

IMPLEMENTASI METODE TRANSFER LEARNING UNTUK KLASIFIKASI MALARIA MENGGUNAKAN RESNET 50

Andhi Rohman^{1*}, Imam Much Ibnu Subroto²

^{1,2}Universitas Islam Sultan Agung, Semarang

andhirohman@std.unissula.ac.id¹, imam@unissula.ac.id²

Received: 21-08-2025

Revised: 25-09-2025

Approved: 25-10-2025

ABSTRAK

Malaria merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh parasit *Plasmodium* dan masih menjadi masalah kesehatan serius di Indonesia, khususnya di wilayah timur. Diagnosis malaria yang cepat dan akurat sangat penting untuk mencegah komplikasi serta memutus rantai penularan. Penelitian ini bertujuan untuk mengimplementasikan metode transfer learning menggunakan arsitektur Convolutional Neural Network (CNN) ResNet-50 dalam mendeteksi sel darah yang terinfeksi malaria pada citra mikroskopis. Dataset yang digunakan terdiri dari dua kelas, yaitu Parasitized (terinfeksi) dan Uninfected (tidak terinfeksi). Tahapan penelitian meliputi preprocessing data, augmentasi citra, pemanfaatan model pretrained ResNet-50, penambahan lapisan klasifikasi, pelatihan model, serta evaluasi performa menggunakan metrik akurasi, presisi, recall, F1-score, dan AUC. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model ResNet-50 mencapai akurasi sebesar 93,00%, dengan presisi 96,00%, recall 97,00%, F1-score 93,00%, dan AUC 98,00%. Dengan performa tersebut, pendekatan ini berpotensi menjadi solusi pendukung diagnosis malaria yang cepat, objektif, dan efisien, serta dapat diintegrasikan dalam sistem skrining laboratorium dan mendukung pengambilan keputusan medis berbasis kecerdasan buatan.

Kata kunci: Malaria, Plasmodium, Deep Learning, CNN, ResNet-50, Transfer Learning.

PENDAHULUAN

Parasit *Plasmodium* yang dibawa oleh nyamuk *Anopheles* betina menjadi penyebab utama malaria, salah satu penyakit menular yang hingga kini menimbulkan masalah serius di negara-negara tropis, termasuk Indonesia (Fransisca *et al.*, 2025). Pada tahun 2020, WHO mencatat sekitar 241 juta kasus malaria secara global. Angka ini menegaskan bahwa malaria tetap menjadi salah satu penyakit menular dengan prevalensi tertinggi di dunia dengan 627.000 kematian (WHO, 2021). Indonesia sendiri mencatat 418.546 kasus malaria pada 2023, di mana lebih dari 90% kasus berasal dari Papua dan sekitarnya. Pemerintah menargetkan 8 juta tes malaria per tahun sebagai langkah menuju eliminasi malaria nasional pada tahun 2030 (Aisyah *et al.*, 2024).

Di Indonesia, wilayah timur seperti Papua, Papua Barat, Nusa Tenggara Timur (NTT) dan Kalimantan Timur menjadi daerah dengan tingkat penularan malaria yang paling tinggi. Pada 2023, lebih dari 90% kasus malaria nasional berasal dari Papua dan sekitarnya (369.000 kasus dari total 418.546) (Millar dan Cox-Singh, 2020). Wilayah ini memiliki tantangan besar, yaitu keterbatasan akses ke fasilitas kesehatan dan kekurangan tenaga ahli laboratorium. Meskipun capaian eliminasi malaria telah mendekati 79% kabupaten/kota di Pulau Jawa dan Bali, daerah timur Indonesia masih mengalami endemisitas tinggi yang memerlukan inovasi teknologi diagnosis yang lebih cepat dan akurat (Fransisca *et al.*, 2025).

Diagnosis malaria yang akurat dan cepat sangat penting untuk mencegah komplikasi serius dan memutus rantai penularan (Sutarto dan Cania, 2020). Salah satu prosedur standar dalam deteksi malaria adalah pengamatan apus darah tipis atau tebal di bawah mikroskop setelah dilakukan pewarnaan Giemsa masih menjadi gold standard diagnosis (Wantini *et al.*, 2021). Metode ini dapat mengidentifikasi spesies parasit dan menghitung parasitemia, tetapi memerlukan 10–30 menit per sampel dan sangat

bergantung pada keterampilan analis laboratorium (Fransisca *et al.*, 2025). Kelelahan analis, jumlah sampel yang banyak, dan kualitas slide dapat menyebabkan kesalahan diagnosis (*human error*). *Rapid Diagnostic Test (RDT)* lebih cepat (± 15 menit), tetapi memiliki keterbatasan akurasi pada parasitemia rendah serta tidak mampu membedakan spesies *Plasmodium* (WHO, 2020).

Studi terbaru menunjukkan keterbatasan metode konvensional ini. Penelitian di Ghana (Opoku Afriyie *et al.*, 2023) melaporkan sensitivitas mikroskop hanya 39,3%, sedangkan RDT 55,7%, keduanya dibandingkan dengan varATS qPCR sebagai acuan. Penelitian lain di Tanzania dan Ethiopia juga menunjukkan tren serupa, di mana sensitivitas mikroskop jarang melampaui 70% (Tegegne *et al.*, 2025). Hal ini memperkuat kebutuhan teknologi baru yang lebih konsisten dan cepat.

Perkembangan teknologi kecerdasan buatan (AI) memberikan alternatif inovatif untuk mendukung diagnosis malaria. Model berbasis *Convolutional Neural Network (CNN)*, seperti *ResNet-50*, mampu menganalisis gambar mikroskopis secara otomatis dalam hitungan detik (< 5 detik), memberikan hasil yang objektif, konsisten, dan terdokumentasi. Kedepannya, model *resnet-50* yang akan dikembangkan dalam penelitian ini dapat dimanfaatkan sebagai alat bantu skrining awal di daerah dengan keterbatasan tenaga medis (Sinha dan Gupta, 2023).

Penelitian terkini mendukung keunggulan AI. AIDMAN, sistem berbasis smartphone dengan kombinasi *YOLOv5* dan *CNN*, mencapai akurasi hingga 98,44%, setara dengan analis mikroskopis ahli (Ruicun Liu *et al.*, 2023). miLab MAL, platform mikroskop digital dengan AI, bahkan mampu mendeteksi parasitemia rendah ($< 0,1\%$) yang sering terlewat pada pemeriksaan manual, dengan sensitivitas dan spesifisitas mendekati 100% (Nagendra *et al.*, 2024). Studi berbasis *ResNet-50* pada dataset NIH juga mencatat akurasi 98,75%, precision 99,3%, dan recall 99,5% (Sinha dan Gupta, 2023).

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini memiliki urgensi tinggi untuk mengembangkan sistem deteksi malaria berbasis *transfer learning* menggunakan arsitektur *ResNet-50*. Sistem ini tidak dimaksudkan untuk menggantikan *RDT*, tetapi untuk mendukung pemeriksaan mikroskopis agar lebih cepat, akurat, dan terdigitalisasi, khususnya di daerah endemis dengan keterbatasan tenaga ahli laboratorium selain itu bisa digunakan untuk sistem deteksi awal atau deteksi dini dan digunakan sebagai decision support tenaga medis serta digunakan sebagai fitur otomatisasi dan pelaporan digital dan bisa digunakan sebagai arsip laboratorium. Teknologi ini diharapkan dapat mendukung upaya eliminasi malaria di Indonesia tahun 2030. Kecepatan dan akurasi (Hemachandran *et al.*, 2023).

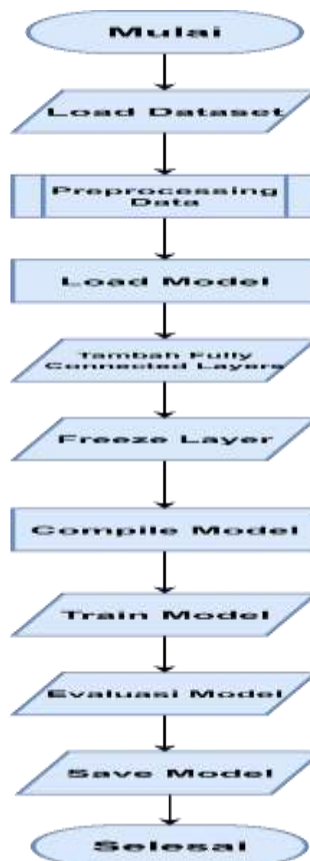
Sejumlah penelitian terdahulu menunjukkan potensi besar penerapan *deep learning* dalam klasifikasi citra medis. Evaluasi terhadap beberapa arsitektur CNN menunjukkan bahwa *ResNet* memiliki performa terbaik dengan akurasi mencapai 75,82%, menegaskan keandalannya untuk klasifikasi citra kompleks. Dalam konteks diagnosis malaria, pendekatan berbasis *deep learning* menggunakan *Deep Belief Network (DBN)* berhasil mendeteksi parasit dengan akurasi 96,35%, menunjukkan potensi metode berbasis citra dalam diagnosis otomatis (Bibin dkk., 2020). Lebih lanjut, penelitian lain membandingkan berbagai model *pretrained* dan menunjukkan bahwa *DenseNet-201* mencapai akurasi tertinggi sebesar 98% (Gao *et al.*, 2023), mengungguli *ResNet* pada tugas klasifikasi citra medis (Rahman dkk., 2020). Pendekatan *Data Science* dalam pengolahan data biomedis memiliki potensi besar untuk menganalisis citra medis dan data genomik dengan bantuan *machine learning* dan *deep learning*. Metode ini

mampu mendeteksi pola tersembunyi, mempercepat diagnosis, serta mendukung pengembangan terapi, meskipun masih menghadapi tantangan seperti kebutuhan data berkualitas dan daya komputasi tinggi (Alarcón-Soto *et al.*, 2020), Strategi *transfer learning* yang melibatkan *feature extraction* dan *fine-tuning* juga terbukti efektif dalam meningkatkan akurasi model, khususnya pada dataset berukuran kecil, meskipun memiliki risiko *negative transfer* jika domain sumber dan target berbeda (Zhuang dkk., 2021). Implementasi ResNet-50 pada klasifikasi citra medis menunjukkan hasil yang sangat baik dengan akurasi 99,80%, membuktikan efektivitas arsitektur ini dalam pengenalan pola visual kompleks (Mukti & Biswas, 2020). Penelitian terkini memperkuat temuan tersebut, di mana model ResNet-50 yang dioptimalkan melalui teknik *data augmentation* dan *transfer learning* mencapai akurasi tinggi dalam deteksi malaria (Rahman dkk., 2024). Selain itu, adaptasi *fine-tuning* adaptif pada ResNet-50 juga terbukti mampu meningkatkan kinerja model pada klasifikasi citra medis yang kompleks. Temuan-temuan tersebut memperkuat dasar teoritis dan empiris bahwa ResNet-50 merupakan arsitektur yang unggul untuk diterapkan dalam sistem klasifikasi citra malaria berbasis *transfer learning*.

Dalam Penelitian ini mengimplementasikan model CNN *pre-trained* melalui teknik transfer learning sebagai strategi utama dalam klasifikasi citra malaria dengan arsitektur *ResNet-50* sebagai fitur ekstraktor dalam mengklasifikasi *parasitized* dan *uninfected cells* dengan ini semoga didapatkan hasil dan solusi untuk membantu dalam peningkatan sistem diagnosis penyakit malaria.

METODE PENELITIAN

Adapun alur penelitian yang digunakan oleh penelitian tersebut, yaitu dapat dilihat dari gambar 1 dibawah ini:



1. Pengumpulan Data

Dataset yang digunakan dalam penelitian ini merupakan NIH Malaria Dataset (National Institutes of Health, USA), yang terdiri atas 27.558 citra mikroskopis sediaan darah tipis berwarna Giemsa, terbagi menjadi dua kelas, yaitu *Parasitized* (sel terinfeksi malaria) dan *Uninfected* (sel tidak terinfeksi). Seluruh citra telah dilabeli oleh ahli mikroskopis dan dipublikasikan secara *open-access* dalam jurnal PeerJ (Rajaraman dkk., 2020). Dataset ini berasal dari sampel darah 150 pasien terinfeksi dan 50 pasien sehat di Bangladesh, serta telah banyak digunakan pada berbagai penelitian internasional karena kredibilitas dan validitasnya yang tinggi.

2. Preprocessing Data

Tahap Preprocessing dilakukan untuk memastikan data sesuai dengan kebutuhan arsitektur ResNet-50 serta meningkatkan kualitas citra sebelum proses pelatihan. Setiap gambar diubah ukurannya menjadi 224×224 piksel agar kompatibel dengan *input layer* model, kemudian dilakukan normalisasi nilai piksel ke rentang [0–1] dengan membaginya terhadap 255 untuk mempercepat konvergensi selama pelatihan. Selanjutnya diterapkan augmentasi data berupa *rotasi acak (0–30°)*, *flip horizontal dan vertikal*, *zoom*, serta *shear* guna memperluas variasi data pelatihan dan mengurangi risiko *overfitting*.

3. Split Data

Setelah melalui tahap *preprocessing*, dataset dibagi menjadi tiga subset, yaitu 80% untuk data pelatihan, 10% untuk validasi, dan 10% untuk pengujian. Pembagian ini bertujuan untuk memastikan proses pelatihan yang optimal, memantau kinerja model selama *training*, serta mengevaluasi generalisasi model terhadap data yang belum pernah dilihat sebelumnya.

4. Load Model

Model dikembangkan menggunakan arsitektur ResNet-50 pretrained dari pustaka TensorFlow/Keras dengan parameter `include_top=False` untuk menghapus lapisan klasifikasi bawaan ImageNet sehingga hanya bagian ekstraksi fitur yang digunakan. Lapisan awal model dibuat non-trainable (*freeze layer*) agar bobot hasil pra-pelatihan tetap dipertahankan, sementara lapisan akhir disesuaikan dengan kebutuhan klasifikasi malaria. Pada bagian atas jaringan ditambahkan lapisan klasifikasi kustom berupa Flatten, Dense(128, ReLU), Dropout, dan Dense(1, sigmoid) untuk menghasilkan keluaran biner antara kelas *Parasitized* dan *Uninfected*.

5. Compile Model

Model dikompilasi menggunakan *loss function* binary cross-entropy, karena tugas klasifikasi bersifat biner antara kelas *Parasitized* dan *Uninfected*. Optimisasi dilakukan dengan algoritma Adam menggunakan *learning rate* sebesar 1e-4, yang memberikan keseimbangan antara kecepatan konvergensi dan stabilitas pembaruan bobot. Selama proses pelatihan, model dievaluasi menggunakan metrik accuracy, precision, dan recall untuk menilai performa klasifikasi secara menyeluruh.

6. Training Model

Proses pelatihan dilakukan selama 10 hingga 50 epoch, dengan jumlah epoch optimal ditentukan berdasarkan performa model pada data validasi. Selama proses *training*, nilai *loss* dan *accuracy* pada data pelatihan serta validasi dipantau untuk memastikan model mengalami konvergensi yang stabil dan tidak terjadi *overfitting*. Hasil pelatihan kemudian divisualisasikan dalam bentuk grafik perubahan *loss* dan

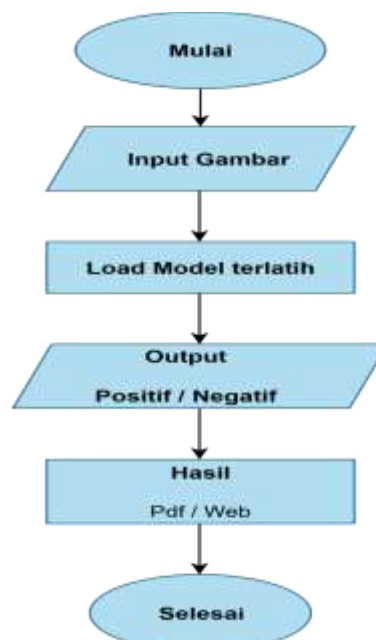
accuracy untuk mengevaluasi kinerja model dari waktu ke waktu.

7. Evaluasi Model

Setelah proses pelatihan selesai, tahap evaluasi model dilakukan untuk menilai kemampuan generalisasi model dalam mengklasifikasikan citra sel darah malaria. Evaluasi dilakukan menggunakan beberapa parameter utama, yaitu *accuracy*, *loss*, serta analisis mendalam melalui *confusion matrix* dan *classification report*. *Confusion matrix* digunakan untuk melihat distribusi hasil prediksi terhadap kelas sebenarnya, sehingga dapat diketahui tingkat keberhasilan model dalam membedakan kelas *Parasitized* dan *Uninfected*. Sementara itu, *classification report* menampilkan nilai *precision*, *recall*, dan *F1-score* untuk masing-masing kelas, yang memberikan gambaran lebih rinci mengenai kekuatan dan kelemahan model dalam proses klasifikasi. Perhitungan metrik evaluasi seperti *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score* didasarkan pada nilai True Positive (TP), True Negative (TN), False Positive (FP), dan False Negative (FN) yang diperoleh melalui analisis *confusion matrix*.

8. Deployment Model

Proses ini dilakukan menggunakan framework Streamlit sebagai antarmuka aplikasi. Gambar mikroskopis yang diunggah akan melalui proses *preprocessing* yang sama seperti pada tahap pelatihan model, meliputi *resize*, normalisasi, dan konversi ke format RGB. Setelah itu, citra diproses oleh model ResNet-50 yang telah dilatih untuk menghasilkan hasil klasifikasi secara real-time, apakah sel darah terinfeksi (*Parasitized*) atau tidak (*Uninfected*). Hasil prediksi kemudian ditampilkan di halaman aplikasi disertai nilai tingkat kepercayaan (*confidence score*), dan pengguna juga dapat menyimpan hasil klasifikasi ke dalam file CSV dan PDF untuk keperluan dokumentasi.



Gambar 2. Flowchart Alur Sistem

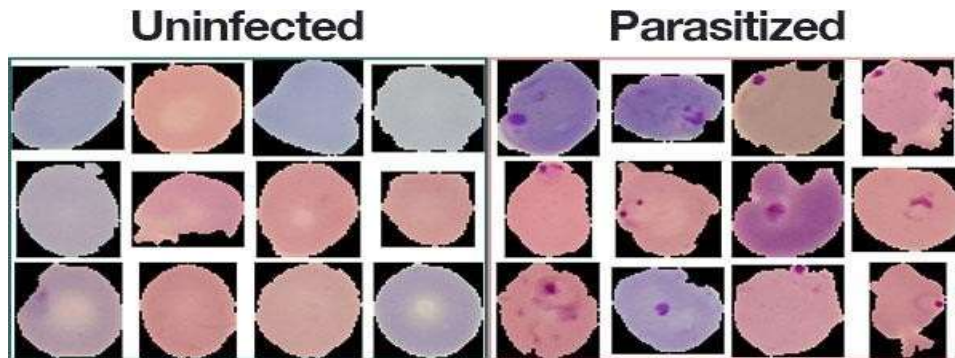
Tahapan alur kerja streamlit tersebut dijelaskan sebagai berikut :

- Pertama *user* mengakses streamlit.
- Setelah itu *user* melakukan input gambar sel darah yang ingin diklasifikasikan ke dalam model / sistem.

- c. Setelah gambar sel darah terproses maka hasil prediksi akan mengklasifikasikan apakah gambar tersebut terkategori positif / negative, setelah prediksi berhasil maka hasil akan keluar dalam bentuk Pdf maupun CSV yang bisa digunakan untuk keperluan dokumentasi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Hasil Pengumpulan Data



Gambar 3 Contoh Citra tiap kelas

Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan dataset citra mikroskopis sel darah merah yang terdiri dari dua kelas, yaitu *Parasitized* (sel darah yang terinfeksi malaria) dan *Uninfected* (sel darah yang sehat/tidak terinfeksi). Dataset ini diperoleh dari sumber publik dan telah melalui proses ekstraksi serta pengelompokan ulang agar sesuai dengan kebutuhan penelitian. Sebelum dilakukan proses pelatihan model, data terlebih dahulu disusun dalam struktur direktori yang terorganisir, sehingga dapat dengan mudah diolah menggunakan *data generator*. Dataset terdiri dari 27.558 gambar sel yang terbagi kedalam dua kategori yaitu *parasitized* dan *uninfected*. Setiap kategori terdiri dari 13.779 gambar sel.

Pengumpulan data dan informasi yang penulis lakukan yaitu dengan menggunakan studi pustaka dan mendapatkan hasil berupa *dataset* yang diambil dari *National Library of Medicine* yang dikembangkan oleh Stefan Jaeger pada tahun 2018 ftp://lhcfpl.nlm.nih.gov/Open-Access-Datasets/Malaria/cell_images.zip yang dapat diakses bebas untuk kepentingan pengembangan aplikasi dan pembelajaran.

2. Data Preprocessing

Tahap preprocessing dilakukan sebelum citra dimasukkan ke dalam model, untuk memastikan konsistensi bentuk data, pengurangan noise yang tidak diinginkan, serta menyesuaikan citra agar nilai pixelnya terstandarisasi, preprocessing membantu memperjelas informasi penting yang akan dipelajari model untuk melakukan pelatihan (Adoma et al, 2020) .

Pada penentuan rasio pembagian dataset ini, untuk rasio pembagian data training dan data testing menggunakan metode *Simple Hold-Out Validation* (Chollet, 2020), metode ini menjadi acuan standar dalam pembagian data training dan testing dengan rasio 80:20 dan untuk rasio pembagian data training dan data validation berdasarkan penelitian (Akromunnisa dkk., 2020) yang membandingkan antara nilai split 6:4, 7:3, 8:2 dan 9:1. Dari penelitian tersebut disimpulkan bahwa rasio 9:1 menghasilkan nilai akurasi yang lebih besar dari rasio yang lainnya.

3. Load Model

Model deteksi malaria dibangun menggunakan pendekatan *transfer learning* dengan arsitektur ResNet-50. Arsitektur ini dipilih karena kemampuannya mengekstraksi fitur citra secara mendalam melalui *residual connections* yang efektif mengatasi permasalahan *vanishing gradient* pada jaringan saraf yang sangat dalam. Pemanfaatan bobot awal (*pretrained weights*) dari dataset ImageNet memungkinkan proses pelatihan yang lebih cepat (Maeda-Gutiérrez *et al.*, 2020), efisien, serta menghasilkan generalisasi yang baik meskipun jumlah data terbatas.

Model dimuat menggunakan parameter `include_top=False` untuk menghapus lapisan klasifikasi bawaan dan digunakan sebagai *feature extractor*. Lapisan awal hingga ke-100 dibekukan untuk mempertahankan bobot fitur umum, sementara 20 lapisan terakhir dibuka (*unfreeze*) untuk *fine-tuning*. Lapisan tambahan yang diterapkan meliputi *Global Average Pooling*, *Batch Normalization*, *Dropout* 50%, dan *Dense* dengan 256 neuron beraktivasi ReLU, serta lapisan keluaran *Dense(1, sigmoid)* untuk klasifikasi biner (*Parasitized* dan *Uninfected*). Model dikompilasi menggunakan *Adam optimizer* dengan *learning rate* $1e-4$, *loss function binary cross-entropy*, dan metrik akurasi sebagai tolok ukur evaluasi.

4. Compile Model

Tahapan ini bertujuan mengatasi ketidakseimbangan jumlah data antar kelas serta mengoptimalkan proses pelatihan model melalui penerapan *class weight* dan beberapa *callback*. *Class weight* dihitung secara otomatis menggunakan fungsi `compute_class_weight` dari *scikit-learn* agar model memberi bobot lebih besar pada kelas minoritas, sehingga mengurangi bias prediksi terhadap kelas dengan jumlah sampel lebih banyak. Selain itu, beberapa *callback* digunakan untuk menjaga stabilitas pelatihan, meliputi *EarlyStopping* yang menghentikan pelatihan lebih awal jika *validation loss* tidak membaik selama lima epoch, *ReduceLRonPlateau* yang menurunkan *learning rate* sebesar 0,2 setelah tiga epoch tanpa peningkatan, *ModelCheckpoint* yang menyimpan model terbaik berdasarkan *validation loss*, serta *CSVLogger* untuk merekam seluruh riwayat pelatihan. Kombinasi strategi ini membuat proses pelatihan lebih adaptif, mengurangi risiko *overfitting*, dan menghasilkan model yang lebih stabil dan andal.

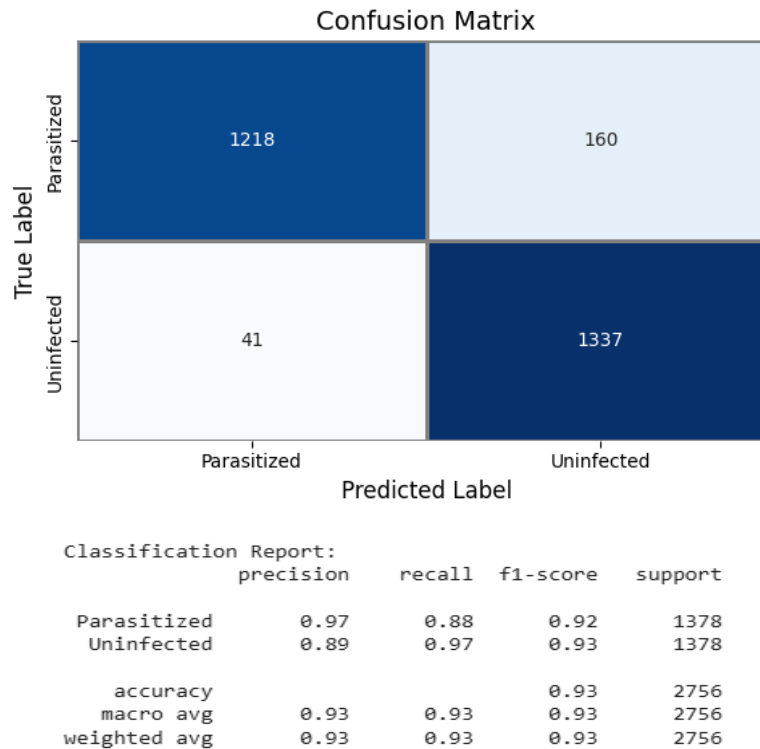
5. Pelatihan Model

Tahap ini merupakan inti dari proses pengembangan sistem deteksi malaria, yaitu melatih model berbasis ResNet-50 menggunakan data yang telah dibagi dengan rasio 80% data latih, 10% data validasi, dan 10% data uji. Proses pelatihan ini memanfaatkan *class weight* untuk menangani potensi ketidakseimbangan data dan *callbacks* untuk memastikan pelatihan berjalan efisien, adaptif, serta menghasilkan model terbaik.

Menggunakan fungsi `model.fit()` digunakan untuk memulai proses pelatihan model, dengan `train_generator` sebagai sumber data latih yang telah diproses dan diaugmentasi, serta `val_generator` sebagai data validasi untuk memantau performa model pada data yang belum pernah dilihat sebelumnya. Jumlah *epoch* ditetapkan sebanyak 50 (Ramadhan dan Riwurohi, 2024), meskipun pelatihan dapat berhenti lebih awal berkat *EarlyStopping* yang ada pada daftar *callbacks*. Daftar *callbacks* ini juga mencakup *ReduceLRonPlateau* untuk menurunkan *learning rate* secara adaptif, *ModelCheckpoint* untuk menyimpan model terbaik, dan *CSVLogger* untuk merekam

riwayat pelatihan. Selain itu, parameter `class_weight` diberikan agar model memberi perhatian lebih pada kelas dengan jumlah data yang relatif lebih sedikit, sehingga mengurangi bias prediksi. Parameter `verbose=1` digunakan agar proses pelatihan menampilkan *progress bar* dan metrik pelatihan di setiap *epoch*.

6. Evaluasi Model

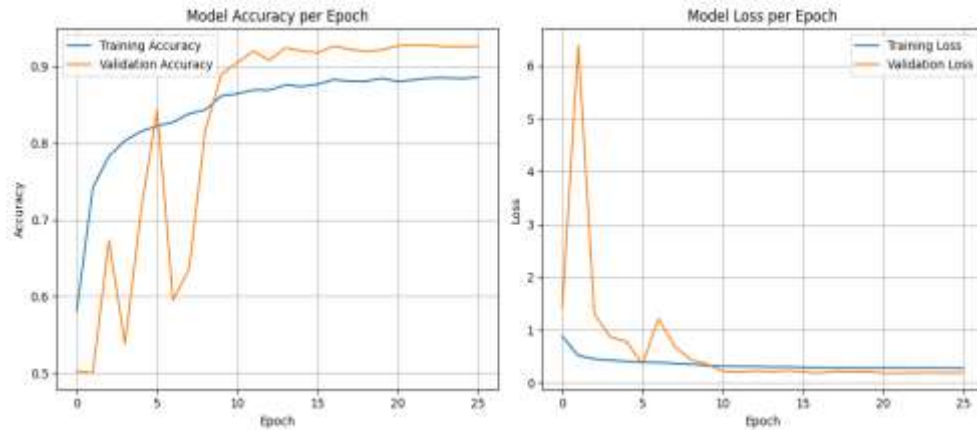


Gambar 4. Confusion Matrix

Berdasarkan gambar 4, *confusion matrix* yang dihasilkan, model berhasil mengklasifikasikan 1.218 citra *Parasitized* dengan benar, namun masih terdapat 160 citra *Parasitized* yang salah diklasifikasikan sebagai *Uninfected*. Untuk kelas *Uninfected*, model berhasil mengklasifikasikan 1.337 citra dengan benar, sedangkan 41 citra salah diklasifikasikan sebagai *Parasitized*.

Kelas *Parasitized* memiliki *precision* sebesar 0,97, yang menunjukkan bahwa sebagian besar prediksi positif untuk kelas ini benar. *Recall*-nya sebesar 0,88 menandakan bahwa masih ada sekitar 12% citra *Parasitized* yang tidak terdeteksi, Kelas *Uninfected* memiliki *precision* sebesar 0,89 dan *recall* sebesar 0,97, yang menunjukkan model sangat jarang melewatkan citra *Uninfected*, walaupun ada sedikit kesalahan prediksi.

Secara keseluruhan, akurasi model mencapai 93%, dengan *macro average* dan *weighted average* yang sama-sama berada pada angka 0,93. Hasil ini membuktikan bahwa model memiliki performa yang baik dan relatif seimbang pada kedua kelas, meskipun masih dapat ditingkatkan terutama pada deteksi kelas *Parasitized*.

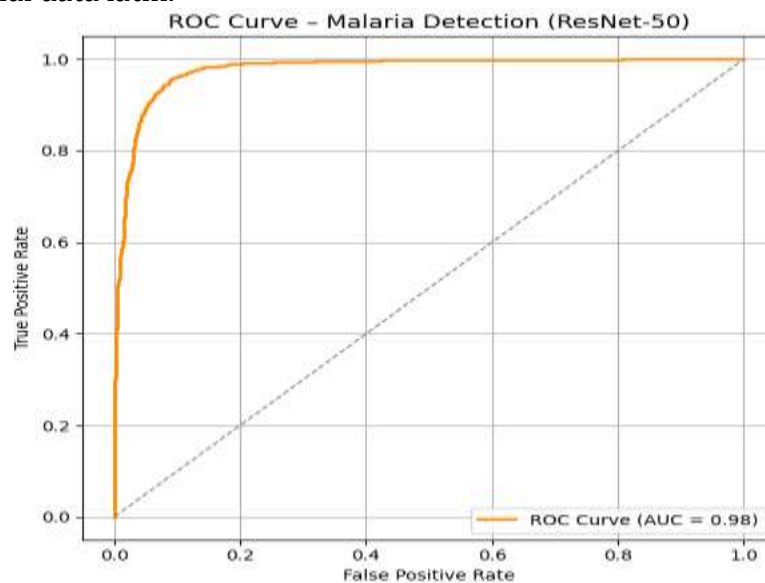


Gambar 5 Grafik akurasi dan loss dari pelatihan

Berdasarkan gambar 5 grafik Model *Accuracy* per Epoch, akurasi pelatihan (*Training Accuracy*) mengalami peningkatan yang konsisten dari sekitar 58% pada epoch pertama hingga mencapai $\pm 88\%$ pada epoch ke-25. Sementara itu, akurasi validasi (*Validation Accuracy*) menunjukkan fluktuasi cukup besar pada 7 epoch pertama, yang kemungkinan disebabkan oleh proses adaptasi awal model terhadap data yang belum pernah dilihat. Setelah epoch ke-8, akurasi validasi stabil di kisaran 91–92%, menunjukkan bahwa model mampu melakukan generalisasi dengan baik pada data uji validasi.

Pada grafik Model *Loss* per Epoch, nilai *loss* pelatihan turun drastis dari sekitar 0,8 di awal menjadi $\pm 0,2$ pada epoch ke-25. *Loss* validasi juga menunjukkan tren penurunan yang signifikan, meskipun di awal sempat melonjak pada epoch ke-2 dan ke-6. Setelah memasuki epoch ke-8, nilai *loss* validasi relatif stabil di bawah 0,2, sejalan dengan kestabilan akurasi validasi.

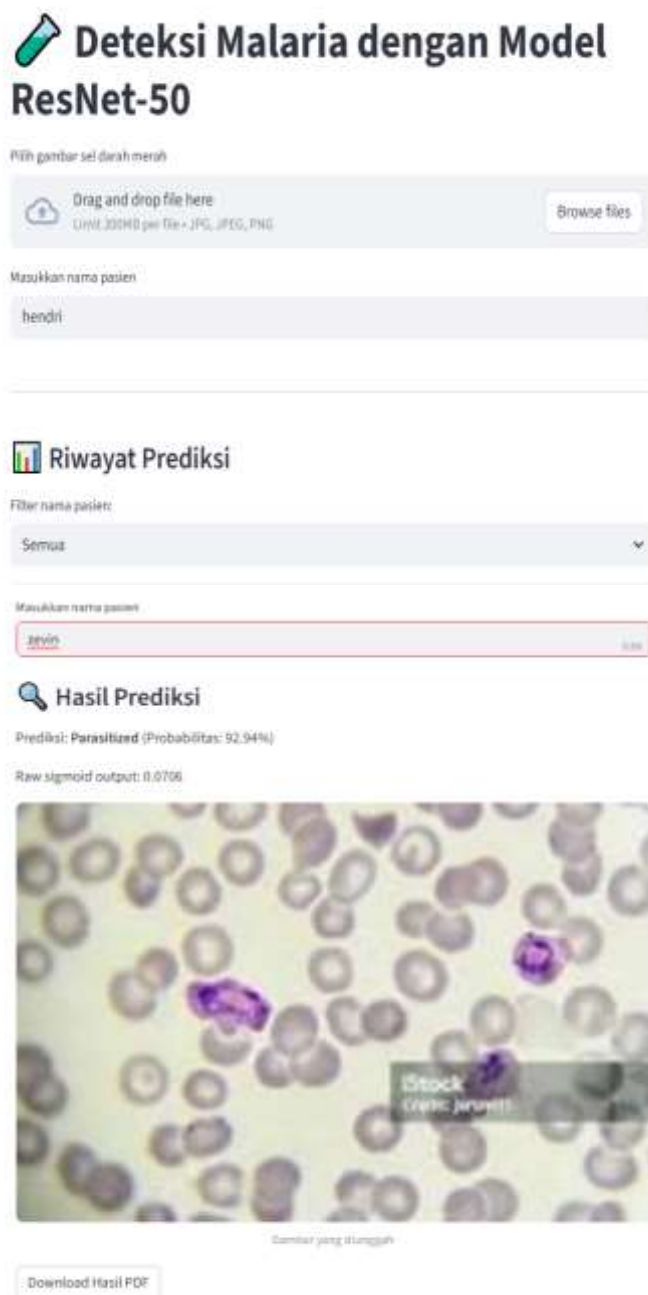
Fenomena ini mengindikasikan bahwa model ResNet-50 hasil transfer learning berhasil beradaptasi dengan baik terhadap dataset malaria. Tidak terlihat tanda overfitting yang mencolok, karena akurasi validasi justru sedikit lebih tinggi dibanding akurasi pelatihan pada beberapa epoch terakhir. Hal ini bisa disebabkan oleh penggunaan teknik augmentasi data dan regularisasi yang membantu mencegah model menghafal data latih.



Gambar 6 ROC Curve

Berdasarkan Gambar 6, kurva ROC yang dihasilkan berada jauh di atas garis diagonal acak (warna abu-abu), yang menandakan performa klasifikasi yang sangat baik. Nilai AUC yang diperoleh adalah 0.98, mendekati nilai maksimum 1.0. Hal ini menunjukkan bahwa model ResNet-50 dengan metode transfer learning mampu membedakan citra sel darah yang terinfeksi malaria (*Parasitized*) dan tidak terinfeksi (*Uninfected*) dengan tingkat akurasi yang sangat tinggi pada berbagai nilai ambang keputusan (*threshold*). Bentuk kurva yang mendekati sudut kiri atas grafik juga mengindikasikan bahwa model memiliki True Positive Rate yang tinggi sekaligus False Positive Rate yang rendah, sehingga potensi kesalahan klasifikasi relatif kecil. Secara keseluruhan, hasil ini memperkuat temuan dari evaluasi akurasi dan loss, bahwa model yang dibangun memiliki performa prediksi yang optimal dan andal.

7. Hasil Deployment



Deteksi Malaria dengan Model ResNet-50

Pilih gambar sel darah merah

Drag and drop file here
LIMIT: 300KB per file • JPG, JPEG, PNG

Browse files

Masukkan nama pasien

hendri

Riwayat Prediksi

Filter nama pasien:

Semua

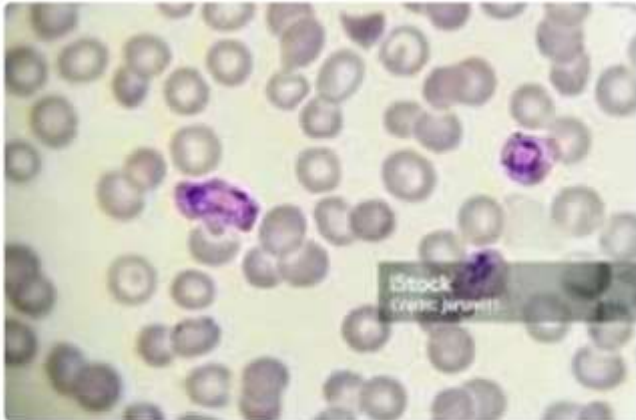
Masukkan nama pasien

jevin

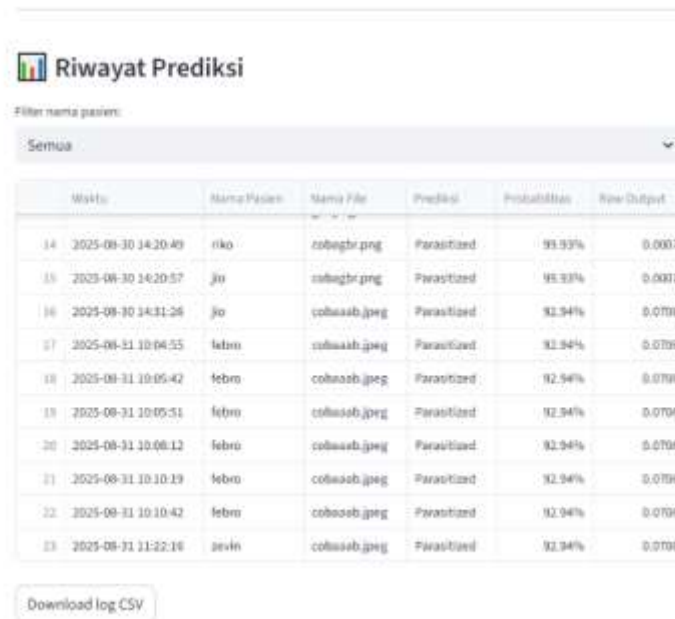
Hasil Prediksi

Prediksi: Parasitized (Probabilitas: 92,94%)

Raw sigmoid output: 0.0706



Download Hasil PDF



Waktu	Nama Pasien	Nama File	Prediksi	Probabilitas	Raw Output
14 2025-08-30 14:20:49	riko	coba1br.png	Parasitized	95.93%	0.0007
15 2025-08-30 14:20:57	jiu	coba1br.png	Parasitized	95.93%	0.0007
16 2025-08-30 14:31:26	jiu	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
17 2025-08-31 10:04:55	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
18 2025-08-31 10:05:42	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
19 2025-08-31 10:05:51	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
20 2025-08-31 10:08:12	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
21 2025-08-31 10:10:19	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
22 2025-08-31 10:10:42	febri	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706
23 2025-08-31 11:22:16	sevin	cobaasb.jpeg	Parasitized	92.94%	0.0706

Download log CSV

Gambar 7 Hasil Implementasi

Pada Gambar 7 ditampilkan halaman utama dari sistem deteksi malaria yang telah berhasil di-deploy menjadi sebuah aplikasi web interaktif menggunakan framework Streamlit. Sistem ini dirancang dengan antarmuka yang sederhana namun fungsional agar mudah digunakan. Pada bagian atas, terdapat judul aplikasi “Deteksi Malaria dengan Model ResNet-50” yang menunjukkan identitas sistem.

Di bawah judul, pengguna dapat mengunggah citra sel darah merah dalam format JPG, JPEG, atau PNG melalui fitur Drag and Drop File atau tombol Browse files. Selain itu, tersedia pula kolom input nama pasien untuk mencatat identitas pasien yang akan diprediksi.

Bagian bawah aplikasi menampilkan menu Riwayat Prediksi, yang memungkinkan pengguna untuk memfilter hasil prediksi berdasarkan nama pasien. Fitur ini berfungsi sebagai arsip digital yang menyimpan riwayat deteksi malaria, sehingga hasil prediksi dapat ditinjau kembali maupun diekspor ke dalam format CSV atau PDF untuk kebutuhan pelaporan laboratorium. Dengan desain antarmuka ini, sistem mampu memberikan pengalaman interaktif yang mendukung kebutuhan diagnostik awal malaria secara lebih cepat, praktis, dan terdokumentasi.

Selanjutnya juga bisa menampilkan hasil prediksi dari sistem deteksi malaria berbasis ResNet-50 yang telah di-deploy menggunakan Streamlit. Pada tampilan ini, pengguna dapat memasukkan nama pasien serta mengunggah citra sel darah merah untuk dianalisis. Setelah gambar diproses oleh model, sistem memberikan output berupa hasil prediksi dengan dua kemungkinan kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Selain label prediksi, ditampilkan pula nilai probabilitas prediksi dalam bentuk persentase, serta nilai *raw sigmoid output* yang menunjukkan keluaran asli dari fungsi aktivasi model. Sebagai contoh, pada gambar ditunjukkan hasil prediksi dengan label *Parasitized* dengan tingkat probabilitas 92,94%. Selain informasi numerik, citra input juga ditampilkan kembali pada antarmuka sebagai bentuk visualisasi data yang dianalisis. Sebagai tambahan, sistem ini juga dilengkapi dengan fitur unduh hasil dalam bentuk PDF, sehingga laporan prediksi dapat dicetak atau diberikan langsung kepada pasien sebagai dokumen pendukung hasil analisis.

Yang terakhir juga bisa menampilkan fitur *Riwayat Prediksi* yang berfungsi sebagai log seluruh aktivitas prediksi yang dilakukan oleh sistem. Riwayat ini tersimpan dalam bentuk tabel yang memuat informasi waktu prediksi, nama pasien, nama file citra, hasil klasifikasi, probabilitas prediksi, serta nilai *raw output* dari sigmoid. Dengan adanya fitur ini, pengguna maupun tenaga medis dapat melakukan pelacakan kembali terhadap data pasien yang telah diuji, sekaligus menjadi dokumentasi digital yang akurat. Sistem juga menyediakan opsi untuk mengunduh riwayat prediksi dalam format CSV, sehingga data dapat dikelola lebih lanjut untuk kepentingan analisis maupun arsip,

KESIMPULAN

Penelitian ini bertujuan untuk mengimplementasikan metode *transfer learning* menggunakan arsitektur ResNet-50 dalam mendeteksi dan mengklasifikasikan citra sel darah malaria menjadi dua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Berdasarkan hasil pengujian, model ResNet-50 menunjukkan performa yang baik dengan akurasi 93%, presisi 96%, *recall* 97%, *F1-score* 93%, serta nilai AUC 0,98. Hasil ini membuktikan bahwa penerapan *transfer learning* pada ResNet-50 efektif dalam mengekstraksi fitur citra mikroskopis dan mampu mendeteksi sel terinfeksi secara akurat. Selain itu, tren akurasi dan *loss* selama pelatihan menunjukkan stabilitas model tanpa indikasi *overfitting* yang signifikan. Dengan demikian, tujuan penelitian untuk membangun dan mengevaluasi sistem deteksi malaria berbasis ResNet-50 berhasil dicapai. Ke depan, model ini dapat dikembangkan dengan dataset yang lebih beragam dan diuji pada lingkungan laboratorium nyata sebagai sistem pendukung diagnosis (*decision support system*) bagi tenaga medis.

DAFTAR PUSTAKA

- Adoma, A. F., Henry, N. M. dan Chen, W. (2020) "Comparative Analyses of Bert, Roberta, Distilbert, and Xlnet for Text-Based Emotion Recognition," *2020 17th International Computer Conference on Wavelet Active Media Technology and Information Processing, ICCWAMTIP 2020*, hal. 117–121. doi: 10.1109/ICCWAMTIP51612.2020.9317379.
- Aisyah, D. N. *et al.* (2024) "The Changing Incidence of Malaria in Indonesia: A 9-Year Analysis of Surveillance Data," *Advances in Public Health*, 2024(1). doi: 10.1155/adph/2703477.
- Alarcón-Soto, Y. *et al.* (2019) "Data Science in Biomedicine," hal. 1–20. Tersedia pada: <http://arxiv.org/abs/1909.04486>.
- Chollet, F. (2018). Deep Learning with Python. In *2018 21st International Conference on Information Fusion, FUSION 2018*. <https://doi.org/10.23919/ICIF.2018.845553>
- Fransisca, L. *et al.* (2025) "Enhanced data quality to improve malaria surveillance in Papua, Indonesia," *Malaria Journal*, 24(1). doi: 10.1186/s12936-025-05358-x.
- Gao, Y. *et al.* (2023) "Distinguishing infectivity in patients with pulmonary tuberculosis using deep learning," *Frontiers in Public Health*, 11(1). doi: 10.3389/fpubh.2023.1247141.
- Hemachandran, K. *et al.* (2023) "Performance Analysis of Deep Learning Algorithms in Diagnosis of Malaria Disease," *Diagnostics*, 13(3). doi: 10.3390/diagnostics13030534.
- Maeda-Gutiérrez, V. *et al.* (2020) "Comparison of convolutional neural network architectures for classification of tomato plant diseases," *Applied Sciences*

- (Switzerland), 10(4). doi: 10.3390/app10041245.
- Millar, S. B. dan Cox-Singh, J. (2015) "Human infections with Plasmodium knowlesi-zoonotic malaria," *Clinical Microbiology and Infection*, 21(7), hal. 640–648. doi: 10.1016/j.cmi.2015.03.017.
- Nagendra, S. *et al.* (2024) "Techniques Versus Standard Microscopy in a Reference Laboratory," (December).
- Opoku Afriyie, S. *et al.* (2023) "Accuracy of diagnosis among clinical malaria patients: comparing microscopy, RDT and a highly sensitive quantitative PCR looking at the implications for submicroscopic infections," *Malaria Journal*, 22(1), hal. 1–11. doi: 10.1186/s12936-023-04506-5.
- Ramadhan, F. M. dan Riwurohi, J. E. (2024) "Perbandingan Optimizer, Batch Size Dan Epoch Pada Metode Convolution Neural Network," *JSil (Jurnal Sistem Informasi)*, 11(2), hal. 134–138. doi: 10.30656/jsii.v11i2.9249.
- Rajaraman, S., Antani, S. K., Poostchi, M., Silamut, K., Hossain, M. A., Maude, R. J., Jaeger, S., & Thoma, G. R. (2018). Pre-trained convolutional neural networks as feature extractors toward improved malaria parasite detection in thin blood smear images. *PeerJ*, 2018(4), 1–17. <https://doi.org/10.7717/peerj.456>
- Ruicun Liu, Tuoyu Liu, Tingting Dan, ..., Xianchao Zhang, H. C. dan Teng, Y. (2023) "AIDMAN: An AI-based object detection system for malaria diagnosis from smartphone thin-bloodsmear images."
- Sinha, S. dan Gupta, N. (2023) "Computer-aided Diagnosis of Malaria through Transfer Learning using the ResNet50 Backbone," 36, hal. 1–9.
- Sutarto dan Cania, E. (2017) "Faktor Lingkungan , Perilaku dan Penyakit Malaria Environmental Factors , Behavior and Malaria Disease," *Jurnal AgromedUnila*, 4(1), hal. 173–184.
- Tegegne, B. *et al.* (2025) "Performance of BIOCREDIT Pf/Pv lactate dehydrogenase-based malaria rapid diagnostic test among pregnant women with suspected malaria infection in Bahir Dar City Administration, northwest Ethiopia," *PLoS ONE*, 20(5 May), hal. 1–13. doi: 10.1371/journal.pone.0322362.
- Wantini, S., & Huda, M. (2021). Pengaruh konsentrasi dan waktu pengecatan giemsa pada pemeriksaan mikroskopik malaria. *Jurnal Analis Kesehatan*, 10(1), 8-13.
- WHO (2020) "The 2023 WHO World malaria report," *The Lancet Microbe*, 5(3), hal. e214. doi: 10.1016/s2666-5247(24)00016-8.
- WHO (2021) *World Malaria Report 2021*, *World Malaria report Geneva: World Health Organization*. (2021). Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO. Tersedia pada: <https://www.who.int/teams/global-malaria-programme/reports/world-malaria-report-2021>
- Zhuang, Q. *et al.* (2021) "Zero-shot Event Extraction via Transfer Learning: Challenges and Insights," *ACL-IJCNLP 2021 - 59th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics and the 11th International Joint Conference on Natural Language Processing, Proceedings of the Conference*, 2, hal. 322–332. doi: 10.18653/v1/2021.acl-short.42