

## Prediksi Diabetes Berdasarkan Pengukuran *Mean Amplitude Glycemic Excursion* (MAGE) Menggunakan Naïve Bayes

Lailis Syafa'ah<sup>1</sup>, M. Syaiful Ma'arif<sup>2</sup>, Amrul Faruq<sup>\*3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Jurusan Teknik Elektro, Fakultas Teknik Universitas Muhammadiyah Malang, Malang

\*e-mail: <sup>1</sup>lailis@umm.ac.id, <sup>2</sup>ipungm8@webmail.umm.ac.id, <sup>\*3</sup>faruq@umm.ac.id

### Abstrak

*The mean amplitude of glycemic excursions (MAGE) merupakan indikator penting dalam penilaian variabilitas glikemik (GV) yang digunakan sebagai referensi untuk mengontrol glukosa darah secara terus menerus. Dalam hal tersebut, pertimbangan kuantitatif dalam monitoring gula darah pada diabetes sangat penting untuk diagnosis lalu dilanjutkan dengan perawatan klinis. Penelitian ini lebih memfokuskan pada penguatan sistem pengolahan data training dan testing serta mengurangi variable independent yang terjadi saat proses klasifikasi. Untuk mendukung tujuan tersebut, penelitian ini menggunakan Cross Validation sebagai pengolahan data training dan testing dengan jumlah K-Fold yaitu 10 dan Naïve Bayes sebagai metode klasifikasi. Akurasi yang dihasilkan yaitu 93% yang meningkat dari penelitian sebelumnya dengan nilai RMSE (nilai error) sebesar 0.267. Disimpulkan bahwa pasien pada golongan pra-diabetes dan diabetes cenderung memiliki nilai glukosa darah yang lebih bervariasi dibandingkan pasien dari kelas normal.*

**Kata kunci:** Diabetes, Variabilitas Glikemik, Cross Validation, Naïve Bayes

### Abstract

*The mean amplitude of glycemic excursions (MAGE) is an important indicator in the assessment of glycemic variability (GV) which is used as a reference for continuous blood glucose control. In this case, quantitative considerations in monitoring blood sugar in diabetes are very important for diagnosis and then proceed with clinical treatment. This study focuses more on strengthening the training and testing data processing system and reducing the independent variables that occur during the classification process. To support this purpose, this study uses Cross Validation as a training and testing data processing with the number of K-Fold is 10 and Naïve Bayes as a classification method. The resulting accuracy is 93% which is an increase from previous studies with an RMSE value (error value) of 0.267. It was concluded that patients in the pre-diabetic and diabetic groups tend to have more varied blood glucose values than patients from the normal class.*

**Keywords:** Diabetes Mellitus, Glycemic Variability, Cross Validation, Naïve Bayes

### 1. PENDAHULUAN

Menurut sebuah penelitian medis, variabilitas glikemik yang tinggi dapat menyebabkan komplikasi yang lebih serius pada ginjal karena faktor yang disebut stabilitas gula darah, yang dikaitkan dengan perkembangan komplikasi diabetes dan peningkatan risiko kematian pada pasien yang belum didiagnosis sebagai penyakit diabetes [1]. Dalam hal ini, penting untuk

mengukur variabilitas glikemik dalam pemantauan gula darah pada pasien diabetes sebelum melanjutkan lebih lanjut dengan pengobatan atau tindakan klinis.[2].

*The mean amplitude of glycemic excursions* (MAGE) merupakan metrik kunci dalam menilai variabilitas atau indeks glikemik yang digunakan sebagai acuan untuk mengatur kadar glukosa darah [3]. MAGE adalah sistem kontrol glukosa darah yang paling umum digunakan, dan didasarkan pada sistem *Continuous Glucose Monitoring* (CGM), yang mengukur kadar glukosa darah setiap 5 menit [4]. Dalam penelitian lain, algoritma eliminasi digunakan untuk menghilangkan bias dan kesalahan dalam menemukan dan mengoreksi penyimpangan dalam data CGM yang mungkin ditemukan secara manual untuk meningkatkan MAGE [5].

Nilai MAGE yang diukur memerlukan pengenalan titik balik dalam data CGM dari variasi gula darah. Setelah itu, koreksi dilakukan dengan menentukan maksimum lokal (maks) dan minimum lokal (min) yang berlawanan dengan standar deviasi tekanan. Nilai hanya digunakan untuk koreksi MAGE jika variasi gula darah lebih besar dari standar deviasi 1 [6].

MAGE, di sisi lain, dapat memeriksa data kadar gula darah 7 (tujuh) kali setiap hari selama total 3 (tiga) hari untuk penelitian kesehatan. Penelitian sebelumnya telah membuktikan hal ini dengan menggunakan data non-kontinyu atau diskrit menggunakan pendekatan interpolasi yang dimodifikasi untuk menghasilkan hasil yang setara dengan model CGM [5]. Pendekatan ini digunakan untuk menentukan peluang munculnya nilai berkelanjutan dalam sejumlah besar kumpulan data kecil, yang akan berdampak negatif pada prosedur pelatihan, pengujian, dan klasifikasi.

Di era data besar (*maha data/big data*), pembelajaran mendalam (*machine learning*) dalam kedokteran adalah kapasitas untuk menemukan hierarki penting dalam data menggunakan algoritma daripada secara manual [7]. Studi tersebut menyimpulkan bahwa ketika metode Naïve Bayes digunakan, nilai dari angka kemungkinan atau probabilitas dapat diestimasi lebih tepat dari sekumpulan data tertentu [8].

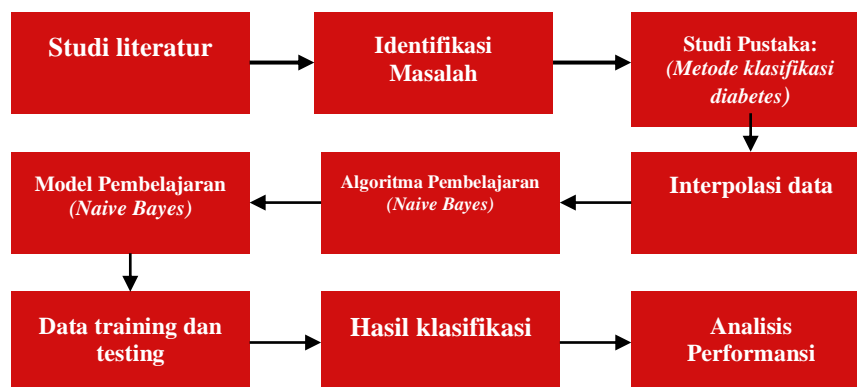
Tahap selanjutnya dalam transformasi data adalah kategorisasi data, yang memungkinkan data lebih mudah dipahami untuk analisis dan pengambilan keputusan. Penelitian Daniela, Christopher, dan Roger membuktikan Nave Bayes klasifikasi yang lebih baik dari neural network dan decision tree dengan akurasi 97,89% [9]. Penelitian lain yang serupa juga pernah dilakukan dengan data yang sama pada penelitian ini, yakni dengan hasil nilai RMSE 57.66 [10] dan hasil akurasi 92.85% [11].

Berdasarkan penelitian dan penerbitan artikel yang disebutkan di atas, pendekatan yang paling sering digunakan adalah algoritma Naïve Bayes. Namun demikian, pendekatan seperti pra-pemrosesan data dan Naïve Bayes, serta teknik validasi silang (*cross validation technique*), saat ini perlu dieksplorasi secara lebih mendalam. Sebagai konsekuensinya, penelitian ini mengadopsi *Cross Validation* dengan K-Fold 10 sebagai teknik pelatihan dan pengujian data, dan Naïve Bayes sebagai algoritma pendekatan klasifikasi. Selama tiga hari, data gula darah dipasok tujuh hari seminggu. Pengamatan dan pengambilan data dilakukan 7 kali per hari atau 24 jam per hari, data gula darah dikumpulkan menggunakan glukometer [12].

## 2. METODE PENELITIAN

### 2.1 Tahap Penelitian

Gambar 1 menunjukkan skematik diagram tahapan penelitian dalam penambahan data untuk kasus deteksi penyakit diabetes berdasarkan nilai MAGE dengan algoritma Naïve Bayes, dan teknik validasi silang pada langkah pre-processing data, yang dilakukan pada studi ini.

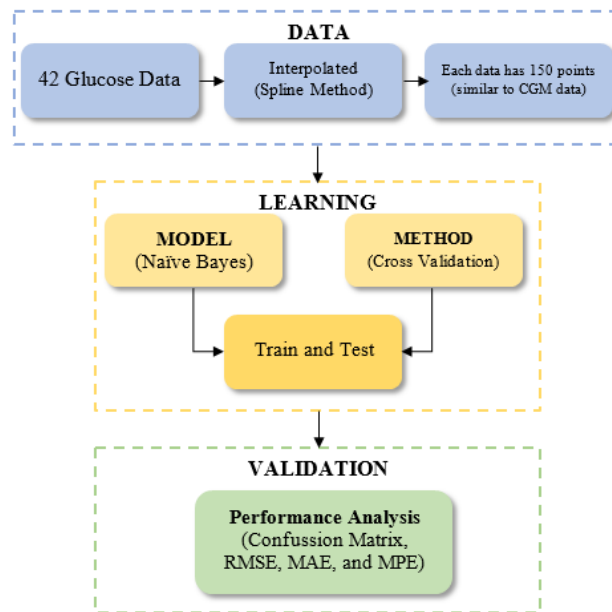


Gambar 1 Blok Diagram Penelitian

- **Interpolasi Data**  
Selama tiga hari, interpolasi data digunakan untuk menurunkan glukosa darah menggunakan data diskrit beberapa kali setiap hari. Kadar gula darah diukur menggunakan glukometer tipikal. Eksperimen pertama melibatkan membandingkan data diskrit mentah dengan data kontinu, sedangkan eksperimen kedua melibatkan penentuan centroid pola yang sama dari dua set data. Dengan RMSE 57,66, Linear Spline adalah yang paling sedikit dari tiga teknik interpolasi yang digunakan dalam penelitian ini. RMSE yang lebih tinggi menyiratkan bahwa teknik ini paling akurat dalam menurunkan koefisien interpolasi dari data glukosa darah. [10].
- **Algoritma Pembelajaran dan Model Pembelajaran**  
Pada tahapan ini, Naïve Bayes dipilih sebagai algoritma pembelajaran mesin untuk mendeteksi kadar nilai MAGE. Model yang dihasilkan adalah model pembelajaran mesin berbasis algoritma Naïve Bayes.
- **Data Training dan Testing**  
Pelatihan (*training*), dan pengujian (*testing*) dilakukan untuk memastikan bahwa Naïve Bayes menghasilkan model yang diinginkan, berdasarkan data *input* dan *output* pada *training* dan *testing*.
- **Analisa Performansi**  
Tahap ini bertujuan untuk mem-evaluasi performa dari metode dan data yang ada untuk mendapatkan hal - hal yang dapat ditingkatkan untuk penelitian lebih lanjut.
- **Dataset**  
Dataset pada penelitian ini merupakan data riil diambil dari website [www.kaggle.com/merinda33/mage-interpolation](http://www.kaggle.com/merinda33/mage-interpolation) yang berisi 42 data dengan 150 titik setiap datanya. Nilai - nilai setiap titik ( $x_i$ ) pada dataset merupakan nilai dari glukosa darah setiap waktunya.

## 2.2 Skenario Pengujian

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 penambahan data ini, menggunakan K-Fold Cross-Validation untuk meningkatkan akurasi prediksi klasifikasi Naïve Bayes. Skenario peengujian pada penelitian ini dillihatkan pada Gambar 2.



Gambar 2 Blok Diagram Skenario Pengujian

Pengukuran MAGE pada penambahan data ini dievaluasi menggunakan *standard metric* dari *accuracy*, *precision*, *recall* dan *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

Di mana:

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) adalah salah satu

metode untuk melakukan evaluasi model regresi linier dengan mengukur tingkat hasil akurasi estimasi suatu model [5]. RMSE dihitung yaitu hasil kuadrat kesalahan (prediksi - observasi) lalu dibagi dengan jumlah data, kemudian pada akar kuadrat.

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

Di mana:

RMSE = nilai *root mean square error*

y = nilai hasil observasi

$\hat{y}$  = nilai hasil prediksi

i = urutan data ke-i pada dataset

n = jumlah keseluruhan data

### 2.3 Kebutuhan Perangkat

Tahapan penelitian yang dilakukan sebelum mendapatkan hasil dan melakukan pembahasan yaitu mempersiapkan perangkat yang akan digunakan sebagai hal yang sangat penting dalam penelitian ini. Tabel 2 dan Tabel 3 merupakan perangkat yang dibutuhkan pada studi ini yaitu perangkat keras atau biasa disebut dengan hardware dan perangkat lunak atau biasa disebut dengan software. Kedua perangkat harus saling mendukung satu sama lain untuk menjaga performance dari konsep penelitian yang telah dibuat.

Tabel 2 Detail perangkat keras yang digunakan

Perangkat Keras	Spesifikasi
Processor	AMD A8-7410 APU with AMD Radeon R5
Disk	RAM 4 GB

Tabel 3 Detail perangkat lunak yang digunakan

Perangkat Lunak	Spesifikasi
Sistem Operasi	Windows 10 Home 64-Bit
Programming Language	Python 3.0
Notebooks	Google Colaboratory
Aplikasi lain	Microsoft Excel

Penelitian ini menggunakan Google Colaboratory sebagai notebooks dari proses deep learning yang dilakukan. Google Colaboratory adalah proyek penelitian Google yang dibuat untuk membantu menyebarkan pendidikan dan penelitian machine learning. Ini adalah lingkungan notebook Jupyter yang tidak memerlukan penyiapan untuk digunakan dan berjalan sepenuhnya di cloud.

### 2.4 Dataset

Pada dataset ini dibagi menjadi 3 kelas yaitu normal, pre-diabetes, dan diabetes. Dapat dilihat pada Tabel 4 dan Tabel 5. Himpunan data terdiri dari 21 fluktuasi glukosa darah yang diukur menggunakan Glucometer selama periode tiga hari. Setelah interpolasi data, model CGM dapat digunakan untuk menghitung 150+ indeks. Kolom A sebagai KELAS mewakili pengurangan ukuran menjadi tiga tingkat, Kolom B sebagai STDEVPA mewakili hasil simpangan baku 150 poin atau lebih, dan Kolom C mewakili hasil rata-rata dengan rata-rata 150 poin.

Tabel 4 Dataset MAGE *Interpolation*

<i>CLAS S</i>	<i>STDEVP A</i>	<i>AVERAG E</i>	<i>x1</i>	<i>x2</i>	<i>x(i)</i>	<i>x(i)</i>	<i>x149</i>	<i>x150</i>
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 5 Dataset Class

<i>No. Class</i>	<i>Class</i>	<i>Jumlah</i>
1	Diabetes	18
2	Prediabetes	19
3	Normal	5

### 3. HASIL DAN PEMBAHASAN

#### 3.1 Implementasi Model

Pada implementasi Naïve Bayes ini menggunakan bahasa python. Dalam pengaplikasian bahasa python, penelitian ini menggunakan Google Colab. 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 Gambar 3.

```
[ ] df.head()
```

	CLASS	STDEVPA	AVERAGE	x1	x2	x3	x4	x5	x6	x7	x8	x9	x10	x11	x12	x13	x14	x15	x16	x17	x18	x19	x20
0	1	50.415330	149.955200	100	85.42	78.40	77.93	83.01	92.62	105.76	121.41	138.58	156.23	173.38	189.00	202.09	211.65	216.65	216.32	211.56	203.98	195.20	186.84
1	1	37.457699	154.283067	100	85.94	79.83	80.49	86.76	97.44	111.39	127.41	144.34	161.00	176.22	188.82	197.64	201.50	199.23	189.98	175.36	158.02	140.62	125.82
2	3	58.771221	323.389333	300	295.36	296.55	302.55	312.35	324.96	339.36	354.55	369.51	383.25	394.75	403.00	407.00	405.75	398.23	383.76	364.00	341.64	319.35	299.83
3	2	36.779674	255.448067	200	188.96	184.26	185.00	190.30	199.26	211.01	224.64	239.26	254.00	267.96	280.25	289.98	296.26	296.20	295.13	288.02	278.51	268.27	258.94
4	1	31.872767	179.086800	170	159.14	152.82	150.47	151.51	155.36	161.44	169.20	178.04	187.39	196.68	205.33	212.76	218.41	221.69	222.13	220.00	215.85	210.27	203.84

5 rows x 23 columns

Gambar 3 Tampilan Dataset

Informasi data pada Gambar 4 lebih detail difokan pada pseudocode tersebut yang menjelaskan tentang *data type* pada data set, kapasitas memori yang digunakan, dan jumlah kolom dan baris. 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).

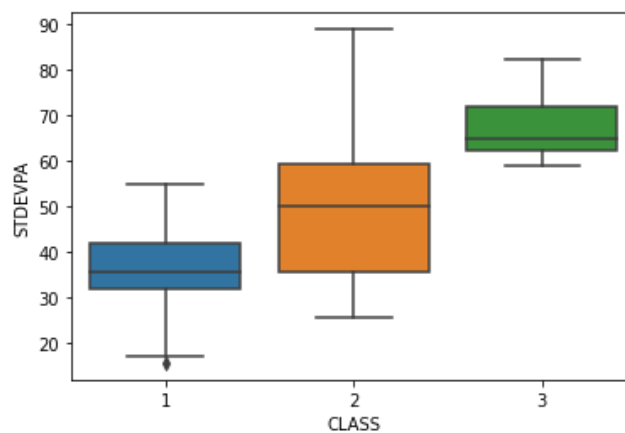
Dari sebaran data pada Gambar 5, dapat dianalisa berdasarkan perhitungan standar deviasi (STDEVPA), CLASS 3 berada pada area dengan nilai standar deviasi *range* 0,65 – 0,73 dengan nilai tengah 0,68, CLASS 2 berada pada area dengan nilai standar deviasi *range* 0,39 – 0,60 dengan nilai tengah 0,50, CLASS 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.

```
[ ] 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 4 Informasi Data set



Gambar 5 Tampilan BoxPlot

### 3.2 Pengujian Model

#### 3.2.1 Implementasi Naïve Bayes

Penelitian ini menggunakan variable x dan y pada Implementasi Naïve Bayes. Variabel x dengan fungsi `df.drop()` akan melepas kolom 'CLASS' dan 'STDEVPA' akan membaca variable titik – titik yang tercantum sebagai fluktuasi gula darah ( $x(i)$ ). Variable 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 *standard deviation* dari setiap parameter yang ada.

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 Implementasi 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 Cross-Validation memiliki satu parameter biasa dipanggil  $k$  yang mewakili dan mengacu pada banyak grup atau kelompok yang sampel data tertentu akan dipecah. Oleh sebab itu, prosedur ini sering disebut dengan Lipatan Validasi Silang atau 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. Untuk nilai  $K = 10$ , nilai  $k$  ditetapkan 10. Nilai yang ditemukan melalui penelitian biasanya menghasilkan perkiraan atau estimasi keterampilan prediksi model varian sederhana dengan bias yang dilalui rendah.  $K = n$ , nilai  $k$  diatur ke  $n$ , di mana  $n$  adalah ukuran kumpulan data, sehingga setiap sampel uji memiliki kesempatan untuk digunakan dalam kumpulan data yang dicadangkan. Metode pendekatan ini yaitu 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, y_pred)` 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 analisa model penelitian karena nilai prediksi yang dihasilkan juga mempertimbangkan set data testing.



### 3.3 Hasil Pengujian

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* pada Gambar 6. 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 6 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 pada Gambar 7 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]]

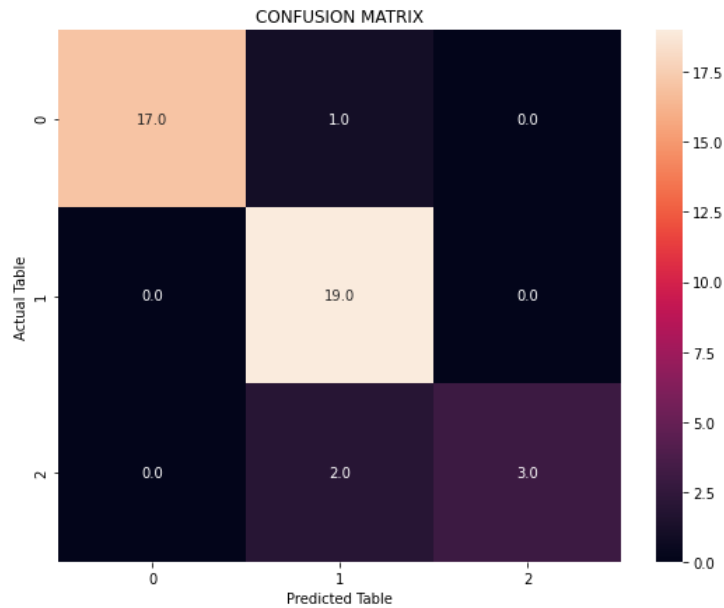
[ ] print(classification_report(y,y_pred))
↳
```

	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 7 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 8 Tampilan Confusion Matrix Plot

### 3.4 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 Perbandingan Hasil Akurasi tersebut:

Tabel 6 Perbandingan Hasil Akurasi

<i>Machine Learning Model</i>	Hasil Akurasi
K-Nearest Neighbor [11]	92.85 %
Naïve Bayes	93.00 %

## 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, untuk training data dan testing data penelitian ini menggunakan algoritma multi validasi silang atau *Cross-Validation* dengan jumlah k-fold yaitu 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.

## 5. SARAN

Studi penelitian ini mempunyai beberapa keterbatasan dan kekurangan. Data yang digunakan lebih terbaru dan banyak lagi dapat diberikan terhadap penelitian selanjutnya mengenai topik Pengukuran MAGE sebagai indikator dalam meprediksi penyakit Diabetes. Oleh karena hal tersebut, untuk menyempurnakan system saran yang dilengkapi dengan hardware lainnya seperti sensor dan mikrokontroler.

## DAFTAR PUSTAKA

- [1] D. O. F. Diabetes, "Diagnosis and classification of diabetes mellitus," *Diabetes Care*, vol. 33, no. SUPPL. 1, 2010.
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29227755/>. [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29707038/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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 [Online]. Available:<http://research-report.umm.ac.id/index.php/research-report/article/viewFile/904/1111> [Accessed: 10-Jul-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21291334/> [Accessed: 13-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21291337/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://ieeexplore.ieee.org/document/8241753> [Accessed: 17-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <http://juti.if.its.ac.id/index.php/juti/article/view/487/301> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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. [Online]. Available: <https://www.researchgate.net/publication/41392270/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <http://research-report.umm.ac.id/index.php/research-report/article/viewFile/904/1111> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://beei.org/index.php/EEI/article/view/2387> [Accessed: 21-Aug-2020]
- [12] J. H. DeVries, “Glucose variability: Where it is important and how to measure it,” *Diabetes*, vol. 62, no. 5, pp. 1405–1408, 2013, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23613566/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/92/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24034513/> [Accessed: 1-Sep-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4543190/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19651819/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/5469118/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://www.proquest.com/docview/2557157531> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [21] Bustami, “Penerapan Algoritma Naive Bayes untuk Mengklasifikasi Data Nasabah,” *TECHSI J. Penelit. Tek. Inform.*, vol. 4, pp. 127–146, 2010. [Online]. Available: <http://journal.uad.ac.id/index.php/jifo/article/view/2086> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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,
- [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, [Online]. Available: <https://www.researchgate.net/publication/316596344/> [Accessed: 16-Aug-2020]
- [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, [Online]. Available: <https://www.tqmp.org/RegularArticles/vol03-2/p043/p043.pdf> [Accessed: 16-Aug-2020]