

ABSTRAK

Diagnosis malaria masih menjadi tantangan besar di dunia kesehatan, terutama di daerah endemiknya seperti Sub-Sahara Afrika dan Asia Tenggara, di mana penyakit ini termasuk dalam 10 penyebab kematian utama. Berbagai studi yang sudah dilakukan dengan menggunakan metode *NasNet* dan *Random Forest*, belum mampu menganalisis fase *plasmodium* dalam sampel darah dan memerlukan komputasi yang besar, sehingga kurang praktis untuk daerah-daerah tertinggal yang menjadi endemik penyakit tersebut.

Dalam penelitian ini arsitektur MobileNetV2 digunakan untuk mengatasi masalah beban komputasi karena arsitekturnya berupa *depth-wise separable convolution* mampu mengurangi besar komputasi namun tetap mempertahankan nilai akurasi dari deteksi objeknya. Arsitektur tersebut dikombinasikan dengan *detection heads* berupa YOLOv11 menggunakan blok C3k2 (*Cross Stage Partial kernel size 2*) yang ikut mengurangi jumlah komputasi sebesar 22% dari versi blok YOLO sebelumnya berupa C2f namun tetap mempertahankan keakuratan deteksi.

Evaluasi performa model yang dikembangkan, dilakukan dengan mengukur nilai mAP (Mean Average Precision) sebagai nilai akurasi dan *localization* dari *bounding box prediction*, dan besar kebutuhan komputasi pada model deteksi. Hasil evaluasi mAP menggunakan MobileNetV2 dan YOLOv11 didapatkan nilai mAP sebesar 0,86 atau akurasi sebesar 86% di data training dan validasi dan besar komputasi sebanyak 2,823,926 parameter atau sebesar 10.77 MB dalam *base model*. Hal ini menunjukkan implementasi arsitektur MobileNetV2 dalam model YOLOv11 mampu mengatasi masalah beban komputasi dari deteksi objek berupa sampel darah pasien terjangkit malaria.

Kata kunci : Implementasi; MobileNetV2; Deteksi *plasmodium* malaria; Convolutional Neural Network; YOLOv11

ABSTRACT

Malaria diagnosis remains a significant challenge in global health, particularly in endemic regions such as Sub-Saharan Africa and South East Asia, where the disease is among the top 10 leading causes of death. Previous studies using methods like NasNet and Random Forest have been unable to analyze the plasmodium phase in blood samples and require substantial computational resources, making them impractical for use in underdeveloped areas that are endemic to the disease.

In this study, the MobileNetV2 architecture is employed to address computational load issues. Its depth-wise separable convolution design reduces computational requirements while maintaining detection accuracy. This architecture is combined with YOLOv11 detection heads, utilizing the C3k2 block (Cross Stage Partial kernel size 2), which reduces computation by 22% compared to the previous YOLO version's C2f block, while preserving detection accuracy.

The performance of the developed model is evaluated by measuring the mAP (Mean Average Precision) for accuracy and bounding box localization, as well as the computational requirements of the detection model. The results show that the model achieves an mAP of 0.86 (86% accuracy) on training and validation data, with a computational load of 2,823,926 parameters (10.77 MB) in base model. This demonstrates that the implementation of the MobileNetV2 architecture in the YOLOv11 model effectively addresses computational load issues for detecting plasmodium in the trophozoite phase in blood samples of malaria patients.

Keywords: Implementation; MobileNetV2; Malaria Plasmodium Detection; Convolutional Neural Network; YOLOv11