

BAB I

PENDAHULUAN

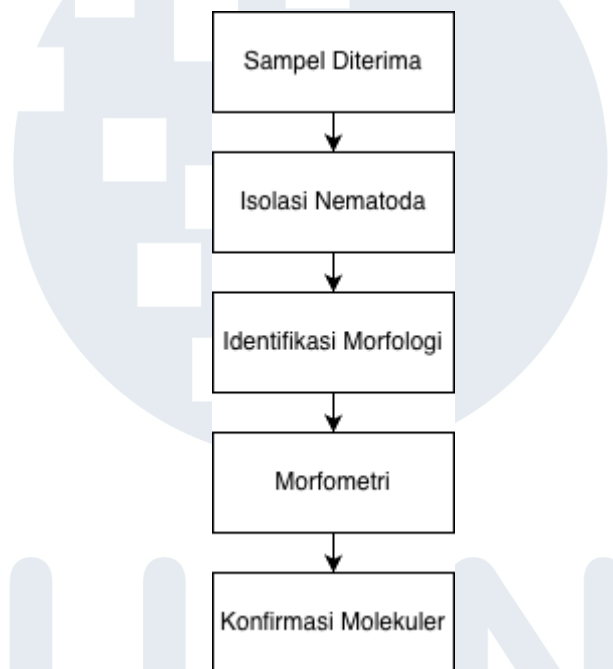
1.1 Latar Belakang Masalah

Identifikasi spesies nematoda merupakan salah satu tahapan penting dalam bidang nematologi karena hasil identifikasi menjadi dasar dalam berbagai kegiatan, seperti penelitian, diagnosis laboratorium, pemetaan distribusi spesies, serta penentuan strategi pengendalian organisme pengganggu tanaman (OPT). Informasi mengenai spesies diperlukan karena setiap spesies nematoda memiliki karakteristik biologis, tanaman inang, tingkat patogenisitas, serta metode pengendalian yang berbeda. Oleh karena itu, proses identifikasi dituntut tidak hanya menghasilkan informasi yang akurat, tetapi juga mampu menyediakan informasi secara tepat waktu agar dapat mendukung kegiatan penelitian maupun diagnosis laboratorium secara efektif [1], [2].

Hingga saat ini, identifikasi spesies nematoda masih didominasi oleh pendekatan morfologi. Pendekatan tersebut dilakukan melalui pengamatan karakter morfologi setiap individu menggunakan mikroskop, kemudian membandingkan karakter yang diamati dengan kunci identifikasi taksonomi untuk menentukan spesiesnya. Beberapa karakter diagnostik yang diamati meliputi bentuk tubuh, bentuk kepala, bentuk ekor, *stylet*, anulasi, posisi vulva, serta berbagai karakter morfologi lainnya yang menjadi pembeda antarspesies. Karena sebagian besar karakter tersebut berukuran sangat kecil, proses identifikasi memerlukan ketelitian, pengalaman, serta kemampuan interpretasi dari ahli nematoda agar spesies dapat ditentukan secara tepat [1]–[3].

Berdasarkan hasil diskusi dengan *stakeholder* penelitian yang merupakan ahli nematoda, proses identifikasi spesies di laboratorium tidak dilakukan hanya melalui satu tahap pengamatan, melainkan melalui serangkaian tahapan

yang saling berkaitan. *Workflow* identifikasi dimulai dari penerimaan sampel, dilanjutkan dengan isolasi nematoda dari substrat berupa tanah maupun akar tanaman, identifikasi morfologi menggunakan mikroskop, pengukuran morfometri, dan apabila diperlukan dilanjutkan dengan konfirmasi menggunakan metode molekuler seperti *Sequence Characterized Amplified Region Polymerase Chain Reaction (SCAR-PCR)* maupun *DNA barcoding*. *Workflow* tersebut merupakan prosedur yang secara umum diterapkan dalam proses identifikasi spesies nematoda dan menjadi dasar dalam menentukan ruang lingkup penelitian ini.



Gambar 1.1 Tahapan proses identifikasi spesies nematoda

Berdasarkan *workflow* tersebut, setiap tahapan memiliki fungsi yang berbeda dalam mendukung proses identifikasi spesies. Tahap isolasi bertujuan memperoleh individu nematoda dari sampel tanah maupun akar tanaman sebelum dilakukan pengamatan lebih lanjut. Selanjutnya, identifikasi morfologi dilakukan untuk mengenali karakter diagnostik yang dimiliki oleh setiap individu. Setelah itu dilakukan pengukuran morfometri

sebagai pendukung proses identifikasi, sedangkan identifikasi molekuler digunakan sebagai tahap konfirmasi apabila diperlukan untuk meningkatkan tingkat keyakinan terhadap hasil identifikasi [1], [2]. Estimasi waktu yang dibutuhkan pada setiap tahapan workflow berdasarkan hasil diskusi dengan *stakeholder* ditunjukkan pada Tabel 1.1.

Tabel 1.1 Estimasi Waktu *Workflow* Identifikasi Spesies

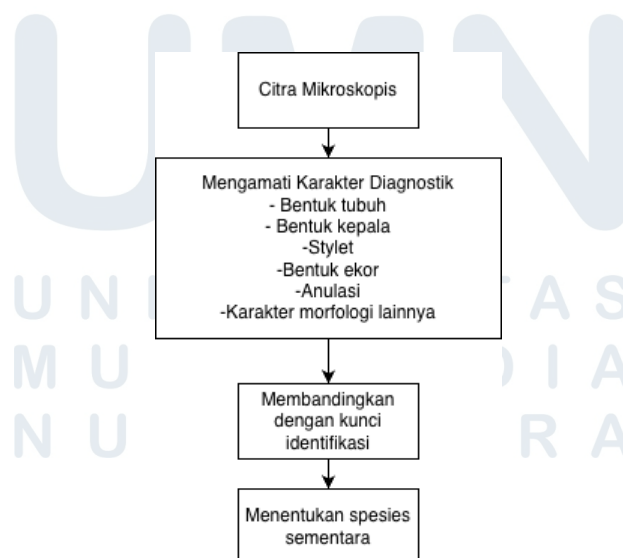
Tahapan	Aktivitas	Estimasi Waktu
Isolasi	Isolasi nematoda dari akar atau tanah	24–48 jam
Identifikasi Morfologi	Pengamatan karakter diagnostik	1 jam/citra
Morfometri	Pengukuran karakter morfologi	1–5 hari
Konfirmasi Molekuler	<i>SCAR-PCR</i>	±1 hari
Konfirmasi Molekuler	<i>DNA Barcoding</i>	±2 minggu

Workflow tersebut menunjukkan bahwa proses identifikasi spesies merupakan rangkaian aktivitas yang saling berkaitan. Setiap tahapan memiliki fungsi yang berbeda dalam mendukung proses identifikasi spesies, mulai dari memperoleh isolat nematoda, mengamati karakter morfologi, melakukan pengukuran morfometri, hingga memperoleh konfirmasi melalui pendekatan molekuler apabila diperlukan. Dengan demikian, identifikasi spesies tidak bergantung pada satu tahapan saja, melainkan merupakan hasil dari keseluruhan workflow identifikasi yang saling mendukung.

Berdasarkan *workflow* identifikasi yang telah dijelaskan, tahap identifikasi morfologi merupakan tahapan yang masih sangat bergantung

pada proses pengamatan visual terhadap setiap individu nematoda. Pada tahap ini, ahli nematoda mengamati berbagai karakter diagnostik menggunakan mikroskop. Karakter yang telah diamati kemudian dibandingkan dengan kunci identifikasi taksonomi untuk menentukan spesies sementara sebelum didukung oleh hasil pengukuran morfometri maupun konfirmasi molekuler apabila diperlukan [1]–[3]. Karena proses identifikasi dilakukan melalui pengamatan terhadap setiap individu secara terpisah, waktu yang dibutuhkan akan meningkat seiring bertambahnya jumlah individu yang harus dianalisis. Kondisi tersebut menjadikan tahap identifikasi morfologi sebagai salah satu tahapan yang perlu memperoleh perhatian dalam upaya meningkatkan efisiensi proses identifikasi spesies.

Berbeda dengan tahapan isolasi maupun konfirmasi molekuler yang mengikuti prosedur laboratorium tertentu, identifikasi morfologi sangat bergantung pada kemampuan ahli dalam mengamati dan menginterpretasikan karakter diagnostik yang dimiliki oleh setiap individu nematoda. Oleh karena itu, proses identifikasi dilakukan secara individual, di mana setiap nematoda harus diamati, dikenali karakter morfologinya, kemudian dibandingkan dengan kunci identifikasi sebelum keputusan mengenai spesies dapat ditentukan.



Gambar 1.2 Tahap Identifikasi Morfologi

Dalam praktik identifikasi di laboratorium, satu populasi nematoda umumnya tidak hanya diwakili oleh satu individu, tetapi terdiri atas sejumlah individu yang perlu diamati untuk memastikan bahwa karakter morfologi yang diperoleh benar-benar merepresentasikan populasi tersebut. Akibatnya, proses pengamatan dan analisis harus dilakukan secara berulang terhadap setiap individu yang diamati. Berdasarkan hasil diskusi dengan *stakeholder*, identifikasi morfologi terhadap sekitar sepuluh individu nematoda umumnya memerlukan waktu sekitar satu hingga tiga hari. Pada kondisi tertentu, satu populasi dapat terdiri atas sekitar dua puluh individu sehingga keseluruhan proses identifikasi morfologi dan morfometri dapat berlangsung hingga sekitar satu minggu sebelum dilanjutkan ke tahap konfirmasi molekuler. Hasil tersebut menunjukkan bahwa lamanya proses identifikasi lebih dipengaruhi oleh banyaknya individu yang harus diamati daripada waktu pengamatan terhadap satu individu.

Kondisi tersebut menunjukkan bahwa ketika jumlah sampel yang harus dianalisis meningkat, waktu yang dibutuhkan pada tahap identifikasi morfologi juga meningkat karena seluruh proses observasi dan interpretasi masih dilakukan secara manual terhadap setiap individu. Dengan demikian, waktu identifikasi menjadi salah satu aspek yang secara langsung memengaruhi efisiensi *workflow* identifikasi spesies di laboratorium. Bagi *stakeholder*, permasalahan utama bukan terletak pada ketidakmampuan melakukan identifikasi, melainkan pada lamanya waktu yang dibutuhkan untuk menyelesaikan proses identifikasi morfologi ketika jumlah sampel yang harus dianalisis terus bertambah.

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini memandang tahap identifikasi morfologi sebagai *bottleneck* yang berpotensi dibantu melalui pendekatan berbasis analisis citra. Penelitian ini tidak bertujuan menggantikan keseluruhan *workflow* identifikasi spesies maupun

menggantikan peran ahli nematoda dalam menentukan hasil identifikasi. Sebaliknya, penelitian ini berupaya menyediakan sistem bantu yang mampu mempercepat proses pengenalan spesies berdasarkan citra mikroskopis sehingga ahli dapat memperoleh informasi awal mengenai spesies secara lebih cepat sebelum melakukan proses verifikasi lebih lanjut.

Berdasarkan permasalahan tersebut, solusi yang dikembangkan perlu memenuhi beberapa kebutuhan agar dapat digunakan sebagai sistem bantu dalam *workflow* identifikasi spesies. Pertama, solusi harus mampu membantu proses identifikasi berdasarkan citra mikroskopis tanpa mengubah *workflow* identifikasi yang telah diterapkan di laboratorium. Kedua, solusi harus mampu menghasilkan prediksi spesies dalam waktu yang lebih singkat sehingga dapat membantu mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi ketika jumlah sampel meningkat. Ketiga, solusi tetap harus mempertahankan tingkat akurasi yang memadai agar hasil prediksi dapat digunakan sebagai informasi pendukung oleh ahli nematoda dalam proses identifikasi. Dengan demikian, tujuan penelitian ini bukan menggantikan peran ahli, melainkan membantu meningkatkan efisiensi pada tahap identifikasi morfologi melalui penyediaan informasi spesies secara lebih cepat.

Permasalahan tersebut menjadi semakin menantang ketika diterapkan pada genus *Pratylenchus*. Genus ini merupakan salah satu kelompok nematoda parasit tumbuhan yang banyak menjadi perhatian karena mampu menginfeksi berbagai tanaman budidaya dan menyebabkan kerusakan pada sistem perakaran tanaman. Kerusakan tersebut dapat menghambat penyerapan air dan unsur hara sehingga berdampak terhadap pertumbuhan maupun produktivitas tanaman [4], [2]. Selain memiliki dampak ekonomi yang cukup besar, genus *Pratylenchus* terdiri atas banyak spesies dengan karakteristik biologis yang berbeda sehingga identifikasi hingga tingkat spesies menjadi sangat penting [2], [3].

Kebutuhan untuk membantu mempercepat proses identifikasi morfologi membuka peluang pemanfaatan teknologi kecerdasan buatan (*Artificial Intelligence*) sebagai sistem bantu dalam *workflow* identifikasi spesies. Mengingat permasalahan yang dihadapi berkaitan dengan pengamatan citra mikroskopis, pendekatan yang relevan adalah *Computer Vision*, yaitu cabang *Artificial Intelligence* yang memungkinkan komputer memperoleh, mengolah, dan memahami informasi visual dari citra maupun video secara otomatis [5]. Melalui kemampuan tersebut, *Computer Vision* berpotensi membantu proses pengamatan citra yang sebelumnya dilakukan secara manual oleh ahli tanpa mengubah prosedur identifikasi yang telah diterapkan di laboratorium.

Salah satu pendekatan yang paling banyak digunakan dalam *Computer Vision* adalah *Deep Learning*. Berbeda dengan metode klasifikasi citra konvensional yang memerlukan proses ekstraksi fitur secara manual, *Deep Learning* mampu mempelajari representasi fitur secara otomatis langsung dari data citra yang digunakan [6]. Kemampuan tersebut memungkinkan model mengenali pola visual yang kompleks, termasuk karakter morfologi yang memiliki perbedaan sangat kecil antarspesies. Oleh karena itu, *Deep Learning* dinilai memiliki potensi untuk membantu mempercepat proses identifikasi morfologi melalui klasifikasi citra mikroskopis secara otomatis, dengan tetap mempertahankan peran ahli sebagai pengambil keputusan akhir.

Potensi penerapan *Deep Learning* pada identifikasi nematoda telah ditunjukkan oleh penelitian yang dilakukan oleh Shabrina et al. [7]. Penelitian tersebut mengembangkan sistem identifikasi nematoda parasit tumbuhan berbasis citra mikroskopis menggunakan beberapa arsitektur *Deep Learning*, yaitu ResNet101V2, CoAtNet-0, EfficientNetV2B0, dan EfficientNetV2M. Dataset yang digunakan terdiri atas 957 citra mikroskopis dari sebelas genus nematoda parasit tumbuhan yang umum ditemukan di

Indonesia. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model EfficientNetV2B0 dan EfficientNetV2M mampu mencapai akurasi hingga 97,94% dalam mengklasifikasikan genus nematoda. Hasil tersebut menunjukkan bahwa pendekatan *Deep Learning* memiliki potensi yang baik untuk membantu proses identifikasi nematoda berdasarkan citra mikroskopis.

Meskipun menunjukkan hasil yang baik, penelitian tersebut masih menyisakan beberapa keterbatasan yang menjadi dasar dilakukannya penelitian ini. Pertama, klasifikasi masih dilakukan pada tingkat genus sehingga seluruh spesies dalam genus *Pratylenchus* masih dikelompokkan ke dalam satu kelas yang sama. Padahal, dalam praktik identifikasi di laboratorium, informasi hingga tingkat spesies lebih dibutuhkan karena setiap spesies memiliki karakteristik biologis, tanaman inang, tingkat patogenisitas, serta strategi pengelolaan yang berbeda [1], [2]. Kedua, penelitian tersebut belum membahas permasalahan klasifikasi spesies yang memiliki tingkat kemiripan morfologi tinggi (*fine-grained image classification*), seperti pada *Pratylenchus bolivianus* dan *Pratylenchus pseudocoffeae*. Pada kasus tersebut, perbedaan antarspesies hanya ditunjukkan oleh karakter morfologi yang sangat halus sehingga proses klasifikasi menjadi lebih kompleks dibandingkan klasifikasi pada tingkat genus [2], [3], [8], [9].

Selain itu, penelitian terdahulu umumnya lebih menitikberatkan pada peningkatan performa klasifikasi, sedangkan aspek efisiensi waktu belum menjadi bagian utama dalam proses evaluasi. Padahal, berdasarkan kebutuhan *stakeholder* pada penelitian ini, permasalahan utama yang dihadapi bukan hanya kemampuan model dalam menghasilkan prediksi yang akurat, tetapi juga kemampuannya membantu mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi ketika jumlah individu yang harus dianalisis meningkat. Oleh karena itu, selain performa klasifikasi, penelitian ini juga mempertimbangkan efisiensi waktu sebagai salah satu aspek

evaluasi utama untuk menilai potensi penerapan sistem sebagai alat bantu identifikasi di laboratorium.

Berdasarkan kebutuhan *stakeholder* dan kesenjangan penelitian yang telah diuraikan, penelitian ini mengembangkan sistem klasifikasi spesies *Pratylenchus* berdasarkan citra mikroskopis menggunakan pendekatan *Transfer Learning*. Penelitian difokuskan pada dua spesies, yaitu *Pratylenchus bolivianus* dan *Pratylenchus pseudocoffeae*, yang dipilih karena memiliki tingkat kemiripan morfologi yang tinggi sehingga proses identifikasi secara manual memerlukan ketelitian dan waktu yang relatif lama. Melalui pemanfaatan *Deep Learning*, sistem yang dikembangkan diharapkan mampu membantu mempercepat proses identifikasi morfologi dengan menghasilkan prediksi spesies secara lebih cepat, tanpa menggantikan peran ahli nematoda sebagai pengambil keputusan akhir.

Untuk memenuhi kebutuhan tersebut, penelitian ini menerapkan pendekatan *Transfer Learning* menggunakan dua arsitektur *Convolutional Neural Network (CNN)*, yaitu EfficientNetB0 dan DenseNet121. Pendekatan *Transfer Learning* dipilih karena memungkinkan model memanfaatkan pengetahuan yang telah dipelajari dari dataset berskala besar sehingga tetap mampu menghasilkan performa yang baik meskipun dilatih menggunakan dataset dengan jumlah data yang relatif terbatas [6]. EfficientNetB0 dipilih karena memiliki keseimbangan yang baik antara kompleksitas model dan kemampuan ekstraksi fitur, sedangkan DenseNet121 dipilih karena mekanisme *dense connectivity* yang dimilikinya memungkinkan pemanfaatan kembali fitur dari lapisan sebelumnya sehingga efektif dalam mempelajari karakteristik visual yang halus pada citra mikroskopis. Kedua model kemudian dibandingkan untuk mengetahui model yang paling sesuai dalam mengklasifikasikan spesies *Pratylenchus* berdasarkan citra mikroskopis.

Evaluasi penelitian dilakukan berdasarkan dua aspek utama. Aspek pertama adalah performa klasifikasi yang diukur menggunakan *accuracy*, *precision*, *recall*, *F1-score*, *confusion matrix*. Penggunaan beberapa metrik tersebut bertujuan untuk memperoleh gambaran yang lebih komprehensif mengenai kemampuan model dalam mengklasifikasikan spesies *Pratylenchus* secara akurat serta mengevaluasi kestabilan performanya terhadap variasi data pengujian.

Aspek kedua adalah efisiensi waktu yang diukur melalui waktu inferensi (*inference time*). Berbeda dengan sebagian besar penelitian terdahulu yang berfokus pada peningkatan performa klasifikasi, penelitian ini juga mengevaluasi waktu inferensi karena aspek tersebut berkaitan langsung dengan kebutuhan *stakeholder*, yaitu membantu meningkatkan efisiensi pada tahap identifikasi morfologi. Waktu inferensi tidak digunakan untuk menggantikan estimasi waktu keseluruhan *workflow* identifikasi spesies, tetapi digunakan sebagai indikator kemampuan model dalam menghasilkan prediksi secara cepat pada tahap analisis citra mikroskopis. Oleh karena itu, penelitian ini mengevaluasi sejauh mana sistem yang dikembangkan berpotensi membantu mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi melalui penyediaan informasi spesies dalam waktu yang lebih singkat.

Melalui penelitian ini diharapkan dapat dihasilkan sistem bantu identifikasi spesies *Pratylenchus* yang tidak hanya memiliki performa klasifikasi yang baik, tetapi juga mampu membantu meningkatkan efisiensi pada tahap identifikasi morfologi. Dengan demikian, penelitian ini tidak bertujuan menggantikan peran ahli nematoda maupun keseluruhan *workflow* identifikasi spesies, melainkan menyediakan alat bantu berbasis *Deep Learning* yang mampu menghasilkan informasi awal mengenai spesies secara lebih cepat sehingga dapat mendukung proses identifikasi yang dilakukan oleh ahli. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi

terhadap pengembangan penerapan *Deep Learning* pada klasifikasi spesies nematoda sekaligus memberikan solusi yang lebih relevan dengan kebutuhan praktis di laboratorium melalui pengurangan *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi.

1.2 Pertanyaan Penelitian

Berdasarkan latar belakang yang sudah penulis paparkan, identifikasi masalah yang didapat yaitu:

- 1.2.1 Apakah penerapan model *Deep Learning* berbasis *Transfer Learning* mampu menghasilkan waktu inferensi yang efisien untuk membantu mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi, dengan tetap mempertahankan performa klasifikasi yang andal ($accuracy \geq 90\%$) pada klasifikasi spesies *Pratylenchus* berdasarkan citra mikroskopis?

1.3 Batasan Penelitian

Untuk menjaga fokus penelitian agar lebih terarah, batasan ditetapkan sebagai berikut:

- 1.3.1 Penelitian ini menggunakan dataset citra mikroskopis nematoda yang terdiri atas dua spesies *Pratylenchus*, yaitu *Pratylenchus bolivianus* dan *Pratylenchus pseudocoffeae*.
- 1.3.2 Dataset yang digunakan merupakan dataset berlabel yang diperoleh melalui kolaborasi penelitian dengan peneliti nematoda dari Kosta Rika dan telah melalui proses identifikasi oleh ahli nematoda.
- 1.3.3 Model yang digunakan dalam penelitian ini dibatasi pada arsitektur EfficientNetB0 dan DenseNet121 berbasis *Transfer Learning*.
- 1.3.4 Pengukuran efisiensi waktu pada penelitian ini dibatasi pada waktu inferensi (*inference time*) model dalam menghasilkan prediksi dari citra mikroskopis. Pengukuran tidak mencakup waktu persiapan lingkungan komputasi, pemuatan model (model loading), pembacaan dataset, maupun proses interaksi pengguna.

- 1.3.5 Analisis efisiensi waktu dilakukan dengan mengaitkan waktu inferensi model terhadap estimasi waktu yang dibutuhkan pada tahap identifikasi morfologi berdasarkan hasil diskusi dengan ahli nematoda. Penelitian ini tidak melakukan pengukuran eksperimental terhadap keseluruhan workflow identifikasi manual.
- 1.3.6 Seluruh eksperimen dilakukan pada lingkungan komputasi *Google Colab* dengan konfigurasi perangkat keras dan perangkat lunak tertentu sehingga hasil pengukuran waktu inferensi berlaku pada lingkungan pengujian tersebut.
- 1.3.7 Penelitian ini hanya mengevaluasi proses identifikasi berdasarkan citra mikroskopis dan tidak membahas implementasi model pada perangkat bergerak (*mobile deployment*) maupun optimasi model seperti kuantisasi, pruning, atau konversi ke *TensorFlow Lite*.
- 1.3.8 Penelitian ini bertujuan menghasilkan model yang dapat digunakan sebagai alat bantu pada tahap identifikasi morfologi dan tidak dimaksudkan untuk menggantikan peran ahli nematoda dalam proses identifikasi spesies.

1.4 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan mengembangkan dan mengevaluasi model *Deep Learning* berbasis *Transfer Learning* untuk klasifikasi spesies *Pratylenchus* berdasarkan citra mikroskopis yang mampu menghasilkan waktu inferensi yang efisien untuk membantu mengurangi bottleneck pada tahap identifikasi morfologi, dengan tetap menghasilkan performa klasifikasi yang andal ($accuracy \geq 90\%$).

1.5 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan memberikan manfaat sebagai berikut:

1.5.1 Manfaat Akademis

1. Memberikan kontribusi terhadap penerapan *Deep Learning* dalam klasifikasi spesies *Pratylenchus* berdasarkan citra mikroskopis

sebagai upaya membantu mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi.

2. Menambah referensi ilmiah mengenai klasifikasi spesies nematoda yang memiliki tingkat kemiripan morfologi tinggi berdasarkan citra mikroskopis menggunakan pendekatan *Transfer Learning*.
3. Menjadi referensi bagi penelitian selanjutnya dalam pengembangan sistem klasifikasi spesies nematoda berbasis *Deep Learning*, khususnya yang berfokus pada peningkatan efisiensi proses identifikasi morfologi.

1.5.2 Manfaat Praktis

1. Membantu ahli nematoda pada tahap identifikasi morfologi melalui penyediaan sistem klasifikasi spesies berdasarkan citra mikroskopis sebagai alat bantu pengambilan keputusan.
2. Berpotensi mengurangi *bottleneck* pada tahap identifikasi morfologi dengan mempercepat proses klasifikasi spesies sehingga waktu yang diperlukan untuk memperoleh informasi spesies menjadi lebih singkat.
3. Menyediakan alternatif sistem pendukung yang mampu menghasilkan prediksi spesies secara cepat dengan tetap mempertahankan performa klasifikasi yang andal.
4. Mendukung kegiatan penelitian dan laboratorium nematologi melalui penyediaan informasi klasifikasi spesies secara lebih efisien tanpa menggantikan peran ahli nematoda dalam proses identifikasi.

1.6 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan skripsi ini adalah sebagai berikut:

1.6.1 BAB I PENDAHULUAN

Bab ini memaparkan latar belakang penelitian, pertanyaan penelitian, batasan penelitian, tujuan penelitian, manfaat penelitian, serta sistematika penulisan skripsi.

1.6.2 BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini membahas landasan teori yang mendukung penelitian, meliputi nematoda parasit tumbuhan, genus *Pratylenchus*, identifikasi morfologi nematoda, *Computer Vision*, *Deep Learning*, *Convolutional Neural Network (CNN)*, *Transfer Learning*, arsitektur EfficientNetV2B0 dan DenseNet121, serta penelitian terdahulu yang relevan.

1.6.3 BAB III METODOLOGI PENELITIAN

Bab ini menjelaskan metodologi penelitian yang digunakan, meliputi pengumpulan dataset, preprocessing citra, augmentasi data, pengembangan model berbasis *Transfer Learning*, proses pelatihan menggunakan *Stratified 5-Fold Cross Validation*, pengujian model, pengukuran waktu inferensi, serta metode evaluasi yang digunakan dalam penelitian.

1.6.4 BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

Bab ini memaparkan implementasi sistem, hasil pengujian model, analisis performa klasifikasi, analisis waktu inferensi, analisis lingkungan eksekusi dan efisiensi waktu serta pembahasan mengenai pemilihan model terbaik berdasarkan hasil eksperimen.

1.6.5 BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

Bab ini menyajikan kesimpulan yang diperoleh berdasarkan hasil penelitian serta saran untuk pengembangan penelitian selanjutnya.