

ABSTRAK

Bakteri Gram-negatif merupakan salah satu kuman yang dapat menyebabkan kerusakan lobus paru. Sampel bakteri diperoleh melalui specimen sputum pasien dengan kriteria inklusi *pneumonia*. Langkah pertama yang dilakukan pada sampel bakteri adalah melewati uji *patogen* menggunakan mesin *Phoenix* di laboratorium mikrobiologi rumah sakit Dr. Soetomo. Setelah itu, bakteri dibiakkan menggunakan media *Mac Conkey* dengan masa inkubasi maksimal 12 jam. Untuk proses identifikasi objek bakteri masih dilakukan dengan pengamatan visual di bawah mikroskop *fluorescence*.

Kontribusi yang ditawarkan dari penelitian ini adalah penggunaan metode pengolahan citra untuk membantu melakukan identifikasi dan klasifikasi. Metode yang diusulkan adalah *Extreme learning machine* dan *Convolutional neural network*. *Extreme learning machine* dipilih karena proses klasifikasinya cepat, sementara *Convolutional neural network* dipilih karena memiliki tingkat akurasi tinggi. Namun *Convolutional neural network* memiliki kelemahan karena proses training untuk mendapatkan model membutuhkan waktu yang lama. Hal ini menjadi ide bagi penulis untuk mendapatkan waktu proses optimal dengan cara menggunakan *custom layer* atau *layer* yang dirancang sendiri dengan penambahan *auto-contrast*, *augmentasi* data, dan tahapan optimasi pencarian parameter optimal dengan metode *bayesian*. Penelitian ini menggunakan total sampel 1000 gambar dari 4 kelas yang berbeda. Empat kelas yang digunakan adalah *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Eschericia coli* dan *Klebsiella pneumonia*.

Data yang digunakan pada tahap pelatihan, pengujian, dan validasi memiliki dimensi 224x224 piksel, resolusi 96 *dot per inch*, dan kedalaman 24 bit. Hasil skenario ujicoba menunjukkan bahwa metode yang diajukan dapat direkomendasikan untuk menjadi pelengkap analisa medis di laboratorium mikrobiologi untuk membedakan empat kelas bakteri Gram negatif. Akurasi yang diperoleh pada tahap pelatihan adalah 99,25%-99,80% dan pada saat *testing* rata rata 98,5%. *Error* klasifikasi *Custom layer* memiliki *Error* terkecil pada MSE 0.0025, RMSE 0.0500 dan MAE 0.0025. Hasil pencarian optimal parameter didapatkan nilai *momentum* 0.80127 dan nilai *initial learning rate* 0.00013454. Pada analisa dengan kurva *Receiver Operating Characteristic* didapatkan nilai *Area Under the Curve* 0.8365 yang artinya sistem bekerja dengan baik.

ABSTRACT

Gram-negative bacteria are one of the germs that can cause damage to the lung lobes. Bacterial samples were obtained through the patient's sputum specimen with pneumonia inclusion criteria. The first step in a bacterial sample is to pass a pathogen test using the Phoenix machine in the microbiology laboratory of Dr. Soetomo hospital. After that, the bacteria were cultured using Mac Conkey media with a maximum incubation period of 12 hours. The process of identifying bacterial objects is still carried out by visual observation under a fluorescence microscope.

*The contribution offered from this research is the use of image processing methods to assist in identification and classification. The methods proposed are Extreme learning machine and Convolutional neural network. Extreme learning machine was chosen because the classification process is fast, while Convolutional neural network was chosen because it has a high degree of accuracy. However, Convolutional neural networks have a weakness because the training process to get a model takes a long time. This is an idea for the author to get the optimal processing time by using a custom layer or layer that is designed by yourself with the addition of auto-contrast, data augmentation, and optimization steps to find optimal parameters using the Bayesian method. This study used a total sample of 1000 images from 4 different classes. The four classes used were *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Eschericia coli* and *Klebsiella pneumonia*.*

The data used in the training, testing, and validation stages have dimensions of 224x224 pixels, a resolution of 96 dots per inch, and a depth of 24 bits. The results of the trial scenarios indicate that the proposed method can be recommended as a complement to medical analysis in the microbiology laboratory to distinguish four classes of Gram-negative bacteria. The accuracy obtained at the training stage is 99.25% -99.80% and at the testing stage has an average of 98.5%. Custom layer classification errors have the smallest error at MSE 0.0025, RMSE 0.0500 and MAE 0.0025. The optimal parameter search results obtained a momentum value of 0.80127 and an initial learning rate of 0.00013454. In the analysis with the Receiver Operating Characteristic curve, the Area Under the Curve value is 0.8365, which means the system is working well.