

Analisis Sel Darah Putih dengan Pendekatan Bioinformatika menggunakan Arsitektur MobileNetV2

Dimas Febri Kuncoro ¹⁾, Rian Ardianto ²⁾

¹⁾²⁾ Program Studi Informatika, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Harapan Bangsa
¹⁾dimasfebry9@gmail.com ²⁾rianardianto@uhb.ac.id

ABSTRACT

The identification and classification of white blood cells have become important in medical image analysis for disease diagnosis and health monitoring. Traditional classification methods often consume time and are less reliable. Based on these issues, this study aims to implement a Convolutional Neural Network (CNN) with the MobileNetV2 architecture in the classification of white blood cells to improve efficiency and accuracy. This research method emphasizes the use of the MobileNetV2 architecture in CNN. The training process is conducted using Google Colaboratory with the aid of TensorFlow. Model evaluation is carried out using various standard metrics, including accuracy, precision, recall, and F1-score. The results of the study show that the implementation of CNN with the MobileNetV2 architecture produces an efficient and accurate white blood cell classification model. Through a training process with 15 epochs, the model achieved a high accuracy rate and a low error rate. The accuracy rate in this study indicated an accuracy result of 94.8%. The model evaluation demonstrated good performance in classifying different types of white blood cells, as shown by the evaluation metrics and the confusion matrix. This model implementation has great potential to be used in medical image analysis for efficient and accurate disease diagnosis and health monitoring.

Keywords: White Blood Cell Classification, Convolutional Neural Network, MobileNetV2

ABSTRAK

Pengenalan dan klasifikasi sel darah putih menjadi penting dalam analisis citra medis untuk diagnosis penyakit dan pemantauan kesehatan. Dalam perkembangannya metode klasifikasi tradisional sering kali memakan waktu dan kurang dapat diandalkan. Berdasarkan permasalahan tersebut, penelitian ini bertujuan untuk mengimplementasikan Convolutional Neural Network (CNN) dengan arsitektur MobileNetV2 dalam klasifikasi sel darah putih untuk meningkatkan efisiensi dan akurasi. Metode penelitian ini menekankan penggunaan arsitektur MobileNetV2 dalam CNN. Proses training dilakukan menggunakan Google Colaboratory dengan bantuan TensorFlow. Evaluasi model dilakukan menggunakan berbagai metrik standar, termasuk akurasi, presisi, recall, dan F1-score. Hasil penelitian menunjukkan bahwa implementasi CNN dengan arsitektur MobileNetV2 menghasilkan model klasifikasi sel darah putih yang efisien dan akurat. Melalui proses training dengan 15 epoch, model mencapai tingkat akurasi yang tinggi dan tingkat kesalahan yang rendah. Tingkat akurasi dalam penelitian ini menunjukkan hasil akurasi dengan nilai 94,8 %. Evaluasi model menunjukkan performa yang baik dalam mengklasifikasikan jenis-jenis sel darah putih, seperti yang ditunjukkan oleh hasil metrik evaluasi dan confusion matrix. Implementasi model ini memiliki potensi besar untuk digunakan dalam analisis citra medis untuk diagnosis penyakit dan pemantauan kesehatan secara efisien dan akurat.

Kata kunci: Klasifikasi Sel Darah Putih, Convolutional Neural Network, MobileNetV2

I. PENDAHULUAN

Darah adalah jaringan ikat yang terdiri dari sel-sel khusus yang tersuspensi dalam media cair yang disebut plasma. Komponen seluler darah terdiri dari tiga jenis sel: sel darah merah (eritrosit), sel darah putih (leukosit) dan platelet (trombosit). Kelompok-

kelompok ini dapat dibedakan berdasarkan warna, tekstur, ukuran, dan morfologi nukleus dan sitoplasma [1]. Sistem pertahanan tubuh sangat bergantung pada sensitivitas sel darah putih (leukosit) untuk mendeteksi agen infeksi. Sel-sel penting ini memainkan peran penting dalam melindungi tubuh dari berbagai penyakit. Mereka mencapai hal ini

dengan menghasilkan fagosit dan memproduksi antibodi, yang secara efektif memerangi mikroorganisme penyebab infeksi, sel tumor, dan zat asing berbahaya [2]. Sistem kekebalan terdiri dari dua jenis sel darah putih, yaitu granulosit (neutrofil, eosinofil, dan basofil) dan agranulosit (limfosit dan monosit). Neutrofil, eosinofil, basofil, dan monosit merupakan bagian dari sistem imun nonspesifik, sedangkan limfosit merupakan bagian dari sistem imun spesifik. Basofil terlibat dalam respons inflamasi, eosinofil merespons penyakit parasit dan alergi, neutrofil memberikan pertahanan nonspesifik awal terhadap infeksi bakteri, dan limfosit menghasilkan antibodi yang bersirkulasi dalam darah atau sistem kekebalan seluler. Monosit, setelah memasuki jaringan, mengalami pematangan menjadi makrofag [3].

Bioinformatika adalah bidang keilmuan baru dan berkembang dengan cepat menjadi terkenal sebagai kekuatan pendorong di balik penelitian biologi saat ini yang menggabungkan teknik komputer, matematika, dan statistik untuk mengambil dan menganalisis data biologis. Pengumpulan, pengorganisasian, penyimpanan, dan pengelolaan data biologis adalah bagian dari bioinformatika. Para peneliti dan cendekiawan di seluruh dunia dapat mengakses database untuk mempelajari informasi umum dan mengirimkan informasi baru [4]. Dengan pertumbuhannya yang cepat, bioinformatika adalah salah satu bidang ilmu komputer dan biologi yang paling cepat berkembang [5]. Paulen Hogeweg pertama kali mengembangkan ilmu bioinformatika pada tahun 1979 sebagai ilmu yang mempelajari tentang proses informasi pada sistem biotik [6]. Tujuan utamanya adalah untuk mendukung proses biologi, tetapi juga dapat digunakan untuk memecahkan masalah manusia [7].

Setelah dimulainya proyek genom manusia dan munculnya pengurutan generasi berikutnya, para ilmuwan memerlukan alat untuk menyimpan, mengelola, menganalisis, dan menafsirkan data yang jumlahnya semakin meningkat. Alat bioinformatika didasarkan pada pendekatan algoritmik yang berbeda dan berkisar dari baris perintah hingga aplikasi desktop tingkat lanjut. Alat ini dikembangkan untuk membantu dalam prediksi struktur tiga dimensi dan simulasi interaksi protein, RNA, DNA, Sel, dan biomolekuler [8], [9], [10]. Para tenaga medis profesional melakukan pengujian di laboratorium dengan menggunakan mikroskop secara manual untuk menghitung jumlah sel darah. Dalam penerapannya pengujian manual memakan waktu dan melelahkan sekalipun bagi tenaga medis profesional. Tantangan lain yaitu perhitungan manual kurang dapat diandalkan dikarenakan banyaknya jumlah sel darah pada sampel yang perlu dihitung [11].

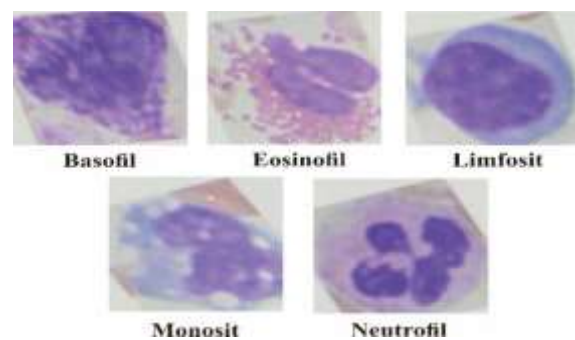
Convolutional Neural Network telah berhasil diterapkan dalam beberapa tugas pengenalan visual. Karena kemampuannya yang luar biasa dalam mempelajari dan mengekstraksi fitur, Convolutional Neural Network telah menjadi pendekatan umum dalam menangani analisis citra medis. Convolutional Neural Network yang terlatih dapat menangkap informasi yang lebih berguna dan mendeteksi serta mengklasifikasikan objek pada gambar masukan dengan lebih baik dibandingkan metode pemrosesan gambar tradisional. Dalam penerapannya Convolutional Neural Networks dapat dengan mudah diintegrasikan ke dalam sistem informasi dan telah diadopsi secara luas dalam pemrosesan informasi big data [12].

Penelitian terkait dengan analisis sel darah putih menggunakan metode Convolutional Neural Network pada umumnya telah dilakukan oleh beberapa peneliti sebelumnya. Penelitian dengan judul A Deep Learning-based Convolutional Neural Networks Model for White Blood Cell Classification dengan menggunakan metode CNN menghasilkan akurasi 88.78% [13], dan Penelitian dengan judul Transfer Learning-based Feature Fusion of White Blood Cell Image Classification dengan menggunakan metode Feature Fusion and CNN menghasilkan akurasi 89.75% [14].

Fokus utama dari penelitian ini adalah mengklasifikasikan sel darah putih menjadi Neutrofil, Eosinofil, Monosit, Basofil, dan Limfosit yang merupakan kesulitan yang sering terjadi pada sebagian besar klasifikasi sel darah secara tradisional. Metode Convolutional Neural Network dengan arsitektur MobileNetV2 sebagai metode yang digunakan dalam penelitian ini. Dengan usulan metode ini diharapkan dapat dikembangkan dalam penerapan perhitungan sel darah putih.

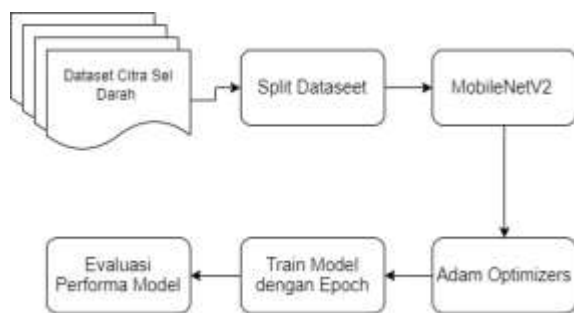
II. METODE

Gambar sel darah putih yang digunakan dalam penelitian ini dikumpulkan dari kumpulan data terbuka Kaggle. Dataset tersebut memiliki 3.500 gambar, terdiri dari 700 Eosinofil, 700 Limfosit, 700 Monosit, 700 Basofil, dan 700 Limfosit. Gambar 1 menyajikan contoh gambar sel darah putih dari masing-masing jenis yang digunakan dalam penelitian ini.



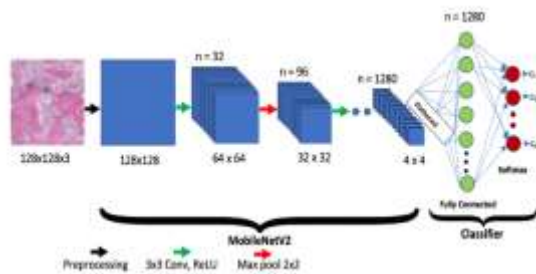
Gambar 1. Dataset Sel Darah Putih

Selanjutnya metode yang diusulkan didasarkan pada arsitektur CNN dengan model MobileNetV2 dan adam optimizers. MobileNetV2 adalah modifikasi pertama dari MobileNet. Perbedaan mendasar antara arsitektur MobileNetV2 dan arsitektur CNN pada umumnya adalah penggunaan lapisan atau convolution layer dengan ketebalan filter yang sesuai dengan ketebalan dari input image. Pemilihan metode CNN dengan arsitektur MobileNetV2 dalam penelitian ini didasari pada efektifitas metode dalam pemanfaatan resource yang tidak terlalu berat dan bisa menghasilkan akurasi yang maksimal berdasarkan hasil dari penelitian-penelitian sebelumnya[15] [16]. Model pada penelitian ini disimulasikan di Google Colaboratory dengan Python, seperti terlihat pada Gambar 2.



Gambar 2. Alur Arsitektur MobileNetV2

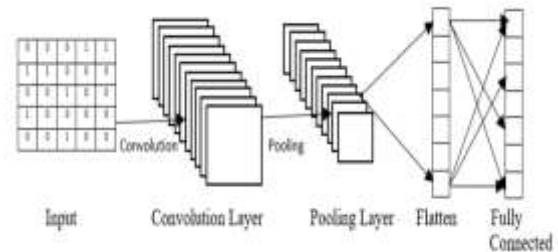
Model ini merupakan versi terbaru MobileNet yang ditujukan untuk digunakan pada perangkat seluler dengan daya komputasi terbatas. MobileNetV2 (Gambar 3) menggunakan teknik yang disebut residu terbalik yang memungkinkan model menggabungkan informasi dari lapisan yang terhubung dengannya dan meningkatkan akurasi. Model ini juga menggunakan teknik yang disebut linear bottleneck yang meningkatkan efisiensi komputasi dengan mengurangi jumlah parameter yang harus dioptimalkan. MobileNetV2 telah terbukti efektif dalam beberapa tugas pembelajaran mesin, termasuk klasifikasi gambar dan deteksi objek.



Gambar 3. Arsitektur MobileNetV2[17]

Convolutional Neural Network (CNN) adalah algoritma pembelajaran mendalam yang digunakan untuk memproses data masukan gambar, menentukan pentingnya berbagai bagian gambar (bobot dan bias yang dapat dipelajari) dan berfungsi untuk

membedakan objek satu dengan objek lainnya. CNN adalah jenis arsitektur neural network yang biasa digunakan dalam data gambar. CNN terdiri dari dua lapisan arsitektur, yaitu feature learning dan classification layer. Contoh arsitektur CNN ditunjukkan pada gambar 4.



Gambar 4. Arsitektur Convolutional Neural Network [18]

Pada bagian feature learning, terdapat lapisan yang berguna untuk menerima input gambar diawal dan memprosesnya sampai menghasilkan output data. Lapisan dari proses ini terdiri dari lapisan konvolusi dan lapisan pooling, dimana setiap proses lapisan tersebut akan menghasilkan feature maps berupa angka-angka yang merepresentasikan gambar untuk kemudian diteruskan pada bagian lapisan klasifikasi.

Pada lapisan classification, terdiri dari beberapa lapisan yang berisi neuron yang terhubung penuh (fully connected) dengan lapisan lain. Lapisan ini menerima input dari output layer bagian feature learning yang kemudian diproses pada flatten dengan tambahan beberapa hidden layer pada fully connected hingga menghasilkan output berupa akurasi klasifikasi dari setiap kelas.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini menggunakan dataset terbuka untuk dianalisis yang diambil dari platform Kaggle. Kumpulan dataset terbuka berjudul BCCD White Blood Cell Images (<https://www.kaggle.com/datasets/brikwerk/bccd-white-blood-cell>) [19]. Dataset ini terdiri dari 3500 gambar yang terdiri dari 5 kelas.

Tahap selanjutnya adalah membuat model Convolutional Neural Network. Seluruh model yang digunakan dalam penelitian ini ditulis dalam Bahasa pemrograman python melalui Google Colaboratory. Penulisan kode pada penelitian ini juga membutuhkan beberapa package library untuk mempermudah proses komputasi yakni dengan Tensorflow, dan package library untuk proses visualisasi data dengan matplotlib. Tensorflow adalah antarmuka yang digunakan untuk mengekspresikan algoritma pembelajaran mesin dan menjalankan perintah berdasarkan data yang terdapat pada objek yang dapat dikenali atau objek yang dapat membedakan satu objek dari objek lainnya [20]. Pustaka Matplotlib adalah pustaka Python yang

menangani pembuatan plot seperti menggambar, mengedit, menyimpan, dan proses lainnya [21].

Pada penelitian ini, kami menerapkan pendekatan bioinformatika untuk menganalisis sel darah putih menggunakan arsitektur MobileNetV2. MobileNetV2 merupakan evolusi dari versi sebelumnya menggunakan teknik depthwise separable convolution (DSP). Tujuannya adalah menghasilkan jaringan neural network yang ringan dengan cara mengurangi parameter [22]. Kami melakukan pelatihan model menggunakan dataset sel darah putih yang telah dikumpulkan sebelumnya. Proses pelatihan dilakukan dengan membagi dataset secara keseluruhan menjadi data training dan data testing, dengan komposisi data training 80% dan data testing 20%. Data training digunakan untuk melatih mesin agar dapat mengenali pola, sedangkan data testing digunakan untuk menguji kinerja mesin tersebut. Dalam penelitian ini, pembagian data didasarkan pada Prinsip Pareto atau aturan 80/20. Prinsip ini menyatakan bahwa 80% dari hasil berasal dari 20% penyebab [23]. Setelah pelatihan selesai, kami mengevaluasi kinerja model dengan berbagai metrik. Berikut adalah ringkasan dari arsitektur MobileNetV2 yang kami gunakan dalam penelitian ini :

```

Model: "sequential"
Layer (type)                Output Shape              Param #
-----
mobilenetv2_1.00_224 (Func  (None, 7, 7, 1280)      2257984
tional)
-----
global_average_pooling2d (  (None, 1280)            0
GlobalAveragePooling2D)
-----
dense (Dense)                (None, 128)              163968
-----
dense_1 (Dense)              (None, 5)                 643
-----
Total params: 2422957 (9.24 MB)
Trainable params: 164633 (643.82 KB)
Non-trainable params: 2257984 (8.61 MB)
None
    
```

Gambar 5. Ringkasan Arsitektur MobileNetV2

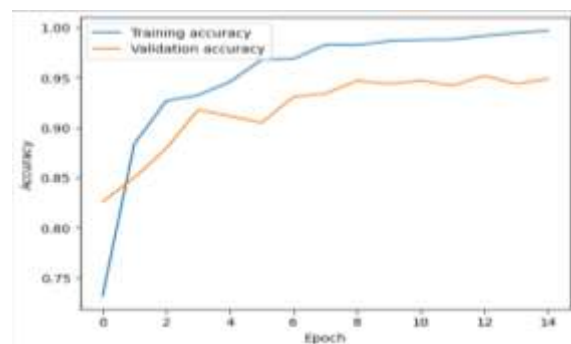
Gambar diatas menjelaskan mengenai arsitektur dari MobileNetV2 yang terdiri dari Layer yang berupa lapisan-lapisan yang digunakan dalam proses training, Output Shape yang berupa output dari setiap lapisan, dan Parameter yang menunjukkan jumlah parameter yang dapat ditraining untuk setiap lapisan.

Setelah membangun model CNN, tahapan berikutnya adalah proses pelatihan data. Proses pelatihan dilakukan sebanyak 15 epoch. Data pelatihan digunakan untuk melatih model agar dapat mengklasifikasikan gambar dengan baik. Tabel 1 berikut adalah tabel proses training data dengan 15 epoch:

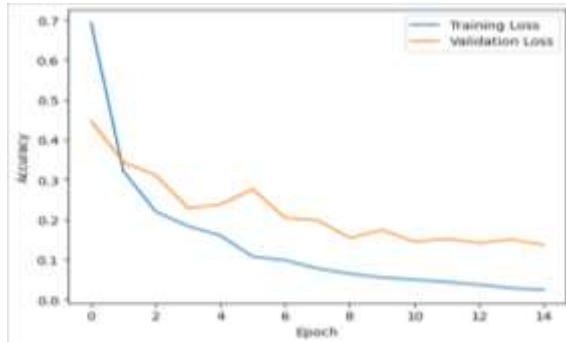
Table 1. Training Data

Epoch	Akurasi (%)		Loss (%)	
	Akurasi	Validasi Akurasi	Loss	Validasi Loss
1	0.7319	0.8258	0.6925	0.4472
2	0.8839	0.8500	0.3217	0.3438
3	0.9266	0.8790	0.2199	0.3115
4	0.9323	0.9177	0.1838	0.2288
5	0.9456	0.9113	0.1602	0.2378
6	0.9677	0.9048	0.1074	0.2764
7	0.9685	0.9306	0.0984	0.2043
8	0.9827	0.9339	0.0779	0.1988
9	0.9823	0.9468	0.0648	0.1544
10	0.9863	0.9435	0.0551	0.1742
11	0.9875	0.9468	0.0501	0.1450
12	0.9879	0.9419	0.0439	0.1522
13	0.9915	0.9516	0.0371	0.1416
14	0.9944	0.9435	0.0286	0.1505
15	0.9968	0.9484	0.0243	0.1369

Grafik di bawah ini menunjukkan perkembangan tingkat akurasi dan tingkat loss selama proses pelatihan model MobileNetV2. Dari grafik ini dapat dilihat bahwa model berhasil mencapai akurasi yang tinggi sementara tingkat kesalahan (loss) terus menurun seiring dengan jumlah epoch.



Gambar 6. Tingkat Akurasi Training



Gambar 7. Tingkat Kesalahan Training

Setelah pelatihan selesai, kami melakukan evaluasi model menggunakan beberapa metrik standar, mencari nilai akurasi, presisi, recall, F1-score.

Akurasi mengukur seberapa banyak prediksi yang benar dibandingkan dengan total prediksi:

$$Akurasi = \frac{TP + TN}{TP + FP + FN + TN} \quad (1)$$

dimana TP adalah True Positive, TN adalah True Negative, FP adalah False Positive, dan FN adalah False Negative.

Presisi mengukur seberapa banyak dari kelas yang diberi label positif oleh model benar-benar positif.

$$Presisi = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2)$$

Recall mengukur seberapa banyak dari total kelas yang sebenarnya positif ditemukan oleh model.

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3)$$

F1-Score adalah ukuran gabungan dari presisi dan recall, menghasilkan skor keseimbangan antara keduanya.

$$F1-Score = 2 \times \frac{Presisi \times Recall}{Presisi + Recall} \quad (4)$$

Berikut adalah hasil evaluasi model MobileNetV2, menunjukkan hasil akurasi tinggi dengan tingkat akurasi 94.8 % dengan proses training sebanyak 15 epoch :

	precision	recall	f1-score	support
basophil	1.00	1.00	1.00	71
eosinophil	0.86	0.92	0.89	142
lymphocyte	1.00	1.00	1.00	132
monocyte	0.99	0.99	0.99	142
neutrophil	0.92	0.86	0.89	133
accuracy			0.95	620
macro avg	0.95	0.95	0.95	620
weighted avg	0.95	0.95	0.95	620

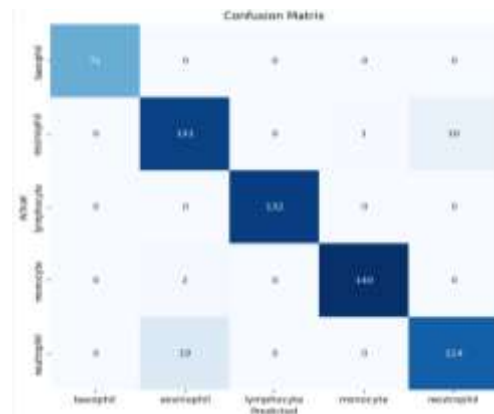
Accuracy: 94.839%

Gambar 8. Hasil Evaluasi Model

Gambar diatas menunjukkan hasil evaluasi performa dari model klasifikasi untuk lima jenis sel

darah putih. Metrik precision menghitung prediksi positif yang benar dari semua prediksi positif untuk setiap kelas. Metrik recall menghitung prediksi positif yang benar dari semua sampel aktual positif untuk setiap kelas. Metrik F1-score menghitung keseimbangan antara precision dan recall, dan support menunjukkan jumlah sampel aktual untuk setiap kelas yang digunakan dalam evaluasi. Hasil evaluasi model secara keseluruhan menunjukkan tingkat akurasi 94.8%.

Confusion matrix di bawah ini menyajikan detail tentang klasifikasi yang dilakukan oleh model MobileNetV2. Confusion matrix adalah metode untuk mengukur kinerja untuk masalah klasifikasi machine learning. Secara umum hasil klasifikasi dapat berupa dua kelas atau lebih. Confusion matrix juga merupakan empat tabel kombinasi berbeda dari nilai prediksi dan nilai aktual [24], [25]. Dari confusion matrix ini, kami dapat mengevaluasi seberapa baik model mengklasifikasikan setiap kelas sel darah putih.



Gambar 9. Confusion Matrix Klasifikasi Sel Darah Putih

IV. KESIMPULAN

Penelitian ini mengusulkan penerapan Convolutional Neural Network (CNN) dengan arsitektur MobileNetV2 dalam klasifikasi sel darah putih. Melalui penggunaan dataset sel darah putih yang dikumpulkan dari Kaggle, model CNN dilatih dan dievaluasi untuk mengklasifikasikan sel darah putih menjadi lima jenis: Neutrofil, Eosinofil, Monosit, Basofil, dan Limfosit. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model yang diusulkan mampu mencapai tingkat akurasi yang tinggi, mencapai 94.8% setelah proses pelatihan sebanyak 15 epoch. Grafik tingkat akurasi dan tingkat kesalahan menunjukkan bahwa model berhasil meningkatkan akurasi seiring dengan jumlah epoch, sementara tingkat kesalahan terus menurun.

Evaluasi model yang telah dibuat dilakukan dengan menggunakan metrik standar seperti akurasi, presisi, recall, dan F1-score. Hasil evaluasi menunjukkan kinerja yang baik dalam mengklasifikasikan sel darah putih, dengan nilai akurasi yang tinggi dan konsisten. Selain itu, confusion matrix memberikan insight tambahan tentang kinerja model dalam mengklasifikasikan setiap jenis sel darah putih.

Confusion matrix menunjukkan bahwa model mampu melakukan klasifikasi dengan baik untuk semua kelas, meskipun terdapat beberapa kesalahan klasifikasi yang terjadi.

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, disarankan pada penelitian selanjutnya untuk dapat menambah jumlah dataset yang digunakan dengan tujuan semakin baik dalam mempelajari citra sel darah putih dan memperoleh hasil yang maksimal. Selain itu, penelitian selanjutnya juga dapat melakukan perbandingan antar berbagai jenis arsitektur dalam CNN agar dapat mengetahui jenis arsitektur yang paling optimal dalam melakukan klasifikasi sel darah putih.

REFERENSI

- [1] Ananta Dwi Prayoga Alwy, Kurnia Prima Putra, Andi Nurul Izzah, Nurul Amanda Pratiwi Hasbullah, Bukhari Naufal Nur Ag, and Muhammad Fajar B, "Penghitungan Jumlah Sel Darah Merah pada Citra Menggunakan Hough Transform," *Journal of Deep Learning, Computer Vision and Digital Image Processing*, pp. 34–40, Mar. 2023, doi: 10.61255/decoding.v1i1.50.
- [2] S. B. Ak, J. Analis, K. Poltekkes, and K. Makassar, "ANALISIS JUMLAH LEUKOSIT DAN JENIS LEUKOSIT PADA INDIVIDU YANG TIDUR DENGAN LAMPU MENYALA DAN YANG DIPADAMKAN," *Jurnal Media Analis Kesehatan*, vol. 1, no. 1, 2018.
- [3] M. Haiti and L. Septie Christyawardani, "Margareta Haiti, Lidwina Septie Ch TEKNIK INVERSI PADA PEMERIKSAAN LEUKOSIT."
- [4] M. A. Rather *et al.*, "Bioinformatics approaches and big data analytics opportunities in improving fisheries and aquaculture," *Int J Biol Macromol*, vol. 233, p. 123549, Apr. 2023, doi: 10.1016/J.IJBIOMAC.2023.123549.
- [5] G. A. Sandag and S. W. Taju, "Bioinformatics Tools for Data Processing and Prediction of Protein Function," *Cogito Smart Journal*, vol. 4, no. 2, pp. 305–315, Jan. 2019, doi: 10.31154/cogito.v4i2.137.305-315.
- [6] I. Yunita, K. Tjandradiredja, and S. Hansun, "Perkembangan Bioinformatics dalam Ruang Lingkup Ilmu Komputer," *Jurnal ULTIMATICS*, vol. 8, no. 1, Mar. 2017, doi: 10.31937/ti.v8i1.505.
- [7] T. S. Famuji, H. Herman, H. Herman, S. Sunardi, and S. Sunardi, "PROSES IMPLEMENTASI BIOINFORMATIKA PADA DIGITALISASI DATA GENETIKA MANUSIA," *Simetris: Jurnal Teknik Mesin, Elektro dan Ilmu Komputer*, vol. 14, no. 1, pp. 1–12, May 2023, doi: 10.24176/simet.v14i1.9064.
- [8] L. Romdhane *et al.*, "The morbid cutaneous anatomy of the human genome revealed by a bioinformatic approach," *Genomics*, vol. 112, no. 6, pp. 4232–4241, Nov. 2020, doi: 10.1016/J.YGENO.2020.07.009.
- [9] F. Pedone, F. Mazzei, and D. Santoni, "A study of the impact of DNA helical rise on protein-DNA interaction," *Genomics*, vol. 111, no. 6, pp. 1620–1628, Dec. 2019, doi: 10.1016/J.YGENO.2018.11.009.
- [10] X. Song *et al.*, "Identification and functional characterization of methyl-CpG binding domain protein from *Tribolium castaneum*," *Genomics*, vol. 112, no. 3, pp. 2223–2232, May 2020, doi: 10.1016/J.YGENO.2019.12.018.
- [11] N. Benarkah, M. F. Naufal, and B. Renatasiva, "YOLOv5 untuk Menghitung Sel Darah Merah dan Sel Darah Putih," *Keluwih: Jurnal Sains dan Teknologi*, vol. 5, no. 1, pp. 10–18, Apr. 2024, doi: 10.24123/saintek.v5i1.6291.
- [12] S.-J. Lee, P.-Y. Chen, and J.-W. Lin, "Complete Blood Cell Detection and Counting Based on Deep Neural Networks," *Applied Sciences*, vol. 12, no. 16, p. 8140, Aug. 2022, doi: 10.3390/app12168140.
- [13] A. Saini, K. Guleria, and S. Sharma, "A Deep Learning-based Convolutional Neural Networks Model for White Blood Cell Classification," in *2023 4th International Conference for Emerging Technology (INCET)*, 2023, pp. 1–5. doi: 10.1109/INCET57972.2023.10170666.
- [14] S. Parayil and J. Aravinth, "Transfer Learning-based Feature Fusion of White Blood Cell Image Classification," in *2022 7th International Conference on Communication and Electronics Systems (ICCES)*, 2022, pp. 1468–1474. doi: 10.1109/ICCES54183.2022.9835815.
- [15] B. Budiman, C. Lubis,) Novario, and J. Perdana, "PENDETEKSIAN PENGGUNAAN MASKER WAJAH DENGAN METODE CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK." [Online]. Available: https://miro.medium.com/max/444/1*gpB2G2JsJ0mk1
- [16] F. Marpaung, N. Khairina, and R. Muliono, "KLASIFIKASI DAUN TEH SIAP PANEN MENGGUNAKAN CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK ARSITEKTUR MOBILENETV2," 2024. [Online]. Available: <https://ejurnal.teknokrat.ac.id/index.php/teknoinfo/index>
- [17] M. Akay *et al.*, "Deep Learning Classification of Systemic Sclerosis Skin Using the

- MobileNetV2 Model,” *IEEE Open J Eng Med Biol*, vol. 2, pp. 104–110, 2021, doi: 10.1109/OJEMB.2021.3066097.
- [18] A. Fauzi Saksenata, A. E. Minarno, and Y. Azhar, “Klasifikasi Citra Sel Darah Untuk Penyakit Malaria Dengan Metode CNN,” *REPOSITOR*, vol. 4, no. 2, pp. 185–194, 2022.
- [19] brikwerk, “<https://www.kaggle.com/datasets/brikwerk/bccd-white-blood-cell>.”
- [20] H. G. GHIFARI, D. DARLIS, and A. HARTAMAN, “Pendeteksi Golongan Darah Manusia Berbasis Tensorflow menggunakan ESP32-CAM,” *ELKOMIKA: Jurnal Teknik Energi Elektrik, Teknik Telekomunikasi, & Teknik Elektronika*, vol. 9, no. 2, p. 359, Apr. 2021, doi: 10.26760/elkomika.v9i2.359.
- [21] M. Zahir and R. Adi Saputra, “DETEKSI PENYAKIT RETINOPATI DIABETES MENGGUNAKAN CITRA MATA DENGAN IMPLEMENTASI DEEP LEARNING CNN,” 2024. [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/datasets/gunavenkatdoddi/eye-diseases-classification>
- [22] W. Hastomo and S. dan Sudjiran, “CONVOLUTION NEURAL NETWORK ARSITEKTUR MOBILENET-V2 UNTUK MENDETEKSI TUMOR OTAK,” *Seminar Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi STI&K (SeNTIK)*, vol. 5, no. 1, 2021.
- [23] “Analisis Sentimen Masyarakat Tentang Pengaruh Politik Identitas Pada Pemilu 2024 Terhadap Toleransi Beragama Menggunakan Metode K - Nearest Neighbor _ Palepa _ JIPI (Jurnal Ilmiah Penelitian dan Pembelajaran Informatika)”.
- [24] R. Tuntun, K. Kusriani, and K. Kusnawi, “Analisis Perbandingan Kinerja Algoritma Klasifikasi dengan Menggunakan Metode K-Fold Cross Validation,” *JURNAL MEDIA INFORMATIKA BUDIDARMA*, vol. 6, no. 4, p. 2111, Oct. 2022, doi: 10.30865/mib.v6i4.4681.
- [25] Y. Jumaryadi, A. Muhammad Ihsan, and B. Priambodo, “KLIK: Kajian Ilmiah Informatika dan Komputer Klasifikasi Jenis Buah-Buahan Menggunakan Citra Digital Dengan Metode Convolutional Neural Networks,” *Media Online*, vol. 4, no. 3, pp. 1737–1746, 2023, doi: 10.30865/klik.v4i3.1421.