



SNESTIK

Seminar Nasional Teknik Elektro, Sistem Informasi,
dan Teknik Informatika

<https://ejurnal.itats.ac.id/snestik> dan <https://snestik.itats.ac.id>



Informasi Pelaksanaan :

SNESTIK IV - Surabaya, 27 April 2024

Ruang Seminar Gedung A, Kampus Institut Teknologi Adhi Tama Surabaya

Informasi Artikel:

DOI : 10.31284/p.snestik.2024.5849

Prosiding ISSN 2775-5126

Fakultas Teknik Elektro dan Teknologi Informasi-Institut Teknologi Adhi Tama Surabaya
Gedung A-ITATS, Jl. Arief Rachman Hakim 100 Surabaya 60117 Telp. (031) 5945043
Email : snestik@itats.ac.id

Analisis Perbandingan Klasifikasi Virus Cacar Monyet Dengan Pendekatan Algoritma Machine Learning

Panji Bintoro¹, Zulkifli Zulkifli², Nopi Anggista Putri³

Rekayasa Perangkat Lunak, Fakultas Teknologi dan Informatika, Universitas Aisyah Pringsewu¹
Teknik Informatika, Fakultas Teknologi dan Informatika, Universitas Aisyah Pringsewu²
Kebidanan, Fakultas Kesehatan, Universitas Aisyah Pringsewu³
e-mail: panjibintoro09@aisyahuniversity.ac.id

ABSTRACT

Monkeypox Virus (MPXV) is part of the Orthopoxvirus (OPXV) group within the Poxviridae family. This virus is contagious when someone has direct contact with infected individuals, animals, or contaminated materials. Transmission can occur through direct bodily contact, animal bites, respiratory droplets, or mucus in the eyes, nose, or mouth. However, since the emergence of the recent outbreak in May 2022, this disease has spread to various countries, posing a threat to develop into a global pandemic. Many machine learning algorithm approaches, including for classifying monkeypox disease, are proposed. This research suggests a system that can be used for Comparative Analysis of monkeypox virus classification with several machine learning algorithm approaches. From the work that has been done, it states that the neural network algorithm model outperforms other algorithm models. Testing the neural network algorithm model obtained an accuracy of 1.0, precision of 1.0, recall of 1.0, f1-score of 1.0, and ROC-AUC of 1.00 for Monkeypox Positive and Monkeypox Negative.

Keywords: Systemic Disease; Monkeypox; Neural Network SVM; Multinomial Naïve Bayes; Random Forest; KNN

ABSTRAK

Virus Monkeypox (MPXV) merupakan bagian dari kelompok Orthopoxvirus (OPXV) dalam famili Poxviridae. Virus ini menular ketika seseorang memiliki kontak langsung dengan orang lain yang terinfeksi, hewan, atau bahan terkontaminasi. Penularannya dapat melalui kontak langsung tubuh, gigitan hewan,

droplet pernapasan, atau lendir di mata, hidung, atau mulut. Meskipun demikian, sejak munculnya wabah terkini pada bulan Mei 2022, penyakit ini telah meluas ke berbagai negara, menimbulkan ancaman untuk berkembang menjadi pandemi global. Banyak pendekatan algoritma pembelajaran mesin termasuk untuk klasifikasi penyakit monkeypox tersebut. Penelitian ini mengusulkan suatu sistem yang dapat digunakan untuk Analisis perbandingan klasifikasi virus cacar monyet dengan pendekatan beberapa algoritma machine Learning. Dari pekerjaan yang telah dilakukan menyatakan bahwa model algoritma neural network mengungguli model algoritma lain nya. Pengujian model algoritma neural network mendapatkan akurasi 1.0, precision 1.0, recall 1.0, f1-score 1.0, dan ROC-AUC sebesar 1.00 untuk Monkeypox Positive dan Monkeypox Negative.

Kata kunci: Penyakit Sistemik; Cacar Monyet; Neural Network; SVM; Multinomial Naïve Bayes; Random Forest; KNN

PENDAHULUAN

Meskipun virus corona tetap menjadi ancaman, kemunculan epidemi yang disebabkan oleh virus monkeypox telah memicu pertanyaan bagi para ahli kesehatan tentang kemungkinan risiko baru [1]. Monkeypox atau Mpox, sebuah penyakit mirip cacar yang disebabkan oleh virus mpox, utamanya berasal dari wilayah Afrika Tengah dan Barat [2]. Virus Monkeypox (MPXV) merupakan bagian dari kelompok Orthopoxvirus (OPXV) dalam famili Poxviridae [3]. Poxvirus adalah jenis virus berukuran besar yang memiliki lapisan selubung dan genomnya terdiri dari DNA ganda beruntai (dsDNA) linear sekitar ~200 pasangan kilobase, dengan sekitar ~200 gen padat [4]. Penularan virus ini terjadi melalui kontak langsung dengan individu yang terinfeksi, hewan, atau bahan terkontaminasi [5]. Penularannya dapat terjadi melalui kontak langsung dengan tubuh, gigitan hewan, droplet pernapasan, atau melalui lendir di mata, hidung, atau mulut [6]. Meskipun demikian, sejak wabah terbaru muncul pada bulan Mei 2022, penyakit ini telah menyebar ke berbagai negara, menimbulkan ancaman menjadi pandemi global [7].

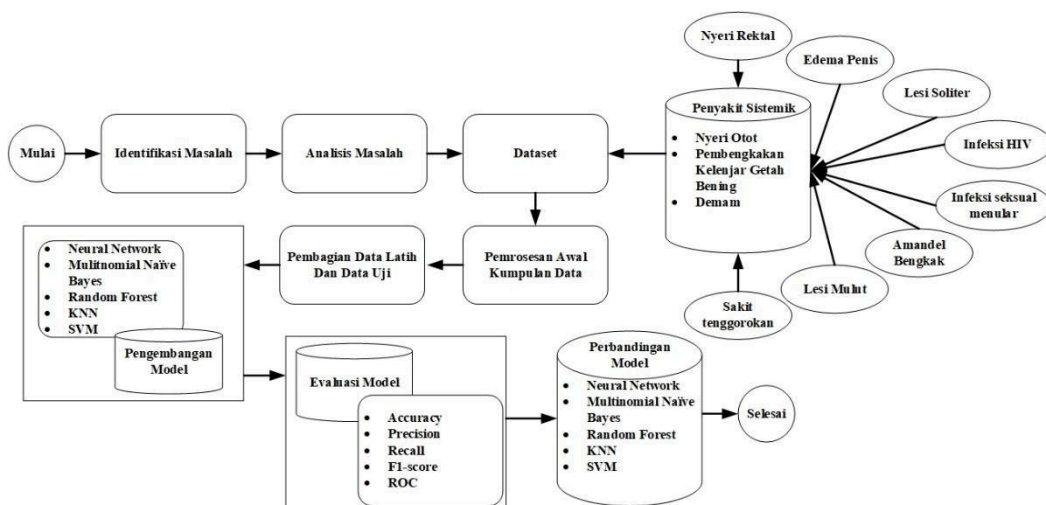
Genus OPXV memiliki lebih dari 10 spesies anggota, termasuk virus variola (cacar) (VARV) [8], virus vaksin cacar (VACV) [9], virus cowpox (CPXV) [10], virus camelpox (CMLV) [11], dan beberapa spesies baru yang telah diisolasi dari manusia atau primata terinfeksi sejak tahun 2010. Pada tahun 2018, terjadi wabah yang diduga sebagai monkeypox pada seorang anak berusia 11 tahun, dan penyakit tersebut dianggap sebagai ancaman [12]. Pada tanggal 1 Januari 2019, dilaporkan terdapat 132 kasus penyakit yang terkonfirmasi dan 7 kematian. Pada tanggal 23 Juni 2022, Organisasi Kesehatan Dunia (WHO) melaporkan lebih dari 3000 kasus infeksi virus monkeypox di lebih dari 50 negara di lima wilayah [13].

Beberapa penelitian terkait dengan deteksi penyakit monkeypox, salah satu nya dilakukan oleh [14] untuk membahas Machine Learning mengidentifikasi penyakit cacar monyet. Penyakit sistemik untuk klasifikasi penyakit cacar monyet yang dikembangkan dengan mengintegrasikan variabel ke dalam dataset seperti pembengkakan kelenjar getah bening [15], [16], [17], nyeri otot [18], [19], [20], dan demam [21], [22].

Penyakit sistemik yang digunakan untuk mengenali penyakit cacar monyet didasarkan pada sejumlah variabel, termasuk gejala nyeri dubur, sakit tenggorokan, pembengkakan penis, lesi mulut, lesi soliter, pembengkakan amandel, infeksi HIV, dan infeksi seksual menular. Dari variabel-variabel ini, data dikumpulkan untuk mendeteksi penyakit sistemik yang berhubungan dengan cacar monyet menggunakan pendekatan machine learning. Penelitian ini mengusulkan beberapa algoritma machine learning untuk mengklasifikasi cacar monyet. Sisa dari penelitian ini dibagi menjadi beberapa bagian, dengan metodologi disajikan di Bagian 2, hasil dan diskusi disajikan di Bagian 3, dan kesimpulan disajikan di Bagian 4.

METODE

Gambar 1 menunjukkan desain alur penelitian yang diusulkan pada studi ini, dimana data penyakit sistemik berbasis digunakan sebagai masukan untuk klasifikasi virus cacar monyet.



Gambar 1. Desain alur Penelitian

Identifikasi Masalah

Pada tahap ini identifikasi masalah meliputi:

- Perlunya sebuah model untuk mengklasifikasi penyakit virus cacar monyet.
- Pengukuran tingkat akurasi model machine learning.

Analisis Masalah

Pada tahap ini dilakukan perancangan model untuk mengklasifikasi penyakit virus monkeypox dengan pendekatan algoritma machine learning.

Akuisisi Data

Pada penelitian ini kami menggunakan sebuah dataset berjumlah 25.000 baris data dengan 9 fitur yaitu nyeri rektal, edema penis, lesi soliter, infeksi HIV, infeksi seksual menular, amandel bengkak, lesi mulut, dan sakit tenggorokan. Variabel yang telah dikumpulkan merupakan pendukung dari penyakit sistemik seperti nyeri otot, pembengkakan kelenjar getah bening, dan demam. Penyakit sistemik tersebut akan mengenali virus cacar monyet nantinya. Data yang kami kumpulkan tersebut didapatkan dari sebuah website penyedia dataset untuk penelitian.

Pemrosesan Dataset

Pada tahap ini, kami memiliki dua pendekatan yaitu kami memperlakukan nilai NaN dalam penyakit sistemik sebagai tidak ada, yang menunjukkan bahwa pasien tidak memiliki penyakit sistemik apapun, atau kami memperlakukannya sebagai nilai NaN yang harus dihilangkan. Kami mencoba menghapus terlebih dahulu, dan kami melakukan one-hot encoding pada penyakit sistemik, lalu kami juga melakukan pemetaan untuk mengubah nilainya menjadi 0 dan 1. Gambar 2 menunjukkan hasil one-hot encoding terhadap penyakit sistemik.

	Rectal Pain	Sore Throat	Penile Oedema	Oral Lesions	Solitary Lesion	Swollen Tonsils	HIV Infection	Sexually Transmitted Infection	MonkeyPox	Systemic Illness_Fever	Systemic Illness_Muscle Aches and Pain	Systemic Illness_None	Systemic Illness_Swollen Lymph Nodes
0	False	True	True	True	False	True	False	False	Negative	0	0	1	0
1	True	False	True	True	False	False	True	False	Positive	1	0	0	0
2	False	True	True	False	False	False	True	False	Positive	1	0	0	0
3	True	False	False	False	True	True	True	False	Positive	0	0	1	0
4	True	True	True	False	False	True	True	False	Positive	0	0	0	1

Gambar 2. Hasil one-hot encoding penyakit sistemik

Pemetaan ‘True’ dan ‘False’ tidak diperlukan karena model dapat memahami nilai boolean. Namun, nanti kami akan melakukan beberapa rekayasa fitur menggunakan nilai 0 dan 1. Gambar 3 menunjukkan hasil one-hot encoding untuk semua fitur.

	Rectal Pain	Sore Throat	Penile Oedema	Oral Lesions	Solitary Lesion	Swollen Tonsils	HIV Infection	Sexually Transmitted Infection	MonkeyPox	Systemic Illness_Fever	Systemic Illness_Muscle Aches and Pain	Systemic Illness_None	Systemic Illness_Swollen Lymph Nodes
5849	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0
8759	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
16647	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0
9098	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
22789	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0

Gambar 3. Hasil one-hot encoding untuk semua fitur.

Pembagian Data

Pada penelitian ini total data yang digunakan berjumlah 25.000 data. Data tersebut dibagi menjadi data latih dan data uji. Tabel 1 menunjukkan hasil pembagian data.

Tabel 1. Hasil pembagian data

Data	Pembagian	Jumlah Data	Total
Virus Monyet	Latih (90%)	22.500	25.000
	Uji (10%)	2.500	

Pada penelitian ini data dibagi menjadi 2 yaitu data latih dan data uji. Persentase data latih sebesar 90% sehingga jumlah data pada data latih yaitu 22.500, dan persentase data uji sebesar 10% sehingga jumlah data pada data uji yaitu 2.500 data.

Pemodelan Algoritma

Pada penelitian ini kami mengusulkan lima algoritma yaitu Neural Networks, SVM, Multinomial Naïve Bayes, KNN, dan Random Forest. Algoritma yang kami usulkan nantinya akan dikomparasi hasilnya untuk mencari algoritma yang menghasilkan akurasi terbaik. Berikut rancangan algoritma yang kami usulkan dalam penelitian ini.

Tabel 2. Algoritma Neural Network

Layer	Note
Hidden Layer	16, ReLU
Dropout	0.2
Hidden Layer	32, ReLU
Fully Connected Layer	1, Sigmoid

Tabel 2 menunjukkan rancangan pada algoritma neural network, pada rancangan tersebut memiliki 2 hidden layer dengan node 16 dan 32 menggunakan fungsi aktivasi yaitu ReLU. Pada rancangan tersebut juga kami menggunakan fungsi dropout sebesar 0.2, lapisan terakhir yaitu fully connected layer kami menggunakan fungsi sigmoid.

Tabel 3. Algoritma KNN

Algoritma	Parameter
KNN	n_neighbors=5
	weights='uniform'
	metric='minkowski'
	metric_params=None
	n_jobs=None

Tabel 3 diatas menunjukkan rancangan algoritma KNN. Pada algoritma KNN tersebut kami menggunakan beberapa parameter seperti n_neighbors=5, weights='uniform', metric='minkowski', metric_params=None, n_jobs=None.

Tabel 4. Algoritma Multinomial Naïve Bayes

Algorithm	Parameter
Multinomial Naïve Bayes	alpha=1.0
	force_alpha=False
	fit_prior=False
	class_prior=None
	one

Tabel 4 diatas menunjukkan rancangan algoritma Multinomial Naïve Bayes. Pada algoritma Multinomial Naïve Bayes tersebut kami menggunakan beberapa parameter seperti alpha=1.0, force alpha=False, fit_prior=False, class prior=None.

Tabel 5. Algoritma Random Forest

Algorithm	Parameter
Random Forest	max_depth=5
	random_state=10
	n_estimators=500
	criterion='entropy'
	class_weight = None
	verbose = 0

Tabel 5 diatas menunjukkan rancangan algoritma Random Forest. Pada algoritma Random Forest tersebut kami menggunakan beberapa parameter seperti max_depth=5, random_state=10, n_estimators=500, criterion='entropy', class_weight = None, verbose = 0.

Tabel 6. Algoritma SVM

Algoritma	Parameter
SVM	C=5.0
	kernel='polynomial'
	degree=4
	gamma='scale'

Tabel 6 diatas menunjukkan rancangan algoritma SVM. Pada algoritma SVM tersebut kami menggunakan beberapa parameter seperti $C=5.0$, $\text{kernel}='poly'$, $\text{degree}=4$, $\text{gamma}='scale'$.

Matriks Evaluasi

Untuk mengevaluasi kuantitatif yang diusulkan kinerja metode, matrik evaluasi seperti Accuracy, Precision, Recall, Sensitivity, Specificity, F1-score. Dalam kumpulan data kami, mungkin Monkeypox diklasifikasikan sebagai true positive (T_p) atau true negative (T_n) jika individu dapat membedakannya secara akurat, dan mungkin diklasifikasikan menjadi false positive (F_p) atau false negative (F_n) jika salah diagnosis [23]. Metrik statistic yang ditentukan dijelaskan secara rinci di bawah.

Accuracy: Akurasi merupakan jumlah keseluruhan kasus yang berhasil diidentifikasi di semua kasus. Menggunakan rumus berikut, akurasi dapat ditentukan.

$$Accuracy = \frac{T_p + T_n}{T_p + T_n + F_p + F_n} \quad (1)$$

Precision: Precision sebagai rasio hasil positif yang diprediksi secara akurat dari seluruh hasil positif yang diharapkan.

$$Precision = \frac{T_p}{T_p + F_p} \quad (2)$$

Recall: Recall mengacu pada rasio hasil relevan yang diidentifikasi secara akurat oleh Algoritma.

$$Recall = \frac{T_p}{T_n + F_p} \quad (3)$$

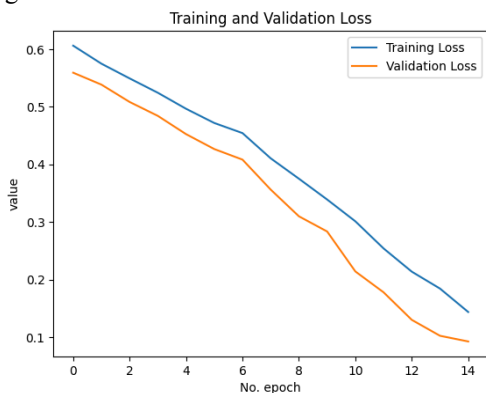
F1-score: *F1-score* merupakan rata-rata harmonic antara precision dan recall. Skor F maksimum yang mungkin adalah 1, yang menunjukkan perolehan dan presisi sempurna.

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

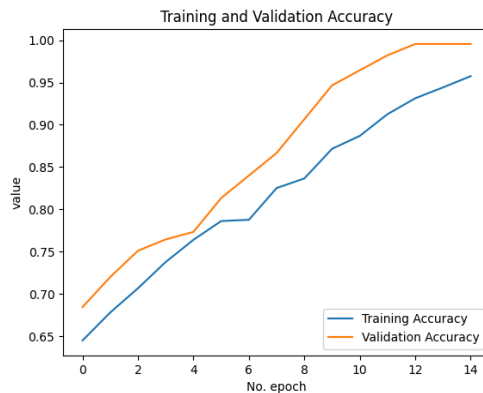
HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Pelatihan dan Pengujian

Dalam penelitian ini dataset dibagi masing-masing menjadi 90% data latih, 10 % data uji. Pada penelitian ini model yang diusulkan diimplementasi menggunakan Google Colab. Pada model neural network model dilatih dengan konfigurasi $\text{epochs}=15$, $\text{validation split}=0.1$, $\text{batch_size}=32$ dengan $\text{optimizer}='adam'$. Gambar 4 merupakan hasil pelatihan dan pengujian algoritma neural networks.



(a)



(b)

Gambar 4. Hasil pelatihan dan pengujian algoritma neural network

Gambar 4 merupakan hasil pelatihan dan pengujian algoritma neural networks, dimana Gambar 4(a) merupakan training loss dan validation loss, sedangkan Gambar 4(b) merupakan training accuracy dan validation accuracy. Pada pengujian neural networks kami mendapatkan hasil test loss sebesar 0.075 dan hasil test accuracy sebesar 1.0. Tabel 7 menunjukkan komparasi hasil pelatihan dan pengujian dari model-model yang kami usulkan.

Tabel 7. Komparasi hasil pelatihan dan pengujian model

Model Algorithm	Hasil Akurasi Pelatihan	Hasil Akurasi Pengujian
Neural Network	0.95	1.0
KNN	0.99	0.97
Multinomial Naïve Bayes	0.60	0.61
Random Forest	0.77	0.78
SVM	0.98	0.98

Tabel 6 menunjukkan komparasi hasil pelatihan dan pengujian dari model-model yang kami usulkan. Dari hasil yang sudah ditunjukkan pada Tabel 7, dapat dilihat bahwa model algoritma neural network memiliki hasil menjanjikan, dimana pada hasil pengujian mendapatkan akurasi sebesar 1.0 yang mengungguli model lainnya.

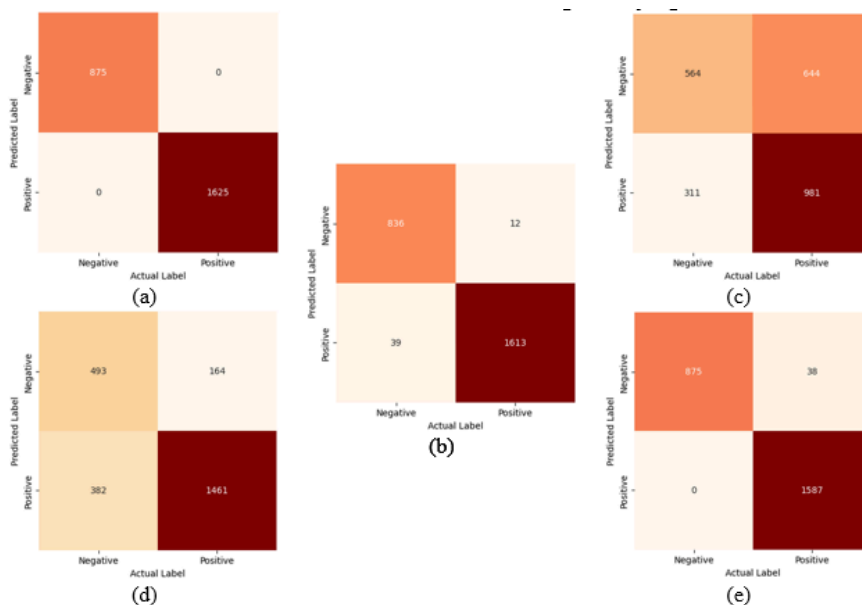
Matriks Evaluasi

Kinerja model algoritma yang diusulkan dievaluasi pada set data testing. Accuracy, Precision, Recall, dan F1-score dihitung untuk setiap kelas yang ditunjukkan pada Tabel 8.

Tabel 8. Komparasi hasil matriks evaluasi

Model Algorithm	Accu racy	Precisi on	Rec all	F1-sco re
Neural Network	1.0	1.0	1.0	1.0
KNN	0.98	0.98	0.98	0.98
Multinomial Naïve Bayes	0.62	0.66	0.62	0.63
Random Forest	0.78	0.78	0.78	0.77
SVM	0.98	0.99	0.98	0.98

Hasil matriks evaluasi menunjukkan akurasi yang pada kumpulan data uji untuk semua kelas dengan accuracy 1.0, precision 1.0, recall 1.0, dan f1-score 1.0 untuk model algoritma neural network. Berikut hasil confusion matrix untuk model algoritma yang diusulkan.

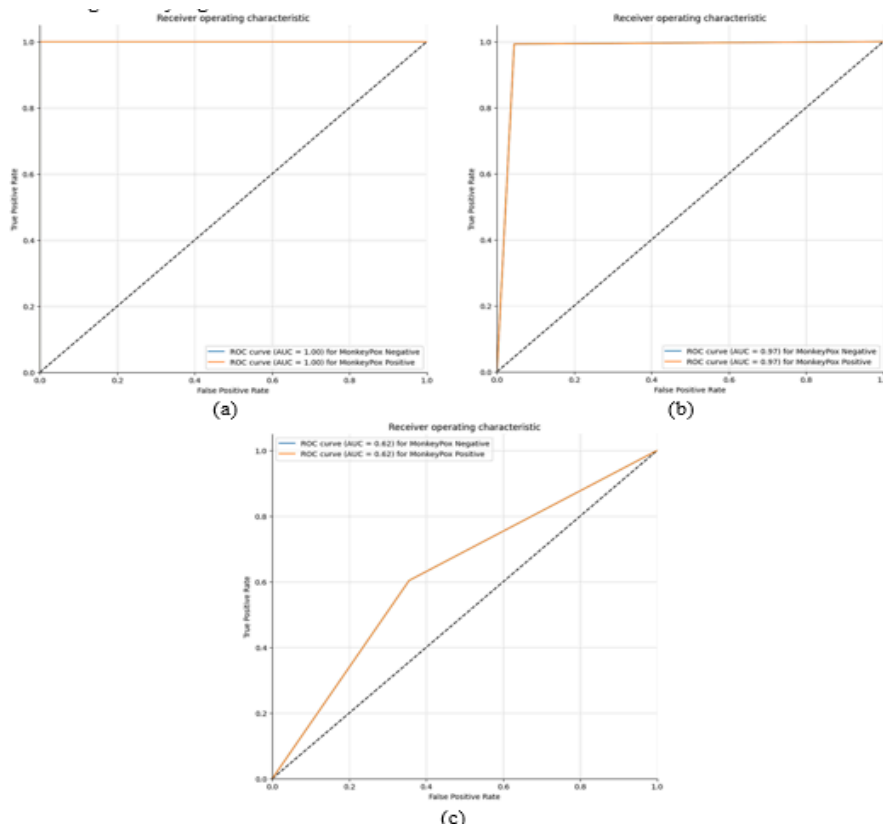


Gambar 4. Hasil confusion matrix dari model algoritma yang diusulkan (a) neural networks, (b) KNN, (c) multinomial naive Bayes, (d) random forest, dan (e) SVM

Gambar 4 menunjukkan hasil confusion matrix dari setiap model algoritma. Hasil confusion matrix pada model algoritma neural network menunjukkan bahwa pada kelas negative, model algoritma neural network berhasil mengklasifikasikan 875 data dengan benar, sementara pada kelas positive, terdapat 1625 data yang diklasifikasikan dengan benar. Hasil confusion matrix pada model algoritma KNN menunjukkan bahwa pada kelas negative, model algoritma KNN berhasil mengklasifikasikan 836 data dengan benar, sementara pada kelas positive, terdapat 1613 data yang diklasifikasikan dengan benar. Hasil confusion matrix pada model algoritma multinomial naïve bayes menunjukkan bahwa pada kelas negative, model algoritma multinomial naïve bayes berhasil mengklasifikasikan 564 data dengan benar, sementara pada kelas positive, terdapat 981 data yang diklasifikasikan dengan benar. Hasil confusion matrix pada model algoritma random forest menunjukkan bahwa pada kelas negative, model algoritma random forest berhasil mengklasifikasikan 493 data dengan benar, sementara pada kelas positive, terdapat 1461 data yang diklasifikasikan dengan benar. Hasil confusion matrix pada model algoritma SVM menunjukkan bahwa pada kelas negative, model algoritma SVM berhasil mengklasifikasikan 875 data dengan benar, sementara pada kelas positive, terdapat 1587 data yang diklasifikasikan dengan benar. Hasil confusion matrix untuk setiap model berbeda, karena menyesuaikan hasil dari matriks evaluasi dari setiap model algoritma.

Receiver Operating Characteristic (ROC)

ROC adalah plot grafik yang menggambarkan kinerja model klasifikasi pada nilai ambang batas yang bervariasi. Kurva ROC merupakan plot dari tingkat positif sebenarnya terhadap tingkat positif palsu pada setiap pengaturan ambang batas [24]. Berikut hasil ROC dari model algoritma yang diusulkan.



Gambar 4. Hasil ROC dari model algoritma yang diusulkan (a) neural networks, (b) KNN, (c) multinomial naive bayes, (d) random forest, dan (e) SVM

Dari hasil ROC yang didapatkan menunjukkan bahwa model algoritma neural network mengungguli semua model algoritma dengan nilai AUC sebesar 1.00 untuk Monkeypox Positive dan Monkeypox Negative.

KESIMPULAN

Dalam penelitian ini, pendekatan machine learning untuk klasifikasi penyakit virus cacar monyet. Beberapa model dalam penelitian ini diusulkan seperti Neural Networks, KNN, Multinomial Naive Bayes, Random Forest, dan SVM. Model yang diusulkan akan dikomparasi dalam mengklasifikasikan virus cacar monyet. Dari pekerjaan yang telah dilakukan menyatakan bahwa model algoritma neural network mengungguli model algoritma lain nya. Pengujian model algoritma neural network mendapatkan akurasi 1.0, precision 1.0, recall 1.0, f1-score 1.0, dan ROC-AUC sebesar 1.00 untuk Monkeypox Positive dan Monkeypox Negative.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] A. N. Akkilić, Z. Sabir, S. A. Bhat, and H. Bulut, "A radial basis deep neural network process using the Bayesian regularization optimization for the monkeypox transmission model," *Expert Systems with Applications*, vol. 235, no. August 2023, p. 121257, 2024, doi: 10.1016/j.eswa.2023.121257.
- [2] K. Chadaga *et al.*, "Application of Artificial Intelligence Techniques for Monkeypox: A Systematic Review," *Diagnostics*, vol. 13, no. 5, pp. 1–16, 2023, doi: 10.3390/diagnostics13050824.

- [3] M. A. Arden and J. Chilcot, "Health psychology and the coronavirus (COVID-19) global pandemic: A call for research," *British Journal of Health Psychology*, vol. 25, no. 2, pp. 231–232, 2020, doi: 10.1111/bjhp.12414.
- [4] Y. Xiang and A. White, "Monkeypox virus emerges from the shadow of its more infamous cousin: family biology matters," *Emerging Microbes and Infections*, vol. 11, no. 1, pp. 1768–1777, 2022, doi: 10.1080/22221751.2022.2095309.
- [5] M. M. Ahsan *et al.*, "Monkeypox Diagnosis with Interpretable Deep Learning," *IEEE Access*, vol. 11, no. August, pp. 81965–81980, 2023, doi: 10.1109/ACCESS.2023.3300793.
- [6] P. Y. Nguyen, W. S. Ajisegiri, V. Costantino, A. A. Chughtai, and C. R. MacIntyre, "Reemergence of human monkeypox and declining population immunity in the context of urbanization, Nigeria, 2017–2020," *Emerging Infectious Diseases*, vol. 27, no. 4, pp. 1007–1014, 2021, doi: 10.3201/eid2704.203569.
- [7] S. Hemati, M. Farhadkhani, S. Sanami, and F. Mohammadi-Moghadam, "A review on insights and lessons from COVID-19 to the prevent of monkeypox pandemic," *Travel Medicine and Infectious Disease*, vol. 50, no. June, p. 102441, 2022, doi: 10.1016/j.tmaid.2022.102441.
- [8] S. Realegeno *et al.*, "Monkeypox Virus Host Factor Screen Using Haploid Cells Identifies Essential Virus Formation," *Journal of Virology*, vol. 91, no. 11, pp. 1–16, 2017.
- [9] G. Cardeti *et al.*, "Fatal outbreak in tonkean macaques caused by possibly novel orthopoxvirus, Italy, January 2015," *Emerging Infectious Diseases*, vol. 23, no. 12, pp. 1941–1949, 2017, doi: 10.3201/eid2312.162098.
- [10] J. Gao *et al.*, "Genome sequences of Akhmeta virus, an early divergent old world orthopoxvirus," *Viruses*, vol. 10, no. 5, 2018, doi: 10.3390/v10050252.
- [11] C. M. Gigante *et al.*, "Genome of alaskapox virus, a novel orthopoxvirus isolated from alaska," *Viruses*, vol. 11, no. 8, pp. 1–15, 2019, doi: 10.3390/v11080708.
- [12] A. S. Jaradat *et al.*, "Automated Monkeypox Skin Lesion Detection Using Deep Learning and Transfer Learning Techniques," *International Journal of Environmental Research and Public Health*, vol. 20, no. 5, 2023, doi: 10.3390/ijerph20054422.
- [13] J. Dimitrakoff, J. P. Thornhill, and A. Antinori, "Monkeypox Virus Infection across 16 Countries — April–June 2022," *New England Journal of Medicine*, vol. 387, no. 25, p. e69, 2022, doi: 10.1056/nejmc2213969.
- [14] F. Aldi, I. Nozomi, R. B. Sentosa, and A. Junaidi, "Machine Learning to Identify Monkey Pox Disease," *Sinkron*, vol. 8, no. 3, pp. 1335–1347, 2023, doi: 10.33395/sinkron.v8i3.12524.
- [15] F. Pfäfflin *et al.*, "Monkeypox in - patients with severe anal pain," *Infection*, vol. 51, no. 2, pp. 483–487, 2023, doi: 10.1007/s15010-022-01896-7.
- [16] P. R. Pittman *et al.*, "Clinical characterization of human monkeypox infections in the Democratic Republic of the Congo Short Title: Clinical characterization of human monkeypox infection," 2022.
- [17] P. Valero, "Urology Case Reports Penile necrosis due to monkeypox," vol. 51, no. August, pp. 4–7, 2023, doi: 10.1016/j.eucr.2023.102554.
- [18] A. M. Ardila, Carlos M, Arrubla-Escobar, Daniel Esteban, Vivares-Builes, "Oral lesions in patients with human monkeypox: A systematic scoping review," *Journal of Oral Pathology & Medicine*, vol. 52, no. 6, pp. 459–467, 2023, [Online]. Available: <https://doi.org/10.1111/jop.13375>
- [19] Y. Ethawi *et al.*, "Journal of Pediatrics & Neonatal Biology," vol. 8, no. 3, pp. 226–232, 2023.
- [20] L. Studemeister, S. Pai, K. Walsh, and J. Cooper, "Communications : Adult," *Journal of Emergency Medicine*, vol. 64, no. 2, pp. 211–213, 2023, doi: 10.1016/j.jemermed.2022.12.029.

-
- [21] A. F. . Chastain, Daniel B.; Motoa, Gabriel; Ortiz-Martínez, Yeimer; Gharamti, Amal; Henao-Martínez, “Characteristics and clinical manifestations of monkeypox among people with and without HIV in the United States: a retrospective cohort,” *Wolters Kluwer*, vol. 37, no. 4, pp. 611–616, 2023, [Online]. Available: <https://doi.org/10.1097/QAD.0000000000003449>
- [22] R. Baudouin, A. Vallée, D. Zucman, and S. Hans, “Detection of Monkeypox Virus in 2 Cases of Oral Sexually Transmitted Infection,” *Ear, Nose and Throat Journal*, 2023, doi: 10.1177/01455613231175786.
- [23] M. Heidari, S. Mirniaharikandehi, A. Z. Khuzani, G. Danala, Y. Qiu, and B. Zheng, “Improving the performance of CNN to predict the likelihood of COVID-19 using chest X-ray images with preprocessing algorithms,” *International Journal of Medical Informatics*, vol. 144, no. September, p. 104284, 2020, doi: 10.1016/j.ijmedinf.2020.104284.
- [24] F. Movahedi, R. Padman, and J. F. Antaki, “Limitations of receiver operating characteristic curve on imbalanced data: Assist device mortality risk scores,” *Journal of Thoracic and Cardiovascular Surgery*, vol. 165, no. 4, pp. 1433-1442.e2, 2023, doi: 10.1016/j.jtcvs.2021.07.041.