

Analisis Performa *Convolutional Neural Networks* pada Deteksi Penyakit Malaria Berbasis Citra Mikroskopis

Hanifatus Sa'diyah Widihasaniputri¹, Dewi Chirzah², Widya Kurniawan³, Akmal Maulana⁴
^{1,2,4} Teknologi Informasi, Universitas Muhammadiyah Purworejo, Purworejo 54111, Indonesia
³ Teknik Informatika, Universitas Darussalam Gontor, Ponorogo, 63471, Indonesia
hanifatus@umpwr.ac.id, dewichirzah@umpwr.ac.id, widya.kurniawan@unida.gontor.ac.id,
Ir.akmalmaulanakun@gmail.com

Artikel Info

ABSTRACT

Kata kunci:

Deteksi Malaria;
Convolutional Neural
Network;
Deep learning;

The automated detection of malaria through microscopic blood cell image analysis is crucial for timely diagnosis. This study focuses on the implementation and evaluation of a Convolutional Neural Network (CNN) model to classify blood cell images into 'Uninfected' and 'Parasite' categories. The CNN architecture, comprising convolutional, pooling, and dense layers, was trained over 13 epochs using the Adam optimizer and Binary Crossentropy loss function. Prior to training, images were resized to 128x128 pixels, converted to NumPy arrays, and pixel values were normalized to the 0-1 range. The trained model achieved a final training accuracy of 91.79% with a loss of 0.3356. When evaluated on an unseen test dataset, the model demonstrated a comparable accuracy of 91.79%, indicating its effectiveness in identifying malaria parasites in blood cell images. This research highlights the significant potential of CNNs for developing automated and accurate malaria diagnostic tools.

Deteksi otomatis malaria melalui analisis citra mikroskopis sel darah memegang peranan penting dalam diagnosis tepat waktu. Penelitian ini berfokus pada implementasi dan evaluasi model *Convolutional Neural Network* (CNN) untuk mengklasifikasikan citra sel darah ke dalam kategori 'Tidak Terinfeksi' dan 'Parasit'. Arsitektur CNN, yang terdiri dari lapisan konvolusi, *pooling*, dan *dense*, dilatih selama 13 epoch menggunakan optimizer Adam dan fungsi *loss Binary Crossentropy*. Sebelum pelatihan, citra diubah ukurannya menjadi 128x128 piksel, dikonversi menjadi *array NumPy*, dan nilai piksel dinormalisasi ke rentang 0-1. Model terlatih mencapai akurasi pelatihan akhir sebesar 91.79% dengan *loss* 0.3356. Saat dievaluasi pada dataset pengujian yang belum pernah dilihat, model menunjukkan akurasi yang sebanding, yaitu 91.79%, mengindikasikan efektivitasnya dalam mengidentifikasi parasit malaria dalam citra sel darah. Penelitian ini menyoroti potensi signifikan CNN untuk mengembangkan alat diagnostik malaria otomatis dan akurat.

Corresponding Author:

Hanifatus Sa'diyah Widihasaniputri, email: hanifatus@umpwr.ac.id

1. PENDAHULUAN

Malaria masih menjadi masalah kesehatan di seluruh dunia, termasuk di Indonesia. Indonesia memiliki jumlah kasus malaria tertinggi kedua di Asia setelah India. Wilayah timur Indonesia meliputi provinsi Papua, Papua Barat, Nusa Tenggara Timur, dan Maluku menjadi penyumbang kematian tertinggi akibat malaria. [1]

Standar utama untuk mendeteksi jenis dan fase parasit malaria pada sel darah dengan identifikasi visual menggunakan mikroskop. Namun, pemahaman gambar medis sangat bergantung pada pengalaman dan keahlian manusia. Selain itu, infrastruktur medis yang memadai tidak tersedia di semua daerah endemis malaria [2]. Untuk mendukung tenaga medis dalam membuat keputusan diagnosis malaria di daerah tersebut, diperlukan alat yang mudah digunakan dengan diagnosis yang cepat dan akurat. [3]

Saat ini proses diagnosis malaria dapat dilakukan dengan bantuan komputer [4]. Salah satu algoritma *Machine Learning* yaitu CNN yang secara luas diakui sebagai arsitektur terbaik untuk tugas pengenalan, klasifikasi, dan deteksi gambar [5]. CNN mampu meniru arsitektur jaringan syaraf tiruan seperti kecerdasan manusia dalam klasifikasi gambar [6] dan [7]. Pendekatan ini tidak hanya meningkatkan kecepatan proses identifikasi malaria, tetapi juga memberikan tingkat akurasi yang lebih tinggi dibandingkan metode manual [8] dan [9].

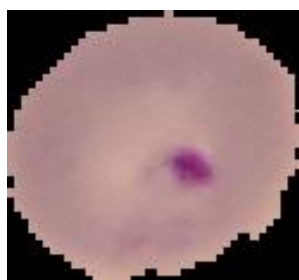
Sebagai referensi [10], [11], [12] berfokus pada deteksi malaria melalui citra darah menggunakan metode berbasis CNN. Menurut [10] mengembangkan model CNN yang dikombinasikan dengan *autoencoder* dan *distillation training* untuk meningkatkan akurasi dan efisiensi komputasi. Model ini tidak hanya mencapai akurasi 99,23% tetapi juga ringan secara komputasi (73.7 KB), memungkinkan implementasi pada perangkat mobile dengan waktu inferensi di bawah 1 detik per sampel. [11] menggunakan metode *saliency* untuk *pre-processing* data sebelum dilakukan klasifikasi menggunakan CNN. Berbagai metode *saliency* seperti *Region Contrast*, *Frequency-tuned*, *Spectral Residual*, dan *Histogram Contrast* diuji, dan metode *Frequency-tuned* menghasilkan akurasi tertinggi sebesar 90,32%. Namun, akurasi tersebut masih lebih rendah dibandingkan autoencoder pada penelitian [10]. Penelitian [12] mengimplementasikan tiga varian CNN, yaitu *Basic CNN*, *VGG-19 Frozen CNN*, dan *VGG-19 Fine Tuned CNN*, untuk mengidentifikasi citra darah malaria. Hasilnya, *VGG-19 Fine Tuned CNN* menunjukkan performa terbaik dengan akurasi yang lebih tinggi daripada model lainnya, menggunakan teknik fine-tuning untuk mengoptimalkan bobot lapisan-lapisan tertentu. Penelitian [10]–[12] menggunakan dataset citra darah malaria berjumlah 27.558 gambar dari *National Institute of Health*, yang terdiri dari sel darah merah terinfeksi dan tidak terinfeksi. Data tersebut diolah melalui teknik *pre-processing* seperti *resizing*, augmentasi data, dan *saliency*.

Penelitian [8] menggunakan arsitektur CNN sederhana untuk mendeteksi parasit *Plasmodium* dengan akurasi 95,83%, presisi 0,98, dan *F1-score* 0,96, menunjukkan

efektivitas metode tersebut untuk deteksi cepat namun kurang optimal untuk klasifikasi *multi-stadium* atau *multi-spesies* malaria. Penelitian [13] mengusulkan model YOLO-mp dikembangkan untuk deteksi *real-time* menggunakan citra tebal darah yang diambil menggunakan kamera ponsel, menghasilkan mAP sebesar 93,99% dan 94,07%, serta ukuran model yang lebih kecil dan lebih efisien dibandingkan YOLOv4, menjadikannya lebih cocok untuk implementasi di perangkat *mobile* dengan keterbatasan sumber daya komputasi. Penelitian [14] membandingkan metode SVM dan CNN, dengan SVM menunjukkan akurasi lebih tinggi (85,08%) dibandingkan CNN (61,40%), terutama untuk *dataset* berukuran kecil yang menggunakan fitur berbasis bentuk dan tekstur. [15] mengembangkan tiga arsitektur CNN khusus yaitu PCNN, SPCNN, dan SFPCNN, dengan SPCNN menunjukkan performa terbaik akurasi 99,37% serta waktu inferensi tercepat 0,00252 detik. Metode ini juga memperkuat interpretabilitas hasil menggunakan Grad-CAM dan SHAP untuk mendeteksi area penting pada citra darah.

2. METODE

Penelitian diawali dengan pengumpulan dataset. Penelitian ini menggunakan *dataset* Malaria Detection Dataset yang merupakan versi lebih kecil dari *dataset* malaria. Dataset tersebut terdiri dari 27.558 gambar sel yang terinfeksi dan tidak terinfeksi. Dengan rincian sejumlah 13.780 terdiri dari citra sel yang terinfeksi dan tidak terinfeksi sejumlah 13.780. Data ini pertama kali dipublikasikan bersamaan dengan publikasi oleh [16] dan [9]. Dataset ini tersedia di website resmi *National Library of Medicine* (NLM) <https://ceb.nlm.nih.gov/repositories/malaria-datasets/>. Perbedaan antara sel yang terinfeksi malaria dapat dilihat pada gambar 1.a dan yang tidak terinfeksi pada gambar 1.b dipilih secara acak di dataset. Pekerjaan segmentasi data dilakukan oleh [16], dengan menerapkan algoritma berbasis level-set [9].



Gambar (a) terinfeksi malaria

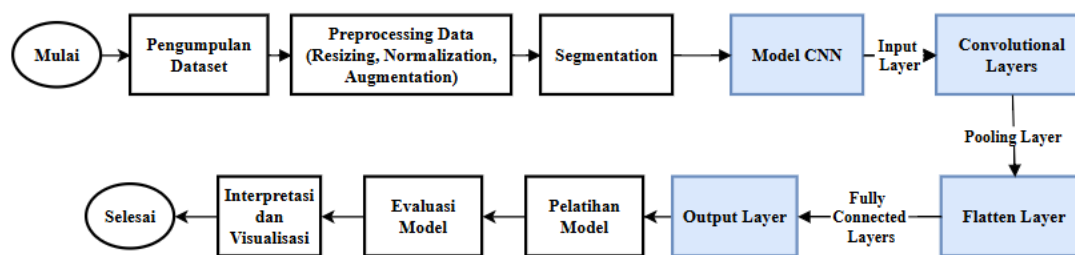


Gambar (b) tidak terinfeksi malaria

Gambar 1 Citra Sel darah

Tahap selanjutnya adalah *preprocessing* data. Pada tahap ini, gambar diubah ukurannya agar seragam, menjadi 128x128 piksel. Nilai piksel dinormalisasi ke rentang 0-1 untuk mempercepat proses pelatihan. Setelah data diproses, tahap berikutnya adalah pembangunan model CNN. Model ini dimulai dengan input layer yang menerima gambar berukuran (128, 128, 3). Kemudian, *convolutional layers* digunakan untuk mengekstraksi fitur gambar melalui filter dan kernel. Fitur-fitur tersebut kemudian dikompres menggunakan *pooling layers*, seperti *max pooling* [16]. Selanjutnya, fitur-fitur tersebut diubah menjadi vektor melalui *flatten layer* agar dapat diproses lebih lanjut oleh *fully connected layers*, yaitu lapisan neuron yang

terhubung penuh untuk melakukan klasifikasi. Akhir, *output layer* menggunakan fungsi aktivasi *Softmax* untuk menentukan probabilitas kelas, apakah sel darah tersebut terinfeksi malaria atau tidak[7]. Tahap pelatihan model dilakukan dengan membagi data menjadi 80% training set, 10% *validation set* dari *data training*, dan 20% *testing set*. Pada tahap evaluasi model, data uji digunakan untuk mengukur performa model secara keseluruhan menggunakan *Confusion matrix*. *Confusion matrix* digunakan untuk mengidentifikasi kesalahan klasifikasi *machine learning* [17] dan [18], serta grafik *loss* dan akurasi untuk memantau kinerja model selama proses pelatihan. Secara rinci metode penelitian disajikan pada gambar 2.



Gambar 2. Metode Penelitian

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada penelitian ini, telah dilakukan implementasi model CNN untuk mendeteksi infeksi malaria berdasarkan citra mikroskopis sel darah. Dataset yang digunakan terdiri dari citra yang dikelompokkan ke dalam dua kelas, yaitu '*Uninfected*' dan '*Parasite*'. Proses pelatihan model dilakukan selama 13 *epoch* menggunakan *optimizer* Adam dan *loss function* *Binary Crossentropy*. Struktur model CNN yang digunakan terdiri dari beberapa lapisan konvolusi, pooling, dan *dense layer* untuk melakukan klasifikasi citra.

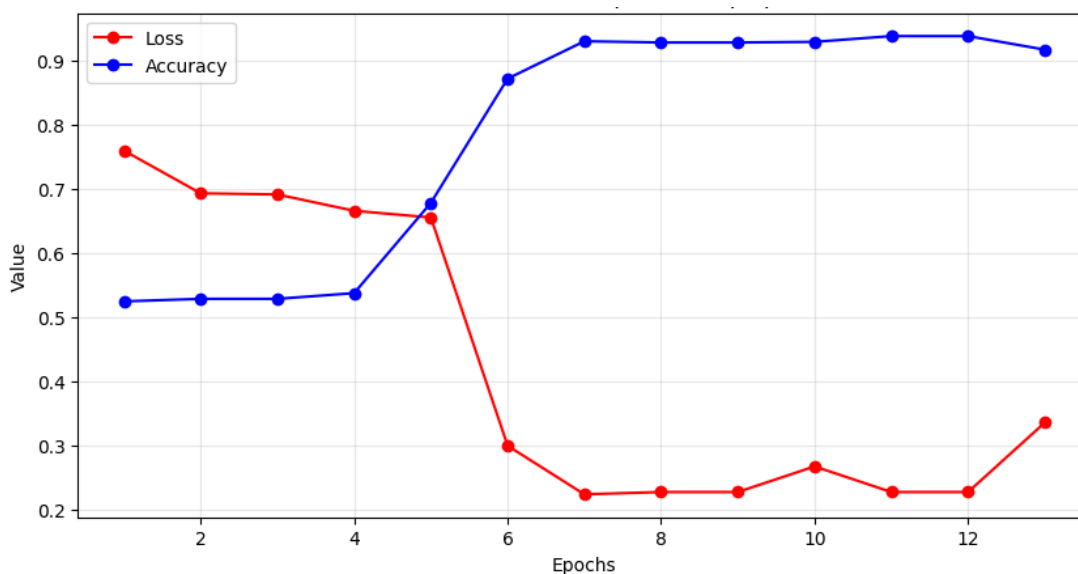
Pada tahap *preprocessing*, seluruh citra dalam dataset diubah ukurannya menjadi 128x128 piksel. Proses ini bertujuan untuk menyamakan dimensi input agar dapat diproses oleh model CNN. Citra kemudian dikonversi menjadi array *numpy* dan label dikonversikan menjadi nilai numerik menggunakan *Label Encoder* dari *Scikit-Learn*. Seluruh piksel pada citra dinormalisasi menjadi rentang 0 hingga 1 untuk meningkatkan stabilitas pelatihan model.

Proses pelatihan model dilakukan selama 13 *epoch* dengan menggunakan *optimizer* Adam. Hasil pelatihan model selama 13 *epoch* ditampilkan pada Tabel 1. Grafik akurasi dan *loss* selama proses pelatihan model disajikan pada gambar 3.

Table 1 Hasil Pelatihan Model CNN untuk Deteksi Malaria

Epoch	Loss	Akurasi
1	0.7603	0.5248
2	0.6936	0.5288
3	0.6918	0.5288
4	0.6663	0.5377

5	0.6558	0.6787
6	0.2994	0.8726
7	0.2235	0.9311
8	0.2271	0.9291
9	0.2271	0.9291
10	0.2671	0.9301
11	0.2271	0.9391
12	0.2271	0.9391
13	0.3356	0.9179



Gambar 3. Grafik Akurasi dan *Loss* Selama Proses Pelatihan Model

Pada akhir proses pelatihan, model menunjukkan akurasi sebesar 91.79% dengan nilai *loss* sebesar 0.3356. Hal ini menunjukkan bahwa model CNN yang digunakan berhasil melakukan klasifikasi citra malaria dengan tingkat akurasi yang cukup tinggi. Selain itu, hasil prediksi pada dataset pengujian ditampilkan pada Tabel 2.

Tabel 2 Hasil Prediksi Model CNN pada Dataset Pengujian

Kelas Asli	Prediksi	Hasil
Uninfected	Uninfected	Benar
Uninfected	Uninfected	Benar
Uninfected	Uninfected	Benar
Parasite	Parasite	Benar
Parasite	Parasite	Benar
Parasite	Uninfected	Salah
Uninfected	Uninfected	Benar
Parasite	Parasite	Benar
Uninfected	Uninfected	Benar
Parasite	Parasite	Benar

Akurasi pada dataset pengujian dihitung menggunakan metode evaluasi model. Dengan hasil akurasi akhir pada dataset pengujian sebesar 91.79%, model CNN yang dikembangkan mampu mengklasifikasikan citra malaria dengan cukup efektif.

4. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil pelatihan dan pengujian model CNN untuk deteksi malaria menggunakan citra mikroskopis sel darah, dapat disimpulkan bahwa model yang dikembangkan mampu mengklasifikasikan citra 'Uninfected' dan 'Parasite' dengan tingkat akurasi sebesar 91.79% dan nilai loss sebesar 0.3356. Model ini menunjukkan performa yang baik dalam mengenali pola citra malaria melalui penggunaan beberapa lapisan konvolusi dan pooling. Meskipun demikian, masih terdapat beberapa kesalahan prediksi yang dapat diperbaiki dengan melakukan optimasi lebih lanjut terhadap struktur model, jumlah epoch, atau metode augmentasi data. Implementasi model ini menunjukkan potensi yang signifikan dalam mendeteksi infeksi malaria secara otomatis berbasis citra digital.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] B. T. Malino, F. L. F. G. Langi, and B. T. Ratag, “Analisis Distribusi Kasus dan Kematian Akibat Malaria di Indonesia,” *J. Kesehat. Tambusai*, vol. 4, no. 3, pp. 3907–3915, 2023.
- [2] A. S. Abdul Nasir, M. Y. Mashor, and Z. Mohamed, “Segmentation based approach for detection of malaria parasites using moving k-means clustering,” *2012 IEEE-EMBS Conf. Biomed. Eng. Sci. IECBES 2012*, no. December, pp. 653–658, 2012, doi: 10.1109/IECBES.2012.6498073.
- [3] W. A. Saputra, H. A. Nugroho, and A. E. Permanasari, “Toward development of automated plasmodium detection for Malaria diagnosis in thin blood smear image: An overview,” *2016 Int. Conf. Inf. Technol. Syst. Innov. ICITSI 2016 - Proc.*, 2017, doi: 10.1109/ICITSI.2016.7858228.
- [4] J. Somasekar and B. Eswara Reddy, “Segmentation of erythrocytes infected with malaria parasites for the diagnosis using microscopy imaging,” *Comput. Electr. Eng.*, vol. 45, pp. 336–351, 2015, doi: 10.1016/j.compeleceng.2015.04.009.
- [5] W. Rawat and Z. Wang, “Deep Convolutional Neural Networks for Image Classification: A Comprehensive Review,” *Neural Comput.*, vol. 2733, no. March, pp. 2352–2449, 2018, doi: 10.1162/NECO.
- [6] V. V. Makkapati and R. M. Rao, “Ontology-based malaria parasite stage and species identification from peripheral blood smear images,” *Proc. Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. Soc. EMBS*, pp. 6138–6141, 2011, doi: 10.1109/IEMBS.2011.6091516.
- [7] Vijayalakshmi A and Rajesh Kanna B, “Deep learning approach to detect malaria from microscopic images,” *Multimed. Tools Appl.*, vol. 79, no. 21–22, pp. 15297–15317, 2020, doi: 10.1007/s11042-019-7162-y.

- [8] N. K. C. PRATIWI, N. IBRAHIM, Y. N. FU'ADAH, and S. RIZAL, "Deteksi Parasit Plasmodium pada Citra Mikroskopis Hapusan Darah dengan Metode Deep Learning," *ELKOMIKA J. Tek. Energi Elektr. Tek. Telekomun. Tek. Elektron.*, vol. 9, no. 2, p. 306, 2021, doi: 10.26760/elkomika.v9i2.306.
- [9] A. Sai Bharadwaj Reddy and D. Sujitha Juliet, "Transfer learning with RESNET-50 for malaria cell-image classification," *Proc. 2019 IEEE Int. Conf. Commun. Signal Process. ICCSP 2019*, no. August, pp. 945–949, 2019, doi: 10.1109/ICCSP.2019.8697909.
- [10] K. M. F. Fuhad, J. F. Tuba, M. R. A. Sarker, S. Momen, N. Mohammed, and T. Rahman, "Deep Learning Based Automatic Malaria Parasite Detection from Blood Smear and Its Smartphone Based Application," *Diagnostics*, vol. 10, no. 329, 2020.
- [11] Y. Yohannes, S. Devella, and K. Arianto, "Deteksi Penyakit Malaria Menggunakan Convolutional Neural Network Berbasis Saliency," *JUITA J. Inform.*, vol. 8, no. 1, p. 37, 2020, doi: 10.30595/juita.v8i1.6671.
- [12] G. Shekar, S. Revathy, and E. K. Goud, "Malaria Detection using Deep Learning," *Proc. 4th Int. Conf. Trends Electron. Informatics, ICOEI 2020*, pp. 746–750, 2020, doi: 10.1109/ICOEI48184.2020.9143023.
- [13] A. Koirala *et al.*, "Deep Learning for Real-Time Malaria Parasite Detection and Counting Using YOLO-mp," *IEEE Access*, vol. 10, no. August, pp. 102157–102172, 2022, doi: 10.1109/ACCESS.2022.3208270.
- [14] R. Rosnelly, B. S. Riza, and S. Suparni, "Comparative Analysis of Support Vector Machine and Convolutional Neural Network for Malaria Parasite Classification and Feature Extraction," *J. Wirel. Mob. Networks, Ubiquitous Comput. Dependable Appl.*, vol. 14, no. 3, pp. 194–217, 2023, doi: 10.58346/JOWUA.2023.I3.015.
- [15] M. F. Ahamed *et al.*, "Improving Malaria diagnosis through interpretable customized CNNs architectures," *Sci. Rep.*, vol. 15, no. 1, pp. 1–35, 2025, doi: 10.1038/s41598-025-90851-1.
- [16] S. Rajaraman *et al.*, "Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images," *PeerJ*, vol. 2018, no. 4, 2018, doi: 10.7717/peerj.4568.
- [17] S. B. Boly and M. Akbar, "Jurnal Restikom : Riset Teknik Informatika dan Komputer Segmentasi Citra Sel Darah Menggunakan Convolutional Neural Network," *J. Restikom Ris. Tek. Inform. dan Komput.*, vol. 6, no. 2, pp. 390–398, 2024, [Online]. Available: <https://www.kaggle.com/jeetblahiri>.
- [18] J. G. Purnomo, S. Birowo, and M. A. Maulana, "Identifikasi Malaria Pada Citra Darah Dengan Convolutional Neural Network," vol. 7, no. 2, pp. 0–6, 2024, doi: 10.32877/bt.v7i2.1828.