Technical Report Mid Term Exam Machine Learning class



OLEH:

Agung Sulaksono Ramdhani (1103194071)

PROGRAM STUDI TEKNIK KOMPUTER
FAKULTAS TEKNIK ELEKTRO
UNIVERSITAS TELKOM
2023

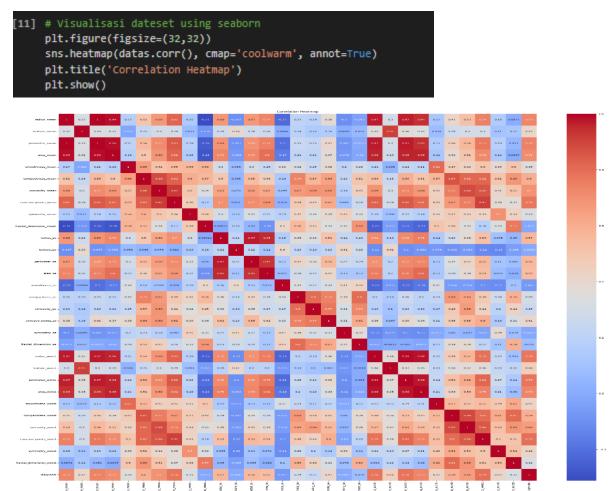
Pendahuluan

Kanker payudara adalah bentuk umum dari kanker yang menyerang wanita. Deteksi dini kanker payudara sangat penting untuk pengobatan yang efektif. Ini dapat dicapai dengan menggunakan teknik pembelajaran mesin untuk menganalisis data terkait kanker payudara. Dalam laporan teknis ini, kami akan mengeksplorasi penggunaan seaborn, pohon keputusan, hutan acak, dan pelatihan mandiri menggunakan dataset kanker payudara.

Dataset Kanker Payudara Wisconsin berisi informasi tentang 569 pasien kanker payudara. Dataset mencakup 30 fitur yang menggambarkan karakteristik sel yang ada dalam massa payudara. Variabel target adalah biner - ganas atau jinak. Dataset diproses sebelumnya dan tidak mengandung nilai yang hilang.

1. Seaborn

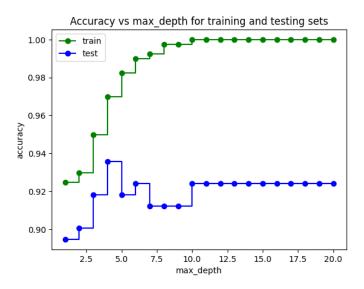
Seaborn adalah perpustakaan visualisasi data dengan Python yang dibangun di atas matplotlib. Ini menyediakan antarmuka tingkat tinggi untuk membuat grafik statistik yang informatif dan menarik. Seaborn dapat digunakan untuk memplot berbagai jenis grafik seperti plot pencar, plot garis, plot batang, histogram, dan peta panas. Dalam konteks dataset kanker payudara, seaborn dapat digunakan untuk memplot matriks korelasi antara variabel yang berbeda, plot kotak untuk membandingkan berbagai kategori, dan plot biola untuk memvisualisasikan distribusi data.



2. Decision Tree

Decision Tree adalah struktur seperti pohon yang mewakili serangkaian keputusan dan kemungkinan konsekuensinya. Ini adalah algoritma pembelajaran mesin yang digunakan untuk tugas klasifikasi dan regresi. Dalam konteks dataset kanker payudara, pohon keputusan dapat digunakan untuk memprediksi apakah suatu tumor ganas atau jinak berdasarkan fitur masukan seperti ukuran, tekstur, dan bentuk tumor.

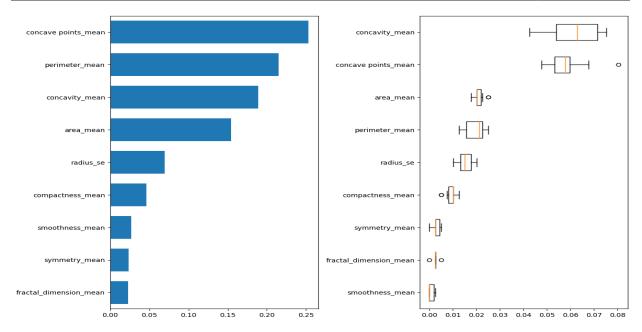
```
#DECISION TREE
from sklearn.tree import DecisionTreeClassifier
from sklearn.metrics import accuracy_score
from sklearn.model_selection import train_test_split
predictors = datas.columns[2:11]
target = "diagnosis"
X = datas.loc[:, predictors]
y = datas[target]
X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.3, random_state=42)
clf = DecisionTreeClassifier(random_state=42)
clf.fit(X_train, y_train)
y_pred = clf.predict(X_test)
acc = accuracy_score(y_test, y_pred)
print("Accuracy %s" % round(acc*100,2))
depth_range = range(1, 21)
train_scores = []
test_scores = []
for depth in depth_range:
   clf = DecisionTreeClassifier(max_depth=depth, random_state=42)
   clf.fit(X_train, y_train)
   train_scores.append(clf.score(X_train, y_train))
   test_scores.append(clf.score(X_test, y_test))
fig, ax = plt.subplots()
ax.set xlabel("max depth")
ax.set_ylabel("accuracy")
ax.set_title("Accuracy vs max_depth for training and testing sets")
ax.plot(depth_range, train_scores, marker="o", label="train", drawstyle="steps-post",color='green')
ax.plot(depth_range, test_scores, marker="o", label="test", drawstyle="steps-post",color='blue')
ax.legend()
plt.show()
```



3. Random Forest

Random Forest adalah algoritme pembelajaran ansambel yang menggabungkan beberapa pohon keputusan untuk meningkatkan akurasi dan ketahanan model. Dalam konteks dataset kanker payudara, hutan acak dapat digunakan untuk memprediksi apakah suatu tumor ganas atau jinak berdasarkan fitur masukan seperti ukuran, tekstur, dan bentuk tumor. Keuntungan menggunakan Random Forest adalah dapat menangani sejumlah besar fitur masukan dan dapat menghindari overfitting.

```
from sklearn.inspection import permutation_importance
from sklearn.ensemble import RandomForestClassifier
rf = RandomForestClassifier()
rf.fit(X_train, y_train)
scores = cross_val_score(rf, X_train, y_train, scoring='accuracy', cv=10).mean()
print("Accuracy %s" % round(scores*100,2))
result = permutation_importance(rf, X_train, y_train, n_repeats=10, random_state=42)
perm_sorted_idx = result.importances_mean.argsort()
tree_importance_sorted_idx = np.argsort(rf.feature_importances_)
tree_indices = np.arange(0, len(rf.feature_importances_)) + 0.5
fig, (ax1, ax2) = plt.subplots(1, 2, figsize=(12, 8))
ax1.barh(tree_indices, rf.feature_importances_[tree_importance_sorted_idx], height=0.7)
ax1.set_yticks(tree_indices)
ax1.set_yticklabels(X_train.columns[tree_importance_sorted_idx])
ax1.set_ylim((0, len(rf.feature_importances_)))
ax2.boxplot(
   result.importances[perm_sorted_idx].T,
   vert=False,
    labels=X_train.columns[perm_sorted_idx],
fig.tight_layout()
plt.show()
```



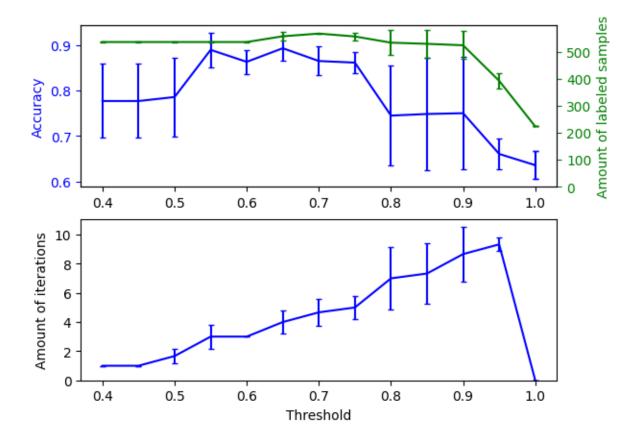
4. Self Training

Self Training adalah algoritme pembelajaran semi-diawasi yang menggunakan data berlabel dan tidak berlabel untuk meningkatkan kinerja model. Dalam konteks kumpulan data kanker payudara, pelatihan mandiri dapat digunakan untuk mengklasifikasikan tumor sebagai ganas atau jinak berdasarkan fitur masukan. Algoritme pertama-tama melatih model pada data berlabel dan kemudian menggunakan model ini untuk memprediksi label dari data yang tidak berlabel. Label yang diprediksi kemudian ditambahkan ke data berlabel dan model dilatih ulang pada data gabungan. Proses ini diulang sampai kinerja model konvergen.

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn import datasets
from sklearn.svm import SVC
from sklearn.model selection import StratifiedKFold
from sklearn.semi supervised import SelfTrainingClassifier
from sklearn.metrics import accuracy score
from sklearn.utils import shuffle
n \text{ splits} = 3
X, y = datasets.load breast cancer(return X y=True)
X, y = \text{shuffle}(X, y, random state=42)
y true = y.copy()
y[50:] = -1
total samples = y.shape[0]
base classifier = SVC(probability=True, gamma=0.001, random_state=42)
x \text{ values} = \text{np.arange}(0.4, 1.05, 0.05)
x values = np.append(x values, 0.99999)
scores = np.empty((x values.shape[0], n splits))
amount labeled = np.empty((x values.shape[0], n splits))
amount_iterations = np.empty((x_values.shape[0], n_splits))
for i, threshold in enumerate(x values):
    self training clf = SelfTrainingClassifier(base classifier, threshold=
threshold)
    skfolds = StratifiedKFold(n splits=n splits)
    for fold, (train index, test index) in enumerate(skfolds.split(X, y)):
```

```
X train = X[train index]
        y train = y[train index]
        X test = X[test index]
        y test = y[test index]
        y test true = y true[test index]
        self training clf.fit(X train, y train)
        amount labeled[i, fold] = (
            total samples
            - np.unique(self training clf.labeled iter , return counts=Tru
e)[1][0]
        amount iterations[i, fold] = np.max(self training clf.labeled iter
        y pred = self training clf.predict(X test)
        scores[i, fold] = accuracy score(y test true, y pred)
ax1 = plt.subplot(211)
ax1.errorbar(
   x values, scores.mean(axis=1), yerr=scores.std(axis=1), capsize=2, col
or="b"
ax1.set ylabel("Accuracy", color="b")
ax1.tick params("y", colors="b")
ax2 = ax1.twinx()
ax2.errorbar(
   x values,
    amount labeled.mean(axis=1),
    yerr=amount labeled.std(axis=1),
    capsize=2,
ax2.set ylim(bottom=0)
ax2.set ylabel("Amount of labeled samples", color="g")
ax2.tick_params("y", colors="g")
ax3 = plt.subplot(212, sharex=ax1)
ax3.errorbar(
  x values,
```

```
amount_iterations.mean(axis=1),
    yerr=amount_iterations.std(axis=1),
    capsize=2,
    color="b",
)
ax3.set_ylim(bottom=0)
ax3.set_ylabel("Amount of iterations")
ax3.set_xlabel("Threshold")
plt.show()
```



5. KESIMPULAN

Dalam technical report ini, kami mengeksplorasi penggunaan seaborn, pohon keputusan, hutan acak, dan pelatihan mandiri menggunakan kumpulan data kanker payudara. Seaborn dapat digunakan untuk visualisasi data, pohon keputusan dan hutan acak dapat digunakan untuk tugas klasifikasi, dan pelatihan mandiri dapat digunakan untuk meningkatkan kinerja model. Teknik ini dapat digunakan untuk menganalisis dataset kanker payudara dan memprediksi diagnosis tumor, yang dapat membantu dalam deteksi dini dan pengobatan kanker payudara.