# 1-praktikum-decision-tree-diabetes

October 15, 2024

Nama: Catherine V. Pang NRP, Kelas: 2C2220008, V/A Sains Data

MK Machine Learning Praktikum Pt (1) Decision Tree Kasus Diabetes

Sumber Materi: https://scikit-learn.org/1.5/modules/tree.html

### 1. Persiapan Lingkungan Kerja

Jalankan perintah berikut untuk mengimpor library yang dibutuhkan:

#### 2. Memuat Dataset

Dataset diabetes yang kamu unggah akan digunakan dalam latihan ini. Berikut kode untuk memuat dan melihat sekilas data:

```
[4]: # Memuat dataset
data = pd.read_csv('diabetes.csv')

# Menampilkan 5 baris pertama dataset
print(data.head())
```

	Pregnancies	Glucose	BloodPressure	SkinThickness	Insulin	BMI	\
0	6	148	72	35	0	33.6	
1	1	85	66	29	0	26.6	
2	8	183	64	0	0	23.3	
3	1	89	66	23	94	28.1	
4	0	137	40	35	168	43.1	

	${\tt DiabetesPedigreeFunction}$	Age	Outcome
0	0.627	50	1
1	0.351	31	0
2	0.672	32	1
3	0.167	21	0
4	2.288	33	1

### 3. Exploratory Data Analysis (EDA)

25%

50%

75%

27.300000

32.000000

36.600000

Lakukan analisis awal untuk memahami struktur dataset dan memeriksa data yang hilang:

```
[5]: # Menampilkan informasi dataset
     print(data.info())
     # Melihat statistik deskriptif dataset
     print(data.describe())
     # Memeriksa jumlah nilai kosong di setiap kolom
     print(data.isnull().sum())
    <class 'pandas.core.frame.DataFrame'>
    RangeIndex: 768 entries, 0 to 767
    Data columns (total 9 columns):
         Column
                                    Non-Null Count
                                                     Dtype
     0
         Pregnancies
                                    768 non-null
                                                     int64
     1
         Glucose
                                    768 non-null
                                                     int64
     2
         BloodPressure
                                    768 non-null
                                                     int64
     3
                                    768 non-null
         SkinThickness
                                                     int64
     4
         Insulin
                                    768 non-null
                                                     int64
     5
                                    768 non-null
                                                     float64
     6
         DiabetesPedigreeFunction
                                    768 non-null
                                                     float64
     7
                                    768 non-null
         Age
                                                     int64
         Outcome
                                    768 non-null
                                                     int64
    dtypes: float64(2), int64(7)
    memory usage: 54.1 KB
    None
           Pregnancies
                            Glucose
                                     BloodPressure
                                                     SkinThickness
                                                                        Insulin
            768.000000
                        768.000000
                                        768.000000
                                                        768.000000
                                                                    768.000000
    count
    mean
              3.845052 120.894531
                                         69.105469
                                                         20.536458
                                                                     79.799479
    std
              3.369578
                         31.972618
                                         19.355807
                                                         15.952218
                                                                   115.244002
    min
              0.000000
                           0.000000
                                          0.000000
                                                          0.000000
                                                                       0.000000
    25%
              1.000000
                          99.000000
                                         62.000000
                                                          0.000000
                                                                      0.000000
                                                         23.000000
    50%
              3.000000
                         117.000000
                                         72.000000
                                                                      30.500000
    75%
              6.000000
                         140.250000
                                         80.000000
                                                         32.000000
                                                                    127.250000
             17.000000
                         199.000000
                                        122.000000
                                                         99.000000
                                                                    846.000000
    max
                  BMI
                        DiabetesPedigreeFunction
                                                                   Outcome
                                                          Age
           768.000000
                                      768.000000
                                                   768.000000
                                                               768.000000
    count
            31.992578
                                        0.471876
                                                    33.240885
                                                                 0.348958
    mean
    std
             7.884160
                                        0.331329
                                                    11.760232
                                                                 0.476951
    min
             0.000000
                                        0.078000
                                                    21.000000
                                                                 0.000000
```

0.243750

0.372500

0.626250

24.000000

29.000000

41.000000

0.000000

0.000000

1.000000

max	67.100000		2.420000	81.000000	1.000000
Pregnancies		0			
Glucose		0			
BloodPressure		0			
SkinThickness		0			
Insulin		0			
BMI		0			
DiabetesPedigreeFunction		0			
Age		0			
Outcome		0			
dtype:	int64				

#### 4. Memisahkan Fitur dan Label

Pisahkan fitur dan label, serta lakukan pembagian data training dan testing:

```
[6]: # Pisahkan fitur (X) dan label (y)

X = data.drop('Outcome', axis=1) # Fitur

y = data['Outcome'] # Label

# Membagi data menjadi training dan testing (80:20)

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(X, y, test_size=0.2, □

□ random_state=42)
```

### 5. Membangun Model Decision Tree

Gunakan DecisionTreeClassifier dari Scikit-Learn untuk membangun model:

```
[7]: # Inisialisasi model Decision Tree
model = DecisionTreeClassifier(random_state=42)

# Melatih model dengan data training
model.fit(X_train, y_train)
```

[7]: DecisionTreeClassifier(random\_state=42)

### 6. Evaluasi Model

Setelah model dilatih, lakukan prediksi dan evaluasi hasilnya:

```
[8]: # Melakukan prediksi pada data test
y_pred = model.predict(X_test)

# Evaluasi menggunakan confusion matrix dan accuracy score
print("Confusion Matrix:")
print(confusion_matrix(y_test, y_pred))

print("\nClassification Report:")
print(classification_report(y_test, y_pred))
```

```
print(f"\nAccuracy Score: {accuracy_score(y_test, y_pred):.2f}")
```

### Confusion Matrix:

[[75 24] [15 40]]

### Classification Report:

	precision	recall	f1-score	support
0	0.83	0.76	0.79	99
1	0.62	0.73	0.67	55
accuracy			0.75	154
macro avg	0.73	0.74	0.73	154
weighted avg	0.76	0.75	0.75	154

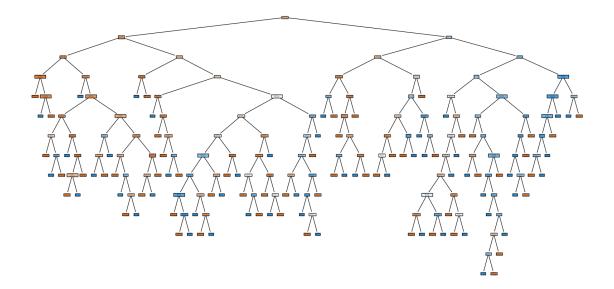
Accuracy Score: 0.75

### 7. Visualisasi Decision Tree

Struktur Decision Tree yang terbentuk:

```
[9]: from sklearn.tree import plot_tree import matplotlib.pyplot as plt

plt.figure(figsize=(20, 10))
plot_tree(model, filled=True, feature_names=X.columns,u
class_names=['Non-Diabetic', 'Diabetic'])
plt.show()
```



#### 8. Interpretasi Hasil

Confusion Matrix: Memberikan insight mengenai jumlah prediksi benar dan salah untuk setiap kelas.

Accuracy Score: Proporsi prediksi benar terhadap seluruh prediksi.

Classification Report: Menyediakan metrik tambahan seperti precision, recall, dan F1-score.

#### Dari hasil di atas diperoleh:

#### 1. Confusion Matrix:

 $[[75 \ 24]]$ 

 $[15 \ 40]]$ 

#### Artinya:

- 75: True Negative (Kelas 0 sebanyak 75 data diprediksi benar sebagai 0).
- 24: False Positive (Kelas 0 sebanyak 24 data diprediksi sebagai 1, namun seharusnya 0).
- 15: False Negative (Kelas 1 sebanyak 15 data diprediksi sebagai 0, namun seharusnya 1).
- 40: True Positive (Kelas 1 sebanyak 40 data diprediksi benar sebagai 1).

### Insight:

Model berhasil memprediksi 75 kasus dari kelas 0 dan 40 kasus dari kelas 1 dengan benar. Namun, terdapat 24 kesalahan di mana kelas 0 diprediksi sebagai kelas 1, dan 15 kesalahan di mana kelas 1 diprediksi sebagai kelas 0.

#### 2. Classification Report:

Classification report memberikan metrik penting untuk setiap kelas, yaitu precision, recall, dan F1-score.

Kelas 0 (Non-Diabetes):

- Precision: 0.83 Dari semua prediksi kelas 83% di antaranya benar.
- Recall: 0.76 Dari seluruh sampel kelas 76% terdeteksi dengan benar.
- F1-score: 0.79 Rata-rata harmonis dari precision dan recall untuk kelas 0.

#### Kelas 1 (Diabetes):

- Precision: 0.62 Dari semua prediksi kelas 1, sebanyak 62% di antaranya benar.
- Recall: 0.73 Dari seluruh sampel kelas 1, sebanyak 73% terdeteksi dengan benar.
- F1-score: 0.67 Rata-rata harmonis dari precision dan recall untuk kelas 1.

### 3. Accuracy Score:

Accuracy: 0.75

Artinya, model ini memiliki akurasi 75%, atau 75% dari seluruh prediksi model adalah benar.

#### Analisis dan Kesimpulan:

- Kelas 0 memiliki precision yang lebih tinggi (0.83) dibandingkan kelas 1 (0.62). Artinya, model lebih baik dalam mengidentifikasi kelas 0 dibandingkan kelas 1.
- Recall kelas 1 (0.73) menunjukkan bahwa model cukup baik dalam mendeteksi sampel kelas 1, meskipun ada beberapa yang salah terdeteksi sebagai kelas 0.
- F1-score untuk kelas 1 lebih rendah (0.67) dibandingkan kelas 0 (0.79), menunjukkan bahwa keseimbangan antara precision dan recall untuk kelas 1 kurang optimal.

## 1 Langkah-Langkah Tugas

### 1.0.1 Bagian 1: Eksperimen dengan Hyperparameter Tuning

#### 1. Modifikasi Hyperparameter:

Ubah nilai max\_depth dan min\_samples\_split untuk melihat dampaknya pada performa model.

Gunakan kombinasi berikut:

```
\label{eq:max_depth} \begin{split} &\texttt{max\_depth} = 3, \texttt{min\_samples\_split} = 5 \\ &\texttt{max\_depth} = 5, \texttt{min\_samples\_split} = 10 \\ &\texttt{max\_depth} = \text{None}, \texttt{min\_samples\_split} = 2 \end{split}
```

### 2. Koding:

Implementasikan perubahan tersebut dan cetak accuracy score untuk setiap kombinasi parameter.

```
max_depth=3, min_samples_split=5 -> Accuracy: 0.76
max_depth=5, min_samples_split=10 -> Accuracy: 0.79
max_depth=None, min_samples_split=2 -> Accuracy: 0.75
```

#### 3. Pertanyaan:

a. Dari kombinasi parameter di atas, mana yang menghasilkan akurasi terbaik?

Berdasarkan hasil Max Depth 3 minimal sample split 5 didapatkan akurasi 76%, Max Depth 5 minimal sample split 10 didapatkan akurasi 79% dan Max Depth None minimal sample split 2 didapatkan akurasi 75%. Maka dapat dilihat kombinasi parameter dengan akurasi terbaik adalah

Max Depth 5 dan Minimal Sample Splitnya 10. Kombinasi parameter tersebut menghasilkan nilai akurasi paling tinggi dibandingkan kombinasi parameter lainnya yaitu dengan nilai 79%.

b. Mengapa kombinasi tertentu lebih baik dibandingkan yang lain?

### 1. Keseimbangan antara kompleksitas dan generalisasi:

• Max Depth 5 memberikan kedalaman pohon yang cukup untuk menangkap pola penting dalam data tanpa menjadi terlalu kompleks. Kedalaman yang lebih dalam memungkinkan pohon untuk membuat lebih banyak keputusan yang memisahkan data secara lebih spesifik, namun jika terlalu dalam, pohon bisa menjadi terlalu sensitif terhadap data pelatihan (overfitting). Dengan kedalaman maksimal 5, pohon masih mampu mempelajari data dengan baik tanpa berlebihan.

### 2. Minimal Sample Split 10:

• Minimal Sample Split menentukan jumlah minimum sampel yang diperlukan untuk memecah sebuah node. Nilai yang lebih tinggi (10 dalam kasus ini) mencegah pohon memecah node jika jumlah sampel di node tersebut terlalu kecil, yang bisa mengarah pada overfitting jika sampel terlalu sedikit. Kombinasi ini membantu menjaga pohon tetap sederhana dan menghindari pembelahan yang tidak diperlukan pada node dengan data kecil yang tidak signifikan.

### 3. Kombinasi parameter lain (Max Depth 3 dan None):

- Max Depth 3 mungkin terlalu dangkal, yang bisa mengakibatkan model gagal menangkap semua pola penting dalam data, sehingga menghasilkan akurasi yang lebih rendah (76%).
- Max Depth None tidak membatasi kedalaman pohon, yang bisa menyebabkan over-fitting karena pohon mungkin terlalu dalam dan mempelajari noise dari data, sehingga performanya menurun pada data yang belum pernah dilihat (akurasi 75%).

Dengan kata lain, kombinasi Max Depth 5 dan Minimal Sample Split 10 memungkinkan pohon keputusan untuk mempelajari pola yang cukup detail tanpa terlalu kompleks, sehingga memberikan **generalization** yang lebih baik dan menghasilkan akurasi tertinggi di antara kombinasi parameter lainnya.

### 1.0.2 Bagian 2: Analisis Feature Importance

### 1. Feature Importance:

Identifikasi fitur mana yang paling mempengaruhi keputusan model. Menggunakan kode berikut untuk melihat feature importance:

```
[11]: # Mendapatkan importance dari setiap fitur
importances = model.feature_importances_

# Membuat DataFrame untuk menampilkan importance setiap fitur
feature_importance_df = pd.DataFrame({
    'Feature': X.columns,
    'Importance': importances
}).sort_values(by='Importance', ascending=False)

print(feature_importance_df)
```

	Feature	Importance
1	Glucose	0.314225
5	BMI	0.170700
2	BloodPressure	0.147679
7	Age	0.099215
6	${\tt DiabetesPedigreeFunction}$	0.083282
4	Insulin	0.066253
3	${f SkinThickness}$	0.061164
0	Pregnancies	0.057482

### 2. Pertanyaan:

a. Sebutkan tiga fitur terpenting menurut model?

Berdasarkan Feature Importance yang diberikan, tiga fitur terpenting adalah: Glucose 31%, BMI 17% dan Blood Pressure 14%.

b. Apakah hasil tersebut sesuai ekspektasi? Mengapa atau mengapa tidak?

Hasil tersebut sesuai ekspektasi, terutama berdasarkan domain ilmu di bidang kesehatan dan diabetes. Alasannya: - Glukosa (Glucose): Sesuai ekspektasi, karena kadar glukosa dalam darah adalah indikator utama untuk mengidentifikasi diabetes. Diabetes terjadi ketika tubuh tidak bisa mengatur kadar glukosa dengan baik, sehingga wajar jika fitur ini menjadi yang paling penting dalam memprediksi diabetes. [1]

- BMI (Body Mass Index): Sesuai ekspektasi, karena BMI berkaitan dengan obesitas, yang merupakan salah satu faktor risiko utama untuk diabetes tipe 2. Orang dengan BMI tinggi sering kali memiliki resistensi insulin, sehingga hubungan antara BMI dan diabetes sudah dikenal luas. [2]
- Tekanan Darah (Blood Pressure): Juga sesuai ekspektasi, karena tekanan darah yang tinggi sering dikaitkan dengan resistensi insulin dan sindrom metabolik, yang merupakan faktor risiko penting untuk diabetes. [3]

Fitur lain seperti Age dan Diabetes Pedigree Function juga relevan, tetapi lebih rendah kepentingannya. Usia memang faktor risiko untuk berbagai penyakit kronis, termasuk diabetes, dan Diabetes Pedigree Function mengukur riwayat keluarga yang juga penting, namun mungkin tidak setinggi pengaruh glukosa atau BMI dalam menentukan risiko diabetes secara langsung. Jadi, model menunjukkan pola yang konsisten dengan pengetahuan medis tentang diabetes.

#### Catatan kaki:

- [1] Sabu, C., Henna, T., Raphey, V., Nivitha, K., & Pramod, K. (2019). Advanced biosensors for glucose and insulin.. Biosensors & bioelectronics, 141, 111201 . https://doi.org/10.1016/J.BIOS.2019.03.034.
- [2] Lee, D., Keum, N., Hu, F., Orav, E., Rimm, E., Willett, W., & Giovannucci, E. (2018). Comparison of the association of predicted fat mass, body mass index, and other obesity indicators with type 2 diabetes risk: two large prospective studies in US men and women. European Journal of Epidemiology, 33, 1113-1123. https://doi.org/10.1007/s10654-018-0433-5.
- [3] Ferrannini, E., Buzzigoli, G., Bonadonna, R., Giorico, M., Oleggini, M., Graziadei, L., Pedrinelli, R., Brandi, L., & Bevilacqua, S. (1987). Insulin resistance in essential hypertension. The New England journal of medicine, 317 6, 350-7. https://doi.org/10.1056/NEJM198708063170605.

#### 1.0.3 Bagian 3: Evaluasi Model dengan Cross-Validation

1. Koding: Gunakan cross-validation untuk memastikan model tidak overfitting. Gunakan 5-fold cross-validation.

```
[12]: from sklearn.model_selection import cross_val_score

model = DecisionTreeClassifier(random_state=42)
scores = cross_val_score(model, X, y, cv=5)

print(f"Cross-Validation Scores: {scores}")
print(f"Mean Accuracy: {scores.mean():.2f}")
```

```
Cross-Validation Scores: [0.71428571 0.66233766 0.64935065 0.81045752 0.74509804]
```

Mean Accuracy: 0.72

### 2. Pertanyaan:

a. Apakah ada perbedaan signifikan antara akurasi model pada setiap fold?

Ada sedikit perbedaan antara akurasi model pada setiap fold, tetapi perbedaannya tidak terlalu signifikan. Akurasi pada setiap fold adalah:

- 0.7143
- 0.6623
- 0.6494
- 0.8105
- 0.7451

Rentang akurasi adalah dari 0.6494 hingga 0.8105, yang menunjukkan variasi sekitar 0.16 antara nilai terendah dan tertinggi. Ini menunjukkan adanya variabilitas antara performa model pada setiap fold, namun perbedaannya tidak sangat besar, dan model tetap cukup konsisten di antara fold.

b. Apa arti dari rata-rata akurasi cross-validation?

Rata-rata akurasi cross-validation sebesar 0.72 adalah nilai rata-rata dari semua akurasi yang diperoleh dari setiap fold dalam cross-validation. Artinya, secara keseluruhan, model diharapkan memiliki akurasi sekitar 72% dalam memprediksi data baru yang tidak terlihat, jika kita menerapkan model tersebut di luar data pelatihan.

Rata-rata ini memberikan gambaran tentang kinerja umum model di berbagai subset data, sehingga membantu mengevaluasi seberapa baik model tersebut akan bekerja pada data yang berbeda, sekaligus mengurangi risiko overfitting.