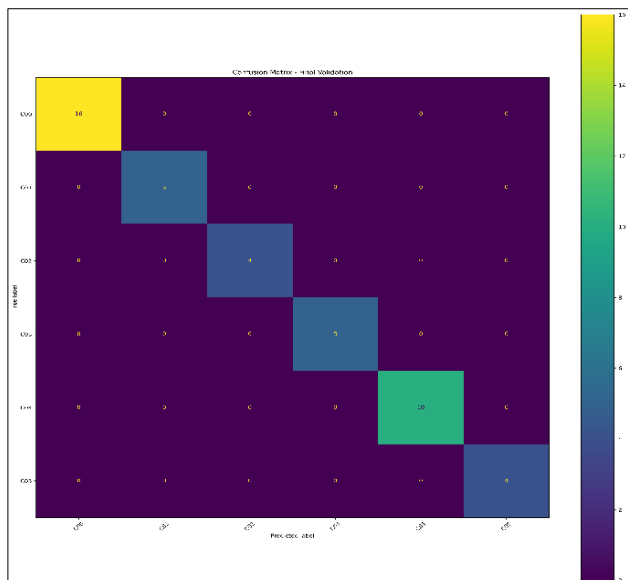
Model	Accuracy	Precision	Recall	F1 Macro
Fold 1	100 %	100 %	100 %	100 %
Fold 2	100 %	100 %	100 %	100 %
Fold 3	100 %	100 %	100 %	100 %
Fold 4	100 %	100 %	100 %	100 %
Fold 5	100 %	100 %	100 %	100 %
Rata-rata	100 %	100 %	100 %	100 %
SD	0,00 %	0,00 %	0,00 %	0,00 %

Hasil pada Tabel 4 memperlihatkan bahwa perubahan *subset* validasi tidak menyebabkan perubahan terhadap kinerja model. Nilai *accuracy* sebesar 100% menunjukkan bahwa seluruh citra validasi pada setiap *fold* memperoleh prediksi yang sesuai dengan label sebenarnya. Kondisi tersebut secara langsung menghasilkan nilai *precision* dan *recall* sebesar 100%, sehingga F1-score juga mencapai 100%. Oleh karena itu, keempat metrik tersebut tidak perlu diperlakukan sebagai empat temuan yang berbeda, tetapi dapat dipahami sebagai konsekuensi dari tidak ditemukannya kesalahan klasifikasi pada seluruh *fold*.

Nilai standar deviasi sebesar 0 pada seluruh metrik memperlihatkan bahwa performa model tidak mengalami variasi antar-*fold* pada eksperimen ini. Temuan tersebut menunjukkan konsistensi hasil validasi internal. Dengan kata lain, perubahan data yang digunakan sebagai *subset* validasi pada skema 5-fold tidak menghasilkan perubahan terhadap hasil klasifikasi.

Konsistensi tersebut menjadi lebih penting karena jumlah citra pada setiap kelas tidak sepenuhnya sama.

Sebagai contoh, pada salah satu *subset* validasi yang ditunjukkan pada *Fold 2*, jumlah citra terdiri atas 16 citra *Bacillus cereus*, 5 citra *Clostridium perfringens*, 4 citra *Escherichia coli*, 5 citra *Listeria monocytogenes*, 10 citra *Salmonella typhimurium*, dan 4 citra *Staphylococcus aureus*. Seluruh citra tersebut diklasifikasikan dengan benar.



Gambar 6. Confusion matrix EfficientNet-Lite0 pada *Fold 2*

Confusion matrix pada *Fold 2* (Gambar 6) dapat digunakan sebagai representasi visual hasil klasifikasi. Matriks menunjukkan bahwa seluruh prediksi berada pada diagonal utama dan tidak terdapat nilai pada posisi di luar diagonal. Hal tersebut menunjukkan bahwa tidak terdapat pertukaran prediksi antar keenam kelas yang digunakan dalam penelitian, yaitu *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella typhimurium*, dan *Staphylococcus aureus*.

Tidak ditemukannya *misclassification* juga menyebabkan tidak terdapat pola *confusion* tertentu yang dapat dianalisis. Misalnya, tidak terdapat pasangan kelas yang menunjukkan kecenderungan model untuk menukar satu kelas dengan kelas lainnya. Demikian pula, tidak terdapat *failure case* pada *subset* validasi yang dievaluasi. Dengan demikian, pembahasan mengenai kesalahan klasifikasi tidak diarahkan pada jenis kesalahan tertentu, tetapi pada konsistensi model dalam menghasilkan prediksi yang sesuai pada data validasi.

Hasil tersebut juga menunjukkan bahwa performa 100% tidak hanya muncul pada satu pembagian data. Kelima *fold* memberikan hasil yang sama, sehingga temuan utama dari eksperimen ini bukan sekadar nilai *accuracy* yang tinggi, tetapi konsistensi performa model terhadap variasi pembagian *dataset* yang digunakan dalam 5-fold *cross-validation*.

Meskipun seluruh *fold* menghasilkan akurasi 100%, hasil tersebut perlu diinterpretasikan dengan mempertimbangkan karakteristik visual *dataset*. Seperti ditunjukkan pada Gambar 2, terdapat perbedaan distribusi warna dan kepadatan sel antara beberapa citra *dataset* primer dan sekunder. Warna ungu atau merah muda yang tampak pada sebagian citra terutama berkaitan dengan

karakteristik pewarnaan dan kepadatan bakteri, bukan perbedaan warna latar secara langsung. Namun, karakteristik visual tersebut berpotensi menjadi *visual cue* yang dimanfaatkan model sebagai *shortcut learning*, bukan semata-mata fitur morfologi bakteri. Oleh karena itu, akurasi 100% menunjukkan performa pada *dataset* dan kondisi eksperimen yang digunakan, tetapi belum secara langsung membuktikan bahwa model sepenuhnya mengandalkan fitur morfologi bakteri.

Interpretasi tersebut juga perlu mempertimbangkan keterbatasan jumlah data validasi, yaitu 44 citra pada setiap *fold*, dengan beberapa kelas hanya terdiri atas 4 citra. Meskipun hasil 5-fold *cross-validation* menunjukkan performa yang konsisten dengan standar deviasi 0%, jumlah sampel yang terbatas tetap membatasi cakupan generalisasi hasil penelitian. Dengan demikian, performa 100% yang diperoleh perlu dipahami dalam konteks *dataset* dan kondisi pencitraan yang digunakan, sehingga pengujian pada jumlah data yang lebih besar serta *dataset* eksternal dengan karakteristik yang lebih beragam diperlukan untuk mengonfirmasi kemampuan generalisasi model.

Selain aspek ketepatan klasifikasi, evaluasi dilakukan terhadap karakteristik komputasi model. Hasil pengukuran pada konfigurasi pengujian menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 memiliki 3.378.694 parameter atau sekitar 3,38 juta parameter dengan kompleksitas komputasi sebesar 397,45 MFLOPs. *Latency* yang diperoleh adalah 4,31 ms per citra (Tabel 5).

Tabel 5. Karakteristik komputasi EfficientNet-Lite0

Parameter	Values
Parameters	3.378.694 (3,38 M)
FLOPs	397,45 MFLOPs
Latency	4,31 ms/citra

Nilai *latency* sebesar 4,31 ms/citra menunjukkan bahwa pada konfigurasi pengujian yang digunakan, proses inferensi dapat dilakukan dengan waktu yang singkat. Namun, nilai tersebut merupakan hasil pengukuran pada lingkungan eksperimen penelitian sehingga digunakan untuk menggambarkan karakteristik model pada kondisi pengujian tersebut, bukan sebagai nilai waktu inferensi yang berlaku secara umum untuk semua perangkat.

Secara keseluruhan, eksperimen menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 mampu mengklasifikasikan keenam kelas bakteri dengan hasil yang konsisten pada seluruh skema 5-fold *cross-validation*. Tidak terdapat kesalahan klasifikasi pada *subset* validasi yang dievaluasi, sehingga seluruh metrik klasifikasi mencapai 100% pada kelima *fold*. Konsistensi tersebut diperkuat oleh nilai standar deviasi 0 pada *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score*. Pada saat yang sama, model memiliki 3,38 juta parameter, 397,45 MFLOPs, dan *latency* 4,31 ms/citra pada konfigurasi pengujian.

Dengan demikian, temuan utama penelitian ini adalah bahwa pada *dataset* dan skema evaluasi yang digunakan, EfficientNet-Lite0 menghasilkan klasifikasi yang konsisten tanpa kesalahan pada seluruh *fold* validasi. Hasil tersebut memberikan bukti bahwa model dapat

mempertahankan kinerja yang sama ketika *subset* validasi diubah dalam skema *5-fold cross-validation*. Namun, konsistensi tersebut perlu diinterpretasikan dengan mempertimbangkan karakteristik visual dan jumlah data yang digunakan, termasuk potensi *visual cue* yang dapat memengaruhi proses pembelajaran model serta keterbatasan jumlah citra validasi. Oleh karena itu, interpretasi hasil tetap ditempatkan pada ruang lingkup *dataset* dan prosedur eksperimen yang digunakan. Dengan demikian, nilai 100% diposisikan sebagai hasil empiris dari evaluasi yang dilakukan, bukan sebagai pernyataan bahwa model secara umum akan selalu mencapai performa sempurna pada seluruh data atau kondisi pengambilan citra.

IV. KESIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 mampu melakukan klasifikasi citra enam spesies bakteri patogen, yaitu *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella typhimurium*, dan *Staphylococcus aureus*, dengan kinerja yang sangat tinggi pada *dataset* penelitian.

Model mencapai *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score* sebesar 100% tanpa kesalahan klasifikasi pada data validasi. Selain itu, model memiliki 3.378.694 *parameter*, kompleksitas 397,45 MFLOPs, dan *latency* 4,31 ms per citra. Hasil ini menunjukkan bahwa EfficientNet-Lite0 berpotensi digunakan untuk klasifikasi bakteri berbasis citra pada kondisi dan *dataset* yang digunakan dalam penelitian.

Namun, hasil tersebut masih terbatas pada karakteristik *dataset* dan kondisi pencitraan yang digunakan, sehingga kemampuan generalisasi model terhadap data dengan karakteristik yang berbeda belum dapat dipastikan. Oleh karena itu, penelitian selanjutnya disarankan menggunakan jumlah citra yang lebih besar serta *dataset* eksternal dengan kondisi pencitraan yang lebih beragam untuk mengevaluasi kemampuan generalisasi model.

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 2026.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] 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.
- [2] A. H. Havelaar *et al.*, "World Health Organization Global Estimates and Regional Comparisons of the Burden of Foodborne Disease in 2010," *PLoS Med.*, vol. 12, no. 12, p. e1001923, Dec. 2015, doi: 10.1371/journal.pmed.1001923.
- [3] S. Nath, "Advancements in food quality monitoring: integrating biosensors for precision detection," *Sustainable Food Technol.*, vol. 2, no. 4, pp. 976–992, 2024, doi: 10.1039/D4FB00094C.
- [4] 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.
- [5] B. Zieliński, A. Plichta, K. Misztal, P. Spurek, M. Brzychczy-Włoch, and D. Ochońska, "Deep learning approach to bacterial colony classification," *PLoS ONE*, vol. 12, no. 9, pp. 1–14, Sep. 2017, doi: 10.1371/journal.pone.0184554.
- [6] D. A. Rusmawati, I. Ariawan, and A. Firmanda, "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.
- [7] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, "ImageNet classification with deep convolutional neural networks," *Commun. ACM*, vol. 60, no. 6, pp. 84–90, May 2017, doi: 10.1145/3065386.
- [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] A. Ferrari, S. Lombardi, and A. Signoroni, "Bacterial colony counting with Convolutional Neural Networks in Digital Microbiology Imaging," *Pattern Recognition*, vol. 61, pp. 629–640, Jan. 2017, doi: 10.1016/j.patcog.2016.07.016.
- [10] O. F. Nasip and K. Zengin, "Deep Learning Based Bacteria Classification," in *2018 2nd International Symposium on Multidisciplinary Studies and Innovative Technologies (ISMSIT)*, Ankara: IEEE, Oct. 2018, pp. 1–5, doi: 10.1109/ISMSIT.2018.8566685.
- [11] M. Talo, "An Automated Deep Learning Approach for Bacterial Image Classification," 2019, doi: 10.48550/ARXIV.1912.08765.
- [12] M. A. Elaziz, K. M. Hosny, A. A. Hemedan, and M. M. Darwish, "Improved recognition of bacterial species using novel fractional-order orthogonal descriptors," *Applied Soft Computing*, vol. 95, p. 106504, Oct. 2020, doi: 10.1016/j.asoc.2020.106504.
- [13] R. Gallardo García, S. Jarquín Rodríguez, B. Beltrán Martínez, C. Hernández Gracidas, and R. Martínez Torres, "Efficient deep learning architectures for fast identification of bacterial strains in resource-constrained devices," *Multimed Tools Appl.*, vol. 81, no. 28, pp. 39915–39944, Nov. 2022, doi: 10.1007/s11042-022-13022-8.
- [14] 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.
- [15] B. A. Mohamed and H. M. Afify, "Automated classification of Bacterial Images extracted from Digital Microscope via Bag of Words Model," in *2018 9th Cairo International Biomedical Engineering Conference (CIBEC)*, Cairo, Egypt: IEEE, Dec. 2018, pp. 86–89, doi: 10.1109/CIBEC.2018.8641799.
- [16] D.-T. Mai and K. Ishibashi, "Small-Scale Depthwise Separable Convolutional Neural Networks for Bacteria Classification," *Electronics*, vol. 10, no. 23, p. 3005, Dec. 2021, doi: 10.3390/electronics10233005.
- [17] I. Ariawan, M. A. Ghiffari, F. D. Herdiani, and D. A. Rusmawati, "Model Deep Learning Ringan untuk Klasifikasi Bakteri Menggunakan MNASNet," *Simtek: j. sist. inf. dan Teknik komp'ut.*, vol. 10, no. 2, pp. 514–520, Oct. 2025, doi: 10.51876/simtek.v10i2.1678.
- [18] M. A. Ghiffari, F. Dolis Herdiani, I. Ariawan, and D. A. Rusmawati, "Comparative Analysis of Lightweight Vision Transformers and CNNs for Efficient Bacterial Species Classification," *SAUCIS*, vol. 9, no. 1, pp. 105–118, Mar. 2026, doi: 10.35377/saucis...1777006.
- [19] M. Tan and Q. V. Le, "EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks," 2019, doi: 10.48550/ARXIV.1905.11946.
- [20] M. T. Bukhari, "Efficacy of lightweight Vision Transformers in diagnosis of pneumonia," Oct. 24, 2024, *Radiology and Imaging*, doi: 10.1101/2024.10.24.24316057.
- [21] M. Muhammad and I. Susilawati, "Model CNN Berbasis Efficientnet-Lite untuk Deteksi Retinopati Diabetik Menggunakan Tensorflow Lite," *jati*, vol. 9, no. 5, pp. 8754–8761, Jul. 2025, doi: 10.36040/jati.v9i5.15192.
- [22] M. K. Mutawalli, S. B. Vanjale, N. S. Patil, S. C. Sethi, R. K. Tare, and V. J. Jadhav, "Optimizing EfficientNet-Lite with Quantization-Aware Training for Lightweight Plant Disease Detection," in *2026 13th International Conference on Computing for Sustainable Global Development (INDIACom)*, New Delhi, India: IEEE, Apr. 2026, pp. 1–7, doi: 10.23919/INDIACom70271.2026.11525635.

- [23] P. Upadhyay, B. Garg, A. Tyagi, and A. Tyagi, "Face Recognition Using EfficientNet," in *Proceedings of International Conference on Recent Trends in Computing*, vol. 600, R. P. Mahapatra, S. K. Peddoju, S. Roy, and P. Parwekar, Eds., in Lecture Notes in Networks and Systems, vol. 600. , Singapore: Springer Nature Singapore, 2023, pp. 679–692. doi: 10.1007/978-981-19-8825-7_58.
- [24] 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.