

Penerapan Model SVM dengan Ekstraksi Fitur ResNet50 untuk Identifikasi Sel Darah Terinfeksi Malaria

Maulana Damar Adhesyah Putra*, Sindhu Rakasiwi

Fakultas Ilmu Komputer, Program Studi Teknik Informatika, Universitas Dian Nuswantoro, Semarang, Indonesia

Email: ^{1,*}111202214620@mhs.dinus.ac.id, ²sindhu.rakasiwi@dsn.dinus.ac.id

Email Penulis Korespondensi: 111202214620@mhs.dinus.ac.id@email.com

Submitted: 19/11/2026; Accepted: 26/12/2025; Published: 26/12/2025

Abstrak—Malaria merupakan penyakit menular yang masih menjadi tantangan kesehatan masyarakat di Indonesia, dengan 279.865 kasus tercatat pada tahun 2023 dan Annual Parasite Incidence (API) sebesar 0,99 per 1.000 penduduk. Meskipun pemeriksaan mikroskopis masih menjadi standar emas diagnosis malaria, metode ini memiliki sejumlah keterbatasan, seperti ketergantungan pada tenaga ahli terlatih, subjektivitas analisis, serta waktu pemrosesan yang relatif lama. Untuk mengatasi tantangan tersebut, penelitian ini bertujuan menganalisis performa model Support Vector Machine (SVM) dengan ekstraksi fitur berbasis ResNet50 dalam sistem Computer-Aided Diagnosis (CAD) untuk deteksi otomatis sel darah terinfeksi malaria. ResNet50 dipilih karena kemampuan transfer learning-nya dalam menghasilkan representasi fitur mendalam dari citra medis, sementara SVM dipilih karena performanya yang baik pada data berdimensi tinggi dan dataset terbatas. Fitur berdimensi 2048 yang dihasilkan dari lapisan global average pooling diklasifikasikan menggunakan SVM dengan kernel Radial Basis Function (RBF). Dataset yang digunakan berasal dari National Institutes of Health (NIH) dan terdiri dari 27.558 citra mikroskopis sel darah (kelas Parasitized dan Uninfected). Data dibagi menggunakan stratified sampling dengan rasio 80:20 untuk pelatihan dan pengujian. Proses preprocessing meliputi normalisasi piksel, resizing ke 224×224 piksel, dan augmentasi sederhana untuk meningkatkan generalisasi model. Hasil eksperimen menunjukkan bahwa model mencapai akurasi 93,94%, presisi 94%, recall masing-masing 93,43% (Parasitized) dan 94,46% (Uninfected), serta F1-score rata-rata 94%. Confusion matrix menunjukkan 2.575 true positive, 2.606 true negative, 153 false positive, dan 181 false negative, dengan false negative rate sebesar 6,57% dan false positive rate sebesar 5,54%. Temuan ini menunjukkan bahwa kombinasi ResNet50 dan SVM memiliki potensi sebagai metode deteksi malaria berbasis citra yang cepat, akurat, dan layak diimplementasikan pada fasilitas kesehatan dengan sumber daya terbatas.

Kata Kunci: Deteksi Malaria; Computer-Aided Diagnosis (CAD); Transfer Learning; ResNet50; Support Vector Machine (SVM)

Abstract—Malaria remains a major public health challenge in Indonesia, with 279,865 reported cases in 2023 and an Annual Parasite Incidence (API) of 0.99 per 1,000 population. Although microscopic examination is still considered the gold standard for malaria diagnosis, it has several limitations, including dependency on trained experts, subjective interpretation, and relatively lengthy processing time. To address these challenges, this study aims to analyze the performance of a Support Vector Machine (SVM) classifier with feature extraction based on ResNet50 in a Computer-Aided Diagnosis (CAD) system for automatic detection of malaria-infected blood cells. ResNet50 was selected for its transfer learning capability to generate high-level feature representations from medical images, while SVM was chosen due to its strong performance on high-dimensional data and limited datasets. A feature vector of 2048 dimensions produced from the global average pooling layer was classified using SVM with a Radial Basis Function (RBF) kernel. The dataset used in this study was obtained from the National Institutes of Health (NIH) and consists of 27,558 microscopic blood cell images (Parasitized and Uninfected classes). The data were partitioned using stratified sampling with an 80:20 ratio for training and testing. Preprocessing steps included pixel normalization, resizing to 224×224 pixels, and basic augmentation to improve model generalization. Experimental results show that the proposed model achieved an accuracy of 93.94%, precision of 94%, recall of 93.43% (Parasitized) and 94.46% (Uninfected), and an average F1-score of 94%. The confusion matrix indicates 2,575 true positives, 2,606 true negatives, 153 false positives, and 181 false negatives, with a false negative rate of 6.57% and a false positive rate of 5.54%. These findings demonstrate that the combination of ResNet50 and SVM has strong potential as a fast and accurate image-based malaria detection method and is suitable for implementation in healthcare settings with limited resources.

Keywords: Malaria Detection; Computer-Aided Diagnosis (CAD); Transfer Learning; ResNet50; Support Vector Machine (SVM)

1. PENDAHULUAN

Malaria merupakan penyakit infeksi parasitik yang masih menjadi tantangan kesehatan masyarakat utama di Indonesia. Berdasarkan laporan Kementerian Kesehatan Republik Indonesia tahun 2023, tercatat 279.865 kasus malaria dengan Annual Parasite Incidence (API) nasional sebesar 0,99 per 1.000 penduduk[1]. Kasus tertinggi ditemukan di wilayah Indonesia Timur seperti Papua, Papua Barat, Nusa Tenggara Timur, dan Maluku, dengan API mencapai 15–30 per 1.000 penduduk—jauh di atas target eliminasi nasional sebesar 1 per 1.000[2].

Penyakit ini disebabkan oleh parasit *Plasmodium* yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *Anopheles* betina terinfeksi. Di Indonesia, *Plasmodium falciparum* dan *Plasmodium vivax* merupakan spesies dominan, dengan *P. falciparum* sebagai penyebab utama kasus berat[3]. Deteksi dini serta diagnosis yang cepat dan tepat merupakan elemen fundamental dalam upaya pengendalian malaria karena berperan langsung dalam menurunkan angka kesakitan dan kematian[4].

Metode diagnosis standar emas malaria adalah pemeriksaan mikroskopis apusan darah tebal dan tipis yang diwarnai Giemsa. Teknik ini memungkinkan identifikasi spesies, penghitungan parasitemia, dan penentuan tahap perkembangan parasit. Namun, metode ini memiliki sejumlah keterbatasan, antara lain ketergantungan tinggi pada keahlian analis, waktu pemeriksaan yang lama, serta potensi subjektivitas hasil antar pengamat. Selain itu, distribusi

tenaga ahli mikroskopis tidak merata, terutama di daerah endemis pedesaan. Keterbatasan tersebut menimbulkan kebutuhan akan sistem diagnosis alternatif yang lebih objektif, efisien, dan mudah diterapkan.

Standar emas (gold standard) diagnosis malaria adalah pemeriksaan mikroskopis apusan darah tebal dan tipis yang diwarnai dengan Giemsa. Metode ini memungkinkan identifikasi spesies parasit, kuantifikasi parasitemia, dan staging perkembangan parasit. Namun, implementasi di lapangan menghadapi sejumlah keterbatasan kritis. Pertama, kualitas diagnosis sangat bergantung pada keahlian dan pengalaman mikroskopis, yang memerlukan training ekstensif dan praktik berkelanjutan[5]. Kedua, proses pemeriksaan memakan waktu signifikan, berkisar 20-30 menit per sampel untuk pemeriksaan komprehensif, yang menjadi bottleneck dalam situasi high-throughput screening[6]. Ketiga, interpretasi hasil bersifat subjektif dengan variabilitas inter-observer yang dapat mencapai 10-15%, terutama pada kasus dengan parasitemia rendah[7]. Keempat, terdapat ketimpangan distribusi tenaga mikroskopis terlatih, di mana kompetensi dan ketersediaan petugas lebih banyak terkonsentrasi pada fasilitas kesehatan perkotaan, sedangkan fasilitas primer di wilayah rural-endemis menghadapi keterbatasan tenaga ahli, pelatihan berkelanjutan, dan dukungan kualitas, sehingga menurunkan konsistensi diagnosis mikroskopis[8]. Kelima, fatigue effect pada mikroskopis dapat menurunkan akurasi diagnosis seiring bertambahnya jumlah sampel yang diperiksa[9]. Keterbatasan-keterbatasan ini menciptakan urgency untuk pengembangan sistem diagnostik alternatif yang objektif, konsisten, scalable, dan accessible.

Perkembangan teknologi kecerdasan buatan (Artificial Intelligence/AI), khususnya dalam ranah *deep learning* dan *computer vision*, telah memperkenalkan pola baru dalam analisis citra medis[10]. Arsitektur *Convolutional Neural Network* (CNN) memiliki kemampuan untuk mengekstraksi fitur visual secara bertingkat serta menunjukkan kinerja yang lebih unggul dibandingkan pendekatan dengan fitur manual[11]. Sejumlah penelitian juga telah mengonfirmasi efektivitas sistem *Computer-Aided Diagnosis* (CAD) berbasis *deep learning* dalam mendeteksi berbagai penyakit seperti kanker, kelainan kulit, dan gangguan pada retina[12]. Melatih CNN dari awal memerlukan dataset berlabel dalam jumlah besar dan sumber daya komputasi yang tinggi, yang sulit diperoleh pada bidang medis [13]. Oleh karena itu, *transfer learning* menjadi solusi efektif dengan memanfaatkan model CNN pra-latih [14], seperti ResNet atau Inception, yang telah dilatih pada dataset besar seperti ImageNet [15]. Penelitian mengenai deteksi malaria berbasis kecerdasan buatan menunjukkan kemajuan yang sangat pesat, baik di tingkat global maupun nasional dalam beberapa tahun terakhir.

Secara metodologis, berbagai studi konsisten menunjukkan bahwa Convolutional Neural Network (CNN) merupakan pendekatan yang efektif untuk mengenali pola morfologi parasit pada citra mikroskopis tanpa perlu proses ekstraksi fitur manual yang rumit. Ghosh et al. [16], misalnya, membandingkan sejumlah arsitektur CNN seperti VGG, ResNet, dan Inception, dan menemukan bahwa model-model tersebut mampu memberikan kinerja klasifikasi yang stabil dalam membedakan sel darah terinfeksi dan tidak terinfeksi.

Di Indonesia, penelitian terapan juga menunjukkan hasil yang menjanjikan. Beberapa studi melaporkan bahwa penggunaan teknik saliency dan tahapan pra-pemrosesan tertentu dapat meningkatkan akurasi klasifikasi pada dataset apusan darah lokal [17]. Selain itu, pendekatan berbasis augmentasi data dan optimasi preprocessing juga terbukti membantu meningkatkan ketahanan model terhadap variasi kualitas citra yang umum ditemukan di lapangan [18]. Tidak hanya terbatas pada klasifikasi, metode deteksi objek dan segmentasi modern seperti YOLOv5 dan Mask R-CNN mulai digunakan untuk mengotomatisasi proses identifikasi dan penghitungan parasit dalam satu bidang pandang mikroskopis. Pendekatan ini membuka peluang penerapan sistem diagnosis yang lebih cepat, konsisten, dan reproducible, termasuk untuk estimasi parasitemia secara otomatis [19].

Secara keseluruhan, temuan-temuan tersebut menunjukkan bahwa kombinasi arsitektur CNN yang matang, strategi augmentasi dan preprocessing yang tepat, serta integrasi metode deteksi maupun segmentasi memberikan arah yang sangat menjanjikan dalam pengembangan sistem diagnosis malaria otomatis yang akurat dan siap diterapkan di lingkungan klinis. Penelitian yang dilakukan oleh Alnussairi dan Ibrahim (2022) mengevaluasi sejumlah model deep learning pra-latih untuk mendeteksi malaria pada citra mikroskopis darah, yaitu VGG19, ResNet50, dan MobileNetV2[20]. Temuan mereka menunjukkan bahwa metode transfer learning dengan arsitektur CNN modern mampu mencapai akurasi deteksi yang sangat baik, bahkan ketika jumlah data terbatas. Hasil ini semakin menegaskan bahwa CNN merupakan pendekatan yang efektif untuk tugas klasifikasi citra malaria. Namun demikian, sebagian besar riset sebelumnya masih memusatkan perhatian pada penggunaan CNN secara end-to-end atau menggombinasikannya dengan classifier yang sederhana. Studi yang mengeksplorasi integrasi CNN dengan algoritma machine learning klasik seperti Support Vector Machine (SVM) masih relatif jarang, meskipun SVM dengan kernel non-linear diketahui memiliki kemampuan generalisasi yang kuat pada ruang fitur berdimensi tinggi.

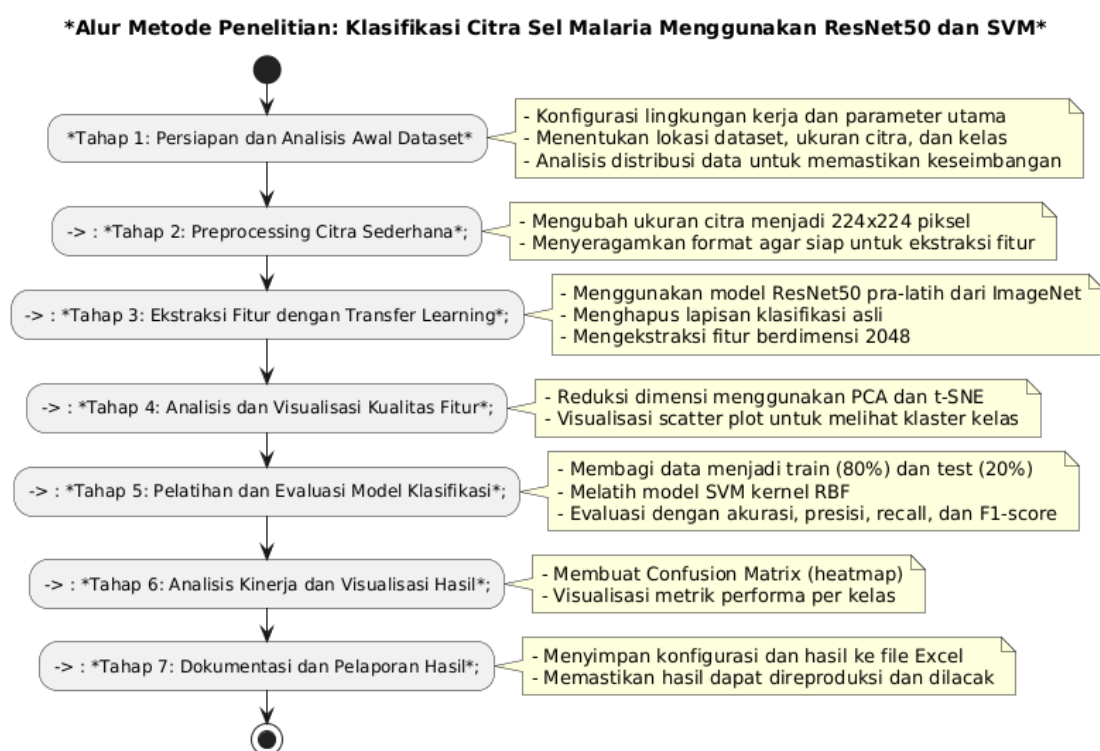
Berdasarkan dari celah penelitian tersebut, studi ini berupaya mengkaji performa dan efisiensi model hibrida ResNet50–SVM dalam mengklasifikasikan sel darah terinfeksi malaria. Pendekatan yang digunakan meliputi ekstraksi fitur menggunakan ResNet50, yang selanjutnya diklasifikasikan dengan SVM. Evaluasi dilakukan berdasarkan metrik akurasi, presisi, recall, F1-score, serta analisis confusion matrix untuk memahami pola kesalahan secara lebih detail. Kontribusi utama penelitian ini mencakup penerapan metode hibrida yang memadukan deep learning dan machine learning klasik, pengembangan kerangka evaluasi yang komprehensif, serta penyediaan wawasan praktis yang dapat mendukung pengembangan sistem Computer-Aided Diagnosis (CAD) malaria yang efisien dan dapat diterapkan pada fasilitas kesehatan dengan sumber daya terbatas.

2. METODOLOGI PENELITIAN

Metodologi penelitian ini dirancang untuk melakukan klasifikasi sel darah yang terinfeksi malaria dan yang tidak terinfeksi menggunakan gambar mikroskopis. Pendekatan yang digunakan adalah mengkombinasikan model deep learning pra-terlatih untuk ekstraksi fitur dan algoritma Support Vector Machine (SVM) untuk klasifikasi akhir.

2.1 Tahapan Penelitian

Berdasarkan Gambar 1, penelitian ini dilakukan melalui tujuh tahapan yang saling berkaitan. Tahap pertama adalah persiapan dan analisis awal dataset dengan menetapkan parameter seperti ukuran citra, kelas, dan distribusi data untuk memastikan keseimbangan antar kelas. Tahap kedua melakukan preprocessing citra melalui penyeragaman ukuran menjadi 224×224 piksel agar siap diproses model. Tahap ketiga menggunakan transfer learning dengan ResNet50 sebagai ekstraktor fitur untuk menghasilkan representasi vektor berdimensi 2048. Tahap keempat menganalisis kualitas fitur menggunakan PCA dan t-SNE untuk melihat pemisahan antar kelas secara visual. Tahap kelima melatih model SVM dengan kernel RBF menggunakan data latih dan mengujinya pada data uji. Tahap keenam mengevaluasi performa model melalui confusion matrix serta visualisasi metrik seperti presisi, recall, dan F1-score. Tahap ketujuh mendokumentasikan seluruh hasil, konfigurasi, dan evaluasi model ke dalam file Excel agar penelitian dapat direproduksi dan dilaporkan secara sistematis.



Gambar 1. Tahapan Penelitian

2.2 Pengumpulan Data

Dataset yang digunakan dalam penelitian ini merupakan dataset citra sel malaria yang tersedia secara publik melalui platform Kaggle, dengan total sebanyak 27.575 gambar sel darah yang terbagi ke dalam dua kelas, yaitu *Parasitized* (sel terinfeksi parasit) dan *Uninfected* (sel tidak terinfeksi). Struktur dataset telah diatur dalam dua direktori terpisah sesuai dengan masing-masing kelas untuk mempermudah proses pelabelan secara otomatis. Pada tahap pemuatan data, sistem membaca seluruh path citra dan menetapkan label yang sesuai berdasarkan direktori asalnya. Selain itu, proses validasi dilakukan untuk memastikan bahwa struktur folder, termasuk direktori utama dan sub-direktorinya, telah lengkap dan sesuai sebelum data digunakan pada tahap pemrosesan selanjutnya.

2.3 Preprocessing Data

Tahap ini dilakukan untuk memastikan seluruh citra memiliki format yang konsisten sebelum diproses lebih lanjut. Proses diawali dengan penyeragaman ukuran seluruh gambar menjadi 224×224 piksel. Pemilihan ukuran ini bukan tanpa alasan, karena resolusi tersebut merupakan standar input yang digunakan pada arsitektur *ResNet50*, sehingga diperlukan penyesuaian agar proses ekstraksi fitur dapat berjalan optimal. Selain penyesuaian ukuran, dilakukan juga pengecekan terhadap kondisi file. Apabila ditemukan gambar yang rusak, tidak dapat dibaca, atau tidak dikenali sebagai file citra, maka file tersebut dilewati. Langkah ini penting agar proses pada tahap berikutnya tidak terhambat akibat adanya *error* yang berasal dari file yang tidak valid.

2.4 Analisis dan Visualisasi Data Awal

Sebelum melakukan pemodelan, dilakukan analisis eksplorasi data untuk memahami karakteristik dataset.

- Visualisasi Sampel: Beberapa contoh gambar dari setiap kelas divisualisasikan, baik dalam ukuran asli maupun setelah diubah ukurannya. Ini bertujuan untuk memberikan gambaran visual mengenai data yang digunakan.
- Analisis Distribusi Kelas: Dilakukan perhitungan jumlah gambar untuk setiap kelas untuk memeriksa keseimbangan dataset. Keseimbangan kelas penting untuk memastikan model tidak cenderung bias ke kelas mayoritas. Hasilnya divisualisasikan menggunakan diagram batang.

2.5 Ekstraksi Fitur Menggunakan Resnet50

Inti dari pendekatan ini adalah menggunakan transfer learning untuk mengekstrak fitur-fitur penting dari gambar tanpa harus melatih jaringan saraf dari awal.

- Model Pra-trlatih: Model yang digunakan adalah ResNet50 yang telah dilatih sebelumnya pada dataset ImageNet. Bobot 'imagenet' yang sudah ada diasumsikan telah mempelajari fitur-fitur visual yang kaya dan relevan. Arsitektur ResNet50 terkenal karena kemampuannya melatih jaringan yang sangat dalam secara efektif melalui penggunaan residual block. Blok ini mengatasi masalah vanishing gradient dengan mempelajari fungsi residual melalui shortcut connection, yang secara matematis didefinisikan sebagai:

$$y = F(x, \{W_{ij}\}) + x \quad (1)$$

Di mana x adalah input ke blok, F adalah pemetaan residual yang dipelajari oleh lapisan konvolusi, dan y adalah output.

- Modifikasi Arsitektur: Lapisan klasifikasi terakhir (*fully-connected layer*) dari ResNet50 dihilangkan (`include_top=False`), dan sebagai gantinya, output diambil dari lapisan *Global Average Pooling* (GAP) (`pooling='avg'`). Lapisan GAP mengubah *feature map* akhir berdimensi ($H \times W \times D$) menjadi vektor fitur berdimensi D (2048 untuk ResNet50) dengan menghitung rata-rata nilai dari setiap *channel*. Proses ini dirumuskan sebagai:

$$GAP_d = \left(\frac{1}{H \times W} \right) \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W f_{i,j,d} \quad (2)$$

- Proses Ekstraksi: Setiap gambar yang telah diubah ukurannya dimasukkan ke dalam model ResNet50 yang telah dimodifikasi. Vektor fitur yang dihasilkan oleh model kemudian disimpan. Fungsi `preprocess_input` dari Keras diterapkan pada setiap gambar untuk normalisasi sesuai dengan yang dibutuhkan oleh ResNet50.

2.6 Analisis dan Visualisasi Fitur

Untuk mengevaluasi kualitas fitur yang diekstraksi, dilakukan reduksi dimensi agar dapat divisualisasikan dalam ruang 2D.

- Principal Component Analysis* (PCA): PCA digunakan untuk mereduksi dimensi vektor fitur menjadi dua komponen utama.
- t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding* (t-SNE): t-SNE juga digunakan sebagai teknik reduksi dimensi non-linear alternatif untuk memvisualisasikan pengelompokan data.
- Tujuan Visualisasi: Plot sebar (scatter plot) dari hasil PCA dan t-SNE dianalisis. Jika kelas '*Parasitized*' dan '*Uninfected*' membentuk kluster yang terpisah dengan baik pada plot 2D, ini mengindikasikan bahwa fitur yang diekstraksi oleh ResNet50 berkualitas tinggi dan diskriminatif.

2.7 Pemodelan Klasifikasi Menggunakan SVM

Setelah fitur diekstraksi, tugas klasifikasi dilakukan menggunakan model *machine learning* tradisional yang efisien

- Pembagian Dataset: Dataset fitur (X) dan label (y) dibagi menjadi data latih (*training set*) dan data uji (*testing set*) dengan proporsi 80% untuk data latih dan 20% untuk data uji. Pembagian dilakukan secara *stratified* (`stratify=y`) untuk memastikan proporsi kelas pada data latih dan data uji sama dengan proporsi pada dataset keseluruhan.
- Model Klasifikasi: Algoritma *Support Vector Machine* (SVM) dipilih sebagai model klasifikasi. SVM bekerja dengan menemukan *hyperplane* optimal yang memaksimalkan margin atau jarak antara titik data dari kelas yang berbeda. Untuk data yang tidak dapat dipisahkan secara linier, SVM menggunakan *kernel trick*. Dalam penelitian ini, digunakan kernel *Radial Basis Function* (RBF), yang didefinisikan oleh persamaan:

$$K(x_i, x_j) = \exp\left(-\gamma * \left(\|x_i - x_j\|^2\right)\right) \quad (3)$$

- Pelatihan Model: Model SVM dilatih menggunakan data latih (X_{train} dan y_{train}).

2.8 Evaluasi Model

Tahap evaluasi dilakukan untuk mengukur kinerja model dalam mendeteksi citra sel darah yang terinfeksi malaria. Evaluasi dilakukan terhadap data uji (*testing set*) yang tidak digunakan selama proses pelatihan untuk memastikan generalisasi model. Beberapa metrik evaluasi yang digunakan antara lain *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score*.

Selain itu, *confusion matrix* juga digunakan untuk menggambarkan distribusi hasil klasifikasi antara kelas positif (terinfeksi) dan negatif (normal). Rumus dasar dari masing-masing metrik dijabarkan sebagai berikut:

a. Akurasi: Proporsi total prediksi yang correct:

$$\text{Accuracy} = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} \quad (4)$$

b. Presisi: Proporsi positive predictions yang benar:

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP} \quad (5)$$

c. Recall (Sensitivity): Proporsi actual positives yang correctly identified:

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP+FN} \quad (6)$$

d. F1-Score: Harmonic mean dari precision dan recall:

$$\text{F1-Score} = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (7)$$

TP (*True Positive*) merupakan kondisi ketika citra terinfeksi berhasil terdeteksi dengan benar, sedangkan TN (*True Negative*) menunjukkan citra normal yang teridentifikasi secara tepat sebagai non-terinfeksi. Sebaliknya, FP (*False Positive*) terjadi ketika citra normal salah diklasifikasikan sebagai terinfeksi, dan FN (*False Negative*) menunjukkan kondisi ketika citra terinfeksi justru salah terdeteksi sebagai citra normal.

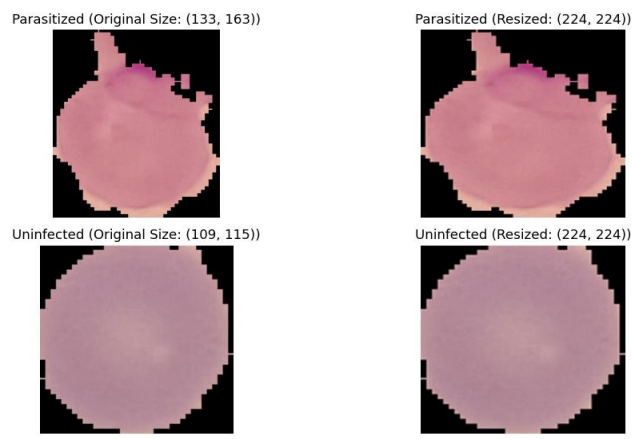
Tahap evaluasi ini memberikan gambaran objektif mengenai performa sistem yang diusulkan serta menjadi dasar untuk membandingkan efektivitas metode ResNet50 + SVM dengan pendekatan lain yang telah digunakan dalam penelitian terdahulu.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Hasil Analisis Awal Dataset

Fondasi dari setiap model machine learning yang andal adalah data yang berkualitas. Oleh karena itu, tahap awal dalam hasil penelitian ini berfokus pada analisis mendalam terhadap dataset yang digunakan.

Penelitian ini menggunakan dataset publik dari National Institutes of Health (NIH), yang terdiri dari total 27.575 citra sel darah tipis yang telah diwarnai Giemsa. Analisis distribusi kelas menunjukkan bahwa dataset ini memiliki keseimbangan yang hampir sempurna antara kedua kategori. Terdapat 13.788 citra untuk kelas '*Parasitized*' dan 13.787 citra untuk kelas '*Uninfected*'. Keseimbangan ini merupakan properti yang sangat diinginkan dalam tugas klasifikasi, karena secara signifikan mengurangi risiko model bias. Model yang dilatih pada dataset yang tidak seimbang cenderung mengembangkan preferensi untuk kelas mayoritas, yang dapat menghasilkan akurasi yang tinggi namun menyesatkan, sementara kinerjanya pada kelas minoritas sangat buruk. Dengan dataset yang seimbang, model dipaksa untuk mempelajari fitur-fitur pembeda yang sebenarnya dari kedua kelas, bukan hanya mengandalkan frekuensi kemunculan.



Gambar 2. Hasil *Resizing*

Berdasarkan Gambar 2, terlihat bahwa proses *resizing* mengubah ukuran citra asli menjadi ukuran seragam 224×224 piksel. Langkah ini dilakukan agar seluruh citra memiliki dimensi yang konsisten sebelum memasuki tahap ekstraksi fitur dan pelatihan model. Pada gambar tersebut, citra dari kelas *Parasitized* dan *Uninfected* ditampilkan dalam kondisi sebelum dan sesudah proses *resizing* untuk memberikan perbandingan visual terhadap perubahan yang terjadi. Penyeragaman ukuran ini bertujuan untuk memastikan bahwa variabilitas resolusi citra tidak memengaruhi proses pembelajaran model.

Sesuai dengan praktik standar dalam validasi model *machine learning*, dataset yang telah dilakukan preprocessing kemudian dibagi menjadi dua bagian yang independen, yaitu data pelatihan (*training set*) dan data pengujian (*testing set*). Pembagian dilakukan dengan rasio 80:20, yang berarti 80% dari data digunakan untuk melatih model, dan 20% sisanya disimpan secara eksklusif untuk evaluasi akhir. Pembagian ini menghasilkan 22.060 citra untuk data latih dan 5.515 citra untuk data uji. Proses pemisahan dataset menggunakan teknik *stratified sampling* untuk memastikan bahwa proporsi distribusi kelas tetap seimbang baik pada data pelatihan maupun data pengujian, sehingga model tidak mengalami bias dalam proses klasifikasi.

3.2.1 Pra-pemrosesan dan Standarisasi Citra

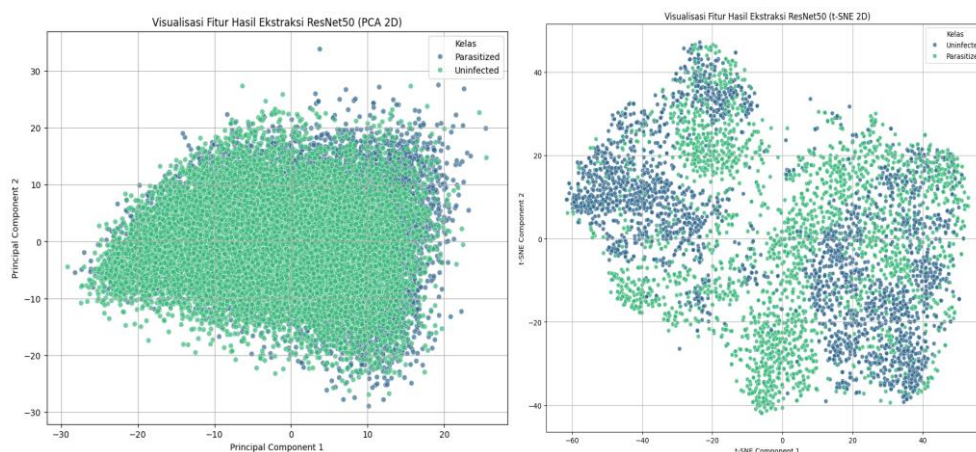
Citra dalam dataset asli memiliki dimensi yang bervariasi. Untuk dapat diproses oleh arsitektur *deep learning*, diperlukan input dengan ukuran yang seragam. Setiap citra dalam dataset, baik untuk pelatihan maupun pengujian, diubah ukurannya menjadi 224x224 piksel. Ukuran ini tidak dipilih secara acak; ukuran ini merupakan dimensi input standar untuk arsitektur ResNet50 yang telah dilatih pada dataset ImageNet. Menyesuaikan citra dengan ukuran ini memastikan bahwa fitur-fitur yang dipelajari oleh model ResNet50 dapat diterapkan secara efektif pada data malaria. Proses pra-pemrosesan ini juga mencakup normalisasi nilai piksel menggunakan fungsi `preprocess_input` dari Keras, yang menyesuaikan rentang nilai piksel agar sesuai dengan cara model ResNet50 dilatih, sebuah langkah krusial untuk performa yang optimal.

3.2 Hasil Ekstraksi dan Visualisasi Fitur

Ekstraksi fitur dilakukan menggunakan arsitektur ResNet50 tanpa lapisan klasifikasi akhir (`include_top=False`). Setiap citra input berukuran 224x224 piksel diubah menjadi representasi numerik berdimensi 2048 fitur. Representasi ini mengandung pola visual penting seperti tekstur sel, distribusi piksel, kerusakan membran, hingga struktur yang menyerupai parasit Plasmodium. Tahapan ini memastikan bahwa informasi visual yang relevan dapat ditangkap secara efektif sebelum masuk ke proses klasifikasi.

Untuk menilai kualitas fitur yang dihasilkan, dilakukan visualisasi reduksi dimensi menggunakan dua metode, yaitu:

- Principal Component Analysis (PCA):** Visualisasi PCA menunjukkan dua kelompok titik data yang sebagian besar terpisah. Ini mengindikasikan bahwa bahkan dengan teknik reduksi dimensi linier sederhana, varians terbesar dalam data sudah cukup untuk membedakan kedua kelas. Adanya sedikit tumpang tindih antar kluster juga memberikan petunjuk realistis bahwa tugas klasifikasi ini tidak sepele dan akan ada beberapa kasus yang ambigu, terutama pada citra dengan kualitas rendah atau karakteristik border parasit yang tidak jelas.
- t-Distributed Stochastic Neighbor Embedding* (t-SNE):** Visualisasi t-SNE, yang merupakan teknik non-linier, menunjukkan pemisahan kluster yang lebih jelas dan lebih padat. Kluster untuk kelas 'Parasitized' dan 'Uninfected' tampak lebih terkonsentrasi dan terdefinisi dengan baik. Hal ini mengonfirmasi bahwa dalam ruang fitur berdimensi tinggi, sampel dari kelas yang sama memang berada berdekatan satu sama lain, sementara sampel dari kelas yang berbeda berada berjauhan.



Gambar 3. Hasil Visualisasi Fitur PCA & t-SNE

Berdasarkan Gambar 3, Hasil visualisasi menunjukkan bahwa kedua kelas data membentuk kelompok (cluster) yang cukup jelas terpisah pada ruang dua dimensi. PCA menghasilkan pemisahan linear yang relatif general, sementara t-SNE menghasilkan cluster yang lebih kompak dan terpisah dengan jelas. Meski terdapat beberapa area tumpang tindih, pola distribusi menunjukkan bahwa fitur hasil ekstraksi memiliki kemampuan diskriminatif yang kuat dan layak digunakan oleh model klasifikasi berbasis SVM. Secara keseluruhan, visualisasi tersebut memberikan indikasi awal bahwa pipeline ekstraksi fitur bekerja sebagaimana mestinya dan berhasil mentransformasikan citra ke representasi numerik yang bermakna, sehingga memberikan dasar kuat untuk proses pelatihan model pada tahapan selanjutnya. Visualisasi tersebut memberikan indikasi awal bahwa pipeline ekstraksi fitur bekerja sebagaimana mestinya dan telah berhasil mentransformasikan citra ke representasi numerik yang bermakna.

3.3 Hasil Evaluasi Kinerja Model

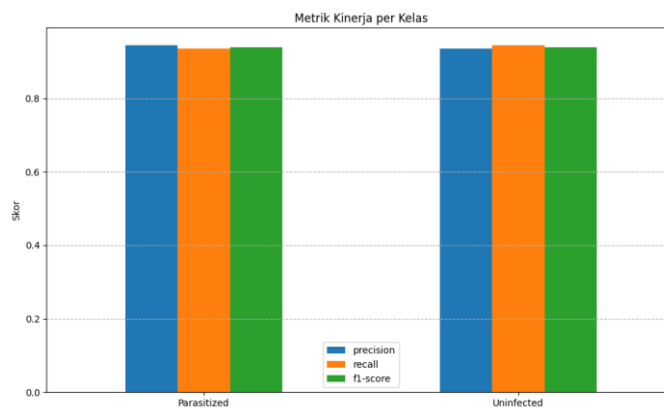
Model SVM dengan kernel RBF dilatih menggunakan 22.060 sampel data latih dan kemudian dievaluasi kinerjanya pada 5.515 sampel data uji yang belum pernah dilihat sebelumnya. Hasil evaluasi menunjukkan bahwa model memiliki kinerja yang baik dan andal.

Akurasi total yang dicapai oleh model pada data uji adalah 93.94%. Rincian metrik kinerja untuk setiap kelas disajikan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Evaluasi Kinerja Model SVM

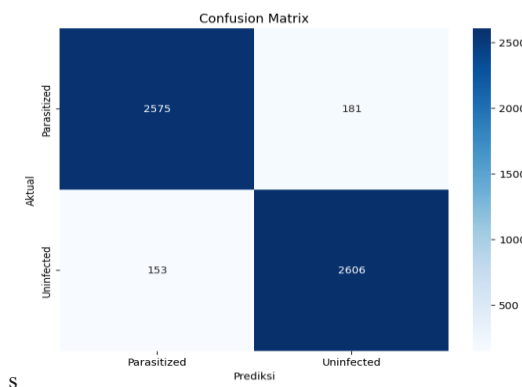
Kelas	Presisi	Recall	F1-Score	Jumlah
<i>Parasitized</i>	0.94	0.93	0.94	2756
<i>Uninfected</i>	0.94	0.94	0.94	2759
Rata-rata	0.94	0.94	0.94	5515
Akurasi Total				93.94%

- Presisi (Precision): Nilai presisi 0.94 untuk kedua kelas menunjukkan tingkat keandalan prediksi positif yang tinggi. Misalnya, untuk kelas '*Parasitized*', ini berarti bahwa ketika model memprediksi sebuah sel terinfeksi, prediksi tersebut benar sebanyak 94% dari waktu. Ini penting untuk meminimalkan diagnosis positif palsu.
- Daya Ingat (*Recall/Sensitivity*): Nilai recall 0.93 untuk '*Parasitized*' berarti model berhasil mengidentifikasi 93% dari semua sel yang benar-benar terinfeksi dalam data uji. Untuk kelas '*Uninfected*', recall 0.94 berarti model berhasil mengidentifikasi 94% dari semua sel yang benar-benar sehat. Recall adalah metrik kritis dalam konteks medis, terutama untuk kelas '*Parasitized*', karena nilai yang tinggi berarti meminimalkan kasus infeksi yang terlewatkan.
- F1-Score: F1-score, yang merupakan rata-rata harmonik dari presisi dan recall, memberikan ukuran tunggal yang menyeimbangkan kedua metrik tersebut. Nilai 0.94 yang konsisten untuk kedua kelas menunjukkan bahwa model mencapai keseimbangan yang sangat baik antara tidak membuat klaim positif palsu dan tidak melewatkan kasus positif yang sebenarnya.



Gambar 4. Visualisasi Metrik Kinerja Model per Kelas

Seperti yang sudah ditunjukkan pada Gambar 4, Grafik ini memperlihatkan perbandingan nilai precision, recall, dan f1-score pada masing-masing kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Secara umum, ketiga metrik tersebut menunjukkan pola yang stabil dengan nilai di atas 0.93. Hal ini mengindikasikan bahwa model mampu mengenali kedua kategori dengan tingkat akurasi yang konsisten dan tanpa bias signifikan terhadap salah satu kelas. Untuk analisis pola kesalahan yang lebih mendetail, disajikan *confusion matrix* pada Gambar 5.



Gambar 5. Confusion Matrix

Confusion matrix pada Gambar 5 memberikan visualisasi langsung dari distribusi prediksi benar dan salah. Berdasarkan nilai recall dan support dari Tabel 1, angka-angka absolut dapat dihitung sebagai berikut:

- True Positive* (TP): Sekitar 2563 sel '*Parasitized*' berhasil diprediksi dengan benar (berdasarkan recall 0.93 untuk 2756 sampel).
- True Negative* (TN): Sekitar 2593 sel '*Uninfected*' berhasil diprediksi dengan benar (berdasarkan recall 0.94 untuk 2759 sampel).
- False Positive* (FP): Sekitar 166 sel '*Uninfected*' salah diklasifikasikan sebagai '*Parasitized*'.
- False Negative* (FN): Sekitar 193 sel '*Parasitized*' salah diklasifikasikan sebagai '*Uninfected*'.

Temuan ini menunjukkan bahwa meskipun model bekerja dengan baik, masih terdapat area yang dapat diperbaiki, terutama dalam mengurangi *false negative*, karena kesalahan ini sangat kritis dalam evaluasi klinis.

3.4 Pembahasan

Hasil penelitian menunjukkan bahwa model hibrida ResNet50-SVM mampu mengklasifikasikan sel darah terinfeksi malaria dengan kinerja yang kuat, mencapai akurasi 93.94%. Keberhasilan ini didasarkan pada sinergi antara dua komponen utama: kekuatan representasi fitur dari *deep learning* dan efisiensi klasifikasi dari *machine learning* klasik.

- Pertama, peran ResNet50 sebagai ekstraktor fitur yang andal. Dengan memanfaatkan pengetahuan yang telah dipelajari dari dataset ImageNet, ResNet50 mampu menghasilkan vektor fitur yang kaya akan informasi visual diskriminatif. Hal ini terbukti dari kemampuan fitur tersebut untuk membentuk kluster yang terpisah pada visualisasi PCA dan t-SNE, yang secara efektif menyederhanakan tugas klasifikasi.
- Kedua, efektivitas SVM dalam ruang fitur berdimensi tinggi. Setelah menerima vektor fitur 2048 dimensi, SVM dengan kernel RBF berhasil membangun batas keputusan non-linier yang kompleks untuk memisahkan kedua kelas. Pendekatan ini lebih efisien secara komputasi dibandingkan dengan melatih ulang seluruh lapisan *fully-connected* pada model *deep learning*, menjadikannya solusi yang praktis.
- Analisis Kesalahan (*Error Analysis*), Meskipun berkinerja tinggi, tidak ada model yang sempurna. Analisis terhadap 193 kasus *False Negative* (FN) dan 166 kasus *False Positive* (FP) sangat penting untuk memahami batasan sistem dan implikasi klinisnya. Investigasi Kesalahan FN, di mana infeksi terlewatkan, adalah yang paling kritis dari perspektif klinis karena dapat menyebabkan diagnosis tertunda. Ada beberapa hipotesis untuk kesalahan ini:

- Parasitemia Rendah: Citra mungkin hanya berisi satu parasit yang sangat kecil atau pada tahap awal (misalnya, *ring stage*) yang secara visual sulit dibedakan dari artefak kecil lainnya.
- Kualitas Citra: Beberapa citra dalam dataset mungkin memiliki masalah fokus, pencahayaan yang tidak merata, atau pewarnaan yang buruk, yang mengaburkan fitur-fitur penting dari parasit.
- Lokasi Parasit: Parasit mungkin tumpang tindih dengan inti sel darah merah atau berada di tepi sel, membuatnya lebih sulit untuk diidentifikasi oleh model.

Investigasi *False Positives* (FP): Kesalahan FP, di mana sel sehat diberi label terinfeksi, kurang berbahaya secara klinis tetapi dapat menyebabkan tes konfirmasi yang tidak perlu. Kemungkinan penyebabnya meliputi:

- Artefak Pewarnaan: Presipitasi dari pewarna Giemsa dapat menciptakan bintik-bintik gelap kecil di dalam sel yang secara visual meniru parasit.
 - Trombosit yang Tumpang Tindih: Trombosit (platelet) yang secara kebetulan menempel di atas sel darah merah dapat disalahartikan sebagai parasit.
 - Inklusi Seluler Lainnya: Kehadiran badan Howell-Jolly atau inklusi non-parasitik lainnya dapat membingungkan model.
- d. Hasil perbandingan dengan penelitian terdahulu menunjukkan bahwa model hibrida ResNet50-SVM dalam penelitian ini mencapai akurasi 93,94%, yang kompetitif dengan berbagai studi terkait deteksi malaria berbasis citra. Yohannes et al. [17] melaporkan bahwa metode CNN berbasis saliency mampu menghasilkan akurasi 97,68%, menjadi salah satu performa tertinggi pada penelitian deteksi parasit Plasmodium. Pada studi lain, Gatc dan Maspiyanti [18] menunjukkan bahwa CNN standar tetap efektif dengan akurasi 94,72% pada citra mikroskopis sel darah merah. Selain itu, Alnussairi dan Ibrahim [20] mencatat bahwa algoritma CNN modern mencapai akurasi sekitar 95%, menegaskan konsistensi performa model deep learning pada domain citra medis. Sementara itu, penelitian Ghosh et al. [16] serta Ouedraogo et al. [19] memperkuat validitas deep learning dalam diagnosis malaria meskipun tidak melaporkan nilai akurasi spesifik. Secara keseluruhan, performa ResNet50-SVM berada pada rentang kinerja yang kompetitif dan menawarkan alternatif yang efisien untuk klasifikasi malaria berbasis citra sel darah

4. KESIMPULAN

Penelitian ini telah berhasil mencapai tujuan utamanya, yaitu menganalisis performa model hibrida ResNet50–Support Vector Machine (SVM) dalam mengklasifikasikan citra sel darah terinfeksi malaria secara otomatis. Berdasarkan hasil pengujian, model mampu mencapai akurasi sebesar 93,94%, dengan nilai presisi, recall, dan F1-score yang konsisten di kisaran 94% pada kedua kelas, yaitu *Parasitized* dan *Uninfected*. Konsistensi nilai metrik ini menunjukkan bahwa model tidak hanya akurat, tetapi juga seimbang dalam mengenali baik kelas positif maupun negatif tanpa

menunjukkan kecenderungan bias terhadap salah satu kategori. Kinerja yang dicapai membuktikan bahwa pendekatan hibrida antara deep learning dan machine learning klasik menawarkan hasil yang kompetitif. ResNet50 melalui mekanisme *transfer learning* terbukti efektif dalam mengekstraksi fitur tingkat lanjut dari citra mikroskopis, menghasilkan representasi vektor berdimensi tinggi yang informatif. Selanjutnya, algoritma SVM dengan kernel RBF mampu memanfaatkan representasi tersebut untuk melakukan pemisahan kelas secara optimal di ruang fitur non-linear. Kombinasi kedua metode ini menegaskan pentingnya integrasi teknik modern berbasis representasi visual mendalam dengan algoritma pembelajaran konvensional yang matang dan efisien. Secara keseluruhan, model ResNet50–SVM menunjukkan potensi yang besar sebagai fondasi untuk pengembangan sistem Computer-Aided Diagnosis (CAD) malaria. Dengan performa yang kompetitif, sistem ini dapat digunakan sebagai alat bantu diagnosis yang objektif, cepat, dan andal, terutama di fasilitas kesehatan yang memiliki keterbatasan tenaga ahli mikroskopis. Implementasi berkelanjutan dari sistem deteksi otomatis ini diharapkan dapat meningkatkan akurasi diagnosis di lapangan, mempercepat proses pengambilan keputusan klinis, dan turut mendukung upaya eliminasi malaria di Indonesia pada masa mendatang.

REFERENCES

- [1] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, *Kasus Malaria di Indonesia* [Internet]. Jakarta: Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit, 2024. [Diakses: 17 Nov 2025]. Tersedia: <https://malaria.kemkes.go.id/case>
- [2] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, *Strategi Nasional Eliminasi Malaria di Indonesia 2021–2025*. Jakarta: Ditjen P2P, 2022.
- [3] D. Suryadi, A. Wibowo, dan T. Nugraha, “Hubungan Jenis *Plasmodium falciparum* dan *Plasmodium vivax* Dengan Kejadian Anemia Pada Pasien Malaria,” *Jurnal Sains dan Kesehatan*, vol. 3, no. 2, pp. 233–240, 2021, doi: 10.25026/jsk.v3i2.283.
- [4] World Health Organization, *WHO Guidelines for Malaria*. Geneva, Switzerland: WHO, 2021. [Online]. Tersedia: <https://www.who.int/publications/i/item/guidelines-for-malaria>. (Diakses: 1 Desember 2025).
- [5] N. W. Lucchi et al., “Malaria Diagnostics and Surveillance in the 21st Century,” *Journal of Infectious Diseases*, vol. 223, no. Suppl 2, pp. S119–S128, 2021. doi: 10.1093/infdis/jiab017.
- [6] A. C. Nundo, B. C. Mpondo, and L. E. Mboera, “Challenges in Microscopy Diagnosis of Malaria in Sub-Saharan Africa,” *Malaria Journal*, vol. 22, pp. 1–11, 2023. doi: 10.1186/s12936-023-04561-9.
- [7] A. D. Mebratie et al., “Inter-Rater Reliability of Malaria Microscopy in Ethiopia,” *Malaria Journal*, vol. 20, p. 324, 2021. doi: 10.1186/s12936-021-03855-3.
- [8] V. Mantayborbir, F. A. Izaac, D. Y. P. Runtuboi, Y. M. Numberi, dan E. Indrayani, *Membangun Kesehatan Masyarakat Papua melalui Budidaya Perairan Berkelanjutan*. Medan: PT Media Penerbit Indonesia, 2025.
- [9] G. Mtove et al., “The Role of Microscopist Fatigue in Diagnostic Errors,” *Journal of Clinical Microbiology*, vol. 59, no. 8, pp. 1–7, 2021. doi: 10.1128/JCM.00412-21.
- [10] L. Alzubaidi et al., “Review of Deep Learning: Concepts, Applications, and Challenges,” *Journal of Big Data*, vol. 8, p. 53, 2021. doi: 10.1186/s40537-021-00444-8.
- [11] E. J. Topol, “The AI Revolution in Medicine,” *Science*, vol. 381, no. 6658, pp. s608–609, 2023. doi: 10.1126/science.adg2451.
- [12] M. Talo, “Deep Learning in Medical Imaging,” *Artificial Intelligence in Medicine*, vol. 125, p. 102224, 2022. doi: 10.1016/j.artmed.2022.102224.
- [13] M. A. Morid, A. Borjali, and G. Del Fiore, “A Scoping Review of Transfer Learning in Medical Image Analysis,” *Journal of the American Medical Informatics Association*, vol. 28, no. 6, pp. 1335–1345, 2021. doi: 10.1093/jamia/ocab072.
- [14] A. P. Ningrum, S. Winarno, dan V. Praskatama, “Klasifikasi Kualitas Biji Kedelai Menggunakan Transfer Learning Convolutional Neural Network Dan SMOTE,” *J. Appl. Comput. Sci. Technol.*, vol. 5, no. 2, pp. 155–164, Dec. 2024, doi: 10.52158/jacost.v5i2.1002.
- [15] Falahkhi, B., Achmal, E. F., Rizaldi, M., Athallah, R. R. R., & Yudistira, N., “Perbandingan Model AlexNet dan ResNet dalam Klasifikasi Citra Bunga Mamanfaatkan Transfer Learning,” *Jurnal Ilmu Komputer dan Agri-Informatika*, vol. 9, no. 1, pp. 70–78, 2022, doi: 10.29244/jika.9.1.70-78.
- [16] H. Ghosh, I. S. Rahat, J. V. R. Ravindra, B. J., M. A. U. Khan, dan J. Somasekar, “Convolutional Neural Networks in Malaria Diagnosis: A Study on Cell Image Classification,” *EAI Endorsed Transactions on Pervasive Health and Technology*, 2021. doi: 10.4108/eetpht.10.5551.
- [17] Y. Yohannes, S. Devella, dan K. Arianto, “Deteksi Penyakit Malaria Menggunakan Convolutional Neural Network Berbasis Saliency,” *JUITA: Jurnal Informatika*, vol. 8, no. 1, 2023. doi: 10.30595/juita.v8i1.6671.
- [18] J. Gate dan F. Maspiyanti, “Prediction of Plasmodium Parasites on Microscopic Image of Red Blood Cells with Convolutional Neural Networks,” *Jurnal Buana Informatika*, 2023. doi: 10.24002/jbi.v13i1.5007.
- [19] J. Ouedraogo, F. T. Guinko, dan K. K. Kabore, “Convolutional Neural Networks Deep Learning Based for Malaria Detection and Diagnosis,” *EAI Proceedings / EAI Endorsed Transactions*, 2024. doi: 10.4108/eai.18-12-2023.2348130.
- [20] M. H. D. Alnussairi and A. A. Ibrahim, “Malaria Parasite Detection Using Deep Learning Algorithms Based on CNNs Technique,” *Computers and Electrical Engineering*, vol. 101, p. 108108, 2022, doi: 10.1016/j.compeleceng.2022.108108.