

# Klasifikasi Jamur dapat Dikonsumsi dan Beracun Menggunakan Model *Bayesian Network*

Marselia Ghanyu Wahdini<sup>1</sup>, Nurul Fuady Adhalia H<sup>2</sup>, Armin Lawi<sup>3,4</sup>

<sup>1,3</sup> Program Studi Sistem Informasi, Universitas Hasanuddin, Makassar

<sup>2,4</sup> Program Studi Matematika, Institut Teknologi B.J. Habibie, Parepare

*mwahdini@gmail.com*<sup>1</sup>, *nurulfuady@ith.ac.id*<sup>2</sup>, *armin@ith.ac.id*<sup>3</sup>, *armin@unhas.ac.id*<sup>4</sup>

## Abstrak

Jamur merupakan salah satu jenis tanaman yang banyak tumbuh di Indonesia. Beberapa jenis jamur dapat dikonsumsi sebagai bahan makanan. Ada pula jenis jamur yang beracun (*poisonous*). Famili Agaricus dan Lepiota umumnya bersifat beracun. Namun, famili Agaricus dan Lepiota yang hidup di alam liar ada juga yang dapat dikonsumsi bahkan dapat dijadikan sebagai obat. Membedakan kedua jamur ini ke dalam kelas yang dapat dikonsumsi ataupun beracun masih sangat sukar dilakukan. Salah satu cara dalam membedakannya adalah dengan mengetahui secara tepat spesies dari jamur tersebut. Penelitian ini bertujuan untuk mengklasifikasikan jamur yang dapat dikonsumsi dan beracun menggunakan model *Bayesian Network*. Model dibuat menggunakan algoritma *Chow-Liu* yang terdiri dari 21 variabel independen, 1 variabel class, dan 8.124 data. Sebanyak 80% dari data yang ada dijadikan sebagai data *training* (data validasi) dan sisanya digunakan sebagai data *testing* (data kinerja). Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa data *training* serta data *testing* menghasilkan akurasi sebesar 98,66% dan 97,97% secara berturut-turut. Hal ini mengindikasikan bahwa model *Bayesian Network* dapat mengklasifikasi jamur yang dapat dikonsumsi dan beracun dengan sangat baik.

**Keywords:** jamur, *Bayesian Network*, dapat dikonsumsi, beracun

## I. PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara tropis yang memiliki sumber daya alam yang kaya akan keanekaragaman hayati. Salah satu keanekaragaman hayati tersebut adalah jamur [1]. Diperkirakan terdapat 1,5 juta spesies jamur di dunia, jenis yang teridentifikasi sebanyak 28.700 jenis jamur makroskopis (memiliki tubuh buah), jamur mikroskopis (tidak memiliki tubuh buah) sebanyak 24.000 dan 13.500 jenis lumut kerak (asosiasi simbiotik antara fungi dan alga), sedangkan jenis jamur yang belum teridentifikasi sejumlah 1.433.800 jenis, baik makro maupun mikro [2].

Seiring dengan berkembangnya waktu, telah diketahui bahwa terdapat ribuan jamur dengan berbagai jenis. Tidak semua jenis jamur dapat dikonsumsi (*edible*). Banyak pula jenis jamur yang beracun (*poisonous*). Famili Agaricus dan Lepiota yang secara liar hidup di alam terbuka dengan bentuk yang beraneka ragam, warna yang bermacam-macam, serta sifat yang belum banyak diketahui, pada umumnya bersifat racun. Famili Agaricus dan Lepiota yang beracun dapat menyebabkan sakit pada seseorang yang memakannya sehingga dapat menyebabkan kematian. Famili Agaricus dan Lepiota yang hidup di alam liar ada juga yang dapat dikonsumsi bahkan dijadikan sebagai obat [3].

Jamur famili Agaricus dan Lepiota yang dapat dikonsumsi dan yang beracun dapat dibedakan berdasarkan pada bentuk, sifat, dan keadaannya, sangat sukar dilakukan. Hal ini dikarenakan adanya bentuk hampir sama dari spesies jamur famili Agaricus dan

Lepiota yang dapat di konsumsi dengan spesies jamur lain yang beracun. Penelitian ini bertujuan untuk mengklasifikasikan jamur famili Agaricus dan Lepiota ke dalam kelas dapat dikonsumsi dan beracun [3]. Menggunakan dataset *Mushroom Classification* yang bersifat kategorik hanya dapat diklasifikasikan oleh pengklasifikasi yang mampu memproses variabel kategorik, seperti *naïve Bayes*, *Bayesian Network*, *voting feature interval*, *artificial neural network*, dan *adaptive neural fuzzy inference system*.

Beberapa penelitian telah dilakukan dengan berbagai metode berbeda, yaitu: *naïve Bayes* memiliki akurasi sebesar 99,85%, *voting feature interval* memiliki akurasi sebesar 84,53% [4], *artificial neural network* memiliki akurasi sebesar 70%, *adaptive neural fuzzy inference* memiliki akurasi 80% [5].

Penelitian ini menggunakan metode *Bayesian Network*. Metode *Bayesian Network* dapat menangani variabel input yang saling berelasi dan dapat melakukan perhitungan peluang dari pengenalan jamur famili Agaricus dan Lepiota berdasarkan ciri-cirinya.

## II. KAJIAN LITERATUR

Bagian ini membahas mengenai jamur Famili Agaricus dan Lepiota, *Bayesian Network*, Matriks Konfusi, dan Algoritma *Chow-Liu*.

### A. Jamur Famili Agaricus dan Lepiota

Jamur adalah tubuh-buah yang tampak di permukaan media tumbuh dari sekelompok fungi (Basidiomycota) yang berbentuk seperti payung, terdiri dari bagian yang

tegak (batang) dan bagian yang mendatar atau membulat [6]. Jamur umumnya menempati berbagai tipe habitat yaitu tanah, kayu, serasah, kotoran hewan dan sebagainya. Tipe ekosistem yang dapat ditumbuhi jamur ialah hutan, karena hutan memiliki tingkat kelembapan yang tinggi sehingga jamur mudah beradaptasi.

Agaricaceae merupakan famili dari jamur yang umumnya dibudidayakan (*Agaricus bisporus*) dan biasanya banyak ditemukan pada daerah kota dan pinggiran kota. Walaupun demikian Agaricaceae banyak tumbuh di hutan, batang kayu, daerah yang ditutupi rumput (*Grass area*), halaman rumput dan disepanjang pinggir jalan. Sebagian dari Agaricaceae merupakan jamur yang baik untuk dikonsumsi dan banyak dibudidayakan ialah *Agaricus bisporus*, dengan ciri-ciri yang berbentuk hampir bulat seperti kancing, berwarna putih bersih, krem, atau coklat muda, sebagian lain adalah jamur yang beracun dan sebagian kecil jamur yang mematikan. Delapan genus ditemukan di North America: *Agaricus* ( $\pm 200$  spesies), *Chlorophyllum* (1 spesies), *Cystoderma* (20 spesies), *Dissoderma* (1 spesies), *Melanophyllum* (1 spesies), *Lepiota* ( $\pm 100$  spesies), *Phaeolepiota* (1 spesies), dan *Aquamanita* (2 spesies). Ciri-ciri Agaricaceae, yaitu: memiliki sisik pada butiran-butiran kecil di daerah tudung dan insang yang terpisah dari batang. Agaricaceae semuanya memiliki tudung membrane dan kebanyakan diantaranya memiliki cincin yang melekat pada batang [3].

Beberapa jenis famili *Agaricus* dan *Lepiota* termasuk dalam makro fungi karena memiliki bentuk besar, dapat dilihat dengan mata telanjang dan dapat dipegang dengan tangan [6]. Salah satu jamur beracun dari jenis *Lepiota cristata*, 10 memiliki ciri-ciri mempunyai tubuh buah berbentuk payung, bertekstur mudah hancur, lamella berbentuk insang dengan warna putih, warna tubuh buah orange kemerahan dengan bagian tengah berwarna lebih gelap, tidak memiliki cincin dan cawan [7].

**B. Bayesian Network**

*Bayesian Network* merupakan salah satu *Probabilistic Graphical Model* (PGM) sederhana yang dibangun dari teori peluang dan teori graf. Teori probabilistik berhubungan langsung dengan data, sedangkan teori graf berhubungan langsung dengan representasi yang ingin diperoleh [8].

Metode *Bayesian Network* merupakan metode yang baik di dalam *machine learning* berdasarkan data *training* dengan menggunakan peluang bersyarat sebagai dasarnya. *Bayesian Network* terdiri dari dua bagian utama, yaitu: (a) struktur graf *Bayesian Network* yang disebut dengan *Directed Acyclic Graph* (DAG) dan (b) node berkorespondensi dengan variabel acak. Setiap node diasosiasikan dengan himpunan peluang bersyarat  $P(X_i|X_j(i))$  sehingga  $X_i$  adalah variabel yang diasosiasikan dengan node dan  $X_j(i)$  adalah *parent* dalam graf. Misalkan himpunan dari node dinyatakan dengan  $(X_1, X_2, \dots, X_N)$ , jika terdapat edge dari node  $X_j$  ke node  $X_k$  dikatakan bahwa  $X_j$  adalah *parent* dari  $X_k$ , dan  $X_k$  adalah *child* dari  $X_j$ .

**C. Algoritma Chow-Liu**

Misalkan  $P(X)$  adalah peluang gabungan dari  $n$  variabel diskrit  $x_1, x_2, \dots, x_n$ , dan  $X$  melambangkan  $n$  vector  $x_1, x_2, \dots, x_n$ . Hasil kali  $P(X)$  didefinisikan sebagai hasil kali dari beberapa distribusi komponen dengan orde yang lebih rendah sedemikian rupa sehingga hasil kali tersebut merupakan perluasan peluang dari hasil kali distribusi yang lebih rendah. Perluasan  $P(X)$  dituliskan sebagai:

$$P_i(X) = \prod_{i=1}^n P(X_i|X_j(i)), \quad 0 \leq j(i) < i \quad (1)$$

Pasangan yang terdiri dari  $X = \{x_i|i = 1, 2, \dots, n\}$  dan pemetaan  $j(i)$  dengan  $0 \leq j(i) < i$  disebut *dependence tree* [9]. Misalkan  $P(X)$  dan  $Pa(X)$  adalah dua distribusi peluang dari  $n$  variabel diskrit  $X = x_1, x_2, \dots, x_n$  maka diketahui:

$$I(P, Pa) = \sum_x P(X) \log \frac{P(X)}{Pa(X)}, \quad I(P, Pa) \geq 0 \quad (2)$$

Persamaan (2) akan dijadikan kriteria untuk mengaproksimasi distribusi ordo  $n$  pada *dependence tree*. Mutual informasi  $I(X_i, X_j)$  antara dua variabel  $X_i$  dan  $X_j$  terdapat pada Persamaan (3) berikut:

$$I(X_i, X_j) = \sum_{x_i, x_j} P(X_i, X_j) \log \left( \frac{P(X_i, X_j)}{P(X_i)P(X_j)} \right) \quad (3)$$

**D. Matriks Konfusi**

Model yang diperoleh dari pelatihan melalui data *training* perlu diuji melalui data *testing*. Kinerja diukur berdasarkan seberapa baik model tersebut memprediksi dengan benar data yang ada. Kelas positif yang berhasil diprediksi dengan benar disebut *true positive*. Jika kelas positif tersebut diprediksi negatif (salah) disebut *false negative*. Kelas negatif yang berhasil diprediksi negatif (benar) disebut *true negative* dan kelas negatif yang diprediksi positif disebut *false positive*. Jumlah dari kasus-kasus tersebut direpresentasikan dalam suatu tabel kontingensi yang disebut *confusion matrix* atau konfusi matriks [10]. Hal ini dapat dilihat pada tabel 1.

Tabel 1. Matriks Konfusi

		<b>Positif</b>	<b>Negatif</b>
<b>Hasil Prediksi</b>	Positif	<i>True Positive</i>	<i>False Negative</i>
	Negatif	<i>False Positive</i>	<i>True Negative</i>

Akurasi, presisi, sensitivitas, dan *F1-Score* dapat dihitung berdasarkan Tabel 1 di atas yang bergantung pada besarnya nilai *True Positive* (TP), *False Negative* (FN), *False Positive* (FP), *True Negative* (TN). Akurasi adalah ukuran kinerja yang menunjukkan seberapa baik suatu

pengklasifikasi dalam mengklasifikasikan seluruh data dinyatakan dengan Persamaan (4):

$$\text{Akurasi} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \times 100\% \quad (4)$$

Presisi adalah ukuran kinerja yang menunjukkan seberapa besar kebenaran suatu pengklasifikasi dari seluruh kelas positif yang diprediksi sesuai Persamaan (5) berikut:

$$\text{Presisi} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (5)$$

Sensitivitas atau *recall* adalah ukuran kinerja yang menunjukkan seberapa baik suatu pengklasifikasi dalam mengklasifikasikan kelas positif. *F1-Score* adalah *harmonic mean* antara presisi dan *recall*. Sensitivitas atau *recall* dan *F1-Score* secara berturut-turut dapat dilihat pada Persamaan (6) dan (7).

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (6)$$

$$\text{F1-Score} = \frac{\text{Presisi} \times \text{Recall}}{\text{Presisi} + \text{Recall}} \quad (7)$$

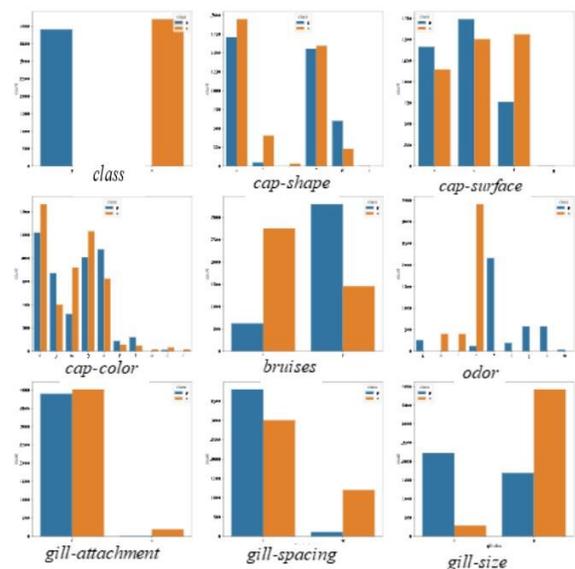
### III. METODE PENELITIAN

Penelitian ini terdiri dari beberapa tahap, yakni tahap eksplorasi data, *preprocessing* data, pembagian data, *training* data, pemodelan data dengan algoritma Chow-Liu untuk selanjutnya dievaluasi. Model yang telah dibentuk selanjutnya dihitung akurasi menggunakan *confusion matrix*.

Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan dataset jamur yang dapat diakses melalui laman: <https://www.kaggle.com/uciml/mushroom-classification>. Dataset ini memiliki 1 *class*, 22 variabel, dengan jumlah data sebanyak 8.124.

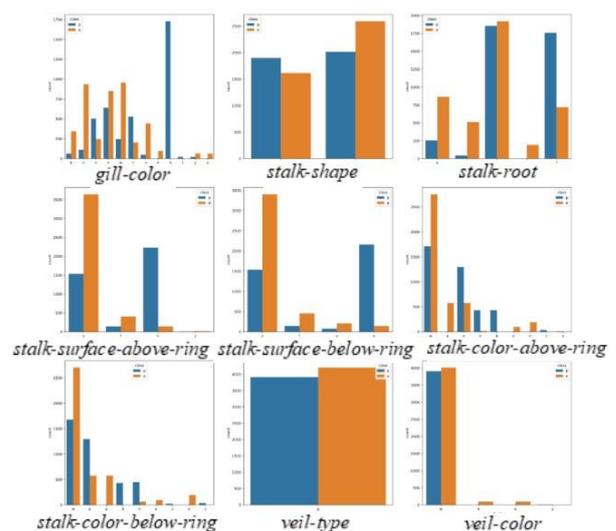
### IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

Tahap eksplorasi data dilakukan pembacaan data untuk memahami karakteristiknya sehingga diperoleh informasi bahwa data yang dimiliki terdiri dari 1 variabel kelas, 22 variabel independen, dan 8.124 data yang berisikan ciri-ciri jamur yang dapat dikonsumsi dan beracun. Tahap selanjutnya adalah *preprocessing* dan pembagian data. Tahap ini dilakukan pengecekan distribusi data untuk selanjutnya dibagi menjadi dua, yaitu: 80% data *training* dan 20% data *testing*. Data *training* inilah yang digunakan untuk pembuatan model *Bayesian Network* dengan cara dibuatkan graf. Graf ini terdiri dari node-node yang merupakan variabel acak berdasarkan nilai mutual informasi. Model yang terbentuk selanjutnya diuji dan dilakukan perhitungan menggunakan *Confusion Matrix* untuk mendapatkan tingkat akurasi, presisi, sensitivitas, dan spesifikasi model dalam klasifikasi jamur yang dapat dikonsumsi dan beracun. Gambar 1, 2, dan 3 berikut disajikan distribusi semua data yang ada.



Gambar 1. Distribusi Data 9 Variabel Pertama

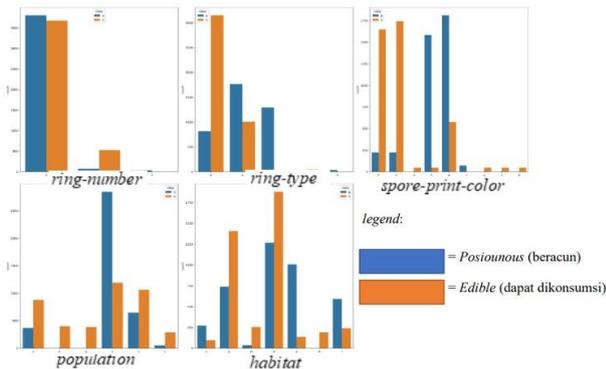
Gambar 1 memperlihatkan distribusi data dari 9 variabel pertama. Terlihat bahwa grafik dari setiap variabel yang memperlihatkan jumlah keseluruhan data dari 9 variabel pertama, yaitu: *independent pertama* diantaranya *class*, *cap-shape*, *cap-surface*, *cap-color*, *bruises*, *odor*, *gill-attachment*, *gill-spacing*, *gill-size*.



Gambar 2. Distribusi Data Variabel 10-18

Adapun Gambar 2 di atas menunjukkan grafik dari setiap variabel yang memperlihatkan jumlah keseluruhan data dari variabel independen 10 hingga variabel independen 18 diantaranya *gill-color*, *stalk-shape*, *stalk-root*, *stalk-surface-above-ring*, *stalk-surface-below-ring*, *stalk-color-above-ring*, *stalk-color-below-ring*, *veil-type*, *veil-color*. Gambar 3 berikut mendeskripsikan grafik dari setiap variabel yang memperlihatkan jumlah keseluruhan data dari variabel independen 19 hingga variabel

independen 23, diantaranya *ring-number*, *ring-type*, *spore-print-color*, *population*, *habitat*.



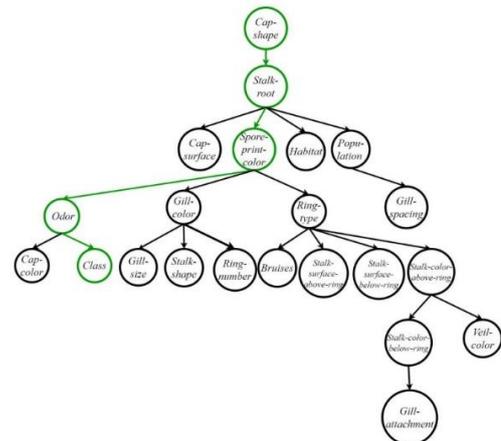
Gambar 3. Distribusi Data Variabel Pertama 19-23

Struktur *Bayesian Network* disebut *Directed Acyclic Graph* dibuat menggunakan algoritma Chow-Liu berdasarkan nilai mutual informasi yang diperoleh dari Persamaan (3). Setelah menghitung nilai mutual informasi dari setiap pasangan variabel acak, seluruh nilai mutual informasi tersebut diurutkan dari nilai yang tertinggi ke nilai yang terendah. Graf kemudian dibuat dengan menambahkan *edge* yang menghubungkan pasangan variabel acak dari nilai mutual informasi. Jika penambahan *edge* antara 2 variabel acak menimbulkan siklus pada graf, maka *edge* tersebut tidak dimasukkan ke dalam graf. Graf yang diperoleh dari algoritma ini belum memiliki arah. Perhitungan mutual informasi dari pasangan variabel acak *gill-spacing* dan *gill-size*. Hasil mutual informasi dari pasangan variabel acak *gill-spacing* dan *gill-size* ialah 0,006.

Penentuan arah dari setiap *edge* pada graf yang diperoleh dari algoritma Chow-Liu, diperlukan pengujian setiap graf berarah yang bisa terjadi dari graf tersebut (graf berarah ini disebut DAG atau *Directed Acyclic Graph*). Setiap sisi berarah dari DAG ini merupakan CPT yang digunakan untuk menghitung nilai *log probability* dan membuat prediksi pada tahap evaluasi. Seluruh DAG tersebut diuji dengan menjumlahkan nilai *log probability* dari setiap sampel pada data *training* dengan menggunakan log dari Persamaan (1). DAG yang memiliki hasil jumlah nilai *log probability* terbesar yang akan digunakan sebagai model akhir Bayesian Network. Model akhir dari Bayesian Network pada penelitian ini tertera pada Gambar 4.

Tahap selanjutnya adalah menentukan variabel-variabel yang mempengaruhi variabel *class*, yaitu variabel-variabel yang mengarah pada variabel *class* (*nodes* dan *edges* berwarna hijau), seperti yang terlihat pada Gambar 4. (noda dan edge yang berwarna hijau) yaitu variabel *odor*, variabel *spore-print-color*, variabel *stalk-root*, dan variabel *cap-shape*. Variabel *class* secara langsung berpengaruh terhadap variabel *odor*. Variabel

*spore-print-color*, *stalk-root*, dan *cap-shape* mempengaruhi variabel *class* secara tidak langsung dan selebihnya tidak mempengaruhi variabel *class*.



Gambar 4. Model Bayesian Network pada Dataset Asli

Model *Bayesian Network* digunakan untuk melakukan prediksi apakah sampel tersebut tergolong beracun (*poisonous*) atau dapat dikonsumsi (*edible*). Model ini melakukan prediksi dengan menggunakan tabel peluang bersyarat (CPT). Berdasarkan hasil perhitungan, diperoleh bahwa nilai peluang jamur dapat dikonsumsi (*edible*) lebih besar dibandingkan nilai peluang jamur tersebut tergolong beracun (*poisonous*). Ini mengartikan bahwa data tersebut masuk ke dalam *class edible*.

Tabel 2. Matriks Konfusi (Validasi)

		Kelas Asli	
		Edible	Poisonous
Hasil Prediksi	Edible	3357	0
	Poisonous	87	3055

Tabel 2 di atas menunjukkan bahwa total data aktual *edible* sebanyak 3444 data. Sebanyak 3357 data dari total data *actual edible*, diprediksi secara benar (*true positive*), dan 87 data *edible* diprediksi *poisonous* (*false negative*). Data aktual *poisonous* sebanyak 3055 data seluruhnya diprediksi secara benar (*true negative*), dan 0 (*false positive*). Tabel 2 di atas juga menunjukkan bahwa kita dapat mengetahui presisi, akurasi, sensitivitas (*Recall*), dan *F1-Score* mengenai model yang telah dibuat sesuai yang tersaji pada Tabel 3 berikut.

Tabel 3. Validasi Model

Jenis Jamur	Presisi	Recall	F1-Score	Jumlah Data yang Digunakan
Dapat dikonsumsi	97,47%	100%	98,72%	3357
Beracun	100%	97,23%	98,60%	3142
Akurasi		98,66%		6499

Tabel 3 menggambarkan klasifikasi jamur yang dapat dikonsumsi yang memiliki presisi sebesar 97,47%; *Recall* sebesar 100%; dan *F1-Score* sebesar 98,72%. Jumlah data yang digunakan ialah 3357 data. Jamur yang beracun memiliki presisi sebesar 100%; *Recall* sebesar 97,23%; *F1-Score* sebesar 98,60% dengan jumlah data yang digunakan ialah 3.142 data. Akurasi yang dihasilkan sebesar 98,66% dengan total data sebanyak 6499 data.

Tabel 4. Matriks Konfusi (Kinerja)

		Kelas Asli	
		<i>Edible</i>	<i>Poisonous</i>
Hasil Prediksi	<i>Edible</i>	851	0
	<i>Poisonous</i>	33	741

Total data aktual *edible* sebanyak 884 data, 851 data diprediksi secara benar (*true positive*), dan 33 data *edible* diprediksi *poisonous* (*false negative*). Data aktual *poisonous* sebanyak 741 data seluruhnya diprediksi secara benar (*true negative*), dan 0 (*false positive*). Hal ini disajikan pada Tabel 4 di atas.

Tabel 5. Kinerja Model

Jenis Jamur	Presisi	<i>Recall</i>	<i>F1-Score</i>	Jumlah Data yang Digunakan
Dapat dikonsumsi	96,27%	100%	98,10%	851
Beracun	100%	95,74%	97,82%	774
Akurasi		97,97%		1625

Jamur yang dapat dikonsumsi memiliki presisi sebesar 96,27%; *recall* sebesar 100%; dan *F1-Score* sebesar 98,10%. Jumlah data yang digunakan sebanyak 851 data. Jamur beracun memiliki presisi sebesar 100%; *Recall* sebesar 95,74%, *F1-Score* sebesar 97,82% dengan jumlah data yang digunakan sebanyak 774 data dan menghasilkan akurasi sebesar 97,97%. Total data yang digunakan sebanyak 1625 data. Hal ini dapat dilihat pada Tabel 5. Berdasarkan hal tersebut, dapat dikatakan bahwa model *Bayesian Network* untuk mengklasifikasi jamur dikatakan sangat baik.

## V. KESIMPULAN

Kesimpulan yang dapat ditarik berdasarkan penelitian yang telah dilakukan adalah variabel yang mempengaruhi apakah jamur dapat dikonsumsi atau beracun, yaitu: *odor*, *spore-print-color*, *stalk-root*, dan *cap-shape*. Data *training* dan data *testing* masing-masing menghasilkan akurasi sebesar 98,66% dan 97,97% secara berturut-turut. Hal ini menunjukkan bahwa model *Bayesian Network* dapat digunakan untuk mengklasifikasikan jamur yang dapat dikonsumsi dan beracun dengan sangat baik.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih ditujukan kepada Institut Teknologi B. J. Habibie dan Universitas Hasanuddin atas dukungannya dalam pelaksanaan kegiatan penelitian.

## REFERENSI

- [1] Annisa, I., & Ekamawanti, H. A. (2017). Keanekaragaman Jenis Jamur Makroskopis di Arboretum Sylva Universitas Tanjungpura. *Jurnal Hutan Lestari*, 5(4).
- [2] Laessøe, T., & Lincoff, G. (2002). *Mushrooms*. Univ of California Press.
- [3] Putra, B. M. (2008). Klasifikasi Jamur ke dalam Kelas Dapat Dikonsumsi atau Beracun Menggunakan Algoritma VFI5 (Studi kasus: famili *Agaricus* dan *Lepiota*).
- [4] Wibowo, A., Rahayu, Y., Riyanto, A., & Hidayatulloh, T. (2018, March). Classification algorithm for edible mushroom identification. In 2018 International Conference on Information and Communications Technology (ICOIACT) (pp. 250-253). IEEE.
- [5] Verma, S. K., & Dutta, M. (2018). Mushroom classification using ANN and ANFIS algorithm. *IOSR Journal of Engineering (IOSRJEN)*, 8(01), 94-100.
- [6] Ulloa, M., & Hanlin, R. T. (2000). *Illustrated dictionary of mycology*. APS press.
- [7] Mahendra, I. (2017). Inventarisasi jamur kelas basidiomycetes di Hutan Mandahan desa Tumbang Manjul Kecamatan Seruyan Hulu Kabupaten Seruyan (Doctoral dissertation, IAIN Palangka Raya).
- [8] Heckerman, D. (1986). Probabilistic interpretations for MYCIN's certainty factors. In *Machine intelligence and pattern recognition* (Vol. 4, pp. 167-196). North-Holland.
- [9] Lewis II, P. M. (1959). Approximating probability distributions to reduce storage requirements. *Information and control*, 2(3), 214-225.
- [10] Swets, J. A. (1988). Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science*, 240 (4857), 1285-1293.