

PREDIKSI DIABETES BERDASARKAN PENGUKURAN MAGE (*MEAN AMPLITUDE GLYCEMIC*) DENGAN MENGUNAKAN NAÏVE BAYES

Lailis Syafa'ah¹, Diding Suhardi²

^{1,2}Program Studi Profesi Insinyur, Universitas Muhammadiyah Malang, Jl. Raya Tlogomas 246
Malang

Kontak Person:

Lailis Syafa'ah

Jalan Raya Tlogomas No. 246, Tlogomas, Lowokwaru, Kota Malang, Jawa Timur 65144

E-mail: ipungm98@webmail.umm.ac.id

Abstrak

Penyakit diabetes dipengaruhi oleh faktor kestabilan gula darah tingkat tinggi akibat variabilitas glikemik yang tinggi. Hal ini berhubungan dengan pengembangan komplikasi penyakit diabetes dan resiko kematian akan lebih tinggi pada pasien kritis yang tidak didiagnosa diabetes. Penelitian ini menekankan pada *deep learning* evaluasi data glukosa darah untuk memprediksi diagnosa tingkat risiko pasien diabetes dengan menghitung nilai MAGE. Data glukosa darah diambil 21 kali dalam rentang waktu 3 hari. Hasil pengamatan didapatkan tiga golongan tingkat risiko diabetes yaitu 5 pasien normal, 19 pasien prediabetes, dan 18 pasien diabetes. Untuk keperluan klasifikasi, penelitian ini menggunakan *Cross-Validation* dengan jumlah fold 10. Terbukti dari percobaan yang dilakukan, akurasi prediksi menggunakan algoritma model Naïve Bayes dengan distribusi Gaussian sebagai probabilitas menghasilkan nilai akurasi yaitu sebesar 93,00 %.

Kata kunci: MAGE, Diabetes, Naive bayes.

1. Pendahuluan

Tercatat pada suatu penelitian klinis, variabilitas *glikemik* yang tinggi dapat menyebabkan kerusakan lebih serius pada tubuh yang dipengaruhi oleh faktor kestabilan gula darah tingkat tinggi yang berhubungan dengan pengembangan komplikasi penyakit diabetes dan resiko kematian akan lebih tinggi pada pasien kritis yang tidak didiagnosa diabetes [1]. Dalam hal tersebut, cara mempertimbangkan secara kuantitatif variabilitas *glikemik* dalam monitoring gula darah pada diabetes sangat penting untuk diagnosis lalu dilanjutkan dengan perawatan klinis [2].

The mean amplitude of glycemic excursions (MAGE) adalah indikator penting dalam penilaian variabilitas atau indeks *glikemik*, yang digunakan sebagai referensi untuk mengontrol glukosa dalam darah [3]. Untuk pengontrolan glukosa dalam darah, MAGE biasa digunakan pada *sistem Continuous Glucose Monitoring* (CGM) yang membaca kadar gula darah setiap rentang waktu 5 menit [4]. Pada penelitian lain, algoritma eliminasi digunakan untuk menghilangkan kejenuhan dan kesalahan dalam mengidentifikasi dan mengukur *excursion* yang dapat dihitung secara manual dalam data CGM untuk memperkirakan MAGE [5]. Pengukuran MAGE memerlukan identifikasi *turning points* dari fluktuasi gula darah pada data CGM. Selanjutnya, pengukuran melalui pendekatan dengan menentukan *local maximum* (max) dan *local minimum* (min) untuk dibandingkan dengan standar deviasi perhitungan. Nilai yang digunakan untuk pengukuran MAGE hanya jika gula darah *excursion* melebihi standar deviasi 1 [6].

Namun, pada penelitian di bidang kesehatan, MAGE dapat menggunakan data kadar gula darah dengan pembacaan 7 (tujuh) kali sehari dengan waktu total sebanyak 3 (tiga) hari. Hal tersebut telah dibuktikan oleh penelitian sebelumnya yang mengukur MAGE menggunakan data non – continuous atau diskrit dengan pendekatan metode interpolasi untuk mendapatkan hasil pengukuran yang sama dengan CGM Model [5]. Metode di atas disebut juga dengan diskritisasi variabel. Metode ini dilakukan sebagai suatu cara penyesuaian terhadap kemungkinan kemunculan nilai kontinu dalam fitur dataset yang tersedia sangat kecil sehingga akan mempengaruhi proses training, testing, dan klasifikasi.

Deep learning pada medis di era *big data* adalah bahwa hubungan hierarki yang signifikan dalam data dapat ditemukan secara algoritma tanpa membuat fitur yang melelahkan [7]. Suatu penelitian tentang *deep learning* yang menyimpulkan bahwa tahap diskritisasi menyebabkan probabilitas dari algoritma *Naïve Bayes* yang digunakan dapat lebih diandalkan untuk menentukan kelas dari suatu data

[8]. Klasifikasi data merupakan tahap selanjutnya untuk pengolahan data agar data lebih mudah dipahami untuk dianalisa dan pengambil keputusan. Penelitian [9] Daniela, Christopher, and Roger membuktikan klasifikasi *Naïve Bayes* lebih bagus dibanding dengan *neural network* dan *decision tree* dengan mencapai akurasi 97,89 % [9]. Penelitian yang serupa juga pernah dilakukan dengan data yang akan digunakan pada penelitian ini, dengan nilai RMSE 57.66 [10] dan hasil akurasi 92.85% [11].

Pembelajaran data dalam deep learning perlu dibahas lebih mendalam mengingat untuk mendapatkan validasi hasil yang lebih, pengolahan *data training* dan *testing* serta metode klasifikasi sangatlah berpengaruh. Penelitian ini menggunakan *Cross Validation* sebagai pengolahan data training dan testing dengan jumlah *K-Fold* yaitu 10 dan *Naïve Bayes* sebagai metode klasifikasi. Data gula darah diambil dalam 7 kali sehari dengan waktu rentang sebanyak 3 hari. Pengambilan data gula darah menggunakan glukometer yang dilakukan dalam kondisi terjadinya fluktuasi darah yaitu, sebelum dan setelah sarapan, sebelum dan setelah makan siang, sebelum dan setelah makan malam, sebelum tidur malam [12].

2. Metode Penelitian

Diabetes merupakan suatu kondisi yang sangat ditentukan oleh tingkat hyperglycemic level yang menyebabkan adanya risiko kerusakan *mikrovaskuler* (*nefropati*, *neuropati*, dan *retinopati*). Hal ini berkaitan dengan berkurangnya usia harapan hidup seseorang, significant morbidity yang disebabkan komplikasi *mikrovaskular*, peningkatan risiko komplikasi *makrovaskular* (penyakit jantung iskemik, stroke dan penyakit pembuluh darah *perifer*), dan penurunan kualitas hidup [13]. Uji klinis yang luas telah mengkonfirmasi hubungan antara *hiperglikemia* dan pengembangan komplikasi diabetes jangka panjang [14].

Sejak 1965, *World Health Organization* secara berkala telah memperbarui dan menerbitkan panduan tentang cara mengklasifikasikan *diabetes mellitus* yang merupakan dari banyak gangguan ditandai dengan hiperglikemia. Diagnosis *diabetes* memiliki implikasi penting bagi individu, tidak hanya untuk kesehatan mereka, tetapi juga karena stigma potensial *diabetes* yang dapat mempengaruhi pekerjaan, asuransi kesehatan dan jiwa, status mengemudi, peluang sosial, dan membawa budaya lain, konsekuensi etis dan hak asasi manusia [15].

2.1 Variabilitas Glikemik

Variabilitas glikemik merupakan acuan pada perubahan kadar gula darah yang memiliki makna lebih luas karena menyinggung osilasi gula darah yang terjadi sepanjang hari, termasuk periode *hiperglikemia* dan peningkatan *postprandial*, serta fluktuasi gula darah yang terjadi bersamaan pada hari yang berbeda. *Variabilitas Glikemik* meningkat pada orang penyandang *diabetes* dan gangguan regulasi *glukosa* darah [16].

Beberapa dari indeks ini sekarang dapat diperoleh dengan mengunduh data *self-monitoring blood glucose* (SMBG) atau pemantauan mandiri, sehingga data tidak hanya tersedia untuk *diabetologist* tetapi juga untuk pasien [16].

CGM dapat memberikan informasi tentang fluktuasi *glukosa* harian dan dapat menunjukkan bagaimana angka-angka itu dipengaruhi oleh aktivitas sehari-hari dan tingkat stres. Untuk alasan ini, studi klinis tentang penggunaan CGM dapat dilakukan untuk memberikan data untuk pasien. Namun, efektivitas jangka panjang CGM perlu dipertimbangkan dengan umur sensor yang memiliki batasan [16].

Dataset pembaruan *glukosa* pada CGM menggunakan interval 5 menit atau lebih dari 5 menit selama periode 72 jam digunakan [6]. Pemeliharaan kontrol *glikemik* secara berkala sangat penting dalam semua aturan klinis yang disorot oleh bukti baru-baru ini bahwa pada individu dengan toleransi *glukosa* normal, *glikemia* dipertahankan dalam kisaran sempit antara 68,4 dan 138,6 mg / dL [17]

2.2 MAGE (Mean Amplitude Glycemic Excursion)

MAGE adalah rata-rata aritmatika dari fluktuasi *glikemik* yang melebihi ambang batas (standar deviasi gula darah) yang diperoleh dari semua konsentrasi gula darah dalam periode 24 jam [18]. Standar

deviasi merupakan ukuran yang cukup kuat karena hubungan linier telah ditetapkan antara rentang interkuartil dan standar deviasi.

Berikut tahapan pengukuran MAGE: (1) penentuan nilai lokal maksimum (max) dan minimum (min), (2) mengevaluasi pasangan max - min dengan memiliki kriteria 1 standar deviasi; (3) menentukan min-max melebihi 1 standar deviasi, untuk mengetahui apakah nilai selanjutnya yang masuk akan digunakan atau diabaikan, dan (4) inisiasi siklus evaluasi baru. Perhatikan bahwa nilai-nilai yang digunakan untuk perhitungan MAGE hanya jika kedua sisi yaitu, segmen dari excursion gula darah melebihi 1 standar deviasi. Perhitungan dilakukan seperti yang dijelaskan di bawah ini:

$$MAGE \left(\frac{mg}{dL} \right) = \frac{\Sigma AGE}{n} \quad (1)$$

Keterangan:

ΣAGE : Amplitudo dari *excursion* gula darah

n : Jumlah *excursion* gula darah > 1 SD)

2.3 Metode Interpolasi

Konsep *interpolasi spline* berasal dari teknik peregangan dengan menggunakan strip tipis dan fleksibel (disebut *spline*) untuk menggambar kurva halus melalui sekumpulan titik. Oleh karena itu, sebutan "*kubik spline*" telah menjadi adopsi untuk polinomial jenis ini. Pada bagian ini, pengertian fungsi linier sederhana pertama-tama akan digunakan untuk mempelajari konsep-konsep dasar dan masalah yang terkait dengan *interpolasi spline*. Lalu memperoleh algoritma untuk menyesuaikan splines kuadrat ke data. Terakhir, metode ini menyajikan materi tentang *spline* kubik, yang merupakan versi paling general dan berguna dalam praktik teknik [19].

Hubungan paling sederhana antara dua titik adalah linear. *Splines* orde pertama untuk sekelompok titik data terurut dapat didefinisikan sebagai satu set fungsi linier,

$$\begin{aligned} f(x) &= f(x_0) + m_0(x - x_0) & x_0 \leq x \leq x_1 \\ f(x) &= f(x_1) + m_1(x - x_1) & x_1 \leq x \leq x_2 \\ f(x) &= f(x_{n-1}) + m_{n-1}(x - x_{n-1}) & x_{n-1} \leq x \leq x_n \end{aligned}$$

dimana m_1 merupakan kemiringan dari garis lurus yang menghubungkan titik-titik yang disebut:

$$m_1 = \frac{f(x_{i+1}) - f(x_i)}{x_{i+1} - x_i} \quad (2)$$

Persamaan ini digunakan untuk mengevaluasi fungsi pada titik mana pun antara x_0 dan x_n dengan terlebih dahulu mencari interval di mana titik tersebut berada. Kemudian dengan persamaan yang sesuai digunakan untuk menentukan nilai pada fungsi-fungsi interval. Metode ini sangat jelas identik dengan interpolasi linier.

2.4 Naïve Bayes

Metode *Naïve Bayes* merupakan metode klasifikasi statistik yang digunakan untuk mendapatkan probabilitas anggota pada suatu kelas. Algoritma *Naïve Bayes* didasarkan pada teorema Bayes yang memiliki kemampuan untuk melakukan klasifikasi yang mirip dengan *decision tree* dan *neural network* guna memahami peristiwa sebelumnya untuk memprediksi peristiwa masa depan. *Naïve Bayes* terbukti memiliki akurasi dan kecepatan tinggi ketika diterapkan ke dalam database [20].

$$P(H|X) = \frac{P(X|H)P(H)}{P(X)} \quad (3)$$

Keterangan:

X : Data dengan kelas yang belum diketahui

H : Hipotesis data merupakan suatu kelas yang spesifik

$P(H|X)$: Probabilitas hipotesis berdasarkan kondisi atau *posteriori probability*

$P(H)$: Probabilitas hipotesis atau *prior probability*

$P(X|H)$: Probabilitas berdasarkan kondisi pada hipotesis kelas yang spesifik atau H

$P(X)$: Probability X

$$P(C|F1...Fn) = \frac{P(C) P(F1...Fn|C)}{P(F1...Fn)} \quad (4)$$

Variabel C mewakili kelas, sedangkan variabel $F1 \dots Fn$ mewakili instruksi karakter yang diperlukan untuk melakukan proses klasifikasi. Kemudian rumus diatas menjelaskan bahwa peluang memasukkan sampel dengan karakteristik tertentu di kelas C sebagai *posterior* adalah peluang munculnya kelas C yang sebelum masuknya sampel, disebut *prior*, dikalikan dengan nilai peluang munculnya karakteristik lainnya. Dari sampel di kelas C atau juga bisa disebut *likelihood*, dibagi dengan peluang munculnya karakteristik keseluruhan sampel atau juga dikenal sebagai *evidence*. Oleh karena itu, formula di atas juga dapat ditulis hanya seperti dibawah [21].

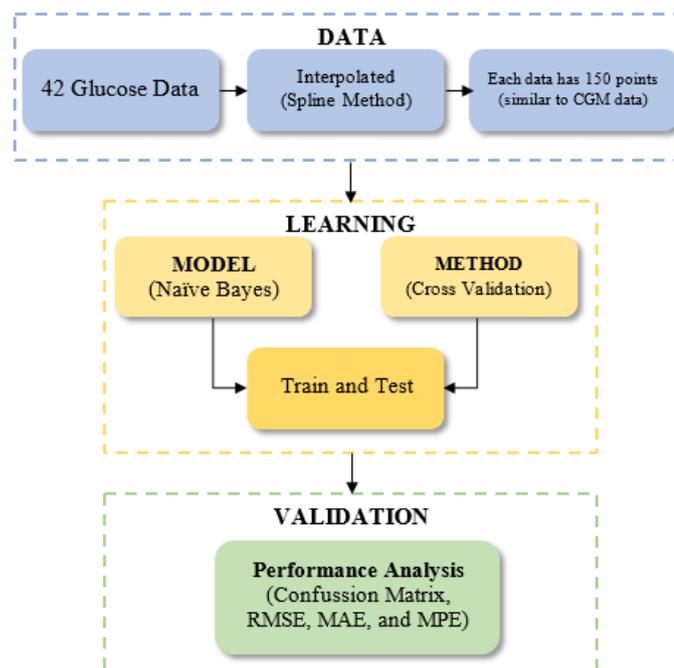
$$Posterior = \frac{Prior \times Likelihood}{Evidence} \quad (5)$$

Nilai *evidence* atau bukti selalu ditetapkan untuk setiap kelompok kelas dalam satu sampel. Nilai *posterior* yang didapat kemudian akan dibandingkan dengan hasil perhitungan nilai kelas *posterior* dengan kelas lain untuk menentukan nilai kelas sampel yang akan melalui proses klasifikasi. Tahapan dari metode algoritma *Naïve Bayes* dapat dilihat sebagai berikut [21]: (1) Algoritma memulai dengan membaca semua set data. (2) Menghitung jumlah dan probabilitas, apabila data numerik maka: (3) Cari nilai *mean* dan *standard deviation* dari masing masing parameter yang merupakan parameter data numerik. (4) Cari nilai probabilitas dengan cara menghitung jumlah data yang sesuai dari kategori yang sama dibagi dengan jumlah data pada kategori tersebut. (5) Mendapatkan nilai dalam tabel *mean*, *standard deviation* dan *probability*.

Teorema Bayes sangat penting tidak hanya untuk statistik inferensial, tetapi juga untuk pembelajaran mesin, karena menopang klasifikasi *Bayes naïf* [22].

2.5 Skenario Pengambilan Data dan Analisis

Data training dan test menggunakan 42 data gula darah yang telah melalui proses diskritisasi menjadi kontinu pada penelitian sebelumnya. 42 data tersebut akan digunakan untuk pengukuran MAGE yang diproses dengan algoritma *Naïve Bayes*. Dalam penambangan data ini, menggunakan *K-Fold Cross-Validation* untuk meningkatkan akurasi prediksi klasifikasi *Naïve Bayes*.



Gambar 1 Blok Diagram Skenario Pengujian

Pengukuran MAGE pada penambahan data ini dievaluasi menggunakan *standard metric* dari *accuracy, precision, recall and f-measure* untuk klasifikasi. Perhitungan menggunakan tabel klasifikasi prediktif, yang dikenal sebagai *Confusion Matrix* (Tabel 1).

Tabel 1 Confusion Matrix

		PREDICTED	
		Irrelevant	Relevant
ACTUAL	Irrelevant	TN	FP
	Relevant	FN	TP

Keterangan:

TN (*True Negative*) = Jumlah prediksi yang benar bahwa sebuah sampel tidak relevan

FP (*False Positive*) = Jumlah prediksi yang salah bahwa sebuah sampel relevan

FN (*False Negative*) = Jumlah prediksi yang salah bahwa sebuah sampel tidak relevan

TP (*True Positive*) = Jumlah prediksi yang benar bahwa sebuah sampel relevan

Accuracy - Proporsi jumlah total prediksi yang benar :

$$Accuracy (\%) = (TN + TP) / (TN + FN + FP + TP) \quad (6)$$

Precision - Proporsi benar bagian relevan yang diprediksi :

$$Precision (\%) = TP / (FP + TP) \quad (7)$$

Recall - Proporsi bagian relevan yang diidentifikasi dengan benar :

$$Recall (\%) = TP / (FN + TP) \quad (8)$$

F-measure - Berasal dari nilai precision dan recall :

$$F-Measure (\%) = (2 \times Recall \times Precision) / (Recall + Precision) \quad (9)$$

Metode evaluasi performansi lainnya yang digunakan pada penambahan ini yaitu RMSE atau *Root Mean Squared Error*. *Root Mean Squared Error* (RMSE) merupakan salah satu cara untuk mengevaluasi model regresi linear dengan mengukur tingkat akurasi hasil perkiraan suatu model [5]. RMSE dihitung dengan mengkuadratkan *error* (prediksi – observasi) dibagi dengan jumlah data, lalu di akar kuadrat.

$$RMSE = \left(\frac{\sum (y_i - \hat{y}_i)^2}{n} \right)^{1/2} \quad (10)$$

Keterangan:

RMSE = nilai *root mean square error*

y = nilai hasil observasi

\hat{y} = nilai hasil prediksi

i = urutan data pada database

n = jumlah data

2.6. Data Set

Pada dataset ini dibagi menjadi 3 kelas yaitu *pre-diabetes, diabetes*, dan normal. Dapat dilihat pada tabel berikut:

Tabel 2 Dataset MAGE Interpolation

CLASS	STDEVPA	AVERAGE	x1	x2	x(i)	x(i)	x149	x150
1	50,41	149,9	100	85,42	133,5	128
1	37,45	154,2	100	85,94	154,0	133
3	58,77	323,3	300	295,3	329,0	315
2	36,77	255,4	200	188,9	208,5	219
1	31,87	179,0	170	159,1	248,3	223
2	41,05	237,5	200	191,3	201,9	198
...
...
3	64,72	308,8	200	186,8	338,3	313
2	88,71	282,5	150	113,6	262,8	246

Tabel 3 Data set Class

No. Class	Class	Jumlah
1	Diabetes	18
2	Prediabetes	19
3	Normal	5

Dataset yang tersedia merupakan data yang diperoleh dari 21 fluktuasi *glukosa* darah dalam waktu 3 hari yang diambil dengan *Glucometer*. Setelah data melalui metode *Interpolasi*, ada 150+ titik yang dapat ditampilkan kembali serupa dengan model CGM. Kolom A sebagai *CLASS* berarti membagi kondisi menjadi 3 kelompok, Kolom B sebagai *STDEVPA* berarti hasil dari Standar Deviasi 150+ titik dan Kolom C sebagai rata-rata hasil dari mean 150 titik.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Implementasi *Naïve Bayes*

Pada implementasi *Naïve Bayes* ini menggunakan bahasa python. Dalam pengaplikasian bahasa python, penelitian ini menggunakan *Google Collab*. Adapun coding dari implementasi *Naïve Bayes* untuk memproses dataset. Memasukkan library yang digunakan pada bahasa python untuk memanggil fungsi - fungsi yang dibutuhkan seperti fungsi plot, pengukuran akurasi, *confusion matrix*, *Naïve Bayes*, *Cross-Validation*, dan pengunggahan *file*. Data yang telah diunggah akan tertampil seperti berikut.



Gambar 2 Tampilan Data

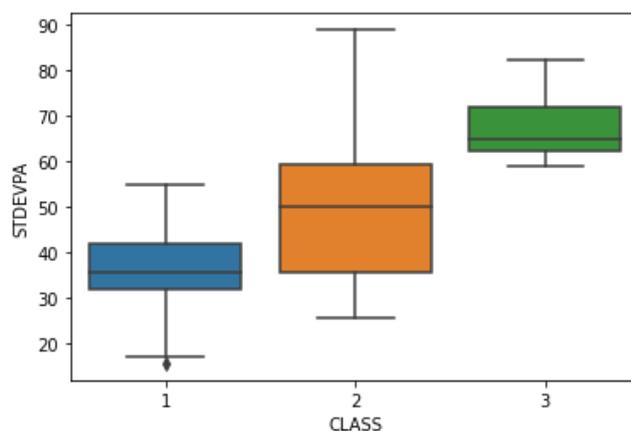
Informasi data lebih detail diinfokan pada *pseudocode* tersebut yang menjelaskan tentang *data type* pada *data set*, kapasitas memori yang digunakan, dan jumlah kolom dan baris.

```
[ ] df.isnull().sum()
CLASS      0
STDEVPA    0
AVERAGE    0
x1          0
x2          0
..
x146       0
x147       0
x148       0
x149       0
x150       0
Length: 153, dtype: int64

[ ] df.info()
<class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
RangeIndex: 42 entries, 0 to 41
Columns: 153 entries, CLASS to x150
dtypes: float64(150), int64(3)
memory usage: 50.3 KB
```

Gambar 3 Informasi Data set

Menampilkan plot sesuai dengan pembagian *CLASS* pada data yang diunggah. Dari plot yang ditampilkan pembagian kelompok satu sama lain sangat terlihat berbeda berdasarkan kolom *STDEVPA* (Standar Deviasi).



Gambar 4 Tampilan *BoxPlot*

Dari sebaran data pada Gambar 4, dapat dianalisa berdasarkan perhitungan standar deviasi (*STDEV*), *CLASS 3* berada pada area dengan nilai standar deviasi *range* 0,65 – 0,73 dengan nilai tengah 0,68, *CLASS 2* berada pada area dengan nilai standar deviasi *range* 0,39 – 0,60 dengan nilai tengah 0,50, *CLASS 1* berada pada area dengan nilai standar deviasi *range* 0,32 – 0,42 dan bahkan mendekati 0,1 dengan nilai tengah 0,35. Berhubungan dengan penelitian terkait tentang pengaruh waktu makan dari *excursion glukosa* [16], bahwa pada sukarelawan sehat atau Normal yang dikelompokkan pada *CLASS 3* dengan *excursion* yang mendekati dan/atau lebih besar dari 1,0 standar deviasi, pada sukarelawan *prediabetes* dan *diabetes* yang dikelompokkan pada *CLASS 2* dan *CLASS 3* dengan *excursion* yang jauh dari nilai 1,0 standar deviasi.

3.2 Pengujian Model dan Implementasi

3.2.1 Naïve Bayes

Penelitian ini menggunakan variabel *x* dan *y* pada Implementasi *Naïve Bayes*. Variabel *x* dengan fungsi *df.drop()* akan melepas kolom '*CLASS*' dan '*STDEVPA*' dan membaca variable titik – titik yang tercantum sebagai fluktuasi gula darah (*x(i)*). Variabel *y* akan khusus membaca kolom '*CLASS*'. Klasifikasi *Naïve Bayes* diaktifkan dengan *pseudocode* *model=GaussianNB()*. *Naïve Bayes*

membaca semua set data. Berdasarkan perintah `df.drop` dan `df`, data yang dibaca untuk x yaitu titik – titik fluktuasi gula darah dan y yaitu pengelompokan kelas. Kemudian, mencari nilai mean dan standar deviasi dari masing masing parameter. Lalu, mencari nilai probabilitas dengan cara menghitung jumlah data yang sesuai dari kategori yang sama dibagi dengan jumlah data pada kategori tersebut. mendapatkan nilai mean, standar deviasi dan probabilitas.

Distribusi probabilitas *Naïve Bayes* didukung dengan teori *Gaussian* yang distribusi ini sangat berguna karena mampu memperlihatkan distribusi dari pengamatan acak pada banyak eksperimen, dan juga mampu memperlihatkan distribusi yang diperoleh saat mencoba memperkirakan parameter-parameter dari distribusi probabilitas lainnya [23], dalam hal ini *Naïve Bayes*.

3.2.2 Cross Validation

Cross-Validation digunakan untuk menilai kinerja dari model dalam hal prediction dan untuk menilai performanya pada selain kumpulan sampel data baru yang juga dikenal sebagai data testing.

Motivasi penelitian ini menggunakan teknik *Cross-Validation* adalah pada tahap menyesuaikan model, tentunya model akan menyesuaikannya dengan set data training. Tanpa *Cross-Validation*, penelitian hanya memiliki informasi tentang bagaimana kinerja model terhadap sampel data. Sedangkan, penelitian ini ingin melihat performa model saat memiliki data baru dalam hal akurasi prediksinya.

Prosedur memiliki parameter tunggal yang disebut k yang mengacu pada jumlah kelompok yang sampel data tertentu akan dipecah. Oleh karena itu, prosedur ini sering disebut *K-fold Cross-Validation*. Tiga cara umum untuk memilih nilai k adalah sebagai berikut: Representatif, Nilai untuk k dipilih sedemikian rupa sehingga setiap sampel data *train / test* cukup besar untuk secara statistik mewakili kumpulan data yang lebih luas. $K = 10$, Nilai untuk k ditetapkan 10, nilai yang telah ditemukan melalui eksperimen umumnya menghasilkan perkiraan keterampilan model dengan bias rendah varian sederhana. $K = n$, Nilai k ditetapkan ke n , dimana n adalah ukuran kumpulan data untuk memberikan setiap sampel uji kesempatan untuk digunakan dalam kumpulan data tahan. Pendekatan ini disebut validasi silang *leave-one-out*. Pada penelitian ini jumlah K ditentukan sebagai representative dari jumlah data set. Berdasarkan *Rule of Thumb*, pembagian rasio data *training* dan *testing* yaitu 25% dari jumlah sampel data [24]. Dalam penelitian ini 25% dari 42 yaitu 10 jadi, jumlah K yang digunakan adalah 10. 42 data akan melalui proses *Cross-Validation* untuk data *training* dan *testing*. *Pseudocode score = cross_val_score* (model, x , y , $cv=10$) digunakan untuk menghasilkan score yang merupakan nilai akurasi dari hasil klasifikasi. $y_pred = cross_val_predict$ (model, x , y , $cv=10$) digunakan sebagai input untuk menghitung akurasi dengan menggunakan fungsi `print(metrics.accuracy_score(y, y_pred) * 100)` yang selanjutnya juga akan digunakan untuk menampilkan tabel classification report.

Fungsi *cross_val_predict* memiliki yang mirip dengan *cross_val_score*, tetapi fungsi *cross_val_predict* digunakan untuk mengembalikan setiap elemen dalam input dan menghasilkan nilai prediksi untuk elemen tersebut ketika berada dalam set testing. Dan oleh karena itu dengan memanggil *accuracy score* (y , $ypred$) untuk menghitung skor akurasi label y yang diprediksi oleh model tertentu dalam hal ini *Naïve Bayes* yang disebutkan di atas dibandingkan dengan label sebenarnya. Berdasarkan penjelasan diatas, fungsi *cross_val_score* lebih tepat untuk digunakan dalam analisis model penelitian karena nilai prediksi yang dihasilkan juga mempertimbangkan set data testing.

Pengujian performa model dilakukan dengan fungsi *confusion matrix*, RMSE, MSE, dan MAE. Fungsi `conf_mat = confusion_matrix(y, y_pred)` merupakan pseudocode untuk menampilkan hasil *performance evaluation* dengan metode *Confusion Matrix*. Setelah melalui proses *Naïve Bayes* dan *Cross-Validation* dengan jumlah *fold* 10, akurasi yang dihasilkan 93 %.

```
[ ] print("Accuracy: %f" % (score.mean()*100))
↳ Accuracy: 93.000000

[ ] print(metrics.accuracy_score(y, y_pred) * 100)
↳ 92.85714285714286
```

Gambar 5 Hasil Perhitungan Akurasi

Hasil dari fungsi `print(metrics.accuracy_score(y,y_pred)*100)` akan digunakan untuk fungsi *Root Square factors* (RMSE, MSE, dan MAE). MSE (*Mean Squared Error*) mewakili perbedaan antara nilai asli dan nilai prediksi yang diekstraksi dengan mengkuadratkan perbedaan rata-rata di atas kumpulan data. Ini adalah ukuran seberapa dekat garis yang dipasang dengan titik data aktual. RMSE (*Root Mean Squared Error*) adalah tingkat kesalahan menurut akar kuadrat MSE. *Mean Absolute Error* (MAE) mengukur jarak rata-rata absolut antara real-data dan data yang diprediksi. Pada penelitian ini nilai RMSE yaitu 0,267, MSE dan MAE yaitu 0.071. Nilai RMSE, MSE, dan MAE masing-masing menghasilkan nilai < 0.5 . Semakin kecil nilai RMSE menunjukkan bahwa metode tersebut paling tepat dalam memprediksi titik-titik kejadian [10].

```
[ ] print(conf_mat)
↳ [[17  1  0]
    [ 0 19  0]
    [ 0  2  3]]

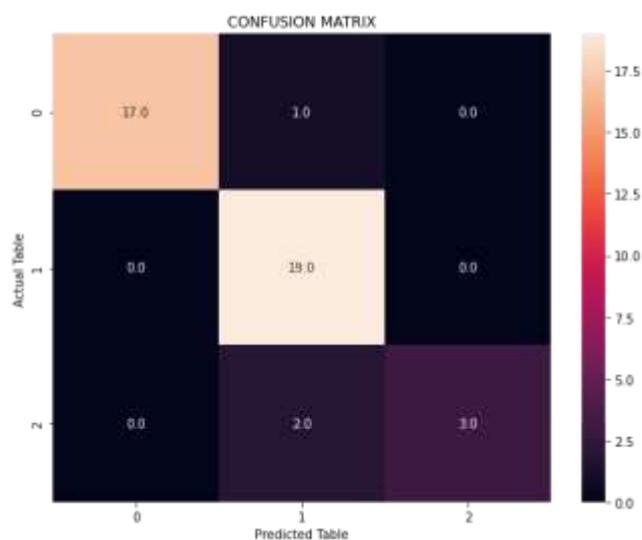
[ ] print(classification_report(y,y_pred))
↳
```

	precision	recall	f1-score	support
1	1.00	0.94	0.97	18
2	0.86	1.00	0.93	19
3	1.00	0.60	0.75	5
accuracy			0.93	42
macro avg	0.95	0.85	0.88	42
weighted avg	0.94	0.93	0.92	42

```
[ ] print('MAE:', metrics.mean_absolute_error(y, y_pred))
print('MSE:', metrics.mean_squared_error(y, y_pred))
print('RMSE:', np.sqrt(metrics.mean_squared_error(y, y_pred)))
↳ MAE: 0.07142857142857142
MSE: 0.07142857142857142
RMSE: 0.2672612419124244
```

Gambar 6 Classification Report dan Performance Evaluation

Visualisasi *plot confusion matrix* (Gambar 8) performansi dari penambahan data tersebut memiliki 17 data *Diabetes* diprediksi benar, 19 data *True Positive* yang diprediksi sebagai *Prediabetes* benar, 3 data *True Negative* yang diprediksi sebagai Normal benar, 2 data *False Negative* yang diprediksi sebagai Normal namun model memprediksi tidak Normal atau berada di kelas *Diabetes / Prediabetes*, dan 1 data yang tidak dapat diprediksi.



Gambar 7 Tampilan *Confusion Matrix Plot*

3.3 Perbandingan Hasil

Hasil dari akurasi model machine learning dengan penelitian sebelumnya yang menggunakan model *K-Nearest Neighbor* [11] dibandingkan berdasarkan penggunaan dataset yang sama. Berikut ini adalah perbandingan model *machine learning* yang telah dibuat. Hasil ditunjukkan pada Tabel 6 di bawah ini :

Tabel 4 Perbandingan Hasil Akurasi

Model Machine Learning	Hasil Akurasi
K-Nearest Neighbor [11]	92.85 %
Naïve Bayes	93.0

4. Kesimpulan

Penelitian ini menekankan pada *deep learning* evaluasi data glukosa darah untuk memprediksi diagnosa tingkat risiko pasien diabetes dengan menghitung nilai MAGE. Data *glukosa* darah diambil 21 kali dalam rentang waktu 3 hari. Hasil pengamatan didapatkan tiga golongan tingkat risiko diabetes yaitu 5 pasien normal, 19 pasien *prediabetes*, dan 18 pasien *diabetes*. Untuk keperluan klasifikasi, penelitian ini menggunakan *Cross-Validation* dengan jumlah *fold* 10. Terbukti dari percobaan yang dilakukan, akurasi prediksi menggunakan algoritma model *Naïve Bayes* dengan distribusi *Gaussian* sebagai probabilitas menghasilkan nilai akurasi yaitu sebesar 93,00 %.

Pengujian penghitungan nilai MAGE pada data menunjukkan perbedaan dimana perbedaan terbesar dialami pada kelas *diabetes* diikuti oleh kelas *pra-diabetes* dan kelas normal. Hal ini dapat disebabkan karena penderita yang termasuk dalam golongan *prediabetes* dan *diabetes* memiliki nilai *glukosa* darah lebih fluktuatif yang dideskripsikan pada analisa *BoxPlot*.

Referensi

- [1] D. O. F. Diabetes, "Diagnosis and classification of diabetes mellitus," *Diabetes Care*, vol. 33, no. SUPPL. 1, 2010, doi: 10.2337/dc10-S062.
- [2] T. A. Peyser, A. K. Balo, B. A. Buckingham, I. B. Hirsch, and A. Garcia, "Glycemic Variability Percentage: A Novel Method for Assessing Glycemic Variability from Continuous Glucose Monitor Data," *Diabetes Technol. Ther.*, vol. 20, no. 1, pp. 6–16, 2018, doi: 10.1089/dia.2017.0187.

- [3] X. Yu *et al.*, “Calculating the Mean Amplitude of Glycemic Excursions from Continuous Glucose Data Using an Open-Code Programmable Algorithm Based on the Integer Nonlinear Method,” *Comput. Math. Methods Med.*, vol. 2018, 2018, doi: 10.1155/2018/6286893.
- [4] L. Syafa’ah, A. Tjokroprawiro, M. Rasad Indra, D. Sargowo, and 5 Muladi, “Expert System for Blood Glucose Fluctuations Measurement Based on MAGE (Mean Amplitude of Glycemic Excursion) and HbA1c On Diabetic Using K-NN (Nearest Neighbor),” *J. Basic. Appl. Sci. Res.*, vol. 4, no. 12, pp. 135–141, 2014.
- [5] P. A. Baghurst, “Calculating the mean amplitude of glycemic excursion from continuous glucose monitoring data: An automated algorithm,” *Diabetes Technol. Ther.*, vol. 13, no. 3, pp. 296–302, 2011, doi: 10.1089/dia.2010.0090.
- [6] G. Fritzsche, K. D. Kohnert, P. Heinke, L. Vogt, and E. Salzsieder, “The use of a computer program to calculate the mean amplitude of glycemic excursions,” *Diabetes Technol. Ther.*, vol. 13, no. 3, pp. 319–325, 2011, doi: 10.1089/dia.2010.0108.
- [7] J. Ker, L. Wang, J. Rao, and T. Lim, “Deep Learning Applications in Medical Image Analysis,” *IEEE Access*, vol. 6, no. May 2018, pp. 9375–9379, 2017, doi: 10.1109/ACCESS.2017.2788044.
- [8] I. N. T. Wirawan and I. Eksistyanto, “Penerapan Naive Bayes Pada Intrusion Detection System Dengan Diskritisasi Variabel,” *JUTI J. Ilm. Teknol. Inf.*, vol. 13, no. 2, p. 182, 2015, doi: 10.12962/j24068535.v13i2.a487.
- [9] D. Xhemali, C. J. Hinde, and R. G. Stone, “Naive Bayes vs. Decision Trees vs. Neural Networks in the Classification of Training Web Pages,” *Int. J. Comput. Sci.*, vol. 4, no. 1, pp. 16–23, 2009.
- [10] L. Syafa’ah, M. H. Purnomo, and S. Basuki, “Discrete mean amplitude of glycemic excursion (MAGE) measurement on diabetics with spline interpolation method,” *Int. J. Electr. Eng. Informatics*, vol. 10, no. 2, pp. 259–270, 2018, doi: 10.15676/ijeei.2018.10.2.5.
- [11] L. Syafaah, S. Basuki, F. Dwi, and S. Sumadi, “Study on Diabetes Prediction Based on Discrete and Continuous Mean Amplitude of Glycemic Excursions (MAGE) using Machine Learning Methods,” vol. 8, no. 4, 2019, doi: 10.11591/eei.v8i4.xxxx.
- [12] J. H. DeVries, “Glucose variability: Where it is important and how to measure it,” *Diabetes*, vol. 62, no. 5, pp. 1405–1408, 2013, doi: 10.2337/db12-1610.
- [13] M. Heller, P. Edelstein, and M. Mayer, “Membrane-bound enzymes. III. Protease activity in leucocytes in relation to erythrocyte membranes,” *BBA - Biomembr.*, vol. 413, no. 3, pp. 472–482, 1975, doi: 10.1016/0005-2736(75)90130-3.
- [14] F. Cavalot, “Do data in the literature indicate that glycaemic variability is a clinical problem? Glycaemic variability and vascular complications of diabetes,” *Diabetes, Obes. Metab.*, vol. 15, no. S2, pp. 3–8, 2013, doi: 10.1111/dom.12140.
- [15] A. A. Kazi and L. Blonde, *Classification of diabetes mellitus*, vol. 21, no. 1. 2001.
- [16] S. Suh and J. H. Kim, “Glycemic variability: How do we measure it and why is it important?,” *Diabetes Metab. J.*, vol. 39, no. 4, pp. 273–282, 2015, doi: 10.4093/dmj.2015.39.4.273.
- [17] J. Wadén, C. Forsblom, L. M. Thorn, D. Gordin, M. Saraheimo, and P. H. Groop, “A1C variability predicts incident cardiovascular events, microalbuminuria, and overt diabetic nephropathy in patients with type 1 diabetes,” *Diabetes*, vol. 58, no. 11, pp. 2649–2655, 2009, doi: 10.2337/db09-0693.
- [18] F. J. Service, G. D. Molnar, J. W. Rosevear, E. Ackerman, L. C. Gatewood, and W. F. Taylor, “Mean amplitude of glycemic excursions, a measure of diabetic instability.,” *Diabetes*, vol. 19, no. 9, pp. 644–655, 1970, doi: 10.2337/diab.19.9.644.
- [19] D. V. Griffiths and I. M. Smith, “Numerical methods for engineers, second edition,” *Numer. Methods Eng. Second Ed.*, pp. 1–475, 2006.
- [20] M. Irfan, W. Uriawan, O. T. Kurahman, M. A. Ramdhani, and I. A. Dahlia, “Comparison of Naive Bayes and K-Nearest Neighbor methods to predict divorce issues,” *IOP Conf. Ser. Mater. Sci. Eng.*, vol. 434, no. 1, 2018, doi: 10.1088/1757-899X/434/1/012047.
- [21] Bustami, “Penerapan Algoritma Naive Bayes untuk Mengklasifikasi Data Nasabah,” *TECHSI J. Penelit. Tek. Inform.*, vol. 4, pp. 127–146, 2010.
- [22] K. Chai, H. T. Hn, and H. L. Cheiu, “Naive-Bayes Classification Algorithm,” *Proc. 25th Annu. Int. ACM SIGIR Conf. Res. Dev. Inf. Retr.*, pp. 97–104, 2002, doi: 10.1002/mds.23530.

- [23] H. Rosdianto and M. Toifur, "Implementasi Teori Distribusi Probabilitas Gaussian Pada Kualitas Rangkaian Penyearah Gelombang Penuh," *Spektra J. Fis. dan Apl.*, vol. 2, no. 1, pp. 83–90, 2017, doi: 10.21009/spektra.021.12.
- [24] C. R. Wilson Van Voorhis and B. L. Morgan, "Understanding Power and Rules of Thumb for Determining Sample Sizes," *Tutor. Quant. Methods Psychol.*, vol. 3, no. 2, pp. 43–50, 2007, doi: 10.20982/tqmp.03.2.p043.