

Klasifikasi Citra Sel Darah Terinfeksi Malaria Menggunakan Pendekatan Hybrid EfficientNetV2-S dan SVM Berbasis *Progressive Fine-Tuning*

Muhammad Ridho Habibie^{1*}, Christya Aji Putra², Yisti Vita Via³

¹Informatika/Fakultas Ilmu Komputer
Universitas Pembangunan Nasional
"Veteran" Jawa Timur

^{1*}22081010246@student.upnjatim.ac.id
(penulis korespondensi)

²Informatika/Fakultas Ilmu Komputer
Universitas Pembangunan Nasional
"Veteran" Jawa Timur

²ajiputra@upnjatim.ac.id

³Informatika/Fakultas Ilmu Komputer
Universitas Pembangunan Nasional
"Veteran" Jawa Timur

³yistivia.if@upnjatim.ac.id

Abstrak— Malaria tetap menjadi tantangan kesehatan global, sementara proses diagnosisnya masih bergantung pada analisis manual apusan darah tepi menggunakan mikroskop. Proses manual ini rentan terhadap kelelahan visual pemeriksa, sehingga dibutuhkan sistem deteksi otomatis yang cepat, akurat, namun tetap ringan secara komputasi untuk fasilitas dengan sumber daya terbatas. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi efektivitas kerangka kerja hibrida yang mengintegrasikan ekstraksi fitur berbasis EfficientNetV2-S melalui strategi *progressive fine-tuning* dengan algoritma *Support Vector Machine* (SVM) sebagai pengklasifikasi akhir. Dataset yang dievaluasi merupakan citra mikroskopis sel darah dari *National Institutes of Health* (NIH) yang dikategorikan ke dalam kelas terinfeksi (*Parasitized*) dan sehat (*Uninfected*). Tahapan penelitian mencakup prapemrosesan citra, augmentasi data, pelatihan bertahap model CNN, ekstraksi vektor fitur, optimasi parameter SVM, serta pengujian komparatif (*ablation study*) terhadap beberapa arsitektur *baseline*. Hasil eksperimen menunjukkan bahwa SVM dengan *kernel Radial Basis Function* (RBF) memberikan pemisahan kelas yang paling optimal. Evaluasi pada data uji membuktikan bahwa kerangka kerja hibrida yang diusulkan mengungguli arsitektur pembanding dengan mencapai akurasi sebesar 97,00% dan *F1-Score* sebesar 96,99%. Secara klinis, integrasi SVM terbukti esensial dalam menekan risiko *False Negative* dengan keberhasilannya meningkatkan metrik sensitivitas (*Recall*) kelas *Parasitized* menjadi 96,23%. Kinerja superior tersebut dicapai dengan tingkat efisiensi yang tinggi, mencatatkan waktu inferensi hanya 21,57 detik untuk keseluruhan 2.752 citra uji. Temuan ini mengonfirmasi bahwa pendekatan usulan berpotensi besar untuk diimplementasikan sebagai sistem *Computer-Aided Diagnosis* (CAD) portabel yang menuntut akurasi klinis tinggi di lingkungan dengan sumber daya komputasi yang terbatas.

Kata kunci— Malaria, Deep Learning, Model Hibrida, EfficientNetV2-S, Support Vector Machine, Progressive Fine-Tuning.

Abstract— Malaria remains a global health challenge, while its diagnostic process still relies on the manual analysis of peripheral blood smears using a microscope. This manual process is prone to the examiner's visual fatigue, creating a need for an automated detection system that is fast, accurate, yet computationally lightweight for resource-constrained facilities. This study aims to evaluate the effectiveness of a hybrid framework integrating EfficientNetV2-S-based feature extraction through a progressive fine-tuning strategy with a Support Vector Machine (SVM) algorithm as the final classifier. The evaluated dataset consists of microscopic blood cell images from the National Institutes of Health (NIH), categorized into infected (*Parasitized*) and healthy (*Uninfected*) classes. The research stages include image pre-processing, data augmentation, progressive training of the CNN model, feature vector extraction, SVM parameter optimization, and comparative testing (*ablation study*) against several baseline architectures. Experimental results demonstrate that the SVM with a Radial Basis Function (RBF) kernel provides the most optimal class separation. Evaluation on the test data proves that the proposed hybrid framework outperforms the comparative architectures, achieving an accuracy of 96.99% and an F1-Score of 96.99%. Clinically, the integration of SVM proves essential in mitigating the risk of False Negatives, successfully increasing the sensitivity metric (*Recall*) of the *Parasitized* class to 96.23%. This superior performance is achieved with a high level of efficiency, recording an inference time of only 21.57 seconds for the entire 2,752 test images. These findings confirm that the proposed approach has substantial potential to be implemented as a portable Computer-Aided Diagnosis (CAD) system demanding high clinical accuracy in environments with limited computational resources.

Keywords— Malaria, Deep Learning, Hybrid Model, EfficientNetV2-S, Support Vector Machine, Progressive Fine-Tuning.

PENDAHULUAN

Malaria masih menjadi ancaman kesehatan global dengan catatan 282 juta kasus dan 610.000 kematian di seluruh dunia pada tahun 2024 [1]. Kasus malaria di Indonesia pada 2025 tercatat

sebanyak 706.297 kasus. Kasus ini mengalami peningkatan sebanyak 30% dibandingkan tahun 2024 yang mencapai 543.965 kasus [2]. Hal ini tentunya memerlukan penanganan dan dukungan berbagai pihak dalam mendukung target

eliminasi malaria di tahun 2030 mendatang [3]. Hingga kini, standar emas (*gold standard*) diagnosis malaria masih mengandalkan pemeriksaan mikroskopis manual terhadap apusan darah tepi. Namun, metode ini memakan waktu dan rentan terhadap kesalahan karena sangat bergantung pada ketelitian serta ketersediaan tenaga ahli khusus yang belum merata [4], [5]. Keterbatasan ini pada akhirnya berisiko menghambat kecepatan dan presisi penegakan diagnosis, khususnya pada fasilitas kesehatan dengan sumber daya terbatas [6].

Kecerdasan buatan, khususnya *deep learning* berbasis *Convolutional Neural Network* (CNN), menawarkan solusi otomatisasi klasifikasi citra medis guna mengatasi kelemahan diagnosis malaria manual. Riset di Indonesia juga telah memvalidasi integrasi *image processing* dan CNN untuk mendeteksi parasit *Plasmodium* secara lebih objektif [7]–[9]. Namun, implementasi model CNN dalam praktik klinis kerap dihadapkan pada dilema (*trade-off*) antara tingkat akurasi diagnostik dan efisiensi komputasi. Berbagai studi komparatif menunjukkan bahwa arsitektur berskala besar (*heavyweight*) seperti VGG19 dan VGG16 mampu mencapai akurasi tinggi, masing-masing sebesar 96% dan 94% [10]. Sayangnya, performa tersebut menuntut beban parameter masif dan spesifikasi memori GPU tingkat tinggi (*high-performance computing*), yang sulit dipenuhi oleh mayoritas fasilitas kesehatan di wilayah endemis dengan infrastruktur terbatas seperti kawasan timur Indonesia [11]–[13].

Di sisi lain, upaya untuk menggunakan arsitektur ringan (*lightweight*) seperti MobileNetV2 memang sukses menekan biaya komputasi, namun hal tersebut diiringi dengan penurunan akurasi klasifikasi menjadi sekitar 92% [10]. Menjawab dilema antara komputasi berat dan penurunan performa tersebut, EfficientNetV2-S menawarkan jalan tengah yang sangat optimal. Melalui mekanisme *compound scaling* dan pemanfaatan blok *Fused-MBConv*, arsitektur ini mampu menghasilkan representasi fitur yang presisi layaknya model berat, namun dengan ukuran model dan waktu pelatihan yang jauh lebih ringkas [14]. Rasionalisasi ini semakin

diperkuat oleh studi terdahulu yang mencatatkan akurasi 96% menggunakan EfficientNetV2-S pada klasifikasi malaria dengan efisiensi komputasi yang tetap terjaga [15].

Meskipun EfficientNetV2-S memiliki arsitektur dasar yang efisien, proses pelatihan model *deep learning* secara utuh (*end-to-end*) tetap membutuhkan volume data yang besar dan rentan memicu beban iterasi komputasi tambahan. Sebagai solusi untuk memaksimalkan efisiensi, penelitian ini mengusulkan pendekatan *hybrid* yang memadukan EfficientNetV2-S murni sebagai ekstraktor fitur statis (*backbone*) dan *Support Vector Machine* (SVM) sebagai pengklasifikasi akhir. Skema *hybrid* ini sebelumnya telah tervalidasi sukses dalam mereduksi beban komputasi pada klasifikasi tumor otak, sehingga lebih adaptif untuk lingkungan klinis [16]. Pemilihan SVM sebagai *classifier* akhir didukung oleh karakteristik algoritmanya yang tetap *robust* dan akurat dalam mencari *hyperplane* pemisah, meskipun dilatih pada kumpulan data yang relatif lebih kecil dibandingkan kebutuhan *deep learning* murni [17].

Penerapan *transfer learning* konvensional berbasis ImageNet kerap kurang optimal pada citra medis akibat kesenjangan domain (*domain gap*) yang membedakan karakteristik morfologi dan warna [18], [19]. Sebagai solusi, penelitian ini menerapkan strategi *progressive fine-tuning* (PFT) melalui pembukaan (*unfreeze*) lapisan jaringan secara bertahap dari level atas ke bawah. Pendekatan *gradual unfreezing* ini diadaptasi untuk mencegah *catastrophic forgetting*, yakni hilangnya pengetahuan dasar akibat pembaruan bobot secara serentak [20]. Efektivitas strategi ini telah terbukti pada domain citra medis lain dalam menjaga stabilitas fitur prapelatihan sekaligus beradaptasi dengan data target [21]. Oleh karena itu, integrasi *backbone* EfficientNetV2-S, *classifier* SVM, dan strategi PFT diusulkan guna menghasilkan model klasifikasi malaria yang akurat dan adaptif, sekaligus mengatasi kelemahan *transfer learning* standar.

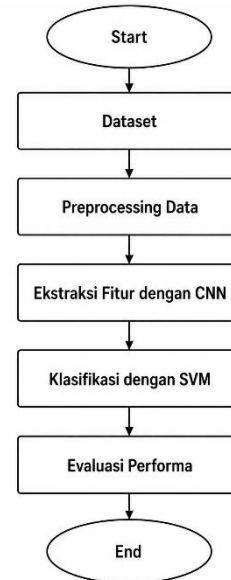
Kontribusi utama sekaligus pembeda penelitian ini dari studi CNN-SVM sebelumnya terletak pada integrasi strategi *progressive fine-*

tuning (PFT). Berbeda dengan *transfer learning* konvensional yang rentan mengalami *catastrophic forgetting* akibat *domain gap* morfologi sel darah, kerangka kerja ini menerapkan pembukaan bobot lapisan (*unfreezing*) secara bertahap. Integrasi antara *backbone* EfficientNetV2-S, SVM sebagai *classifier* yang optimal pada data terbatas, dan adaptasi fitur melalui PFT mampu mengekstraksi representasi diagnostik secara akurat tanpa menuntut komputasi masif dari pelatihan *end-to-end*. Pendekatan ini secara langsung menjawab tantangan implementasi klinis dengan mempertahankan model berbobot ringan (*lightweight*), namun dengan performa yang setara dengan arsitektur berskala besar (*heavyweight*).

Berdasarkan pemaparan tersebut, penelitian ini bertujuan mengembangkan model klasifikasi malaria melalui pendekatan *hybrid* yang mengintegrasikan EfficientNetV2-S sebagai ekstraktor fitur dan SVM sebagai *classifier*, dengan optimasi berbasis *progressive fine-tuning*. Pendekatan ini dirancang untuk menyeimbangkan tingginya akurasi diagnostik dengan efisiensi komputasi, sehingga adaptif untuk diimplementasikan pada fasilitas kesehatan bersumber daya terbatas di wilayah endemis, seperti kawasan timur Indonesia. Melalui mitigasi *domain gap* secara bertahap, penelitian ini diharapkan berkontribusi secara metodologis dalam menghasilkan model komputasi ringan yang presisi, serta secara praktis sebagai instrumen pendukung diagnosis objektif guna akselerasi program eliminasi malaria nasional.

METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian ini mengusulkan kerangka kerja klasifikasi hibrida yang mengintegrasikan ekstraksi fitur menggunakan arsitektur EfficientNetV2-S berbasis *progressive fine-tuning* dengan algoritma *Support Vector Machine* (SVM) sebagai pengklasifikasi akhir. Metodologi yang diterapkan mencakup lima tahapan utama, yaitu pengelolaan dataset, pra-pemrosesan citra, ekstraksi fitur, klasifikasi menggunakan SVM, dan evaluasi kinerja model.



Gambar 1. Diagram Alur Penelitian

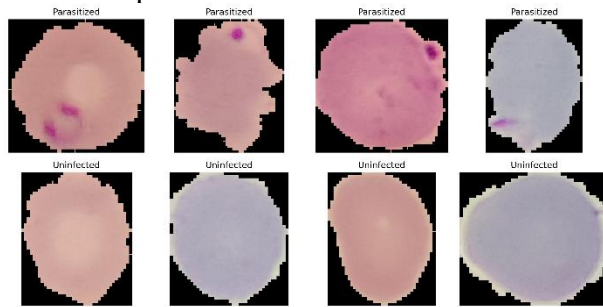
A. Dataset

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah dataset publik citra sel darah mikroskopis apusan tipis yang dirilis oleh National Institutes of Health (NIH) di platform Kaggle. Secara keseluruhan, dataset ini memuat populasi sebanyak 27.558 citra yang terdistribusi secara seimbang ke dalam dua kelas, yakni 13.779 citra *Parasitized* (terinfeksi parasit) dan 13.779 citra *Uninfected* (sehat).

Dari total populasi, dataset dipisahkan menjadi data latih (70% atau 19.290 citra), data validasi (20% atau 5.516 citra), dan data uji (10% atau 2.752 citra). Pembagian ini menerapkan *stratified random sampling* guna menjaga keseimbangan proporsi kelas *Parasitized* dan *Uninfected* pada setiap fase. Terkait risiko kebocoran data (*patient-level data leakage*), dataset publik NIH yang didistribusikan melalui Kaggle hanya menyediakan citra sel darah tunggal hasil ekstraksi (*cropped images*) tanpa metadata pengidentifikasi pasien. Ketidadaan informasi ini mengakibatkan pemisahan data berbasis pasien (*patient-level split*) tidak memungkinkan untuk dilakukan.

Meskipun skema *stratified split* dan augmentasi telah diimplementasikan untuk mencegah *overfitting* dan mengoptimalkan generalisasi, potensi kemunculan citra dari pasien yang sama pada data latih dan uji tetap diakui

secara terbuka sebagai batasan (*limitation*) inherent dari penelitian ini.



Gambar 2. Sampel Citra Dataset (*Parasitized* vs *Uninfected*)

B. Pre-processing Data

Tahap pra-pemrosesan mencakup penyeragaman ukuran citra melalui proses *image resizing* serta augmentasi data untuk meningkatkan kemampuan generalisasi model. Augmentasi diterapkan hanya pada data latih dan meliputi *random horizontal and vertical flip*, *random rotation* dengan faktor 0,2, serta *random zoom* dengan faktor 0,1.

C. Ekstraksi Fitur dengan CNN

Ekstraksi fitur dilakukan menggunakan arsitektur EfficientNetV2-S yang diinisialisasi dengan *pre-trained weights* dari dataset ImageNet. Arsitektur ini dipilih karena menawarkan efisiensi parameter yang tinggi serta mampu menghasilkan representasi fitur yang kaya dengan biaya komputasi yang relatif rendah.

Pelatihan model menerapkan strategi *progressive fine-tuning* yang terdiri atas dua fase. Pada fase *warm-up*, seluruh lapisan konvolusi EfficientNetV2-S dibekukan (*frozen*), sedangkan lapisan klasifikasi biner berbasis *Dense* dengan aktivasi *sigmoid* dilatih menggunakan *learning rate* sebesar 1×10^{-3} . Selanjutnya, pada fase *fine-tuning*, sebanyak 30 lapisan konvolusi teratas dibuka (*unfrozen*), sementara lapisan lainnya tetap dipertahankan dalam kondisi beku. Model kemudian dilatih kembali menggunakan *learning rate* sebesar 1×10^{-5} .

Untuk mencegah *overfitting*, mekanisme *Early Stopping* diterapkan dengan memantau nilai *validation loss* serta mengembalikan bobot terbaik yang diperoleh selama pelatihan (*restore best weights*). Setelah proses pelatihan selesai,

lapisan klasifikasi sementara dihapus dan representasi fitur diekstraksi melalui lapisan *Global Average Pooling 2D* (GAP). Proses ini menghasilkan vektor fitur berdimensi 1280 yang selanjutnya digunakan sebagai masukan bagi algoritma *Support Vector Machine* (SVM).

D. Klasifikasi dengan SVM

Vektor fitur yang diperoleh dari proses ekstraksi selanjutnya digunakan sebagai masukan bagi algoritma *Support Vector Machine* (SVM) untuk melakukan klasifikasi citra ke dalam kelas *Parasitized* dan *Uninfected*.

Untuk memperoleh konfigurasi model yang optimal, proses pencarian hiperparameter dilakukan menggunakan *Grid Search Cross-Validation* (*GridSearchCV*) dengan skema *3-fold cross-validation*. Parameter yang dievaluasi meliputi nilai penalti *C* sebesar 0,1, 1, dan 10, serta dua jenis kernel, yaitu *Linear* dan *Radial Basis Function* (RBF).

Untuk mendukung evaluasi berbasis probabilitas, konfigurasi SVM diatur dengan opsi *probability=True*. Kombinasi hiperparameter yang memberikan skor validasi tertinggi kemudian dipilih sebagai model klasifikasi akhir.

E. Evaluasi Kinerja Model

Untuk memvalidasi signifikansi kerangka kerja *hybrid* yang diusulkan, penelitian ini merancang skenario uji ablasi (*ablation study*) terhadap lima arsitektur *baseline* dari berbagai spektrum kompleksitas, yaitu MobileNetV2 (*lightweight*), DenseNet121 (*mid-weight*), ResNet50 dan VGG16 (*heavyweight*), serta arsitektur dasarnya secara utuh (EfficientNetV2-S *end-to-end*). Guna memastikan komparasi yang adil (*fair comparison*), seluruh arsitektur pembandingan dilatih menggunakan dataset, rasio pembagian data, strategi *progressive fine-tuning*, serta hiperparameter yang identik. Kinerja seluruh model kemudian dievaluasi pada data uji (10%) berdasarkan dua aspek utama, yakni presisi klasifikasi klinis dan efisiensi waktu inferensi. Pada aspek klinis, *Confusion Matrix* digunakan untuk menganalisis distribusi prediksi kelas sekaligus menghitung metrik *Accuracy*, *Precision*, *Recall*, dan *F1-Score*. Metrik *Recall*

pada kelas *Parasitized* menjadi fokus pengamatan utama guna mengukur sensitivitas model dalam menekan rasio *False Negative*.

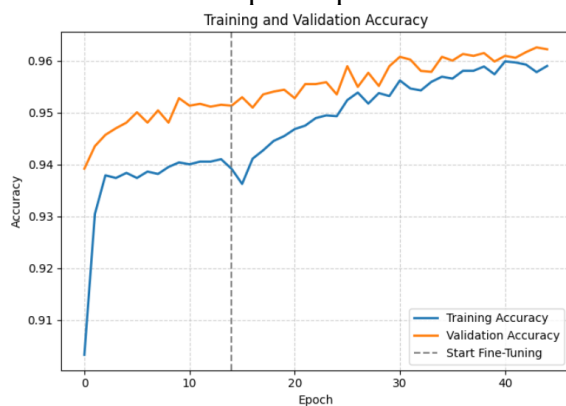
Kemampuan diskriminasi probabilitas model juga divalidasi melalui kurva *Receiver Operating Characteristic* (ROC) dan nilai *Area Under Curve* (AUC), sementara dinamika pembelajarannya dipantau menggunakan *learning curve* dari metrik akurasi dan *loss*. Sementara itu, aspek efisiensi komputasi dianalisis secara spesifik melalui metrik kecepatan inferensi, yakni total waktu (dalam detik) yang dibutuhkan oleh setiap model untuk mengeksekusi dan memprediksi keseluruhan citra pada data uji secara serentak (*batch*).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Bagian ini menguraikan hasil eksperimen dan analisis kinerja dari model klasifikasi citra malaria menggunakan arsitektur EfficientNetV2-S dan SVM

A. Hasil Ekstraksi Fitur CNN

Proses pelatihan dan *progressive fine-tuning* pada arsitektur EfficientNetV2-S menunjukkan konvergensi yang stabil dengan peningkatan akurasi serta penurunan *loss* yang konsisten pada data pelatihan dan validasi. Perkembangan kedua metrik tersebut ditampilkan pada Gambar 3.



Gambar 3. Kurva akurasi dan *loss* pelatihan dan validasi model EfficientNetV2-S.

Berdasarkan kurva akurasi, performa pada data pelatihan dan validasi menunjukkan tren peningkatan yang konsisten. Pada fase awal pelatihan (*warm-up*), akurasi validasi meningkat dengan cepat hingga mencapai sekitar 95%. Setelah tahap *progressive fine-tuning* dimulai pada *epoch* ke-14 (ditandai dengan garis vertikal putus-putus), akurasi validasi terus mengalami peningkatan secara bertahap hingga menyentuh angka lebih dari 96% pada akhir pelatihan.

Fenomena menarik dan sangat positif terlihat pada grafik tersebut, di mana akurasi validasi secara konsisten berada sedikit di atas akurasi pelatihan. Kondisi ini membuktikan efektivitas regularisasi arsitektur. Penggunaan teknik *Dropout* dan augmentasi data spasial membuat proses pembelajaran (*training*) menjadi jauh lebih menantang bagi model. Saat fase validasi berlangsung, teknik augmentasi dan *Dropout* dinonaktifkan sehingga model beroperasi dengan kapasitas deterministik penuh, yang secara logis menghasilkan performa pengenalan citra yang lebih superior. Hal ini menjadi indikator kuat bahwa model terhindar dari kondisi *overfitting*.

Pola keberhasilan konvergensi yang sama juga tercermin pada kurva *loss*. Nilai *training loss* mengalami penurunan yang cukup tajam di awal *epoch*, sementara *validation loss* terus menurun secara stabil. Tepat pada *epoch* ke-14 saat pembukaan lapisan (*unfreezing*) untuk fase *fine-tuning* dimulai, terlihat adanya fluktuasi sesaat pada metrik *training loss*. Fluktuasi minor ini merupakan fenomena adaptif yang sangat wajar akibat penyesuaian bobot secara mendadak pada

learning rate yang baru. Model terbukti mampu meredam fluktuasi tersebut dengan cepat dan kembali melanjutkan tren konvergensi penurunan *loss* hingga *epoch* terakhir. Secara keseluruhan, proses ekstraksi fitur ini berjalan optimal tanpa merusak representasi fitur fundamental (*catastrophic forgetting*), sehingga menghasilkan vektor fitur diskriminatif berdimensi 1280 yang sangat solid untuk diteruskan ke dalam algoritma klasifikasi SVM.

B. Hasil Optimasi Klasifikasi SVM

Proses optimasi hiperparameter dilakukan menggunakan *GridSearchCV* dengan skema *3-fold cross-validation* terhadap vektor fitur berdimensi 1280 yang diekstraksi oleh EfficientNetV2-S. Parameter yang dievaluasi mencakup jenis kernel (*Linear* dan *Radial Basis Function/RBF*) serta nilai parameter penalti (C). Dari 18 skenario komputasi (*fitting*), konfigurasi paling optimal dicapai pada penggunaan kernel RBF dengan parameter C bernilai 1.

Terpilihnya kernel RBF menunjukkan bahwa fitur morfologi parasit malaria memiliki distribusi spasial yang kompleks dan tidak dapat dipisahkan secara murni linear. Kernel RBF mampu memetakan fitur berdimensi tinggi tersebut ke dalam ruang abstrak (*higher-dimensional space*), sehingga SVM dapat membentuk batas keputusan (*hyperplane*) nonlinier untuk mengisolasi kelas *Parasitized* dan *Uninfected*.

Lebih lanjut, parameter C=1 mengindikasikan bahwa model mencapai titik keseimbangan (*trade-off*) yang optimal. Model tidak memberikan penalti terlalu agresif terhadap kesalahan klasifikasi minor (yang berisiko memicu *overfitting*), namun tetap mempertahankan margin pemisah antarkelas secara maksimal. Kombinasi kernel RBF dan C=1 inilah yang berperan penting bagi model *hybrid* dalam menekan rasio *False Negative* pada tahap evaluasi selanjutnya.

C. Evaluasi Kinerja Model

Untuk memvalidasi signifikansi pendekatan *hybrid*, performa model dievaluasi menggunakan data uji yang tidak dilibatkan dalam proses

pelatihan. Kinerja model usulan dianalisis melalui uji ablasi (*ablation study*) dan dikomparasikan dengan lima arsitektur *baseline* dari berbagai tingkat kompleksitas: MobileNetV2 (*lightweight*), DenseNet121 (*mid-weight*), ResNet50 dan VGG16 (*heavyweight*), serta arsitektur dasarnya secara utuh (EfficientNetV2-S *end-to-end*). Evaluasi ditinjau dari dua metrik utama: kinerja presisi klasifikasi dan efisiensi komputasi. Ringkasan perbandingan tersebut disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Perbandingan Performa Model

Model	Akurasi	Recall	F1-Score	Waktu Inferensi
MobileNetV2	89,59%	95,28%	89,55%	12,42s
DenseNet121	93,87%	89,62%	93,86%	22,16s
ResNet50	96,37%	95,65%	96,37%	16,08s
VGG16	96,70%	96,73%	96,70%	12,47s
EfficientNetV2-S (End-to-End)	96,15%	94,63%	96,15%	23,37s
Hybrid EfficientNetV2-S + SVM	97,00%	96,23%	96,99%	21,57s

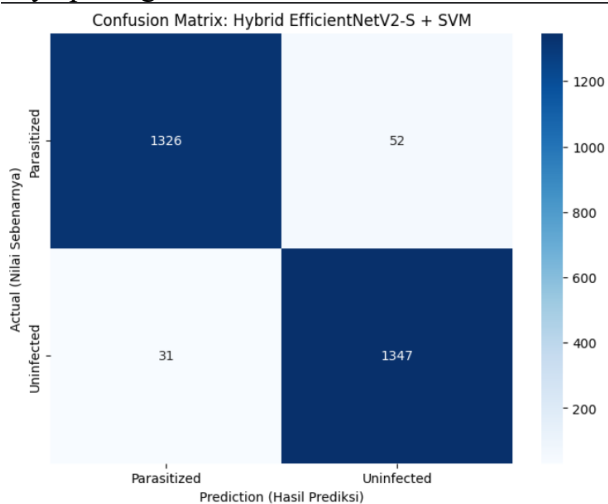
Berdasarkan Tabel 1, arsitektur *lightweight* dan *mid-weight* menunjukkan kapabilitas yang kurang optimal dalam menangani variabilitas morfologi parasit. MobileNetV2 hanya mencapai akurasi 89,59%, sedangkan DenseNet121 mencatatkan metrik *Recall* pada kelas *Parasitized* sebesar 89,62%. Nilai *Recall* yang rendah ini mengindikasikan tingginya rasio *False Negative*, yang berisiko pada kesalahan diagnosis pasien terinfeksi.

Pada spektrum *heavyweight*, ResNet50 dan VGG16 mencatatkan akurasi yang kompetitif. Di sisi lain, arsitektur dasar model usulan (EfficientNetV2-S *end-to-end*) menghasilkan akurasi 96,15% dengan sensitivitas deteksi (*Recall Parasitized*) yang tertahan di angka 94,63% karena penggunaan fungsi klasifikasi parametrik (*Dense*) bawaan.

Pendekatan *hybrid* (EfficientNetV2-S + SVM kernel RBF) terbukti memberikan hasil tertinggi di antara seluruh pembanding dengan akurasi 96,99%. Kontribusi utama integrasi ini terlihat

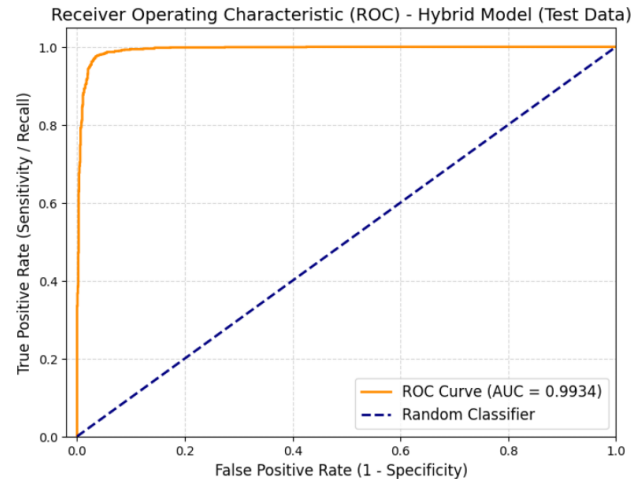
pada peningkatan sensitivitas deteksi (*Recall Parasitized*) dari 94,63% menjadi 96,23%. Capaian ini menunjukkan bahwa batas keputusan nonlinier SVM lebih presisi dalam mengisolasi fitur sel terinfeksi dibandingkan fungsi aktivasi klasifikasi standar pada CNN.

Model *hybrid* juga mempertahankan tingkat efisiensi yang sangat memadai. Model mampu mengeksekusi 2.752 citra uji secara serentak hanya dalam waktu 21,57 detik. Hal ini mengonfirmasi kelayakan arsitektur untuk diterapkan sebagai alat bantu diagnosis yang cepat dan responsif pada fasilitas dengan sumber daya perangkat keras terbatas.



Gambar 4. Confusion Matrix hasil pengujian model hibrida pada data uji

Distribusi hasil prediksi model *hybrid* divisualisasikan melalui *Confusion Matrix* pada Gambar 4. Keseimbangan proporsi prediksi tepat (*True Positive* dan *True Negative*) yang disertai minimnya galat (misklasifikasi) menunjukkan kemampuan diskriminasi model yang optimal untuk diterapkan pada skenario klinis.



Gambar 5. Kurva ROC model hibrida EfficientNetV2-S dan SVM

Kemampuan diskriminasi probabilitas model dikonfirmasi melalui kurva *Receiver Operating Characteristic* (ROC) pada Gambar 6. Kurva yang mendekati sudut kiri atas mencerminkan *True Positive Rate* yang stabil di berbagai rentang *False Positive Rate*. Performa ini menghasilkan nilai *Area Under Curve* (AUC) yang optimal, menegaskan keandalan arsitektur *hybrid* dalam membedakan kelas sehat dan terinfeksi.

KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil mengembangkan dan memvalidasi kerangka kerja klasifikasi citra hibrida yang mengintegrasikan arsitektur EfficientNetV2-S sebagai ekstraktor fitur dan *Support Vector Machine* (SVM) sebagai pengklasifikasi akhir untuk deteksi parasit malaria pada citra sel darah mikroskopis. Penerapan strategi *progressive fine-tuning* terbukti esensial dalam membantu model menghasilkan representasi fitur yang adaptif terhadap karakteristik kompleks morfologi sel darah.

Berdasarkan optimasi *hyperparameter*, konfigurasi SVM dengan kernel *Radial Basis Function* (RBF) dan nilai penalti $C=1$ menghasilkan performa paling optimal. Hal ini mengonfirmasi bahwa ekstraksi fitur citra memiliki distribusi spasial kompleks yang menuntut batas keputusan nonlinier (*hyperplane*) untuk pemisahan kelas. Hasil uji ablasi (*ablation study*) terhadap 2.752 citra uji menunjukkan

bahwa model *hybrid* usulan mengungguli arsitektur *baseline* dengan capaian akurasi global dan *F1-Score* sebesar 97,00%. Secara klinis, integrasi SVM terbukti mampu mengoreksi bias prediksi model dasar, yang ditunjukkan oleh peningkatan metrik sensitivitas (*Recall*) pada kelas *Parasitized* menjadi 96,23%. Capaian performa ini juga didukung oleh tingkat efisiensi yang memadai, dengan waktu inferensi tercatat 21,57 detik untuk keseluruhan data uji.

Meskipun menunjukkan hasil optimal, penelitian ini masih memiliki beberapa batasan. Pertama, evaluasi model bergantung pada satu dataset publik tanpa metadata identitas pasien, sehingga menyisakan potensi bias akibat risiko *patient-level data leakage*. Kedua, arsitektur belum divalidasi kinerjanya menggunakan data klinis nyata (*real-world dataset*) dari berbagai fasilitas kesehatan. Ketiga, pengujian ketahanan model terhadap variasi iluminasi pencahayaan mikroskop dan tingkat artefak citra belum dilakukan.

Batasan tersebut menjadi acuan bagi penelitian lanjutan, di mana validasi eksternal menggunakan citra klinis multisenter dan penerapan teknik pra pemrosesan pencahayaan adaptif menjadi prioritas pengembangan. Terlepas dari batasan tersebut, pendekatan *hybrid* EfficientNetV2-S dan SVM terbukti memiliki potensi yang kuat sebagai instrumen dasar *Computer-Aided Diagnosis* (CAD) yang akurat dan efisien untuk mendukung proses skrining malaria secara otomatis.

REFERENSI

- [1] World Health Organization, World Malaria Report 2025. Geneva: WHO, 2025. [Online]. Available: <https://www.who.int/teams/global-malaria-programme/reports/world-malaria-report-2025>
- [2] Kementerian Kesehatan RI, Data Kasus Malaria. Jakarta: Kemenkes RI, 2024. [Online]. Available: <https://malaria.kemkes.go.id/case>
- [3] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, "80 Daerah Bebas Malaria, Indonesia Kejar Eliminasi Malaria pada 2030," *Kementerian Kesehatan Republik Indonesia*. [Online]. Available: <https://kemkes.go.id/id/80-daerah-bebas-malaria-indonesia-kejar-eliminasi-malaria-pada-2030>
- [4] Hamid, M. M. A., Mohamed, A. O., Mohammed, F. O., Elaagip, A., Mustafa, S. A., Elfaki, T., Jebreel, W. M. A., Albsheer, M. M., Dittrich, S., Owusu, E. D. A., & Yerlikaya, S. (2024). Diagnostic accuracy of an automated microscope solution (miLab™) in detecting malaria parasites in symptomatic patients at point-of-care in Sudan: a case-control study. *Malaria journal*, 23(1), 200. <https://doi.org/10.1186/s12936-024-05029-3>
- [5] C. R. Maturana, A. D. de Oliveira, S. Nadal, F. Z. Serrat, E. Sulleiro, E. Ruiz, *et al.*, "iMAGING: A novel automated system for malaria diagnosis by using artificial intelligence tools and a universal low-cost robotized microscope," *Frontiers in Microbiology*, vol. 14, Art. no. 1240936, Nov. 2023, doi: 10.3389/fmicb.2023.1240936.
- [6] A. Martín-Ramírez, M. Lanza-Suárez, P. Berzosa Díaz, A. Benito, V. Antón-Berenguer, and J. M. Rubio, "Automated microscopy for malaria diagnosis in a reference laboratory in nonendemic settings," *Parasites & Vectors*, vol. 19, no. 1, Art. no. 67, Jan. 2026, doi: 10.1186/s13071-025-07215-x.
- [7] A. F. Saksenata, A. E. Minarno, and Y. Azhar, "Klasifikasi Citra Sel Darah Untuk Penyakit Malaria Dengan Metode CNN", *JR*, vol. 4, no. 2, Feb. 2024.
- [8] N. Huda, S. Y. Prayogi, M. A. Ahmad, and A. Y. Dewi, "Klasifikasi Malaria Menggunakan Metode Image Processing Dari Sel Darah Merah Dengan Algoritma Convolutional Neural Network", *Journal of Information System*, vol. 7, no. 2, pp. 166–177, Nov. 2022.
- [9] Pristiani, Baiq & Prasetya, M Riko & Hidayat, Ahmad & M.Kom, Husni. (2024). Identifikasi Parasit Malaria Berbasis Web Menggunakan CNN pada Citra Sel Darah. *Jurnal Tekno Kompak*. 19. 79. 10.33365/jtk.v19i1.4563.
- [10] Murugan, S., Sikamani, K. T., Napa, K. K., Murugan, J. S., Sathya, S., & Rajkumar, G. (2025). Evaluation of Deep Learning Models for Malaria Detection: A Comparative Study on Accuracy. *Vascular and Endovascular Review*, 8(12s), 25-33.
- [11] Chen, Chunlei & Zhang, Peng & Zhang, Huixiang & Dai, Jiangyan & Yi, Yugen & Zhang, Huihui & Zhang, Yonghui. (2020). Deep Learning on Computational-Resource-Limited Platforms: A Survey. *Mobile Information Systems*. 2020. 1-19. 10.1155/2020/8454327.
- [12] Hascoet, T., Febvre, Q., Ariki, Y., & Takiguchi, T. (2019). Reversible designs for extreme memory cost reduction of CNN training. *arXiv preprint arXiv:1910.11127*.
- [13] H. Yuan, "Overcoming Computational Resource Limitations in Deep Learning for Healthcare: Strategies Targeting Data, Model, and Computing," *Medicine Advances*, vol. 3, pp. 42–45, 2025, doi: 10.1002/med4.70001.
- [14] Tan, M., & Le, Q. V. (2021). Efficientnetv2: Smaller models and faster training. *arXiv 2021. arXiv preprint arXiv:2104.00298*, 5.
- [15] Adamu, M. J., Kawuwa, H. B., Qiang, L., Nyatega, C. O., Younis, A., Fahad, M., & Dauya, S. S. (2024). Efficient and accurate brain tumor classification using hybrid mobileNetV2-support vector machine for magnetic resonance imaging diagnostics in neoplasms. *Brain Sciences*, 14(12), 1178.
- [16] Zeng, L., & Zhang, H. H. (2024). Robust brain MRI image classification with SIBOW-SVM. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 118, 102451.
- [17] Purnomo, J. G., Birowo, S., & Maulana, M. A. (2024). Identifikasi Malaria Pada Citra Darah Dengan Convolutional Neural Network. *bit-Tech*, 7(2), 406-412.
- [18] Wisaeng, K. (2026, April). A Lightweight Hybrid CNN–CBAM Model for Multistage Acute Lymphoblastic Leukemia Classification from Peripheral Blood Smear Images. In *Informatics* (Vol. 13, No. 5, p. 69). MDPI.
- [19] Ayana, G., Park, Sy., Jeong, K.C. *et al.* Development and evaluation of a multistage transfer learning framework for robust medical image analysis. *Sci Rep* 16, 8873 (2026). <https://doi.org/10.1038/s41598-026-42157-z>
- [20] Howard, J., & Ruder, S. (2018, July). Universal language model fine-tuning for text classification. In *Proceedings of the 56th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics (Volume 1: Long Papers)* (pp. 328-339).
- [21] Al-Sanaani, Y., Thornhill, R., & Rajan, S. (2026). C2W-Tune: Cavity-to-Wall Transfer Learning for Thin Atrial Wall Segmentation in 3D LGE-MRI. *arXiv preprint arXiv:2603.24992*