

## Abstrak

Kanker merupakan salah satu penyebab kematian manusia terbanyak di dunia. Diperkirakan penderita kanker terus meningkat setiap tahunnya. Kanker yang dapat terdeteksi lebih dini memiliki probabilitas lebih tinggi untuk mendapatkan penanganan yang lebih cepat dan tepat. Salah satu caranya dengan menggunakan teknologi *Microarray*. Teknologi *Microarray* dapat menganalisis ribuan profil gene expression dalam waktu yang bersamaan. Dengan melakukan analisa terhadap data *Microarray* selanjutnya dapat diketahui apakah seseorang terkena kanker atau tidak. Namun, permasalahan dalam data *Microarray* adalah jumlah atribut yang jauh lebih banyak dibandingkan sampel sehingga perlu dilakukannya reduksi dimensi. Untuk mengatasi hal tersebut, penulis menggunakan salah satu teknik reduksi dimensi yaitu *Principal Component Analysis* (PCA) dan menggunakan 2 metode klasifikasi yaitu *Naïve Bayes* dan *Support Vector Machine* (SVM), yang selanjutnya akan dibandingkan dan dianalisa hasil performansi dari kedua metode tersebut untuk mencari mana yang lebih baik. Akurasi dari hasil penelitian ini menunjukkan 4 dari 5 data kanker mendapatkan akurasi sebesar 77-96% sedangkan 1 data lainnya yaitu data *breast cancer* mendapatkan akurasi terkecil yaitu 54.6%.

Kata kunci : Kanker, *Microarray*, Reduksi Dimensi, *Principal Component Analysis* (PCA), *Naïve Bayes*, *Support Vector Machine* (SVM).