

Perbandingan Kinerja Algoritma *Decision Tree* dan *Naive Bayes* dalam Klasifikasi Risiko Diabetes Menggunakan Dataset *Pima Indians Diabetes* Berdasarkan Nilai Akurasi dan *Confusion Matrix*

Destry Widiani Nurul Ummi ^{1*}, Alex Wijaya ², Rezania Agramanisti Azdy ³

^{1,2,3} Program Studi Teknik Informatika, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Bina Darma, Kota Palembang, Provinsi Sumatera Selatan, Indonesia.

ABSTRACT

This study compares the performance of Decision Tree and Naive Bayes algorithms in classifying diabetes mellitus risk using the Pima Indians Diabetes Dataset (768 female patient medical records, 8 predictor attributes) without additional optimization techniques. The methodology includes data preprocessing, data splitting (80% training and 20% testing ratio), model construction, and evaluation based on accuracy, confusion matrix, and classification report, reinforced by Stratified 5-Fold Cross Validation. Hold-Out Validation results show that Decision Tree achieved an accuracy of 83.77%, while Naive Bayes achieved 76.62%. In Stratified 5-Fold Cross Validation, Decision Tree recorded an average accuracy of 85.56% (std: 0.0339), whereas Naive Bayes achieved 75.77% (std: 0.0492). Confusion matrix and classification report evaluations further confirm the superiority of Decision Tree across precision, recall, and f1-score metrics. In conclusion, the Decision Tree algorithm delivers superior and more stable performance compared to Naive Bayes in diabetes risk classification.

ABSTRAK

Penelitian ini membandingkan kinerja algoritma Decision Tree dan Naive Bayes dalam mengklasifikasikan risiko diabetes mellitus menggunakan Pima Indians Diabetes Dataset (768 sampel rekam medis pasien wanita, 8 atribut prediktor) tanpa teknik optimasi tambahan. Metodologi meliputi pra-pemrosesan data, pembagian data (rasio 80% data latih dan 20% data uji), pembentukan model, serta evaluasi berbasis akurasi, confusion matrix, dan classification report, yang diperkuat metode Stratified 5-Fold Cross Validation. Hasil pengujian Hold-Out Validation menunjukkan Decision Tree memperoleh nilai akurasi sebesar 83,77%, sedangkan Naive Bayes sebesar 76,62%. Pada pengujian Stratified 5-Fold Cross Validation, Decision Tree mencatatkan rata-rata akurasi sebesar 85,56% (std: 0,0339), sementara Naive Bayes sebesar 75,77% (std: 0,0492). Evaluasi confusion matrix dan classification report mempertegas keunggulan Decision Tree pada metrik precision, recall, dan f1-score. Penelitian ini menyimpulkan bahwa algoritma Decision Tree memiliki kinerja yang lebih unggul dan stabil dibandingkan Naive Bayes dalam klasifikasi risiko diabetes.

ARTICLE HISTORY

Received: 9 September 2026.

Revised: 11 September 2026.

Accepted: 26 September 2026.

Available Online: 10 October 2026.

Published: 1 December 2026.

KEYWORDS

Machine Learning; Decision Tree;
Naive Bayes; Diabetes; Pima
Indians Diabetes Dataset;
Klasifikasi.

KATA KUNCI

Machine Learning; Decision Tree;
Naive Bayes; Diabetes; Pima
Indians Diabetes Dataset;
Klasifikasi.

1. Pendahuluan

Peningkatan prevalensi diabetes melitus secara global menempatkan gangguan metabolik ini sebagai salah satu tantangan kesehatan masyarakat yang paling mendesak. Berdasarkan laporan International Diabetes Federation (IDF, 2025), jumlah penderita diabetes di tingkat global diperkirakan telah mencapai 589 juta jiwa, sementara di tingkat nasional, data Badan Pusat Statistik mencatat prevalensi diabetes di Indonesia berada pada kisaran 11,3% atau mencakup sekitar 20,4 juta jiwa (Badan Pusat Statistik [BPS], 2023). Perkembangan penyakit diabetes kerap berlangsung lambat dan tanpa gejala klinis yang nyata pada stadium awal, sehingga sebagian besar penderita terlambat menyadari kondisinya hingga timbul komplikasi mikrovaskular dan makrovaskular yang berat (Powers *et al.*, 2022; Tomic *et al.*, 2022). Keterlambatan penanganan medis tersebut meningkatkan risiko morbiditas dan mortalitas, sekaligus membebani sistem layanan kesehatan. Oleh karena itu, penerapan teknologi komputasi cerdas berbasis *machine learning* menjadi instrumen alternatif yang sangat potensial dalam mendukung skrining dan identifikasi risiko diabetes secara dini melalui analisis rekam medis pasien yang objektif, cepat, dan terukur.

Keberhasilan identifikasi pola risiko pada data klinis sangat dipengaruhi oleh kesesuaian algoritma klasifikasi terhadap karakteristik distribusi atribut data. Sejumlah penelitian terdahulu telah menerapkan metode *supervised learning* untuk prediksi diabetes, seperti penggunaan model pohon keputusan C4.5 dan Naive Bayes (Alam *et al.*, 2023), serta komparasi antara Naive Bayes, Support Vector Machine, dan Decision Tree pada dataset kesehatan publik (Nurwicaksana *et al.*, 2024). Meskipun demikian, sebagian besar implementasi klinis sering kali dihadapkan pada tantangan atribut fisiologis yang saling berkorelasi dan memiliki sebaran multivariat non-linear. Pengujian kinerja algoritma dalam bentuk murni (*baseline*) tanpa rekayasa fitur atau teknik optimasi tambahan menjadi krusial untuk mengevaluasi ketahanan dan mekanisme inferensi inheren masing-masing model terhadap kompleksitas data medis riil.

Penelitian ini membandingkan kinerja dua algoritma dengan paradigma mekanistik yang mendasar, yaitu Decision Tree dan Naive Bayes, menggunakan Pima Indians Diabetes Dataset yang bersumber dari repositori Kaggle/UCI Machine Learning Repository. Dataset ini memuat 768 rekam medis pasien perempuan berusia minimal 21 tahun dengan delapan atribut prediktor fisiologis (*Pregnancies*, *Glucose*, *BloodPressure*, *SkinThickness*, *Insulin*, *BMI*, *DiabetesPedigreeFunction*, *Age*) dan satu variabel target (*Outcome*). Algoritma Decision Tree mengekstraksi aturan klasifikasi melalui struktur hierarki berbasis partisi *entropy* dan *information gain* yang adaptif terhadap pemisahan ruang non-linear. Sebaliknya, Naive Bayes mengandalkan Teorema Bayes dengan asumsi independensi bersyarat antarfitur (*conditional feature independence*), yang sering kali berbenturan dengan sifat interkorelasi parameter biologis manusia (Pajila *et al.*, 2023). Penelitian ini bertujuan mengukur dan membandingkan kinerja klasifikasi kedua algoritma secara komprehensif menggunakan metrik *accuracy*, *confusion matrix*, *precision*, *recall*, dan *f1-score*, yang divalidasi melalui skema *Hold-Out Validation* (80:20) dan *Stratified 5-Fold Cross Validation* guna memperoleh model yang paling akurat dan stabil dalam memprediksi risiko diabetes melitus.

2. Metodologi

Penelitian ini menerapkan pendekatan kuantitatif eksperimental yang dirancang untuk menguji komparasi performa algoritma secara objektif. Prosedur riset diorganisasikan ke dalam empat tahapan utama, yaitu: 1) pengumpulan data yang memanfaatkan data sekunder Pima Indians Diabetes Dataset sebanyak 768 entri rekam medis dengan delapan fitur prediktor dan satu label target (*Outcome*); 2) pra-pemrosesan data dan pemisahan data (*data splitting*) melalui inspeksi kualitas data serta pembagian sampel menggunakan skema *Hold-Out Validation* dengan proporsi 80% data latih (614 sampel) dan 20% data uji (154 sampel) dengan parameter *random_state* bernilai 42; 3) pemodelan algoritma dengan mengimplementasikan modul *DecisionTreeClassifier* dan *GaussianNB* pada lingkungan pemrograman Python berbantuan pustaka Scikit-Learn; serta 4) evaluasi dan validasi kinerja model menggunakan metrik *accuracy*, *confusion matrix*, dan *classification report*, yang diperkuat dengan pengujian kestabilan melalui *Stratified 5-Fold Cross Validation*. Struktur dan karakteristik tipe data dari masing-masing atribut prediktor beserta label target yang digunakan dalam eksperimen ini dirangkum pada Tabel 1.

Tabel 1. Atribut Dataset Pima Indians Diabetes

No	Nama Atribut	Tipe Data	Deskripsi/Fungsi
1	Pregnancies	Integer	Jumlah kehamilan
2	Glucose	Integer	Konsentrasi glukosa plasma 2 jam setelah tes toleransi glukosa oral
3	BloodPressure	Integer	Tekanan darah diastolik (mm Hg)
4	SkinThickness	Integer	Ketebalan lipatan kulit trisep (mm)
5	Insulin	Integer	Tingkat insulin serum 2 jam (mu U/ml)
6	BMI	Float	Indeks massa tubuh (berat badan dalam kg/(tinggi badan dalam m) ²)
7	DiabetesPedigreeFunction	Float	Fungsi riwayat silsilah diabetes keluarga
8	Age	Integer	Usia pasien (tahun, minimal 21 tahun)
9	Outcome	Integer	Label target (0 = Negatif/Tidak diabetes, 1 = Positif/Diabetes)

Catatan. Sumber: Pima Indians Diabetes Dataset (UCI Machine Learning Repository via Kaggle).

Pada algoritma Decision Tree, pembentukan pohon klasifikasi dan penentuan simpul pemisah (*split node*) didasarkan pada perhitungan tingkat ketidakmurnian himpunan data (*impurity*) menggunakan formulasi *Entropy* sebagaimana disajikan pada Persamaan (1):

$$Entropy(S) = - \sum_{i=1}^n p_i \log_2 p_i \quad (1)$$

Dengan S menyatakan himpunan sampel data, n merupakan jumlah kelas klasifikasi, dan p_i merepresentasikan probabilitas kemunculan kelas ke- i . Penurunan nilai entropi yang dihasilkan dari pengujian suatu atribut AA dihitung melalui *Information Gain* sesuai dengan Persamaan (2):

$$Gain(S, A) = Entropy(S) - \sum_{i=1}^n \frac{|S_i|}{|S|} Entropy(S_i) \quad (2)$$

Dengan $|S|$ melambangkan total entri data pada simpul induk dan $|S_i|$ merupakan jumlah entri sampel pada subset cabang ke- i . Sementara itu, mekanisme klasifikasi pada algoritma Naive Bayes mengestimasi probabilitas posterior kemunculan kelas target C berdasarkan vektor fitur input X . Landasan matematis Teorema Bayes tersebut dirumuskan pada Persamaan (3):

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

Dengan $P(C|X)$ menyatakan probabilitas posterior kelas C ketika fitur XX teramati, $P(X|C)$ merupakan probabilitas *likelihood* dari fitur X pada kelas C , $P(C)$ adalah probabilitas *prior* kelas, dan $P(X)$ merepresentasikan probabilitas marginal fitur input.

3. Hasil

Pengujian tahap pertama dievaluasi menggunakan skema pembagian data *Hold-Out Validation* dengan proporsi 80% data latih (614 sampel) dan 20% data uji (154 sampel). Evaluasi pada data uji yang tidak terlihat sebelumnya (*unseen data*) menunjukkan bahwa algoritma Decision Tree memperoleh nilai akurasi sebesar 83,77%, sedangkan algoritma Naive Bayes menghasilkan akurasi sebesar 76,62%. Selisih akurasi sebesar 7,15% ini mengindikasikan bahwa Decision Tree memiliki ketepatan klasifikasi awal yang lebih tinggi terhadap sampel uji. Rincian klasifikasi benar dan salah dari kedua model dianalisis melalui matriks kebingungan (*confusion matrix*) yang disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Perbandingan Confusion Matrix pada Pengujian Hold-Out Validation

Keterangan	Decision Tree	Naive Bayes
True Negative (TN)	84	80
False Positive (FP)	15	19
False Negative (FN)	10	17
True Positive (TP)	45	38

Catatan. Total data uji = 154 sampel (Kelas 0 = 99 sampel, Kelas 1 = 55 sampel). Sumber: Hasil Eksperimen Python (2026).

Berdasarkan Tabel 2, algoritma Decision Tree berhasil mengidentifikasi 45 sampel positif diabetes secara tepat (*True Positive*) dan 84 sampel non-diabetes (*True Negative*), dengan tingkat kesalahan prediksi mencakup 15 sampel *False Positive* dan 10 sampel *False Negative*. Sebaliknya, Naive Bayes hanya mampu memprediksi 38 sampel *True Positive* dan menghasilkan tingkat *False Negative* yang lebih tinggi, yaitu sebanyak 17 sampel. Dalam konteks skrining klinis, rendahnya angka *False Negative* pada Decision Tree memiliki nilai diagnostik yang krusial karena meminimalkan risiko pasien berisiko diabetes tidak terdeteksi secara dini.

Guna mengantisipasi potensi bias akibat pembagian data tunggal serta memastikan konsistensi dan stabilitas kinerja model terhadap variasi sebaran data, dilakukan pengujian berulang menggunakan skema *Stratified 5-Fold Cross Validation*. Metode ini membagi seluruh dataset menjadi lima subset lipatan dengan tetap menjaga rasio proporsi antarkelas pada setiap fold. Hasil perbandingan akurasi pada tiap iterasi lipatan dirangkum pada Tabel 3.

Tabel 3. Hasil Rerata Akurasi Stratified 5-Fold Cross Validation

Fold	Decision Tree (%)	Naive Bayes (%)
Fold 1	80,52	70,78
Fold 2	85,06	84,42
Fold 3	83,77	77,92
Fold 4	90,20	72,55
Fold 5	88,24	73,20
Rata-rata	85,56	75,77
Standar Deviasi	0,0339	0,0492

Catatan. Nilai standar deviasi dihitung dalam skala desimal. Sumber: Hasil Eksperimen Python (2026).

Data pada Tabel 3 menunjukkan bahwa algoritma Decision Tree secara konsisten mengungguli Naive Bayes pada setiap lipatan pengujian, dengan capaian akurasi tertinggi berada pada Fold 4 sebesar 90,20%. Rata-rata akurasi keseluruhan yang diperoleh Decision Tree mencapai 85,56% dengan deviasi standar 0,0339, sementara Naive Bayes mencatatkan rata-rata akurasi sebesar 75,77% dengan deviasi standar 0,0492. Nilai deviasi standar Decision Tree yang lebih kecil menunjukkan bahwa sebaran kinerja model lebih terpusat dan memiliki ketahanan yang lebih baik terhadap variasi distribusi data medis dibandingkan Naive Bayes. Untuk mengevaluasi performa klasifikasi secara lebih terperinci pada masing-masing label target, Tabel 4 menyajikan perbandingan metrik *precision*, *recall*, dan *f1-score* untuk kelas negatif (Kelas 0) dan kelas positif diabetes (Kelas 1).

Tabel 4. Perbandingan Classification Report Berdasarkan Cross Validation

Metrik Evaluasi	Decision Tree	Naive Bayes
Precision (Kelas 0)	0,89	0,81
Recall (Kelas 0)	0,89	0,83
F1-Score (Kelas 0)	0,89	0,82
Precision (Kelas 1)	0,80	0,66
Recall (Kelas 1)	0,79	0,63
F1-Score (Kelas 1)	0,79	0,64
Accuracy Total	0,86 (85,56%)	0,76 (75,77%)

Catatan. Nilai metrik merepresentasikan rerata tertimbang lintas lipatan validasi. Sumber: Hasil Eksperimen Python (2026).

Sebagaimana dipaparkan pada Tabel 4, Decision Tree mempertahankan superioritas performa pada seluruh metrik evaluasi untuk kedua kelas. Pada identifikasi pasien berisiko diabetes (Kelas 1), Decision Tree mencapai nilai *precision* sebesar 0,80, *recall* sebesar 0,79, dan *f1-score* sebesar 0,79. Angka ini secara signifikan melampaui Naive Bayes yang hanya mencapai *precision* 0,66, *recall* 0,63, dan *f1-score* 0,64 pada kelas yang sama. Kesenjangan performa pada kelas target positif menegaskan bahwa keterbatasan Naive Bayes tidak hanya terjadi pada akurasi global, melainkan juga pada sensitivitas deteksi kelas minoritas.

4. Pembahasan

Eksperimen komparasi yang dilakukan tanpa melibatkan teknik optimasi tambahan atau rekayasa fitur menunjukkan bahwa algoritma Decision Tree secara konsisten mengungguli Naive Bayes pada seluruh skenario evaluasi. Pada pengujian *Hold-Out Validation*, Decision Tree mencatatkan keunggulan dengan selisih akurasi sebesar 7,15%, sementara pada pengujian *Stratified 5-Fold Cross Validation*, keunggulan tersebut melebar menjadi selisih rerata akurasi sebesar 9,79%. Keberhasilan Decision Tree dalam mempertahankan kinerja klasifikasi yang lebih tinggi berakar pada karakteristik mekanismenya yang mampu memetakan ruang keputusan secara non-linear melalui partisi *Information Gain*. Dalam dataset klinis seperti Pima Indians Diabetes Dataset, hubungan antarvariabel prediktor tidak bersifat linier sederhana, melainkan membentuk pola ambang batas (*threshold*) fisiologis tertentu. Struktur pohon keputusan berhasil mengisolasi nilai batas kritis pada fitur-fitur dominan, khususnya kadar glukosa plasma dan indeks massa tubuh (*BMi*), sehingga mampu mengelompokkan risiko pasien secara lebih tegas tanpa terdistorsi oleh variasi skala data mentah. Sebaliknya, penurunan akurasi pada algoritma Naive Bayes terutama dipicu oleh keterbatasan asumsi fundamentalnya, yaitu independensi bersyarat antarfitur (*conditional feature independence*). Secara teoritis, Naive Bayes mengasumsikan bahwa setiap atribut klinis memberikan kontribusi probabilitas yang saling lepas dan tidak berkaitan satu sama lain (Pajila *et al.*, 2023). Namun, pada realitas fisiologis manusia, variabel medis diabetes saling berkorelasi secara biologis; sebagai contoh, peningkatan indeks massa tubuh (*BMi*) dan ketebalan lipatan kulit (*SkinThickness*) memiliki interkorelasi erat dengan resistensi hormon insulin dan lonjakan kadar glukosa darah (Jayedi *et al.*, 2022). Pelanggaran terhadap asumsi independensi ini menyebabkan estimasi probabilitas posterior Naive Bayes menjadi bias, yang terkonfirmasi dari tingginya angka *False Negative* pada matriks kebingungan serta rendahnya nilai *recall* pada kelas pasien berisiko diabetes (Kelas 1). Keunggulan stabilitas Decision Tree juga dibuktikan oleh perolehan nilai standar deviasi akurasi lintas lipatan yang lebih rendah (0,0339 berbanding 0,0492 pada Naive Bayes). Dispersi akurasi yang lebih sempit ini mengindikasikan bahwa Decision Tree memiliki ketahanan (*robustness*) yang lebih baik terhadap variasi sebaran data latih dan uji, sehingga menghasilkan generalisasi model yang lebih konsisten. Temuan empiris ini memperkuat hasil riset terdahulu oleh Alam *et al.* (2023) serta Nurwicaksana *et al.* (2024), yang menemukan bahwa algoritma berbasis pohon keputusan secara konsisten memberikan ketepatan diagnosis yang lebih andal dibandingkan pengklasifikasi probabilistik berbasis Naive Bayes ketika diterapkan pada dataset diabetes tanpa proses seleksi fitur awal (*feature selection*).

5. Kesimpulan

Berdasarkan hasil eksperimen perbandingan kinerja klasifikasi risiko diabetes melitus pada Pima Indians Diabetes Dataset tanpa teknik optimasi tambahan, dapat disimpulkan bahwa: 1) algoritma Decision Tree berhasil mencatatkan nilai akurasi sebesar 83,77% pada pengujian *Hold-Out Validation* dan rata-rata akurasi sebesar 85,56% (deviasi standar: 0,0339) pada pengujian *Stratified 5-Fold Cross Validation*; 2) algoritma Naive Bayes memperoleh nilai akurasi sebesar 76,62% pada pengujian *Hold-Out Validation* dan rata-rata akurasi sebesar 75,77% (deviasi standar: 0,0492) pada *Stratified 5-Fold Cross Validation*; serta 3) algoritma Decision Tree terbukti memiliki kinerja yang lebih unggul, presisi, dan stabil dibandingkan Naive Bayes dalam mengklasifikasikan risiko diabetes melitus pada dataset yang diuji, didukung oleh fleksibilitas pemisahan ruang keputusan non-linear dan ketahanannya terhadap interkorelasi antarfitur fisiologis klinis.

Ucapan Terima Kasih

Penulis menyampaikan rasa syukur yang mendalam ke hadirat Allah SWT atas segala rahmat, hidayah, dan kemudahan yang diberikan sehingga penelitian dan penyusunan artikel ilmiah ini dapat diselesaikan dengan baik. Penelitian ini tidak dapat terlaksana tanpa bantuan, arahan, bimbingan, serta dukungan dari berbagai pihak. Secara khusus, penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

- 1) Dr. Tata Sutabri, S.Kom., MMSI., MKM. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Bina Darma Palembang atas dukungan fasilitas akademis dan kelembagaan yang diberikan selama pelaksanaan studi.
- 2) Alek Wijaya, S.Kom., M.I.T. selaku Ketua Program Studi Teknik Informatika sekaligus Pembimbing/Penulis Pendamping yang telah memberikan masukan substantif, arahan metodologis, serta dukungan dalam penyempurnaan naskah ilmiah ini.
- 3) Rezania Agramanisti Azdy, S.Kom., M.Cs. selaku Dosen Pembimbing Utama yang dengan penuh kesabaran memberikan wawasan, arahan teknis, waktu, dan bimbingan berharga dari tahap awal perancangan eksperimen hingga penyusunan laporan riset.
- 4) Nurul Adha Oktarini Saputri, M.Kom. selaku Dosen Penguji atas evaluasi, saran konstruktif, dan masukan kritis yang sangat berguna dalam meningkatkan kualitas dan ketepatan analisis naskah riset ini.
- 5) Seluruh Dosen dan Staf Pengajar Program Studi Teknik Informatika, Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Bina Darma Palembang yang telah mentransfer ilmu pengetahuan, bimbingan akademik, serta fasilitas pendukung selama masa perkuliahan.
- 6) Pihak pengelola National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases (NIDDK) serta platform repositori Kaggle / UCI Machine Learning Repository yang telah menyediakan ketersediaan Pima Indians Diabetes Dataset secara terbuka untuk keperluan riset ilmiah ini.
- 7) Kedua Orang Tua Tercinta (Alm. Wijiono Putra dan Alm. Asmidah Hertarika HG) yang senantiasa menjadi sumber inspirasi, motivasi terbesar, dan pendorong utama dalam setiap langkah serta pencapaian akademis penulis.
- 8) Saudara kandung, keluarga besar, serta rekan-rekan civitas akademika Universitas Bina Darma yang telah memberikan bantuan moril, semangat, dan lingkungan akademis yang kondusif selama proses penelitian berlangsung.

Referensi

- Abdalati, A., Saed, A., & Jaharadak, A. A. (2022). Implementation with performance evaluation of Decision Tree classifier for uncertain data: Literature review. *International Journal of Multidisciplinary Research and Publications (IJMRAP)*, 5(5), 125–132.
- Alam, A., Alana, D. A. F., & Juliane, C. (2023). Comparison of the C4.5 and Naive Bayes algorithms to predict diabetes. *Sinkron*, 8(4), 2641–2650. <https://doi.org/10.33395/sinkron.v8i4.12998>
- Alzboon, M. S., Al-Batah, M., Alqaraleh, M., Abuashour, A., & Bader, A. F. (2023). A comparative study of machine learning techniques for early prediction of diabetes. Dalam *2023 IEEE 10th International Conference on Communications and Networking (ComNet)* (hlm. 1–6). IEEE. <https://doi.org/10.1109/ComNet60156.2023.10366688>
- Alzubi, J., Nayyar, A., & Kumar, A. (2018). Machine learning from theory to algorithms: An overview. *Journal of Physics: Conference Series*, 1142(1), Artikel 012012. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1142/1/012012>
- Chang, V., Bailey, J., Xu, Q. A., & Sun, Z. (2023). Pima Indians diabetes mellitus classification based on machine learning (ML) algorithms. *Neural Computing and Applications*, 35(22), 16157–16173. <https://doi.org/10.1007/s00521-022-07049-z>

- Cheema, M. J. T. (2022). *Pima Indians diabetes dataset*. Kaggle. <https://www.kaggle.com/datasets/jamaltariqcheema/pima-indians-diabetes-dataset>
- Dash, S. S., Nayak, S. K., & Mishra, D. (2021). A review on machine learning algorithms. Dalam *Smart Innovation, Systems and Technologies* (Vol. 153, hlm. 495–507). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-15-6202-0_51
- Deepa, N., & Prabha, B. (2024). Performance analysis of machine learning classification algorithms for diabetes prediction using PIMA Indian dataset. *Communications on Applied Nonlinear Analysis*, 31(5s), 138–156. <https://doi.org/10.52783/cana.v31.1008>
- Febrian, M. E., Ferdinan, F. X., Sendani, G. P., Suryanigrum, K. M., & Yunanda, R. (2022). Diabetes prediction using supervised machine learning. *Procedia Computer Science*, 216, 21–30. <https://doi.org/10.1016/j.procs.2022.12.107>
- Gulati, P., Sharma, A., & Gupta, M. (2016). Theoretical study of decision tree algorithms to identify pivotal factors for performance improvement: A review. *International Journal of Computer Applications*, 141(14), 31–37.
- International Diabetes Federation. (2021). *IDF Diabetes Atlas* (Edisi ke-10). International Diabetes Federation. <https://www.idf.org/aboutdiabetes/type-2-diabetes.html>
- Jayed, A., Soltani, S., Motlagh, S. Z. T., Emadi, A., Shahinfar, H., Moosavi, H., & Shab-Bidar, S. (2022). Anthropometric and adiposity indicators and risk of type 2 diabetes: Systematic review and dose-response meta-analysis of cohort studies. *The BMJ*, 376, Artikel e067516. <https://doi.org/10.1136/bmj-2021-067516>
- Nurwicaksana, S. D., Kyung Oh, L., & Sukmana, H. T. (2024). A comparative study of Naive Bayes, SVM, and Decision Tree algorithms for diabetes detection based on health datasets. *IJIS: International Journal of Informatics and Information Systems*, 7(4), 200–209. <https://doi.org/10.47738/ijis.v7i4.230>
- Pajila, P. J. B., Sheena, B. G., Gayathri, A., Aswini, J., Nalini, M., & Siva Subramanian, R. (2023). A comprehensive survey on Naive Bayes algorithm: Advantages, limitations and applications. Dalam *Proceedings of the 4th International Conference on Smart Electronics and Communication (ICOSEC)* (hlm. 1228–1234). IEEE. <https://doi.org/10.1109/ICOSEC58147.2023.10276274>
- Powers, A. C., Niswender, K. D., & Evans-Molina, C. (2022). Diabetes mellitus: Diagnosis, classification, and pathophysiology. Dalam *Harrison's Principles of Internal Medicine* (Edisi ke-21). McGraw-Hill Education.
- Sathyanarayanan, S. (2024). Confusion matrix-based performance evaluation metrics. *African Journal of Biomedical Research*, 27(4), 4023–4031. <https://doi.org/10.53555/ajbr.v27i4s.4345>
- Tomic, D., Shaw, J. E., & Magliano, D. J. (2022). The burden and risks of emerging complications of diabetes mellitus. *Nature Reviews Endocrinology*, 18(9), 525–539. <https://doi.org/10.1038/s41574-022-00690-7>