

SISTEM PREDIKSI MULTI-PENYAKIT BERBASIS GEJALA DENGAN KELUARAN PROBABILITAS TIGA TERATAS MENGGUNAKAN ALGORITMA RANDOM FOREST

Hardita Subanda^{1*}, Fahrir Irhamna Rachman², Muhammad Faisal³

^{1,2,3} Universitas Muhammadiyah Makassar, Indonesia

¹hardita19noobz@gmail.com*, ²fachrim141020@unismuh.ac.id

³muhfaisal@unismuh.ac.id

* Corresponding Author

Info Article

Submission : 12-08-2026
Review : 20-08-2026
Revised : 27-08-2026
Accepted : 30-08-2026
Published : 03-09-2026

Keywords:

Random Forest, prediksi multi-kelas, rekam medis elektronik, feature importance, kriteria Gini, sistem pendukung keputusan klinis

Abstrak

Beberapa penyakit umum seperti malaria, demam berdarah dengue (DBD), tifoid, infeksi saluran pernapasan akut (ISPA), dan Gastroenteritis memiliki gejala awal yang saling tumpang tindih sehingga sering menyulitkan identifikasi dini pada fasilitas kesehatan tingkat pertama, salah satunya Klinik Banda Neira yang saat ini masih melakukan identifikasi gejala secara manual. Penelitian ini bertujuan membangun sistem pendukung keputusan (decision support system) berbasis web menggunakan algoritma Random Forest sebagai alat bantu skrining awal bagi tenaga kesehatan, bukan sebagai penentu diagnosis mutlak, yang menampilkan tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi (top-3 probability) berdasarkan gejala yang diinput pengguna. Dataset penelitian merupakan integrasi 4.027 data yang terdiri atas 886 data (22%) rekam medis Klinik Banda Neira dan 3.141 data (78%) dataset publik; sebelum digabungkan, kedua sumber data diselaraskan (harmonisasi) terlebih dahulu ke dalam struktur atribut yang identik, yaitu sepuluh variabel gejala biner (demam, batuk, mual, muntah, diare, sakit kepala, nyeri otot, menggigil, sesak napas, dan ruam merah) serta lima label penyakit yang sama. Tahapan penelitian meliputi preprocessing data, pembagian data latih-uji secara stratified (80:20), pelatihan model, hyperparameter tuning menggunakan GridSearchCV, serta evaluasi menggunakan accuracy, precision, recall, F1-score, confusion matrix, dan 5-fold cross-validation. Pengujian black box terhadap sembilan skenario menunjukkan seluruh fitur sistem berjalan sesuai rancangan. Hasil evaluasi menunjukkan algoritma Random Forest menghasilkan akurasi 87,59%, precision (weighted) 89,09%, recall (weighted) 87,59%, F1-score (weighted) 87,78%, serta rata-rata akurasi cross-validation 87,24% (standar deviasi 1,28%). Confusion matrix menunjukkan kesalahan klasifikasi terbesar antara kelas DBD dan Tifoid akibat kemiripan gejala awal, sedangkan feature importance menunjukkan gejala batuk sebagai fitur dengan kontribusi tertinggi. Dengan demikian, algoritma Random Forest terbukti mampu memberikan kinerja klasifikasi yang baik dan stabil sebagai sistem pendukung keputusan awal bagi tenaga medis, dengan keterbatasan utama berupa representasi gejala yang masih bersifat biner tanpa mempertimbangkan derajat keparahan.

How to Cite : Subanda, H., Rachman, F. I., & Faisal, M. (2026). Sistem prediksi multi-penyakit berbasis gejala dengan keluaran probabilitas tiga teratas menggunakan algoritma random forest. *Journal of Computer Science and Information Technology (JCSIT)*, 1(2), 306–322.

DOI : 10.70248/jcsit.v3i4.4478

This is an open access article under <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>
Copyright© 2026 by Author. Published by Yayasan Nuraini Ibrahim Mandiri



PENDAHULUAN

Perkembangan teknologi informasi dan kecerdasan buatan (artificial intelligence) memberikan pengaruh besar dalam bidang kesehatan, terutama pada proses analisis data medis dan prediksi penyakit. Penerapan machine learning semakin banyak digunakan karena dinilai mampu membantu tenaga medis mengenali penyakit secara lebih cepat melalui pola data pasien. Salah satu algoritma yang sering digunakan adalah Random Forest karena memiliki kemampuan klasifikasi yang baik serta mampu mengolah data yang kompleks. Omankwu et al. (2024) menunjukkan bahwa algoritma Random Forest mampu memberikan hasil prediksi penyakit dengan performa yang

efektif, sedangkan Narasimhan dan Victor (2025) menyatakan bahwa pendekatan hibrida berbasis Random Forest dapat meningkatkan akurasi prediksi penyakit dibandingkan model tunggal.

Di Indonesia, khususnya pada fasilitas kesehatan tingkat pertama seperti klinik dan puskesmas di wilayah kepulauan dan terpencil, proses identifikasi penyakit masih banyak dilakukan secara manual berdasarkan gejala yang diamati tenaga medis, sementara akses terhadap pemeriksaan penunjang seperti tes darah atau serologi sering kali terbatas. Malaria, DBD, tifoid, ISPA, dan Gastroenteritis memiliki gejala awal yang hampir sama, misalnya demam, sakit kepala, mual, atau nyeri otot, sehingga menyulitkan identifikasi awal (differential diagnosis) tanpa disertai pemeriksaan laboratorium (Hin et al., 2021). Keterlambatan identifikasi pada penyakit-penyakit tersebut berisiko menunda penanganan dan rujukan; studi profil demam akut di daerah tropis melaporkan komplikasi klinis yang tidak sedikit, seperti syok pada kasus malaria dan hepatitis pada kasus dengue, ketika etiologi demam tidak segera teridentifikasi (Agrawal et al., 2025). Kondisi ini menegaskan pentingnya sistem skrining awal yang dapat mempercepat proses triase dan efisiensi rujukan pasien pada fasilitas kesehatan dengan sumber daya terbatas, khususnya di daerah kepulauan. Beban malaria di Indonesia sendiri masih tergolong tinggi pada sejumlah wilayah endemis sebagaimana dilaporkan pada pedoman teknis penanggulangan malaria nasional (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2023) dan laporan malaria dunia (World Health Organization, 2024a), sementara penerapan Random Forest untuk pemodelan risiko kesehatan masyarakat berbasis data lingkungan di Indonesia turut menunjukkan hasil yang menjanjikan pada wilayah dengan keterbatasan infrastruktur kesehatan (Mahdiana et al., 2025). Berdasarkan Profil Kesehatan Indonesia (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2025) dan Statistik Kesehatan Provinsi Maluku (Badan Pusat Statistik Provinsi Maluku, 2025), kelima penyakit tersebut masih banyak ditemukan pada fasilitas pelayanan kesehatan dan memerlukan penanganan yang cepat serta tepat. Agusyl dan Firmansyah (2023) menjelaskan bahwa algoritma Random Forest mampu membantu proses klasifikasi penyakit dengan tingkat akurasi yang baik karena dapat mengolah banyak variabel gejala secara bersamaan, sedangkan Song et al. (2021) menunjukkan bahwa Random Forest memiliki tingkat akurasi terbaik dibandingkan beberapa algoritma machine learning lain dalam kasus prediksi penyakit.

Beberapa penelitian sebelumnya telah menerapkan Random Forest untuk prediksi berbagai jenis penyakit secara terpisah, seperti prediksi penyakit jantung (Khofiyah & Kuncoro, 2025), penyakit tangan-kaki-mulut (Meng et al., 2021), serta gangguan kesehatan kronis lain menggunakan pendekatan ensemble (Alaka et al., 2023; Bhat et al., 2022; Dalal et al., 2023; Elmi et al., 2024; Fernandez-Lozano et al., 2021; Grover et al., 2022; Kaur et al., 2024; Lakshmi et al., 2025). Pada konteks penyakit tropis yang lebih relevan dengan penelitian ini, Random Forest juga telah diterapkan untuk deteksi dini demam berdarah dengue (Bria et al., 2025) dan klasifikasi pasien tifus pada layanan kesehatan tingkat pertama (Muharom et al., 2025), dengan hasil yang menunjukkan performa klasifikasi yang baik pada kasus penyakit dengan gejala tumpang tindih. Namun demikian, sebagian besar penelitian tersebut berfokus pada klasifikasi biner atau satu jenis penyakit, sedangkan penelitian yang mengklasifikasikan beberapa penyakit tropis sekaligus (multi-kelas) berdasarkan gejala umum masih terbatas.

Dibandingkan dengan klasifikasi biner, klasifikasi multi-kelas seperti yang diterapkan pada penelitian ini secara statistik memiliki kompleksitas yang lebih tinggi,

karena *confusion matrix* yang dihasilkan berukuran $K \times K$ (K adalah jumlah kelas) sehingga jumlah pasangan kelas yang berpotensi saling tertukar meningkat secara kuadratik seiring bertambahnya jumlah kelas, sementara sejumlah metrik evaluasi standar seperti kurva ROC pada dasarnya dirancang untuk kasus dua kelas dan memerlukan pendekatan tambahan (misalnya reduksi *confusion matrix* ke bentuk 2×2) ketika diterapkan pada kasus multi-kelas (Markoulidakis et al., 2021). Evaluasi performa model multi-kelas juga berpotensi bersifat optimistis apabila hanya mengandalkan metrik agregat seperti accuracy tanpa memperhitungkan distribusi kelas maupun tingkat kepercayaan prediksi pada tiap kelas secara individual (Aguilar-Ruiz & Michalak, 2024). Kompleksitas ini semakin relevan pada penelitian ini karena kelima kelas penyakit yang diklasifikasikan memiliki fitur gejala yang saling tumpang tindih secara klinis, sehingga interpretasi *confusion matrix* perlu dilakukan secara cermat pada tingkat pasangan kelas (pairwise), bukan hanya pada tingkat akurasi keseluruhan, sebagaimana diuraikan lebih lanjut pada bagian Hasil dan Pembahasan.

Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini mengembangkan sistem prediksi beberapa penyakit umum (malaria, DBD, tifoid, ISPA, dan Gastroenteritis) berbasis web menggunakan algoritma Random Forest, dengan keluaran berupa tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi (top-3 probability) berdasarkan gejala yang diinput pengguna, alih-alih hanya satu label diagnosis tunggal. Pendekatan probabilistik ini dipilih karena gejala awal kelima penyakit tersebut saling tumpang tindih, sehingga keluaran berupa beberapa kemungkinan penyakit dinilai lebih sesuai dengan karakter data dan lebih membantu tenaga medis dalam mempersempit diagnosis banding dibandingkan keluaran biner tunggal.

Berdasarkan uraian tersebut, penelitian ini dilatarbelakangi oleh kebutuhan untuk membangun sistem prediksi penyakit umum berbasis web yang mampu menampilkan tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi menggunakan algoritma Random Forest, sekaligus mengkaji sejauh mana algoritma tersebut mampu melakukan klasifikasi multi-kelas terhadap lima penyakit berdasarkan gejala yang diinput pengguna, serta bagaimana performa model yang dihasilkan apabila diukur menggunakan accuracy, precision, recall, F1-score, dan *confusion matrix*. Sejalan dengan hal tersebut, penelitian ini bertujuan membangun sistem yang mampu menampilkan keluaran probabilistik tersebut, mengidentifikasi kemampuan algoritma Random Forest dalam klasifikasi penyakit berdasarkan gejala, serta mengukur tingkat performa model menggunakan kelima metrik evaluasi di atas.

Variabel yang digunakan dalam penelitian ini berupa sepuluh gejala penyakit, yaitu demam, batuk, mual, muntah, diare, sakit kepala, nyeri otot, menggigil, sesak napas, dan ruam merah, yang direpresentasikan dalam bentuk data biner (0 = gejala tidak ada, 1 = gejala ada), serta variabel label berupa lima kelas penyakit, yaitu Malaria, DBD, Tifoid, ISPA, dan Gastroenteritis.

METODE PENELITIAN

Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian pengembangan sistem prediksi penyakit berbasis machine learning menggunakan algoritma Random Forest. Proses penelitian dilakukan di Klinik Banda Neira sebagai lokasi pengambilan data primer berupa rekam medis pasien yang berisi data gejala dan diagnosis penyakit, sedangkan proses perancangan, pelatihan model, dan pengujian sistem dilakukan menggunakan perangkat komputer dan jaringan internet. Penelitian dilaksanakan pada periode Maret

2026 sampai dengan Juni 2026, meliputi tahap studi literatur, pengumpulan data, pembangunan dan pelatihan model, evaluasi model, serta penyusunan laporan hasil penelitian.

Data dan Bahan Penelitian

Data yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari data primer dan data sekunder. Data primer diperoleh dari rekam medis pasien di Klinik Banda Neira yang memuat informasi gejala dan hasil diagnosis penyakit, sedangkan data sekunder diperoleh dari dataset publik yang relevan dengan penelitian. Proses penggabungan kedua sumber data dilakukan melalui tahapan standardisasi atribut (attribute alignment), yaitu: (a) pemetaan ulang (mapping) label penyakit dari masing-masing sumber data ke lima kelas target penelitian (Malaria, DBD, Tifoid, ISPA, dan Gastroenteritis); (b) penyelarasan sepuluh variabel gejala ke dalam format biner yang seragam (0 = gejala tidak ada, 1 = gejala ada); dan (c) pemeriksaan duplikasi antar sumber data untuk menghindari data ganda pada dataset gabungan. Dari total 4.027 data yang digunakan, sebanyak 886 data (22%) berasal dari rekam medis Klinik Banda Neira, sedangkan 3.141 data (78%) berasal dari dataset publik yang telah melalui proses seleksi dan penyesuaian atribut tersebut.

Perlu dicatat sebagai keterbatasan metodologis bahwa kesetaraan (homogenitas) karakteristik statistik antara data rekam medis lokal dan dataset publik pada penelitian ini belum diuji secara formal menggunakan uji statistik seperti Chi-Square atau MANOVA. Kelayakan penggabungan kedua sumber data pada tahap ini didasarkan pada kesamaan struktur atribut, yaitu skema sepuluh gejala biner dan lima label penyakit yang identik pada seluruh sumber data, serta hasil pemeriksaan distribusi kelas pada Gambar 2 yang tidak menunjukkan penyimpangan ekstrem setelah data digabungkan. Pengujian homogenitas secara statistik antara kedua sumber data disarankan sebagai bagian dari penelitian lanjutan.

Dataset disusun dalam bentuk berkas CSV yang terdiri atas 12 kolom, yaitu satu kolom identitas pasien, sepuluh kolom gejala berupa data biner, dan satu kolom label penyakit dengan lima kelas, yaitu DBD, Gastroenteritis, ISPA, Malaria, dan Tifoid. Representasi gejala secara biner ini dipilih karena kesederhanaannya pada tahap awal pengembangan model serta ketersediaannya secara konsisten pada seluruh sumber data yang digunakan. Pendekatan ini memiliki keterbatasan resolusi informasi, yaitu tidak membedakan derajat keparahan maupun durasi suatu gejala, misalnya antara demam ringan dan demam tinggi, atau batuk yang baru muncul dan batuk yang telah berlangsung beberapa hari, sehingga dua kondisi klinis dengan tingkat keparahan berbeda dapat direpresentasikan secara identik oleh model.

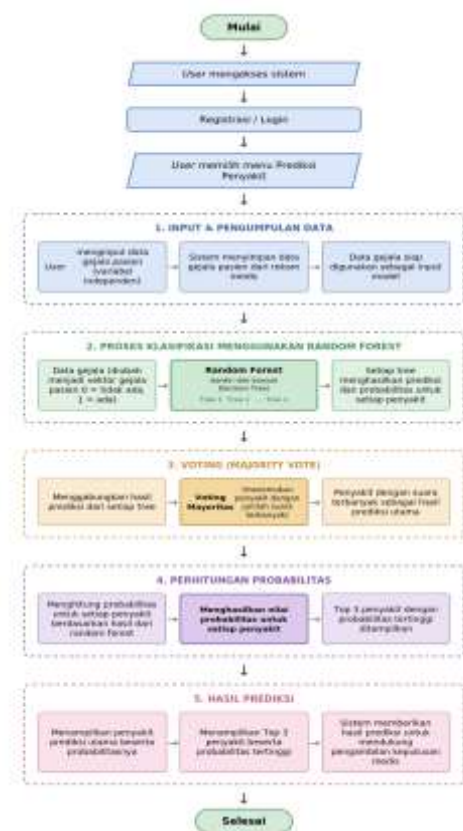
Pemilihan sepuluh gejala dilakukan berdasarkan kombinasi antara ketersediaan data rekam medis Klinik Banda Neira dan kajian literatur medis terkait kelima penyakit yang diteliti, yaitu demam, batuk, mual, muntah, diare, sakit kepala, nyeri otot, menggigil, sesak napas, dan ruam merah, dengan merujuk pada gejala klinis yang umum dilaporkan pada profil demam akut di daerah tropis (Agrawal et al., 2025) serta pada sistem diagnosis diferensial penyakit infeksi berbasis gejala (Hin et al., 2021). Pemilihan ini belum melalui proses validasi terstruktur oleh tenaga medis spesialis, seperti wawancara terstruktur atau metode Delphi, sehingga keterwakilan gejala terhadap penilaian klinis pakar penyakit dalam/tropis merupakan keterbatasan metodologis lain pada penelitian ini yang disarankan untuk ditindaklanjuti melalui kolaborasi dengan tenaga medis pada penelitian selanjutnya.

Perlu ditegaskan bahwa diare pada penelitian ini diperlakukan sebagai salah satu variabel gejala klinis (input), bukan sebagai kelas penyakit yang berdiri sendiri. Menurut World Health Organization (2024b), diare merupakan kondisi buang air besar dengan tinja lembek atau cair sebanyak tiga kali atau lebih dalam satu hari yang pada umumnya merupakan gejala dari infeksi saluran pencernaan, sehingga secara medis bukan merupakan penyakit yang berdiri sendiri. Atas dasar tersebut, kelas penyakit yang merepresentasikan kondisi klinis dengan gejala dominan diare diberi nama Gastroenteritis, sehingga penamaan kelas penyakit menjadi lebih tepat secara medis dan tidak tumpang tindih dengan nama gejalanya sendiri.

Perangkat penelitian yang digunakan meliputi laptop dengan processor Intel Core i5 dan RAM 16 GB, sistem operasi Windows, Visual Studio Code sebagai text editor, Node.js dengan framework Express.js dan template engine EJS untuk antarmuka web, bahasa pemrograman Python dengan pustaka scikit-learn (Pedregosa et al., 2011) untuk pelatihan model Random Forest, serta PostgreSQL yang dikelola melalui platform Supabase sebagai basis data.

Perancangan Sistem

Perancangan sistem pada penelitian ini menggambarkan alur kerja sistem prediksi penyakit berbasis web, mulai dari input gejala oleh pengguna, pengolahan data, proses klasifikasi menggunakan algoritma Random Forest, hingga sistem menampilkan hasil prediksi penyakit beserta nilai probabilitasnya, sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Flowchart Sistem Prediksi Penyakit

Sistem dibangun dengan arsitektur tiga lapisan (three-tier architecture) yang saling terhubung melalui REST API, yaitu lapisan antarmuka pengguna

(Node.js/Express.js), lapisan layanan machine learning (Python/FastAPI; Ramírez, n.d.) yang memuat model Random Forest dan melakukan proses klasifikasi, serta lapisan basis data (PostgreSQL/Supabase) untuk menyimpan riwayat prediksi. Data gejala pasien diubah menjadi vektor numerik biner (0 = tidak ada, 1 = ada) sebelum diproses oleh model. Sistem menerapkan syarat minimal dua gejala sebelum proses prediksi dapat dilakukan, yang divalidasi pada dua lapis (Express.js dan FastAPI) sebagai mekanisme defense in depth.

Proses klasifikasi menggunakan Random Forest melibatkan empat formula matematis utama, yaitu pemilihan fitur pemisah (split) terbaik pada setiap simpul pohon keputusan menggunakan Gini Index dan information gain, penggabungan hasil prediksi seluruh pohon melalui *majority voting*, serta perhitungan probabilitas akhir tiap kelas penyakit.

Setiap decision tree memilih fitur gejala sebagai pemisah (split) pada setiap simpul dengan mengukur tingkat ketidakmurnian (impurity) data menggunakan Gini Index, dirumuskan sebagai berikut:

$$Gini(S) = 1 - \sum_i p_i^2, \quad i = 1 \text{ sampai } c \quad (1)$$

dengan S adalah himpunan data pada simpul, c adalah jumlah kelas penyakit (lima kelas), dan p_i adalah proporsi data kelas ke- i terhadap seluruh data pada simpul S . Fitur gejala yang dipilih sebagai split adalah fitur yang menghasilkan information gain (penurunan Gini Index) terbesar, dirumuskan sebagai berikut:

$$IG(S,A) = Gini(S) - [(n_0/n) \cdot Gini(S_0) + (n_1/n) \cdot Gini(S_1)] \quad (2)$$

dengan $Gini(S)$ adalah nilai Gini Index pada simpul induk, n_0 dan n_1 adalah jumlah data pada kelompok anak dengan nilai gejala 0 dan 1, n adalah total data pada simpul induk, serta $Gini(S_0)$ dan $Gini(S_1)$ adalah nilai Gini Index masing-masing kelompok anak. Setelah seluruh pohon menghasilkan prediksi kelas penyakit masing-masing, sistem menentukan hasil prediksi utama melalui mekanisme *majority voting*, yaitu memilih kelas penyakit yang paling banyak dipilih oleh seluruh pohon, dirumuskan sebagai berikut:

$$\hat{y} = mode\{ h_1(x), h_2(x), \dots, h_B(x) \} \quad (3)$$

dengan $h_b(x)$ adalah hasil prediksi kelas penyakit oleh pohon ke- b terhadap data gejala x , B adalah jumlah total pohon, dan mode menyatakan nilai (kelas) yang paling sering muncul. Selain hasil klasifikasi utama, sistem menghitung nilai probabilitas tiap kelas penyakit dengan merata-ratakan probabilitas yang dihasilkan oleh seluruh pohon (predict_proba pada scikit-learn), dirumuskan sebagai berikut:

$$P(y = k | x) = (1/B) \sum P_b(y = k | x), \quad b = 1 \text{ sampai } B \quad (4)$$

dengan $P_b(y=k|x)$ adalah probabilitas kelas k yang dihasilkan oleh pohon ke- b terhadap data gejala x . Nilai probabilitas inilah yang digunakan sistem untuk menampilkan tiga penyakit dengan probabilitas tertinggi kepada pengguna.

Teknik Pengujian Sistem

Pengujian sistem dilakukan melalui tiga metode. Pertama, pengujian fungsional (black box testing) terhadap sembilan skenario utama pada alur prediksi penyakit untuk mengetahui kesesuaian fitur dengan rancangan, karena akurasi dan keandalan sistem prediksi penyakit sangat dipengaruhi oleh performa fitur yang tersedia pada aplikasi (Bhat et al., 2022; Omankwu et al., 2024; Tuama, 2025). Kedua, pengujian output sistem dengan membandingkan hasil prediksi terhadap pola gejala klinis yang umum dikenal untuk memastikan validitas hasil klasifikasi (Meng et al., 2021; Kaur et al., 2024; Yang et al., 2025). Ketiga, pengujian algoritma Random Forest yang meliputi

proses preprocessing, pembagian data training-testing, pelatihan model, dan perhitungan probabilitas hasil prediksi, sebagaimana lazim diterapkan pada penelitian prediksi penyakit berbasis machine learning (Fernandez-Lozano et al., 2021; Wang et al., 2024; Zhou et al., 2024).

Teknik Analisis Data

Teknik analisis data pada penelitian ini berfokus pada enam tahapan yang saling berurutan, yaitu pengumpulan data, preprocessing data, pembagian data, pemodelan, evaluasi, dan interpretasi hasil.

Preprocessing data meliputi pembersihan data (data cleaning), penghapusan data duplikat, penanganan missing value, validasi data, serta transformasi data ke dalam bentuk numerik biner. Dataset yang telah diproses selanjutnya dibagi menjadi data training dan data testing secara stratified dengan perbandingan 80:20 agar proporsi setiap kelas penyakit tetap seimbang pada kedua subset data.

Pemodelan dilakukan menggunakan algoritma Random Forest untuk membangun model klasifikasi penyakit berdasarkan hubungan antara gejala pasien dan hasil diagnosis, dengan keluaran berupa tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi beserta persentasenya.

Evaluasi model dilakukan menggunakan lima metrik, yaitu accuracy, precision, recall, F1-score, dan *confusion matrix*. Accuracy mengukur tingkat ketepatan model dalam memprediksi seluruh data secara keseluruhan, dirumuskan sebagai berikut:

$$Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN) \quad (5)$$

Precision mengukur tingkat ketepatan model dalam memprediksi suatu kelas penyakit tertentu, dirumuskan sebagai berikut:

$$Precision = TP / (TP + FP) \quad (6)$$

Recall mengukur kemampuan sistem dalam mendeteksi seluruh data penyakit yang sebenarnya positif, dirumuskan sebagai berikut:

$$Recall = TP / (TP + FN) \quad (7)$$

F1-score merupakan rata-rata harmonik antara precision dan recall, dirumuskan sebagai berikut:

$$F1-Score = (2 \times Precision \times Recall) / (Precision + Recall) \quad (8)$$

dengan TP (True Positive) adalah jumlah data positif yang diprediksi benar, TN (True Negative) adalah jumlah data negatif yang diprediksi benar, FP (False Positive) adalah jumlah data negatif yang diprediksi positif, dan FN (False Negative) adalah jumlah data positif yang diprediksi negatif. Kelima metrik evaluasi tersebut dihitung berdasarkan *confusion matrix* sebagai tabel dasar yang memuat jumlah prediksi benar maupun salah pada setiap kelas penyakit. Hasil evaluasi model selanjutnya diinterpretasikan untuk mengetahui tingkat akurasi dan kemampuan sistem dalam memprediksi penyakit berdasarkan gejala pasien.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Karakteristik Dataset

Dataset penelitian yang digunakan berjumlah 4.027 data, hasil integrasi antara 886 data (22%) rekam medis lokal Klinik Banda Neira dan 3.141 data (78%) dataset publik pendukung. Hasil pemeriksaan data cleaning menunjukkan tidak ditemukan data duplikat maupun nilai kosong (missing value) pada dataset, serta seluruh sepuluh kolom gejala telah tervalidasi dalam bentuk biner (0/1), sehingga seluruh 4.027 baris

data dapat langsung digunakan pada tahap pelatihan model tanpa memerlukan tahap imputasi. Distribusi kelas penyakit pada dataset ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Distribusi Kelas Penyakit pada Dataset

Gambar 2 memperlihatkan bahwa kelima kelas penyakit relatif seimbang, dengan proporsi berkisar antara 12,19% (Gastroenteritis) hingga 23,47% (ISPA), sehingga tidak terjadi ketimpangan kelas (class imbalance) yang ekstrem. Meskipun demikian, parameter `class_weight='balanced'` tetap diterapkan pada model Random Forest untuk memastikan setiap kelas mendapatkan bobot pembelajaran yang proporsional terhadap jumlah datanya. Hasil analisis korelasi antar gejala menggunakan koefisien Pearson turut menunjukkan tingkat korelasi yang tergolong rendah hingga sedang, yang mengindikasikan bahwa setiap gejala membawa informasi yang relatif independen sehingga seluruh sepuluh gejala layak digunakan sebagai fitur klasifikasi.

Pembagian Data dan Hyperparameter Tuning

Dataset dibagi menjadi data training dan data testing dengan perbandingan 80:20 secara stratified menggunakan fungsi `train_test_split` pada `scikit-learn`, sebagaimana ditunjukkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Distribusi Kelas pada Data Latih dan Data Uji

Kelas Penyakit	Data Latih (n)	Data Latih (%)	Data Uji (n)	Data Uji (%)	Total
DBD	689	21,39%	173	21,46%	862
Gastroenteritis	393	12,20%	98	12,16%	491
ISPA	756	23,47%	189	23,45%	945
Malaria	631	19,59%	158	19,60%	789
Tifoid	752	23,34%	188	23,32%	940
Total	3.221	100%	806	100%	4.027

Tabel 1 menunjukkan bahwa proses stratified split menghasilkan distribusi kelas pada data latih dan data uji yang proporsional terhadap distribusi kelas pada keseluruhan dataset. Model awal dilatih menggunakan parameter dasar (`n_estimators=200`, `max_depth=None`, `criterion=gini`, `class_weight='balanced'`), kemudian dioptimalkan melalui hyperparameter tuning menggunakan `GridSearchCV` dengan 5-fold cross-validation terhadap 72 kombinasi parameter ($3 \times 3 \times 2 \times 2 \times 2$), sehingga menghasilkan total 360 kali pelatihan model. Proses pencarian menghasilkan akurasi cross-validation terbaik sebesar 87,15%, dengan kombinasi parameter terbaik ditunjukkan pada Tabel 2.

Tabel 2. Hyperparameter Terbaik Hasil GridSearchCV

Parameter	Nilai Terbaik
<code>criterion</code>	<code>gini</code>
<code>max_depth</code>	None (tidak dibatasi)
<code>min_samples_leaf</code>	1
<code>min_samples_split</code>	5

n_estimators	100
Akurasi cross-validation terbaik	0,8715 (87,15%)

Model akhir hasil tuning menggunakan 100 pohon ($n_estimators=100$), yaitu separuh dari jumlah pohon pada model awal, sehingga lebih efisien secara komputasi tanpa mengorbankan akurasi klasifikasi, karena keempat metrik evaluasi (accuracy, precision, recall, F1-score) pada model awal dan model hasil tuning bernilai identik pada data uji yang sama. Praktik reduksi jumlah pohon tanpa mengorbankan akurasi ini sejalan dengan penelitian lain yang juga menerapkan GridSearchCV untuk optimasi hyperparameter Random Forest (Susanto & Pranajaya, 2025), serta penelitian yang menunjukkan bahwa penambahan jumlah pohon ($n_estimators$) tidak selalu berbanding lurus dengan peningkatan akurasi pada dataset dengan karakteristik tertentu (Muliani et al., 2025).

Terkait pemilihan $max_depth=None$ (kedalaman pohon tidak dibatasi) sebagai parameter terbaik pada Tabel 2, perlu ditinjau potensi overfitting yang secara teoritis dapat muncul pada pohon individual apabila pertumbuhannya tidak dibatasi. Untuk mengonfirmasi stabilitas keputusan model terhadap parameter tersebut, dilakukan analisis kepekaan (sensitivity analysis) dengan membandingkan skor rata-rata akurasi cross-validation pada kombinasi hyperparameter yang identik kecuali pada nilai max_depth dan criterion, sebagaimana dirangkum pada Tabel 3.

Tabel 3. Analisis Kepekaan (Sensitivity Analysis) terhadap max_depth

No	max_depth	criterion	Rata-rata Akurasi CV	Std. Dev.
1	10	gini	0,8715	0,0109
2	10	entropy	0,8715	0,0109
3	20	gini	0,8715	0,0109
4	20	entropy	0,8715	0,0109
5	None (tidak dibatasi)	gini (terpilih)	0,8715	0,0109
6	None (tidak dibatasi)	entropy	0,8715	0,0109

Catatan: parameter $n_estimators=100$, $min_samples_split=5$, dan $min_samples_leaf=1$ ditetapkan konstan pada seluruh kombinasi di atas.

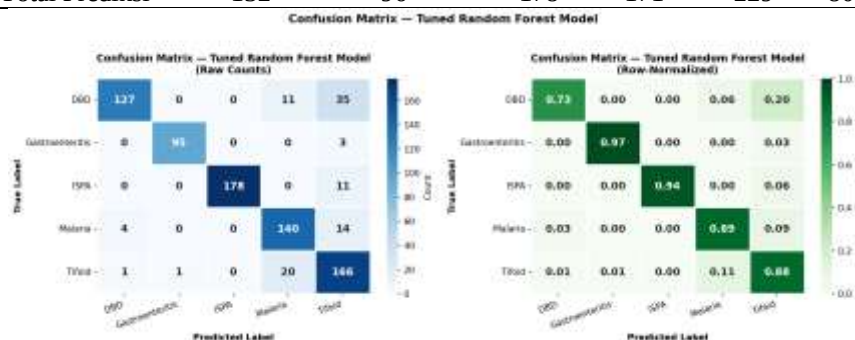
Tabel 3 menunjukkan bahwa keenam kombinasi tersebut menghasilkan skor rata-rata akurasi cross-validation yang identik ($0,8715 \pm 0,0109$) meskipun nilai max_depth bervariasi antara 10, 20, dan None (tidak dibatasi), yang mengindikasikan bahwa keputusan klasifikasi model (decision boundary) pada dataset ini relatif stabil dan tidak sensitif terhadap pembatasan kedalaman pohon. Kestabilan ini turut didukung oleh penerapan parameter $min_samples_split=5$ pada seluruh kombinasi, yang membatasi jumlah sampel minimum sebelum suatu simpul dapat dipecah sehingga mencegah pohon individual tumbuh secara berlebihan meskipun max_depth tidak dibatasi secara eksplisit, di samping mekanisme rata-rata (averaging) antar seratus pohon pada ensemble Random Forest yang secara umum turut meredam variansi pohon individual (Bhat et al., 2022). Dengan demikian, pemilihan $max_depth=None$ pada penelitian ini secara empiris tidak menunjukkan indikasi overfitting yang signifikan terhadap performa model, baik pada data uji maupun pada validasi silang.

Hasil Evaluasi Model

Model akhir diuji menggunakan 806 data uji yang tidak pernah dilihat oleh model pada proses pelatihan. Hasil *confusion matrix* ditunjukkan pada Tabel 4 dan Gambar 3.

Tabel 4. Confusion Matrix Model Random Forest (Data Uji, n = 806)

Aktual \ Prediksi	DBD	Gastroenteritis	ISPA	Malaria	Tifoid	Total
DBD	127	0	0	11	35	173
Gastroenteritis	0	95	0	0	3	98
ISPA	0	0	178	0	11	189
Malaria	4	0	0	140	14	158
Tifoid	1	1	0	20	166	188
Total Prediksi	132	96	178	171	229	806



Gambar 3. Visualisasi Confusion Matrix Model Random Forest (Setelah Tuning)

Nilai pada diagonal utama Tabel 4 (127, 95, 178, 140, dan 166) menunjukkan jumlah prediksi yang benar untuk masing-masing kelas. Kesalahan klasifikasi terbesar terjadi antara kelas DBD dan Tifoid, yaitu 35 data DBD diprediksi sebagai Tifoid, yang dapat dipahami secara klinis karena kedua penyakit ini memiliki kemiripan gejala awal berupa demam, sakit kepala, dan nyeri otot.

Kemiripan ini turut tercermin pada hasil analisis korelasi antar gejala (Bagian A) yang menunjukkan bahwa gejala demam, sakit kepala, dan nyeri otot cenderung muncul bersamaan pada data pasien, sehingga profil gejala kelas DBD dan Tifoid saling tumpang tindih (*overlapping feature space*) dan sulit dipisahkan hanya berdasarkan data gejala biner tanpa disertai pemeriksaan penunjang seperti tes darah. Sebaliknya, gejala pembeda seperti ruam merah dan menggigil, yang secara empiris lebih sering dilaporkan pada kelas DBD dan Malaria (Tabel 7), membantu model mengurangi kesalahan klasifikasi pada kasus dengan kombinasi gejala yang lebih spesifik.

Berdasarkan *confusion matrix* tersebut, dihitung nilai precision, recall, dan F1-score untuk setiap kelas menggunakan Persamaan (6) sampai (8), sebagaimana dirangkum pada Tabel 5.

Tabel 5. Classification Report Model Random Forest per Kelas

Kelas	Precision	Recall	F1-Score	Support
DBD	0,9621	0,7341	0,8328	173
Gastroenteritis	0,9896	0,9694	0,9794	98
ISPA	1,0000	0,9418	0,9700	189
Malaria	0,8187	0,8861	0,8511	158
Tifoid	0,7249	0,8830	0,7962	188
Macro Average	0,8991	0,8829	0,8859	806
Weighted Average	0,8909	0,8759	0,8778	806

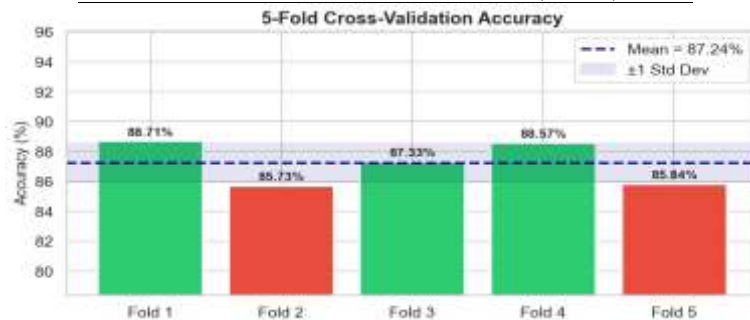
Secara keseluruhan, model menghasilkan akurasi sebesar 87,59%, precision (*weighted average*) sebesar 89,09%, recall (*weighted average*) sebesar 87,59%, dan F1-score (*weighted average*) sebesar 87,78% pada data uji. Sebagai verifikasi, perhitungan manual akurasi menggunakan Persamaan (5) dengan menjumlahkan nilai diagonal

Tabel 4 (127+95+178+140+166 = 706) dibagi total data uji (806) menghasilkan nilai 0,8759 atau 87,59%, identik dengan nilai yang dikeluarkan oleh program. Kelas ISPA memperoleh precision tertinggi (100%), yang berarti setiap kali model memprediksi ISPA, prediksi tersebut selalu benar, sedangkan kelas Tifoid memperoleh precision terendah (72,49%), yang mengindikasikan model cenderung memprediksi Tifoid pada sebagian kasus yang sebenarnya adalah DBD atau Malaria.

Untuk memastikan performa model tidak bergantung pada satu kali pembagian data secara kebetulan, dilakukan stratified 5-fold cross-validation pada seluruh data latih, dengan hasil ditunjukkan pada Tabel 6 dan Gambar 4.

Tabel 6. Hasil 5-Fold Stratified Cross-Validation

Fold	Akurasi
Fold 1	0,8871 (88,71%)
Fold 2	0,8573 (85,73%)
Fold 3	0,8733 (87,33%)
Fold 4	0,8857 (88,57%)
Fold 5	0,8584 (85,84%)
Rata-rata (Mean)	0,8724 (87,24%)
Standar Deviasi	±0,0128 (1,28%)



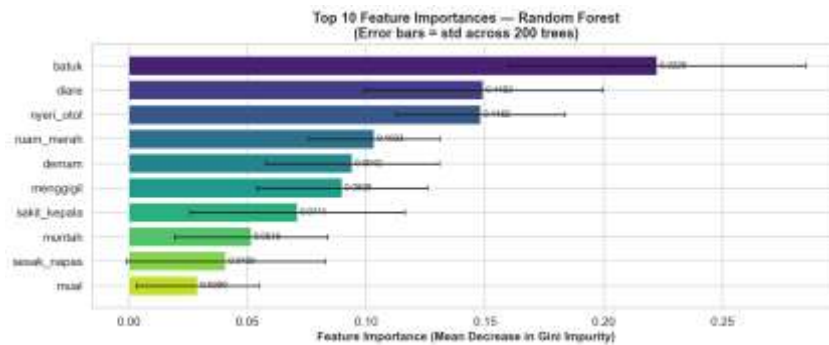
Gambar 4. Grafik Hasil Cross-Validation 5 Fold

Nilai akurasi pada kelima fold berada pada rentang 85,73%–88,71% dengan rata-rata 87,24% dan standar deviasi ±1,28%, yang menunjukkan performa model konsisten dan tidak mengalami overfitting terhadap satu pembagian data tertentu. Nilai rata-rata cross-validation tersebut juga mendekati nilai accuracy pada data uji (87,59%), yang mengindikasikan model mampu melakukan generalisasi dengan baik terhadap data baru.

Analisis *feature importance* dilakukan untuk mengetahui kontribusi setiap gejala terhadap keputusan klasifikasi model, dihitung berdasarkan rata-rata penurunan Gini Index yang disumbangkan oleh masing-masing fitur di seluruh 100 pohon, sebagaimana ditunjukkan pada Tabel 7 dan Gambar 5.

Tabel 7. Peringkat Feature Importance Gejala pada Model Random Forest

Peringkat	Gejala	Feature Importance	Standar Deviasi
1	batuk	0,2225	±0,0627
2	diare	0,1492	±0,0505
3	nyeri_otot	0,1482	±0,0356
4	ruam_merah	0,1033	±0,0276
5	demam	0,0942	±0,0366
6	menggigil	0,0898	±0,0359
7	sakit_kepala	0,0711	±0,0453
8	muntah	0,0516	±0,0323
9	sesak_napas	0,0409	±0,0420
10	mual	0,0290	±0,0259



Gambar 5. Grafik Feature Importance 10 Gejala

Tabel 7 menunjukkan bahwa gejala batuk memiliki kontribusi tertinggi (0,2225) terhadap keputusan klasifikasi model, diikuti oleh diare (0,1492) dan nyeri otot (0,1482), sementara gejala mual memiliki kontribusi terendah (0,0290). Hasil ini konsisten dengan perhitungan manual information gain pada simpul akar pohon keputusan menggunakan Persamaan (2), yang juga menunjukkan gejala batuk sebagai fitur dengan information gain tertinggi (0,2090), sehingga kedua analisis saling memperkuat kesimpulan bahwa gejala batuk merupakan penciri (predictor) terkuat dalam membedakan kelima kelas penyakit, khususnya dalam mengidentifikasi kelas ISPA.

Hasil Pengujian Sistem

Pengujian fungsional (black box testing) dilakukan terhadap sembilan skenario utama pada alur prediksi penyakit, meliputi akses halaman utama, pengisian formulir gejala, validasi jumlah minimal gejala, pengiriman data ke ml-service, proses klasifikasi, penayangan hasil prediksi utama dan tiga kemungkinan penyakit tertinggi, hingga proses login dan penayangan riwayat prediksi pada menu admin. Seluruh sembilan skenario pengujian tersebut berjalan sesuai dengan hasil yang diharapkan tanpa ditemukan kegagalan fungsi, sehingga sistem dinyatakan telah memenuhi kebutuhan fungsional yang dirancang.

Pengujian output sistem dilakukan dengan memberikan beberapa kombinasi gejala kepada sistem untuk memverifikasi kesesuaian hasil klasifikasi dengan pola gejala klinis yang umum dikenal, sebagaimana ditunjukkan pada Tabel 8.

Tabel 8. Hasil Pengujian Output Sistem

Gejala yang Dipilih	Prediksi Utama	Top-3 Probabilitas	Kesesuaian dengan Pola Klinis
Demam, Sakit Kepala	Malaria (46,5%)	Malaria 46,5% – Tifoid 32,9% – DBD 20,6%	Sesuai; demam dan sakit kepala umum pada Malaria, Tifoid, dan DBD
Demam, Batuk	ISPA (100,0%)	ISPA 100,0% – DBD 0,0% – Gastroenteritis 0,0%	Sesuai; kombinasi demam dan batuk sangat khas pada ISPA
Demam, Batuk, Sakit Kepala	ISPA (89,0%)	ISPA 89,0% – Malaria 5,0% – Tifoid 3,7%	Sesuai; gejala tambahan sakit kepala sedikit menggeser probabilitas ke Malaria/Tifoid

Ketiga hasil pengujian pada Tabel 8 menunjukkan kesesuaian antara keluaran sistem dengan pola gejala klinis yang umum dikenal untuk masing-masing penyakit, serta membuktikan bahwa nilai probabilitas yang ditampilkan pada antarmuka web identik dengan nilai yang dihasilkan langsung oleh model Random Forest tanpa mengalami perubahan pada proses pengiriman data antar layanan.

PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil implementasi dan pengujian yang telah diuraikan, penelitian ini berhasil membangun sistem prediksi penyakit umum berbasis web yang menerapkan algoritma Random Forest untuk mengklasifikasikan lima jenis penyakit berdasarkan sepuluh gejala yang diinput pengguna. Sistem menampilkan tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi sebagai bentuk pendekatan probabilistik, bukan sebagai diagnosis tunggal yang mutlak, sehingga sistem berperan sebagai *clinical decision support system* (Sutton et al., 2020) dan bukan pengganti diagnosis medis oleh tenaga kesehatan profesional.

Ditinjau dari rumusan masalah pertama, sistem yang dibangun telah berhasil mengintegrasikan antarmuka web, layanan machine learning, dan basis data dalam satu alur kerja yang utuh, sebagaimana dibuktikan oleh hasil pengujian fungsional yang seluruhnya berjalan sesuai harapan. Ditinjau dari rumusan masalah kedua, penerapan algoritma Random Forest terbukti mampu melakukan klasifikasi multi-kelas terhadap lima penyakit dengan memanfaatkan sepuluh gejala biner sebagai fitur, dengan mekanisme internal algoritma (pemilihan split berbasis Gini Index dan voting/averaging probabilitas antar pohon) terbukti berjalan sesuai teori melalui verifikasi perhitungan manual. Ditinjau dari rumusan masalah ketiga, hasil evaluasi model menunjukkan performa yang baik, dengan accuracy 87,59% dan akurasi rata-rata cross-validation 87,24% yang relatif stabil, menunjukkan model tidak mengalami overfitting yang signifikan.

Apabila dibandingkan dengan penelitian terdahulu, hasil akurasi penelitian ini (87,59%) berada pada rentang yang sejalan dengan penelitian Khofiyah dan Kuncoro (2025) yang memperoleh akurasi 86,58% menggunakan Random Forest dengan teknik SMOTE untuk klasifikasi penyakit jantung, meskipun masih berada di bawah penelitian Agusyl dan Firmansyah (2023) yang mencapai akurasi 91% pada kasus klasifikasi biner (dua kelas) untuk penyakit jantung. Perbedaan ini dapat dipahami mengingat penelitian ini melakukan klasifikasi multi-kelas (lima kelas penyakit dengan gejala yang kerap tumpang tindih secara klinis, seperti demam yang muncul pada hampir seluruh kelas), yang secara umum lebih kompleks dibandingkan klasifikasi biner.

Dari sisi klinis, dominasi gejala batuk sebagai fitur dengan *feature importance* tertinggi (Tabel 7) sejalan dengan patofisiologi ISPA, yang secara definisi melibatkan peradangan saluran pernapasan sehingga batuk merupakan manifestasi klinis utama yang jarang muncul pada penyakit sistemik non-respirasi seperti DBD, Tifoid, atau Malaria kecuali sebagai gejala penyerta sekunder. Studi terdahulu turut menunjukkan bahwa gejala respirasi seperti batuk secara konsisten menjadi salah satu fitur dengan kontribusi tertinggi dalam membedakan penyakit respirasi dari kelompok penyakit non-respirasi pada model berbasis Random Forest (Cappelli et al., 2024; Yang et al., 2025; Alhur et al., 2025), sehingga tingginya *feature importance* gejala batuk pada penelitian ini memperkuat validitas klinis model, sekaligus konsisten dengan mekanisme internal algoritma Random Forest yang memilih fitur dengan kemampuan pemisahan kelas (information gain) tertinggi pada tahap pembentukan setiap pohon keputusan.

Dari sisi implementasi, pemisahan arsitektur menjadi tiga layanan independen terbukti memudahkan proses pemeliharaan, karena model Random Forest dapat diperbarui atau dilatih ulang tanpa perlu mengubah kode antarmuka pengguna. Meskipun demikian, penelitian ini masih memiliki keterbatasan, antara lain: (1) klasifikasi hanya menggunakan data gejala biner tanpa mempertimbangkan durasi

maupun tingkat keparahan gejala; (2) jumlah kelas penyakit masih terbatas pada lima jenis penyakit tropis yang paling umum dijumpai di Klinik Banda Neira; dan (3) sistem belum mempertimbangkan riwayat penyakit maupun faktor usia pasien dalam proses klasifikasi.

KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil membangun sistem prediksi multi-penyakit berbasis web yang mengintegrasikan antarmuka pengguna (Node.js/Express.js), layanan machine learning (Python/FastAPI), dan basis data (PostgreSQL/Supabase) dalam arsitektur tiga lapisan, mampu menerima input gejala pasien dan menampilkan tiga kemungkinan penyakit dengan probabilitas tertinggi beserta deskripsi dan saran awal. Seluruh sembilan skenario pengujian fungsional (black box testing) berjalan sesuai hasil yang diharapkan, sehingga tujuan penelitian untuk membangun sistem dengan keluaran probabilistik top-3 telah tercapai.

Algoritma Random Forest terbukti mampu melakukan klasifikasi multi-kelas terhadap lima jenis penyakit berdasarkan sepuluh gejala biner, dengan performa yang baik dan stabil (akurasi 87,59% pada data uji dan rata-rata akurasi cross-validation $87,24\% \pm 1,28\%$), serta mekanisme kerja algoritma yang telah diverifikasi identik dengan perhitungan manual, menunjukkan keandalan pendekatan ensemble dalam meredam variansi pohon individual. Meskipun demikian, performa ini perlu dipahami dalam batas keterbatasan metodologis penelitian, yaitu representasi gejala yang masih bersifat biner tanpa mempertimbangkan derajat keparahan maupun durasi gejala, serta homogenitas antara data rekam medis lokal dan dataset publik yang belum diuji secara statistik formal, sebagaimana tercermin pada kesalahan klasifikasi yang masih terjadi antara kelas dengan gejala tumpang tindih seperti DBD dan Tifoid.

Penelitian selanjutnya disarankan untuk menambah variasi data gejala (durasi dan tingkat keparahan), melakukan pengujian homogenitas statistik formal terhadap sumber data yang digabungkan, melibatkan tenaga medis spesialis dalam validasi gejala secara terstruktur, memperluas jumlah kelas penyakit, serta membandingkan performa Random Forest dengan algoritma klasifikasi lain seperti Support Vector Machine atau XGBoost. Yang tidak kalah penting, penelitian lanjutan disarankan untuk melakukan uji klinis prospektif (prospective clinical trial) atau field testing secara langsung terhadap keputusan tenaga medis di fasilitas kesehatan guna memvalidasi relevansi klinis hasil prediksi sistem sebelum dipertimbangkan untuk digunakan secara lebih luas sebagai alat bantu skrining awal.

PERNYATAAN PENGGUNAAN KECERDASAN BUATAN

Kecerdasan buatan (AI) digunakan dalam penyusunan naskah ini. Penulis menggunakan alat bantu kecerdasan buatan semata-mata untuk membantu perbaikan bahasa, pemeriksaan tata bahasa, serta penyuntingan demi kejelasan dan keterbacaan naskah. Penulis tetap bertanggung jawab penuh atas akurasi, orisinalitas, integritas, dan isi akademik naskah ini. Seluruh konten yang dibantu AI telah ditinjau dan diverifikasi oleh penulis sebelum naskah dikirimkan.

KONFLIK KEPENTINGAN

Penulis menyatakan tidak terdapat konflik kepentingan dalam penelitian ini.

KONTRIBUSI PENULIS

Konseptualisasi, HS; pengumpulan data, HS; validasi data, FIR dan MF; analisis formal, HS; penulisan—draf awal, HS; penulisan—revisi dan penyuntingan, FIR dan MF; visualisasi, HS. Seluruh penulis telah membaca dan menyetujui versi akhir naskah ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didukung oleh Program Studi Informatika, Fakultas Teknik, Universitas Muhammadiyah Makassar, serta Klinik Banda Neira yang telah memberikan akses data rekam medis untuk keperluan penelitian. Penulis menyampaikan terima kasih atas dukungan, fasilitas, dan sumber daya yang diberikan sehingga penelitian ini dapat terlaksana dengan baik.

DAFTAR PUSTAKA

- Agrawal, S., Khan, M., Hamdulay, K. F., Kumar, S., Parepalli, A., Patil, R., & Nelakuditi, M. (2025). Etioepidemiological and laboratory profile of tropical fever in patients presenting with acute febrile illness in Wardha District in Central India: An observational study. *Cureus*, 17(1), e77861. <https://doi.org/10.7759/cureus.77861>
- Aguilar-Ruiz, J. S., & Michalak, M. (2024). Classification performance assessment for imbalanced multiclass data. *Scientific Reports*, 14, 10759. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-61365-z>
- Agusyul, A. Y., & Firmansyah (2023). Prediksi penyakit jantung menggunakan algoritma Random Forest. *Jurnal Minfo Polgan*, 12(2), 2239–2246. <https://doi.org/10.33395/jmp.v12i2.13214>
- Alaka, S. A., Menon, B. K., Brobbey, A., Williamson, T., Goyal, M., & Demchuk, A. M. (2023). Machine learning models for stroke outcome prediction using Random Forest. *Frontiers in Neurology*, 14, 1182456. <https://doi.org/10.3389/fneur.2023.1182456>
- Alhur, A. A., Sani, J., & Ahmed, M. M. (2025). Predicting COPD admissions using machine learning and SHAP: An exploratory multi-hospital study in Riyadh, Saudi Arabia. *Intelligence-Based Medicine*, 12, 100312. <https://doi.org/10.1016/j.ibmed.2025.100312>
- Badan Pusat Statistik Provinsi Maluku (2025). *Statistik kesehatan Provinsi Maluku 2024*.
- Bhat, S., Jain, S., & Dutta, P. (2022). Disease prediction using machine learning techniques and Random Forest classifier. *Healthcare Analytics*, 2, 100118. <https://doi.org/10.1016/j.health.2022.100118>
- Bria, Y. P., Nani, P. A., Siki, Y. C. H., Mamulak, N. M. R., Meolbatak, E. M., & Guntur, R. D. (2025). Leveraging a Random Forest classifier and SVM-SMOTE for an early-stage dengue prediction. *Engineering, Technology & Applied Science Research*, 15(3), 23436–23442. <https://doi.org/10.48084/etasr.10762>
- Cappelli, F., Castronuovo, G., Grimaldi, S., & Telesca, V. (2024). Random forest and feature importance measures for discriminating the most influential environmental factors in predicting cardiovascular and respiratory diseases. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 21(7), 867. <https://doi.org/10.3390/ijerph21070867>
- Dalal, S., Goel, P., Onyema, E. M., Alharbi, A., Mahmoud, A., Algarni, M. A., & Awal, H. (2023). Application of machine learning for cardiovascular disease risk prediction.

- Computational Intelligence and Neuroscience*, 2023, 9418666.
<https://doi.org/10.1155/2023/9418666>
- Elmi, A. H., Abdullahi, A., & Barre, M. A. (2024). A machine learning approach to cardiovascular disease prediction with advanced feature selection. *Indonesian Journal of Electrical Engineering and Computer Science*, 33(2), 1030–1041.
<https://doi.org/10.11591/ijeecs.v33.i2.pp1030-1041>
- Fernandez-Lozano, C., Hervella, P., Mato-Abad, V., Rodríguez-Yáñez, M., Suárez-Garaboa, S., López-Dequidt, I., Estany-Gestal, A., Sobrino, T., Campos, F., Castillo, J., Rodríguez-Yáñez, S., & Iglesias-Rey, R. (2021). Random forest-based prediction of stroke outcome. *Scientific Reports*, 11(1), 10071. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-89434-7>
- Grover, S., Bhartia, S., Akshama, & Seeja, K. R. (2022). Predicting severity of Parkinson's disease using deep learning and Random Forest. *Procedia Computer Science*, 218, 101–110. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2022.12.406>
- Hin, S., Lopez-Jimena, B., Bakheit, M., Klein, V., Stack, S., Fall, C., Sall, A., Enan, K., Mustafa, M., Gillies, L., Rusu, V., Goethel, S., Paust, N., Zengerle, R., Frischmann, S., Weidmann, M., & Mitsakakis, K. (2021). Fully automated point-of-care differential diagnosis of acute febrile illness. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 15(2), e0009177. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009177>
- Kaur, P., Singh, M., & Joshi, N. (2024). Chronic disease prediction using ensemble machine learning approaches. *Healthcare Analytics*, 5, 100266. <https://doi.org/10.1016/j.health.2024.100266>
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (2023). *Pedoman teknis penanggulangan malaria*.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (2025). *Profil kesehatan Indonesia 2024*.
- Khofiyah, S. N., & Kuncoro, A. P. (2025). Heart disease prediction using Random Forest algorithm and synthetic minority oversampling technique (SMOTE). *Komputa: Jurnal Ilmiah Komputer dan Informatika*, 14(1), 1–10. <https://doi.org/10.34010/komputa.v14i1.14678>
- Lakshmi, K. L., Umadevi, M., & Bellamkonda, L. P. (2025). Optimized truncated singular value decomposition and hybrid deep neural network with Random Forest for automated disease prediction. *Biomedical Signal Processing and Control*, 100, 107010. <https://doi.org/10.1016/j.bspc.2024.107010>
- Mahdiana, D., Ebine, M., & Wibowo, A. (2025). Random Forest and artificial neural network data mining for environmental and public health risk modeling in flood-prone urban areas of Indonesia. *Jurnal Teknik Informatika (JUTIF)*, 6(6). <https://doi.org/10.52436/1.jutif.2025.6.6.5387>
- Markoulidakis, I., Rallis, I., Georgoulas, I., Kopsiaftis, G., Doulamis, A., & Doulamis, N. (2021). Multiclass confusion matrix reduction method and its application on net promoter score classification problem. *Technologies*, 9(4), 81. <https://doi.org/10.3390/technologies9040081>
- Meng, D., Xu, J., & Zhao, J. (2021). Analysis and prediction of hand, foot and mouth disease incidence in China using Random Forest and XGBoost. *PLOS ONE*, 16(12), e0261629. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0261629>
- Muharom, L. A., Irawan, D., & Warisaji, T. T. (2025). Ensemble learning dengan soft voting classifier untuk klasifikasi pasien tifus di Puskesmas Balung. *BIOS: Jurnal Teknologi Informasi dan Rekayasa Komputer*, 6(2). <https://doi.org/10.37148/bios.v6i2.186>

- Muliani, E., Ayudhia, A., Maulidya, Saputra, N. A. B., & Wiranda, N. (2025). Implementasi algoritma Random Forest dengan variasi parameter *n_estimators* untuk klasifikasi penyakit hati. *CESS (Journal of Computer Engineering, System and Science)*, 10(2), 563–571. <https://doi.org/10.24114/cess.v10i2.66740>
- Narasimhan, G., & Victor, A. (2025). A hybrid approach with metaheuristic optimization and Random Forest in improving heart disease prediction. *Scientific Reports*, 15, 10971. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-73867-x>
- Omankwu, O. C. B., Osodoeke, E. C., & Ubah, V. I. (2024). Disease prediction using Random Forest machine learning algorithm. *NIPES Journal of Science and Technology Research*, 6(1). <https://doi.org/10.5281/zenodo.11005308>
- Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., Blondel, M., Prettenhofer, P., Weiss, R., Dubourg, V., Vanderplas, J., Passos, A., Cournapeau, D., Brucher, M., Perrot, M., & Duchesnay, É. (2011). Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 12, 2825–2830. <https://jmlr.org/papers/v12/pedregosa11a.html>
- Ramírez, S. (n.d.). FastAPI: A modern, fast (high-performance) web framework for Python. <https://fastapi.tiangolo.com/>
- Song, J., Gao, Y., Yin, P., Li, Y., Li, Y., Zhang, J., Su, Q., Fu, X., & Pi, H. (2021). The Random Forest model has the best accuracy among the four pressure ulcer prediction models using machine learning algorithms. *Risk Management and Healthcare Policy*, 14, 1175–1187. <https://doi.org/10.2147/RMHP.S297838>
- Susanto, E. R., & Pranajaya, A. E. (2025). Optimasi Random Forest untuk prediksi penyakit jantung menggunakan SMOTEENN dan Grid Search. *Jurnal Pendidikan dan Teknologi Indonesia*, 5(7), 1965–1979. <https://doi.org/10.52436/1.jpti.855>
- Sutton, R. T., Pincock, D., Baumgart, D. C., Sadowski, D. C., Fedorak, R. N., & Kroeker, K. I. (2020). An overview of clinical decision support systems: Benefits, risks, and strategies for success. *npj Digital Medicine*, 3, 17. <https://doi.org/10.1038/s41746-020-0221-y>
- Tuama, M. H. (2025). A comparative evaluation of random forest and XGBoost models for disease detection using medical indicators. *International Journal of Professional Studies*, 19, 11–18. <https://doi.org/10.37648/ijps.v19i01.002>
- Wang, L., Li, J., Lin, Y., Yuan, H., Fang, Z., Fei, A., & Shen, G. (2024). Establishment and external validation of an early warning model of diabetic peripheral neuropathy based on random forest and logistic regression. *BMC Endocrine Disorders*, 24, 196. <https://doi.org/10.1186/s12902-024-01728-9>
- World Health Organization (2024a). *World malaria report 2024*. <https://www.who.int/teams/global-malaria-programme/reports/world-malaria-report-2024>
- World Health Organization (2024b). Diarrhoeal disease. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>
- Yang, X., Li, Y., Liu, L., & Zang, Z. (2025). Prediction of respiratory diseases based on random forest model. *Frontiers in Public Health*, 13, 1537238. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1537238>
- Zhou, X., Zhang, J., Deng, X.-M., Fu, F.-M., Wang, J.-M., Zhang, Z.-Y., Zhang, X.-Q., Luo, Y.-X., & Zhang, S.-Y. (2024). Using random forest and biomarkers for differentiating COVID-19 and *Mycoplasma pneumoniae* infections. *Scientific Reports*, 14, 22673. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-74057-5>