

Deteksi Malaria *Semi-Supervised*: Eksplorasi *Convolutional Autoencoder* dengan *SSIM Loss* dan *Youden J Thresholding*

^{1*}Danuar Aditya Anardha, ²Resty Wulanningrum, ³Julian Sahertian

^{1,2,3}Teknik Informatika, Universitas Nusantara PGRI Kediri

E-mail: ¹danuaranardha0@gmail.com, ²restyw@unpkediri.ac.id, ³juliansahertian@unpkediri.ac.id

Penulis Korespondens : Danuar Aditya Anardha

Abstrak— Sebuah *convolutional autoencoder* diterapkan dalam kerangka deteksi anomali *semi-supervised* untuk mengidentifikasi sel darah merah yang terinfeksi malaria. Model dilatih secara eksklusif menggunakan citra sel normal guna menangkap ciri struktural alaminya, sehingga memungkinkan deteksi anomali berdasarkan perbedaan rekonstruksi yang diukur menggunakan *Structural Similarity Index Measure* (SSIM). *Threshold* optimal ditentukan melalui analisis ROC dan statistik Youden's J. Evaluasi pada dataset uji yang seimbang menghasilkan akurasi sebesar 76%, dengan presisi 76,5% dan recall 76%, yang menyoroti tantangan dalam mendeteksi variasi patologis yang halus. Hasil menunjukkan potensi *unsupervised representation learning* dalam deteksi malaria, sekaligus menyarankan bahwa penelitian di masa depan sebaiknya difokuskan pada peningkatan sensitivitas dan *robustnes* melalui ekstraksi fitur yang lebih canggih dan teknik *hybrid supervised-unsupervised*.

Kata Kunci— *convolutional autoencoder*, deteksi anomali, deteksi malaria, *semi-supervised*, SSIM

Abstract— A *convolutional autoencoder* is applied within a *semi-supervised anomaly detection framework* to identify malaria-infected red blood cells. The model is trained exclusively on normal cell images to capture their inherent structural features, enabling detection of anomalies based on reconstruction dissimilarities quantified by the *Structural Similarity Index Measure* (SSIM). The optimal detection threshold is determined using ROC analysis and Youden's J statistic. Evaluation on a balanced test dataset achieves an accuracy of 76%, with 76.5% precision and 76% recall score, highlighting the challenges of detecting subtle pathological variations. Results indicate the potential of *unsupervised representation learning* for malaria detection, while suggesting that future research should focus on improving sensitivity and robustness through advanced feature extraction and *hybrid supervised-unsupervised techniques*.

Keywords— anomaly detection, *convolutional autoencoder*, *semi-supervised learning*, malaria detection, SSIM

This is an open access article under the CC BY-SA License.



I. PENDAHULUAN

Malaria merupakan penyakit infeksi yang masih menjadi ancaman serius bagi kesehatan global, terutama di wilayah tropis seperti Indonesia. Penyakit ini disebabkan oleh parasit dari genus *Plasmodium* yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *Anopheles* betina yang terinfeksi. Lima spesies *Plasmodium* diketahui dapat menginfeksi manusia, dengan *Plasmodium falciparum* dan *Plasmodium vivax* sebagai penyebab paling umum [1]. Gejala klinis meliputi demam tinggi, menggigil, sakit kepala, dan dapat berkembang menjadi komplikasi berat yang berujung pada kematian apabila tidak ditangani dengan segera. Oleh karena itu, deteksi dini sangat krusial untuk memastikan penanganan yang tepat dan cepat [2].

Kemajuan teknologi medis, khususnya analisis citra mikroskopis berbasis kecerdasan buatan, menawarkan solusi menjanjikan untuk mengatasi keterbatasan tenaga medis terlatih dalam diagnosis malaria [3]. Salah satu tantangan utama dalam diagnosis penyakit berbasis citra medis adalah interpretasi visual yang kompleks [4]. Peningkatan jumlah citra dan layanan kesehatan menuntut sistem analisis yang tidak hanya cepat, tetapi juga akurat. Metode konvensional seperti *Convolutional Neural Network* (CNN) dan *Support Vector Machine* (SVM) berbasis *supervised learning* umum digunakan, namun memiliki keterbatasan karena memerlukan data berlabel dalam jumlah besar, yang sulit diperoleh untuk kasus langka atau tahap awal infeksi [5]. Selain itu, variasi struktur dan morfologi sel darah merah antar individu turut menyulitkan proses klasifikasi [6].

Pendekatan alternatif yang tidak bergantung pada data berlabel menjadi penting dalam konteks ini. Salah satu metode yang relevan adalah *Autoencoder*, sebuah pendekatan *unsupervised learning* yang mampu mempelajari pola dari data normal tanpa anotasi [7]. *Autoencoder* bekerja dengan merepresentasikan citra ke dalam dimensi lebih rendah melalui *encoder*, lalu merekonstruksinya kembali menggunakan *decoder*. Perbedaan antara citra asli dan hasil rekonstruksi digunakan sebagai indikator anomali. Dalam penelitian ini, fungsi kerugian yang digunakan adalah *Structural Similarity Index Measure* (SSIM), yang mempertimbangkan struktur spasial, luminansi, dan kontras, sehingga lebih sesuai untuk mempertahankan detail visual penting pada citra medis [8], [9].

Beberapa studi sebelumnya menunjukkan efektivitas *deep learning* dalam deteksi malaria. Fuhad *et al.* [10] menggunakan *autoencoder* dengan MSE loss dan mencapai akurasi 99,74%. Bhuiyan dan Islam [11] menggabungkan VGG16, VGG19, dan DenseNet201 dalam pendekatan *ensemble* berbasis data berlabel, dengan akurasi 97,92%. Huq *et al.* [12] memperkenalkan AnoMalNet untuk deteksi *outlier* berbasis *autoencoder*, mencapai akurasi 98,49%. Sementara itu, Bergmann *et al.* [13] menunjukkan keunggulan SSIM dalam deteksi anomali citra industri. Rajaraman *et al.* [14] juga memanfaatkan *pre-trained* CNN untuk ekstraksi fitur malaria, namun tetap berbasis *supervised learning*. Berbeda dari studi tersebut, penelitian ini menerapkan *convolutional autoencoder* dengan SSIM loss dalam kerangka *unsupervised* guna mempertahankan struktur spasial citra secara lebih optimal.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini memiliki dua rumusan masalah utama: (1) bagaimana pemanfaatan *convolutional autoencoder* dengan fungsi kerugian SSIM dapat mendeteksi anomali pada citra apusan darah tipis [8], [15]; dan (2) bagaimana mengevaluasi performa model dalam membedakan citra normal dan anomali. Tujuan penelitian adalah membangun model deteksi anomali berbasis *convolutional autoencoder* yang mampu mengenali perbedaan struktur visual, serta mengevaluasi performanya menggunakan metrik akurasi, sensitivitas, dan nilai AUC [16], [17].

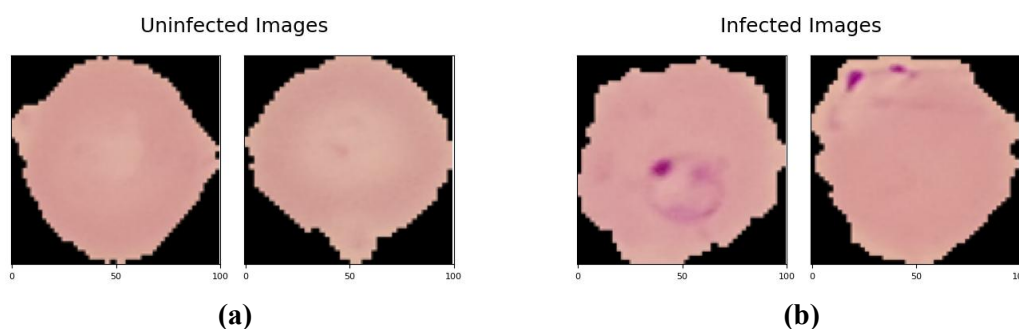
Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat berkontribusi dalam pengembangan metode deteksi anomali berbasis *deep learning* yang lebih efektif, khususnya dalam analisis citra medis dengan data anomali terbatas. Dengan memanfaatkan SSIM loss function, sistem dapat mempertimbangkan struktur spasial dalam proses identifikasi anomali. Selain kontribusi teknis di bidang medis, penelitian ini juga berpotensi menjadi referensi bagi pengembangan sistem serupa di bidang lain seperti industri manufaktur, keamanan, dan kesehatan lainnya.

II. METODE

Penelitian ini mengadopsi pendekatan *semi-supervised* untuk mendeteksi anomali pada citra apusan darah tipis dengan menggunakan model *convolutional autoencoder* yang dikombinasikan dengan fungsi kerugian *Structural Similarity Index Measure* (SSIM). Metode ini dimulai dengan melatih model menggunakan dataset yang hanya berisi citra normal sel darah merah, sehingga *autoencoder* dapat mempelajari karakteristik struktural dan visual khas dari sampel normal. Karena model tidak pernah terekspos pada data anomali selama pelatihan, kemampuannya dalam merekonstruksi citra anomali menjadi terbatas, dan perbedaan inilah yang dimanfaatkan untuk mengindikasikan keberadaan kelainan.

2.1 Data Collection

Dataset yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari *National Institutes of Health* (NIH), yang terdiri dari total 27.558 citra RGB apusan darah tipis. Dari jumlah tersebut, 13.779 citra diberi label terinfeksi parasit malaria, sementara 13.779 sisanya menunjukkan sel yang tidak terinfeksi. Seluruh citra memiliki format yang konsisten dan tersedia secara publik, sehingga cocok untuk penelitian yang dapat direproduksi. Dalam studi ini, hanya citra yang tidak terinfeksi yang digunakan selama pelatihan untuk mensimulasikan skenario deteksi anomali *semi-supervised*. Contoh citra sel tidak terinfeksi dan terinfeksi yang digunakan ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Sampel dari (a) citra sel sehat and (b) citra sel yang terinfeksi parasit.

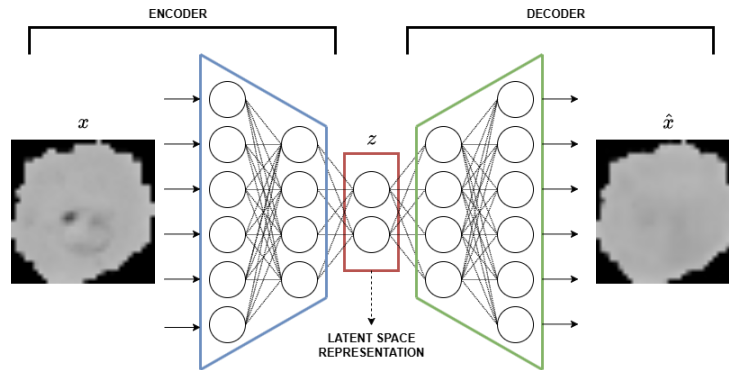
2.2 Data Preprocessing

Pada tahap pra-pemrosesan data, seluruh citra diubah ukurannya menjadi 32×32 piksel untuk memastikan konsistensi, dan dikonversi ke format *grayscale* guna mengurangi kompleksitas komputasi tanpa kehilangan informasi struktural penting. Dataset kemudian dibagi menjadi tiga bagian: 6.605 citra normal untuk pelatihan, 660 citra normal untuk validasi, serta 2.600 citra normal dan 2.600 citra anomali (terinfeksi malaria) untuk pengujian. Pembagian ini memungkinkan model dilatih hanya pada data normal, sehingga kemampuan deteksi anomali dapat dievaluasi secara optimal pada tahap pengujian.

2.3 Autoencoder

Autoencoder merupakan jaringan saraf *unsupervised* yang dirancang untuk merekonstruksi data input melalui representasi laten berdimensi lebih rendah. Model ini terdiri dari dua komponen utama: *encoder*, yang memetakan citra *input* x ke dalam representasi laten z , dan *decoder*, yang merekonstruksi citra menjadi $\hat{x}$. Ketika dilatih hanya dengan citra sel darah normal, *autoencoder* belajar memodelkan distribusi data sehat. Oleh karena itu, kesalahan rekonstruksi pada citra yang menyimpang (anomali) menjadi indikator utama deteksi. Proses ini digambarkan pada Gambar 2,

di mana *input* x dikompresi menjadi representasi laten z oleh *encoder*, lalu direkonstruksi menjadi $\hat{x}$ oleh *decoder*. Kesalahan rekonstruksi menjadi indikator utama dalam mendeteksi kelainan.



Gambar 2. Arsitektur *autoencoder* sederhana

Karena model hanya terpapar citra normal selama pelatihan, maka ia cenderung gagal merekonstruksi pola abnormal, seperti sel yang terinfeksi malaria. *Error* rekonstruksi dihitung berdasarkan *Structural Similarity Index Measure* (SSIM), yang mempertimbangkan luminansi, kontras, dan struktur spasial:

$$SSIM(x, \hat{x}) = \frac{(2\mu_x\mu_{\hat{x}} + C_1)(2\sigma_{x\hat{x}} + C_2)}{(\mu_x^2 + \mu_{\hat{x}}^2 + C_1)(\sigma_x^2 + \sigma_{\hat{x}}^2 + C_2)} \quad (2)$$

Dengan:

$\mu_x, \mu_{\hat{x}}$: rata-rata citra x dan $\hat{x}$,

$\sigma_x^2, \sigma_{\hat{x}}^2$: variansi,

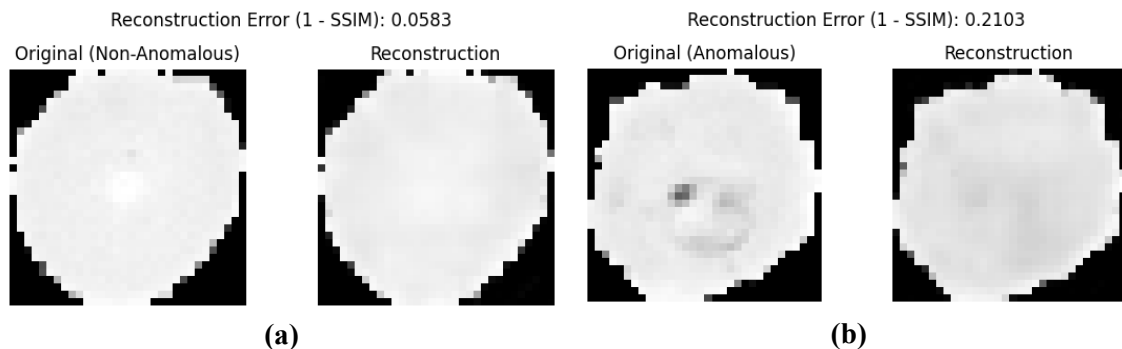
$\sigma_{x\hat{x}}$: kovariansi,

C_1, C_2 : konstanta untuk menstabilkan perhitungan.

Error kemudian didefinisikan sebagai:

$$\text{Error Rekonstruksi} = 1 - SSIM(x, \hat{x}) \quad (3)$$

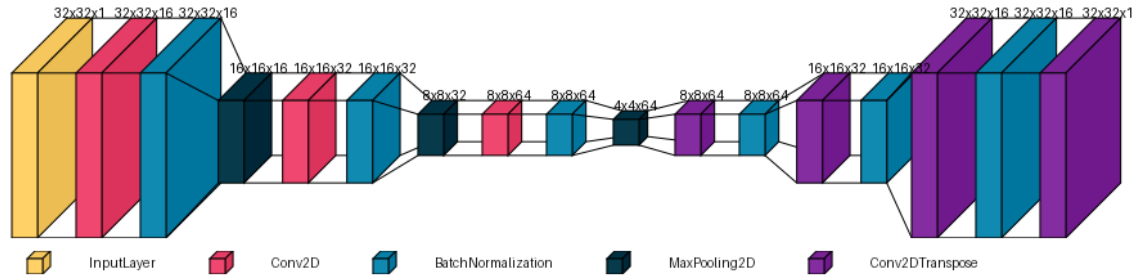
Dengan pendekatan ini, citra dengan struktur yang menyimpang dari pola normal (misalnya akibat parasit) akan menghasilkan skor SSIM lebih rendah (*error* lebih tinggi), seperti diilustrasikan pada Gambar 3.



Gambar 3. Deteksi anomali menggunakan *autoencoder*: (a) Citra normal dengan *error* rekonstruksi 0,0583. (b) Citra anomali dengan *error* rekonstruksi 0,2103.

Model yang digunakan adalah *Convolutional Autoencoder* (CAE), dengan arsitektur simetris. *Encoder* terdiri dari tiga blok Conv2D yang diikuti oleh *batch normalization* dan *max pooling*, yang mengecilkan dimensi spasial dari 32×32 ke 4×4 , dan memperbesar *channel depth* dari 1 ke

64. *Decoder* merupakan cerminan dari *encoder*, menggunakan *Conv2DTranspose* untuk mengembalikan dimensi spasial ke bentuk semula. Aktivasi sigmoid digunakan pada *output* untuk menjaga intensitas piksel dalam rentang [0,1]. Arsitektur keseluruhan model *convolutional autoencoder* yang digunakan dalam studi ini ditampilkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Arsitektur *convolutional autoencoder* yang diusulkan

2.4 Konfigurasi Pelatihan

Autoencoder dilatih hanya menggunakan citra normal (tidak terinfeksi) untuk mempelajari distribusi struktur sel sehat. Model dikompilasi dengan *optimizer* Adam (*learning rate* 0,01) untuk optimasi gradien adaptif. Kualitas rekonstruksi diukur menggunakan *Structural Similarity Index Measure* (SSIM) sebagai fungsi kerugian. Tujuan pelatihan adalah memaksimalkan kesamaan antara input dan rekonstruksinya, atau setara dengan meminimalkan $1 - \text{SSIM}(x, \hat{x})$.

Proses pelatihan berlangsung selama 200 *epoch* dengan *batch size* 32. Validasi dilakukan setiap akhir *epoch* menggunakan data citra normal. Model dilatih untuk merekonstruksi citra *grayscale* berukuran 32×32 dalam format *array* NumPy berdimensi (*samples*, 32, 32, 1), agar kompatibel dengan *convolutional layer* TensorFlow.

2.5 Metode Evaluasi

Untuk mengubah nilai *error* kontinu menjadi klasifikasi biner (normal vs. anomali), diperlukan *threshold*. *Threshold* optimal ditentukan menggunakan statistik Youden's J, yang menyeimbangkan sensitivitas dan spesifisitas, dengan rumus:

$$J(\theta) = \text{Sensitivitas}(\theta) + \text{Spesifisitas}(\theta) - 1 \quad (4)$$

Sensitivitas (*true positive rate*) mengukur proporsi citra terinfeksi yang berhasil terdeteksi sebagai anomali:

$$TPR(\theta) = \frac{TP(\theta)}{TP(\theta) + FN(\theta)} \quad (5)$$

sedangkan spesifisitas (*true negative rate*) mengukur proporsi citra normal yang dikenali dengan benar:

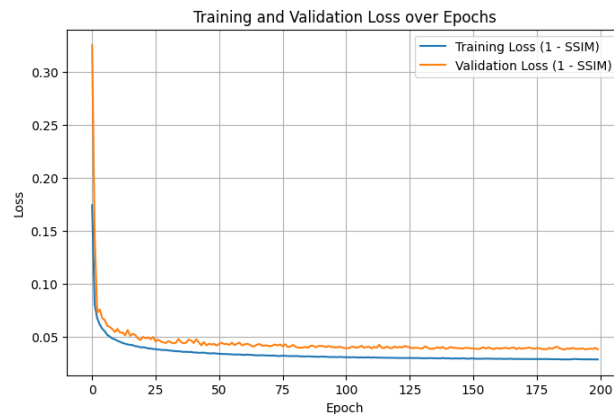
$$TNR(\theta) = \frac{TN(\theta)}{TN(\theta) + FP(\theta)} \quad (6)$$

Setelah menemukan *threshold* optimal θ^* yang memaksimalkan $J(\theta)$, performa model dievaluasi menggunakan metrik akurasi, *precision*, dan *recall*. Evaluasi ini mencerminkan skenario *semi-supervised*, di mana model tidak dilatih secara eksplisit untuk mengenali sel terinfeksi, melainkan belajar distribusi sel sehat dan menandai penyimpangan sebagai anomali. Pendekatan ini memastikan keseimbangan antara deteksi infeksi yang akurat dan minimisasi kesalahan pada citra normal.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Model dievaluasi dengan mengukur kemampuannya dalam membedakan antara citra sel darah merah normal dan yang terinfeksi malaria berdasarkan perbedaan hasil rekonstruksi. Setelah pelatihan selesai, kemampuan generalisasi model diuji pada data uji yang belum pernah dilihat sebelumnya, yang terdiri dari 2.600 citra normal dan 2.600 citra anomali (terinfeksi malaria).

Plot pada Gambar 5 menunjukkan perkembangan *loss* rekonstruksi pada data pelatihan dan validasi selama proses pelatihan. *Loss* pelatihan terus menurun dan akhirnya konvergen dengan *loss* validasi, menandakan bahwa model berhasil mempelajari karakteristik struktural sel darah normal tanpa mengalami *overfitting*.

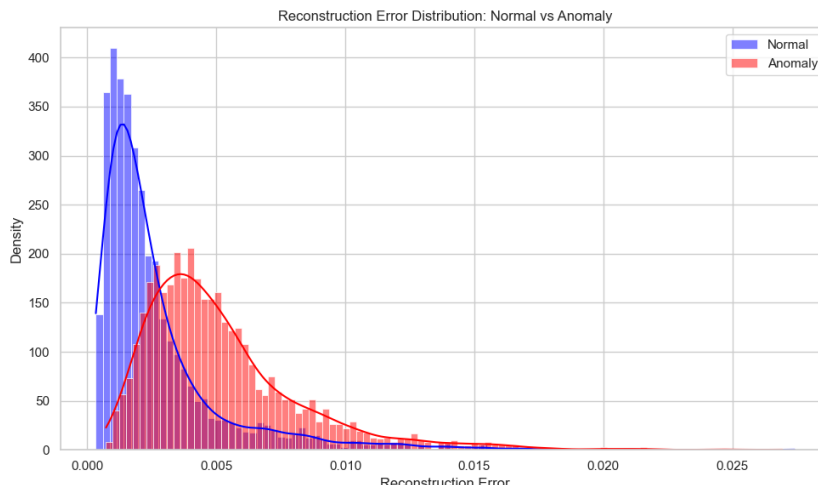


Gambar 5. Kurva *loss* pelatihan dan validasi berdasarkan *reconstruction error* SSIM selama 200 *epoch*.

Untuk mengevaluasi kemampuan model membedakan citra sel darah normal dan terinfeksi malaria berdasarkan *reconstruction error* ($D = 1 - SSIM$), distribusi skor disimilasi dihitung untuk seluruh sampel uji. Distribusi nilai D untuk sel anomali bergeser ke kanan dengan rata-rata $\mu_{anomaly} = 0.005205$, lebih tinggi dari $\mu_{normal} = 0.002680$ pada sel normal, menandakan perbedaan struktural yang signifikan akibat anomali. Estimasi distribusi empiris menggunakan *Kernel Density Estimation* (KDE) menghasilkan fungsi kepadatan $p(D | y = 0)$ dan $p(D | y = 1)$, di mana $y = 0$ dan $y = 1$ adalah label normal dan anomali. Ambang klasifikasi optimal θ ditentukan dengan memaksimalkan statistik Youden's J, yaitu:

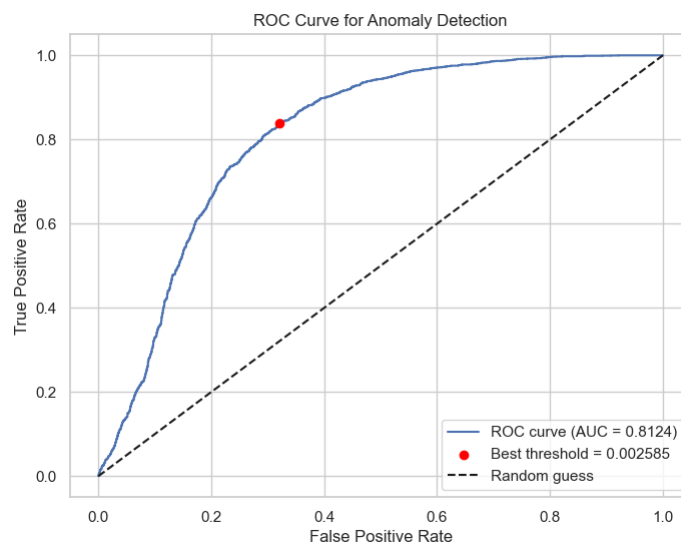
$$\theta^* = \underset{\theta}{arg\ max} [TPR(\theta) + TPR(\theta) - 1] \quad (7)$$

Histogram skor disimilasi rekonstruksi ditampilkan pada Gambar 7.



Gambar 6. Histogram skor disimulasi rekonstruksi ($1 - \text{SSIM}$) untuk sel darah normal dan terinfeksi malaria, menunjukkan pergeseran skor anomali ke nilai lebih tinggi.

Selanjutnya, kurva *Receiver Operating Characteristic* (ROC) dianalisis dengan memplot *true positive rate* (TPR) terhadap *false positive rate* (FPR) pada berbagai nilai ambang untuk mengevaluasi performa klasifikasi. *Threshold* optimal θ yang memaksimalkan statistik Youden's J ($J = \text{TPR} - \text{FPR}$) ditemukan pada 0,002585 dengan nilai J sebesar 0,5176, menyeimbangkan sensitivitas dan spesifisitas dalam deteksi anomali. *Area Under the Curve* (AUC) ROC sebesar 0,8124 mengindikasikan kemampuan diskriminatif model yang baik. Kurva ROC dengan titik ambang optimal ditunjukkan pada Gambar 8, memperlihatkan *trade-off* antara TPR dan FPR serta efektivitas θ terpilih dalam memisahkan kelas normal dan anomali.



Gambar 7. Kurva ROC model dengan threshold optimal ($\theta = 0,002585$) yang memaksimalkan Youden's J , AUC = 0,8124.

Dengan menggunakan *threshold* rekonstruksi optimal 0,002585 yang diperoleh dari maksialisasi statistik Youden's J , performa klasifikasi model dievaluasi pada data uji. *Confusion matrix* (persamaan 8) menunjukkan 1.870 *true negatives* (sel normal terdeteksi benar), 2.313 *true positives* (sel anomali terdeteksi benar), 887 *false positives*, dan 444 *false negatives*.

$$\begin{bmatrix} TN & FP \\ FN & TP \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1870 & 887 \\ 444 & 2313 \end{bmatrix} \quad (8)$$

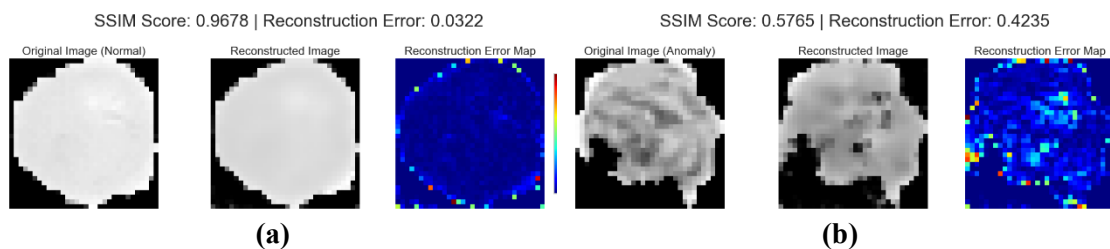
Model mencapai akurasi keseluruhan sebesar 76%, menandakan kemampuan yang baik dalam membedakan sel normal dan terinfeksi malaria. *Precision* kelas normal sebesar 0,81 mencerminkan proporsi prediksi normal yang benar, sedangkan *recall* kelas normal lebih rendah di 0,68, mengindikasikan adanya normal yang keliru diklasifikasi sebagai anomali.

Sebaliknya, kelas anomali memiliki *precision* 0,72 dan *recall* lebih tinggi 0,84, memperlihatkan kemampuan model yang lebih baik dalam mendeteksi sel terinfeksi meski terdapat *false positive*. *F1-score* masing-masing adalah 0,74 untuk normal dan 0,78 untuk anomali, menandai keseimbangan antara *precision* dan *recall*. Tabel 1 merangkum metrik utama ini.

Tabel 1. Metrik performa kuantitatif autoencoder pada data uji

Kelas	<i>Precision</i>	<i>Recall</i>	<i>F1-Score</i>
Normal	0.81	0.68	0.74
Anomali	0.72	0.84	0.78

Untuk memperdalam pemahaman, contoh rekonstruksi dari sampel normal dan anomali dianalisis secara kualitatif. Setiap contoh menampilkan citra asli, hasil rekonstruksi, dan peta error—perbedaan absolut per piksel antara input dan rekonstruksi. Analisis citra rekonstruksi secara kualitatif dijelaskan dalam gambar 9.



Gambar 1. Hasil rekonstruksi: (a) sel normal dan (b) sel anomali. Setiap triplet menampilkan citra input, rekonstruksi, dan *error map* beserta nilai SSIM dan *error* yang sesuai.

Gambar 8(a) memperlihatkan rekonstruksi sel darah normal dengan detail struktural yang terjaga, menghasilkan SSIM tinggi 0,9678 dan *error* rendah 0,0322. Sebaliknya, pada gambar 8(b), sel anomali menunjukkan rekonstruksi yang tampak terdistorsi, terutama di bagian tengah, dengan SSIM menurun drastis menjadi 0,5765 dan *error* meningkat ke 0,4235. Perbedaan visual ini menguatkan bahwa model kurang mampu merepresentasikan struktur yang tidak terdapat pada data pelatihan, sehingga rekonstruksi yang buruk menjadi indikator efektif dalam mendeteksi anomali.

Hasil eksperimen menunjukkan bahwa penggunaan *reconstruction error* sebagai parameter tunggal untuk deteksi anomali belum cukup baik pada citra sel darah merah. Meskipun model dilatih hanya dengan sel normal, distribusi error antara sampel normal dan terinfeksi masih tumpang tindih, menghasilkan tingkat *false positive* dan *false negative* yang tinggi. Beberapa citra terinfeksi direkonstruksi dengan baik sehingga gagal terdeteksi, sementara variasi normal yang tidak dilihat saat pelatihan menghasilkan *error* tinggi dan terklasifikasi sebagai anomali. Hal ini menunjukkan bahwa *reconstruction loss* saja belum mampu menangkap makna semantik atau patologis dari anomali, sehingga pendekatan berbasis *feature extraction* atau metode *hybrid* mungkin diperlukan untuk meningkatkan sensitivitas dan spesifisitas di masa mendatang.

IV. KESIMPULAN

Pendekatan pembelajaran representasi *unsupervised* berbasis *convolutional autoencoder* telah dieksplorasi dalam kerangka deteksi anomali *semi-supervised* untuk membedakan citra sel darah merah normal dan terinfeksi malaria. Model dilatih secara eksklusif pada data normal dan dievaluasi berdasarkan kualitas rekonstruksi menggunakan SSIM. *Threshold* deteksi optimal ditentukan melalui analisis kurva ROC dan statistik Youden. Meskipun model menunjukkan performa klasifikasi yang moderat, hasil ini menegaskan keterbatasan penggunaan *reconstruction error* sebagai satu-satunya parameter diskriminatif, terutama dalam domain citra medis yang memiliki kompleksitas struktural tinggi. Temuan ini membuka arah riset lanjutan, termasuk *multi-scale feature extraction*, pemanfaatan bidang ilmu, dan penggabungan dengan pendekatan *supervised* untuk meningkatkan ketelitian deteksi anomali pada kasus patologi dengan variabilitas halus.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] M. Poostchi, K. Silamut, R. J. Maude, S. Jaeger, and G. Thoma, "Image analysis and machine learning for detecting malaria," *Transl Res*, vol. 194, pp. 36–55, 2018, doi: 10.1016/j.trsl.2017.12.004.
- [2] M. H. D. Alnussairi and A. A. Ibrahim, "Malaria parasite detection using deep learning algorithms based on (CNNs) technique," *Computers and Electrical Engineering*, vol. 103, p. 108316, Oct. 2022, doi: 10.1016/J.COMPELECENG.2022.108316.
- [3] J. T. Bandzuh *et al.*, "Knowledge, attitudes, and practices of Anopheles mosquito control through insecticide treated nets and community-based health programs to prevent malaria in East Sumba Island, Indonesia," *PLOS Global Public Health*, vol. 2, no. 9, pp. e0000241-, Sep. 2022, [Online]. Available: <https://doi.org/10.1371/journal.pgph.0000241>
- [4] N. Shvetsova, B. Bakker, I. Fedulova, H. Schulz, and D. V Dylov, "Anomaly Detection in Medical Imaging With Deep Perceptual Autoencoders," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 118571–118583, 2021, doi: 10.1109/access.2021.3107163.
- [5] M.-I. Georgescu, "Masked Autoencoders for Unsupervised Anomaly Detection in Medical Images," 2023. [Online]. Available: <https://arxiv.org/abs/2307.07534>
- [6] Y. Tian *et al.*, "Unsupervised Anomaly Detection in Medical Images with a Memory-augmented Multi-level Cross-attentional Masked Autoencoder," 2023. [Online]. Available: <https://arxiv.org/abs/2203.11725>
- [7] C. Baur, S. Denner, B. Wiestler, S. Albarqouni, and N. Navab, "Autoencoders for Unsupervised Anomaly Segmentation in Brain MR Images: A Comparative Study," 2020. [Online]. Available: <https://arxiv.org/abs/2004.03271>
- [8] Z. Wang, A. C. Bovik, H. R. Sheikh, and E. P. Simoncelli, "Image quality assessment: from error visibility to structural similarity," *IEEE Transactions on Image Processing*, vol. 13, no. 4, pp. 600–612, 2004, doi: 10.1109/TIP.2003.819861.
- [9] S. K. Zhou *et al.*, "A Review of Deep Learning in Medical Imaging: Imaging Traits, Technology Trends, Case Studies With Progress Highlights, and Future Promises," *Proceedings of the IEEE*, vol. 109, no. 5, pp. 820–838, 2021, doi: 10.1109/JPROC.2021.3054390.
- [10] K. M. F. Fuhad, J. F. Tuba, M. R. A. Sarker, S. Momen, N. Mohammed, and T. Rahman, "Deep Learning Based Automatic Malaria Parasite Detection from Blood Smear and its

- Smartphone Based Application,” *Diagnostics (Basel)*, vol. 10, no. 5, p. 329, 2020, [Online]. Available: <https://doi.org/10.3390/diagnostics10050329>
- [11] M. Bhuiyan and M. S. Islam, “A new ensemble learning approach to detect malaria from microscopic red blood cell images,” *Sensors International*, vol. 4, p. 100209, 2023, doi: <https://doi.org/10.1016/j.sintl.2022.100209>.
- [12] A. Huq, M. T. Reza, S. Hossain, and S. M. Dipto, “AnoMalNet: Outlier Detection based Malaria Cell Image Classification Method Leveraging Deep Autoencoder,” 2024. [Online]. Available: <https://arxiv.org/abs/2303.05789>
- [13] P. Bergmann, S. Löwe, M. Fauser, D. Sattlegger, and C. Steger, “Improving Unsupervised Defect Segmentation by Applying Structural Similarity to Autoencoders,” Nov. 2019, pp. 372–380. doi: 10.5220/0007364503720380.
- [14] S. Rajaraman, S. Jaeger, and S. K. Antani, “Performance evaluation of deep neural ensembles toward malaria parasite detection in thin-blood smear images,” *PeerJ*, vol. 7, p. e6977, 2019, [Online]. Available: <https://doi.org/10.7717/peerj.6977>
- [15] H. Torabi, S. L. Mirtaheri, and S. Greco, “Practical autoencoder based anomaly detection by using vector reconstruction error,” *Cybersecurity*, vol. 6, no. 1, p. 1, 2023, doi: 10.1186/s42400-022-00134-9.
- [16] J. Chen, S. Sathe, C. Aggarwal, and D. Turaga, “Outlier Detection with Autoencoder Ensembles,” in *Proceedings of the 2017 SIAM International Conference on Data Mining (SDM)*, pp. 90–98. doi: 10.1137/1.9781611974973.11.
- [17] V. Chandola, A. Banerjee, and V. Kumar, “Anomaly detection: A survey,” *ACM Comput. Surv.*, vol. 41, no. 3, Jul. 2009, doi: 10.1145/1541880.1541882.