

DETEKSI MALARIA DARI CITRA SEL DARAH MENGGUNAKAN CNN DENGAN METODE *EFFICIENTNETB0* DIBANDINGKAN DENGAN *RESNET50*

M. Kurniawan, Meiriyama

Teknik Informatika, Universitas Multi Data Palembang
Jl. Rajawali 14 Palembang, Indonesia
mkurniawan_2226250069@mhs.mdp.ac.id

ABSTRAK

Malaria merupakan penyakit infeksi yang disebabkan oleh parasit *Plasmodium* dan masih menjadi permasalahan kesehatan utama di berbagai wilayah tropis, termasuk Indonesia. Proses diagnosis malaria secara konvensional melalui pemeriksaan *mikroskopis* membutuhkan waktu yang relatif lama serta sangat bergantung pada keahlian tenaga medis, sehingga berpotensi menimbulkan ketidakkonsistenan hasil. Oleh karena itu, diperlukan pendekatan berbasis kecerdasan buatan untuk meningkatkan ketepatan dan efisiensi diagnosis. Penelitian ini bertujuan mengembangkan sistem klasifikasi infeksi malaria dari citra sel darah menggunakan metode *Convolutional Neural Network (CNN)* dengan pendekatan *transfer learning*. Dua arsitektur *CNN* pralatih, yaitu *EfficientNetB0* dan *ResNet50*, digunakan untuk dibandingkan kinerjanya dalam mendeteksi sel darah yang terinfeksi. Dataset yang digunakan berasal dari *Malaria Cell Images Dataset* pada platform *Kaggle* yang terdiri atas 27.558 citra sel darah dengan dua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Tahapan *pra-pemrosesan* meliputi penyesuaian ukuran citra, normalisasi, serta augmentasi data berupa rotasi, pembalikan citra, *zoom*, *shear*, dan penyesuaian kecerahan. Model dilatih menggunakan algoritma optimasi *Adam* dengan *learning rate scheduler* dan *early stopping*. Evaluasi kinerja dilakukan menggunakan metrik akurasi, presisi, *recall*, *F1-score*, dan *ROC-AUC*. Penelitian ini diharapkan mampu menghasilkan sistem klasifikasi malaria berbasis *CNN* yang akurat dan efisien untuk mendukung diagnosis otomatis.

Kata kunci : Malaria; *Convolutional Neural Network*; *EfficientNetB0*; *ResNet50*; *Transfer Learning*

1. PENDAHULUAN

Malaria merupakan salah satu penyakit infeksi yang hingga kini masih menjadi tantangan serius dalam bidang kesehatan global, khususnya di wilayah beriklim tropis dan subtropis. Laporan Organisasi Kesehatan Dunia mencatat bahwa pada tahun 2022 terdapat sekitar 249 juta kasus malaria dengan jumlah kematian mencapai 608.000 jiwa, di mana sebagian besar kasus terjadi di kawasan Afrika dan Asia Tenggara [1]. Di Indonesia sendiri, jumlah kasus malaria tercatat sebanyak 443.530, dengan sekitar 89% di antaranya berasal dari Provinsi Papua [2]. Data tersebut menunjukkan bahwa upaya deteksi dini dan peningkatan ketepatan diagnosis memiliki peranan penting dalam menurunkan angka kesakitan dan kematian akibat malaria.

Diagnosis malaria secara konvensional umumnya dilakukan melalui pemeriksaan *mikroskopis* terhadap sampel darah. Meskipun metode ini masih dianggap sebagai standar, prosesnya membutuhkan tenaga ahli yang berpengalaman serta sangat dipengaruhi oleh kualitas pengamatan visual. Faktor kelelahan analis dan variasi kualitas citra mikroskopis dapat meningkatkan risiko terjadinya kesalahan interpretasi. Seiring dengan pesatnya perkembangan teknologi, pendekatan berbasis visi komputer dengan memanfaatkan metode *deep learning*, khususnya *Convolutional Neural Network (CNN)*, mulai banyak diterapkan untuk membantu proses klasifikasi citra mikroskopis sel darah.

CNN dikenal mampu melakukan ekstraksi fitur secara otomatis dan menghasilkan performa yang baik

dalam berbagai tugas pengenalan citra. Namun demikian, penerapan *CNN konvensional* masih menghadapi beberapa kendala, seperti risiko *overfitting* serta kebutuhan sumber daya komputasi yang tinggi, terutama ketika digunakan pada dataset medis berukuran besar. Untuk mengatasi keterbatasan tersebut, berbagai arsitektur *CNN modern* telah dikembangkan, di antaranya *EfficientNet* dan *ResNet*.

EfficientNet dirancang menggunakan pendekatan *compound scaling* yang bertujuan menyeimbangkan kedalaman, lebar, dan resolusi jaringan secara proporsional, sehingga mampu mencapai akurasi tinggi dengan kompleksitas model yang relatif rendah. Beberapa penelitian melaporkan bahwa *EfficientNetB0* mampu mencapai akurasi hingga 95%, sementara *EfficientNetB7* bahkan mencapai 99% dalam klasifikasi citra malaria, yang menunjukkan potensi besar arsitektur ini dalam aplikasi medis yang efisien [3]. Di sisi lain, *ResNet* menerapkan konsep *residual learning* untuk mengatasi permasalahan *vanishing gradient*, sehingga memungkinkan pelatihan jaringan yang lebih dalam secara stabil. Varian *ResNet50* dilaporkan mampu menghasilkan akurasi lebih dari 93% dan mencapai 94,09% pada klasifikasi citra malaria dua kelas, yang menandakan kemampuannya dalam mengekstraksi fitur sel darah secara mendalam dan konsisten [4].

Studi lain juga menunjukkan bahwa perbandingan antararsitektur *CNN* sangat diperlukan untuk memahami keseimbangan antara akurasi dan efisiensi pada penerapan di dunia nyata. Penelitian [5] melaporkan bahwa *MobileNetV2* memiliki waktu

inferensi yang lebih cepat dengan akurasi 98,33% dibandingkan *ResNet50V2* yang mencapai akurasi 93,33%, sehingga *MobileNetV2* lebih sesuai untuk perangkat dengan keterbatasan sumber daya, sedangkan *ResNet50V2* lebih tepat digunakan pada sistem dengan kebutuhan akurasi tinggi. Berdasarkan berbagai temuan tersebut, penelitian ini bertujuan untuk membandingkan kinerja *EfficientNetB0* dan *ResNet50* dalam mendeteksi malaria pada citra mikroskopis sel darah. Pemilihan kedua model didasarkan pada karakteristik masing-masing, yaitu *EfficientNetB0* yang efisien dan ringan serta *ResNet50* yang unggul dalam kemampuan ekstraksi fitur. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan rekomendasi arsitektur yang optimal untuk pengembangan sistem deteksi malaria otomatis yang akurat, cepat, tepat, dan efisien guna mendukung proses diagnosis di bidang kesehatan.

2. TINJAUAN PUSTAKA

Landasan teori pada penelitian ini disusun sebagai pijakan ilmiah yang digunakan untuk memperkuat dan mendukung pelaksanaan penelitian. Bagian ini menguraikan berbagai konsep, teori, serta hasil penelitian sebelumnya yang berkaitan dengan deteksi malaria berbasis citra sel darah menggunakan metode *Convolutional Neural Network (CNN)* juga dengan pendekatan *transfer learning* melalui arsitektur *EfficientNetB0* dan *ResNet50*. Pembahasan teori yang disajikan meliputi konsep malaria, citra sel darah, pengolahan citra digital, *Convolutional Neural Network*, *transfer learning*, *EfficientNetB0*, *ResNet50*, serta algoritma optimasi Adam yang diterapkan dalam proses pelatihan model.

2.1. Malaria

Malaria merupakan penyakit infeksi yang disebabkan oleh parasit golongan *protozoa* dan dapat menimbulkan dampak serius hingga berisiko menyebabkan kematian apabila tidak ditangani dengan baik. Parasit penyebab malaria ditularkan kepada manusia melalui gigitan nyamuk *Anopheles* betina yang membawa *Plasmodium* sebagai agen infeksi. Setelah masuk ke dalam tubuh, parasit tersebut berkembang dan menyerang sel darah merah, sehingga mengganggu fungsi normal sistem peredaran darah.

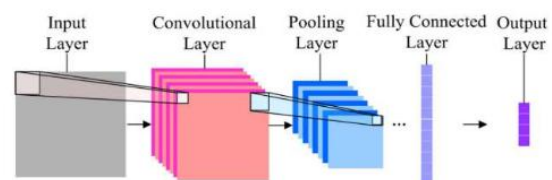
Hingga saat ini, malaria masih menjadi permasalahan kesehatan global dengan jumlah kasus yang mencapai ratusan juta setiap tahunnya [1]. Tingginya angka kejadian malaria menunjukkan bahwa metode diagnosis yang cepat dan akurat sangat dibutuhkan untuk menekan dampak penyakit ini. Oleh karena itu, pemanfaatan teknologi komputasi berbasis citra digital mulai dikembangkan sebagai pendekatan alternatif dalam mendukung proses diagnosis malaria. Pendekatan ini diharapkan mampu meningkatkan ketepatan identifikasi infeksi serta mempercepat pengambilan keputusan medis dibandingkan metode konvensional yang sepenuhnya bergantung pada pengamatan manual.

2.2. Citra Medis dan Computer Vision

Citra medis merupakan bentuk visualisasi digital yang menggambarkan struktur organ atau jaringan tubuh manusia dan dimanfaatkan sebagai sumber informasi dalam proses diagnosis serta kegiatan penelitian. Menurut [6], citra medis telah digunakan secara luas dalam praktik klinis sebagai sarana diagnostik dengan berbagai modalitas, antara lain *Magnetic Resonance Imaging (MRI)*, *Computed Tomography (CT)*, *Ultrasound (USG)*, *X-ray*, *histologi*, dan *Positron Emission Tomography (PET)*. Pemanfaatan teknologi deep learning, khususnya pada *Convolutional Neural Network (CNN)*, dalam analisis citra medis mengalami perkembangan yang signifikan dan menunjukkan kinerja yang efektif pada tugas klasifikasi, deteksi, segmentasi, maupun peningkatan kualitas citra. Perkembangan *computer vision* memungkinkan proses pengolahan citra medis dilakukan secara otomatis dengan tingkatan akurasi yang kompetitif, sehingga mampu mempercepat proses diagnosis serta membantu tenaga medis dalam pengambilan keputusan klinis.

2.3. Convolution Neural Network (CNN)

Convolutional Neural Network (CNN) adalah salah satu arsitektur *deep learning* yang dirancang khusus untuk memproses data citra dan dikenal memiliki performa tinggi dalam tugas pengenalan visual. Dalam bidang kedokteran, *CNN* banyak dimanfaatkan untuk menganalisis citra biomedis karena kemampuannya dalam mempelajari pola dan karakteristik visual secara otomatis. Melalui proses konvolusi dan ekstraksi fitur berlapis, *CNN* dapat mengidentifikasi ciri-ciri penting pada citra medis dan telah terbukti efektif dalam mendukung diagnosis penyakit berbasis gambar, seperti *MRI*, *CT-scan*, dan *mamografi*. Pendekatan ini banyak digunakan dalam sistem *Computer-Aided Diagnosis (CAD)* karena mampu menghasilkan klasifikasi citra yang akurat dan konsisten. Namun demikian, untuk mencapai performa optimal, *CNN* umumnya memerlukan jumlah data latih yang besar agar proses pembelajaran model dapat berjalan secara maksimal[7] dapat dilihat digambar 1 untuk model lapisan *convolutional neural network*.



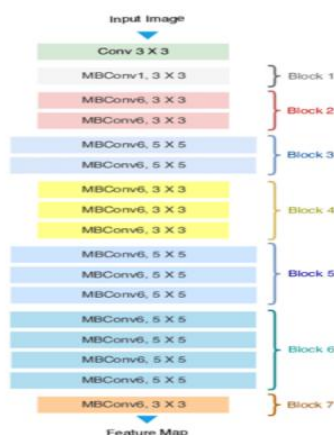
Gambar 1. Model lapisan *convolutional neural network*

2.4. EfficientNetB0

EfficientNetB0 merupakan model dasar dari keluarga arsitektur *EfficientNet* yang dirancang untuk meningkatkan efisiensi jaringan saraf *konvolusional* melalui pendekatan *compound scaling*. Pendekatan ini bertujuan menyeimbangkan kedalaman, lebar, dan

resolusi jaringan secara *proporsional*, sehingga model mampu menghasilkan performa tinggi pada tugas klasifikasi citra dengan jumlah parameter dan kebutuhan komputasi yang relatif lebih rendah dibandingkan arsitektur *CNN konvensional*. Dalam penerapannya pada citra medis, *EfficientNetB0* sering digunakan sebagai model *baseline* sebelum dibandingkan dengan varian yang lebih kompleks, seperti *EfficientNetV2 (S, M, dan L)*, yang menawarkan peningkatan efisiensi dan akurasi [8].

Keluarga *EfficientNet* diperkenalkan oleh *Tan dan Le* pada tahun 2019 sebagai upaya untuk mengoptimalkan skala arsitektur *CNN* tanpa meningkatkan kompleksitas secara berlebihan. *EfficientNetB0* sebagai model awal memanfaatkan blok *Mobile Inverted Bottleneck Convolution (MBConv)* serta mekanisme *Squeeze-and-Excitation (SE)* untuk menekan beban komputasi sekaligus mempertahankan kualitas representasi fitur. Dengan jumlah parameter yang lebih sedikit dibandingkan *CNN tradisional*, arsitektur ini tetap mampu mencapai tingkat akurasi yang kompetitif. Dalam konteks citra medis, karakteristik tersebut menjadi keunggulan karena memudahkan penerapan model pada sistem dengan keterbatasan sumber daya komputasi.



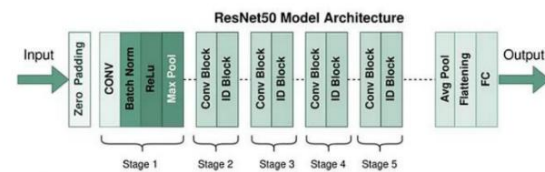
Gambar. 2. Arsitektur *EfficientNet-B0*

2.5. ResNet

ResNet merupakan salah satu arsitektur jaringan saraf konvolusional yang dikembangkan untuk mendukung pelatihan jaringan dengan kedalaman yang tinggi dan diperkenalkan oleh *He et al.* pada tahun 2015. Pada jaringan saraf yang memiliki banyak lapisan, proses pembelajaran sering menghadapi kendala berupa ketidakstabilan *gradien*, baik dalam bentuk penurunan maupun peningkatan nilai *gradien* secara berlebihan. *ResNet-50* merupakan arsitektur jaringan saraf dalam yang memperkenalkan konsep *connection skipping* untuk mengatasi degradasi fitur pada jaringan yang sangat dalam. Desain ini efektif mengurangi masalah *vanishing gradient* serta terbukti sangat baik dalam membedakan pola gambar sehat dan terinfeksi penyakit daun padi [9]. Untuk mengatasi masalah *vanishing gradient* pada jaringan saraf yang sangat dalam, inti dari *ResNet* adalah *Residual Block*.

yang menggunakan *skip connection* untuk menyalurkan informasi langsung dari input ke output lapisan berikutnya. Persamaannya ditulis sebagai: $y = F(x, w_i) + x$

Di mana $F(x, w, i)$ adalah *fungsi non-linear* hasil *convolusi*, sedangkan x adalah input asli yang ditambahkan kembali ke output lapisan tersebut. *ResNet50* sendiri terdiri atas 49 lapisan konvolusi dan 1 *fully connected layer*, dengan struktur berulang dari *Conv Block* dan *Identity Block*. Pendekatan ini membuat jaringan mampu belajar fitur kompleks tanpa kehilangan informasi pada lapisan terdalam, sehingga meningkatkan stabilitas dan akurasi pelatihan.



Gambar 3. Arsitektur *ResNet50*

2.6. Adam Optimizer

Adam optimizer adalah algoritma optimisasi yang sering digunakan dalam *deep learning*. *Adam optimizer* menggabungkan kelebihan dari Momentum dan *RMSProp optimizer* untuk memecahkan masalah gradien renggang dan menyesuaikan parameter *learning rate* secara adaptif dengan memperhitungkan estimasi momen gradien pertama dan kedua” [10]. *Adam Optimizer* menghitung *exponential moving average* dari gradien sebagai estimasi momen orde pertama, serta kuadrat gradien sebagai estimasi momen orde kedua. Kedua nilai estimasi tersebut dimanfaatkan untuk mengatur laju pembelajaran secara adaptif pada setiap parameter model, sehingga proses pembaruan bobot dapat berlangsung dengan lebih stabil dan efisien. Mekanisme ini berperan dalam mempercepat tercapainya konvergensi serta menjaga kestabilan model terhadap perubahan gradien selama proses pelatihan jaringan saraf. Berikut merupakan rumus *Adam Optimizer*:

$$\begin{aligned} m_0 &= 0, & v_0 &= 0, & t &= 0 \\ g_t &= \nabla_{\theta} J(\theta_t) \\ m_t &= \beta_1 m_{t-1} + (1 - \beta_1) g_t \\ v_t &= \beta_2 v_{t-1} + (1 - \beta_2) g_t^2 \\ \widehat{m}_t &= \frac{m_t}{1 - \beta_1^t} \\ \widehat{v}_t &= \frac{v_t}{1 - \beta_2^t} \\ \theta_{t+1} &= \theta_t - \frac{\alpha}{\sqrt{\widehat{v}_t} + \varepsilon} \widehat{m}_t \end{aligned}$$

Di mana m_t adalah estimasi momen pertama (nilai rata-rata) dari *gradien*, v_t adalah estimasi momen kedua (variansi tak terpusat) dari *gradien*, g_t adalah *gradien* pada waktu $ke-t$, β_1 dan β_2 merupakan koefisien peluruhan eksponensial untuk estimasi momen, α adalah *learning rate*, ϵ merupakan konstanta kecil yang berfungsi untuk menghindari pembagian

bernilai nol, sementara θ menyatakan parameter model yang dioptimalkan.

Menurut [11], algoritma *Adam* mengombinasikan pendekatan momentum dan *RMSProp*, sehingga mampu menjaga kestabilan pembaruan bobot dan mempercepat konvergensi model selama proses pelatihan jaringan saraf tiruan (*neural network*).

2.7. Evaluasi Kinerja Model

Evaluasi kinerja model klasifikasi merupakan tahap penting dalam mengukur kemampuan algoritma dalam melakukan prediksi secara akurat dan konsisten. Proses ini umumnya menggunakan sejumlah metrik seperti *accuracy*, *precision*, *recall*, *F1-score*, dan *AUC-ROC* yang digunakan untuk mengevaluasi tingkat keandalan kinerja model. Masing-masing metrik memiliki peran yang berbeda, di mana akurasi merepresentasikan proporsi prediksi yang tepat, presisi menunjukkan tingkat ketepatan prediksi pada kelas positif, *recall* menggambarkan kemampuan model dalam mengidentifikasi seluruh data positif, sedangkan *F1-score* berfungsi sebagai ukuran keseimbangan antara nilai presisi dan *recall*. Sementara itu, *AUC-ROC* digunakan untuk menilai kemampuan model dalam membedakan kelas positif dan negatif secara menyeluruh. Dengan demikian, analisis berbasis metrik ini membantu menentukan seberapa efektif suatu model dalam menangani data yang kompleks, khususnya pada *domain* medis [12]. Tahapan evaluasi dilakukan pada setiap model yang telah dibangun, dengan perhitungan metrik kinerja merujuk pada rumus-rumus evaluasi.

2.8. Penelitian Terdahulu

Beberapa penelitian sebelumnya telah dilakukan untuk mengembangkan sistem deteksi malaria berbasis *deep learning* dengan menggunakan arsitektur *Convolutional Neural Network (CNN)* dan pendekatan *transfer learning*.

Penelitian berjudul “*Comparison of EfficientNetB0 and EfficientNetB7 Models in Classifying Malaria Based on Blood Cells*”. Penelitian ini menggunakan dataset *Malaria Cell Images Dataset* dari *Kaggle* yang berjumlah 27.558 citra sel darah. Dua arsitektur yang dibandingkan adalah *EfficientNetB0* dan *EfficientNetB7*. Hasil pengujian menunjukkan bahwa *EfficientNetB0* menghasilkan akurasi sebesar 95%, sementara *EfficientNetB7* mencapai 99% setelah dilakukan *hyperparameter tuning*. Penelitian ini membuktikan bahwa model *EfficientNet* dengan peningkatan kompleksitas mampu memberikan akurasi yang sangat tinggi dalam klasifikasi malaria berbasis citra digital [3].

Penelitian berjudul “*Classification of Cells Infected with the Malaria Parasite with ResNet Architectures*” yang membandingkan beberapa arsitektur *ResNet* untuk mengklasifikasikan citra sel darah terinfeksi malaria. Dataset yang digunakan berasal dari *National Library of Medicine* dengan total

27.558 citra, terdiri atas 13.779 citra terinfeksi dan 13.779 citra tidak terinfeksi. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model *ResNet-50 v2* mencapai akurasi tertinggi yaitu 94,09%, menjadikannya salah satu arsitektur terbaik untuk deteksi parasit *Plasmodium* menggunakan *deep learning* [4].

Aplikasi berbasis *web* untuk deteksi malaria menggunakan citra *thin blood smear* dengan teknik *transfer learning* pada arsitektur *EfficientNetB0*. Model yang dihasilkan memiliki akurasi pelatihan sebesar 96,64%, akurasi validasi 97,34%, dan akurasi pengujian 96,8% dengan nilai *F1-score* 0,968. Aplikasi ini kemudian diimplementasikan pada platform *Google App Engine*, sehingga dapat digunakan oleh tenaga medis untuk membantu diagnosis malaria secara praktis dan cepat [13].

Dalam penelitian “*Computer-Aided Diagnosis of Malaria through Transfer Learning using the ResNet50 Backbone*” mengusulkan metode diagnosis otomatis malaria dengan memanfaatkan arsitektur *ResNet50* yang telah *pre-trained* pada dataset *ImageNet*. Menggunakan dataset terbuka dari *National Library of Medicine’s Lister Hill Center*, model yang diusulkan mencapai akurasi 98,75%, presisi 99,3%, dan *recall* 99,5%, yang lebih unggul dibandingkan model tradisional seperti *VGG16* dan *Random Forest*. Penelitian ini menunjukkan efektivitas *transfer learning* dalam meningkatkan akurasi klasifikasi malaria berbasis citra [14].

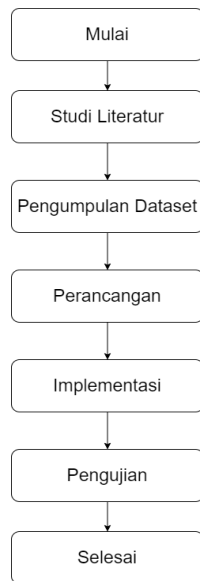
Model baru bernama *ROENet (ResNet-based Output Ensemble Network)* untuk klasifikasi parasit malaria pada citra *blood smear*. Model ini menggunakan *ResNet-18* sebagai *feature extractor* dan tiga jenis *Randomized Neural Networks (RVFL, SNN, dan ELM)* sebagai lapisan akhir untuk membentuk *ensemble output*. Hasil pengujian menggunakan *five-fold cross-validation* menunjukkan akurasi rata-rata 95,73%, *F1-score* 95,69%, dan *specificity* 96,68%, menegaskan efektivitas arsitektur *ResNet* dalam tugas klasifikasi medis [15].

Berdasarkan hasil-penelitian tersebut, dapat disimpulkan bahwa arsitektur *EfficientNetB0*, dan *ResNet50* menunjukkan performa yang sangat baik dalam mendeteksi malaria dari citra mikroskopis darah. Pendekatan *transfer learning* dan optimasi seperti *Adam Optimizer* berperan penting dalam meningkatkan akurasi model, sehingga metode ini sangat potensial untuk digunakan dalam pengembangan sistem diagnosis otomatis malaria.

3. METODE PENELITIAN

Tahapan ini dimulai dengan melakukan kajian literatur berupa jurnal, buku, dan penelitian terdahulu yang relevan dengan topik deteksi penyakit malaria berbasis citra sel darah. Kajian literatur difokuskan pada pengembangan metode klasifikasi citra menggunakan arsitektur *Convolutional Neural Network (CNN)* serta pendekatan *transfer learning* pada domain citra medis. Penelusuran dilakukan terhadap berbagai penelitian yang membahas

efektivitas *CNN* dalam mendeteksi parasit malaria pada citra mikroskopis, khususnya penelitian yang menggunakan *dataset thick* dan *thin blood smear*.



Gambar 4. Metodologi Penelitian

Secara khusus, kajian diarahkan untuk memahami keunggulan dan kekurangan beberapa arsitektur *CNN* modern, seperti *EfficientNet* dan *ResNet*, dalam proses ekstraksi fitur citra medis. *EfficientNet-B0* diketahui memiliki performa yang efisien karena menerapkan mekanisme *compound scaling* sehingga mampu mencapai akurasi tinggi dengan kebutuhan komputasi yang lebih rendah. Sementara itu, *ResNet-50* dikembangkan dengan konsep *residual learning* yang memungkinkan jaringan berlapis dalam melakukan pembelajaran fitur secara optimal tanpa mengalami *vanishing gradient*.

Berdasarkan hasil kajian tersebut, dapat disimpulkan bahwa pemilihan arsitektur *transfer learning* berpengaruh terhadap akurasi, stabilitas, dan kecepatan pelatihan model deteksi malaria. Oleh karena itu, penelitian ini membandingkan *EfficientNet-B0* dan *ResNet-50* untuk memperoleh gambaran performa kedua model dalam melakukan klasifikasi citra sel darah, sehingga dapat mendukung pengembangan sistem deteksi malaria berbasis *deep learning* yang lebih akurat dan adaptif di lingkungan medis.

3.1. Studi Literatur

Tahap awal penelitian diawali dengan penelusuran literatur yang bersumber dari jurnal ilmiah, buku, serta penelitian sebelumnya yang berkaitan dengan deteksi malaria berbasis citra sel darah. Fokus kajian literatur diarahkan pada pengembangan teknik klasifikasi citra dengan memanfaatkan arsitektur *Convolutional Neural Network (CNN)* dan penerapan pendekatan *transfer learning* pada bidang citra medis. Penelusuran dilakukan terhadap berbagai penelitian yang

membahas efektivitas *CNN* dalam mendeteksi parasit malaria pada citra *mikroskopis*, khususnya penelitian yang menggunakan *dataset thick* dan *thin blood smear*.

Secara khusus, kajian diarahkan untuk memahami keunggulan dan kekurangan beberapa arsitektur *CNN* modern, seperti *EfficientNet* dan *ResNet*, dalam proses ekstraksi fitur citra medis. *EfficientNet-B0* diketahui memiliki performa yang efisien karena menerapkan mekanisme *compound scaling* sehingga mampu mencapai hasil klasifikasi yang akurat dengan kebutuhan sumber daya komputasi yang minimal. Sementara itu, *ResNet-50* dikembangkan dengan konsep *residual learning* yang memungkinkan jaringan berlapis dalam melakukan pembelajaran fitur secara optimal tanpa mengalami *vanishing gradient*.

Berdasarkan hasil kajian tersebut, dapat disimpulkan bahwa pemilihan arsitektur *transfer learning* berpengaruh terhadap akurasi, stabilitas, dan kecepatan pelatihan model deteksi malaria. Oleh karena itu, penelitian ini membandingkan *EfficientNet-B0* dan *ResNet-50* untuk memperoleh gambaran performa kedua model dalam melakukan klasifikasi citra sel darah, dengan demikian, hasil penelitian ini diharapkan dapat mendukung pengembangan sistem deteksi malaria berbasis *deep learning* yang andal dan adaptif dalam konteks aplikasi medis.

3.2. Pengumpulan dataset

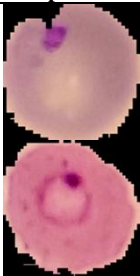
Tahap ini mencakup proses pengumpulan *dataset* yang digunakan sebagai data utama penelitian, yakni *Malaria Cell Images Dataset* yang dapat diakses secara publik melalui platform *Kaggle*. *Dataset* tersebut memuat citra *mikroskopis* sel darah merah yang dimanfaatkan untuk membedakan kondisi sel yang terinfeksi parasit malaria (*Parasitized*) dan sel darah yang tidak terinfeksi (*Uninfected*). Pemilihan *dataset* ini didasarkan pada ketersediaannya yang luas, kualitas citra yang baik, serta kesesuaiannya dengan tujuan penelitian yang berfokus pada klasifikasi citra medis berbasis *deep learning*.

Secara keseluruhan, *dataset* tersebut memuat total 27.558 citra sel darah, yang terbagi secara seimbang ke dalam dua kelas, yaitu 13.779 citra *Parasitized* dan 13.779 citra *Uninfected*. Seluruh citra diperoleh melalui proses pengamatan preparat apusan darah tepi (*thin blood smear*) menggunakan mikroskop cahaya, sehingga karakteristik visual yang ditampilkan merepresentasikan kondisi nyata pada pemeriksaan laboratorium. Selain itu, setiap citra telah melalui proses pelabelan secara manual oleh tenaga medis yang berkompeten, sehingga keabsahan label data dapat dipertanggungjawabkan dan layak digunakan dalam penelitian berbasis *machine learning*.

Untuk mendukung proses pengolahan data dan tahapan pelatihan model *Convolutional Neural Network (CNN)*, *dataset* kemudian diorganisasi ke dalam dua direktori utama sesuai dengan kelasnya,

yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Pengelompokan ini bertujuan untuk mempermudah proses pemanggilan data serta memastikan konsistensi kelas selama tahap pelatihan dan pengujian model. Selanjutnya, dataset tersebut diproses melalui beberapa tahapan *preprocessing* guna menyesuaikan format dan kualitas citra dengan kebutuhan arsitektur *CNN* yang digunakan. Rincian pembagian dan karakteristik informasi mengenai dataset yang digunakan pada penelitian ini ditampilkan pada Tabel 1.

Tabel 1. *Malaria Cell Dataset*

Kelas	Banyak Sample (Train: Validation: Test)	Gambar Sample Citra
<i>Parasitized</i>	13.779(9.645:2.067:2.067)	
<i>Uninfected</i>	13.779(9.645:2.067:2.067)	

3.3. Perancangan

Pada tahap perancangan, penelitian ini menyusun sistem klasifikasi infeksi malaria berbasis citra sel darah dengan memanfaatkan metode *Convolutional Neural Network (CNN)* melalui pendekatan *transfer learning*. Dua model *CNN* pralatih, yaitu *EfficientNetB0* dan *ResNet50*, digunakan sebagai arsitektur utama untuk dianalisis dan dibandingkan kinerjanya dalam mendeteksi sel darah yang terinfeksi parasit *Plasmodium*. Perancangan sistem difokuskan pada pengembangan model klasifikasi yang mampu menghasilkan tingkat akurasi tinggi sekaligus mempertahankan efisiensi dari sisi kompleksitas model dan waktu pelatihan.

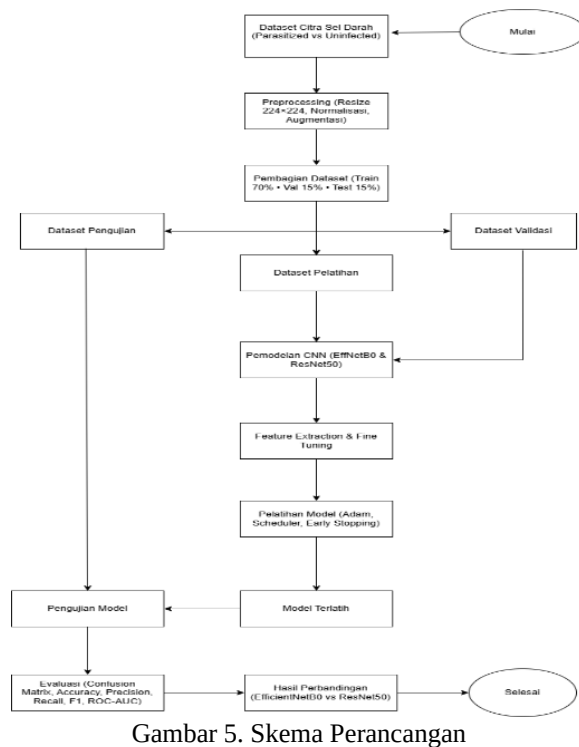
Proses perancangan diawali dengan penyiapan *dataset* yang diperoleh dari sumber publik, yaitu *Malaria Cell Images Dataset* yang tersedia pada platform *Kaggle*. Dataset ini memuat total 27.558 citra sel darah yang terbagi secara seimbang ke dalam dua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*, masing-masing sebanyak 13.779 citra. Seluruh data citra selanjutnya diproses melalui tahapan pra-pemrosesan untuk menyesuaikan format dan kualitas citra dengan kebutuhan arsitektur *CNN*. Tahapan pra-pemrosesan

meliputi penyesuaian ukuran citra menjadi 224×224 piksel, normalisasi nilai piksel, serta penerapan teknik augmentasi data. Teknik augmentasi yang digunakan mencakup rotasi, pembalikan citra secara *horizontal* dan *vertikal*, *zoom*, *shear*, serta penyesuaian tingkat kecerahan, yang bertujuan untuk meningkatkan variasi data dan kemampuan generalisasi model.

Setelah tahapan pra-pemrosesan selesai, *dataset* dibagi ke dalam tiga subset, yaitu data latih sebesar 70%, data validasi sebesar 15%, dan data uji sebesar 15%, dengan menggunakan metode *train-validation-test split*. Pembagian ini dilakukan untuk memastikan bahwa proses pelatihan, validasi, dan evaluasi model dapat berlangsung secara objektif dan tidak menimbulkan bias. Tahap selanjutnya adalah proses pemodelan dengan memanfaatkan arsitektur *EfficientNetB0* dan *ResNet50* yang telah dilatih sebelumnya pada dataset *ImageNet*. Pemodelan dilakukan melalui dua pendekatan utama, yaitu *feature extraction* dan *fine-tuning*. Pada tahap *feature extraction*, lapisan awal model pralatih dipertahankan untuk mengekstraksi fitur dasar citra, sedangkan pada tahap *fine-tuning*, sebagian lapisan atas disesuaikan ulang agar model dapat mempelajari karakteristik visual yang lebih spesifik dari citra sel darah malaria.

Struktur akhir model dimodifikasi dengan menambahkan beberapa lapisan pendukung, yaitu *Global Average Pooling*, lapisan *Dense* dengan fungsi aktivasi *ReLU*, lapisan *Dropout* sebagai mekanisme regularisasi, serta lapisan keluaran (*output layer*) dengan fungsi aktivasi *Softmax* sesuai dengan jumlah kelas yang digunakan. Proses pelatihan model dilakukan menggunakan algoritma optimasi Adam yang dikombinasikan dengan pengaturan *learning rate* melalui *scheduler*. Pelatihan dilakukan dengan ukuran *batch* sebesar 32 dan jumlah *epoch* maksimum 100, serta dilengkapi dengan mekanisme *Early Stopping* untuk menghentikan proses pelatihan secara otomatis apabila performa model pada data validasi tidak menunjukkan peningkatan dalam beberapa iterasi berturut-turut. Dengan mekanisme tersebut, jumlah *epoch* yang digunakan bersifat adaptif dan bergantung pada performa model selama pelatihan.

Tahap akhir dari perancangan sistem ini adalah proses evaluasi model menggunakan data uji. Evaluasi dilakukan dengan menghitung metrik akurasi, presisi, *recall*, dan *F1-score* yang diperoleh dari *confusion matrix*, serta metrik tambahan berupa *ROC-AUC* untuk menilai kemampuan model dalam membedakan kedua kelas secara menyeluruh. Melalui tahapan perancangan ini, diharapkan sistem klasifikasi malaria yang dihasilkan memiliki performa yang akurat dan efisien, serta dapat memberikan kontribusi nyata dalam pengembangan sistem pendukung diagnosis berbasis citra medis secara otomatis, sebagaimana ditunjukkan pada skema perancangan pada Gambar 5.



Gambar 5. Skema Perancangan

3.4. Implementasi

Pada tahap implementasi, sistem klasifikasi infeksi malaria berbasis citra sel darah dikembangkan menggunakan metode *Convolutional Neural Network (CNN)* dengan pendekatan *transfer learning* melalui arsitektur *EfficientNetB0* dan *ResNet50*. Seluruh proses implementasi dilakukan menggunakan bahasa pemrograman *Python*. *Dataset* yang telah melalui tahap pra-pemrosesan, dengan ukuran citra 224×224 piksel, digunakan sebagai data masukan untuk proses pelatihan, validasi, dan pengujian model.

Proses pelatihan model dilakukan dengan memanfaatkan algoritma optimasi *Adam*, di mana nilai *learning rate* disesuaikan secara adaptif menggunakan mekanisme *scheduler* untuk memperoleh konvergensi yang optimal. Parameter pelatihan yang diterapkan meliputi ukuran *batch* sebesar 32, jumlah *epoch* maksimum sebanyak 100, serta penerapan mekanisme *early stopping* untuk menghentikan pelatihan secara otomatis apabila performa model tidak menunjukkan peningkatan, sehingga risiko *overfitting* dapat diminimalkan.

Setelah proses pelatihan selesai, model yang telah terbentuk disimpan dan selanjutnya dievaluasi menggunakan data uji. Evaluasi dilakukan dengan menghitung sejumlah metrik kinerja, yaitu *accuracy*, *precision*, *recall*, *F1-score*, dan *ROC-AUC*. Tahapan ini bertujuan untuk menilai kemampuan model dalam mengidentifikasi citra sel darah yang terinfeksi malaria secara akurat serta efisien.

3.5. Pengujian

Pada tahapan pengujian, model yang telah dikembangkan dievaluasi menggunakan data uji untuk menilai kemampuannya dalam mengenali dan

mengklasifikasikan citra secara tepat. Hasil evaluasi selanjutnya dianalisis untuk mengetahui tingkat keberhasilan metode yang diterapkan melalui *Confusion Matrix*. Berdasarkan matriks tersebut, diperoleh nilai *precision*, *recall*, *accuracy*, serta *ROC-AUC* yang perhitungannya ditunjukkan pada Persamaan (3), (4), (5), (6), dan (7).

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \times 100\% \dots (3)$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \times 100\% \dots (4)$$

$$Accuracy = \frac{TP + TN + FP + FN}{TP + TN + FP + FN} \times 100\% \dots (5)$$

$$F1 = 2 \times \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall} \dots (6)$$

$$AUC = \frac{1}{2} \left(\frac{Tp}{Tp + Fn} + \frac{Tn}{Tn + Fp} \right) \dots (7)$$

Keterangan:

TP : jumlah data pada kelas positif yang berhasil diprediksi dengan benar oleh sistem

TN : jumlah data pada kelas negatif yang berhasil diklasifikasikan dengan benar

FN : jumlah data pada kelas negatif yang salah diklasifikasikan sebagai kelas positif

FP : jumlah data pada kelas positif yang salah diklasifikasikan sebagai kelas negative

4. HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada bab ini dibahas hasil implementasi, pengujian, dan evaluasi kinerja model klasifikasi malaria berbasis citra sel darah menggunakan arsitektur *transfer learning EfficientNetB0* dan *ResNet50*. Pengujian dilakukan melalui serangkaian skenario pelatihan yang mencakup tahap *feature extraction* dan *fine-tuning* untuk menilai stabilitas, efektivitas, serta kemampuan generalisasi kedua model. Hasil pengujian kemudian dianalisis berdasarkan metrik akurasi, *precision*, *recall*, *F1-score*, dan *ROC-AUC* yang digunakan untuk mengukur tingkat kemampuan model dalam membedakan sel darah yang terinfeksi (*Parasitized*) dan tidak terinfeksi (*Uninfected*) secara optimal.

4.1. Skenario Pengujian

Pengujian pada penelitian ini dilaksanakan berdasarkan rancangan metode yang telah disusun untuk mengevaluasi kinerja dua arsitektur *deep learning* berbasis *transfer learning*, yaitu *EfficientNetB0* dan *ResNet50*, dalam melakukan klasifikasi citra sel darah yang terinfeksi parasit malaria (*Parasitized*) maupun tidak terinfeksi (*Uninfected*). *Dataset* yang digunakan adalah *Malaria Cell Images Dataset* yang terdiri atas 27.558 citra sel darah dan terbagi secara seimbang ke dalam dua kelas, masing-masing sebanyak 13.779 citra. Untuk menjaga proporsi kelas yang seimbang pada setiap tahap pelatihan dan evaluasi, *dataset* dibagi menggunakan metode *stratified split* menjadi tiga *subset*, yaitu 70% data latih, 15% data validasi, dan 15% data uji.

Seluruh citra terlebih dahulu melalui tahap pra-pemrosesan yang mencakup normalisasi nilai piksel serta penyesuaian ukuran citra menjadi 224×224 piksel agar sesuai dengan standar arsitektur berbasis *ImageNet*. Selain itu, pada data latih diterapkan teknik augmentasi untuk meningkatkan keragaman data dan memperkuat kemampuan generalisasi model. Teknik augmentasi yang digunakan meliputi pembalikan citra secara *horizontal*, *rotasi*, *zoom*, *translasi*, serta penyesuaian tingkat kecerahan dan kontras. Tahapan ini bertujuan untuk menekan risiko *overfitting*, terutama pada tahap *fine-tuning* yang lebih sensitif terhadap variasi data.

Proses pelatihan model dilakukan melalui dua tahapan utama, yaitu *feature extraction* dan *fine-tuning*. Pada tahap *feature extraction*, seluruh lapisan *backbone* dibekukan sehingga proses pelatihan hanya dilakukan pada bagian *classification head* yang terdiri atas *Global Average Pooling*, lapisan *Dense* dengan aktivasi *ReLU*, *Dropout*, serta lapisan *Dense Softmax* untuk dua kelas. Pelatihan pada tahap ini dilakukan selama maksimum 30 *epoch* dengan penerapan mekanisme *Early Stopping* berdasarkan nilai *validation loss*. Hasilnya menunjukkan bahwa model *EfficientNetB0* mencapai kondisi optimal pada *epoch* ke-26, sedangkan *ResNet50* berhenti pada *epoch* ke-20.

Tahap selanjutnya adalah *fine-tuning*, yaitu dengan membuka kembali sekitar 20-30% lapisan teratas dari *backbone* agar model dapat mempelajari fitur visual yang lebih spesifik dari citra sel darah malaria. Proses *fine-tuning* dilakukan selama 30 *epoch* dengan nilai *learning rate* yang lebih kecil untuk menjaga kestabilan bobot hasil pretraining. Pada tahap ini, *EfficientNetB0* menyelesaikan seluruh *epoch* yang direncanakan, sedangkan *ResNet50* mengalami *Early Stopping* pada *epoch* ke-9, yang mengindikasikan bahwa model tersebut lebih cepat mencapai kondisi stabil. Seluruh proses pelatihan menggunakan *optimizer Adam* dengan ukuran *batch* sebesar 32 serta *callback* berupa *EarlyStopping*, *ModelCheckpoint*, dan *ReduceLROnPlateau* untuk menjaga stabilitas pelatihan dan memastikan bobot terbaik tersimpan.

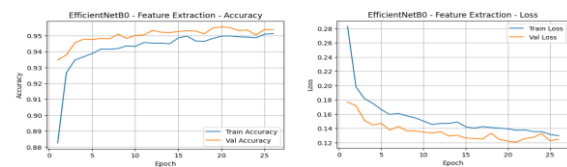
Rancangan skenario pengujian ini memungkinkan evaluasi kinerja model dilakukan secara menyeluruh menggunakan metrik akurasi, presisi, *recall*, *F1-score*, serta *ROC-AUC* yang selanjutnya digunakan pada tahap pengujian dan analisis hasil.

4.2. Hasil Pengujian

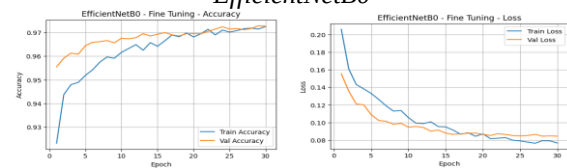
Hasil pengujian dalam penelitian ini diperoleh melalui evaluasi terhadap dua model *transfer learning*, yaitu *EfficientNetB0* dan *ResNet50*, menggunakan data validasi serta data uji. Evaluasi tersebut bertujuan untuk menilai kemampuan masing-masing model dalam membedakan citra sel darah yang terinfeksi parasit malaria (*Parasitized*) dan citra sel darah yang tidak terinfeksi (*Uninfected*). Pengujian dilakukan setelah seluruh proses pelatihan pada tahap *feature*

extraction dan *fine-tuning* selesai, sehingga setiap model dievaluasi menggunakan bobot terbaik yang dihasilkan (*best checkpoint*).

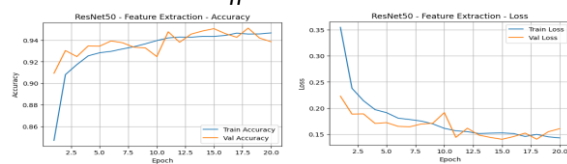
Performa model selama proses pelatihan divisualisasikan melalui grafik akurasi dan *loss*, yang memberikan gambaran mengenai proses konvergensi serta kestabilan pembelajaran model. Secara umum, kedua model menunjukkan kecenderungan peningkatan nilai akurasi yang diikuti dengan penurunan nilai *loss* baik pada data latih maupun data validasi. Pola tersebut mengindikasikan bahwa proses pelatihan berjalan dengan stabil tanpa menunjukkan gejala *overfitting* yang signifikan. Kondisi ini menunjukkan bahwa penerapan strategi augmentasi data serta pembekuan sebagian lapisan *backbone* pada tahap *feature extraction* berperan dalam meningkatkan kemampuan generalisasi model. Visualisasi hasil pelatihan dan evaluasi kinerja model tersebut ditampilkan pada Gambar 6, Gambar 7, Gambar 8, dan Gambar 9.



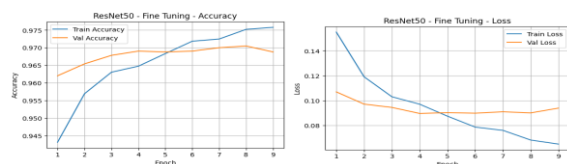
Gambar 6. Visualisasi *Training Feature Extraction Validation Accuracy* dan *Loss* Pada Model *EfficientNetB0*



Gambar 7. Visualisasi *Training Fine Tuning Validation Accuracy* dan *Loss* Pada Model *EfficientNetB0*



Gambar 8. Visualisasi *Training Feature Extraction Validation Accuracy* dan *Loss* Pada Model *ResNet50*



Gambar 9. Visualisasi *Training Fine Tuning Validation Accuracy* dan *Loss* Pada Model *ResNet50*

Evaluasi kinerja model selanjutnya dilakukan dengan menggunakan sejumlah metrik klasifikasi, yaitu *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score*. Berdasarkan hasil pengujian pada data uji, kedua model menunjukkan tingkat akurasi yang tinggi, dengan nilai berada pada rentang 95-97%. Hasil

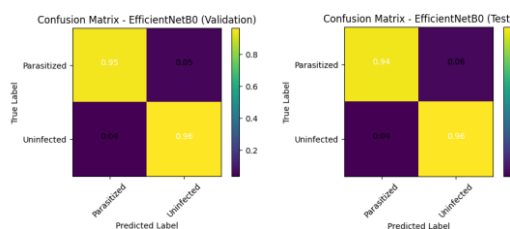
tersebut mengindikasikan bahwa model memiliki kemampuan yang baik dalam mengenali serta membedakan pola visual antara citra sel darah yang terinfeksi (*Parasitized*) dan tidak terinfeksi (*Uninfected*).

Selain itu, nilai *precision* dan *recall* yang relatif seimbang pada kedua model menunjukkan bahwa proses klasifikasi tidak cenderung berpihak pada salah satu kelas tertentu. Keseimbangan tersebut menandakan bahwa model mampu mempertahankan proporsi prediksi yang tepat antara kelas positif dan negatif secara konsisten. Rincian hasil evaluasi kinerja model berdasarkan metrik klasifikasi tersebut disajikan pada Tabel 2.

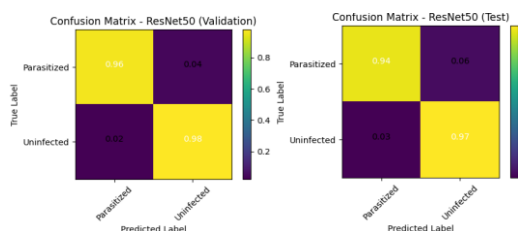
Tabel 2. Hasil Evaluasi Metrik

Model	Split	Accuracy	Precision	Recall	F1_Score	Roc-Auc
EfficientNetB0	Validation	0.95 5007	0.94 7644	0.96 3232	0.95 5374	0.99 0818
EfficientNetB0	Test	0.95 2346	0.94 3548	0.96 2264	0.95 2814	0.98 8784
ResNet50	Validation	0.96 9037	0.96 1887	0.97 6778	0.96 9275	0.99 4785
ResNet50	Test	0.95 9603	0.94 6009	0.97 4843	0.96 0210	0.99 1771

Analisis *confusion matrix* dilakukan untuk mengevaluasi sebaran hasil prediksi yang benar maupun yang keliru pada masing-masing model. Berdasarkan hasil analisis tersebut, dapat diketahui bahwa mayoritas citra sel darah berhasil diklasifikasikan secara tepat, sementara jumlah kesalahan prediksi yang berupa *false positive* dan *false negative* relatif kecil. Kesalahan klasifikasi umumnya ditemukan pada citra yang memiliki kualitas visual kurang baik, tingkat kontras yang rendah, atau adanya artefak tertentu sehingga struktur parasit malaria tidak terlihat dengan jelas. Visualisasi hasil *confusion matrix* untuk masing-masing model disajikan pada Gambar 10 dan Gambar 11.



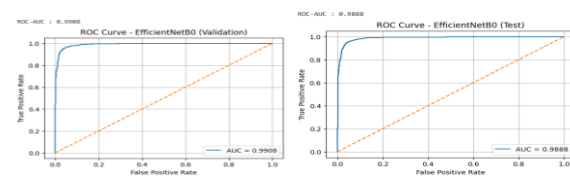
Gambar 10. Visualisasi Confusion Matrix Validation dan Test pada Model EfficientNetB0



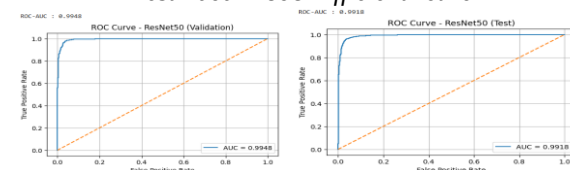
Gambar 11. Visualisasi Confusion Matrix Validation dan Test pada Model ResNet50

Selain menggunakan metrik klasifikasi dasar, kemampuan model dalam membedakan dua kelas juga dianalisis secara lebih mendalam melalui *kurva Receiver Operating Characteristic (ROC)* dan nilai *Area Under Curve (AUC)*. Kurva ROC menggambarkan hubungan antara *True Positive Rate (TPR)* dan *False Positive Rate (FPR)* pada berbagai nilai ambang prediksi, sehingga dapat menunjukkan perubahan tingkat sensitivitas dan spesifisitas model terhadap variasi nilai *threshold*. Analisis ini memberikan gambaran visual mengenai kinerja model dalam memisahkan kelas positif dan negatif pada berbagai kondisi pengambilan keputusan.

Nilai AUC merepresentasikan luas area di bawah kurva ROC dan digunakan sebagai indikator numerik untuk menilai kemampuan diskriminasi model secara keseluruhan. Semakin besar nilai AUC, semakin baik kemampuan model dalam membedakan kedua kelas, sedangkan nilai AUC yang mendekati 0,5 menunjukkan performa yang tidak lebih baik dari tebakan acak. Pada penelitian ini, nilai ROC-AUC yang diperoleh berada pada rentang 0,98 hingga 0,99, yang menandakan bahwa kedua model memiliki kemampuan klasifikasi yang sangat baik dalam membedakan citra sel darah *Parasitized* dan *Uninfected* secara konsisten pada berbagai nilai *threshold*. Visualisasi kurva ROC untuk masing-masing model disajikan pada Gambar 12 dan Gambar 13.

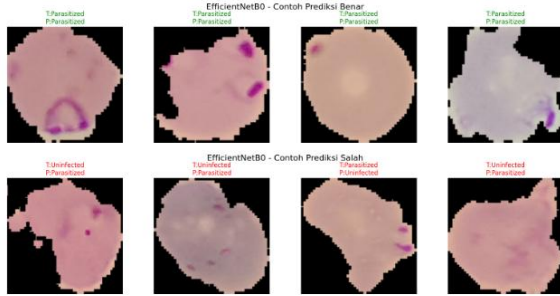


Gambar 12. Visualisasi Kurva ROC Validation dan Test Pada Model EfficientNetB0

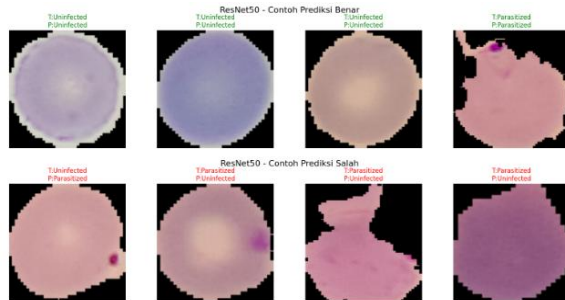


Gambar 13. Visualisasi Kurva ROC Validation dan Test Pada Model ResNet50

Untuk memberikan gambaran visual terhadap performa nyata model, beberapa contoh prediksi benar dan prediksi salah juga ditampilkan. Prediksi benar menunjukkan bahwa model dapat mengenali ciri khas parasit malaria dengan konsisten, sedangkan prediksi salah umumnya muncul pada citra yang memiliki distribusi warna tidak merata, blur, atau area parasit yang sangat kecil sehingga sulit dikenali oleh model. Visualisasi contoh prediksi benar dan salah tersebut dapat dilihat pada Gambar 14 dan Gambar 15.



Gambar 14. Visualisasi Contoh Prediksi Benar dan Salah Pada Model EfficientNetB0



Gambar 15. Visualisasi Contoh Prediksi Benar dan Salah Pada Model ResNet50

Berdasarkan hasil pengujian yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa *EfficientNetB0* dan *ResNet50* memiliki kemampuan klasifikasi yang tinggi. *ResNet50* cenderung memiliki nilai akurasi dan ROC-AUC sedikit lebih tinggi, sedangkan *EfficientNetB0* menawarkan performa yang kompetitif dengan kompleksitas model yang lebih ringan. Dengan demikian, kedua model layak digunakan untuk deteksi malaria berbasis citra sel darah dan dapat menjadi dasar untuk pengembangan sistem deteksi otomatis di bidang medis.

5. KESIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini berhasil mengembangkan dan menerapkan metode Convolutional Neural Network berbasis transfer learning dengan memanfaatkan arsitektur *EfficientNetB0* dan *ResNet50* untuk melakukan klasifikasi citra sel darah malaria ke dalam dua kategori, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Berdasarkan hasil evaluasi, kedua model menunjukkan kinerja yang baik dengan tingkat akurasi yang tinggi serta performa yang stabil. Hal tersebut dibuktikan melalui nilai accuracy, precision, recall, F1-score, dan ROC-AUC yang berada pada rentang 95-97% baik pada data validasi maupun data uji. *ResNet50* sedikit lebih unggul dalam beberapa metrik evaluasi, sedangkan *EfficientNetB0* tetap memberikan performa kompetitif dengan kompleksitas yang lebih ringan. Temuan ini menegaskan bahwa pendekatan *transfer learning* sangat efektif dalam mendeteksi parasit malaria pada citra mikroskopis. Untuk penelitian selanjutnya, disarankan untuk memperluas variasi *dataset* menggunakan citra dari berbagai kondisi mikroskop dan sumber laboratorium yang

berbeda, mengeksplorasi arsitektur atau teknik pelatihan yang lebih modern, serta mengembangkan sistem pendukung berbasis *web* atau *mobile* agar model yang dihasilkan dapat diterapkan secara langsung dalam proses deteksi malaria secara otomatis.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Organización Mundial de la Salud, *Informe de Malaria de la Organización Mundial de la Salud- 2023II*. 2023.
- [2] Kemenkes, "Laporan Tahunan 2022 Malaria," *Kemenkes RI*, pp. 1–51, 2022.
- [3] M. R. Maulana, Z. Sari, and D. Rizki, "Comparison of EfficientNetB0 and EfficientNetB7 Models in Classifying Malaria Based on Blood Cells," *J. Online Inform.*, vol. 9, no. 2, pp. 219–227, 2024, doi: 10.15575/join.v9i2.1195.
- [4] İ. Akgül and V. Kaya, "Classification Of Cells Infected With The Malaria Parasite With Resnet Architectures," pp. 42–54, 2022.
- [5] R. R. Santosa, A. Sasikirana, Z. L. Ramadhan, Y. Putra, and B. Satria, "Indonesian Journal of Science , Perbandingan Kinerja MobileNetV2 dan ResNet50V2," vol. 3, no. 1, pp. 49–56, 2025.
- [6] D. Gunawan and H. Setiawan, "Convolutional Neural Network dalam Citra Medis," *KONSTELASI Konvergensi Teknol. dan Sist. Inf.*, vol. 2, no. 2, pp. 376–390, 2022, doi: 10.24002/konstelasi.v2i2.5367.
- [7] W. Halim and P. Mudjihartono, "Kecerdasan Buatan dalam Teknologi Kedokteran: Survey Paper," *KONSTELASI Konvergensi Teknol. dan Sist. Inf.*, vol. 2, no. 1, pp. 207–216, 2022.
- [8] K. Gencer, "A COMPARATIVE ANALYSIS OF EFFICIENTNETB0 AND EFFICIENTNETV2 VARIANTS FOR MRI GÖRÜNTÜLERİNİ KULLANARAK BEYİN TÜMÖRÜ SINIFLANDIRMASI İÇİN EFFICIENTNETB0 VE EFFICIENTNETV2 VARYANTLARININ KARŞILAŞTIRMALI ANALİZİ," vol. 9, no. 1, pp. 1–7, 2025.
- [9] S. R. Shah *et al.*, "50 : A Case Study on Early Detection of a Rice Disease," pp. 1–13, 2023.
- [10] F. Ramadhan and J. Hernadi, "JIPI (Jurnal Ilmiah Penelitian dan Pembelajaran Informatika) Journal homepage: <https://jurnal.stkipppgritlungagung.ac.id/index.php/jipi> WAJAH MANUSIA," vol. 10, no. 2, pp. 1414–1426, 2025, [Online]. Available: <https://doi.org/10.29100/jipi.v10i2.6197>
- [11] F. Khadafi and P. F. I. R. H. Zer, "Optimasi Akurasi Backpropagation Dengan Adaptive Moment Estimation Terhadap Kasus Prediksi Deteksi Penyakit Paru-Paru," *J. Inov. Sist. Inf. Ilmu Komput.*, vol. 3, no. 1, pp. 30–38, 2025.
- [12] F. Aznur, P. Merdijaya, and Q. A. Hidayaturrohmah, "Komparasi Performansi Model Machine Learning untuk Prediksi

- Readmisi Pasien Gagal Jantung,” vol. 26861089, pp. 1–8, 2025.
- [13] W. Swastika, B. J. Pradana, R. B. Widodo, R. Sitepu, and G. G. Putra, “Web-Based Application for Malaria Parasite Detection Using Thin-Blood Smear Images,” vol. 11, no. 3, 2023, doi: 10.18178/joig.11.3.288-293.
- [14] C. Engineering, “Computer-aided Diagnosis of Malaria through Transfer Learning using the ResNet50 Backbone,” pp. 1–9, 2020.
- [15] P. Classification, “ROENet: A ResNet-Based Output Ensemble for Malaria,” 2022.