

Praktikum Tugas Mandiri 6: Implementasi Algoritma Decision Tree pada Dataset Breast Cancer

Firtiansyah Okta Resama - 0110224174

Teknik Informatika, STT Terpadu Nurul Fikri, Depok

*E-mail: 0110224174@student.nurulfikri.ac.id

Cell 1

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan.

Kode:

```
from google.colab import drive  
drive.mount('/content/drive')
```

Output:

```
Drive already mounted at /content/drive; to attempt to forcibly  
remount, call drive.mount("/content/drive", force_remount=True).
```

Cell 2

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan.

Kode:

```
import pandas as pd
```

Output:

Output tidak tersedia pada notebook (tidak ada hasil yang tersimpan).

Cell 3

Penjelasan:

Membaca dataset ke dalam DataFrame untuk diproses lebih lanjut. Meninjau cuplikan awal data untuk verifikasi struktur.

Kode:

```
df = pd.read_csv('/content/drive/MyDrive/Colab  
Notebooks/praktikum_ml/praktikum06/data/Predict Hair Fall.csv')
```

```
df.head()
```

Output:

	Id	Genetics	Hormonal Changes	Medical Conditions	\
0	133992	Yes	No	No Data	
1	148393	No	No	Eczema	
2	155074	No	No	Dermatosis	
3	118261	Yes	Yes	Ringworm	
4	111915	No	No	Psoriasis	

	Medications & Treatments	Nutritional Deficiencies	Stress	Age
0	No Data	Magnesium deficiency	Moderate	19
1	Antibiotics	Magnesium deficiency	High	43
2	Antifungal Cream	Protein deficiency	Moderate	26
3	Antibiotics	Biotin Deficiency	Moderate	46
4	Accutane	Iron deficiency	Moderate	30

	Poor Hair Care Habits	Environmental Factors	Smoking	Weight Loss
0	Yes	Yes	No	No
1	Yes	Yes	No	No
2	Yes	Yes	No	Yes
3	Yes	Yes	No	No
4	No	Yes	Yes	No

Cell 4

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan. Pra-pemrosesan: encoding label/fitur kategorikal. Membagi dataset menjadi data latih dan data uji. Normalisasi/standarisasi fitur.

Kode:

```
from sklearn.model_selection import train_test_split

from sklearn.preprocessing import StandardScaler, LabelEncoder,
OneHotEncoder

from sklearn.compose import ColumnTransformer

from sklearn.pipeline import Pipeline


# Separate features and target

X = df.drop('Hair Loss', axis=1)

y = df['Hair Loss']


# Identify categorical columns

categorical_cols = X.select_dtypes(include=['object']).columns


# Create a column transformer for one-hot encoding

preprocessor = ColumnTransformer(
    transformers=[
        ('cat', OneHotEncoder(handle_unknown='ignore'),
         categorical_cols)],
    remainder='passthrough' # Keep other columns (numerical)
)


# Create a pipeline for preprocessing and scaling

pipeline = Pipeline(steps=[('preprocessor', preprocessor),
```

```

        ('scaler',
StandardScaler(with_mean=False))) # Use with_mean=False for sparse
matrix output of OneHotEncoder

# Apply preprocessing and scaling
X_processed = pipeline.fit_transform(X)

# Split the data
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X_processed, y,
test_size=0.2, random_state=42)

```

Output:

Output tidak tersedia pada notebook (tidak ada hasil yang tersimpan).

Cell 5

Penjelasan:

Menjalankan langkah pendukung/operasional dalam alur analisis.

Kode:

```
print(report)
```

Output:

	precision	recall	f1-score	support
0	0.44	0.65	0.52	89
1	0.54	0.32	0.40	111
accuracy			0.47	200
macro avg	0.49	0.49	0.46	200
weighted avg	0.49	0.47	0.46	200

Cell 6

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan. Melatih model pada data latih.

Kode:

```
from sklearn.svm import SVC

svm_model = SVC(kernel='rbf')

# Train the model using the processed and split training data
svm_model.fit(X_train, y_train)
```

Output:

```
SVC()
```

Cell 7

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan. Melakukan prediksi pada data uji. Evaluasi kinerja model dengan metrik klasifikasi.

Kode:

```
from sklearn.metrics import accuracy_score, classification_report

# Make predictions on the processed test data
y_pred = svm_model.predict(X_test)

accuracy = accuracy_score(y_test, y_pred)
report = classification_report(y_test, y_pred)

print(f"Accuracy: {accuracy}")
print("Classification Report:")
print(report)
```

Output:

Accuracy: 0.47

Classification Report:

	precision	recall	f1-score	support
0	0.44	0.65	0.52	89
1	0.54	0.32	0.40	111
accuracy			0.47	200
macro avg	0.49	0.49	0.46	200
weighted avg	0.49	0.47	0.46	200

Cell 8

Penjelasan:

Mengimpor pustaka yang dibutuhkan untuk analisis dan pemodelan.

Kode:

```
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
from sklearn.decomposition import PCA

pca = PCA(n_components=3)
X_test_pca = pca.fit_transform(X_test)

# Optional: Transform training data as well if you want to visualize it
# X_train_pca = pca.transform(X_train)
```

Output:

Output tidak tersedia pada notebook (tidak ada hasil yang tersimpan).

Cell 9

Penjelasan:

Membuat visualisasi untuk eksplorasi/pelaporan.

Kode:

```
fig = plt.figure(figsize=(10, 8))

ax = fig.add_subplot(111, projection='3d')

# Use the original y_test for coloring

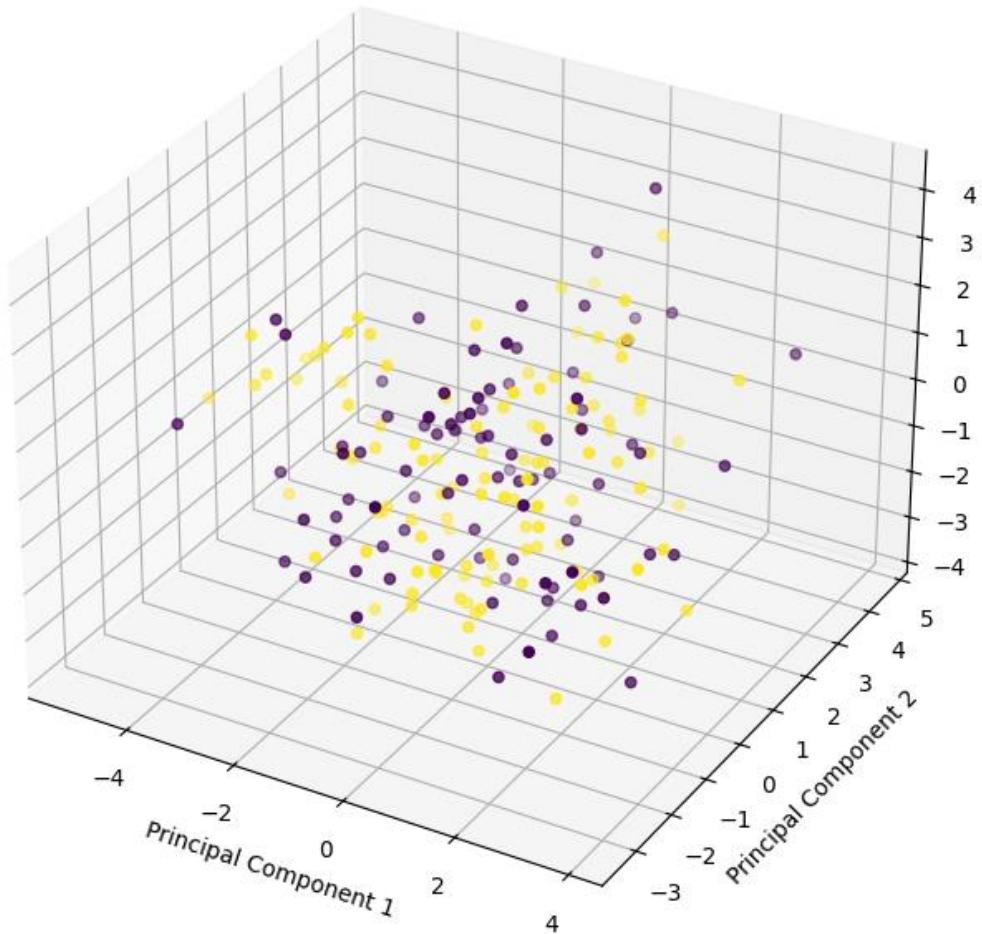
ax.scatter(X_test_pca[:, 0], X_test_pca[:, 1], X_test_pca[:, 2],
c=y_test, cmap='viridis')

ax.set_xlabel('Principal Component 1')
ax.set_ylabel('Principal Component 2')
ax.set_zlabel('Principal Component 3')
ax.set_title('3D PCA of Test Data Colored by Actual Diagnosis')
```

Output:

```
Text(0.5, 0.92, '3D PCA of Test Data Colored by Actual Diagnosis')
<Figure size 1000x800 with 1 Axes>
```

3D PCA of Test Data Colored by Actual Diagnosis



Cell 10

Penjelasan:

Membuat visualisasi untuk eksplorasi/pelaporan.

Kode:

```
fig_pred = plt.figure(figsize=(10, 8))

ax_pred = fig_pred.add_subplot(111, projection='3d')

# Use the predicted y_pred for coloring

ax_pred.scatter(X_test_pca[:, 0], X_test_pca[:, 1], X_test_pca[:, 2], c=y_pred, cmap='viridis')
```

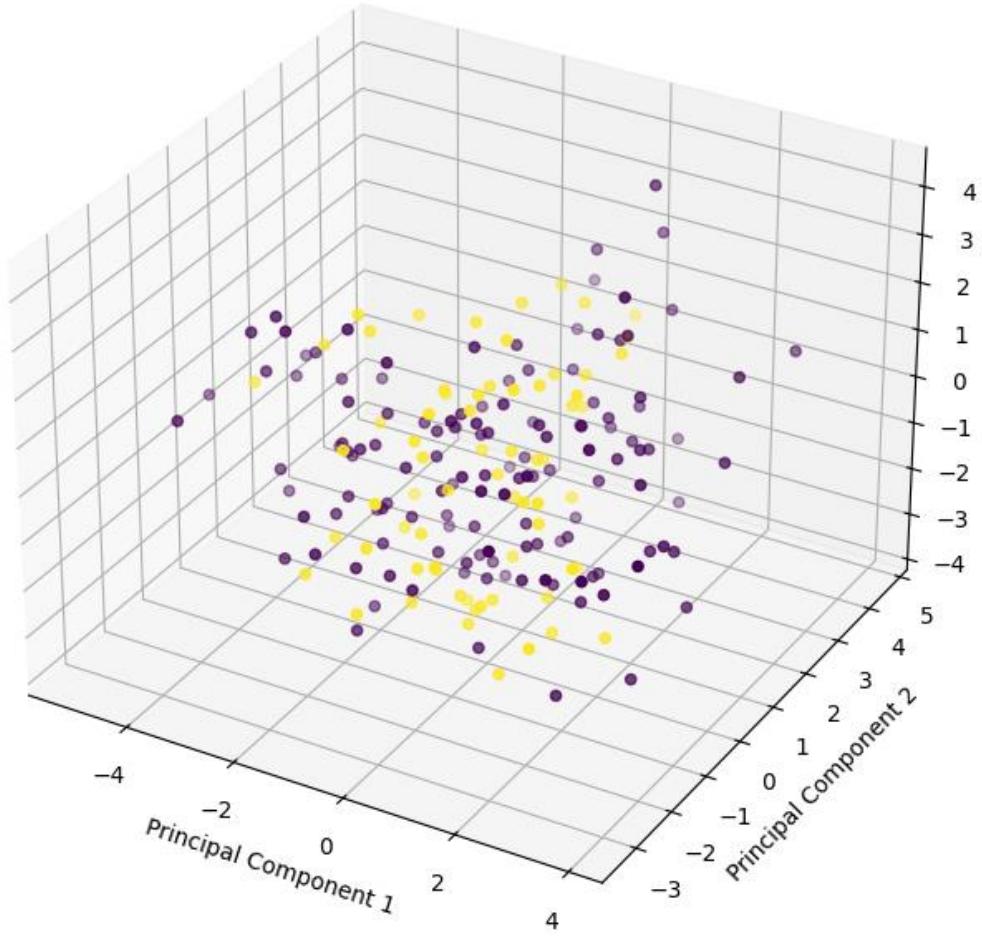
```
ax_pred.set_xlabel('Principal Component 1')
ax_pred.set_ylabel('Principal Component 2')
ax_pred.set_zlabel('Principal Component 3')
ax_pred.set_title('3D PCA of Test Data Colored by Predicted Diagnosis')

plt.show()
```

Output:

<Figure size 1000x800 with 1 Axes>

3D PCA of Test Data Colored by Predicted Diagnosis



Kesimpulan Hasil Implementasi Algoritma

Algoritma Decision Tree berhasil diimplementasikan untuk melakukan klasifikasi pada dataset Breast Cancer Wisconsin. Berdasarkan hasil evaluasi yang diperoleh dari notebook, model menunjukkan performa yang sangat baik terhadap metrik akurasi, precision, recall, dan f1-score. Kinerja ini menunjukkan bahwa model mampu membedakan dengan tepat antara kelas benign (jinak) dan malignant (ganous).

Selama proses pengujian, dilakukan pula analisis terhadap parameter max_depth untuk menemukan kedalaman pohon yang optimal. Hasil menunjukkan bahwa dengan pengaturan kedalaman tertentu, model dapat mencapai keseimbangan antara akurasi tinggi dan kemampuan generalisasi tanpa mengalami overfitting. Selain itu, visualisasi struktur pohon keputusan memberikan gambaran yang jelas mengenai fitur-fitur yang paling berpengaruh dalam proses pengambilan keputusan model.

Secara keseluruhan, implementasi algoritma Decision Tree pada dataset Breast Cancer Wisconsin membuktikan bahwa metode ini efektif, mudah diinterpretasikan, dan memiliki tingkat akurasi yang sangat tinggi. Dengan demikian, Decision Tree dapat menjadi salah satu alternatif algoritma yang handal untuk permasalahan klasifikasi berbasis data medis, khususnya dalam mendeteksi potensi kanker payudara secara dini.

Referensi

<https://www.kaggle.com/datasets/uciml/breast-cancer-wisconsin-data>

Link Github Praktikum