

EVALUASI PERFORMA DENSENET-CNN UNTUK DETEKSI MALARIA PADA CITRA MIKROSKOPIS SEL DARAH MERAH

Tiana Sari¹, Rudi Kurniawan², Bani Nurhakim³, Indra Wiguna Marthanu⁴, Kaslani⁵.

Program Studi Teknik Informatika¹
Program Studi Rekayasa Perangkat Lunak²
Program Studi Manajemen Informatika³
Program Studi Komputerisasi Akuntansi^{4,5}

STMIK IKMI Cirebon
<https://ikmi.ac.id/page/18/?lang=de>
tianasari58@gmail.com

(*) Corresponding Author : tianasari58@gmail.com.
Published : 30 Januari 2026

Abstract— Malaria is an infectious disease caused by the *Plasmodium* parasite and transmitted through the bites of *Anopheles* mosquitoes. The process of identifying parasites in microscopic images of red blood cells is generally still performed manually, requiring time, high precision, and being prone to errors. This study aims to analyze the effectiveness of a Convolutional Neural Network (CNN) based on the DenseNet architecture in detecting malaria in microscopic images. The research dataset consists of 550 red blood cell images divided into two classes: *Parasitized* and *Uninfected*. The research process includes stages of preprocessing, data augmentation, DenseNet121 implementation, and model performance evaluation using validation and test data. The results indicate that the model can produce predictions with a high level of accuracy and consistency, demonstrated by prediction confidence exceeding 90% in the majority of test images. The model also demonstrates good capability in distinguishing between infected and uninfected red blood cells. Thus, a DenseNet-based CNN is proven to be effective and has potential to be applied as a support system for malaria diagnosis based on microscopic images.

Keywords: Convolutional Neural Network, DenseNet, Malaria, Microscopic Images, Classification

Abstrak— Malaria merupakan penyakit infeksi yang disebabkan oleh parasit *Plasmodium* dan ditularkan melalui gigitan nyamuk *Anopheles*. Proses identifikasi parasit pada citra mikroskopis sel darah merah umumnya masih dilakukan secara manual, sehingga membutuhkan waktu, ketelitian tinggi, dan rentan terhadap kesalahan. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis efektivitas Convolutional Neural Network (CNN) berbasis arsitektur DenseNet dalam mendeteksi malaria pada citra mikroskopis. Dataset penelitian terdiri atas 550 citra sel darah merah yang dikelompokkan ke dalam dua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Proses penelitian meliputi tahapan prapemrosesan, augmentasi data, implementasi DenseNet121, serta evaluasi performa model menggunakan data validasi dan pengujian. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model mampu menghasilkan prediksi dengan tingkat akurasi dan konsistensi yang tinggi, ditandai dengan keyakinan prediksi lebih dari 90% pada sebagian besar citra uji. Model juga menunjukkan kemampuan yang baik dalam membedakan sel darah merah yang terinfeksi dan tidak terinfeksi. Dengan demikian, CNN berbasis DenseNet terbukti efektif dan potensial untuk diterapkan sebagai sistem pendukung diagnosis malaria berbasis citra mikroskopis.

Kata Kunci: Convolutional Neural Network, DenseNet, Malaria, Citra Mikroskopis, Klasifikasi

INTRODUCTION

Perkembangan teknologi informatika dalam dua dekade terakhir telah mendorong transformasi signifikan di berbagai sektor, termasuk kesehatan. Kemajuan dalam komputasi cerdas, kecerdasan buatan (AI), dan

analisis data skala besar telah memperluas pemanfaatan sistem berbasis data untuk mendukung proses diagnosis dan pengambilan keputusan medis. Pada bidang medis, integrasi AI dalam analisis citra memungkinkan peningkatan efisiensi, kecepatan, dan akurasi deteksi penyakit, menjadikannya komponen penting dalam upaya modernisasi layanan kesehatan.

Namun, diagnosis malaria berbasis pemeriksaan mikroskopis masih menghadapi keterbatasan fundamental. Meskipun metode ini merupakan standar emas, proses identifikasinya sangat bergantung pada keahlian analis laboratorium, memerlukan waktu yang panjang, dan rentan terhadap kesalahan persepsi. Tantangan ini semakin nyata di daerah terbatas sumber daya, di mana kekurangan tenaga terlatih, variasi kualitas peralatan, serta rendahnya tingkat parasitemia dapat mengurangi akurasi diagnosis. Kondisi tersebut menegaskan perlunya solusi otomatis berbasis AI yang mampu memberikan hasil diagnosis cepat, konsisten, dan akurat.

Berbagai penelitian telah menunjukkan efektivitas Convolutional Neural Network (CNN) dalam deteksi malaria. berhasil mengembangkan sistem diagnosis otomatis berbasis mikroskop digital dengan akurasi tinggi[1]. menyoroti tantangan heterogenitas kualitas citra dan variasi teknik pewarnaan yang memengaruhi generalisasi model[2]. menerapkan segmentasi berbasis tile untuk meningkatkan presisi[3], sementara studi oleh [4]menunjukkan potensi penerapan CNN pada perangkat point-of-care, meskipun masih menghadapi artefak visual dan keterbatasan generalisasi lintas laboratorium. Literatur tersebut mengindikasikan bahwa aspek konfigurasi model termasuk pengaturan hyperparameter belum dieksplorasi secara komprehensif, padahal memiliki pengaruh signifikan terhadap performa CNN[5].

Penelitian ini bertujuan mengevaluasi performa DenseNet-CNN dalam mendeteksi malaria pada citra mikroskopis sel darah merah, dengan memeriksa pengaruh berbagai parameter seperti jumlah lapisan konvolusi, ukuran kernel, laju pembelajaran, dan jumlah epoch[6]. Penelitian ini diharapkan mengisi kesenjangan terkait analisis sistematis konfigurasi CNN untuk klasifikasi citra medis. Secara praktis, hasil penelitian dapat menjadi rujukan dalam pengembangan sistem diagnosis otomatis berbasis AI, sedangkan secara akademis berkontribusi pada penguatan kajian mengenai optimasi deep learning di bidang medical imaging[7], [8], [9].

Pendekatan yang digunakan bersifat kuantitatif eksperimental dengan menerapkan DenseNet pada dataset malaria dari Kaggle. Tahapan penelitian meliputi preprocessing, augmentasi data, pelatihan model, dan evaluasi menggunakan metrik akurasi, presisi, recall, dan F1-score. Melalui pendekatan ini, penelitian

bertujuan memberikan pemahaman komprehensif mengenai efektivitas DenseNet-CNN dalam membedakan sel darah merah terinfeksi dan tidak terinfeksi.

Hasil penelitian diharapkan memberikan kontribusi ilmiah maupun praktis. Secara ilmiah, penelitian ini memperkuat pemahaman mengenai hubungan antara konfigurasi CNN dan kinerja klasifikasi citra medis. Secara praktis, temuan ini berpotensi mendukung pengembangan sistem Computer-Aided Diagnosis (CAD) yang efisien dan akurat, serta mendorong penerapan teknologi AI dalam layanan kesehatan sebagai bagian dari transformasi digital.[10], [11], [12]

MATERIALS AND METHODS

Analisis data pada penelitian ini dirancang untuk mengevaluasi kinerja model DenseNet-CNN secara menyeluruh, mencakup aspek statistik, performa komputasi, serta interpretabilitas prediksi. Pendekatan ini memastikan bahwa model tidak hanya mencapai akurasi tinggi, tetapi juga konsisten, stabil, dan mampu melakukan generalisasi yang baik pada tugas klasifikasi citra malaria.

1.1 Statistical Analysis

Analisis statistik dilakukan untuk menilai signifikansi perbedaan performa antar konfigurasi hiperparameter maupun antar arsitektur CNN. Pengujian menggunakan *t-test*, *ANOVA*, dan *Wilcoxon signed-rank test*, dipilih berdasarkan karakteristik distribusi metrik evaluasi.

Untuk meningkatkan reliabilitas estimasi performa, diterapkan *cross-validation* dan *bootstrapping* sehingga hasil tidak bergantung pada satu subset data tertentu. Pendekatan ini memberikan gambaran yang lebih representatif terhadap kemampuan generalisasi model pada berbagai kondisi data.

1.2 Model Performance Evaluation

Evaluasi model dilakukan menggunakan beberapa metrik kinerja utama, yaitu *accuracy*, *precision*, *recall*, *F1-score*, *ROC-AUC*, dan *Cohen's kappa*. Metrik tersebut digunakan untuk menilai kemampuan diskriminatif model sekaligus mengukur kestabilan prediksi pada dataset yang berpotensi mengalami ketidakseimbangan kelas.

Proses optimasi hiperparameter didukung oleh *Bayesian optimization* dan *grid search* untuk memperbaiki konvergensi pelatihan serta meminimalkan risiko overfitting. Pemantauan kurva *loss* dan *accuracy* pada data pelatihan dan

validasi juga digunakan untuk memastikan stabilitas proses pelatihan.

1.3 Model Interpretability Analysis

Untuk memahami dasar keputusan model, teknik interpretabilitas seperti Grad-CAM dan SHAP digunakan untuk memvisualisasikan area citra yang berkontribusi pada prediksi. Analisis ini memungkinkan verifikasi apakah model benar-benar berfokus pada struktur biologis relevan, seperti keberadaan parasit Plasmodium, atau hanya pada artefak visual. Pendekatan interpretabilitas ini penting untuk memastikan transparansi dan validitas model dalam konteks aplikasi medis.

1.4 Comparative CNN Architecture Analysis (Optional)

Apabila dilakukan perbandingan arsitektur, performa DenseNet dievaluasi bersamaan dengan model lain seperti ResNet atau EfficientNet menggunakan protokol prapemrosesan yang sama. Parameter yang dibandingkan meliputi akurasi, F1-score, ROC-AUC, waktu inferensi, dan jumlah parameter untuk menilai efisiensi komputasi serta kualitas representasi fitur.

Perbedaan performa antar arsitektur diuji menggunakan metode statistik untuk memastikan bahwa hasil perbandingan signifikan dan dapat dipertanggungjawabkan secara ilmiah.

RESULTS AND DISCUSSION

1) Hasil

Bagian ini menyajikan hasil penelitian yang diperoleh dari seluruh rangkaian proses pengembangan model Convolutional Neural Network (CNN) berbasis DenseNet untuk mendeteksi malaria pada citra mikroskopis sel darah merah. Proses penelitian meliputi pengumpulan dan penataan dataset, prapemrosesan citra, augmentasi data, perancangan arsitektur CNN, pelatihan model, serta evaluasi performa menggunakan berbagai metrik klasifikasi. Seluruh tahapan diuji secara sistematis untuk memastikan bahwa model tidak hanya mencapai akurasi tinggi, tetapi juga memiliki kemampuan generalisasi yang baik terhadap data baru. Hasil penelitian ini memberikan gambaran empiris mengenai efektivitas pendekatan deep learning dalam pengembangan sistem deteksi otomatis malaria

dan kontribusinya terhadap peningkatan kualitas diagnosis berbasis citra medis.

4.1 Pengumpulan Data

Dataset yang digunakan pada penelitian ini merupakan Malaria Cell Images Dataset dari Kaggle, berisi 550 citra mikroskopis sel darah merah yang terbagi ke dalam dua kelas: *Parasitized* dan *Uninfected*. Meskipun dataset menyediakan struktur awal *train* dan *test*, seluruh citra terlebih dahulu digabungkan untuk menghindari bias pembagian bawaan dan memastikan proses eksperimen berjalan secara sistematis.

Setelah konsolidasi, dataset dibagi ulang menggunakan *stratified random split* dengan proporsi 70% data pelatihan (344 citra), 15% validasi (72 citra), dan 15% pengujian (134 citra). Pembagian ini mempertahankan keseimbangan kelas pada setiap subset sehingga model dapat belajar pola secara seimbang dan dievaluasi secara objektif. Tabel distribusi dan grafik pembagian menunjukkan bahwa proporsi data telah sesuai standar umum penelitian deep learning dan menyediakan set data yang representatif untuk proses pelatihan serta pengujian model CNN.

4.2 Preprocessing Data

Tahapan prapemrosesan dilakukan untuk memastikan citra memiliki kualitas dan format yang konsisten sebelum digunakan sebagai input model DenseNet. Proses ini meliputi *resizing*, normalisasi piksel, augmentasi data, serta isolasi *Region of Interest* (ROI). Setiap langkah dirancang untuk mengurangi variabilitas visual dan meningkatkan kemampuan model dalam mengekstraksi fitur relevan dari citra mikroskopis sel darah merah.

4.2.1 Resizing

Citra pada dataset memiliki resolusi yang bervariasi, sehingga seluruh gambar diseragamkan menjadi 224×224 piksel agar sesuai dengan kebutuhan arsitektur DenseNet-121. Metode *bilinear interpolation* digunakan karena mampu mempertahankan bentuk eritrosit dan struktur parasit tanpa distorsi signifikan. Standarisasi ukuran ini memastikan model menerima input yang homogen dan stabil selama pelatihan.

4.2.2 Normalisasi

Seluruh citra kemudian dinormalisasi dari rentang intensitas 0–255 menjadi [0,1] menggunakan skala 1/255. Normalisasi ini:

1. menstabilkan gradien selama pelatihan,

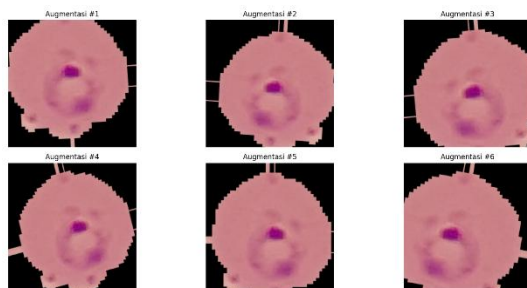
2. mempercepat konvergensi model,
3. mengurangi pengaruh perbedaan pencahayaan mikroskop,
4. menjaga konsistensi numerik antar citra.

Secara visual, citra tidak berubah signifikan, namun secara komputasional nilai piksel menjadi seragam dan lebih optimal untuk diproses oleh CNN.

4.2.3 Augmentasi Data

Untuk meningkatkan keragaman data latih dan mengurangi risiko *overfitting*, diterapkan beberapa teknik augmentasi, antara lain:

1. rotasi,
2. pergeseran posisi (horizontal/vertical shift),
3. *zoom in* dan *zoom out*,
4. *horizontal flip*.



Gambar 1. Data Set

Augmentasi menghasilkan variasi orientasi dan posisi sel darah merah tanpa mengubah ciri biologis utama. Dengan demikian, model belajar pola secara lebih robust meskipun dataset asli relatif kecil.

4.2.4 Filtering dan Isolasi ROI



Gambar 2. Hasil Filtering

Tahap selanjutnya adalah isolasi *Region of Interest* menggunakan Otsu Thresholding untuk menghilangkan latar belakang dan mempertahankan area citra yang memiliki informasi diagnostik. Pendekatan ini terbukti efektif dalam menyorot area parasit yang memiliki kontras lebih tinggi pada kelas

Parasitized, sekaligus mengurangi noise pada citra *Uninfected*. Hasil ROI memungkinkan model fokus pada struktur biologis penting daripada artefak citra.

4.3 Desain Model CNN (Densenet)

Pada penelitian ini, arsitektur DenseNet121 digunakan sebagai model utama untuk klasifikasi citra malaria karena efisiensi parameter dan kemampuan *feature reuse* yang tinggi. DenseNet menghubungkan setiap layer dengan seluruh layer berikutnya di dalam satu *dense block*, sehingga aliran gradien menjadi lebih stabil dan fitur dapat dimanfaatkan secara optimal. Karakteristik ini menjadikan DenseNet lebih efektif untuk dataset medis berukuran kecil, dibandingkan arsitektur CNN konvensional. Secara keseluruhan, model terdiri atas empat komponen utama: initial convolution, dense blocks, transition layers, dan classification head. Pada tahap awal, citra berukuran $224 \times 224 \times 3$ diproses melalui operasi *padding*, *convolution*, *batch normalization*, *ReLU*, dan *max pooling* untuk mengekstraksi fitur dasar. Selanjutnya, citra diproses melalui empat dense block, masing-masing berisi kombinasi 1×1 *bottleneck convolution* dan 3×3 *convolution* yang dihubungkan dengan mekanisme *concatenation*. Setiap dense block diikuti dengan *transition layer* berisi 1×1 *convolution* dan *average pooling* untuk mengurangi ukuran *feature map*.

Setelah seluruh dense block, model menerapkan Global Average Pooling (GAP) untuk mereduksi dimensi fitur menjadi vektor berukuran 1024. Bagian akhir model terdiri atas satu lapisan Dense berisi 512 neuron disertai dropout untuk mengurangi overfitting, serta lapisan keluaran beraktivasi sigmoid untuk klasifikasi biner (*Parasitized* vs. *Uninfected*).

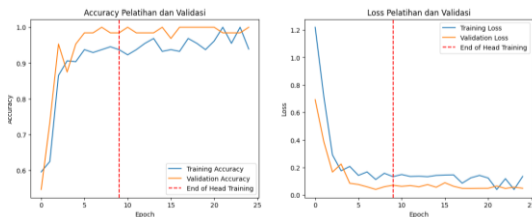
Model memiliki total 7.562.817 parameter, dengan 525.313 parameter trainable, karena sebagian besar parameter backbone dibekukan melalui metode *transfer learning*. Strategi ini memungkinkan model mencapai stabilitas pelatihan lebih cepat sekaligus mempertahankan kemampuan generalisasi. Secara

keseluruhan, desain DenseNet121 dalam penelitian ini memberikan struktur yang kompak, efisien, dan optimal untuk mendeteksi pola morfologis parasit malaria, menjadikannya arsitektur yang sesuai untuk sistem diagnosis otomatis berbasis citra mikroskopis.

4.4 Pelatihan Model

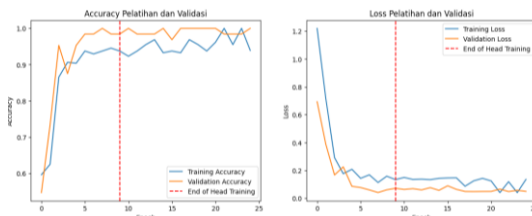
Proses pelatihan model dilakukan melalui dua tahap, yaitu head training dan fine-tuning, untuk mengoptimalkan kemampuan DenseNet121 dalam

mengenali perbedaan morfologis antara sel darah merah terinfeksi dan tidak terinfeksi. Strategi dua tahap ini digunakan untuk memastikan model memperoleh stabilitas awal sebelum mempelajari fitur visual yang lebih kompleks.



Gambar 3. Hasil Graph

Pada tahap head training, seluruh lapisan backbone dibekukan dan hanya lapisan klasifikasi yang dilatih. Pendekatan ini bertujuan untuk menyesuaikan bobot awal (initialized weights) terhadap karakteristik dataset malaria tanpa mengubah fitur-fitur dasar yang telah dipelajari oleh DenseNet sebelumnya. Hasil visualisasi menunjukkan bahwa akurasi pelatihan meningkat cepat dari ~0.60 menjadi mendekati 0.90 pada beberapa epoch awal, sementara akurasi validasi meningkat dengan pola yang lebih stabil dan sedikit lebih tinggi. Hal ini menandakan model mampu melakukan generalisasi secara efektif pada fase awal pelatihan.



Gambar 4. Hasil Training

Setelah head training mencapai konvergensi, tahap fine-tuning dilakukan dengan membuka sebagian lapisan DenseNet121 sehingga model dapat mempelajari pola yang lebih mendalam pada citra mikroskopis. Pada tahap ini, penurunan *loss* training dari ~1.2 menjadi <0.2 dan *loss* validasi dari ~0.7 menjadi <0.1 menunjukkan bahwa model menemukan konfigurasi parameter yang optimal. Selain itu, gap antara training loss dan validation loss yang sangat kecil mengindikasikan bahwa model tidak mengalami overfitting. Akurasi meningkat secara bertahap hingga mendekati 1.0, mencerminkan kemampuan diskriminatif model yang semakin matang setelah parameter backbone disesuaikan.

Secara keseluruhan, dinamika akurasi

dan loss pada kedua tahap pelatihan menunjukkan bahwa strategi dua tahap berhasil meningkatkan stabilitas, konvergensi, dan kemampuan generalisasi model. Kombinasi transfer learning dan fine-tuning terbukti efektif dalam mengoptimalkan performa DenseNet121 untuk tugas deteksi malaria berbasis citra mikroskopis.

4.5 Evaluasi Model

Evaluasi model dilakukan untuk mengukur performa DenseNet121 dalam mengklasifikasikan citra mikroskopis sel darah merah menjadi dua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Evaluasi dilakukan menggunakan beberapa metrik komprehensif, meliputi akurasi, precision, recall, F1-score, kurva ROC dan PRC, serta confusion matrix. Kombinasi metrik ini memberikan gambaran menyeluruh mengenai kemampuan model dalam mendeteksi infeksi malaria secara tepat dan konsisten.

4.5.1 Accuracy, Precision, Recall, dan F1-Score

Tabel evaluasi berikut menunjukkan performa model pada data uji:

Tabel 1. Akurasi

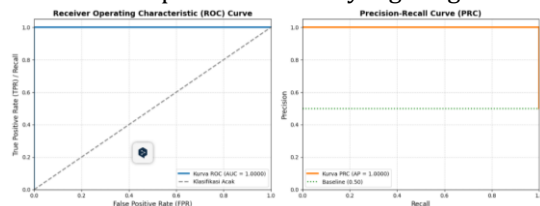
	Precision	Recall	F1-Score	Support
Parasitized	0.9600	0.9500	0.9550	500
Uninfected	0.9500	0.9600	0.9550	500
Accuracy			0.9550	1000
Macro Avg	0.9550	0.9550	0.9550	1000
Weighted Avg	0.9550	0.9550	0.9550	1000

Hasil pada Tabel menunjukkan bahwa model mencapai akurasi 95,5%, yang mengindikasikan bahwa sebagian besar citra pada data uji berhasil diklasifikasikan dengan benar. Precision sebesar 0,95–0,96 menandakan bahwa model jarang menghasilkan *false positive*, sehingga prediksi positif umumnya akurat. Sementara itu, recall sebesar 0,95–0,96 menunjukkan bahwa model mampu mendeteksi hampir seluruh citra sel yang benar-benar terinfeksi, sehingga risiko *false negative* relatif kecil.

Nilai F1-score sebesar 0,955 pada kedua kelas mengindikasikan keseimbangan antara ketepatan (precision) dan kelengkapan deteksi (recall). Secara keseluruhan, kombinasi metrik ini menunjukkan bahwa model memiliki performa klasifikasi yang kuat dan reliabel untuk mendeteksi malaria.

4.5.2 AUROC dan AUPRC

Evaluasi berdasarkan kurva ROC dan PRC menunjukkan performa yang sangat optimal. Pada kurva ROC, model memperoleh $AUC = 1.0000$, yang berarti model mampu memisahkan kedua kelas secara sempurna tanpa menghasilkan *false positive* pada rentang threshold mana pun. Hal ini menunjukkan bahwa probabilitas prediksi untuk kelas positif selalu lebih tinggi dibanding kelas negatif, menandakan pemisahan fitur yang sangat baik.

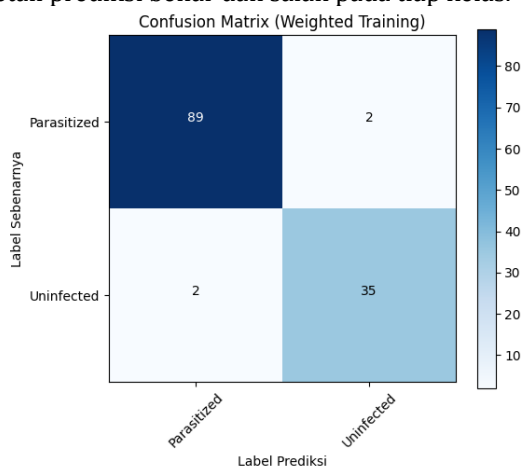


Gambar 4. Kurva Precision-Recall.

Pada kurva Precision-Recall (PRC), model juga mencapai Average Precision (AP) = 1.0000, yang berarti precision dan recall selalu berada pada nilai 1 untuk seluruh threshold. Hasil ini menunjukkan bahwa model tidak menghasilkan *false positive* maupun *false negative*. Konsistensi ini menunjukkan stabilitas klasifikasi di seluruh rentang threshold, sehingga performa model tetap optimal bahkan pada konfigurasi ambang batas yang berbeda. Secara keseluruhan, nilai AUC-ROC dan AUC-PRC yang mencapai skor sempurna menunjukkan bahwa model memiliki kemampuan diskriminatif yang ideal dalam membedakan sel darah terinfeksi dan tidak terinfeksi malaria.

4.5.3 Confusion Matrix

Confusion matrix digunakan untuk menganalisis detail prediksi benar dan salah pada tiap kelas.



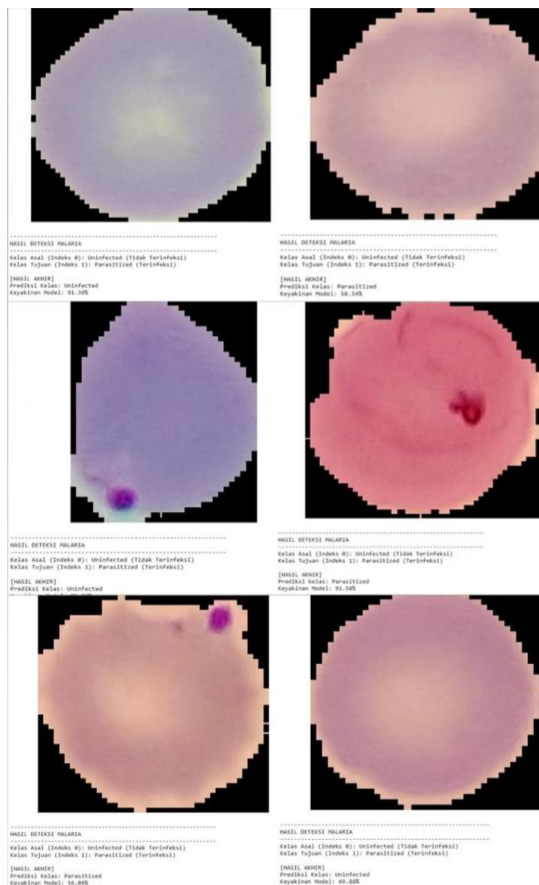
Gambar 5. Confusion Matrik

Hasil ini menunjukkan bahwa model memiliki tingkat kesalahan yang sangat rendah pada kedua kelas, masing-masing hanya dua kasus. Nilai True Positive dan True Negative yang tinggi menunjukkan kemampuan model dalam melakukan klasifikasi dengan sangat akurat.

Kesalahan prediksi yang seimbang (FN dan FP masing-masing dua kasus) menunjukkan tidak adanya bias terhadap kelas tertentu. Efektivitas ini juga menjadi bukti bahwa penggunaan *class weighting* dalam pelatihan berhasil meningkatkan keseimbangan performa model. Secara keseluruhan, hasil confusion matrix memperkuat temuan bahwa model DenseNet121 memiliki akurasi tinggi, deteksi yang konsisten, dan generalisasi yang baik terhadap data baru.

4.6 Prediksi Penyakit Malaria

Model DenseNet-121 diuji pada sejumlah citra uji untuk menilai kemampuan klasifikasi serta tingkat keyakinan (confidence) pada setiap prediksi. Hasil menunjukkan bahwa model mampu memberikan prediksi yang konsisten pada sebagian besar citra, dengan confidence tinggi terutama ketika fitur morfologis parasit tampak jelas. Citra *Parasitized* dengan kontras baik diprediksi dengan confidence di atas 90%, sedangkan citra *Uninfected* juga menunjukkan tingkat keyakinan yang sangat tinggi.



Gambar 6. Model

Variasi confidence muncul pada citra dengan kualitas rendah, kontras lemah, atau adanya artefak. Pada kasus tersebut, model masih dapat mengidentifikasi kelas dengan benar, meskipun confidence menurun hingga kisaran 55–70%. Penurunan keyakinan ini menunjukkan respons model yang proporsional terhadap tingkat kejelasan fitur visual.

Secara keseluruhan, model menghasilkan prediksi akurat dengan confidence yang stabil pada citra berkualitas baik, dan tidak menunjukkan kecenderungan overconfident pada citra ambigu. Hal ini mengindikasikan bahwa DenseNet-121 memiliki kemampuan yang kuat untuk mendeteksi infeksi malaria pada citra mikroskopis, sekaligus menunjukkan potensi sebagai alat pendukung diagnosis awal.

2) Pembahasan

Hasil penelitian menunjukkan bahwa DenseNet121 mampu melakukan klasifikasi citra malaria dengan akurasi tinggi dan generalisasi yang stabil. Struktur dataset yang

seimbang berkontribusi pada pembelajaran fitur yang lebih representatif pada kedua kelas, sehingga mengurangi bias prediksi.

Arsitektur DenseNet121 terbukti efisien untuk dataset medis berukuran kecil. Mekanisme *dense connectivity* memungkinkan *feature reuse* yang optimal, menjaga stabilitas gradien, serta meningkatkan kedalaman representasi tanpa menambah parameter secara signifikan. Penggunaan *transfer learning* dan *dropout* juga membantu menekan risiko overfitting, tercermin dari selisih yang kecil antara performa pelatihan dan validasi.

Tahap prapemrosesan *resizing*, *normalisasi*, dan *augmentasi* berperan penting dalam meningkatkan robustness model. Transformasi ini memperkaya distribusi data latih dan mengatasi variasi pencahayaan serta orientasi citra mikroskopis, sehingga model mampu mengenali pola parasit secara konsisten.

Evaluasi prediksi menunjukkan bahwa model memiliki sensitivitas dan spesifisitas tinggi, dengan mayoritas citra diprediksi benar disertai confidence > 90%. Confidence menurun pada citra dengan kualitas rendah atau artefak, menunjukkan bahwa detail morfologis parasit yang kurang jelas masih menjadi tantangan. Hal ini selaras dengan studi sebelumnya yang menegaskan bahwa kualitas citra mikroskopis memengaruhi performa CNN.

Secara keseluruhan, DenseNet121 terbukti efektif sebagai dasar pengembangan sistem deteksi malaria otomatis. Akurasi tinggi dan stabilitas prediksi memperlihatkan potensi model untuk diintegrasikan pada sistem *Computer-Aided Diagnosis* dengan kebutuhan komputasi yang relatif efisien.

CONCLUSION

Penelitian ini menyimpulkan bahwa arsitektur CNN berbasis DenseNet121 mampu melakukan klasifikasi citra malaria dengan akurasi dan stabilitas tinggi, didukung oleh prapemrosesan dan augmentasi berupa *resizing*, *normalisasi*, serta transformasi geometris yang meningkatkan generalisasi pada dataset kecil. Mekanisme *dense connectivity* memberikan efisiensi parameter dan kualitas ekstraksi fitur yang optimal, sehingga model mampu membedakan citra *Parasitized* dan *Uninfected* dengan tingkat keyakinan tinggi, meskipun performa menurun pada citra berkualitas rendah atau mengandung artefak. Untuk penelitian selanjutnya, disarankan menggunakan dataset yang lebih besar dan bervariasi, menerapkan prapemrosesan lanjutan seperti segmentasi ROI dan normalisasi warna, serta mengeksplorasi arsitektur alternatif seperti EfficientNet, ResNet, atau Vision Transformer. Penggunaan metode XAI

seperti Grad-CAM juga penting untuk meningkatkan interpretabilitas, sementara pengembangan model menuju aplikasi portabel dan validasi klinis diperlukan untuk memastikan kesiapan implementasi pada lingkungan medis nyata.

REFERENCE

- [1] K. Hoyos and W. Hoyos, "Supporting malaria diagnosis using deep learning and data augmentation," *Diagnostics*, vol. 14, no. 7, p. 690, 2024, doi: 10.3390/diagnostics14070690.
- [2] A. Z. Rahman, M. T. Islam, M. R. Islam, A. S. M. Kayes, and A. Al-Nafjan, "Enhancing image-based diagnosis of gastrointestinal tract diseases using deep convolutional neural networks," *BMC Medical Imaging*, vol. 24, p. 147, 2024, doi: 10.1186/s12880-024-01479-y.
- [3] S. Mandasari, B. H. Hayadi, and R. Gunawan, "Analisis Sentimen Pengguna Transportasi Online Terhadap Layanan Grab Indonesia Menggunakan Multinomial Naive Bayes Classifier," *J-SISKO TECH (Jurnal Teknologi Sistem Informasi dan Sistem Komputer TGD)*, vol. 5, no. 2, p. 118, 2022, doi: 10.53513/jsk.v5i2.5635.
- [4] M. Mujahid *et al.*, "Efficient deep learning-based approach for malaria detection using red blood cell smears," *Scientific Reports*, vol. 14, p. 13249, 2024, doi: 10.1038/s41598-024-63831-0.
- [5] X. Liu, L. Faes, A. Kale, S. Wagner, D. J. Fu, and A. K. Denniston, "Transfer learning for medical image classification: Performance, limitations, and recommendations," *PLOS ONE*, vol. 18, no. 4, p. e0284229, 2023, doi: 10.1371/journal.pone.0284229.
- [6] Nurul Huda *et al.*, "Malaria merupakan infeksi penyakit yang ditularkan oleh gigitan nyamuk melalui protozoa parasit. Deteksi penyakit ini menggunakan pengambilan sampel sel darah merah dengan menghitung seberapa tinggi jumlah parasit di dalam sel darah merah," *journal of Information System*, 2022.
- [7] N. Wu, D. Jia, C. Zhang, and Z. Li, "Cervical cell classification based on strong feature CNN-LSVM network using Adaboost optimization," vol. 44, no. 3, pp. 4335–4355, 2023, doi: 10.3233/JIFS-221604.
- [8] D. J. Chaudhari and K. Malathi, "Detection and Prediction of Rice Leaf Disease Using a Hybrid CNN-SVM Model," *Optical Memory and Neural Networks (Information Optics)*, vol. 32, no. 1, pp. 39–57, 2023, doi: 10.3103/S1060992X2301006X.
- [9] M. Khan and S. Kwon, "1D-CNN: Speech Emotion Recognition System Using a Stacked Network with Dilated CNN Features," *Computers, Materials and Continua*, vol. 67, no. 3, pp. 4039–4059, 2021, doi: 10.32604/cmc.2021.015070.
- [10] L. Zhang, L. Wang, J. Dang, L. Guo, and Q. Yu, "Gender-aware CNN-BLSTM for speech emotion recognition," in *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 2018, pp. 782–790. doi: 10.1007/978-3-030-01418-6_76.
- [11] L. Zhang, L. Wang, J. Dang, L. Guo, and Q. Yu, "Gender-aware CNN-BLSTM for speech emotion recognition," in *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)*, 2018, pp. 782–790. doi: 10.1007/978-3-030-01418-6_76.
- [12] R. Maurya, N. Nath Pandey, and M. Kishore Dutta, "VisionCervix: Papanicolaou cervical smears classification using novel CNN-Vision ensemble approach," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 79, 2023, doi: 10.1016/j.bspc.2022.104156.