



**UNIVERSITAS INDONESIA**

**METODE SELEKSI FITUR BERBASIS PERANKINGAN BOBOT  
SECARA MULTI STEP MENGGUNAKAN DEEP LEARNING UNTUK  
PENCARIAN BIOMARKER PADA DATA MICROARRAY**

**THESIS**

**MUKHLIS AMIEN**

**1406522102**

**FAKULTAS ILMU KOMPUTER  
PROGRAM STUDI MAGISTER ILMU KOMPUTER  
DEPOK  
JUNI 2016**



**UNIVERSITAS INDONESIA**

**METODE SELEKSI FITUR BERBASIS PERANKINGAN BOBOT  
SECARA MULTI STEP MENGGUNAKAN DEEP LEARNING UNTUK  
PENCARIAN BIOMARKER PADA DATA MICROARRAY**

**THESIS**

**Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar  
Master**

**MUKHLIS AMIEN**

**1406522102**

**FAKULTAS ILMU KOMPUTER  
PROGRAM STUDI MAGISTER ILMU KOMPUTER  
DEPOK  
JUNI 2016**

## HALAMAN PERSETUJUAN

**Judul** : Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot Secara Multi Step Menggunakan Deep Learning untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray  
**Nama** : Mukhlis Amien  
**NPM** : 1406522102

Laporan Thesis ini telah diperiksa dan disetujui.

XX Januari 2016

Ito Wasito PhD.  
Pembimbing Thesis

## **HALAMAN PERNYATAAN ORISINALITAS**

**Thesis ini adalah hasil karya saya sendiri,  
dan semua sumber baik yang dikutip maupun dirujuk  
telah saya nyatakan dengan benar.**

**Nama : Mukhlis Amien**  
**NPM : 1406522102**  
**Tanda Tangan :**

**Tanggal : XX Januari 2016**

## HALAMAN PENGESAHAN

Thesis ini diajukan oleh :  
Nama : Mukhlis Amien  
NPM : 1406522102  
Program Studi : Magister Ilmu Komputer  
Judul Thesis : Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot Secara Multi Step Menggunakan Deep Learning untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray

**Telah berhasil dipertahankan di hadapan Dewan Penguji dan diterima sebagai bagian persyaratan yang diperlukan untuk memperoleh gelar Master pada Program Studi Magister Ilmu Komputer, Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Indonesia.**

## DEWAN PENGUJI

Pembimbing : Ito Wasito PhD. ( )

Penguji : Prof. XXX ( )

Penguji : Prof. XXXX ( )

Penguji : Prof. XXXXXX ( )

**@todo**

Jangan lupa mengisi nama para penguji.

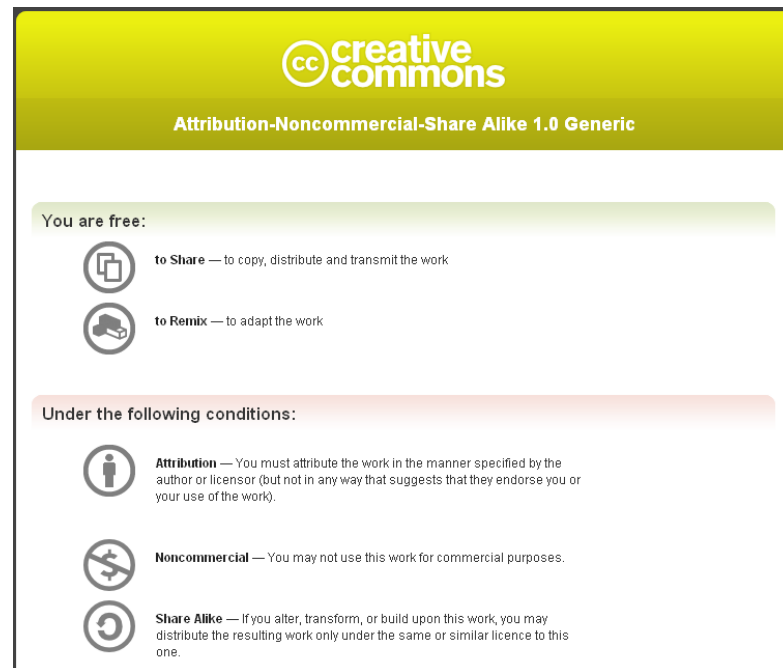
Ditetapkan di : Depok  
Tanggal : XX Januari 2016

## KATA PENGANTAR

Template ini disediakan untuk orang-orang yang berencana menggunakan  $\text{\LaTeX}$  untuk membuat dokumen tugas akhirnya. Mengapa  $\text{\LaTeX}$ ? Ada banyak hal mengapa menggunakan  $\text{\LaTeX}$ , diantaranya:

1. pertama
  2. kedua
  3. ketiga
1.  $\text{\LaTeX}$  membuat kita jadi lebih fokus terhadap isi dokumen, bukan tampilan atau halaman.
  2.  $\text{\LaTeX}$  memudahkan dalam penulisan persamaan matematis.
  3. Adanya otomatis dalam penomoran caption, bab, subbab, subsubbab, referensi, dan rumus.
  4. Adanya otomatisasi dalam pembuatan daftar isi, daftar gambar, dan daftar tabel.
  5. Adanya kemudahan dalam memberikan referensi dalam tulisan dengan menggunakan label. Cara ini dapat meminimalkan kesalahan pemberian referensi.

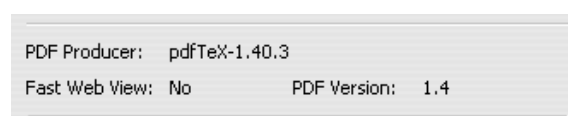
Template ini bebas digunakan dan didistribusikan sesuai dengan aturan *Creative Common License 1.0 Generic*, yang secara sederhana berisi:



**Gambar 1:** *Creative Common License 1.0 Generic*

Gambar 1 diambil dari [http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/1.0/deed.en\\_CA](http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/1.0/deed.en_CA). Jika ingin mengetahui lebih lengkap mengenai *Creative Common License 1.0 Generic*, silahkan buka <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/1.0/legalcode>. Seluruh dokumen yang dibuat dengan menggunakan template ini sepenuhnya menjadi hak milik pembuat dokumen dan bebas didistribusikan sesuai dengan keperluan masing-masing. Lisensi hanya berlaku jika ada orang yang membuat template baru dengan menggunakan template ini sebagai dasarnya.

Dokumen ini dibuat dengan  $\text{\LaTeX}$  juga. Untuk meyakinkan Anda, coba lihat properti dari dokumen ini dan Anda akan menemukan bagian seperti Gambar 2. Dokumen ini dimaksudkan untuk memberikan gambaran kepada Anda seperti apa mudahnya menggunakan  $\text{\LaTeX}$  dan juga memperlihatkan betapa bagus dokumen yang dihasilkan. Seluruh url yang Anda temukan dapat Anda klik. Seluruh referensi yang ada juga dapat diklik. Untuk mengerti template yang disediakan, Anda tetap harus membuka kode  $\text{\LaTeX}$  dan bermain-main dengannya. Penjelasan dalam PDF ini masih bersifat gambaran dan tidak begitu mendetail, dapat dianggap sebagai pengantar singkat. Jika Anda merasa kesulitan dengan template ini, mungkin ada baiknya Anda belajar sedikit dasar-dasar  $\text{\LaTeX}$ .



**Gambar 2:** Dokumen Dibuat dengan PDF $\text{\LaTeX}$

Semoga template ini dapat membantu orang-orang yang ingin mencoba menggunakan  $\text{\LaTeX}$ . Semoga template ini juga tidak berhenti disini dengan ada kontribusi dari para penggunanya. Kami juga ingin berterima kasih kepada Andreas Febrian, Lia Sadita, Fahrurrozi Rahman, Andre Tampubolon, dan Erik Dominikus atas kontribusinya dalam template ini.

Depok, 30 Desember 2009

Mukhlis Amien



## HALAMAN PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI TUGAS AKHIR UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS

Sebagai sivitas akademik Universitas Indonesia, saya yang bertanda tangan di bawah ini:

**Nama** : Mukhlis Amien  
**NPM** : 1406522102  
**Program Studi** : Magister Ilmu Komputer  
**Fakultas** : Ilmu Komputer  
**Jenis Karya** : Thesis

demikian pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Indonesia **Hak Bebas Royalti Noneksklusif (Non-exclusive Royalty Free Right)** atas karya ilmiah saya yang berjudul:

Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot Secara Multi Step  
Menggunakan Deep Learning untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray

beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/formatkan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (database), merawat, dan memublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.

Dibuat di : Depok  
Pada tanggal : XX Januari 2016  
Yang menyatakan

(Mukhlis Amien)

## ABSTRAK

Nama : Mukhlis Amien  
Program Studi : Magister Ilmu Komputer  
Judul : Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot Secara Multi Step Menggunakan Deep Learning untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray

Data ekspresi gen pada percobaan microarray memiliki ciri khas yaitu jumlah sampel yang sedikit dengan dimensi fitur yang sangat banyak. Algoritma *clustering* dan algoritma *deep learning* merupakan dua algoritma *unsupervised learning*, yang bisa membantu menganalisa data ekspresi gen. Algoritma pemilihan fitur digunakan untuk mendapatkan fitur gen yang paling penting. Dan kemudian akan digunakan algoritma *clustering* untuk mendapatkan struktur cluster dari data ekspresi gen. Pemilihan fitur yang paling informatif dari suatu kasus percobaan microarray, merupakan masalah yang ada pada pemrosesan data ekspresi gen. Sehingga diperlukan eksplorasi lebih lanjut untuk pemilihan fiturnya. Seleksi fitur gen, berdasarkan ranking bobot yang dihasilkan oleh *deep learning*, diharapkan dapat memecahkan masalah seleksi fitur tersebut. Sedangkan metode clustering yang dipakai adalah: Cluster Affinity Search Technique (CAST) , K-Means Clustering dan Hierarchical Clustering. Deep learning adalah metode pembelajaran mesin yang merupakan bagian dari algoritma neural network, metode deep learning yang sering dipakai adalah arsitektur deep believe network (DBN). Pendekatan unsupervised learning pada deep learning dan clustering, diharapkan dapat digunakan untuk membantu peneliti dalam menganalisa data ekspresi gen-nya.

Kata Kunci:

*Microarray, ekspresi gen, Algoritma Clustering, feature selection, deep learning, unsupervised learning.*

## ABSTRACT

Name : Mukhlis Amien  
Program : Magister Ilmu Komputer  
Title : FEATURE SELECTION METHOD BASED ON MULTI STEP  
WEIGHT RANKING USING DEEP LEARNING TO SEARCH  
BIOMARKER IN LUNG CANCER MICROARRAY DATA SET

Microarray technology has made possible the profiling of gene expressions of the entire genome in a single hybridization experiment. Since microarray data acquire tens of thousands of gene expression values simultaneously. However, the number of sample usually small. Feature selection and clustering algorithm for microarray data analysis is useful to extract cluster structure and to reduce the high dimensional microarray data and reconstruct to lower dimensional with minimum error possible. Deep learning and clustering is a machine learning method. In this research we will investigate the effectiveness of clustering after or prior dimensionality reduction. The most common deep learning architecture used for dimensionality reduction is deep believe network (DBN) and stacked auto encoder (SAE). Pre training unsupervised learning and greedy layer wise training approach are expected for better dimensionality reduction in microarray datasets compared with other methods.

Keywords:

*Microarray, ekspresi gen, Algoritma Clustering, feature selection, deep learning, unsupervised learning.*

## DAFTAR ISI

<b>HALAMAN JUDUL</b>	<b>i</b>
<b>LEMBAR PERSETUJUAN</b>	<b>ii</b>
<b>LEMBAR PERNYATAAN ORISINALITAS</b>	<b>iii</b>
<b>LEMBAR PENGESAHAN</b>	<b>iv</b>
<b>KATA PENGANTAR</b>	<b>v</b>
<b>LEMBAR PERSETUJUAN PUBLIKASI ILMIAH</b>	<b>viii</b>
<b>ABSTRAK</b>	<b>ix</b>
<b>Daftar Isi</b>	<b>xi</b>
<b>Daftar Gambar</b>	<b>xiii</b>
<b>Daftar Tabel</b>	<b>xiv</b>
<b>1 PENDAHULUAN</b>	<b>1</b>
1.1 Latar Belakang . . . . .	1
1.2 Perumusan Masalah . . . . .	2
1.2.1 Definisi Permasalahan . . . . .	3
1.2.2 Batasan Permasalahan . . . . .	3
1.3 Tujuan . . . . .	3
1.4 Posisi Penelitian . . . . .	3
1.5 Manfaat Penelitian . . . . .	3
1.6 Sistematika Penulisan . . . . .	4
<b>2 LANDASAN TEORI</b>	<b>5</b>
2.1 L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X Secara Singkat . . . . .	5
2.2 L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X Kompiler dan IDE . . . . .	6
2.3 Bold, Italic, dan Underline . . . . .	6
2.4 Memasukan Gambar . . . . .	7
2.5 Membuat Tabel . . . . .	7

<b>3</b>	<b>METODOLOGI PENELITIAN</b>	<b>9</b>
3.1	Satu Persamaan . . . . .	9
3.2	Lebih dari Satu Persamaan . . . . .	9
<b>4</b>	<b>HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN</b>	<b>11</b>
4.1	thesis.tex . . . . .	11
4.2	laporan_setting.tex . . . . .	11
4.3	istilah.tex . . . . .	11
4.4	hype.indonesia.tex . . . . .	11
4.5	pustaka.tex . . . . .	12
4.6	bab[1 - 6].tex . . . . .	12
<b>5</b>	<b>KESIMPULAN DAN SARAN</b>	<b>13</b>
5.1	Kesimpulan . . . . .	13
5.2	Saran . . . . .	13
	<b>Daftar Referensi</b>	<b>14</b>
	<b>LAMPIRAN</b>	<b>1</b>
	<b>Lampiran 1</b>	<b>2</b>

## DAFTAR GAMBAR

1	<i>Creative Common License 1.0 Generic</i> . . . . .	vi
2	Dokumen Dibuat dengan PDFLatex . . . . .	vii
2.1	<i>Creative Common License 1.0 Generic.</i> . . . .	7

## DAFTAR TABEL

2.1	Contoh Tabel . . . . .	7
2.2	An Example of Rows Spanning Multiple Columns . . . . .	8
2.3	An Example of Columns Spanning Multiple Rows . . . . .	8
2.4	An Example of Spanning in Both Directions Simultaneously . . . .	8

# BAB 1

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Data ekspresi gen pada percobaan *microarray* memiliki ciri khas yaitu dimensi fitur gen yang jauh lebih besar dibandingkan dengan sampel pasien yang sedikit dikarenakan oleh mahalanya percobaan dan terbatasnya pasien. Hal ini menyebabkan masalah pada penerapan teknik machine learning untuk pengenalan pola penyakit yang diinginkan. Oleh karena itu, dalam menyederhanakan data ekspresi gen tersebut, dibutuhkan metode seleksi fitur untuk mempermudah melakukan analisa gen dengan menyeleksi gen-gen yang dibutuhkan saja. (Yoon et al., 2006). Menurut penelitian Yoon et al. (2006) dan Bandyopadhyay et al. (2014) tidak semua gen yang didapat dari percobaan microarray tersebut adalah gen yang informatif, bahkan jumlah ekspresi gen yang informatif untuk kasus yang diinginkan misalnya untuk pengenalan sel kanker, sangat sedikit dibandingkan dengan keseluruhan ekspresi gen yang didapat dalam sebuah eksperimen (Bandyopadhyay et al., 2014). Data ekspresi gen yang tidak informatif tersebut dapat mengurangi performa proses pengenalan pola secara signifikan pada teknik *machine learning* yang diterapkan. Akan tetapi, beberapa gen yang informatif berpengaruh secara signifikan terhadap pengenalan pola tersebut. Sebagai contoh, untuk mendiagnosa kanker paru-paru, hanya dibutuhkan sekitar 50 gen saja dari 22 ribu gen yang didapatkan dalam percobaan. Gen-gen yang paling informatif ini disebut dengan Biomarker (Belinsky, 2004). Sehingga, hanya dengan menggunakan data biomarker yang ditemukan, bisa dikenali penyakit yang diderita oleh pasien.

pengetahuan manusia tentang gen sampai saat ini masih terbatas, yaitu ada sekitar 26% dari keseluruhan gen yang belum diketahui kegunaannya (Häggström, 2014). Oleh karena itu pendekatan teknik machine learning secara unsupervised sering dilakukan untuk analisa pengenalan pola data microarray. Pada penelitian ini, akan dilakukan seleksi fitur terhadap data microarray secara unsupervised learning dengan menggunakan teknik deep learning. Dari hasil seleksi fitur gen tersebut akan diterapkan algoritma supervised learning yang digunakan untuk melakukan evaluasi seberapa baik keakurasian seleksi fitur tersebut dalam pengenalan pola pendeteksian penyakit kanker paru-paru pada sample pasien sakit dan normal.

Untuk teknik seleksi fitur tersebut akan digunakan metode de-



ngan cara melakukan modifikasi algoritma seleksi fitur untuk logistic regression dilakukan oleh Shevade and Keerthi (2003).

**@todo**

bagian bawah ini masih ruwet

Dikarenakan algoritma seleksi fitur menggunakan logistic regression merupakan bagian dari supervised learning dan linier, maka dianggap kurang cocok untuk data microarray yang fungsinya belum diketahui secara lengkap dan memiliki karakteristik yang kompleks. Dan logistic regression memiliki masalah dalam mengeliminasi fitur, dikarenakan koefisien bobot ditempatkan disetiap fitur. Oleh karena itu, disini akan diajukan arsitektur deep learning. Arsitektur deep learning, yang akan digunakan pada penelitian ini adalah arsitektur Deep Belief Network (DBN). DBN merupakan jaringan Restrictive Boltzmann Machine (RBM) yang diijarkan. Dimulai dengan memberikan bobot random diantara dua network, yang dapat di latih dengan cara meminimalkan perbedaan antara data asli dengan data rekonstruksinya. Gradien didapatkan dengan chain rule untuk melakukan penurunan error dengan teknik Contrastive Divergence (CD). Untuk dicari bobot (W) dengan maximum likelihood learning secara greedy per layer-nya (greedy layer wise training) (Hinton, 2006). Pada penelitian ini, untuk mencari perankingan bobotnya, menggunakan modifikasi dari cara yang digunakan oleh Shevade (Shevade, 2003) dalam teknik seleksi fitur berbasis weight menggunakan Sparse logistic regression (Shevade, 2003). Sehingga teori perankingan weight ini akan dimodifikasi dan digunakan untuk meranking fiturnya secara multi step yang akan diterapkan pada DBN. Tahap selanjutnya fitur yang telah didapatkan pada tahap seleksi fitur, akan digunakan sebagai data untuk penerapan clustering. Algoritma yang akan dipakai adalah : Cluster Affinity Search Technique (CAST) , K-Means Clustering dan Hierarchical Clustering (yeung, 2001). Untuk mengevaluasi dan menganalisa seberapa baik hasil dari percobaan ini, dilakukan dengan menghitung Adjusted Rand Index (ARI) (Hubert, 1985). ARI ini digunakan untuk mengukur mutu cluster dari hasil clustering. ARI menghitung derajat kesesuaian antara dua partisi, yaitu menghitung cluster yang dihasilkan, dibandingkan dengan kriteria eksternal. Nilai ARI berada di antara 0 dan 1. Jika mutu cluster yang dihasilkan memiliki keterpisahan yang baik dibandingkan dengan kriteria luar cluster, maka nilai ARI mendekati 1. Jika sebaliknya, nilai ARI mendekati 0. Untuk mengetahui gen yang dipilih tersebut informatif dan tidak, dilakukan literatur review.

## 1.2 Perumusan Masalah

Dikarenakan karakteristik sedikitnya sampel dan besarnya fitur. Serta tidak lengkapnya informasi kita terhadap gen. Apakah pendekatan unsupervised pada deep learning untuk mencari biomarker dengan perankingan bobot secara multi step cocok dipakai pada data microarray?

$$\frac{1}{|\mathcal{D}|} \mathcal{L}(\theta = \{W, b\}, \mathcal{D}) = \frac{1}{|\mathcal{D}|} \sum_{i=0}^{|\mathcal{D}|} \log(P(Y = y^{(i)} | x^{(i)}, W, b))$$

$$\ell(\theta = \{W, b\}, \mathcal{D})$$

### 1.2.1 Definisi Permasalahan

**@todo**

Tuliskan permasalahan yang ingin diselesaikan. Bisa juga berbentuk pertanyaan

### 1.2.2 Batasan Permasalahan

- Dataset microarray
- Data yang digunakan adalah dataset yang sudah dilakukan preprocessing standar dan sudah dinormalisasi.

## 1.3 Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk membangun metodologi dalam pencarian Biomarker Gen yang paling penting untuk percobaan microarray. Dengan menghitung bobot ranking gen secara multi step.

## 1.4 Posisi Penelitian

**@todo**

Posisi penelitian Anda jika dilihat secara bersamaan dengan peneliti-peneliti lainnya. Akan lebih baik lagi jika ikut menyertakan diagram yang menjelaskan hubungan dan keterkaitan antar penelitian-penelitian sebelumnya

## 1.5 Manfaat Penelitian

Mendapatkan framework cara perankingan data ekspresi gen menggunakan arsitektur deep learning. Sehingga membantu dalam pencarian biomarker pada penelitian data microarray.

## 1.6 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan laporan adalah sebagai berikut:

- Bab 1 PENDAHULUAN  
Berisi gambaran permasalahan dan metodologi apa yang akan diterapkan
- Bab 2 LANDASAN TEORI  
Landasan teori dipakainya metodologi yang akan diterapkan dalam eksperimen
- Bab 3 METODOLOGI PENELITIAN  
Penjelasan detail metodologi yang akan diterapkan dalam penelitian
- Bab 4 HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN  
Pembahasan hasil dari eksperimen
- Bab 5 KESIMPULAN DAN SARAN

**@todo**

Tambahkan penjelasan singkat mengenai isi masing-masing bab.

## BAB 2

### LANDASAN TEORI

@todo

tambahkan kata-kata pengantar bab 2 disini

#### 2.1 $\text{\LaTeX}$ Secara Singkat

Berdasarkan (Babu, 2004):

LaTeX is a family of programs designed to produce publication-quality typeset documents. It is particularly strong when working with mathematical symbols.

The history of LaTeX begins with a program called TEX. In 1978, a computer scientist by the name of Donald Knuth grew frustrated with the mistakes that his publishers made in typesetting his work. He decided to create a typesetting program that everyone could easily use to typeset documents, particularly those that include formulae, and made it freely available. The result is TEX. Knuth's product is an immensely powerful program, but one that does focus very much on small details. A mathematician and computer scientist by the name of Leslie Lamport wrote a variant of TEX called LaTeX that focuses on document structure rather than such details.

Dokumen  $\text{\LaTeX}$  sangat mudah, seperti halnya membuat dokumen teks biasa. Ada beberapa perintah yang diawali dengan tanda '\'. Seperti perintah `\\` yang digunakan untuk memberi baris baru. Perintah tersebut juga sama dengan perintah `\newline`. Pada bagian ini akan sedikit dijelaskan cara manipulasi teks dan perintah-perintah  $\text{\LaTeX}$  yang mungkin akan sering digunakan. Jika ingin belajar hal-hal dasar mengenai  $\text{\LaTeX}$ , silahkan kunjungi:

- <http://frodo.elon.edu/tutorial/tutorial/>, atau
- <http://www.maths.tcd.ie/~dwilkins/LaTeXPrimer/>

## 2.2 L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X Kompiler dan IDE

Agar dapat menggunakan L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X (pada konteks hanya sebagai pengguna), Anda tidak perlu banyak tahu mengenai hal-hal didalamnya. Seperti halnya pembuatan dokumen secara visual (contohnya Open Office (OO) Writer), Anda dapat menggunakan L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X dengan cara yang sama. Orang-orang yang menggunakan L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X relatif lebih teliti dan terstruktur mengenai cara penulisan yang dia gunakan, L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X memaksa Anda untuk seperti itu.

Kembali pada bahasan utama, untuk mencoba L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X Anda cukup mendownload kompiler dan IDE. Saya menyarankan menggunakan Texlive dan Texmaker. Texlive dapat didownload dari <http://www.tug.org/texlive/>. Sedangkan Texmaker dapat didownload dari <http://www.xmlmath.net/texmaker/>. Untuk pertama kali, coba buka berkas thesis.tex dalam template yang Anda miliki pada Texmaker. Dokumen ini adalah dokumen utama. Tekan F6 (PDFLaTeX) dan Texmaker akan mengkompilasi berkas tersebut menjadi berkas PDF. Jika tidak bisa, pastikan Anda sudah menginstall Texlive. Buka berkas tersebut dengan menekan F7. Hasilnya adalah sebuah dokumen yang sama seperti dokumen yang Anda baca saat ini.

## 2.3 Bold, Italic, dan Underline

Hal pertama yang mungkin ditanyakan adalah bagaimana membuat huruf tercetak tebal, miring, atau memiliki garis bawah. Pada Texmaker, Anda bisa melakukan hal ini seperti halnya saat mengubah dokumen dengan OO Writer. Namun jika tetap masih tertarik dengan cara lain, ini dia:

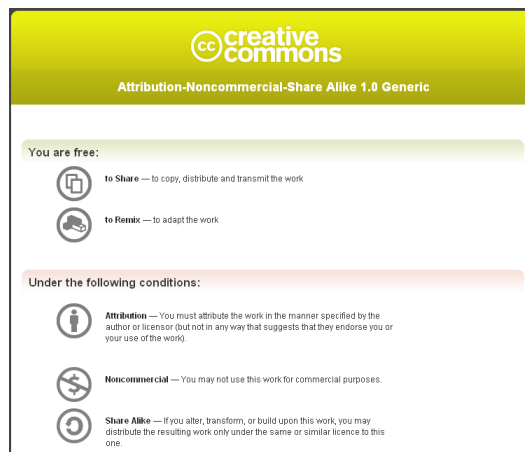
- **Bold**  
Gunakan perintah `\textbf{}` atau `\bo{}`.
- *Italic*  
Gunakan perintah `\textit{}` atau `\f{}`.
- Underline  
Gunakan perintah `\underline{}`.
- Overline  
Gunakan perintah `\overline{}`.
- *superscript*  
Gunakan perintah `\{}`.

- *subscript*  
Gunakan perintah  $\_{}$ .

Perintah  $\f$  dan  $\bo$  hanya dapat digunakan jika package uithesis digunakan.

## 2.4 Memasukan Gambar

Setiap gambar dapat diberikan caption dan diberikan label. Label dapat digunakan untuk menunjuk gambar tertentu. Jika posisi gambar berubah, maka nomor gambar juga akan diubah secara otomatis. Begitu juga dengan seluruh referensi yang menunjuk pada gambar tersebut. Contoh sederhana adalah Gambar 2.1. Silahkan lihat code  $\LaTeX$  dengan nama bab2.tex untuk melihat kode lengkapnya. Harap diingat bahwa caption untuk gambar selalu terletak dibawah gambar.



**Gambar 2.1:** *Creative Common License 1.0 Generic.*

## 2.5 Membuat Tabel

Seperti pada gambar, tabel juga dapat diberi label dan caption. Caption pada tabel terletak pada bagian atas tabel. Contoh tabel sederhana dapat dilihat pada Tabel 2.1.

**Tabel 2.1:** Contoh Tabel

	kol 1	kol 2
baris 1	1	2
baris 2	3	4
baris 3	5	6
jumlah	9	12

Ada jenis tabel lain yang dapat dibuat dengan  $\text{\LaTeX}$  berikut beberapa diantaranya. Contoh-contoh ini bersumber dari <http://en.wikibooks.org/wiki/LaTeX/Tables>

**Tabel 2.2:** An Example of Rows Spanning Multiple Columns

No	Name	Week 1			Week 2		
		A	B	C	A	B	C
1	Lala	1	2	3	4	5	6
2	Lili	1	2	3	4	5	6
3	Lulu	1	2	3	4	5	6

**Tabel 2.3:** An Example of Columns Spanning Multiple Rows

Percobaan	Iterasi	Waktu
Pertama	1	0.1 sec
Kedua	1	0.1 sec
	3	0.15 sec
Ketiga	1	0.09 sec
	2	0.16 sec
	3	0.21 sec

**Tabel 2.4:** An Example of Spanning in Both Directions Simultaneously

		Title			
		A	B	C	D
Type	X	1	2	3	4
	Y	0.5	1.0	1.5	2.0
Resource	I	10	20	30	40
	J	5	10	15	20

## BAB 3

### METODOLOGI PENELITIAN

**@todo**

tambahkan kata-kata pengantar bab 1 disini

### 3.1 Satu Persamaan

$$\frac{y - y_1}{y_2 - y_1} = \frac{x - x_1}{x_2 - x_1} \quad (3.1)$$

Persamaan 3.1 diatas adalah persamaan garis. Persamaan 3.1 dan 3.2 sama-sama dibuat dengan perintah `\align`. Perintah ini juga dapat digunakan untuk menulis lebih dari satu persamaan.

$$\underbrace{|\overline{ab}|}_{\text{pada bola } |\overline{ab}| = r} = \sqrt{(x_b - x_a)^2 + (y_b - y_a)^2 + ||(z_b - z_a)^2} \quad (3.2)$$

### 3.2 Lebih dari Satu Persamaan

$$|\overline{a} * \overline{b}| = |\overline{a}| |\overline{b}| \sin \theta \quad (3.3)$$

$$\begin{aligned} \overline{a} * \overline{b} &= \begin{vmatrix} \hat{i} & x_1 & x_2 \\ \hat{j} & y_1 & y_2 \\ \hat{k} & z_1 & z_2 \end{vmatrix} \\ &= \hat{i} \begin{vmatrix} y_1 & y_2 \\ z_1 & z_2 \end{vmatrix} + \hat{j} \begin{vmatrix} z_1 & z_2 \\ x_1 & x_2 \end{vmatrix} + \hat{k} \begin{vmatrix} x_1 & x_2 \\ y_1 & y_2 \end{vmatrix} \end{aligned}$$

Pada Persamaan 3.3 dapat dilihat beberapa baris menjadi satu bagian dari Persamaan 3.3. Sedangkan dibawah ini dapat dilihat bahwa dengan cara yang sama, Persamaan 3.4, 3.5, dan 3.6 memiliki nomor persamaannya masing-masing.



$$\int_a^b f(x) dx + \int_b^c f(x) dx = \int_a^c f(x) dx \quad (3.4)$$

$$\lim_{x \rightarrow \infty} \frac{f(x)}{g(x)} = 0 \quad \text{jika pangkat } f(x) < \text{pangkat } g(x) \quad (3.5)$$

$$a^{m^{a^n \log b}} = b^{\frac{m}{n}} \quad (3.6)$$

## BAB 4

### HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

**@todo**

tambahkan kata-kata pengantar bab 1 disini

#### 4.1 thesis.tex

Berkas ini berisi seluruh berkas Latex yang dibaca, jadi bisa dikatakan sebagai berkas utama. Dari berkas ini kita dapat mengatur bab apa saja yang ingin kita tampilkan dalam dokumen.

#### 4.2 laporan\_setting.tex

Berkas ini berguna untuk mempermudah pembuatan beberapa template standar. Anda diminta untuk menuliskan judul laporan, nama, npm, dan hal-hal lain yang dibutuhkan untuk pembuatan template.

#### 4.3 istilah.tex

Berkas istilah digunakan untuk mencatat istilah-istilah yang digunakan. Fungsinya hanya untuk memudahkan penulisan. Pada beberapa kasus, ada kata-kata yang harus selalu muncul dengan tercetak miring atau tercetak tebal. Dengan menjadikan kata-kata tersebut sebagai sebuah perintah  $\text{\LaTeX}$  tentu akan mempercepat dan mempermudah pengerjaan laporan.

#### 4.4 hype.indonesia.tex

Berkas ini berisi cara pemenggalan beberapa kata dalam bahasa Indonesia.  $\text{\LaTeX}$  memiliki algoritma untuk memenggal kata-kata sendiri, namun untuk beberapa kasus algoritma ini memenggal dengan cara yang salah. Untuk memperbaiki pemenggalan yang salah inilah cara pemenggalan yang benar ditulis dalam berkas hype.indonesia.tex.

## 4.5 `pustaka.tex`

Berkas `pustaka.tex` berisi seluruh daftar referensi yang digunakan dalam laporan. Anda bisa membuat model daftar referensi lain dengan menggunakan `bibtex`. Untuk mempelajari `bibtex` lebih lanjut, silahkan buka <http://www.bibtex.org/Format>. Untuk merujuk pada salah satu referensi yang ada, gunakan perintah `\cite`, e.g. `\yang akan akan memunculkan (Babu, 2004)`

## 4.6 `bab[1 - 6].tex`

Berkas ini berisi isi laporan yang Anda tulis. Setiap nama berkas e.g. `bab1.tex` merepresentasikan bab dimana tulisan tersebut akan muncul. Sebagai contoh, kode dimana tulisan ini dibuat berada dalam berkas dengan nama `bab4.tex`. Ada enam buah berkas yang telah disiapkan untuk mengakomodir enam bab dari laporan Anda, diluar bab kesimpulan dan saran. Jika Anda tidak membutuhkan sebanyak itu, silahkan hapus kode dalam berkas `thesis.tex` yang memasukan berkas  $\text{\LaTeX}$  yang tidak dibutuhkan; contohnya perintah `\include{bab6.tex}` merupakan kode untuk memasukan berkas `bab6.tex` kedalam laporan.

## **BAB 5**

### **KESIMPULAN DAN SARAN**

**@todo**

Tambahkan kesimpulan dan saran terkait dengan pekerjaan yang dilakukan.

#### **5.1 Kesimpulan**

#### **5.2 Saran**

## DAFTAR REFERENSI

- M Mwanadan Babu. Introduction to microarray data analysis. *Computational genomics: Theory and application*, pages 225–249, 2004.
- Supriyo Bandyopadhyay, Saurav Mallik, and Amit Mukhopadhyay. A survey and comparative study of statistical tests for identifying differential expression from microarray data. *Computational Biology and Bioinformatics, IEEE/ACM Transactions on*, 11(1):95–115, 2014.
- Steven A Belinsky. Gene-promoter hypermethylation as a biomarker in lung cancer. *Nature Reviews Cancer*, 4(9):707–717, 2004.
- Mikael Häggström. Diagram of the pathways of human steroidogenesis. *Medicine*, 1:1, 2014.
- Shirish Krishnaj Shevade and S Sathiya Keerthi. A simple and efficient algorithm for gene selection using sparse logistic regression. *Bioinformatics*, 19(17):2246–2253, 2003.
- Youngmi Yoon, Jongchan Lee, and Sanghyun Park. Building a classifier for integrated microarray datasets through two-stage approach. In *BioInformatics and BioEngineering, 2006. BIBE 2006. Sixth IEEE Symposium on*, pages 94–102. IEEE, 2006.

# LAMPIRAN

## LAMPIRAN 1

### @todo

Membuat todolist apa yang akan dikerjakan untuk thesis

1. belajar copy paste code
2. belajar membuat git
3. belajar buat bagan
4. belajar pseudo code
5. kumpulan dalam sebuah totorial dan link dengan cepat secara offline jika diperlukan
6. belajar machine learning nando
7. xxx