

# PREDIKSI PENYAKIT MALARIA MENGGUNAKAN PRE-TRAINED MODEL ALGORITMA DENSE CONVOLUTIONAL NETWORK (DENSENET)

<sup>1</sup>Asep Eryana, <sup>2</sup>Sriyanto, <sup>3</sup>Nursiyanto

<sup>1</sup>Fakultas Ilmu Komputer, Institut Informatika dan Bisnis Darmajaya, aseperyana@gmail.com

<sup>2</sup>Fakultas Ilmu Komputer, Institut Informatika dan Bisnis Darmajaya, sriyanto@darmajaya.ac.id

<sup>3</sup>Fakultas Ilmu Komputer, Institut Informatika dan Bisnis Darmajaya, nursiyanto@darmajaya.ac.id

## **Abstract**

*Malaria is a deadly disease that is transmitted through the bite of the Plasmodium mosquito. Based on the 2021 WHO report in Southeast Asia, the death rate from malaria has decreased by 40% except in Indonesia, which is less than 25%. One of the reasons for the high death rate from malaria in Indonesia is the competence of medical personnel; treatment delays, misdiagnosis and treatment errors. In addition to direct observation, testing using a microscope and Rapid Diagnostic Test (RDT) can be used to detect malaria. However, both methods require good competence to infer test results. The alternative solution proposed in this study is to detect malaria using the help of an algorithm. By using experimental research methods, this research has tested the prediction of malaria using the DenseNet-121 algorithm model that has been trained previously. The results of the study concluded that the DenseNet-121 algorithm pre-trained model method can be used to predict malaria with a parameter accuracy score of 96.43 in the very good category and the F1-Score parameter of 96.50% in the very good category.*

## **Abstrak**

Malaria merupakan penyakit mematikan yang penularannya terjadi melalui gigitan nyamuk Plasmodium. Berdasarkan laporan WHO tahun 2021 di Asia Tenggara angka kematian diakibatkan malaria menurun sebesar 40% kecuali di Indonesia kurang dari 25%. Tingginya tingkat kematian akibat malaria di Indonesia salah satunya disebabkan karena faktor kompetensi tenaga medis; keterlambatan penanganan, kesalahan diagnosis dan kesalahan terapi. Selain observasi langsung, pengujian menggunakan Mikroskop dan Rapid Diagnostic Test (RDT) dapat digunakan untuk mendeteksi malaria. Namun kedua metode ini membutuhkan kompetensi yang baik untuk menyimpulkan hasil pengujian. Alternatif solusi yang diajukan pada penelitian ini yaitu mendeteksi malaria menggunakan bantuan algoritma. Dengan menggunakan metode penelitian eksperimen, pada penelitian ini telah dilakukan pengujian prediksi malaria menggunakan pre-trained models algoritma DenseNet-121. Hasil penelitian menyimpulkan bahwa metode pre-trained models algoritma DenseNet-121 dapat digunakan untuk prediksi malaria dengan parameter skor akurasi sebesar 96,43 kategori sangat baik dan parameter F1-Score sebesar 96,50% kategori sangat baik.

## **PENDAHULUAN**

Malaria merupakan penyakit mematikan yang penularannya terjadi melalui gigitan Nyamuk Malaria (*Anopheles*) yang telah terinfeksi. Nyamuk ini membawa parasit Plasmodium yang ketika menggigit manusia, akan masuk ke dalam aliran darah (Artini and Tatontos 2019). Manusia yang telah digigit nyamuk pembawa parasit Plasmodium akan menyebabkan parasit masuk ke dalam tubuh manusia, kemudian menetap di organ hati sebelum menyerang sel darah merah. Gejala muncul dalam

tiga tahap selama 6 sampai 12 jam, seperti menggigil, demam, sakit kepala, dan berkeringat sampai dengan suhu tubuh kembali normal (Fitriany and Sabiq 2018; Mawuntu 2018).

Laporan WHO tahun 2021 menyebutkan bahwa pada tahun 2020 terdapat 627.000 orang meninggal akibat terjangkit malaria. Di Asia Tenggara meskipun trend menunjukkan penurunan angka kematian yang diakibatkan malaria rata-rata menurun sebesar 40%, namun angka penurunan kematian akibat malaria di Indonesia kurang dari 25% (Anon 2021). Tingginya tingkat kematian akibat malaria di Indonesia disebabkan oleh banyak faktor. Keterlambatan penanganan medis pasien dan salah diagnosis dapat menyebabkan pasien terinfeksi malaria berat memungkinkan mengalami komplikasi (Irmanita, Prasetyowati, and Sibaroni 2021).

Penelitian yang dilakukan oleh Oktavianus dkk, menemukan bahwa kesalahan medis pada penatalaksanaan malaria sebesar 1,87 kali per pasien. Dalam kajian ini ditemukan 98 kesalahan diagnosis yaitu; 16 kejadian error of omission (17,39%) dan 82 kejadian error of commission (89,13%). Selain kesalahan diagnosis, juga ditemukan 92 kejadian kesalahan terapi, terdiri dari 19 kejadian error of omission (20,65%) dan 73 kejadian error of commission (79,35%) (Hulu et al. 2009). Kesalahan diagnosis pada pasien terjangkit malaria menunjukkan adanya inkonsistensi kompetensi atau pengetahuan tenaga medis terkait penyakit malaria.

Selain observasi langsung, pengujian menggunakan mikroskop dan *Rapid Diagnostic Test* (RDT) dapat digunakan untuk mendeteksi malaria. Namun metode RDT ini memiliki kelemahan tidak dapat mendeteksi kepadatan parasit yang rendah, RDT hanya bisa membaca kehadiran parasit dengan rentang 40 -100 parasit per mikroliter darah. Sedangkan metode mikroskop hanya dapat membaca kehadiran parasit dengan rentang 5-10 parasit per microliter darah (Ferdinand Wowor et al. 2019). Dengan demikian dapat dipahami bahwa kekurangan dari metode observasi langsung, mikroskop, dan RDT yaitu membutuhkan kompetensi atau pengetahuan yang baik untuk dapat menyimpulkan apakah pasien terinfeksi malaria atau tidak. Sehingga hal ini masih dimungkinkan terjadinya kesalahan diagnosis, baik itu terkait dengan faktor pengetahuan atau kompetensi tenaga medis maupun kesalahan dalam proses pengambilan kesimpulan atas diagnosis yang telah dilakukan.

Sebagai salah satu alternatif solusi atas permasalahan yang telah diuraikan tersebut, beberapa penelitian di bidang *deep learning* telah dilakukan. Menggunakan algoritma untuk membantu mengambil keputusan apakah pasien terinfeksi malaria atau tidak. Dengan menggunakan metode klasifikasi terhadap sampel sel darah, dapat dilakukan prediksi terhadap sel darah baru apakah terinfeksi malaria atau tidak. Metode ini tidak memerlukan kompetensi tenaga medis untuk menentukan kesimpulan atau keputusan akhir, karena proses sepenuhnya dilakukan oleh algoritma komputer.

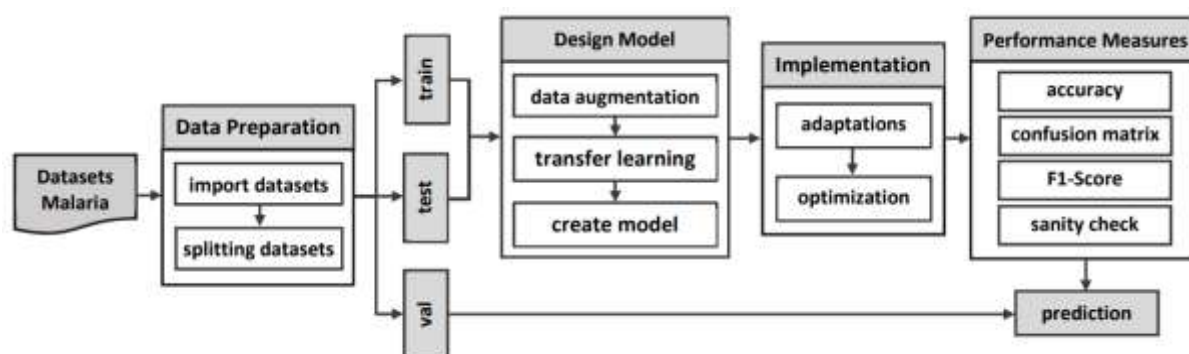
Penelitian dilakukan Sasongko, melakukan pengujian arsitektur model CNN; ResNet-101, AlexNet, dan VGG-16-19 untuk mendeteksi parasit penyakit malaria. Hasil penelitian

menginformasikan bahwa arsitektur model ResNet-101 memiliki akurasi yang jauh lebih baik dibandingkan model AlexNet dan VGG-16-19. Penelitian lain dilakukan oleh Bibin dkk, menguji metode *deep belief network* (DBN) untuk mengidentifikasi parasit malaria. Pengujian dilaksanakan dengan menggunakan 4100 sampel gambar dan menghasilkan informasi bahwa metode DBN memiliki kemampuan yang lebih baik daripada metode lainnya dengan F-score 89,66%, sensitivitas 97,60%, dan akurasi sebesar 95,92% (Bibin, Nair, and Punitha 2017).

Mengacu pada latar belakang yang telah diuraikan tersebut serta literatur review yang telah dilakukan, maka pada penelitian ini peneliti akan melakukan pengujian Prediksi Malaria Menggunakan *Pre-trained Models* dari Algoritma *DenseNet-121*.

### METODE PENELITIAN

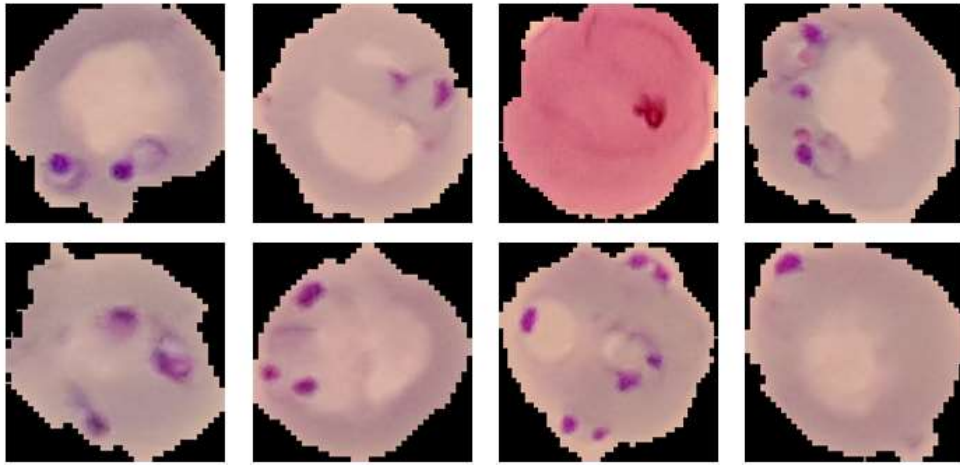
Metode yang digunakan pada penelitian ini merupakan penelitian eksperimen. Pada percobaan ini peneliti akan melakukan pengujian *pre-trained model* Algoritma *DenseNet-121* dalam memprediksi citra dari sel darah. Proses pengujian dilakukan menggunakan aplikasi *google colab* dengan pengaturan *runtime* menggunakan GPU. Prosedur pengujian dilakukan sesuai dengan tahapan seperti yang ditampilkan pada gambar 1.



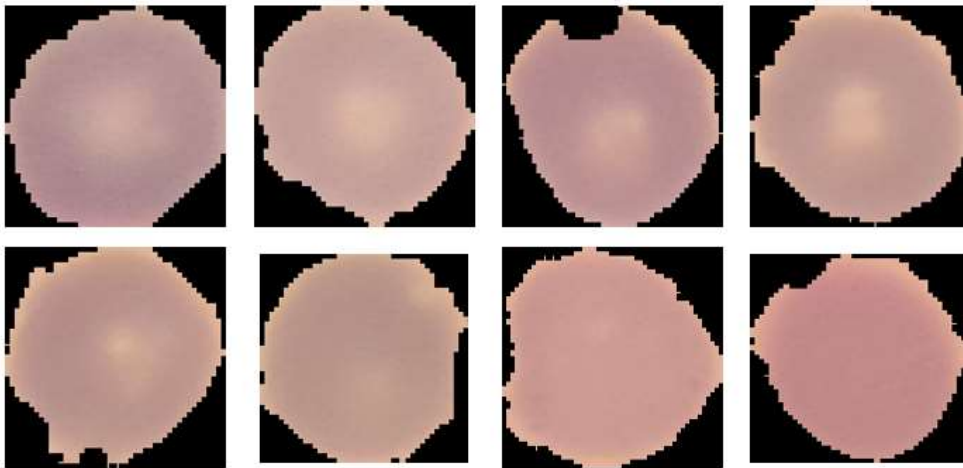
Gambar 1. Prosedur pengujian

#### a. Dataset

Dataset yang digunakan pada penelitian ini merupakan dataset publik berupa citra sel darah yang diunduh dari halaman <https://www.kaggle.com/datasets/iarunava/cell-images-for-detecting-malaria>. Dataset yang digunakan sebanyak 27.558 file gambar, terdiri dari kelompok terinfeksi (infected) sebanyak 13.779 file gambar dan kelompok tidak terinfeksi (uninfected) juga sebanyak 13.779 file gambar.



Gambar 2. Sel darah terinfeksi malaria



Gambar 3. Sel darah tidak terinfeksi malaria

b. Persiapan Data

Tahap persiapan data merupakan langkah pengaturan data sehingga siap digunakan pada proses pengujian, pada tahap ini penulis membagi menjadi dua proses yaitu; import datasets dan *splitting datasets*.

1. Proses Import datasets

Pada tahap ini dataset berupa file gambar sel darah dibagi menjadi dua kelompok (*infected*, *uninfected*). Selanjutnya data di kompres dalam bentuk file zip dan diupload ke *google drive*. Data dalam bentuk zip file diimport dan diekstrak ke *Google Colaboratory* untuk dilakukan proses lebih lanjut.



Gambar 4. Struktur folder dataset

## 2. Proses Splitting Datasets

Pada tahap ini penulis melakukan pembagian dataset menjadi tiga kategori; train (data training), test (data testing), dan val (data validation). Pembagian dataset dilakukan menggunakan *feature splitfolders* dengan proporsi 70% untuk data train, dan 20% untuk data test, dan 10% untuk data val. Hasil dari proses splitting datasets seperti terlihat pada gambar 5.



Gambar 5. Pembagian data pada dataset

## c. Desain Model

Desain model merupakan proses perencanaan dimana algoritma yang digunakan ditentukan sebagai dasar pemilihan parameter pada pengujian. Pada tahap ini penulis membagi menjadi dua bagian proses yang dilakukan yaitu data *augmentation* dan *transfer learning*.

### 1. Proses Data Augmentation

Data *augmentation* merupakan proses pengaturan parameter yang akan digunakan pada proses transformasi data/gambar sesuai dengan algoritma yang digunakan. Terdapat enam parameter pengujian yang digunakan pada tahap ini yaitu; *batch size*, *crop\_size*, *CenterCrop*, *resize\_size*, *normalized mean*, dan *normalized std*. Pengaturan data *augmentation* dilakukan pada data train dan data test dengan mengacu pada data *augmentation* yang terdapat pada *library Pytorch*.

### 2. Proses Transfer Learning

*Transfer learning* merupakan proses penerapan model yang telah dilatih (*pre-trained models*) pada proses pengujian sesuai dengan data augmentation yang telah dilakukan. Proses *transfer learning* ini dibagi menjadi empat sub proses yaitu; *create models*, *freeze layer*, *replacing sequential*, *save model*.

*Create model*; pada tahap ini model algoritma DenseNet-121 diimport dari *library torchvision* dan diinput kedalam variabel *mnet* dengan menerapkan pendekatan *pre-trained models*.

*Freeze layer*; tahap *freeze layer* merupakan langkah yang harus dilakukan pada saat menggunakan pendekatan *pre-trained models*. Tujuan dari *freeze layer* yaitu untuk mencegah hilangnya/rusaknya informasi yang terjandung dalam *pre-trained models*. Parameter yang digunakan pada tahap ini yaitu *requires\_grad = False*.

*Replacing sequential*; karena layer telah dibekukan maka pada tahap ini perlu dilakukan pengaturan terhadap *classifier sequential*. Parameter yang digunakan pada proses *replacing sequential* ini yaitu `mnet.classifier = nn.Sequential(nn.Linear(1280, 2, bias=True), nn.LogSoftmax(dim=1))`.

*Save models*; pada tahap ini model yang telah dibuat disimpan dengan nama file `model.py` dan dipanggil kembali pada proses implementasi models.

#### d. Pengujian Model

Proses pengujian model ini dilakukan dalam 2 tahapan pengujian yaitu; tahap pengujian model fase 1 (*adaptations*) dan model fase 2 (*optimization*).

*Adaptations*; pada tahap ini pengujian model dilakukan pada data train dan data test menggunakan parameter *Adam optimizer* (`lr=10e3`) dan `early_stop_patience=2`.

*Optimization*; pada tahap ini dilakukan pengujian model pada data train dan data test dengan menggunakan parameter *Adam optimizer* (`lr=10e5`) dan `early_stop_patience=5`.

#### e. Pengukuran Kinerja

Proses pengukuran kinerja dilakukan untuk mengetahui seberapa baik kinerja dari pre-trained model *Densenet-121* pada prediksi malaria. Pengukuran kinerja model dilakukan dengan menggunakan empat parameter pengujian yaitu; *accuracy*, *confusion matrix*, *F1-score*, dan *sanity check*.

*Accuracy*; menggambarkan seberapa akurat model dapat mengklasifikasikan dengan benar. *Accuracy* juga dapat dimaknasi sebagai rasio prediksi benar (positif dan negatif) terhadap jumlah data secara keseluruhan (Aras and Setyanto 2022; Huri, Suseno R. A., and Azhar Y. 2022; Ridhovan A., Suharso A., and Rozikin 2022). Terdapat dua parameter yang digunakan pada tahap ini yaitu *train\_score* dan *test\_score*. *Train\_score* merupakan persentase perbandingan skor akurasi model terhadap data train yang digunakan `train_score = accuracy(model, trainloader)`. Sedangkan *test\_score* merupakan persentase perbandingan skor akurasi model terhadap data test yang digunakan `test_score = accuracy(model, testloader)`.

*Confusion matrix*; merupakan salah parameter yang sering digunakan untuk mengukur kinerja metode klasifikasi pada deep learning (Aras and Setyanto 2022; Dewi and Rafiqi 2019). Pengujian ini digunakan untuk mengukur kinerja dari model klasifikasi maupun prediktif. *Confusion matrix* dapat menggambarkan lebih detail tentang jumlah data yang diklasifikasikan dengan benar maupun salah. Pada pengujian ini digunakan empat nilai sebagai parameter yaitu; *True Positive* (TP), *False Positive* (FP), *False Negative* (FN), dan *True Negative* (TN) (Aras and Setyanto 2022; Dewi and Rafiqi 2019).

*F1-score*; didefinisikan sebagai rata-rata harmonik dari *precision* dan *recall* (Ghoneim 2019; Korstanje 2021). *F1-score* pada umumnya digunakan untuk membandingkan 2 model dengan dengan kondisi dimana model A memiliki skor *recall* yang lebih tinggi daripada skor *precision*, sedangkan model B memiliki skor *recall* yang lebih rendah daripada skor *precision*. *F1-score* bisa digunakan

sebagai acuan pengukuran kinerja algoritma jika data *False Negative* dan *False Positive* yang berbeda cukup signifikan (*asymmetric*)(Ghoneim 2019).

Sanity check; digunakan untuk menampilkan (visualisasi) hasil prediksi model yang telah dibuat terhadap data target (data sebenarnya). Banyaknya prediksi yang dilakan pada pengujian ini mengacu pada parameter *batch\_size* ( $bs=32$ ) yang telah ditentukan pada langkah awal pembuatan model. Hasil pengujian ditampilkan dalam bentuk gambar dan label sesuai hasil prediksi yang telah dilakukan.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Penulis menyajikan hasil penelitian dan pembahasan pada bagian ini mengacu pada langkah pengukuran kinerja (*performance measure*) model. Dengan demikian proses penyajian data dan pembahasan fokus pada empat parameter yang telah ditentukan yaitu, *accuracy*, *confusion matrix*, *F1-score*, dan pengujian visual menggunakan metode *sanity check*.

### 1. Skor Akurasi

Data pada tabel 1 di bawah ini merupakan data skor akurasi hasil pengujian prediksi malaria menggunakan parameter baik pada tahap adaptasi model maupun pada tahap optimasi model.

Tabel 1. Hasil pengujian parameter akurasi

| Test Score  | Fase 1 | Fase 2 |
|-------------|--------|--------|
| Pengujian 1 | 0,9234 | 0,9659 |
| Pengujian 2 | 0,9254 | 0,9637 |
| Pengujian 3 | 0,9263 | 0,9643 |

Berdasarkan data pada tabel 1 di atas diketahui bahwa setelah melakukan tiga kali pengujian, model algoritma *Densenet-121* pada fase 1 memperoleh rata-rata skor akurasi sebesar 0,9250 sedangkan pada fase 2 memperoleh rata-rata skor akurasi sebesar 0,9646. Dengan demikian dapat diketahui bahwa terjadi peningkatan skor akurasi *pre-trained model algoritma Densenet-121* dari fase 1 ke fase 2 sebesar 3,96%.

Peningkatan skor akurasi tersebut dipengaruhi oleh parameter pramater *learning rate* dan *early\_stop\_patience* yang digunakan. Pada fase 1 parameter *learning rate* yang digunakan yaitu  $lr=1e-3$ , sedangkan pada fase 2 parameter *learning rate* diturunkan menjadi  $lr=1e-5$ . Penurunan nilai parameter *learning rate* berpengaruh terhadap kinerja algoritma. Semakin kecil nilai parameter *learning rate*, maka semakin teliti algoritma dalam melakukan analisis. Namun demikian, semakin teliti maka semakin lama waktu yang diperlukan dalam melakukan analisis dan semakin besar *resource* (kapisistas GPU) yang dibutuhkan. Berdasarkan hasil pengujian parameter akurasi dapat disimpulkan bahwa metode *pre-trained model algoritma DenseNet-121* dapat digunakan untuk melakukan prediksi penyakit malaria dengan rata-rata skor sebesar 96,46%.

### 2. Confusion Matrix

Confusion matrix merupakan salah parameter yang sering digunakan untuk mengukur kinerja metode klasifikasi pada deep learning(Narkhede 2018). Data pada gambar 6 merupakan data hasil pengujian prediksi malaria menggunakan parameter *confusion matrix* pada model algoritma *Densenet-121*.

|           |                | Label                        |                              |
|-----------|----------------|------------------------------|------------------------------|
|           |                | Infected (1)                 | Uninfected (0)               |
| Predicted | Infected (1)   | <b>2694</b><br>True Positive | <b>126</b><br>False Positive |
|           | Uninfected (0) | <b>62</b><br>False Negative  | <b>2630</b><br>True Negative |

Gambar 6. Hasil pengujian parameter confusion matrix

Berdasarkan data hasil pengujian confusion matrix untuk model *Densenet-121* pada gambar 6, diketahui bahwa terdapat dua kesalahan dalam melakukan prediksi yaitu kesalahan tipe 1 dan kesalahan tipe 2. Kesalahan tipe 1 pada model ini terjadi karena salah dalam melakukan prediksi terhadap 126 sel darah dinyatakan terinfeksi malaria, sedangkan faktanya adalah tidak terinfeksi malaria (FP). Sementara itu kesalahan tipe 2 terjadi karena salah dalam melakukan prediksi terhadap 62 sel darah dinyatakan tidak terinfeksi malaria, sedangkan faktanya adalah terinfeksi malaria (FN). Jadi kesimpulan dari pengujian *confusion matrix* pada untuk model *Densenet-121* yaitu masih terdapat kesalahan tipe 1 sebesar 2,28% dan kesalahan tipe 2 sebesar 1,12% dari 5512 sel darah yang diuji.

### 3. F1-score

Data pada tabel 2 di berikut ini merupakan data data hasil pengujian prediksi malaria menggunakan parameter *F1-score* model algoritma *DenseNet-121*.

Tabel 2. Hasil pengujian parameter F1-Score

|             | F1-Score |
|-------------|----------|
| Pengujian 1 | 0,9663   |
| Pengujian 2 | 0,9641   |
| Pengujian 3 | 0,9645   |

Nilai *F1-score* digunakan sebagai acuan untuk mengukur kinerja algoritma jika kondisi data *False Negative* dan *False Positive* memiliki perbedaan nilai yang cukup signifikan (*asymmetric*)[10].



Jadi meskipun skor akurasi memiliki nilai yang sangat tinggi tetapi ketika kesalahan tipe 1 dan kesalahan tipe 2 memiliki resiko yang sangat berbahaya, maka nilai *F1-score* lebih tepat digunakan untuk mengukur kinerja algoritma.

Mengacu pada skor kedua parameter ini (skor akurasi pada tabel 1 dan F1-score pada tabel 2) diketahui bahwa kedua parameter memiliki nilai yang hampir sama besar. Dengan demikian baik skor akurasi maupun F1-score dapat digunakan sebagai parameter untuk mengukur kinerja model algoritma *Densenet-121*. Dengan demikian dapat disimpulkan bahwa berdasarkan hasil pengujian parameter *F1-Score*, metode pre-trained model algoritma *Densenet-121* dapat digunakan untuk melakukan prediksi penyakit malaria dengan skor rata-rata sebesar 96,50%.

#### 4. Sanity Check

Data pada tabel 3 di bawah ini merupakan data persentase prediksi benar dan prediksi salah hasil pengujian prediksi malaria menggunakan parameter *sanity check*.

Tabel 3. Hasil pengujian parameter sanity check

|             | <b>Predicted True</b> | <b>Predicted False</b> |
|-------------|-----------------------|------------------------|
| Pengujian 1 | 100 %                 | 0 %                    |
| Pengujian 2 | 100 %                 | 0 %                    |
| Pengujian 3 | 100 %                 | 0 %                    |

Pengujian sanity check digunakan untuk menampilkan (visualisasi) hasil prediksi model yang telah dibuat terhadap data target (data sebenarnya). Berdasarkan data pada tabel 3 di atas dapat diketahui bahwa persentase prediksi benar baik pengujian 1, pengujian 2, dan pengujian 3 yaitu sebesar 100%. Sedangkan persentase prediksi salah baik pengujian 1, pengujian 2, dan pengujian 3 yaitu sebesar 0%. Pengujian sanity check dilakukan terhadap sampel Pengujian sanity check dilakukan terhadap sampel data test sebanyak 32 sel darah yang dipilih secara acak. Jumlah sampel yang diuji pada metode sanity check ini mengacu pada nilai parameter *batch\_size = 32* yang ditentukan pada proses data transformation. Berdasarkan hasil pengujian parameter *sanity check* dapat disimpulkan bahwa metode pre-trained model algoritma *DenseNet-121* dapat digunakan untuk melakukan prediksi penyakit malaria dengan skor prediksi benar sebesar 100%.

## SIMPULAN

Berdasarkan pada penelitian yang telah dilakukan, maka dapat disimpulkan bahwa pre-trained model algoritma *DenseNet-121* dapat digunakan untuk melakukan prediksi penyakit malaria dengan rata-rata skor sebesar 96,46% termasuk dalam kategori sangat baik. Nilai hasil pengujian rata-rata F1-score sebesar 96,50% termasuk dalam kategori sangat baik. Selanjutnya berdasarkan data hasil pengujian *confusion matrix* terdapat kesalahan tipe 1 sebesar 2,28% dan kesalahan tipe 2 sebesar 1,12% dari 5512 sel darah yang diuji. Serta hasil pengujian sanity check metode pre-trained model algoritma *DenseNet-121* yang digunakan dapat melakukan prediksi benar sebesar 100%.

## DAFTAR PUSTAKA

- Anon. 2021. *World Malaria Report 2021*.
- Aras, Suhardi, and Arief Setyanto. 2022. "Deep Learning Untuk Klasifikasi Motif Batik Papua Menggunakan EfficientNet Dan Transfer Learning." *INSECT* 8(1).
- Artini, Ni Nengah Yunita, and Erlin Yustin Tatontos. 2019. "Analisis Jenis Plasmodium Penyebab Malaria Terhadap Hitung Jumlah Trombosit." *Jurnal AnalisisMedika Bio Sains*.
- Bibin, Dhanya, Madhu S. Nair, and P. Punitha. 2017. "Malaria Parasite Detection from Peripheral Blood Smear Images Using Deep Belief Networks." *IEEE Access* 5:9099–9108. doi: 10.1109/ACCESS.2017.2705642.
- Dewi, Irma Amelia, and Farhan Rafiqi. 2019. "Deteksi Manusia Menggunakan Pre-Trained MobileNet Untuk Segmentasi Citra Menentukan Bentuk Tubuh." *MIND Journal / ISSN* ISSN(1):65–79. doi: 10.26760/mindjournal.
- Ferdinand Wowor, Mayer, Olive Amelia Waworuntu, Hedison Polii, and Janno Berty Bradly Bernadus. 2019. "Sensitivitas Dan Spesifisitas Rapid Diagnostic Test Malaria Sebagai Diagnostik Laboratorium Malaria Di RSUD Noongan." *Jurnal Kedokteran Klinik* 3(2):27–33.
- Fitriany, Julia, and Ahmad Sabiq. 2018. "MALARIA." *Jurnal Averrous* 4(2).
- Ghoneim, Salma. 2019. "Accuracy, Recall, Precision, F-Score and Specificity, Which to Optimize On." Retrieved December 27, 2022 (<https://towardsdatascience.com/accuracy-recall-precision-f-score-specificity-which-to-optimize-on-867d3f11124>).
- Hulu, Oktavianus, Contesa Prihatin, Familynard Maruhawa, Ari Probandari, Adi Utarini, and Soesanto Tjokrosonto. 2009. "Medical Error Dan Perilaku Klinis Petugas Kesehatan Dalam Penatalaksanaan Malaria Di RSUD Gunung Sitoli Nias." *Jurnal Manajemen Pelayanan Kesehatan* 12(1):12–19.
- Huri, A. D., Suseno R. A., and Azhar Y. 2022. "Brain Tumor Classification for MR Images Using Transfer Learning and EfficientNetB3." *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem Dan Teknologi Informasi)* 6(6):952–57. doi: 10.29207/resti.v6i6.4357.
- Irmanita, Rachmadania, Sri Suryani Prasetyowati, and Yuliant Sibaroni. 2021. "Classification of Malaria Complication Using CART (Classification and Regression Tree) and Naïve Bayes." *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem Dan Teknologi Informasi)* 5(1):10–16. doi: 10.29207/resti.v5i1.2770.
- Korstanje, Joos. 2021. "The F1 Score." Retrieved (<https://towardsdatascience.com/the-f1-score-bec2bbc38aa6>).
- Mawuntu, Arthur H. P. 2018. "Malaria Serebral." *Jurnal Neurologi Manado Sinaps* 1(3):1–21.
- Narkhede, Sarang. 2018. *Understanding Confusion Matrix*.
- Ridhovan A., Suharso A., and C. Rozikin. 2022. "Disease Detection in Banana Leaf Plants Using DenseNet and Inception Method." *Jurnal RESTI (Rekayasa Sistem Dan Teknologi Informasi)* 6(5):710–18. doi: 10.29207/resti.v6i5.4202.