

Comparison of EfficientNetB1 Model Effectiveness in Identifying Fish Diseases in South Asian Fish Diseases and Salmon Fish Diseases

Rahmanda Afridiansyah^{1*}, De Rosal Ignatius Moses Setiadi^{2**}

*Program Studi Teknik Informatika, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Dian Nuswantoro, Semarang

** Pusat Penelitian Komputasi Kuantum dan Informatika Material, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Dian Nuswantoro, Semarang
rahmandaa07@gmail.com¹, moses@dsn.dinus.ac.id²

Article Info

Article history:

Received 2024-10-10

Revised 2024-10-21

Accepted 2024-10-23

Keyword:

Convolutional Neural Network, Classification, EfficientNetB1, Fish Disease.

ABSTRACT

The purpose of this study is to evaluate the effectiveness of the EfficientNetB1 model in identifying fish diseases across two distinct datasets: South Asian Fish Diseases and Salmon Fish Diseases. The South Asian Fish Diseases dataset includes seven categories: red bacterial disease, aeromoniasis, gill bacterial disease, fungal saprolegniasis, parasitic disease, and white tail viral disease. The Salmon dataset is divided into two parts: FreshFish and InfectedFish. Using the EfficientNetB1 algorithm, each dataset was separately trained and tested to predict species and disease. Results showed an accuracy of 98.14% for the South Asian Fish Diseases dataset and 99.18% for the Salmon Diseases dataset. These findings support the argument that the model possesses sufficient capability to detect diseases affecting various fish species. This suggests that the model could be a valuable tool in the aquaculture industry for disease management and detection strategies.



This is an open access article under the [CC-BY-SA](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/) license.

I. PENDAHULUAN

Penyakit ikan mengurangi hasil produksi dan menyebabkan kerugian ekonomi yang signifikan, membuat industri akuakultur menghadapi masalah besar. Sektor akuakultur mengalami kerugian lebih dari \$6 miliar setiap tahun karena penyakit ikan, dan penyakit bercak putih pada udang dapat menyebabkan kerugian lebih dari \$1 miliar. Di beberapa wilayah, seperti Asia Selatan, penyakit ini bahkan dapat menghancurkan produksi hingga 40% kapasitas global. Ini terutama berlaku ketika penyakit baru muncul. Industri salmon akuakultur di negara-negara beriklim dingin sangat rentan terhadap infeksi virus PRV (Piscine orthoreovirus), yang merusak jantung dan sistem peredaran darah ikan. Penyakit ini mengganggu produksi dan ketahanan pangan di seluruh dunia, serta mata pencaharian masyarakat lokal yang bergantung pada sektor ini[1][2][3].

Untuk menjaga ekosistem dan mengurangi dampak negatif ekonomi yang ditimbulkan oleh industri akuakultur di seluruh dunia, pencegahan dan pengelolaan penyakit ikan sangat penting. Diagnosis penyakit ikan yang tradisional, yang bergantung pada pemeriksaan manual dan analisis laboratorium, mahal, dan dapat melibatkan kesalahan manusia. Mengatasi masalah ini, metode pembelajaran mendalam terutama CNN telah dianggap sebagai cara yang

efektif untuk mengotomatisasi deteksi penyakit ikan. Pada tahun 2020, Tan dan Le mengusulkan EfficientNet, sebuah keluarga model CNN yang terkenal karena kemampuannya dalam mengklasifikasikan gambar.

EfficientNetB1, salah satu varian arsitektur EfficientNet, seringkali terbukti lebih baik dalam berbagai tugas klasifikasi gambar dibandingkan dengan model transfer learning (TL) lainnya seperti ResNet, VGG16, atau MobileNet[4][5]. Menurut beberapa penelitian, model seperti MobileNet yang ringan dan efektif sangat cocok untuk tugas-tugas klasifikasi gambar dengan kompleksitas rendah. Namun, berkat desain skalabilitasnya yang lebih baik, model seperti EfficientNet seringkali mengungguli model lain untuk masalah klasifikasi yang lebih sulit, seperti yang ditemukan dalam beberapa penelitian[6][7].

Kemampuannya untuk menyeimbangkan skala jaringan (lebar, kedalaman, dan resolusi) dengan lebih efisien adalah keunggulan utama EfficientNetB1 dibandingkan dengan model lain. Teori yang mendukung ini menunjukkan bahwa model ini menggunakan pendekatan compound scaling untuk meningkatkan kompleksitas jaringan tanpa meningkatkan jumlah parameter secara berlebihan, yang mengurangi risiko overfitting. Sebagai contoh, MobileNet berhasil dalam studi tentang deteksi penyakit daun jagung dengan tingkat kompleksitas yang lebih rendah, tetapi

EfficientNetB1 bekerja lebih baik dengan akurasi yang lebih tinggi dan hasil evaluasi yang lebih konsisten pada berbagai dataset.

Perbandingan kinerja EfficientNetB1 dengan model lain dalam penelitian ini menunjukkan bahwa arsitekturnya. Sebaliknya, EfficientNetB1 dapat menyeimbangkan kinerja dan efisiensi dengan lebih baik dengan compound scaling, membuatnya unggul dalam situasi yang memerlukan generalisasi yang lebih luas. Kami menggunakan model EfficientNetB1 dalam penelitian ini untuk menganalisis kinerjanya pada dua dataset penyakit ikan. Dataset pertama membahas penyakit ikan di Asia Selatan, terdiri dari tujuh kelas: Penyakit Bakteri Merah, Penyakit Bakteri Aeromoniasis, Penyakit Bakteri Insang, Penyakit Jamur Saprolegniasis, Ikan Sehat, Penyakit Parasit, dan Penyakit Virus Ekor Putih. Kedua, dataset penyakit ikan salmon terdiri dari dua kelas: FreshFish dan InfectedFish[8][9][10].

Dataset ini menawarkan kasus yang sempurna untuk menguji fleksibilitas model EfficientNetB1 dalam klasifikasi dan deteksi penyakit karena menggabungkan berbagai spesies ikan dan kondisi penyakit. Diharapkan bahwa penggunaan model ini akan memberikan wawasan yang lebih mendalam tentang identifikasi dan diagnosis penyakit ikan, karena ini sangat penting untuk keberlanjutan industri akuakultur. Metode penelitian saat ini termasuk pendekatan pembelajaran mendalam (deep learning) yang telah terbukti berhasil dalam klasifikasi gambar. Untuk meningkatkan efisiensi dan akurasi pengolahan data, model yang telah dilatih sebelumnya telah digunakan. Hasil penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa EfficientNet berfungsi dengan baik dalam berbagai aplikasi pengenalan pola dan gambar. Kesimpulan ini didasarkan pada temuan ini[9][10][11].

Studi ini bertujuan untuk mengetahui seberapa efektif model EfficientNetB1 menemukan penyakit ikan dalam berbagai kumpulan data. Setiap model dilatih dan diuji pada kumpulan data yang sesuai dengan penyakit yang akan diklasifikasikan, untuk mengetahui seberapa akurat klasifikasi yang dihasilkan. Dalam hal ini, perlu diperhatikan bahwa model pembelajaran mendalam seperti EfficientNetB1 memiliki kemampuan untuk mendeteksi penyakit ikan dengan lebih akurat. Penerapan model ini menunjukkan kemampuan untuk menangani berbagai penyakit pada ikan, selain relevan untuk spesies tertentu. Model ini mengharapkan deteksi yang lebih akurat menggunakan teknik pembelajaran mesin. Ini pada gilirannya dapat meningkatkan pengobatan penyakit ikan. Ini menunjukkan betapa inovasi dalam teknologi pemantauan kesehatan ikan sangat penting untuk mempertahankan industri akuakultur dan meningkatkan hasil produksi secara keseluruhan[12][13][14].

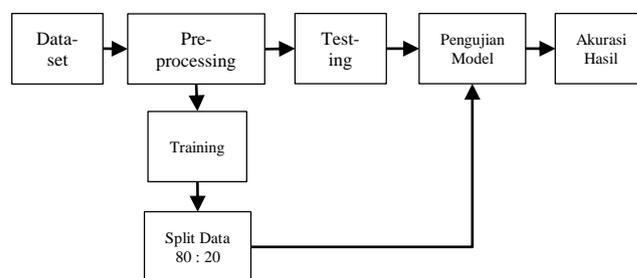
Studi terbaru mengenai pengaruh dan prospek model pembelajaran mendalam dalam diagnosis penyakit di sektor kesehatan dan akuakultur dapat membantu Anda memahami bagaimana teknologi ini dapat digunakan dalam berbagai

konteks. Melihat dampak luas dari penelitian ini dapat dilakukan dalam dua cara. Pertama-tama, dukungan model EfficientNetB1 pada berbagai dataset menunjukkan bahwa model ini mungkin merupakan teknologi yang tepat untuk banyak sistem akuakultur di seluruh dunia. Pengaruh ekonomi wabah penyakit dapat dikurangi melalui deteksi dini, yang mendukung pengendalian penyakit yang lebih baik. Dalam hal ini, penggunaan organisme model menjadi sangat penting. Dengan menerapkan model ini di seluruh dunia, keberlanjutan produksi dan manajemen kesehatan ikan akan meningkat, yang akan mendorong pertumbuhan industri akuakultur. Untuk mengetahui seberapa baik model EfficientNetB1 mendeteksi penyakit ikan, penting untuk membandingkannya dengan metode lain. Sebagai contoh, studi sebelumnya menemukan bahwa model ResNet50 digunakan untuk dataset penyakit ikan di Asia Selatan memiliki akurasi validasi sebesar 90% [15]; akurasi validasi metode Support Vector Machine (SVM) untuk dataset penyakit ikan salmon adalah 94% [16].

Perbandingan ini penting untuk memahami kekuatan dan kelemahan masing-masing model. Ini juga penting untuk menentukan model mana yang paling cocok untuk berbagai jenis dataset. Kita dapat memverifikasi efektivitas EfficientNetB1 dan potensi peningkatan deteksi penyakit ikan dengan menganalisis hasil dari berbagai teknik. Selain itu, penelitian telah menunjukkan bahwa EfficientNet berfungsi dengan baik dengan berbagai aplikasi deteksi gambar. Misalnya, EfficientNet terbukti lebih efisien dan akurat daripada arsitektur CNN konvensional lainnya dalam klasifikasi kanker kulit. Penggunaan blok MBConv dan Squeeze-and-Excitation, yang meningkatkan fokus model pada fitur yang relevan, dan fungsi aktivasi Swish, yang membantu menangani gradien dan meningkatkan kinerja klasifikasi gambar, adalah keuntungan tambahan dari EfficientNet. Oleh karena itu, pilihan EfficientNet dalam penelitian ini didasarkan pada potensinya untuk mengklasifikasikan dataset yang kompleks seperti penyakit ikan yang beragam serta efisiensi yang telah teruji [10][17].

II. METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan digambarkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Metode yang digunakan

A. EfficientNetB1

EfficientNetB1 adalah salah satu varian dari seri arsitektur EfficientNet yang dikembangkan oleh Google. Arsitektur ini terdiri dari sekitar 6,6 juta parameter dan menggunakan scaling compound untuk menyeimbangkan ukuran jaringan secara proporsional (resolusi, kedalaman, dan lebar) untuk meningkatkan kinerja model tanpa menggunakan sumber daya sehari-hari. EfficientNetB1 memiliki kemampuan untuk memproses gambar dengan ukuran 150×150 piksel, yang merupakan salah satu keunggulannya [18].

Pada tahap akhir, model ini menggunakan fungsi aktivasi Softmax untuk menghasilkan probabilitas untuk setiap kelas yang diprediksi. Ini memungkinkan model untuk menggunakan klasifikasi multi-kelas yang sangat akurat. Menurut penelitian, model "EfficientNetB1" telah menunjukkan kinerja yang luar biasa dalam sejumlah kumpulan data pengujian. Ini terutama mencapai akurasi 100% dalam beberapa eksperimen, khususnya dalam deteksi penyakit ikan dan klasifikasi gambar lainnya.

TABEL I
HYPERPARAMETER MODEL

| Parameter | Values |
|---------------------------|--|
| Optimizer | Adam (Learning Rate = 0.00003) |
| Loss Function | categorical_crossentropy |
| Metrics | accuracy |
| Batch Size | 64 |
| Epoch | 25 |
| Input Shape | (150, 150, 3) |
| Number of Class | 7 |
| Callbacks | EarlyStopping (patience = 5, monitor = 'val_accuracy') |
| Activation (Output Layer) | Softmax |

Untuk meningkatkan efisiensi dan performa model, pengaturan hyperparameter yang digunakan dalam penelitian termasuk optimizer Adam dengan learning rate 0.00003, categorical_crossentropy loss function, dan batch size 32[13][19].

TABEL II
DETAL PARAMETER EFFICIENTNETB1

| Layer (Type) | Output Shape | Param # |
|------------------------------------|---------------------|-----------|
| Input Layer | (None, 150, 150, 3) | 0 |
| EfficientNetB1 (include_top=False) | (None, 5, 5, 1280) | 7,786,002 |
| BatchNormalization | (None, 5, 5, 1280) | 2,560 |
| Dense (128 units) | (None, 128) | 163,968 |
| Dropout | (None, 128) | 0 |
| Output Layer (Dense, 7 classes) | (None, 7) | 903 |
| Total Parameter | - | 7,953,433 |
| Trainable Parameter | - | 7,953,433 |

B. Dataset

Penelitian ini dilakukan pada sampel 1.558 gambar ikan yang diambil dari platform seperti Kaggle dan Mendeley. Dataset yang digunakan dalam penelitian ini menunjukkan dua karakteristik utama yang dapat memengaruhi kemampuan model untuk mendeteksi penyakit dalam spesies ikan. Gambar-gambar ini dikategorikan ke dalam kelompok terpisah berdasarkan penyakit dan spesies yang ditunjukkan. Pertama, dataset mengenai penyakit ikan air tawar Asia Selatan memiliki karakteristik multilabel balance; dataset ini mengandung tujuh kategori penyakit dengan jumlah gambar yang seimbang, masing-masing 250 gambar. Ini memungkinkan model untuk belajar dari semua kelas secara adil tanpa bias terhadap kategori tertentu, yang ditetapkan berdasarkan kata-kata dan kondisinya. Warnanya putih dan halus. Penyakit Bakteri Merah ditandai dengan warna merah pada tubuh ikan; aeromoniasis, yang menyebabkan luka pada kulit ikan; penyakit infeksi bakteri yang mengganggu fungsi pernapasan; saprolegniasis, infeksi jamur yang menimbulkan bulu di permukaan ikan; kategori ikan sehat, yang memiliki ikan dalam kondisi baik; penyakit parasit yang terlihat di kulit ikan; dan penyakit virus, seperti penyakit ekor putih, yang menginfeksi ikan jika mereka tidak memiliki makanan. Sample dataset dapat dilihat pada Gambar 2.



Gambar 2. Sample Penyakit Ikan Asia Selatan[20].

Kedua, dataset penyakit salmon menunjukkan kondisi binary imbalance. Data dalam kategori FreshFish terdiri dari 456 gambar, sedangkan data dalam kategori InfectedFish terdiri dari 752 gambar. Ketidakseimbangan ini dapat menyebabkan model berkonsentrasi pada salmon yang terinfeksi daripada salmon sehat, yang berpotensi mengurangi akurasi. Dalam beberapa kasus, salmon yang terinfeksi juga tampak kotor. Sample dataset dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3. Sample Penyakit Ikan Salmon[16].

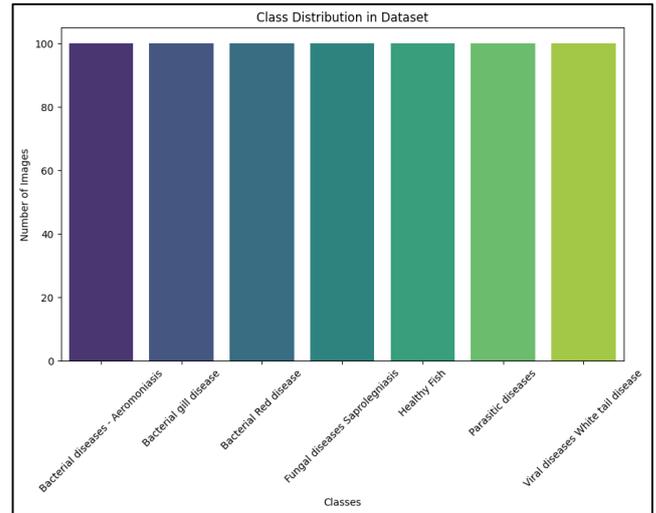
Lebih detail informasi terkait kedua dataset dapat dilihat pada Tabel 3.

TABEL III
SUMBER DATASET DAN DETAIL

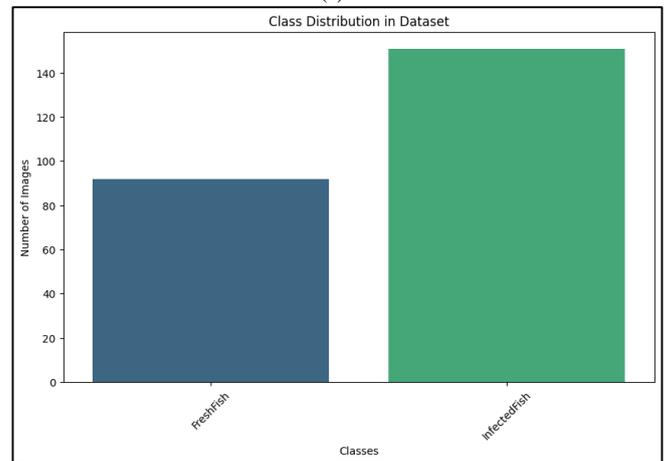
| No | Ref | Detail Dataset |
|----|------|---|
| 1 | [20] | Nama : Freshwater Fish Disease Aquaculture in south asia Banyak data : 1750 Class : Bacterial diseases – Aeromoniasis, Bacterial gill disease, Bacterial Red disease, Fungal diseases, Saprolegniasis, Healthy Fish, Parasitic diseases, Viral diseases White tail disease URL : https://www.kaggle.com/datasets/subirbiswas19/freshwater-fish-disease-aquaculture-in-south-asia |
| 2 | [16] | Nama : SalmonScan: A Novel Image Dataset for Fish Disease Detection in Salmon Aquaculture System Banyak data : 1208 Class : FreshFish, InfectedFish URL : https://data.mendeley.com/datasets/x3fz2nfm4w/1 |

Dua dataset, masing-masing dengan karakteristik pengujian yang berbeda, digunakan dalam penelitian ini. Dataset pertama, Freshwater Fish Disease Aquaculture in South Asia, memiliki 1750 sampel dengan tipe klasifikasi multi-label dan mencakup beberapa kelas penyakit ikan seperti aeromoniasis, penyakit gill bakteri, dan penyakit ekor putih, serta kategori ikan yang sehat. Karena seekor ikan dapat terinfeksi lebih dari satu jenis penyakit, model yang digunakan harus mampu mengklasifikasikan setiap sampel ke dalam salah satu atau lebih kelas penyakit yang relevan. Selain itu, dataset kedua, SalmonScan: A Novel Image Dataset for Fish Disease Detection in Salmon Aquaculture System, menggunakan 1208 sampel yang hanya terdiri dari dua kelas, InfectedFish dan FreshFish, dan berfokus pada klasifikasi binario.

Dalam kasus ini, model hanya perlu menentukan apakah ikan segar atau terinfeksi, dan label tidak perlu digunakan. Perbedaan ini menunjukkan bahwa metode dan algoritma yang digunakan untuk melatih model dan evaluasi kinerja berbeda-beda tergantung pada tipe klasifikasi yang digunakan.



(a)



(b)

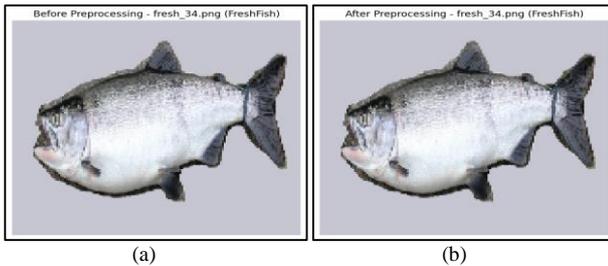
Gambar 5. Distribusi kelas tiap dataset (a) Dataset 1; (b) Dataset 2;

C. Preprocessing dan Resize

Untuk memastikan fungsi yang tepat selama fase pelatihan dan pengujian, eksperimen ini melibatkan pemrosesan data. Untuk masing-masing dari dua dataset, skema pembagian 80:20 digunakan. Ini berarti 80 persen gambar digunakan untuk pelatihan dan sisanya untuk validasi, memastikan distribusi kelas yang seimbang. Gambar-gambar terdiri dari dataset penyakit ikan air tawar yang digunakan untuk pelatihan dan validasi. Ada 100 gambar di setiap kelas dataset ini, dengan 80 gambar diproses untuk pelatihan dan 20 gambar untuk validasi. Sebaliknya, dataset penyakit salmon memiliki 52% gambar yang lebih banyak untuk pelatihan dan validasi daripada yang sebelumnya. Sementara set InfectedFish memiliki 121 data untuk pelatihan dan 30 data untuk validasi, set FreshFish hanya memiliki 74 data untuk pelatihan dan 18 data untuk validasi. Dengan cara ini, semua dataset disusun secara identik, sehingga model dapat dilatih dan divalidasi

pada setiap dataset, yang menghasilkan pengujian yang terstandarisasi dan tidak bias.

Dataset mengandung 943 gambar yang dikategorikan ke dalam dua kategori: Penyakit Ikan Air Tawar dan Penyakit Salmon. Terdapat tujuh kelas dengan 100 gambar untuk Penyakit Ikan Air Tawar, sehingga totalnya 700 gambar. Data kemudian dikategorikan menjadi 560 gambar pelatihan dan 140 gambar pengujian. Dataset Salmon Penyakit terdiri dari dua kelas: FreshFish (92 gambar) dan InfectedFish (151 gambar), yang mencapai total 243 gambar.



Gambar 6. Data Preprocessing (a) Sebelum; (b) Sesudah

Pelatihan yang efektif menghasilkan model yang dapat menemukan dan mengklasifikasikan penyakit ikan berdasarkan kelas dalam dataset. Model Convolutional Neural Network (CNN) menggunakan arsitektur EfficientNetB1. Arsitektur ini dikenal karena kemampuan pemrosesan gambarnya. Proses pelatihan ini dimaksudkan untuk mengurangi risiko overfitting dan mengoptimalkan kapasitas pembelajaran model. Dataset yang digunakan dalam penelitian ini dibagi menjadi dua bagian: data pelatihan dan data validasi. 80 persen dataset dialokasikan untuk pelatihan dan 20 persen untuk validasi. Dataset yang digunakan dalam penelitian ini diuraikan dalam Tabel 1. Dengan mempertahankan kemampuan model untuk menggeneralisasi ke data baru, langkah-langkah dalam proses pelatihan dipilih untuk menyesuaikan model dengan karakteristik dataset. Pseudocode yang Digunakan untuk Preprocessing Model.

```
BEGIN
// Inisialisasi model Sequential
SET model = Sequential()
// Tambahkan lapisan konvolusi pertama dengan 32
filter, ukuran kernel 3x3, dan aktivasi relu
model.add(Conv2D(32, (3, 3), activation='relu',
input_shape=(150, 150, 3)))
// Tambahkan lapisan MaxPooling untuk mengurangi
dimensi fitur
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
// Tambahkan lapisan konvolusi kedua dengan 64
filter, ukuran kernel 3x3, dan aktivasi relu
model.add(Conv2D(64, (3, 3), activation='relu'))
// Tambahkan MaxPooling untuk lapisan kedua
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
// Flatten output untuk lapisan fully connected
model.add(Flatten())
```

```
// Tambahkan lapisan Dropout untuk mencegah
overfitting (rate = 0.3)
model.add(Dropout(rate=0.3))
// Tambahkan lapisan fully connected dengan 128 unit
dan aktivasi relu
model.add(Dense(units=128, activation='relu'))
// Tambahkan lapisan output dengan 7 unit (jumlah
kelas) dan aktivasi softmax
model.add(Dense(units=7, activation='softmax'))
// Kompilasi model dengan loss
model.compile(loss='categorical_crossentropy',
optimizer='adam', metrics=['accuracy'])
END
```

Selama tahap pelatihan dan validasi, model EfficientNetB1 yang dimaksudkan untuk klasifikasi ikan telah dipantau dan dievaluasi secara menyeluruh. Grafik akurasi dan kehilangan untuk pelatihan dan validasi memberikan informasi penting tentang proses pembelajaran model.

Model diuji dengan berbagai dataset setelah tahap pelatihan selesai. Pengujian dilakukan dengan memprediksi kelas dari gambar yang tidak terlihat sebelumnya. Ini menghasilkan laporan klasifikasi dan matrix confusion. Menurut evaluasi tersebut, model tidak hanya memiliki kemampuan untuk mengklasifikasikan kualitas ikan dengan sangat akurat tetapi juga dapat memberikan informasi tentang kesalahan klasifikasi yang mungkin terjadi. Terakhir, model yang dilatih disimpan dalam bentuk .h5 untuk digunakan di masa depan, memungkinkan implementasi dalam sistem deteksi penyakit ikan secara real-time.

D. Evaluasi Model EfficientNetB1

Selama proses penelitian, evaluasi model yang tepat sangat penting untuk menilai kinerja EfficientNetB1 dalam tugas klasifikasi dan seberapa efektif model tersebut dalam menggeneralisasikan pengujian pada data yang sebelumnya tidak pernah dilihat. Dalam penelitian ini, data dari set pelatihan yang diuji digunakan untuk evaluasi akhir. Ini dilakukan dengan menggunakan model yang telah dilatih dengan empat skenario berbeda.

Confusion matrix banyak digunakan dalam klasifikasi dan merupakan alat evaluasi yang bermanfaat. Confusion matrix menunjukkan keberhasilan dan kesalahan model dengan membandingkan prediksi model dengan label sebenarnya. Pseudocode yang Digunakan untuk Evaluasi Model.

```
BEGIN
// Hitung Confusion Matrix
SET cm = confusion_matrix(true_classes,
predicted_classes)
// Cetak hasil Confusion Matrix
PRINT("Confusion Matrix:\n", cm)
// Plot Confusion Matrix sebagai heatmap
plt.figure(figsize=(5, 4))
```

```

sns.heatmap(cm, xticklabels=class_labels,
yticklabels=class_labels, annot=True, fmt='g',
cmap='Blues', annot_kws={"size": 14})
// Beri label untuk sumbu X dan Y
plt.xlabel('Predicted')
plt.ylabel('True')
// Beri judul plot
plt.title('Confusion Matrix')
// Tampilkan plot
plt.show()
END

```

Peran metrik yang tepat sangat penting untuk memahami efektivitas model klasifikasi ketika menilai kinerjanya. Pada penelitian ini, model EfficientNetB1 dievaluasi dengan metrik akurasi, presisi, dan recall. Hasil evaluasi menunjukkan bahwa model yang dikembangkan memiliki tingkat akurasi, presisi, dan recall yang tinggi, yang menunjukkan bahwa model ini tidak hanya dapat mengklasifikasi data dengan baik dan tepat, tetapi juga dapat mengidentifikasi dan mengurangi jumlah kasus yang tidak diinginkan. Dengan prinsip bahwa model ini dapat diandalkan untuk pengambilan keputusan yang tepat, evaluasi ini memberikan dasar untuk penerapan model dalam deteksi penyakit ikan secara real-time.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Pembagian Dataset untuk Pengujian

Dataset pengujian penelitian ini dibuat dari sampel acak yang diambil dari dataset utama. Ini dilakukan dengan menggunakan pseudocode yang ditunjukkan di bawah ini. Sebanyak 50 gambar untuk setiap kategori penyakit ikan, seperti "penyakit merah bakteri", "aeromoniasis", "penyakit gill bakteri", "penyakit jamur", "penyakit parasit", dan "penyakit virus", dipilih secara acak untuk membentuk set uji. Untuk dataset lainnya, prosedur ini diulang. Pseudocode untuk Membagi Set Data.

```

BEGIN
// Inisialisasi dataset utama
LOAD main_dataset
// Tentukan jumlah gambar uji per kategori
SET test_sample_size = 50
// Inisialisasi dataset uji kosong
SET test_dataset = []
// List kategori penyakit ikan
SET categories = ["penyakit merah bakteri",
"aeromoniasis", "penyakit gill bakteri", "penyakit
jamur", "penyakit parasit", "penyakit virus"]
// Loop melalui setiap kategori
FOR category IN categories:
// Filter gambar yang sesuai dengan kategori
SET category_images = FILTER main_dataset
WHERE label == category
// Pilih 50 gambar secara acak dari kategori
SET test_images = RANDOM_SAMPLE

```

```

(category_images, test_sample_size)
// Tambahkan gambar yang dipilih ke dalam dataset
uji
ADD test_images TO test_dataset
END FOR
// Dataset uji selesai dibentuk
RETURN test_dataset
END

```

Pembagian dataset yang adil ini mendukung proses penilaian model. Set pengujian yang terpisah dan tidak bias memberikan celah untuk menilai secara objektif kemampuan model untuk mengklasifikasikan penyakit ikan dan menentukan kesehatan ikan berdasarkan karakteristiknya.

B. Dataset Pelatihan dan Validasi

Dalam pengembangan model pembelajaran mesin, pembagian dataset menjadi bagian pelatihan dan validasi sangat penting. Dalam kasus ini, dataset pelatihan akan berfungsi sebagai jembatan untuk proses pembelajaran model, sedangkan dataset validasi akan digunakan untuk memantau dan mengevaluasi generalisasi model dan mencegah overfitting selama proses pelatihan. Set Pelatihan dan Validasi dengan Pseudocode.

```

BEGIN
// Inisialisasi generator data menggunakan
ImageDataGenerator
SET datagen = ImageDataGenerator
(rescale=1./255, validation_split=0.2)
// Inisialisasi generator data pelatihan
SET train_generator = datagen.flow_from_directory
(
directory=base_dir,
target_size=(150, 150), // Ukuran gambar yang
diubah
batch_size=32, // Ukuran batch
class_mode='categorical', // Mode klasifikasi
multi-kelas
subset='training' // Subset utk data pelatihan
)
// Inisialisasi generator data validasi
SET validation_generator = datagen.
flow_from_directory(
directory=base_dir,
target_size=(150, 150), // Ukuran gambar yang
diubah
batch_size=32, // Ukuran batch
class_mode='categorical', // Mode klasifikasi
multi-kelas
subset='validation' // Subset untuk data
validasi
)
END

```

Untuk memastikan bahwa model dapat menggeneralisasi yang tinggi, dataset dibagi menggunakan skema validasi silang. Strategi ini memungkinkan pengecekan konsistensi

dalam pembelajaran model dengan membagi 80% data untuk pelatihan dan sisanya sebagai data validasi yang tidak terlihat selama fase pelatihan. Dengan demikian, diharapkan model belajar dengan baik dan mampu mengklasifikasi penyakit ikan dengan akurat.

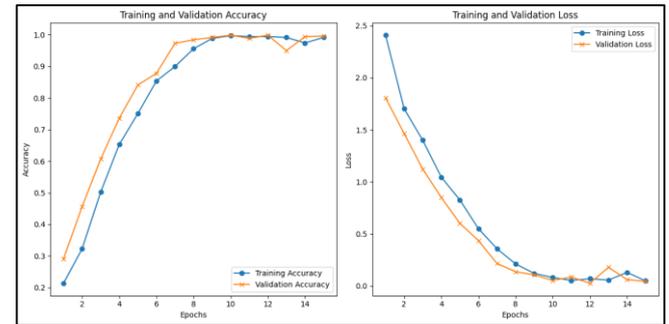
C. Model EfficientNetB1

Tahap penting untuk keberhasilan model dalam mengklasifikasi adalah mengukur kinerjanya. Selama pelatihan dan validasi, performa model klasifikasi penyakit ikan dipantau dan dievaluasi. Akurasi dan kehilangan grafik menunjukkan proses pembelajaran model. Pseudocode untuk Efficient Model TestNetB1.

```
BEGIN
// Inisialisasi model EfficientNetB1 tanpa lapisan atas
(include_top=False)
SET base_model = EfficientNetB1
(weights='imagenet', include_top=False,
input_shape=(150, 150, 3))
// Tambahkan lapisan konvolusi tambahan di atas
base_model
SET model = Sequential()
model.add(base_model)
model.add(Conv2D(256, (3, 3), activation='relu'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
model.add(Conv2D(128, (3, 3), activation='relu'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
model.add(Conv2D(64, (3, 3), activation='relu'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
model.add(Conv2D(32, (3, 3), activation='relu'))
model.add(MaxPooling2D(pool_size=(2, 2)))
// Ratakan output dari lapisan konvolusi untuk lapisan
fully connected
model.add(Flatten())
// Tambahkan lapisan dropout untuk mencegah
overfitting
model.add(Dropout(0.2))
// Tambahkan lapisan fully connected
model.add(Dense(512, activation='relu'))
// Lapisan output untuk klasifikasi (2 kelas: penyakit
ikan)
model.add(Dense(2, activation='softmax'))
// Kompilasi model dengan fungsi loss
categorical_crossentropy dan Adam optimizer
model.compile(loss='categorical_crossentropy',
optimizer=Adam(learning_rate=0.00003),
metrics=['accuracy'])
END
```

Dengan menggunakan model EfficientNetB1, diharapkan klasifikasi penyakit ikan akan lebih akurat dan memanfaatkan kemampuan transfer learning dari model yang telah terlatih sebelumnya. Selama pelatihan, proses pemantauan akurasi dan kehilangan akan memberikan pemahaman yang lebih baik tentang efektivitas model dalam klasifikasi.

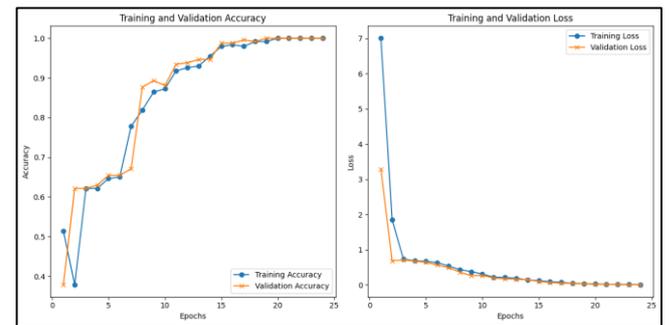
1) Model EfficientNetB1 Penyakit Ikan Asia Selatan



Gambar 7. Grafik akurasi pelatihan dan validasi EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan asia selatan

Gambar 7 menunjukkan grafik akurasi pelatihan dan validasi dengan rasio 80:20. Akurasi pelatihan meningkat dari 0.29 pada periode pertama hingga 0.99 pada periode ke-9, menunjukkan bahwa model belajar dengan baik dari data pelatihan. Akurasi validasi juga mulai stabil pada 0,99 pada periode ke-9 hingga periode ke-15, menunjukkan bahwa tidak ada overfitting.

2) Model EfficientNetB1 Penyakit Ikan Salmon

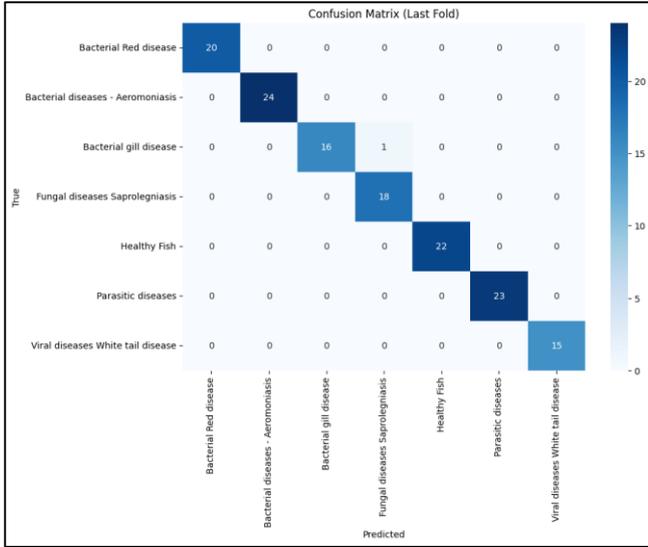


Gambar 8. Grafik akurasi pelatihan dan validasi EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan salmon

Gambar 8 menunjukkan grafik akurasi pelatihan dan validasi dengan rasio 80:20. Akurasi pelatihan meningkat dari 0.37 pada epoch ke-1 hingga 1.00 pada epoch ke-19, menunjukkan bahwa model belajar dengan baik dari data pelatihan. Akurasi validasi juga tetap stabil pada 0,98 hingga 1.00 pada epoch ke-19, menunjukkan bahwa tidak ada overfitting.

D. Analisis Hasil Evaluasi Model EfficientNetB1

Dengan menggunakan metrik akurasi, presisi, dan recall, evaluasi kinerja model yang dikembangkan untuk mengklasifikasikan penyakit ikan asia selatan dan ikan salmon memberikan gambaran tentang efektivitas dan keahlian model tersebut. Dengan menggunakan nilai-nilai yang diperoleh dari matriks confusion, kami dapat menilai kemampuan model untuk memenuhi standar yang telah ditetapkan dan menemukan area di mana peningkatan dapat dilakukan.

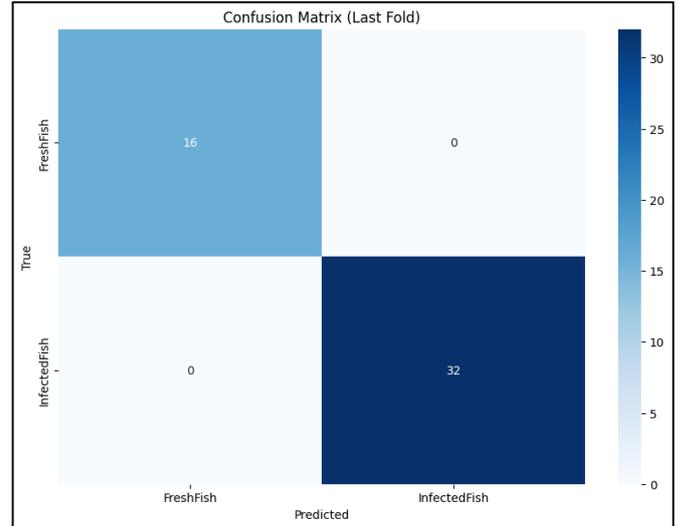


Gambar 9. Confusion matrix EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan asia selatan

Berdasarkan laporan klasifikasi dan matrix confusion, model mencapai akurasi sempurna pada dataset penyakit ikan di Asia Selatan. Model ini memiliki akurasi sebesar 98%, presisi sebesar 0.98, dan recall sebesar 0.98, menunjukkan bahwa model dapat dengan akurat membedakan antara penyakit bakteri, jamur, parasit, dan ikan sehat. Secara keseluruhan, model dapat mendeteksi setiap jenis penyakit dengan baik, meskipun ada beberapa kesalahan, di mana satu kasus salah diklasifikasikan.

| Average Classification Report over 5 folds: | | | |
|---|-----------|--------|----------|
| Class | Precision | Recall | F1-score |
| Bacterial Red disease | 0.9800 | 0.9800 | 0.9800 |
| Bacterial diseases - Aeromoniasis | 1.0000 | 0.9840 | 0.9917 |
| Bacterial gill disease | 0.9875 | 0.9791 | 0.9828 |
| Fungal diseases Saprolegniasis | 0.9609 | 1.0000 | 0.9792 |
| Healthy Fish | 0.9750 | 0.9867 | 0.9806 |
| Parasitic diseases | 0.9875 | 0.9389 | 0.9610 |
| Viral diseases White tail disease | 0.9750 | 1.0000 | 0.9867 |
| Average Metrics: | | | |
| Average Precision: | 0.9808 | | |
| Average Recall: | 0.9812 | | |
| Average F1-score: | 0.9803 | | |
| Mean Accuracy: 0.9814 | | | |

Gambar 10. Classification Report EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan asia selatan



Gambar 11. Confusion matrix EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan salmon

| Average Classification Report over 5 folds: | | | |
|---|-----------|--------|----------|
| Class | Precision | Recall | F1-score |
| FreshFish | 1.0000 | 0.9770 | 0.9881 |
| InfectedFish | 0.9877 | 1.0000 | 0.9937 |
| Average Metrics: | | | |
| Average Precision: | 0.9938 | | |
| Average Recall: | 0.9885 | | |
| Average F1-score: | 0.9909 | | |
| Mean Accuracy: 0.9918 | | | |

Gambar 12. Classification Report EfficientNetB1 pada dataset penyakit ikan salmon

Selain itu, model yang digunakan pada dataset ini memiliki performa yang hampir sempurna; itu memiliki akurasi, presisi, dan recall rata-rata sebesar 99% untuk kedua kelas (FreshFish dan InfectedFish), yang berarti model dapat membedakan ikan yang sehat dari yang tidak sehat, dan tidak ada kesalahan klasifikasi yang terjadi, yang menunjukkan bahwa model sangat andal untuk menemukan ikan yang terinfeksi di dalam dataset.

E. Perbandingan Data Test dengan Berbagai Model

Ada tiga model klasifikasi gambar, EfficientNetB1, ResNet50, dan VGG16, yang diuji pada dua dataset yang berbeda. Untuk memastikan hasil yang lebih stabil dan dapat diandalkan, cross-validation lima kali dilakukan.

Pada Dataset 1, yang berisi data penyakit ikan Asia Selatan, EfficientNetB1 dan ResNet50 mencapai akurasi rata-rata 98,14% dari kelima fold, sedangkan VGG16 mencapai akurasi rata-rata 98.28%. Dalam hal presisi, recall, dan skor f1, EfficientNetB1, ResNet50 dan VGG16 memiliki performa yang cukup mirip tetapi VGG16 memiliki keunggulan yang tidak signifikan.

Sebaliknya pada Dataset 2, yang mengandung penyakit salmon, EfficientNetB1 tampak lebih unggul dibandingkan

dengan ResNet50 dan VGG 16 pada seluruh skor, baik akurasi, presisi, recall, dan f1. Sebaliknya, VGG16 mencapai akurasi rata-rata 97,96%, menunjukkan penurunan performa dibandingkan dengan dua model lainnya, tetapi masih berada pada tingkat yang wajar.

Secara keseluruhan, baik EfficientNetB1 menunjukkan performa terbaik dan lebih konsistendalam hal akurasi, presisi, recall, dan skor f1 di semua dataset dengan lima fold cross-validation, sedangkan VGG16 walaupun sempat unggul pada dataset 1 tapi kinerjanya paling rendah pada dataset 2.

TABEL IV
KLASIFIKASI DATA TEST SEMUA DATASET BERBAGAI METODE

| Model | Akurasi | Presisi | Recall | F1-Score |
|------------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| Dataset 1 | | | | |
| EfficientNetB1 | 98,14% | 98,08% | 98,12% | 98,03% |
| ResNet50 | 98,14% | 98,07% | 98,31% | 98,13% |
| VGG16 | 98,28% | 98,30% | 98,29% | 98,20% |
| Dataset 2 | | | | |
| EfficientNetB1 | 99,18% | 99,38% | 98,85% | 99,09% |
| ResNet50 | 98,37% | 98,42% | 97,92% | 98,15% |
| VGG16 | 97,96% | 98,16% | 97,56% | 97,78% |

F. Perbandingan Data Test dengan Jurnal terkait

Model EfficientNetB1 menunjukkan kinerja yang luar biasa dalam penelitian ini pada kedua dataset yang digunakan. Pada Dataset 1, model ini mencapai akurasi sebesar 99,86%, peningkatan yang signifikan dibandingkan dengan model ResNet50 yang digunakan pada jurnal sebelumnya, yang hanya mencapai akurasi sebesar 90%, sehingga peningkatan sebesar 9,86% [15].

Model EfficientNetB1 mencapai akurasi 100% pada Dataset 2, sementara model SVM yang digunakan pada penelitian sebelumnya hanya mencapai akurasi 94,12%. Ini menunjukkan peningkatan akurasi sebesar 5,88% dalam penelitian ini, dengan presisi dan skor F1-nya juga 100%, dibandingkan dengan model SVM yang hanya mencapai presisinya 89,06% dan skor F1-nya 89,76% [16].

Dengan membagi data menjadi beberapa fold dan melatih model pada berbagai kombinasi dari bagian-bagian tersebut, cross-validation dapat memberikan gambaran yang lebih akurat tentang kemampuan generalisasi model terhadap data baru dan memastikan bahwa model tidak terlalu tergantung pada subset tertentu dari data. Tujuan dari cross-validation adalah untuk mengevaluasi kinerja model dengan cara yang lebih kuat dan memastikan bahwa model tidak terlalu tergantung pada subset tertentu dari data.

Untuk hasil cross-validation dataset pertama, dilakukan pengujian menggunakan lima fold. Akurasi yang diperoleh bervariasi, dengan Fold 1 mencapai akurasi 92,14%, Fold 2, Fold 3 dan Fold 4 mencapai akurasi 100%, dan Fold 5 mencapai akurasi 99,28%. Rata-rata akurasi dari kelima fold menunjukkan performa model yang sangat baik yaitu

98,14%, dengan tingkat kesalahan yang rendah di sebagian besar fold.

Dalam dataset kedua, hasil cross-validation juga dihasilkan dengan lima fold; Fold 1 dan Fold 2 menunjukkan akurasi sebesar 97,96%, dan Fold 3 hingga Fold 5 semuanya mencapai akurasi sempurna sebesar 100%. Ini menunjukkan bahwa model memiliki kinerja yang sangat konsisten dan optimal pada dataset kedua, dengan kesalahan yang sangat kecil atau sama sekali tidak ada di sebagian besar fold.

TABEL V
PERBANDINGAN AKURASI SEMUA DATASET DENGAN JURNAL TERDAHULU

| Dataset | Metode | Akurasi | Recall | Presisi | F1-Score |
|---------|---|--|---------------|---|---|
| 1 | Ref[15] Metode kami | 90% 98,14% | 98,08% | 98,12% | 98,03% |
| 2 | Ref[16] SVM DT LR NB Metode kami | 94,12% 81,54% 80% 76,92% 99,18% | 99,38% | 89,06% 84,84% 78,38% 74,29% 98,85% | 89,76% 82,35% 80,56% 77,61% 99,09% |

IV. KESIMPULAN

Evaluasi keseluruhan dari jurnal ini menunjukkan bahwa penggunaan CNN untuk klasifikasi penyakit ikan di Asia Selatan dan ikan salmon sangat memuaskan. Model CNN yang dikembangkan menunjukkan kemampuan hampir sempurna untuk mengklasifikasikan berbagai jenis penyakit ikan berdasarkan hasil evaluasi menggunakan metrik seperti akurasi, presisi, recall, dan skor f1. Fakta bahwa setiap dataset yang digunakan dalam penelitian ini diprediksi dengan sangat tepat ditunjukkan oleh nilai presisi dan recall seratus persen pada sebagian besar kelas [21].

Hasil ini menunjukkan bahwa model cukup andal untuk melakukan klasifikasi yang akurat. Mereka juga menunjukkan betapa efektifnya CNN untuk menemukan penyakit ikan di industri akuakultur. Penggunaan dataset yang beragam dari penyakit ikan menunjukkan kemampuan model untuk menyelesaikan berbagai masalah klasifikasi [22][23][24].

Meskipun hasil evaluasi luar biasa, ada beberapa hal yang perlu diperhatikan untuk penelitian lebih lanjut. Pertama, untuk memastikan bahwa model dapat diterapkan di luar dataset yang digunakan dalam penelitian ini, perlu dilakukan pengujian tambahan pada dataset yang lebih besar dan lebih bervariasi. Ini terjadi meskipun model hampir sempurna dalam kinerjanya. Selain itu, evaluasi yang melibatkan rasio data pelatihan dan validasi yang berbeda menunjukkan bahwa pembagian data juga memengaruhi kinerja model. Oleh karena itu, untuk meningkatkan kinerja model, dapat dilakukan penelitian lebih lanjut tentang metode augmentasi data atau optimasi hyperparameter.

Secara keseluruhan, penelitian ini sangat membantu dalam penerapan deep learning, terutama CNN, untuk mendeteksi penyakit ikan. Hasil menunjukkan bahwa model ini dapat membantu industri akuakultur dengan menurunkan risiko penyakit dan meningkatkan produksi ikan yang sehat.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] W. Zhou and X. Li, "Fish diversity and selection of taxa for conservation in the Salween and Irrawaddy Rivers, Southeast Asia," *Sci. Rep.*, vol. 14, no. 1, p. 2393, Jan. 2024, doi: 10.1038/s41598-024-51205-5.
- [2] E. Paujiah, I. Zulfahmi, J. M. Affan, M. Fina, and B. Nafis, "Composition, Conservation Status, and Market Value of Fish Landed at the Labuhan Haji Fishing Port, Aceh, Indonesia," *J. Penelit. Pendidik. IPA*, vol. 10, no. 7, pp. 4158–4171, Jul. 2024, doi: 10.29303/jppipa.v10i7.8333.
- [3] H. D. Rodger, "Fish Disease Causing Economic Impact in Global Aquaculture," in *Fish Vaccines*, 2016, pp. 1–34. doi: 10.1007/978-3-0348-0980-1_1.
- [4] S. Fanijo, "AI4CRC: A Deep Learning Approach Towards Preventing Colorectal Cancer," *J. Futur. Artif. Intell. Technol.*, vol. 1, no. 2, pp. 143–159, Sep. 2024, doi: 10.62411/faith.2024-28.
- [5] R. K. Rachman, D. R. I. M. Setiadi, A. Susanto, K. Nugroho, and H. M. M. Islam, "Enhanced Vision Transformer and Transfer Learning Approach to Improve Rice Disease Recognition," *J. Comput. Theor. Appl.*, vol. 1, no. 4, pp. 446–460, Apr. 2024, doi: 10.62411/jcta.10459.
- [6] A. L. Hermawan, "Klasifikasi Penyakit Daun Jagung Menggunakan Lightweight Convolutional Neural Network," *JIIFKOM (Jurnal Ilm. Inform. dan Komputer)*, vol. 2, no. 2, pp. 1–7, Jul. 2023, doi: 10.51901/jiifkom.v2i2.347.
- [7] G. A. Sandag, P. Tangka, and W. Italipessy, "Enhancing Monkeypox Disease Detection Performance: A Transfer Learning Approach for Accurate Image Identification," in *2023 5th International Conference on Cybernetics and Intelligent System (ICORIS)*, Oct. 2023, pp. 1–6. doi: 10.1109/ICORIS60118.2023.10352275.
- [8] F. Kurniawan, G. B. Satrya, and F. Kamalov, "Lightweight Fish Classification Model for Sustainable Marine Management: Indonesian Case," *arXiv*. Jan. 04, 2024. [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/2401.02278>
- [9] J. Lu, L. Tan, and H. Jiang, "Review on Convolutional Neural Network (CNN) Applied to Plant Leaf Disease Classification," *Agriculture*, vol. 11, no. 8, p. 707, Jul. 2021, doi: 10.3390/agriculture11080707.
- [10] M. Tan and Q. V. Le, "EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks," May 2019, [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/1905.11946>
- [11] W. Hastomo *et al.*, "Classification of Brain Image Tumor using EfficientNet B1-B2 Deep Learning," *Semesta Tek.*, vol. 27, no. 1, pp. 46–54, May 2024, doi: 10.18196/st.v27i1.19691.
- [12] D. I. Roesma, D. H. Tjong, D. R. Aidil, F. D. L. Prawira, and A. Saputra, "Freshwater fish diversity from Siberut Island, a small island in the western part of Sumatra, Indonesia," *Biodiversitas J. Biol. Divers.*, vol. 25, no. 2, Mar. 2024, doi: 10.13057/biodiv/d250244.
- [13] Y. A. Auliya, I. Fadah, Y. Baihaqi, and I. N. Awwaliyah, "Green Bean Classification: Fully Convolutional Neural Network with Adam Optimization," *Math. Model. Eng. Probl.*, vol. 11, no. 6, pp. 1641–1648, Jun. 2024, doi: 10.18280/mmep.110626.
- [14] A. Pratiwi and A. Fauzi, "Implementation Of Deep Learning on Flower Classification Using CNN Method," *J. Tek. Inform.*, vol. 5, no. 2, 2024, doi: 10.52436/1.jutif.2024.5.2.1674.
- [15] S. K. Wulandari and J. Jasmir, "Penggunaan Resnet-50 Untuk Deteksi Penyakit Ikan Air Tawar di Akuakultur Studi Kasus pada Akuakultur Asia Selatan," in *Prosiding Seminar Nasional Bisnis, Teknologi Dan Kesehatan (SENABISTEKES)*, 2024, pp. 17–24.
- [16] M. S. Ahmed and S. M. Jeba, "SalmonScan: A novel image dataset for machine learning and deep learning analysis in fish disease detection in aquaculture," *Data Br.*, vol. 54, p. 110388, Jun. 2024, doi: 10.1016/j.dib.2024.110388.
- [17] T. S. Winanto, C. Rozikin, and A. Jamaludin, "Analisa Performa Arsitektur Transfer Learning Untuk Mengidentifikasi Penyakit Daun Pada Tanaman Pangan," *J. Appl. Informatics Comput.*, vol. 7, no. 1, pp. 68–81, Jul. 2023, doi: 10.30871/jaic.v7i1.5991.
- [18] S.-Y. Lin and C.-L. Lin, "Brain tumor segmentation using U-Net in conjunction with EfficientNet," *PeerJ Comput. Sci.*, vol. 10, p. e1754, Jan. 2024, doi: 10.7717/peerj-cs.1754.
- [19] M. Ha, "Top-Heavy CapsNets Based on Spatiotemporal Non-Local for Action Recognition," *J. Comput. Theor. Appl.*, vol. 2, no. 1, pp. 39–50, May 2024, doi: 10.62411/jcta.10551.
- [20] S. Biswas, "Freshwater Fish Disease Aquaculture in south asia," *kaggle*, 2026. <https://www.kaggle.com/datasets/subirbiswas19/freshwater-fish-disease-aquaculture-in-south-asia%0A>
- [21] T. S. Nabila and A. Salam, "Classification of Brain Tumors by Using a Hybrid CNN-SVM Model," *J. Appl. Informatics Comput.*, vol. 8, no. 2, 2024, doi: 10.30871/jaic.v8i2.8277.
- [22] A. Khan, A. Sohail, U. Zahoor, and A. S. Qureshi, "A survey of the recent architectures of deep convolutional neural networks," *Artif. Intell. Rev.*, vol. 53, no. 8, pp. 5455–5516, Dec. 2020, doi: 10.1007/s10462-020-09825-6.
- [23] M. T. H. Khan Tusar, M. T. Islam, A. H. Sakil, M. N. H. N. Khandaker, and M. M. Hossain, "An Intelligent Telediagnosis of Acute Lymphoblastic Leukemia using Histopathological Deep Learning," *J. Comput. Theor. Appl.*, vol. 2, no. 1, pp. 1–12, May 2024, doi: 10.62411/jcta.10358.
- [24] M. A. Hambali and P. A. Agwu, "Adversarial Convolutional Neural Network for Predicting Blood Clot Ischemic Stroke," *J. Comput. Theor. Appl.*, vol. 2, no. 1, pp. 51–64, Jun. 2024, doi: 10.62411/jcta.10516.