

Arsitektur Evolutionary Stacking Ensemble Berbasis Algoritma Genetik untuk Klasifikasi Penyakit Jantung Koroner

Renna Novaria Widyastuti^{1*}, Diah Intan Nuraini², Wisnu Aji Sanjaya³, Diah Septiani⁴

^{1*} Program Studi Sains Data

Telkom Univeristy Purwokerto

1*rennanvra@student.telkomuniversity.ac.id

²Program Studi Sains Data

Telkom University Purwokerto

2diahintannuraini@student.telkomuniversity.ac.id

³Program Studi Sains Data

Telkom University Purwokerto

4wisnuajisanjaya@student.telkomuniversity.ac.id

⁴Program Studi Sains Data

Telkom University Purwokerto

5diahseptiani@telkomuniversity.ac.id

Abstrak— Deteksi dini penyakit jantung koroner memerlukan sistem klasifikasi yang akurat dan handal. Penelitian ini bertujuan mengoptimalkan kinerja arsitektur *Stacking Ensemble* melalui penerapan Algoritma Genetik. Dataset penelitian mencakup 56 atribut klinis rekam medis pasien. Algoritma Genetik secara iteratif melakukan penalaan *hyperparameter* untuk menemukan konfigurasi model terbaik dan mencegah *overfitting*. Hasil eksperimen menunjukkan model *Evolutionary Stacking* mencapai tingkat akurasi sebesar 85,25%, meningkat dibandingkan model *baseline* sebesar 81,97%. Sistem berhasil meningkatkan spesifisitas hingga 66,67% dan mereduksi kasus alarm palsu dari 9 menjadi 6 kasus. Kurva ROC mencatatkan nilai AUC sebesar 0,8734 yang mengonfirmasi stabilitas prediksi model. Kesimpulan penelitian ini menegaskan bahwa integrasi algoritma evolusioner efektif dalam menangani ketimpangan data medis. Arsitektur yang diusulkan terbukti mampu beroperasi sebagai instrumen pendukung keputusan klinis yang efisien bagi tenaga medis.

Kata kunci— Penyakit Jantung Koroner, *Stacking Ensemble*, Algoritma Genetik, Klasifikasi, *Hyperparameter Tuning*

Abstract— Early detection of coronary heart disease requires an accurate and reliable classification system. This study aims to optimise the performance of the *Stacking Ensemble* architecture through the application of Genetic Algorithms. The research dataset comprises 56 clinical attributes from patients' medical records. The Genetic Algorithm iteratively tunes hyperparameters to find the best model configuration and prevent overfitting. The experimental results show that the *Evolutionary Stacking* model achieved an accuracy rate of 85.25 per cent, an improvement on the baseline model's 81.97 per cent. The system successfully increased specificity to 66.67 per cent and reduced false alarms from 9 to 6 cases. The ROC curve recorded an AUC value of 0.8734, confirming the stability of the model's predictions. The conclusions of this study confirm that the integration of evolutionary algorithms is effective in addressing medical data imbalances. The proposed architecture has proven capable of functioning as an efficient clinical decision-support tool for healthcare professionals.

Keywords— Coronary Heart Disease, Ensemble Stacking, Genetic Algorithms, Classification, Hyperparameter Tuning

I. PENDAHULUAN

Penyakit Arteri Koroner (*Coronary Artery Disease/CAD*) merupakan salah satu tantangan medis global yang mendesak adanya sistem deteksi dini yang presisi dan otomatis [1], [2]. Proses diagnosis CAD di lingkungan klinis mengharuskan evaluasi komprehensif terhadap puluhan parameter, mulai dari karakteristik demografi, riwayat nyeri dada, hingga hasil uji laboratorium elektrokardiogram [3], [4]. Dalam ranah kecerdasan buatan, masifnya parameter rekam medis ini secara inheren menghadirkan tantangan komputasi berupa

fenomena kutukan dimensi tinggi (*curse of dimensionality*) [5], [6]. Di samping itu, distribusi data rekam medis di dunia nyata umumnya berkarakteristik sangat timpang (*highly imbalanced*), di mana jumlah sampel pasien terdiagnosis positif jauh mendominasi pasien sehat [7]. Model pembelajaran mesin konvensional yang dilatih pada ruang vektor berdimensi tinggi dan timpang ini rentan mengalami paradoks akurasi, di mana algoritma secara buta memprediksi kelas mayoritas sehingga menghasilkan akurasi global

yang tinggi namun gagal total dalam mengenali spesifisitas kelas sehat [8].

Keterbatasan performa pada algoritma tunggal dapat diatasi melalui pendekatan *Stacking Ensemble*, sebuah arsitektur meta-pembelajaran yang mengagregasi prediksi dari berbagai model dasar heterogen untuk membentuk batas keputusan yang lebih adaptif [9]. Arsitektur *Stacking* konvensional sayangnya masih memiliki kelemahan struktural apabila dieksekusi murni menggunakan konfigurasi parameter standar (*default hyperparameters*). Komite model ini sangat rentan mengalami *overfitting* tanpa adanya penalaan yang presisi saat dituntut untuk memproses puluhan dimensi fitur klinis yang berkerumitan tinggi [10]. Kondisi tersebut mendesak perlunya mekanisme optimasi ruang pencarian parameter secara global yang jauh melampaui metode coba-coba (*trial-and-error*) manual.

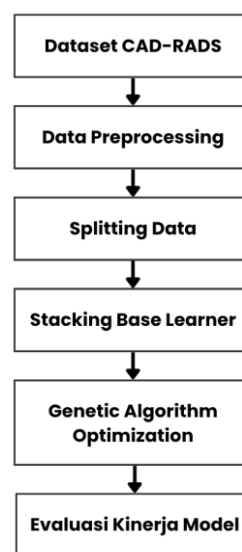
Mayoritas penelitian terdahulu berupaya menghindari kompleksitas dimensi tinggi pada dataset klinis Z-Alizadeh Sani melalui penerapan metode seleksi fitur (*feature selection*) yang sangat agresif. Sebuah studi terbaru mengimplementasikan arsitektur *Voting Ensemble* yang dikombinasikan dengan *Firefly Algorithm* khusus untuk membuang atribut, sehingga hanya menyisakan 8 fitur utama dari total 56 fitur klinis yang ada [11]. Penghapusan lebih dari 80% dimensi rekam medis pada pendekatan reduktif tersebut berisiko memusnahkan korelasi prediktif laten yang bersifat esensial secara kardiovaskular, kendati mampu menurunkan beban waktu komputasi. Arsitektur komite pada literatur yang beroperasi tanpa pemangkasan dimensi umumnya juga mencatatkan limitasi performa pada kisaran akurasi 81% hingga 83,8%, yang sering kali memicu tingginya angka alarm palsu (*false positive*) [12].

Celah metodologis tersebut menjadi landasan pelaksanaan riset ini untuk membangun arsitektur komputasi klinis yang tangguh dalam mencerna seluruh kompleksitas rekam medis tanpa perlu mengorbankan data pasien. Tujuan utama dari penelitian ini adalah merancang dan mengimplementasikan arsitektur *Evolutionary Stacking Ensemble* non-reduktif yang

mengintegrasikan algoritma *Random Forest*, *Support Vector Machine* (SVM), dan XGBoost, di bawah panduan optimasi Algoritma Genetik (GA) [13]. Algoritma Genetik pada arsitektur ini ditugaskan secara eksklusif untuk mengeksplorasi dan menala parameter kontrol pada model dasar guna mereduksi variansi eror akibat dimensi tinggi. Sistem klasifikasi ini dioptimalkan secara spesifik untuk memecahkan dilema *trade-off* metrik medis dengan meningkatkan spesifisitas secara masif guna menekan pemborosan logistik rumah sakit akibat alarm palsu, sembari tetap mengamankan sensitivitas deteksi pada pasien berisiko tinggi.

II. METODOLOGI PENELITIAN

Tahapan pelaksanaan riset ini dirancang melalui serangkaian komputasi terstruktur untuk memastikan validitas arsitektur model klasifikasi. Kerangka kerja sistem direpresentasikan secara utuh pada diagram alir di Gambar 1, yang menguraikan proses berurutan dari pemuatan dataset hingga tahap pengujian performa.



Gambar 1. Diagram alir tahapan utama penelitian klasifikasi penyakit jantung koroner.

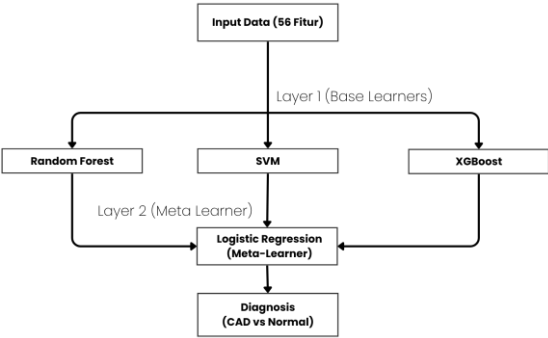
A. Dataset dan Data Preprocessing

Dataset sekunder Z-Alizadeh Sani bertindak sebagai fondasi utama dalam eksperimen ini. Transformasi data mentah menjadi format komputasi dieksekusi secara ketat pada tahap pra-pemrosesan. Fitur kategorikal diproses terlebih dahulu menggunakan teknik pengodean label (*Label Encoding*) untuk mengubah teks kualitatif

menjadi matriks biner. Fitur numerik kemudian distandardisasi menggunakan algoritma *StandardScaler* untuk meredam diskrepansi magnitudo yang ekstrem antar-variabel rekam medis. Himpunan data ini selanjutnya dipartisi menjadi 80% data latih dan 20% data uji melalui skema pembagian berlapis (*Stratified Split*). Pengondisian distribusi ini menjamin proporsi representasi kelas target tetap seimbang di seluruh fase komputasi tanpa memicu risiko kebocoran informasi (*data leakage*).

B. Arsitektur Stacking Ensemble

Pendekatan *Stacking Ensemble* diterapkan untuk memecahkan kelemahan komputasi algoritma tunggal melalui pembangunan arsitektur meta-pembelajaran dua tingkat. Gambar 2 mengilustrasikan topologi komite pemodelan prediktif tersebut secara struktural.



Gambar 2. Arsitektur *Stacking Ensemble* dua tingkat dengan integrasi model dasar heterogen dan *meta-learner*.

Lapisan pertama (*Base Learners*) terdiri dari tiga algoritma yang memiliki karakteristik prediktif berbeda, yaitu *Random Forest*, *Support Vector Machine* (SVM), dan *XGBoost*. Ketiga algoritma tersebut bertugas mengekstraksi pola rekam medis dari himpunan data latih menjadi fitur meta prediktif melalui mekanisme validasi silang internal (*5-Fold Cross Validation*). Lapisan kedua (*Meta Learner*) mengimplementasikan algoritma regresi logistik (*Logistic Regression*) untuk mempelajari bobot kontribusi prediksi dari setiap *base learner*. Proses integrasi ini memungkinkan model untuk merumuskan probabilitas keputusan diagnosis akhir yang jauh lebih solid dibandingkan sekadar menggunakan satu model tunggal.

C. Optimasi Algoritma Genetik (GA)

Penalaan ruang parameter (*hyperparameter*) pada komite *Stacking* diserahkan sepenuhnya kepada mesin komputasi metaheuristik Algoritma Genetik. Populasi awal diinisialisasi secara komputasional dengan 20 individu (kromosom) yang masing-masing membawa kombinasi acak nilai batas kedalaman pohon (*max_depth*), laju pembelajaran (*learning_rate*), jumlah pohon (*n_estimators*), dan margin regularisasi (C). Gambar 3 memetakan siklus evolusi pencarian konfigurasi parameter adaptif yang diterapkan dalam riset ini.



Gambar 3. Siklus optimasi parameter adaptif menggunakan metode metaheuristik Algoritma Genetik.

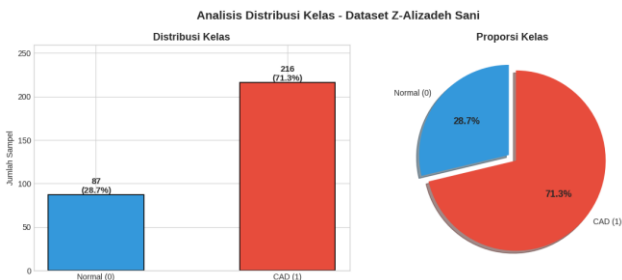
Fungsi evaluasi kelayakan (*fitness function*) dihitung secara presisi menggunakan metrik skor rata-rata akurasi validasi silang pada data latih. Generasi kromosom baru diproduksi secara iteratif melalui operator seleksi turnamen (*Tournament Selection*), persilangan genetik (*Blend Crossover*) dengan probabilitas 0,8, serta mutasi acak (*Gaussian Mutation*) pada rasio 0,1. Siklus mutasi dan seleksi alam ini dieksekusi terus-menerus selama batas maksimal 30 generasi guna mereduksi variansi komputasi dan menemukan kombinasi parameter optimal yang direpresentasikan sebagai Kromosom Alpha.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Bab ini menguraikan seluruh hasil pengujian komputasi ke dalam dua skenario utama setelah karakteristik data medis pasien berhasil dipetakan secara visual. Skenario awal berfokus pada pengujian arsitektur komite dasar (*Baseline Stacking*) tanpa penalaan parameter. Skenario akhir menyoroti hasil optimasi dari Algoritma Genetik pada arsitektur hibrida (*Evolutionary Stacking*). Komparasi dari kedua skenario ini membuktikan secara langsung seberapa besar kontribusi algoritma evolusioner dalam meningkatkan keakuratan diagnosis penyakit jantung.

A. Analisis Karakteristik Rekam Medis (EDA)

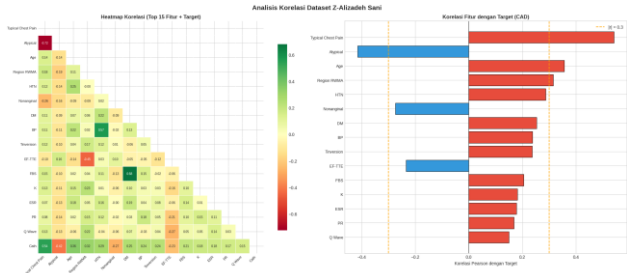
Eksplorasi data awal memegang peran penting untuk melihat kondisi asli rekam medis pasien. Ketimpangan jumlah kelas diagnosis menjadi temuan utama pada tahap ini. Gambar 4 memperlihatkan dominasi pasien penyakit jantung koroner (CAD) yang sangat jauh melampaui jumlah pasien sehat (Normal).



Gambar 4. Visualisasi ketimpangan distribusi kelas diagnosis pada dataset rekam medis.

Kondisi kelas yang tidak seimbang ini akan merusak performa jika sistem hanya menggunakan satu algoritma tunggal. Algoritma biasa akan cenderung menebak kelas mayoritas secara terus-menerus. Arsitektur *Stacking Ensemble* berlapis akhirnya dipilih sebagai solusi utama untuk mengatasi ketimpangan tebakan tersebut.

Analisis tingkat kepentingan fitur (*Feature Importance*) kemudian dilakukan untuk melihat pola antar-variabel. Gambar 5 menampilkan atribut medis yang paling memberikan pengaruh terhadap keputusan diagnosis akhir.



Gambar 5. Peta interaksi multivariat dan tingkat signifikansi atribut klinis.

Penyebaran bobot pada grafik tersebut membuktikan bahwa tidak ada satu pun variabel medis yang berkuasa secara mutlak atas hasil diagnosis. Fakta visual ini menggugurkan kebiasaan penelitian lama yang sering membuang banyak fitur medis hanya untuk mempercepat komputasi. Riset ini memutuskan untuk mempertahankan seluruh 56 dimensi data secara utuh dan menyerahkan beban optimasinya kepada Algoritma Genetik.

B. Kinerja Arsitektur Baseline

Arsitektur *Baseline Stacking* dieksekusi menggunakan konfigurasi parameter bawaan tanpa modifikasi. Pengujian awal ini berfungsi sebagai tolok ukur performa sebelum penerapan algoritma evolusioner. Tabel I merangkum metrik performa secara komprehensif dari hasil komputasi arsitektur dasar tersebut.

Tabel I. Kinerja Klasifikasi Arsitektur *Baseline Stacking*

Metrik Evaluasi	Nilai Kinerja
Akurasi	81,97%
Presisi	81,95%
Recall	81,97%
Skor F1	80,47%
AUC-ROC	0,8695
False Positive	9 Kasus

Hasil komputasi mencatatkan tingkat Akurasi model pada angka 81,97%. Kemampuan model dalam membedakan kelas diagnosis menghasilkan metrik *Area Under the ROC Curve* (AUC-ROC) sebesar 0,8695. Inspeksi mendalam terhadap matriks kebingungan (*confusion matrix*) menyingkap kelemahan fatal arsitektur standar ini.

Model terbukti gagal mengenali pasien sehat secara optimal akibat ketimpangan jumlah data. Skor spesifisitas kelas sehat hanya mampu mencapai batas 50,00% sebagaimana tercantum pada Tabel I. Kondisi ini secara langsung memicu 9

kasus alarm palsu (*false positive*) dalam prediksi medis.

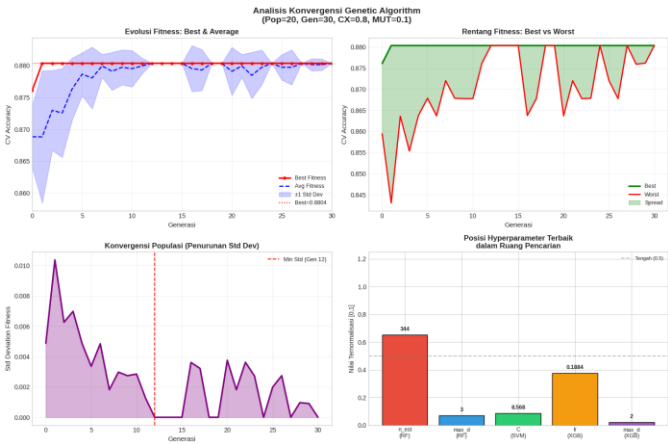
Pemodelan baseline murni tanpa penyesuaian parameter jelas tidak memadai untuk memproses 56 atribut rekam medis yang kompleks. Penerapan Algoritma Genetik terbukti menjadi kebutuhan untuk mengoreksi bias prediksi tersebut.

C. Dinamika Konvergensi Algoritma Genetik

Proses pencarian ruang parameter oleh Algoritma Genetik dieksekusi secara ketat selama batas maksimal 30 generasi. Siklus komputasi ini secara konsisten menekan variansi kesalahan prediksi pada setiap iterasi. Sistem akhirnya berhasil mengisolasi satu kombinasi parameter terbaik yang merepresentasikan performa paling optimal (Kromosom Alpha). Tabel II menjabarkan pergeseran nilai parameter operasional secara terperinci dari kondisi dasar menuju kondisi teroptimasi.

Tabel II. Perbandingan Parameter Dasar dan Kromosom Alpha

Komponen Base Learner	Hyperparameter	Nilai Standar (Baseline)	Kromosom Alpha
Random Forest	n_estimators	100	344
	max_depth	None	3
SVM	C (Regularisasi)	1,0	8,568
XGBoost	learning_rate	0,1	0,1884
	max_depth	6	2



Gambar 6. Analisis konvergensi dan distribusi hyperparameter hasil optimasi Algoritma Genetik.

Konfigurasi Kromosom Alpha memperlihatkan taktik adaptif sistem dalam menghindari *overfitting* data medis. Algoritma Genetik secara agresif memangkas batas kedalaman pohon (*max_depth*) pada *Random Forest* menjadi 3 dan *XGBoost*

menjadi 2. Langkah pemangkasan ini diimbangi dengan peningkatan jumlah pohon (*n_estimators*) secara ekstrem mencapai 344 pohon.

Strategi evolusioner ini memaksa model untuk belajar dari pola global rekam medis, bukan sekadar menghafal *noise* atau derau pada data latih. Parameter regularisasi (*C*) pada *Support Vector Machine* juga mengalami pembesaran nilai menjadi 8,568. Peningkatan margin ini memberikan ketegasan ekstra bagi model SVM dalam memisahkan batas kelas antara pasien sehat dan pasien penyakit jantung koroner.

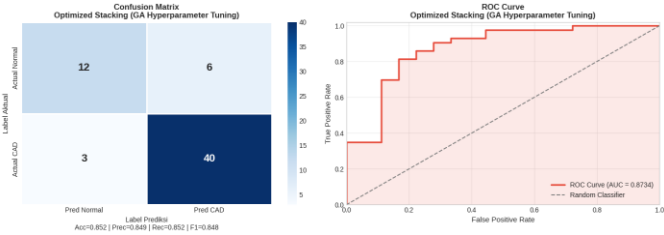
D. Komparasi Kinerja dan Relevansi Medis

Parameter optimal hasil rekayasa genetika disuntikkan kembali ke dalam arsitektur komite untuk membentuk model *Evolutionary Stacking*. Evaluasi independen pada model teroptimasi ini memperlihatkan peningkatan performa klasifikasi secara menyeluruh. Tabel III membandingkan pergeseran nilai metrik evaluasi antara model dasar dan model evolusioner.

Tabel III. Matriks Komparasi Performa Klasifikasi Diagnosis

Metrik Evaluasi	Baseline Stacking	Evolutionary Stacking
Akurasi	81,97%	85,25%
Presisi	81,95%	84,90%
Recall	81,97%	85,25%
Skor F1	80,47%	84,82%
AUC-ROC	0,8695	0,8734
False Positive	9 Kasus	6 Kasus

Visualisasi performa klasifikasi akhir terekam secara komprehensif pada Gambar 7.



Gambar 7. Matriks kebingungan dan kurva ROC pada arsitektur *Evolutionary Stacking*.

Peningkatan performa komputasi terlihat jelas pada metrik Akurasi yang meningkat menjadi 85,25%. Keseimbangan prediksi model mengalami perbaikan signifikan dengan pencapaian Skor F1 sebesar 84,82%. Perubahan paling krusial terlihat pada kemampuan sistem dalam memisahkan pasien

sehat dari kelompok pasien penyakit jantung koroner.

Model hibrida berhasil nilai spesifisitas kelas sehat menjadi 66,67%. Lonjakan spesifisitas ini memangkas jumlah alarm palsu (*false positive*) dari 9 kasus menjadi 6 kasus, sebagaimana terlihat pada matriks kebingungan di Gambar 6. Sistem tetap mempertahankan tingkat sensitivitas tinggi dengan berhasil mendeteksi 40 dari 43 pasien terkonfirmasi CAD secara akurat. Kemampuan separasi kelas secara keseluruhan diperkuat oleh kurva ROC yang mencatatkan nilai stabilitas AUC sebesar 0,8734.

Keberhasilan reduksi kesalahan deteksi membuktikan efektivitas intervensi Algoritma Genetik dalam meningkatkan performa pada data medis yang tidak seimbang. *Arsitektur Evolutionary Stacking* terbukti beroperasi sangat baik sebagai instrumen skrining cerdas. Sistem sukses mengoptimalkan keakuratan diagnosis tanpa perlu membuang atribut klinis dari rekam medis pasien. Penurunan tingkat alarm palsu memberikan signifikansi klinis yang nyata karena meminimalkan risiko kepanikan serta pemborosan biaya pemeriksaan lanjutan bagi pasien sehat.

KESIMPULAN

Penelitian ini membuktikan efektivitas integrasi Algoritma Genetik dalam meningkatkan kinerja arsitektur *Stacking Ensemble* untuk deteksi penyakit jantung koroner. Optimasi parameter secara evolusioner berhasil meningkatkan akurasi klasifikasi dari 81,97% menjadi 85,25%. Model *Evolutionary Stacking* menunjukkan keunggulan dalam memangkas angka alarm palsu dibandingkan metode konvensional. Pemanfaatan sistem ini terbukti mampu beroperasi sebagai instrumen pendukung keputusan klinis yang handal, efisien, dan akurat. Implementasi arsitektur hibrida ini memberikan kontribusi nyata dalam meminimalkan kesalahan diagnosis medis serta meningkatkan efisiensi biaya pemeriksaan bagi pasien.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Program Studi Sains Data, Telkom University Purwokerto, atas dukungan dan fasilitas yang telah diberikan selama proses penyusunan penelitian ini.

Penulis juga menyampaikan apresiasi kepada dosen pembimbing serta seluruh pihak yang telah memberikan arahan, masukan, dan dukungan dalam penyelesaian penelitian berjudul "*Arsitektur Evolutionary Stacking Ensemble Berbasis Algoritma Genetik untuk Klasifikasi Penyakit Jantung Koroner*". Semoga hasil penelitian ini dapat memberikan kontribusi dalam pengembangan sistem pendukung keputusan klinis berbasis kecerdasan buatan.

REFERENSI

- [1] H. G. Lee *et al.*, "Machine learning approaches that use clinical , laboratory , and electrocardiogram data enhance the prediction of obstructive coronary artery disease," *Sci. Rep.*, vol. 13, no. 1, pp. 1–12, 2023, doi: 10.1038/s41598-023-39911-y.
- [2] B. Jaltotage, J. Lu, and G. Dwivedi, "Use of Artificial Intelligence Including Multimodal Systems to Improve the Management of Cardiovascular Disease," *Can. J. Cardiol.*, vol. 40, no. 10, pp. 1804–1812, 2024, doi: 10.1016/j.cjca.2024.07.014.
- [3] S. Zhang, Y. Yuan, Z. Yao, J. Yang, X. Wang, and J. Tian, "Coronary Artery Disease Detection Model Based on Class Balancing Methods and LightGBM Algorithm," *Electronics*, vol. 11, no. 9, p. 1495, 2022, doi: 10.3390/electronics11091495.
- [4] O. Ayotunde and N. Cavus, "A systematic review on the impact of artificial intelligence on electrocardiograms in cardiology," *Int. J. Med. Inform.*, vol. 195, no. December 2024, p. 105753, 2025, doi: 10.1016/j.ijmedinf.2024.105753.
- [5] C. Krantsevich, "Digital medicine and the curse of dimensionality," *npj Digit. Med.*, vol. 4, no. 153, pp. 1–8, 2021, doi: 10.1038/s41746-021-00521-5.
- [6] X. Wang *et al.*, "Unveiling novel bladder cancer associations from multicentred primary and secondary care electronic health records by machine learning : a case-control study," *J. Biomed. Inform.*, vol. 172, no. November, p. 104959, 2025, doi: 10.1016/j.jbi.2025.104959.
- [7] M. Salmi, D. Atif, D. Oliva, A. Abraham, and S. Ventura, *Handling imbalanced medical datasets : review of a decade of research*, vol. 57, no. 10. Springer Netherlands, 2024. doi: 10.1007/s10462-024-10884-2.
- [8] C. J. Hellin, A. A. Olmedo, and A. Tayebi, "Unraveling the Impact of Class Imbalance on Deep-Learning Models for Medical Image Classification," *Appl. Sci.*, vol. 14, no. 8, p. 3419, 2024, doi: doi.org/10.3390/app14083419.
- [9] P. Mahajan, S. Uddin, F. Hajati, M. Ali, and M. Ergun, "A comparative evaluation of machine learning ensemble approaches for disease prediction using multiple datasets," *Health Technol. (Berl.)*, vol. 14, pp. 597–613, 2024, doi: 10.1007/s12553-024-00835-w.
- [10] J. Hamdard, J. Hamdard, J. Hamdard, and J. Hamdard, "OPTIMIZING HEART DISEASE PREDICTION MODELS USING GENETIC ALGORITHMS: A METAHEURISTIC APPROACH," *J. Theor. Appl. Inf. Technol.*, vol. 102, no. 9, pp. 3868–3881, 2024.
- [11] K. Natarajan, V. V. Kumar, T. R. M. Mohamed, and A. Nirmaladevi, "Efficient Heart Disease Classification Through Stacked Ensemble with Optimized Firefly Feature Selection," *Int. J. Comput. Intell. Syst.*, vol. 0, 2024, doi: 10.1007/s44196-024-00538-0.
- [12] T. Classifiers, G. A. Radwan, and M. H. Khafagy, "Coronary Artery Disease Prediction by Combining," *J. Inf. Hiding Multimed. Signal Process.*, vol. 15, no. 4, pp. 221–235, 2024.
- [13] A. Jafarnejad, "Predicting Heart Disease Using Automated Machine Learning Based on Genetic Algorithms," *J. Inf. Technol. Manag.*, vol. 17, no. 2, pp. 91–122, 2025, doi: 10.22059/jitm.2024.382556.3829.