

Perbandingan Algoritma Random Forest, XGBoost dan SVM Pada Klasifikasi Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD)

Vionando Wira Mada¹, Damayanti^{2,*}

¹ Fakultas Teknik dan Ilmu Komputer, Program Studi Sistem Informasi, Universitas Teknokrat Indonesia, Bandar Lampung, Indonesia

² Fakultas Teknik dan Ilmu Komputer, Program Studi Magister Ilmu Komputer, Universitas Teknokrat Indonesia, Bandar Lampung, Indonesia

Email: ¹vionando_wira_mada@teknokrat.ac.id, ^{2,*}damayanti@teknokrat.ac.id

Email Penulis Korespondensi: damayanti@teknokrat.ac.id

Submitted: 24/10/2025; Accepted: 31/12/2025; Published: 31/12/2025

Abstrak—Demam Berdarah Dengue (DBD) merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus demam berdarah dan ditularkan melalui gigitan nyamuk *Aedes aegypti*. Penyakit ini masih menjadi permasalahan kesehatan serius di Indonesia karena dapat menimbulkan komplikasi berat bahkan kematian jika tidak segera ditangani. Penelitian ini bertujuan untuk mengklasifikasikan tingkat keparahan DBD berdasarkan data klinis pasien dengan menggunakan tiga algoritma pembelajaran mesin, yaitu Random Forest, XGBoost, dan Support Vector Machine (SVM). Dataset yang digunakan terdiri atas 5.000 data pasien yang mencakup berbagai parameter vital serta hasil pemeriksaan laboratorium seperti usia, jenis kelamin, kadar hemoglobin, jumlah sel darah putih, jumlah leukosit, parameter sel darah merah, jumlah trombosit, dan Lebar Distribusi Trombosit. Tahapan penelitian meliputi pembersihan data, penanganan nilai yang hilang, pengkodean variabel kategorikal, normalisasi data, serta pembagian dataset menjadi 80% data latih dan 20% data uji. Evaluasi dilakukan dengan menggunakan metrik akurasi, presisi, sensitivitas (recall), dan skor F1. Hasil penelitian menunjukkan bahwa algoritma XGBoost memberikan kinerja terbaik dengan akurasi sebesar 87,72%, diikuti oleh Random Forest (86,21%) dan SVM (84,78%). Berdasarkan temuan tersebut, XGBoost dinilai paling efektif dalam mengklasifikasikan penyakit demam berdarah. Penelitian selanjutnya disarankan untuk menggunakan dataset yang lebih besar serta melakukan optimasi hyperparameter guna meningkatkan akurasi dan reliabilitas model yang dihasilkan.

Kata Kunci: Demam Berdarah Dengue; Klasifikasi; Machine Learning; Random Forest; XGBoost; SVM

Abstract—Dengue Hemorrhagic Fever (DHF) is an infectious disease caused by the dengue virus and transmitted through the bite of the *Aedes aegypti* mosquito. This disease remains a serious health problem in Indonesia because it can cause severe complications and even death if not treated immediately. This study aims to classify the severity of DHF based on patient clinical data using three machine learning algorithms, namely Random Forest, XGBoost, and Support Vector Machine (SVM). The dataset used consists of 5,000 patient data that includes various vital parameters and laboratory test results such as age, gender, hemoglobin level, white blood cell count (WBC), leukocyte count (Differential Count), red blood cell parameters (RBC Panel), platelet count, and Platelet Distribution Width (PDW). The research stages include data cleaning, handling missing values, coding categorical variables, data normalization, and dividing the dataset into 80% training data and 20% test data. Evaluation is carried out using accuracy, precision, sensitivity (recall), and F1 score metrics. The results showed that the XGBoost algorithm performed best with an accuracy of 87.72%, followed by Random Forest (86.21%) and SVM (84.78%). Based on these findings, XGBoost was deemed most effective in classifying dengue fever. Further research is recommended to use a larger dataset and perform hyperparameter optimization to improve the accuracy and reliability of the resulting model.

Keywords: Dengue Hemorrhagic Fever; Classification; Machine Learning; Random Forest; XGBoost; SVM

1. PENDAHULUAN

Penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD) tetap menjadi isu kesehatan global yang penting, khususnya di daerah beriklim tropis seperti Indonesia. Menurut laporan World Health Organization (WHO), hingga April 2024, jumlah kasus dengue di seluruh dunia telah mencapai lebih dari 7,6 juta, dengan lebih dari 16.000 di antaranya tergolong kasus berat serta ribuan kasus kematian. Sementara itu, data dari Kementerian Kesehatan Republik Indonesia menunjukkan bahwa Sampai minggu ke-43 tahun 2024, tercatat sebanyak 210.644 kasus DBD dengan 1.239 kasus kematian yang tersebar di 259 kabupaten/kota di 32 provinsi di Indonesia. Kondisi ini menegaskan urgensi penguatan sistem deteksi dini serta klasifikasi pasien menggunakan pendekatan berbasis data guna mendukung proses diagnosis yang cepat dan akurat [1], [2].

Machine learning telah menunjukkan kemampuan signifikan dalam meningkatkan keakuratan diagnosis medis yang didasarkan pada data klinis. Algoritma pembelajaran mesin dapat menemukan pola non-linear di antara tanda vital dan nilai laboratorium yang sulit diinterpretasikan secara manual. Penelitian ini menggunakan dataset *Predictive Clinical Dataset for Dengue Fever Using Vital Signs and Blood Parameters* dari Mendeley Data. Penggunaan data klinis serupa terbukti efektif dalam memprediksi tingkat keparahan DBD serta kebutuhan transfusi darah melalui model berbasis gradient boosting [2], [3]. Algoritma *Random Forest* (RF), *Extreme Gradient Boosting* (XGBoost), dan *Support Vector Machine* (SVM) merupakan metode yang paling sering diterapkan dalam klasifikasi penyakit menggunakan data (tambah sitasi). *RF* bekerja dengan menggabungkan banyak pohon keputusan untuk menurunkan *varians* dan meningkatkan ketahanan hasil model. XGBoost menggunakan teknik boosting yang diperkuat dengan mekanisme regularisasi agar mencegah *overfitting* selama pelatihan. Di sisi lain, SVM berfokus mencari *hyperplane* yang paling efektif dalam memisahkan data kelas positif dan negatif secara optimal. Berbagai studi membuktikan

pemodelan *ensemble* seperti *RF* dan *XGBoost* menunjukkan tingkat ketepatan klasifikasi tinggi dalam memprediksi Demam Berdarah Dengue, bahkan dalam sejumlah kasus mampu melampaui performa metode *deep learning* [4], [5].

Beberapa penelitian sejenis telah dilakukan sebelumnya untuk mengidentifikasi dan mengklasifikasi kasus DBD menggunakan algoritma pembelajaran mesin. Putra et al. menerapkan Random Forest pada data laboratorium pasien DBD dan memperoleh akurasi sebesar 84,5%, namun penelitian tersebut belum mengevaluasi metrik recall dan F1-score secara komprehensif [6]. Sari dan Nugroho menggunakan Support Vector Machine (SVM) dengan akurasi 86,1%, tetapi model masih kesulitan mendeteksi kelas minoritas ketika data tidak seimbang [7]. Selanjutnya, Hidayat et al. memanfaatkan Decision Tree C4.5 untuk memprediksi tingkat keparahan DBD dengan akurasi 82,7%, namun hasilnya sangat dipengaruhi oleh fitur-fitur yang bersifat redundan [8]. Wulandari et al. mengembangkan model *XGBoost* untuk deteksi dini DBD dengan akurasi 88,9%, tetapi penelitian tersebut hanya menggunakan variabel gejala klinis tanpa melibatkan data laboratorium pasien [9]. Sementara itu, Liu et al. menunjukkan bahwa kombinasi Random Forest dan *XGBoost* dapat meningkatkan kestabilan hasil prediksi wabah DBD, meskipun kinerja model menurun pada dataset yang tidak seimbang [10]. Meskipun berbagai penelitian telah menunjukkan potensi algoritma pembelajaran mesin dalam klasifikasi DBD, permasalahan utama dalam penerapannya pada data medis adalah ketidakseimbangan kelas antara pasien positif dan negatif, serta heterogenitas variabel fisiologis antar individu. Kondisi tersebut sering kali menyebabkan model menjadi bias terhadap kelas dominan, sehingga sensitivitas dalam mendeteksi kasus positif cenderung rendah. Selain itu, fitur-fitur klinis yang saling berkorelasi dapat menimbulkan redundansi informasi dan menurunkan kemampuan generalisasi model. Marrington et al. melaporkan bahwa model *ensemble* seperti *XGBoost* dan Random Forest memang menghasilkan akurasi tinggi dalam prediksi wabah DBD, namun kinerjanya menurun apabila data tidak diseimbangkan dengan tepat [11]. Temuan serupa juga disampaikan oleh Qaiser et al., yang menyatakan bahwa SVM memiliki performa lebih stabil pada data klinis tidak seimbang dibandingkan dengan Random Forest dan *XGBoost* dalam diagnosis dini DBD [5], [12].

Adapun peneliti terkini menekankan efektivitas pendekatan *ensemble* serta penerapan metode *interpretabilitas* dalam meningkatkan kinerja model klasifikasi demam berdarah dengue (DBD). Studi yang dilakukan oleh Sarker et al. [13] menggabungkan *XGBoost* dengan *swarm intelligence* dan berhasil meningkatkan akurasi sekaligus transparansi hasil klasifikasi. Sebaliknya, Liu et al. [5] menyatakan bahwa kombinasi *random forest* (RF) dan *XGBoost* menghasilkan prediksi wabah DBD yang lebih konsisten. Temuan dari Exebio-Chepe & Bravo-Ruiz [14] turut menguatkan hal tersebut melalui perbandingan berbagai algoritma pembelajaran mesin untuk klasifikasi infeksi *virus dengue* dan menegaskan keunggulan *XGBoost* dalam hal stabilitas hasil prediksi. Namun, mengingat karakteristik data klinis pasien yang bersifat kompleks, *heterogen*, serta sering kali tidak seimbang antar kelas, perbandingan kinerja ketiga algoritma tersebut menjadi penting untuk mengetahui sejauh mana masing-masing model mampu beradaptasi terhadap data medis nyata dan menghasilkan prediksi yang andal. Analisis komparatif dilakukan terhadap tiga algoritma klasifikasi utama *Random Forest* (RF), *Extreme Gradient Boosting* (*XGBoost*), dan *Support Vector Machine* (SVM) untuk mengidentifikasi demam berdarah menggunakan dataset klinis yang diperoleh dari Mendeley Data. Algoritma-algoritma ini dipilih karena pendekatan pembelajarannya yang berbeda namun saling melengkapi. Random Forest membangun beberapa pohon keputusan melalui pengambilan sampel acak untuk meminimalkan varians dan meningkatkan ketahanan terhadap *overfitting*. Sebaliknya, *XGBoost* menyempurnakan teknik *boosting* dengan menggabungkan regularisasi, yang memungkinkannya menghasilkan model dengan bias rendah dan efisiensi komputasi yang tinggi. Sementara itu, SVM bertujuan untuk menentukan *hyperplane* optimal yang paling baik memisahkan kelas-kelas, sehingga sangat efektif untuk dataset berdimensi tinggi dan non-linier.

Performa setiap model dievaluasi menggunakan empat metrik utama yaitu akurasi, presisi, sensitivitas (recall), dan skor F1, yang secara teoritis menggambarkan keseimbangan antara kemampuan model untuk mengidentifikasi kasus positif dengan tepat dan meminimalkan kesalahan klasifikasi. Penggunaan beberapa metrik evaluasi sangat penting untuk mendapatkan pemahaman yang komprehensif tentang performa model, terutama dalam kumpulan data dengan ketidakseimbangan kelas yang signifikan. Melalui analisis ini, diharapkan kemampuan adaptasi setiap algoritma terhadap kompleksitas data medis, seperti parameter laboratorium yang berkorelasi dan variasi tanda vital dapat dinilai secara efektif.

Penelitian ini memiliki urgensi yang signifikan karena memainkan peran penting dalam memajukan sistem pendukung keputusan klinis berbasis AI. Menerapkan model yang akurat dan dapat diinterpretasikan dapat membantu tenaga kesehatan profesional dalam melakukan diagnosis dini dan membuat keputusan klinis yang lebih cepat, lebih objektif, dan berbasis data. Selain itu, hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar pengembangan model prediktif untuk penyakit menular lain dengan fitur klinis yang sebanding sehingga meningkatkan mekanisme deteksi dini berbasis data dalam sistem kesehatan masyarakat. Lebih lanjut, temuan studi ini memberikan peluang untuk mengeksplorasi interpretabilitas model keterjelasan model, fokus utama dalam bidang AI medis, untuk memastikan bahwa hasil prediktif dapat dikomunikasikan secara transparan dan etis kepada praktisi kesehatan dan pasien.

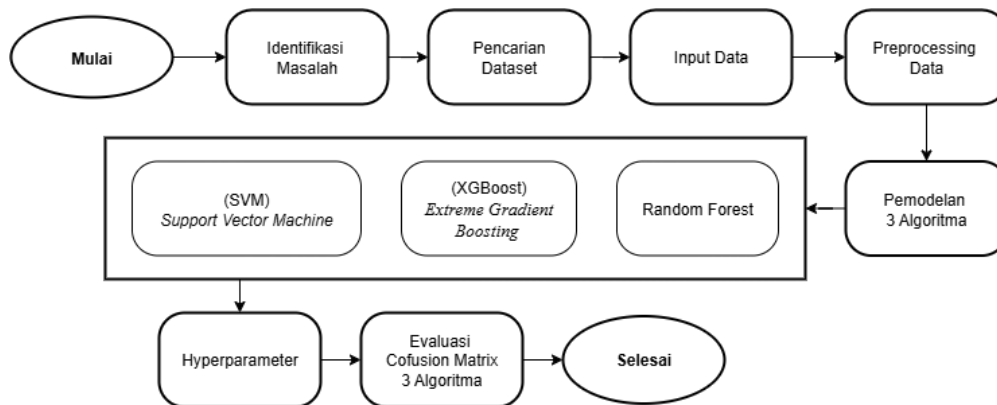
2. METODOLOGI PENELITIAN

2.1 Tahapan Penelitian

Studi ini menerapkan pendekatan kuantitatif berbasis pada machine learning guna membandingkan kinerja tiga algoritma klasifikasi, yaitu *Random Forest* (RF), *Extreme Gradient Boosting* (*XGBoost*), dan *Support Vector Machine*

(SVM), dalam mengidentifikasi pasien Demam Berdarah Dengue (DBD) dengan memanfaatkan dataset klinis dari Mendeley Data berjudul *Predictive Clinical Dataset for Dengue Fever Using Vital Signs and Blood Parameters*.

Serangkaian tahapan penelitian ini disusun secara sistematis sebagaimana diilustrasikan pada Gambar 1. Di Indonesia, penerapan algoritma seperti *Random Forest*, *XGBoost*, dan *SVM* telah banyak dimanfaatkan dalam studi diagnosis dan prediksi penyakit menular, khususnya DBD. Penelitian yang dilakukan oleh Bria et al. mengemukakan efektivitas kombinasi metode *Random Forest* dan *SVM* dalam menangani masalah ketidakseimbangan data untuk klasifikasi dini DBD di Nusa Tenggara Timur, serta menekankan pentingnya tahapan praproses data dalam meningkatkan akurasi model [15].



Gambar 1. Tahapan Penelitian

Berdasarkan kerangka metodologi yang diadopsi dari studi-studi sebelumnya, penelitian ini dilakukan dalam beberapa tahap, meliputi pengumpulan data, praproses, pelatihan model, pengujian, dan penilaian kinerja menggunakan metrik seperti akurasi, presisi, *recall*, dan skor F1. Tujuan pendekatan ini adalah untuk menciptakan model klasifikasi demam berdarah dengue yang mencapai akurasi tinggi, stabilitas yang kuat, dan mencerminkan karakteristik epidemiologi yang diamati di Indonesia.

2.2 Pengumpulan Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh dari Mendeley dengan Judul *Predictive Clinical Dataset for Dengue Fever Using Vital Signs and Blood Parameters*. Dataset ini dirancang untuk mendukung penelitian di bidang kesehatan dan pembelajaran mesin, khususnya dalam hal memprediksi dan mengelompokkan pasien yang terjangkit Demam Berdarah Dengue (DBD) berdasarkan data klinis dan hematologi yang ada. Dalam dataset ini, terdapat 5.000 data pasien yang mencakup 9 atribut utama, termasuk parameter fisiologis, tanda vital, serta hasil uji darah. Setiap data pasien disertai dengan label keluaran (*Final Output*) yang menunjukkan status klasifikasinya 0 menunjukkan pasien tidak terpapar DBD, sedangkan 1 menandakan bahwa pasien terpapar DBD.

Tabel 1. Dataset Penelitian

Atribut	Deskripsi
Age	Usia pasien
Sex	Jenis kelamin pasien
Haemoglobin	Kadar protein hemoglobin dalam darah yang berfungsi mengangkut oksigen
WBC Count	Kadar hemoglobin dalam darah
Differential Count	Jumlah sel darah putih per mikroliter darah
RBC PANEL	Persentase jenis leukosit
Platelet Count	Jumlah dan karakteristik sel darah merah
PDW	Variasi ukuran trombosit dalam darah pasien
Final Output	Status klasifikasi pasien 0 = tidak terpapar DBD, 1 = terpapar DBD.

Berdasarkan Tabel 1 semua atribut dalam dataset menunjukkan parameter medis yang penting untuk diagnosis DBD. Sebagian besar atribut terdiri dari fitur numerik kontinu seperti *Haemoglobin*, *WBC Count*, dan *Platelet Count*, yang menggambarkan kondisi *fisiologis* pasien. Sementara itu, atribut *Sex* dan *Final Output* termasuk dalam kategori fitur kategorikal. Atribut *Differential Count* dan *PDW* memiliki peranan yang signifikan dalam membedakan pasien yang terpapar dan tidak terpapar DBD, seperti yang diungkapkan oleh penelitian Gupta et al. [16] dan Thuy et al., yang mengindikasikan bahwa variasi dalam nilai sel darah putih dan trombosit adalah indikator klinis yang paling penting dalam memprediksi penyakit *dengue*.

Dengan kombinasi fitur-fitur ini, dataset ini dianggap mewakili yang baik untuk digunakan dalam proses klasifikasi melalui algoritma pembelajaran mesin seperti *Random Forest*, *XGBoost*, dan *SVM*. Hal ini telah dibuktikan dalam studi Bria et al. [15] dan Muflikhah et al. [17].

2.3 Preprocessing Data

Pada tahap praproses data, ditempuh sejumlah tahapan untuk menjamin dataset layak diterapkan dalam pemodelan. Langkah pertama dilakukannya pembersihan data (*data cleaning*) dengan menghapus nilai duplikat dan baris yang memiliki nilai kosong pada kolom target *Final Output*, agar data yang digunakan benar-benar *valid* untuk pelatihan model. Selanjutnya, dilakukan penyesuaian tipe data dengan mengubah kolom *Final Output* menjadi tipe numerik (int) agar dapat diproses oleh algoritma klasifikasi.

Kemudian dilakukan pengkodean data kategorikal (label encoding) pada kolom *Sex*, yang memiliki tiga kategori yaitu *Male*, *Female*, dan *Child*. Meskipun secara konsep *Child* tidak termasuk dalam jenis kelamin, namun kategori tersebut tetap dipertahankan karena merupakan bagian dari dataset asli dan tidak terdapat informasi tambahan mengenai jenis kelamin anak pada kategori tersebut. Dengan demikian, dilakukan proses penyandian langsung menggunakan LabelEncoder tanpa pemisahan nilai, agar semua data tetap terwakili dan model tetap dapat mempelajari pola dari seluruh sampel. Selain itu, distribusi kelas pada variabel target diperiksa untuk memastikan keseimbangan data antara kelas 0 dan 1. Hasil pemeriksaan menunjukkan bahwa distribusi kelas relatif seimbang (sekitar 48%:52%), sehingga tidak diperlukan penerapan teknik penyeimbangan tambahan seperti SMOTE, Random Oversampling, Undersampling, atau penyesuaian class weight pada parameter model.

2.4 Splitting Data

Tahap data splitting dilakukan untuk membagi dataset menjadi 80% data pelatihan dan 20% data pengujian menggunakan pengambilan sampel bertingkat untuk memastikan bahwa distribusi kelas tetap seimbang antara pasien DBD dan non-DBD. Pendekatan ini bertujuan agar model tidak bias terhadap kelas mayoritas serta dapat mempelajari karakteristik setiap kategori secara proporsional. Semua fitur penting, termasuk *Platelet Count* dan *WBC Count*, tetap dipertahankan dalam proses pelatihan karena keduanya merupakan indikator klinis utama dalam diagnosis DBD. Pendekatan ini sejalan dengan penelitian Gupta et al. dan Thuy et al. yang menekankan pentingnya menjaga keseimbangan data dan mempertahankan variabel signifikan untuk meningkatkan akurasi serta stabilitas model pada klasifikasi penyakit dengue. [16].

2.5 Klasifikasi Random Forest

Metode *Random Forest* termasuk salah satu teknik pendekatan pembelajaran *ensemble* membangun sekumpulan pohon keputusan (*Decision Trees*) menggunakan teknik *bootstrapping* dari data pelatihan yang diacak. Setiap pohon menghasilkan prediksi secara mandiri, kemudian hasil akhir ditentukan melalui *voting* mayoritas. Pendekatan ini menjadikan model lebih stabil, tahan terhadap *overfitting*, serta efektif untuk data dengan jumlah fitur besar.

Meskipun membutuhkan daya komputasi lebih tinggi dibandingkan satu pohon keputusan, *Random Forest* tetap menjadi metode populer dalam klasifikasi medis, karena kemampuannya menjaga keseimbangan antara akurasi dan generalisasi. Dalam penelitian ini, model diatur menggunakan 100 pohon keputusan ($n_{\text{estimator}} = 100$) dengan parameter $max_features = 'auto'$, yang memungkinkan pemilihan fitur optimal secara otomatis pada setiap pohon.

Prediksi akhir ditentukan menggunakan rumus:

$$y = \text{mode}(h_1(x), h_2(x), \dots, h_n(x)) \quad (1)$$

Pendekatan ini sejalan dengan beberapa penelitian open access dalam lima tahun terakhir, seperti karya Pal & Parija yang menerapkan *Random Forest* untuk mendeteksi penyakit jantung secara akurat [18], Vlachas et al. yang menguji efektivitas algoritma ini pada data industri medis [19], serta Delshi yang menunjukkan performa tinggi *Random Forest* dalam memprediksi berbagai penyakit berdasarkan gejala klinis pasien [20].

2.6 Klasifikasi XGBoost

Extreme Gradient Boosting (XGBoost) adalah algoritma ensemble learning yang berlandaskan pada teknik *gradient boosting* dan dirancang untuk menghasilkan model prediksi dengan kinerja tinggi dan efisiensi komputasi yang baik. Berbeda dengan *Random Forest* yang menggabungkan banyak pohon keputusan secara paralel, XGBoost membentuk pohon keputusan secara berurutan, setiap pohon baru berfokus menyempurnakan kesalahan yang dihasilkan oleh pohon-pohon sebelumnya. Pendekatan ini membuat model lebih adaptif dan mampu menangkap pola kompleks dalam data.

Proses pembelajaran XGBoost didasarkan pada minimisasi fungsi objektif (*objective function*) yang meliputi dua komponen utama, yakni fungsi *loss* untuk mengukur selisih antara nilai prediksi dan nilai sebenarnya, serta fungsi regularisasi untuk mengontrol kompleksitas model agar tidak terjadi *overfitting*. Fungsi objektif tersebut dinyatakan sebagai:

$$\text{Obj} = \sum_{i=1}^n l(y_i, \widehat{y}_i^{(t)}) + \sum_{k=1}^t r\Omega(f_k) \quad (2)$$

Salah satu keistimewaan utama XGBoost adalah kapasitasnya untuk menangani ketidakseimbangan data, mengelola nilai yang hilang (*missing values*), serta mempercepat proses pelatihan melalui paralelisasi komputasi. Karena efisiensinya tersebut, algoritma ini banyak diterapkan dalam bidang medis, khususnya untuk klasifikasi berbagai penyakit seperti jantung, paru-paru, dan ginjal. Sejumlah penelitian terbaru juga menunjukkan bahwa XGBoost mampu menghasilkan tingkat akurasi yang tinggi dan konsisten dalam berbagai studi medis [21], [22].

2.7 Klasifikasi Support Vector Machine (SVM)

Support Vector Machine (SVM) merupakan algoritma pembelajaran terawasi (*supervised learning*) yang banyak diterapkan pada masalah klasifikasi maupun *regresi*. Algoritma ini memiliki kelebihan dalam menentukan *hyperplane* optimal yang dapat membedakan dua atau lebih kategori data dengan margin yang maksimal. Tujuan utama SVM adalah menemukan batas keputusan (*decision boundary*) yang mampu meminimalkan kesalahan klasifikasi sekaligus memaksimalkan jarak antar kelas, sehingga model yang dihasilkan memiliki tingkat generalisasi yang tinggi.

Ketika data tidak dapat dipisahkan secara *linear*, SVM menerapkan trik kernel untuk memetakan data ke ruang berdimensi lebih tinggi, yang memungkinkan pemisahan *linear*. Jenis kernel yang sering digunakan meliputi kernel *linear*, kernel polinomial, dan kernel Radial Basis Function (RBF).

$$f(x) = wTx + b \quad (1)$$

dengan w merupakan vektor parameter, x yaitu vektor fitur, dan b merupakan bias model. Nilai tanda dari $f(x)$ menentukan kelas dari suatu sampel data. Untuk menemukan *hyperplane* terbaik, SVM meminimalkan fungsi objektif berikut:

$$\min \frac{1}{2} \|w\|^2 \text{ dengan syarat } y_i(wTx_i + b) \geq 1, \forall i \quad (4)$$

Pada data yang tidak sepenuhnya dapat dipisahkan (misalnya data medis dengan noise tinggi), SVM menambahkan variabel slack untuk memperbolehkan beberapa pelanggaran margin:

$$\min \frac{1}{2} \|w\|^2 + C \sum_{i=1}^n \xi_i \text{ dengan syarat } y_i(wTx_i + b) \geq 1 - \xi_i, \quad \xi_i \geq 0 \quad (5)$$

2.8 Hyperparameter

Tahap ini dilakukan untuk mengoptimalkan kinerja model melalui penalaan parameter yang tidak dipelajari langsung dari data. Pada algoritma *Random Forest* (RF), penyesuaian dilakukan terhadap banyaknya pohon ($n_estimators$), jumlah lapisan maksimum tingkat kedalaman tertinggi (max_depth) serta jumlah atribut per *split* ($max_features$). Pada XGBoost, parameter yang diatur meliputi laju pembelajaran (*learning rate*), kedalaman pohon (max_depth), serta regularisasi (reg_alpha dan reg_lambda). Sementara itu, pada *Support Vector Machine* (SVM), penyesuaian diterapkan terhadap parameter C , $gamma$, dan jenis *kernel*. Proses optimasi seluruh model diterapkan dengan pendekatan grid search dengan penerapan validasi silang k -fold untuk memperoleh kombinasi parameter terbaik tanpa menyebabkan *overfitting*.

2.9 Evaluasi Model Klasifikasi

Pengukuran performa model diterapkan dengan memanfaatkan confusion matrix yang digunakan untuk membandingkan antara nilai prediksi dan label aktual. Berdasarkan matriks tersebut, diperoleh sejumlah parameter utama seperti akurasi, presisi, sensitivitas (*recall*), spesifisitas, serta *F1-score*, pada setiap dihitung menggunakan rumus sebagai berikut:

a. Accuracy

Accuracy mengukur proporsi keseluruhan prediksi yang benar (TP + TN) terhadap semua sampel dan memberi gambaran umum performa model. Metrik ini sensitif terhadap ketidakseimbangan kelas pada dataset akurasi yang tidak seimbang bisa menimbulkan interpretasi yang salah. Oleh karenanya akurasi biasanya dilaporkan bersama parameter lain seperti recall dan F1 [23].

$$Accuracy = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN} \quad (6)$$

b. Precision

Precision adalah proporsi prediksi positif yang akurat (TP / (TP + FP)) dan penting bila biaya *false positive* tinggi. Presisi membantu menilai seberapa dapat dipercaya label positif yang diprediksi model. Untuk kasus klinis, presisi berguna bila ingin meminimalkan perawatan/tes yang tidak perlu akibat FP [24].

$$Precision = \frac{TP}{TP+FP} \quad (7)$$

c. Recall

Recall mengukur kemampuan model menemukan kasus positif (TP / (TP + FN)) dan kritikal bila akibat FN berat (mis. melewatkan pasien sakit). *Recall* tinggi berarti sedikit kasus positif yang terlewat, sehingga sering dijadikan prioritas dalam diagnosis penyakit. Namun *recall* tinggi kadang berimbas pada turunnya presisi jika *threshold* tidak diatur [25].

$$Recall = \frac{TP}{TP+FN} \quad (8)$$

d. F1-Score

F1-score adalah rata-rata harmonik yang menggabungkan presisi dan recall, yang berfungsi sebagai parameter tunggal untuk menjaga keseimbangan antara kedua metrik. Indikator ini memiliki kegunaan tinggi dalam kondisi

ketika distribusi kelas pada data tidak merata. *F1* lebih informatif daripada akurasi bila keseimbangan antara *precision* dan *recall* diinginkan. Dalam banyak studi klinis, *F1* dipakai sebagai metrik utama ketika *trade-off* FP/FN harus diseimbangkan [26].

$$F_1 = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (9)$$

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Pengecekan Data Missing Value

Tahap awal dalam proses pra-pemrosesan data adalah melakukan pemeriksaan terhadap keberadaan *missing value* atau data yang hilang pada setiap atribut, karena data yang tidak lengkap dapat menimbulkan ketidakseimbangan informasi serta berdampak pada penurunan kinerja model klasifikasi. Berdasarkan hasil pengecekan pada dataset awal yang ditunjukkan pada Gambar 2, seluruh atribut tidak ditemukan nilai yang kosong sehingga dataset dinyatakan lengkap dan dapat langsung digunakan pada tahap analisis berikutnya tanpa perlu dilakukan proses imputasi data. Kondisi ini menunjukkan bahwa kualitas dataset yang digunakan tergolong baik, meminimalkan potensi bias akibat penanganan data hilang, serta memungkinkan proses pemodelan dilakukan secara lebih efisien dan akurat sesuai dengan karakteristik data yang sesungguhnya. Selain itu, ketersediaan data yang lengkap pada setiap atribut juga mendukung stabilitas proses pelatihan model, mengurangi risiko distorsi distribusi data, dan meningkatkan reliabilitas hasil evaluasi model yang diperoleh, sehingga kesimpulan yang dihasilkan dari penelitian ini dapat dipertanggungjawabkan secara ilmiah.

```

=== Data Awal ===
  Age  Sex  Haemoglobin  WBC Count  Differential Count  RBC PANEL \
0  43  Male      12.6      2200.0           1           1
1  45  Male      13.2      3000.0           0           1
2  50  Female    11.0      3300.0           1           1
3  57  Female    11.9      3500.0           1           0
4  51  Female    13.0      3100.0           0           1

  Platelet Count  PDW  Final Output
0      62000.0  11.0      1.0
1     17000.0  17.0      1.0
2     19000.0  16.0      1.0
3     29000.0  14.0      1.0
4     30000.0  14.0      1.0

```

Gambar 2. Dataset Awal

Setelah dilakukan pemeriksaan kelengkapan data, ditemukan bahwa terdapat 72 baris data yang memiliki nilai hilang, terlihat pada Gambar 3. Untuk menjaga kualitas dan integritas dataset, penanganan dilakukan dengan menghapus baris yang memiliki nilai kosong (*row-wise deletion*). Keputusan ini diambil karena proporsi data yang hilang relatif kecil (sekitar 1,44% dari total data), sehingga penghapusan tidak akan berdampak signifikan terhadap representasi data keseluruhan. Setelah proses ini, jumlah data yang digunakan untuk pelatihan model menjadi 4.928 observasi. Langkah ini memastikan bahwa tidak ada *missing value* yang tersisa pada dataset sebelum tahap pra-pemrosesan lanjutan.

```

=== Informasi Dataset ===
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 5000 entries, 0 to 4999
Data columns (total 9 columns):
#   Column                Non-Null Count  Dtype
---  -
0   Age                   5000 non-null  int64
1   Sex                   5000 non-null  object
2   Haemoglobin           5000 non-null  float64
3   WBC Count             4878 non-null  float64
4   Differential Count    5000 non-null  int64
5   RBC PANEL             5000 non-null  int64
6   Platelet Count        4905 non-null  float64
7   PDW                   4903 non-null  float64
8   Final Output          4928 non-null  float64
dtypes: float64(5), int64(3), object(1)
memory usage: 351.7+ KB
None

```

Gambar 3. Informasi Dataset (*Missing Value*)

3.2 Encoding Data

Pada tahap *encoding*, kolom *Sex* yang memiliki tiga kategori, yaitu *Male*, *Female*, dan *Child*, diubah menjadi nilai numerik menggunakan *LabelEncoder* agar dapat diproses oleh model *machine learning*. Proses ini menghasilkan representasi angka untuk setiap kategori tanpa mengubah makna data aslinya, yaitu *Child* = 0, *Female* = 1, dan *Male* = 2.

3.4 Pemilihan Fitur

Setelah tahap pembersihan data dan penanganan nilai hilang, dilakukan proses pemilihan fitur untuk memastikan bahwa hanya atribut yang relevan dan berkontribusi signifikan terhadap proses klasifikasi yang dipertahankan. Dataset

awal terdiri dari sembilan atribut, yaitu *Age*, *Sex*, *Haemoglobin*, *WBC Count*, *Differential Count*, *RBC Panel*, *Platelet Count*, *PDW*, dan *Final Output* sebagai variabel target. Karena *Final Output* berfungsi sebagai label kelas, maka hanya delapan atribut lainnya yang digunakan sebagai fitur input. Seluruh fitur prediktor tersebut dipertahankan karena memiliki relevansi klinis terhadap diagnosis Demam Berdarah Dengue (DBD). Tidak ada fitur yang dihapus, termasuk *WBC Count* dan *Platelet Count*, mengingat keduanya merupakan indikator penting dalam mendeteksi infeksi dengue berdasarkan literatur terdahulu. Dengan demikian, model menggunakan delapan fitur input untuk proses pelatihan dan pengujian.

3.5 Splitting Data

Pada tahap ini, dataset dibagi menjadi dua subset, yaitu data pelatihan dan data pengujian, menggunakan fungsi *train_test_split* dari pustaka *scikit-learn*. Pembagian dilakukan dengan alokasi 80% untuk pelatihan dan 20% untuk pengujian, dengan parameter *stratify=y* diterapkan untuk menjaga distribusi kelas target yang seimbang di kedua subset. Dari total 4.928 data, dihasilkan 3.942 sampel latih dan 986 sampel uji, masing-masing berisi delapan fitur setelah proses pembersihan dan pemilihan fitur. Pembagian ini memastikan model memperoleh pembelajaran dari mayoritas data sambil dievaluasi pada data yang belum terlihat sebelumnya, sehingga membantu mencegah overfitting dan memberikan ukuran objektif terhadap kemampuan generalisasi model. Hasil pembagian data dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2. Data Spliting

Training	Testing
3942	986

3.6 Pemodelan 3 Algoritma

Tahapan pemodelan dilakukan dengan menggunakan beberapa algoritma klasifikasi untuk membandingkan kemampuan masing-masing model dalam memprediksi penyakit DBD. Setiap model dinilai memanfaatkan metrik akurasi, presisi, *recall*, dan *F1-score* untuk mengevaluasi performa secara menyeluruh.

a. *Random Forest*

Random Forest menunjukkan akurasi 86,2% dengan *precision* 85,2%, *recall* 96,0%, dan *F1-score* 90,3%. Ini menandakan model cukup baik dalam memprediksi penyakit DBD, khususnya mampu menangkap sebagian besar kasus positif (*recall* tinggi), walaupun beberapa prediksi mungkin salah (*precision* sedikit lebih rendah dibanding *recall*). Model ini stabil dan cenderung tidak *overfitting* karena menggunakan *ensemble* dari banyak pohon keputusan.

b. *Extreme Gradient Boosting (XGBoost)*

XGBoost memiliki performa tertinggi di antara ketiga model dengan akurasi 87,7%, *precision* 88,2%, *recall* 94,2%, dan *F1-score* 91,1%. Model ini menunjukkan efektivitas dalam mengatasi fitur-fitur yang kompleks dan korelasi antarvariabel, sehingga prediksinya lebih seimbang antara benar positif dan benar negatif. Hasil ini menunjukkan XGBoost paling optimal untuk dataset DBD ini dalam hal keseluruhan prediksi.

c. *Support Vector Machine (SVM)*

SVM memperoleh akurasi 84,8%, *precision* 83,7%, *recall* 95,9%, dan *F1-score* 89,4%. Meskipun akurasinya sedikit lebih rendah dibanding RF dan XGBoost, model ini sangat baik dalam mengenali kasus positif (*recall* tinggi), sehingga cocok jika tujuan utama adalah meminimalkan kasus yang terlewat. Namun, SVM cenderung sensitif terhadap pemilihan parameter dan skala fitur.

Perbandingan performa tiga algoritma klasifikasi bisa terlihat pada Gambar 4. dalam memprediksi penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD), yaitu *Random Forest*, *XGBoost*, dan *SVM*, berdasarkan parameter evaluasi akurasi, presisi, *recall*, serta *F1-score*.

Tabel 3. Hasil Pemodelan 3 Algoritma

Model	Accuracy	Precision	Recall	F1-Score
Random Forest	0.862069	0.851752	0.960486	0.902857
XGBoost	0.877282	0.881935	0.942249	0.911095
SVM	0.847870	0.836870	0.958967	0.893768

3.7 Hyperparameter

Model *Random Forest*, *XGBoost*, dan *SVM* dikonfigurasi dengan *hyperparameter* tertentu yang dioptimalkan untuk dataset DBD ini. *Random Forest* menggunakan 100 pohon keputusan dengan kedalaman maksimal 10, *XGBoost* menggunakan 200 *estimators* dengan *learning rate* 0,1, sedangkan *SVM* menggunakan *kernel* RBF dengan *C=1* dan *gamma=0,01* terlihat hasil ada pada Tabel 4.

Tabel 4. Hyperparameter

Model	Hyperparameter Utama
Random Forest	<i>n_estimators=100, max_depth=10</i>
XGBoost	<i>n_estimators=200, learning_rate=0.1</i>

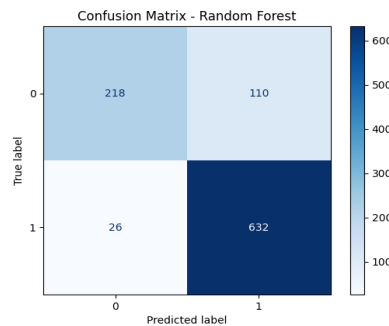
Model	Hyperparameter Utama
SVM	<i>kernel=RBF, C=1, gamma=0.01</i>

3.8 Evaluasi Confusion Matrix

Penelitian ini mengevaluasi kinerja setiap model yang dikembangkan dengan mengukur menggunakan metrik klasifikasi yang dihasilkan melalui confusion matrix, antara lain *accuracy*, *precision*, *recall*, dan *F1-score*. Evaluasi dilakukan pada tiga pemodelan dengan konfigurasi dan pengaturan hyperparameter yang berbeda untuk menilai pengaruh tuning terhadap performa algoritma, khususnya pada XGBoost.

a. Evaluasi *Random Forest*

Model Random Forest awal dilatih memanfaatkan data asli dengan rasio kelas sekitar 2:1, sehingga tidak diperlukan proses penyeimbangan tambahan. Nilai akurasi yang diperoleh pada data latih dan data uji masing-masing sebesar 0,8621 dan 0,8560, sedangkan nilai precision, recall, dan F1-score berada pada kisaran 0,8517 hingga 0,9029. Berdasarkan hasil yang ditampilkan pada Gambar 4 dan Tabel 5, model terbukti mampu mengenali kedua kelas dengan baik.



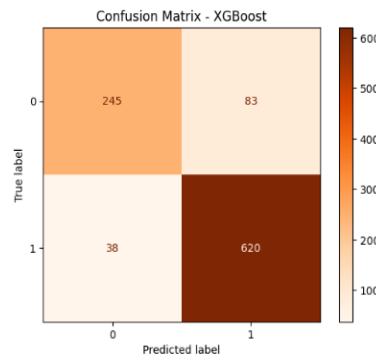
Gambar 4. Confusion Matrix Random Forest

Tabel 5. Hasil Pemodelan Random Forest

	Precision	Recall	F1-score	Support
0	0.89	0.66	0.76	328.00
1	0.85	0.96	0.90	658.00
accuracy	0.86	0.86	0.86	0.86
macro avg	0.87	0.81	0.83	986.00
weighted avg	0.87	0.86	0.86	986.00

b. Evaluasi *Extrem Gradient Boosting (XGBoost)*

Model XGBoost dilatih menggunakan data dengan proporsi kelas sekitar 2:1 tanpa proses penyeimbangan. Berdasarkan hasil dari evaluasi, model ini mencapai akurasi 0,8773 dengan precision 0,8819, recall 0,9422, dan F1-score 0,9111. Performa tersebut memperlihatkan bahwa XGBoost mampu memberikan hasil paling optimal pada Gambar 5 dan Tabel 6 dibandingkan algoritma lainnya, karena dapat menjaga keseimbangan antara ketepatan dan kemampuan dalam mengenali kasus positif.



Gambar 5. Confusion Matrix XGBoost

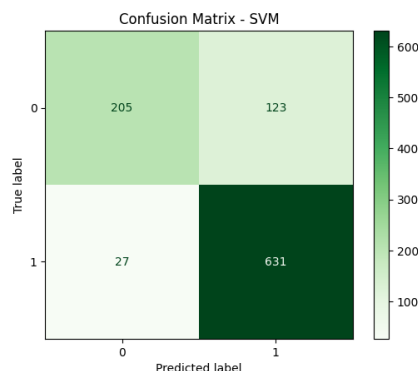
Tabel 6. Hasil Pemodelan XGBoost

	Precision	Recall	F1-score	Support
0	0.87	0.75	0.80	328.00
1	0.88	0.94	0.91	658.00
accuracy	0.88	0.88	0.88	0.88

	Precision	Recall	F1-score	Support
macro avg	0.87	0.84	0.86	986.00
weighted avg	0.88	0.88	0.87	986.00

c. Evaluasi *Support Vector Machine* (SVM)

Support Vector Machine (SVM) menunjukkan kemampuan tersebut cukup baik meskipun dilatih tanpa penyeimbangan data. Model ini mencapai akurasi 0,8479 dengan precision 0,8369, recall 0,9590, dan F1-score 0,8938. Nilai recall tersebut tinggi menandakan bahwa SVM mampu mengenali sebagian besar kasus positif, meskipun masih terdapat sejumlah prediksi yang kurang tepat pada kelas negatif. Penjelasan tersebut terdapat pada Gambar 6 dan Tabel 7 .



Gambar 6. Confusion Matrix SVM

Tabel 7. Hasil Pemodelan SVM

	Precision	Recall	F1-score	Support
0	0.88	0.62	0.73	328.00
1	0.84	0.96	0.89	658.00
accuracy	0.85	0.85	0.85	0.85
macro avg	0.86	0.79	0.81	986.00
weighted avg	0.85	0.85	0.84	986.00

3.9 Pembahasan

Penelitian ini diawali dengan tahap pemeriksaan *missing value* guna memastikan kelengkapan data yang digunakan. Hasil analisis menunjukkan bahwa sebagian besar atribut telah terisi dengan baik, sehingga data dapat langsung diproses setelah dilakukan penanganan terhadap nilai yang hilang. Selanjutnya, dilakukan proses *encoding* pada variabel kategorikal serta pembagian dataset dibagi menjadi data latih dan data uji dengan perbandingan 80:20 guna memastikan pengujian model secara objektif. Proses pemodelan dilakukan menggunakan tiga pemodelan klasifikasi, yaitu Random Forest, XGBoost, dan SVM, yang masing-masing dievaluasi dengan menilai performa model melalui akurasi, presisi, recall, dan F1-score. Berdasarkan pengujian, algoritma XGBoost memperlihatkan performa terbaik dengan tingkat akurasi sebesar 87,7%, diikuti oleh Random Forest sebesar 86,2% dan SVM sebesar 84,8%. Variasi hasil tersebut dipengaruhi oleh kemampuan masing-masing algoritma dalam mengelola kompleksitas data serta distribusi kelas dengan rasio sekitar 2:1. Penyetelan *hyperparameter* seperti jumlah *estimator*, *max depth*, dan *learning rate* juga berperan dalam meningkatkan kinerja model, khususnya pada XGBoost. Secara keseluruhan, output penilaian melalui *confusion matrix* memperlihatkan bahwa ketiga pemodelan mampu mengenali pola data secara efektif, dengan XGBoost sebagai model yang paling optimal dalam melakukan klasifikasi penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD).

4. KESIMPULAN

Penelitian ini melakukan perbandingan terhadap tiga algoritma klasifikasi, yakni Random Forest, XGBoost, serta Support Vector Machine (SVM), adapun upaya dalam mengklasifikasikan penyakit Demam Berdarah Dengue (DBD). Proses penelitian diawali dengan tahapan pra-pemrosesan data yang meliputi penanganan missing value, encoding pada data kategorikal, serta pembagian dataset menjadi 80% pelatihan dan 20% pengujian. Hasil analisis memperlihatkan bahwa ketiga model mampu berfungsi dengan baik. Berdasarkan hasil evaluasi, algoritma XGBoost memperoleh kinerja tertinggi dengan akurasi sebesar 87,72%, precision 88,19%, recall 94,22%, dan F1-score 91,10%. Selanjutnya, Random Forest mencapai akurasi 86,20%, serta SVM mencatatkan akurasi sebesar 84,79%. Temuan ini menunjukkan bahwa XGBoost memiliki keunggulan dibandingkan dua algoritma lainnya berkat kemampuannya dalam melakukan pembelajaran bertahap serta mengoreksi kesalahan model sebelumnya. Sebagai arah pengembangan untuk penelitian berikutnya, dianjurkan menggunakan dataset dengan ukuran yang berskala lebih besar dan distribusi

kelas yang lebih seimbang guna meningkatkan kemampuan generalisasi model. Selain itu, penerapan algoritma lain seperti *LightGBM* atau *CatBoost*, serta eksplorasi lebih lanjut terhadap optimasi hyperparameter, diharapkan dapat memberikan hasil yang lebih optimal. Penambahan variabel yang berkaitan dengan faktor klinis maupun lingkungan juga berpotensi meningkatkan akurasi dan cakupan model dalam mengklasifikasikan penyakit DBD secara lebih komprehensif.

REFERENCES

- [1] N. T. Thanh, V. T. Luan, D. C. Viet, T. H. Tung, and V. Thien, "A machine learning-based risk score for prediction of mechanical ventilation in children with dengue shock syndrome: A retrospective cohort study," *PLoS One*, vol. 19, no. 12, Dec. 2024, doi: 10.1371/journal.pone.0315281.
- [2] M. S. Ansari, D. Jain, and S. Budhiraja, "Machine-learning prediction models for any blood component transfusion in hospitalized dengue patients," *Hematol Transfus Cell Ther*, vol. 46, pp. 13–23, Nov. 2024, doi: 10.1016/j.htct.2023.09.2365.
- [3] Z. J. Madewell *et al.*, "Machine learning for predicting severe dengue in Puerto Rico," *Infect Dis Poverty*, vol. 14, no. 1, Dec. 2025, doi: 10.1186/s40249-025-01273-0.
- [4] N. J. Riya, M. Chakraborty, and R. Khan, "Artificial Intelligence-Based Early Detection of Dengue Using CBC Data," *IEEE Access*, vol. 12, pp. 112355–112367, 2024, doi: 10.1109/ACCESS.2024.3443299.
- [5] B. Liu, M. F. Hossain, and S. Hossain, "A comparative evaluation of multiple machine learning approaches for forecasting dengue outbreaks in Bangladesh," *Sci Rep*, vol. 15, no. 1, p. 35931, Oct. 2025, doi: 10.1038/s41598-025-19752-7.
- [6] Y. P. Bria *et al.*, "Determining Important Features for Dengue Diagnosis using Feature Selection Methods," *Universitas Katolik Widya Mandira, Jl. San Juan No. 1 Penfui Timur*, vol. 6, no. 1, pp. 47–59, 2025, doi: 10.47738/jads.v5i4.445.
- [7] A. Qaiser, S. Manzoor, A. H. Hashmi, H. Javed, A. Zafar, and J. Ashraf, "Support Vector Machine Outperforms Other Machine Learning Models in Early Diagnosis of Dengue Using Routine Clinical Data," *Adv Virol*, vol. 2024, no. 1, 2024, doi: 10.1155/2024/5588127.
- [8] X. Chen and P. Moraga, "Assessing dengue forecasting methods: a comparative study of statistical models and machine learning techniques in Rio de Janeiro, Brazil," *Trop Med Health*, vol. 53, no. 1, pp. 1–12, Dec. 2025, doi: 10.1186/s41182-025-00723-7.
- [9] P. Sarker, J. J. Tiang, and A. Al Nahid, "Dengue Fever Detection Using Swarm Intelligence and XGBoost Classifier: An Interpretable Approach with SHAP and DiCE," *Information (Switzerland)*, vol. 16, no. 9, Sep. 2025, doi: 10.3390/info16090789.
- [10] B. Liu, M. F. Hossain, and S. Hossain, "A comparative evaluation of multiple machine learning approaches for forecasting dengue outbreaks in Bangladesh," *Sci Rep*, vol. 15, no. 1, p. 35931, Dec. 2025, doi: 10.1038/s41598-025-19752-7.
- [11] J. Z. Marrington, E. March, S. Murray, C. Jeffries, T. Machin, and S. March, "An exploration of trolling behaviours in Australian adolescents: An online survey," *PLoS One*, vol. 18, no. 4 April, Apr. 2023, doi: 10.1371/journal.pone.0284378.
- [12] A. Qaiser, S. Manzoor, A. H. Hashmi, H. Javed, A. Zafar, and J. Ashraf, "Support Vector Machine Outperforms Other Machine Learning Models in Early Diagnosis of Dengue Using Routine Clinical Data," *Adv Virol*, vol. 2024, no. 1, 2024, doi: 10.1155/2024/5588127.
- [13] P. Sarker, J. J. Tiang, and A. Al Nahid, "Dengue Fever Detection Using Swarm Intelligence and XGBoost Classifier: An Interpretable Approach with SHAP and DiCE," *Information (Switzerland)*, vol. 16, no. 9, Sep. 2025, doi: 10.3390/info16090789.
- [14] Y. V. Exebio-Chepe, J. A. Bravo-Ruiz, and V. A. Tuesta-Monteza, "Comparison of machine learning algorithms for dengue virus (DENV) classification," vol. 22, no. 5, 2024, doi: 10.22201/icat.24486736e.2024.22.5.2422
- [15] Y. P. Bria, P. A. Nani, Y. C. H. Siki, N. M. R. Mamulak, E. M. Meolbatok, and R. D. Guntur, "Leveraging a Random Forest Classifier and SVM-SMOTE for an Early-stage Dengue Prediction," *Engineering, Technology and Applied Science Research*, vol. 15, no. 3, pp. 23436–23442, Jun. 2025, doi: 10.48084/etasr.10762.
- [16] G. Gupta *et al.*, "DDPM: A Dengue Disease Prediction and Diagnosis Model Using Sentiment Analysis and Machine Learning Algorithms," *Diagnostics*, vol. 13, no. 6, Mar. 2023, doi: 10.3390/diagnostics13061093.
- [17] L. Muflikhah, A. Iskandar, N. Yudistira, I. U. Nadlori, and B. N. Dewanto, "High performance of Dengue shock syndrome detection using extreme gradient boosting with ANOVA feature selection," *J Biotech Res*, vol. 16, pp. 22–31, 2024, [Online]. Available: <https://www.scopus.com/pages/publications/85187224399>
- [18] M. Pal and S. Parija, "Prediction of Heart Diseases using Random Forest," in *Journal of Physics: Conference Series*, IOP Publishing Ltd, Mar. 2021. doi: 10.1088/1742-6596/1817/1/012009.
- [19] C. Vlachas *et al.*, "Random forest classification algorithm for medical industry data," *SHS Web of Conferences*, vol. 139, p. 03008, 2022, doi: 10.1051/shsconf/202213903008.
- [20] S. Didik, H. Henderi, S. Anrie, S. Rulin, S. Saludin, M. M. Malik, and Y. Imam, "Prediction of Heart Disease using Random Forest Algorithm, Support Vector Machine, and Neural Network." *TELKOMNIKA*, vol. 23, no. 1, pp. 129–137, 2025, doi: 10.12928/TELKOMNIKA.v23i1.25341
- [21] K. Shaheed, Q. Abbas, A. Hussain, and I. Qureshi, "Optimized Xception Learning Model and XgBoost Classifier for Detection of Multiclass Chest Disease from X-ray Images," *Diagnostics*, vol. 13, no. 15, Aug. 2023, doi: 10.3390/diagnostics13152583.
- [22] K. Budholiya, S. K. Shrivastava, and V. Sharma, "An optimized XGBoost based diagnostic system for effective prediction of heart disease," *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, vol. 34, no. 7, pp. 4514–4523, Jul. 2022, doi: 10.1016/j.jksuci.2020.10.013.
- [23] C. Miller, T. Portlock, D. M. Nyaga, and J. M. O'Sullivan, "A review of model evaluation metrics for machine learning in genetics and genomics," vol. 4, pp. 1–13, 2024, *Frontiers Media SA*. doi: 10.3389/fbinf.2024.1457619.
- [24] S. A. Hicks *et al.*, "On evaluation metrics for medical applications of artificial intelligence," *Sci Rep*, vol. 12, no. 1, pp. 1–9, Dec. 2022, doi: 10.1038/s41598-022-09954-8.



- [25] M. M. Ahsan, S. A. Luna, and Z. Siddique, “Machine-Learning-Based Disease Diagnosis: A Comprehensive Review,” Mar. 01, 2022, *MDPI*, vol. 10, no. 3, 2022, doi: 10.3390/healthcare10030541.
- [26] C. Miller, T. Portlock, D. M. Nyaga, and J. M. O’Sullivan, “A review of model evaluation metrics for machine learning in genetics and genomics,” *Frontiers Media SA*, vol. 4, pp. 1-13, 2024, doi: 10.3389/fbinf.2024.1457619.