

Klasifikasi Citra Virus SARS-COV Menggunakan *Deep Learning*

Indah Susilawati^{1*)}, Supatman², Arita Witanti³

^{1,2,3} Program Studi Informatika, Fakultas Teknologi Informasi, Univ. Mercu Buana Yogyakarta,

^{1,2,3} Kampus 2 UMBY, Jl. Jembatan Merah 84 C Gejayan Yogyakarta 55283

email: ¹indah@mercubuana-yogya.ac.id, ²supatman@mercubuana-yogya.ac.id, ³arita@mercubuana-yogya.ac.id

Abstract – Various variants of the SARS-COV virus emerged from 2003 to early 2022. This resulted in a heavy burden on the health sector in carrying out its duties and public services. It would be very helpful if a computer-assisted application was available that could distinguish between the variants of the SARS-CoV virus. From a scientific point of view, this is an opportunity for information technology to play its role to classify SARS-COV variants using supporting algorithms, including the use of artificial intelligence. Artificial intelligence-based and computer-assisted processes are certainly more immune to negative effects due to repetitive works and fatigue.

In this study, Classification of the SARS-COV Virus Image Using Deep Learning (CNN) was carried out based on microscopic data called Transmission Electron Microscopy (TEM) images. The aim of the research is to produce a neural network (CNN/Deep Learning) that has been trained to classify two types of variants of the SARS virus, namely SARS-COV and SARS-COV2. The research phase includes data collection, data pre-processing (consists of the image format conversion and enhancing process), and the classification stage. The classification is carried out using both of the original and enhanced image data. The highest classification accuracy was obtained when the original image data was used, namely 77.66%. It was also found that the classification accuracy increased with an increase in the input image size, but the image data enhancing process used was not able to increase the classification accuracy beyond the classification accuracy achieved when using the original image.

Keywords – classification, deep learning, CNN, SARS-COV, SARS-COV2

Abstrak – Berbagai varian virus SARS-CoV muncul semenjak tahun 2003 hingga awal tahun 2022. Hal ini mengakibatkan beratnya beban sektor kesehatan dalam melakukan tugas dan layanannya kepada masyarakat. Akan sangat membantu jika tersedia aplikasi berbantuan komputer yang dapat membedakan varian-varian virus SARS-COV tersebut. Dipandang dari sudut keilmuan, hal ini menjadi peluang bagi teknologi informasi untuk memainkan perannya membantu melakukan klasifikasi varian SARS-COV menggunakan algoritma-algoritma yang mendukung, diantaranya pemanfaatan *artificial intelligence*. Proses berbasis *artificial intelligence* dan berbantuan komputer tentu lebih kebal terhadap efek-efek negatif akibat kerja yang repetitif dan faktor kelelahan.

Pada penelitian ini dilakukan Klasifikasi Citra Virus SARS-COV Menggunakan *Deep Learning* (CNN) berdasarkan data mikroskopis yang disebut citra *Transmission Electron Microscopy* (TEM). Tujuan penelitian adalah menghasilkan jaringan neural (CNN/Deep Learning) yang telah terlatih untuk

TEM yang diperoleh dari *repository* Robert Koch Institute, Germany. Tahap penelitian meliputi pengumpulan data, pra-process data yang terdiri dari proses konversi format citra dan proses *enhancing*, dan tahap klasifikasi menggunakan CNN. Tahap klasifikasi dilakukan menggunakan data citra asli dan data citra setelah proses *enhancing*. Akurasi tertinggi klasifikasi citra virus SARS-COV menggunakan CNN diperoleh saat digunakan data citra asli yaitu 77,66%. Dalam penelitian ini juga ditemukan bahwa akurasi klasifikasi citra virus SARS-COV naik dengan kenaikan ukuran citra input, namun proses *enhancing* data citra yang digunakan tidak mampu meningkatkan akurasi klasifikasi melebihi akurasi klasifikasi yang dicapai saat menggunakan citra asli.

Kata kunci – klasifikasi, *deep learning*, CNN, SARS-COV, SARS-COV2

I. PENDAHULUAN

Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-COV) adalah suatu jenis infeksi virus yang disebabkan oleh virus corona (*coronavirus*) yang mengakibatkan penyakit pernafasan sejenis flu. Pada tahun 2002 terjadi *outbreak* SARS-COV yang mengakibatkan pandemi pada tahun 2003, namun demikian virus ini dengan cepat dapat diatasi. Sementara itu SARS-COV2 adalah virus corona jenis baru yang pertama kali teridentifikasi di Wuhan, China, pada bulan Desember 2019. Virus ini menyebabkan terjadinya pandemi selama tahun 2020 dan 2021 dan belum berakhir hingga awal tahun 2022 bahkan ditemukan varian coronavirus yang baru lagi yang disebut omicron setelah sebelumnya ditemukan juga varian delta. Infeksi SARS-COV2 mengakibatkan penyakit pernafasan yang cenderung parah yang disebut COVID19 [1].

Virus SARS-COV2 dengan demikian adalah merupakan varian baru dari SARS-COV dan juga berkaitan dengan MERS-COV [2]. Perbedaan antara SARS-COV dan SARS-COV2 adalah jika SARS-COV bersifat sangat patogenis dan mengakibatkan tingkat kematian tinggi, maka SARS-COV2 bersifat sangat menular [3]. Hal ini dapat diketahui bahkan dialami oleh masyarakat secara langsung dalam periode tahun 2020-2021, pasien terinfeksi virus SARS-COV2 hingga puluhan juta di seluruh dunia dengan jumlah kematian yang juga tidak sedikit. Dalam perkembangannya, masyarakat juga tahu bahwa telah muncul varian delta pada akhir tahun 2020 (pertama kali ditemukan di India pada Desember 2020) dengan tingkat penularan yang lebih tinggi. Kemudian disusul pula dengan kemunculan varian omicron yang pertama kali muncul di benua Afrika pada November 2021. Bahkan kemudian juga muncul beberapa varian baru hingga pertengahan tahun 2022.

***) Penulis korespondensi:** Indah Susilawati

Email: indah@mercubuana-yogya.ac.id

mengklasifikasikan dua jenis varian virus SARS, yaitu virus SARS-COV dan SARS-COV2. Penelitian menggunakan citra

Banyaknya varian virus SARS-COV yang muncul semenjak tahun 2003 hingga pada masa pandemi COVID19 mengakibatkan beratnya beban sektor kesehatan dalam melakukan tugas dan layanannya kepada masyarakat. Namun, disisi lain memberikan peluang bagi teknologi informasi untuk memainkan perannya, misalnya membantu melakukan klasifikasi varian SARS-COV menggunakan algoritma-algoritma yang mendukung *artificial intelligence*. Klasifikasi berbasis *artificial intelligence* dan berbantuan komputer akan sangat membantu dalam kondisi pandemi dimana jumlah pasien terpapar virus sangat banyak dengan jumlah tenaga medis yang sangat terbatas. Proses berbasis *artificial intelligence* dan berbantuan komputer diharapkan lebih kebal terhadap efek-efek akibat kerja yang repetitif dan faktor kelelahan.

Pada penelitian ini dilakukan Klasifikasi Citra Virus SARS-COV Menggunakan *Deep Learning* menggunakan data mikroskopis yang disebut *Transmission Electron Microscopy (TEM) images*. Tujuan penelitian adalah menghasilkan jaringan neural yang telah terlatih untuk mengklasifikasikan dua jenis varian virus SARS, yaitu SARS-COV dan SARS-COV2.

II. PENELITIAN YANG TERKAIT

Beberapa penelitian yang terkait penelitian ini yang pertama adalah sebuah penelitian yang berjudul '*Classifying COVID-19 Variants Based on Genetic Sequences Using Deep Learning Models*'. Dalam penelitian tersebut, Basu dan Campbell melakukan klasifikasi 20 varian virus COVID19 berdasarkan sekuens genetiknya. Istilah 'varian' dalam penelitian Basu terkait tipe, asal daerah (negara) dan mutasi virusnya. Hasil penelitian Basu dan Campbell ini mampu mencapai akurasi setinggi 92,5% [4].

Selanjutnya, Fan et al, dalam penelitiannya yang berjudul '*A Multi-Class Gene Classifier for SARS-COV2 Variants Based on Convolutional Neural Network*' melakukan klasifikasi 4 varian COVID-19 yaitu B.1.1.7; B.1.427; B.1.526 dan P.1. berdasarkan sekuens genetiknya. Dalam penelitian tersebut juga dilakukan perbandingan hasil klasifikasi menggunakan *machine learning* yang lain seperti *logistic regression*, *K-nearest neighbor*, SVM, dan *random forest*. Hasil akhirnya adalah kesimpulan bahwa klasifikasi menggunakan *convolutional neural network* terbukti efisien untuk klasifikasi SARS-COV2 [5].

Dabiri dan Kassab melakukan penelitian berjudul '*Machine Learning Analysis of Virus Based on Transmission Electron Microscopy Image: Application to SARS-COV2*'. Dalam penelitian dikembangkan sebuah *platform machine learning* untuk mengkategorikan berbagai jenis virus menggunakan citra *Transmission Electron Microscopy (TEM)*. Dataset yang digunakan terdiri atas 16 famili virus termasuk diantaranya virus SARS-COV2. Penelitian dilakukan dengan pertimbangan bahwa semakin efisien patogenesisnya maka penanganan dan strategi pengembangan vaksin menjadi lebih mungkin lagi jika famili virusnya telah teridentifikasi. Akurasi

tertinggi yang dapat dicapai dalam penelitian ini mencapai 77.8% [6].

Sinaga, et al, melakukan penelitian dengan judul '*Identification Of Biometric Deepfakes Using Feature Learning*' untuk menentukan keaslian citra (*fake or not fake*). Dalam penelitian digunakan data yang diperoleh dari frame-frame potongan video; dan metode yang digunakan mampu menghasilkan akurasi rata-rata setinggi 90% [7].

Remirez et al, dalam jurnalnya berjudul '*Dealing with Distribution Mismatch in Semi-supervised Deep Learning COVID-19 Detection using Chest X-ray Images: A Novel Approach using Feature Densities*', menggunakan pendekatan baru untuk data yang digunakan. Data citra sinar X tanpa label digunakan untuk meningkatkan akurasi model; hasilnya diperoleh peningkatan sebesar 32% dari perolehan semula [8].

Celik, G, dalam penelitiannya berjudul '*Detection of Covid-19 and Other Pneumonia Cases from CT and X-ray Chest Images using Deep Learning Based on Feature Reuse Residual Block and Depthwise Dilated Convolutions Neural Network*', menggunakan fitur FRB (*Reuse Residual Block*) dari citra sinar X dan konvolusi *Depthwise Dilated*. Akurasi yang dicapai dengan beberapa dataset yang berbeda mencapai nilai minimal 96% [9].

Penelitian yang lain yang dilakukan Sharma, et al, berjudul '*A Novel Fusion Based Convolutional Neural Network Approach for Classification of COVID-19 from Chest X-ray Images*', menggabungkan dua modifikasi model yang belum dilatih yaitu MobileNetV2 dan VGG16. Kedua model digabung menggunakan metode *confidence fusion* untuk menghasilkan akurasi klasifikasi yang lebih baik. Akurasi tertinggi yang dicapai dengan model ini adalah 96,48% [10].

Shyni, H.M. and Chitra, E., dalam studi komparatifnya berjudul '*A Comparative Study of X-ray and CT Images in COVID-19 Detection using Image Processing and Deep Learning Techniques*', memberikan *overview* tentang CNN sebagai algoritma *deep learning* yang paling populer dalam mendeteksi COVID-19 menggunakan data citra medis. Juga ditelaah bagaimana pentingnya pra-proses untuk citra medis, *transfer learning* dan teknik augmentasi datanya [11].

Pada penelitian ini dilakukan klasifikasi dua jenis virus SARS, yaitu SARS-COV dan SARS-COV2, menggunakan data TEM images. Data citra TEM 16 bit dikonversi ke format citra 8 bit untuk kepentingan kemudahan dan kompatibilitas. Konversi data citra ini juga bertujuan untuk mengurangi beban komputasi. CNN yang dirancang diharapkan mampu melakukan klasifikasi citra terkonversi tersebut dengan kinerja yang sama tingginya atau sebanding.

III. METODE PENELITIAN

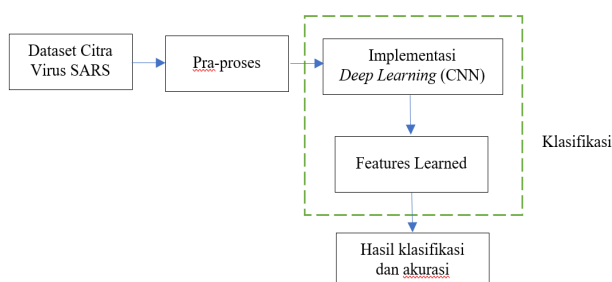
Deep Learning merupakan teknik *machine learning* yang menerapkan *deep neural network* yaitu jaringan syaraf lapis-jamak yang terdiri atas dua atau lebih lapisan tersembunyi. *Deep neural network* yang digunakan khusus untuk pengenalan citra adalah *Convolutional Neural Network* (ConvNet atau CNN). Fitur dan keuntungan utama yang

ditawarkan CNN adalah pada proses otomatis dalam ekstraksi ciri datanya atau dengan kata lain bahwa CNN sudah memasukkan ekstraktor ciri dalam proses pelatihannya (tidak perlu mendesain ekstraktor secara manual) [12].

Pada dasarnya CNN memiliki 4 layer, yaitu:

1. *Convolution layer*
Konvolusi dilakukan dengan melibatkan 3 elemen, yaitu:
 - a. Citra input yang akan dikonvolusi,
 - b. *Feature ekstraktor/kernel/filter*, berupa matriks yang digunakan untuk mengekstrak ciri,
 - c. *Feature map/activation map*, yaitu hasil operasi konvolusi antara citra dan *feature extractor*.
2. *ReLU (Rectified Linear Unit) layer*
ReLU adalah sebuah fungsi yang mengaktifkan *node* jika nilai inputnya melebihi satu nilai ambang. Jika nilai inputnya kurang dari nol, maka outputnya nol, jika nilai inputnya melebihi nilai ambang maka outputnya akan memiliki relasi linear dengan variabel yang terkait.
3. *Pooling layer*
Ada dua jenis pooling, yaitu *max pooling* dan *average pooling*. *Pooling* mereduksi ukuran citra dengan keuntungan dapat lebih fokus pada aspek-aspek yang penting saja dan juga dapat mengurangi beban komputasi.
4. *Flattening & Fully Connected Network*.
Setelah proses *pooling* dari *feature map*, maka dilakukan *flattening* menjadi vektor kolom. Vektor hasil *flattening* ini yang menjadi input CNN.

Alur penelitian diperlihatkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Tahap penelitian yang dilakukan

Penelitian menggunakan data citra sebagai inputnya. Citra yang digunakan adalah citra TEM dari virus SARS-CoV dan SARS-CoV2. Total data citra yang digunakan dibagi menjadi dua bagian, satu bagian untuk pelatihan dan satu bagian yang lain untuk pengujian.

Setiap citra yang digunakan dalam penelitian dikenakan *pre-processing* terlebih dahulu. *Pre-processing* yang akan diaplikasikan adalah berupa konversi format citra dan proses *enhancing*. Konversi format citra diperlukan karena citra aslinya disimpan dalam format 16 bit, dimana format ini terkadang belum didukung oleh aplikasi *image viewer* yang biasa digunakan masyarakat. Proses *enhancing* pada citra digunakan untuk meningkatkan kontras citra. Algoritma yang digunakan pada prinsipnya adalah penyekalaan nilai piksel citra sehingga secara otomatis akan meningkatkan citra.

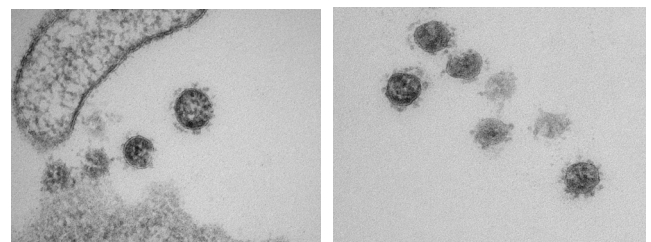
Scaling atau penyekalaan dilakukan dengan *mapping* nilai piksel citra ke nilai piksel yang baru secara linier (nilai piksel terendah di-*mapping*-kan ke nilai nol dan nilai piksel tertinggi di-*mapping*-kan ke nilai 255).

Proses ekstraksi ciri dan klasifikasi menggunakan *deep learning* dilakukan sebagai satu kesatuan (tidak terpisah seperti pada JST/Jaringan Syaraf Tiruan). Citra virus TEM digunakan sebagai input *deep learning*; baik citra asli (telah dikonversi namun tanpa *enhancing*) maupun citra dengan *enhancing* digunakan untuk proses klasifikasi untuk mengetahui pengaruhnya pada kinerja *deep learning*/CNN. Sebanyak 80% dari total dataset citra yang digunakan digunakan untuk melatih jaringan *deep learning*/CNN (*Convolutional Neural Network*); dan menghasilkan model CNN yang telah terlatih (*features learned*). Jaringan CNN yang telah terlatih ini kemudian diuji menggunakan 20% citra virus dalam dataset.

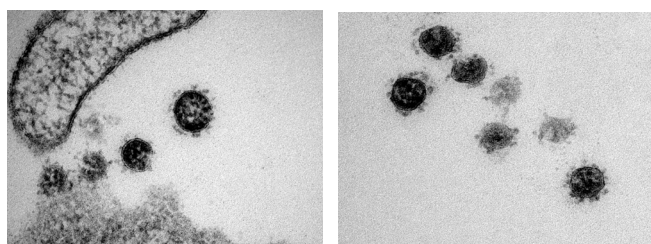
Pada penelitian ini digunakan CNN 20 layer, input citra yang digunakan bervariasi (50x50x3, 100x100x3, dan 128x128x3), filter ukuran 3x3 dan digunakan *max pooling*.

IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

Konversi dan *enhancing* citra dari format 16 bit ke format 8 bit pada prinsipnya dilakukan dengan cara penyekalaan secara linear. Selain diperuntukkan bagi fleksibilitas *display* (tampilan), proses konversi juga diperlukan karena menggunakan citra 16 bit sebagai input CNN menghasilkan kinerja yang sangat rendah. Gambar 2 memperlihatkan hasil konversi citra menjadi format 8 bit dan Gambar 3 memperlihatkan hasil *enhancing* untuk sampel data yang sama.



Gambar 2. Citra virus hasil konversi ke format 8 bit (a) sampel Dataset_01_SARS-COV_001.tif (b) sampel Dataset_02_SARS-COV-2_001.tif



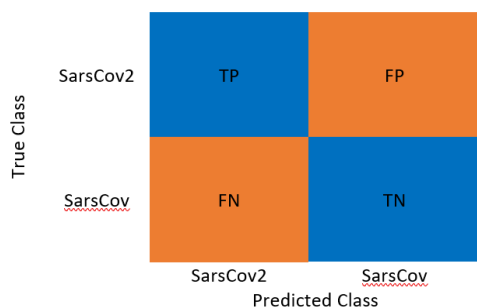
Gambar 3. Citra virus hasil *enhancing* (a) sampel Dataset_01_SARS-COV_001.tif (b) sampel Dataset_02_SARS-COV-2_001.tif

Total data citra yang digunakan dalam penelitian ini adalah 473 citra, terdiri atas 237 citra virus SARS-COV dan 236 citra virus SARS-COV2. Jumlah data citra SARS-COV dan SARS-

COV 2 dipilih seimbang (*balance*) untuk menghindari efek buruk digunakan dataset yang tidak seimbang pada kinerja dan efisiensi *machine learning* [13] [14]. Sebanyak 80% data digunakan untuk pelatihan dan 20% yang lain digunakan untuk pengujian. Akurasi klasifikasi diukur menggunakan *confusion matrix* [15]. Pada penelitian, *confusion matrix* yang diadaptasi dan digunakan diperlihatkan pada Gambar 4.

TP (*True Positive*) berarti virus SARS-COV2 diprediksi oleh CNN sebagai SARS-COV2; FP (*False Positive*) berarti virus SARS-COV2 diprediksi oleh CNN sebagai SARS-COV. Dengan cara yang sama, TN (*True Negative*) berarti virus SARS-COV diprediksi oleh CNN sebagai SARS-COV; FN (*False Negative*) berarti virus SARS-COV diprediksi oleh CNN sebagai SARS-COV2. Berdasarkan hasil *confusion matrix*, akurasi klasifikasi dihitung menggunakan persamaan (1):

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

Gambar 4. *Confusion matrix*

Tabel 1 memperlihatkan hasil klasifikasi citra virus SARS menggunakan ukuran citra input yang berbeda, untuk citra tanpa dan dengan *enhancing* dan hasil akurasi klasifikasinya berdasarkan *confusion matrix* yang dihasilkan pada setiap pelatihan dan pengujian.

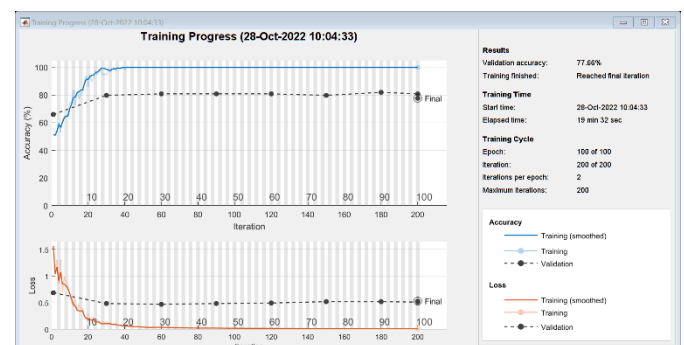
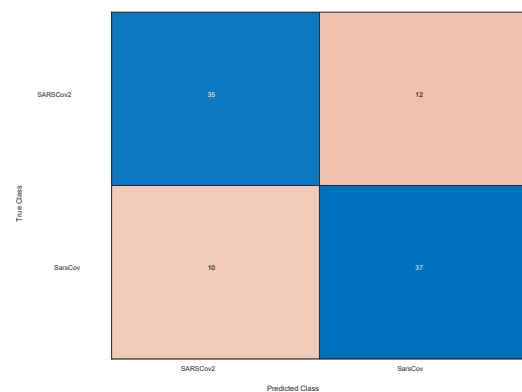
TABEL 1.
HASIL KLASIFIKASI

Ukuran citra augmentasi	Epoch	Learn rate	TP+TN	FP+FN	Akurasi Pengujian
Klasifikasi menggunakan citra tanpa <i>enhancing</i>					
50x50x3 (Ukuran 1)	100	0,001	65	29	69,15 %
100x100x3 (Ukuran 2)	100	0,001	66	28	70,21 %
128x128x3 (Ukuran 3)	100	0,001	72	22	77,66 %
Klasifikasi menggunakan citra dengan <i>enhancing</i>					
50x50x3 (Ukuran 1)	100	0,001	57	38	59,57%
100x100x3 (Ukuran 2)	100	0,001	61	33	64,89%
128x128x3 (Ukuran 3)	100	0,001	64	30	68,09%

Tabel 1 memperlihatkan bahwa saat menggunakan input citra tanpa *enhancing* diperoleh nilai akurasi tertinggi 77,66%

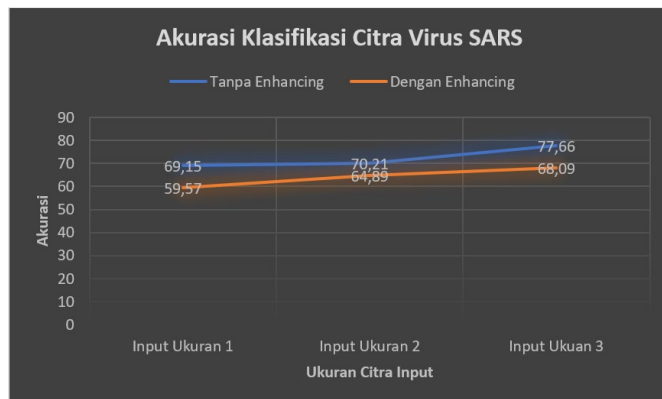
dengan ukuran citra input 128x128x3, 100 *epoch*, dan *learnrate* 0.001. *Confusion matrix* menunjukkan bahwa dari 94 data uji terdapat 72 data yang diklasifikasikan secara benar dan 22 data yang salah diklasifikasikan. Berdasar hasil klasifikasi juga dapat diketahui bahwa dengan meningkatkan ukuran citra input, diperoleh akurasi yang juga meningkat. Gambar 5 dan Gambar 6 memperlihatkan grafis klasifikasi dan *confusion matrix* yang terkait.

Klasifikasi menggunakan data citra dengan *enhancing* menunjukkan nilai akurasi tertinggi 68,09% saat digunakan ukuran citra input 128x128x3, 100 *epoch*, dan *learnrate* 0.001. *Confusion matrix* menunjukkan bahwa dari 94 data uji terdapat 64 data diklasifikasikan dengan benar dan 40 data yang salah diklasifikasikan. Sama halnya dengan saat digunakan citra asli tanpa *enhancing*, klasifikasi menggunakan data citra dengan proses *enhancing* juga meningkat akurasinya saat digunakan ukuran citra yang lebih besar.

Gambar 5. Hasil klasifikasi, dengan citra input 128x128x3, 100 *epoch*, *learnrate* 0.001, citra asli tanpa *enhancing*Gambar 6. *Confusion matrix*, dengan citra input 128x128x3, 100 *epoch*, *learnrate* 0.001, citra asli tanpa *enhancing*

Gambar 7 memperlihatkan grafis perbandingan hasil klasifikasi visus SARS menggunakan CNN dalam penelitian ini. Grafis perbandingan memperlihatkan bahwa dalam kasus ini proses *enhancing* citra tidak mampu meningkatkan akurasi klasifikasi, namun justru sebaliknya. Namun terlihat kecenderungan yang sama pada kenaikan akurasi klasifikasi dengan kenaikan ukuran citra input yang digunakan. Secara keseluruhan, hasil klasifikasi dengan akurasi tertinggi

diperoleh saat digunakan data citra asli (*tanpa enhancing*) yaitu 77,66% dengan ukuran citra input 128x128x3, 100 *epoch*, dan *learnrate* 0.001. Penelitian terkait klasifikasi virus (termasuk didalamnya SARSCoV2) oleh Dabiri dan Kassab menggunakan citra TEM menghasilkan kinerja 77,8% [6]. Terdapat selisih sebesar 0,14% dengan hasil penelitian tersebut; dalam hal ini perlu dikaji lebih lanjut apakah terdapat pengaruh pada kinerja akibat konversi citra TEM 16 bit menjadi 8 bit.



Gambar 7. Perbandingan nilai akurasi yang dihasilkan

V. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian dan pembahasan dapat diambil beberapa simpulan berikut:

1. Akurasi tertinggi klasifikasi citra virus SARS-COV menggunakan *Deep Learning* (CNN) diperoleh saat digunakan data citra asli (*tanpa enhancing*) yaitu 77,66% dengan ukuran citra input 128x128x3, 100 *epoch*, dan *learnrate* 0.001.
2. Dalam penelitian ini ditemukan bahwa akurasi klasifikasi citra virus SARS-COV naik dengan kenaikan ukuran citra input.
3. Dalam klasifikasi citra virus SARS-COV menggunakan *Deep Learning* (CNN) ini, proses *enhancing* data citra yang digunakan tidak mampu meningkatkan akurasi klasifikasi.

Peneliti menduga bahwa proses *enhancing* citra yang dipilih dalam penelitian kurang sesuai sehingga tidak mampu meningkatkan akurasi klasifikasi. Namun jika dipandang dari sisi kenaikan akurasi klasifikasi yang diperoleh seiring dengan dinaikkannya ukuran citra input, maka kemungkinan proses *enhancing* citra juga akan mampu meningkatkan akurasi klasifikasi. Saran untuk penelitian berikutnya adalah menemukan algoritma *enhancing* citra untuk pra-proses yang cocok untuk kasus citra virus SARS-COV atau menggunakan model CNN yang lain seperti yang disarankan dalam literatur jurnal terkait.

UCAPAN TERIMA KASIH

Peneliti mengucapkan terimakasih kepada Universitas Mercu Buana Yogyakarta atas dukungan fasilitas dan dana untuk terlaksananya penelitian ini. Juga diucapkan terimakasih

kepada Bagian P3MK UMBY atas bantuan fasilitasi dan administrasinya.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Zoppi, Lois., "How dose SARSCov2 Compare to SARS-CoV?", <https://www.news-medical.net/health/How-does-SARS-CoV-2-Compare-to-SARS-CoV.aspx>, 2021, diakses pada 18 Februari 2022 pukul 12.12 WIB.
- [2] C. N. Fikriani, I. K. K. G. Ardana, and D Listyorini, "The Comparison of SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-CoV Genome and Spike Protein Variations", Jurnal Riset Biologi dan Aplikasinya, Volume 3 Issue 1 Maret 2021, pp 38-44, 2021.
- [3] G. A. Rossi, O. Sacco, E. Mancino, L. Cristiani, and F. Midullla, "Differences and Similarities Between SARS-CoV and SARS-CoV-2: Spike Reseptor-binding Domain Recognition and Host Cell Infection with Support of Cellular Serine Proteases", Infection (2020) 48.665-669, Springer, 2020, <https://doi.org/10.1007/s15010-020-01486-5>.
- [4] S. Basu and R. H. Campbell, "Classifying COVID-19 Variants Based on Genetic Sequences Using Deep Learning Models", University of Illinois at Urbana-Champaign, bioRxiv, 2021, <https://doi.org/10.1101/2021.06.29.450335>.
- [5] J. Fan, C. Chen, C. Song, J. Pan, and G. Wu, "A Multi-Class Gene Classifier for SARS-Cov-2 Variants Based on Convolutional Neural Network", bioRxiv, 2021, <https://doi.org/10.1101/2021.11.22.469492>.
- [6] Y. Dabiri dan G.S. Kassab, "Machine Learning Analysis of Virus Based on Transmission Electron Microscopy Image: Application to SARS-CoV-2", California Medical Innovations Institute, 2020, <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-36284/v1>.
- [7] A. S. Sinaga, A. S. Sitio, and S. Dewi, "Identification Of Biometric Deepfakes Using Feature Learning Deep Learning", Jurnal Teknik Informatika (JUTIF) Vol. 3, No. 4, Agustus 2022, pp. 1125-1130, terbit 25 Agustus 2022, 2022.
- [8] S. Calderon-Remirez, S. Yang, D. Elizondo, and A. Moemeni, "Dealing with Distribution Mismatch in Semi-supervised Deep Learning COVID-19 Detection using Chest X-ray Images: A Novel Approach using Feature Densities", Elsevier ScienceDirect, Applied Soft Computing, Elsevier, 2022.
- [9] Gaffari Celik, "Detection of Covid-19 and Other Pneumonia Cases from CT and X-ray Chest Images using Deep Learning Based on Feature Reuse Residual Block and Depthwise Dilated Convolutions Neural Network", ScienceDirect, Applied Soft Computing, Elsevier, 2022.
- [10] A. Sharma, K. Singh, and D. Koundal, "A Novel Fusion Based Convolutional Neural Network Approach for Classification of COVID-19 from Chest X-ray Images", ScienceDirect, Biomedical Signal Processing and Control, Elsevier, 2022.

- [11] H.M. Shyni. and E. Chitra, "A Comparative Study of X-ray and CT Images in COVID-19 Detection using Image Processing and Deep Learning Techniques", ScienceDirect, Computer Methods and Programs in Biomedicine Update, Elsevier, 2022.
- [12] Kim, Phil., "MATLAB Deep Learning", Apress, ISBN-13 (pbk): 978-1-4842-2844-9, DOI 10.1007/978-1-4842-2845-6_1, 2017.
- [13] P. Mooijman, C. Catal, B. Tekinerdogan, A. Lommen, and M. Blokland, "The Effect of Data Balancing Approaches: A Case Study", ScienceDirect, Applied Soft Computing, Elsevier, 2023.
- [14] E. Chamseddine, N. Mansouri, M. Soui, and M. Abed, "Handling Class Imbalance in Covid19 Chest X-ray Images Classification: Using Smote and Weighted Loss", ScienceDirect, Applied Soft Computing, Elsevier, 2022.
- [15] Tom Fawcett, "An Introduction to ROC Analysis", SCIENCE@DIRECT, Pattern Recognition Letters 27, (2006) 861-874, Elsevier, 2006.