

xx

PIC

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

PIC

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 Thesisxini telah diperiksa dan disetujui.

XX Januari 2016

Ito Wasito PhD.

Pembimbing Thesis

HALAMAN PERNYATAAN ORISINALITAS

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

11	Nama	11	:	11	Mukhlis Amien
11	NPM	11	:	11	1406522102
11	Tanda Tangan	11	:	11	
11		11	:	11	
11	Tanggal	11	:	11	XX Januari 2016
11					

HALAMAN PENGESAHAN

11 Thesis ini diajukan oleh 11 : 11
 11 Nama 11 : 11 Mukhlis Amien
 11 NPM 11 : 11 1406522102
 11 Program Studi 11 : 11 Magister Ilmu Komputer
 11 Judul Thesis 11 : 11 Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot
 Secara Multi Step Menggunakan Deep Learning
 untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray
 11

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

11 Pembimbing 11 : 11 Ito Wasito PhD. 11 (xxxxx)
 11 Penguji 11 : 11 Prof. XXX 11 (xxxxx)
 11 Penguji 11 : 11 Prof. XXXX 11 (xxxxx)
 11 Penguji 11 : 11 Prof. XXXXXX 11 (xxxxx)
 11

11 @todo
 11 Jangan lupa mengisi nama para penguji.
 11

11 Ditetapkan di 11 : 11 Depok
11 Tanggal 11 : 11 XX Januari 2016
11

KATA PENGANTAR Template ini disediakan untuk orang-orang yang berencana menggunakan LATEX untuk membuat dokumen tugas akhirnya. Mengapa LATEX? Ada banyak hal mengapa menggunakan LATEX, diantaranya:

pertama

kedua

ketiga

LATEX membuat kita jadi lebih fokus terhadap isi dokumen, bukan tampilan atau halaman.

LATEX memudahkan dalam penulisan persamaan matematis.

Adanya otomatisasi dalam penomoran caption, bab, subbab, subsubbab, referensi, dan rumus.

Adanya otomatisasi dalam pembuatan daftar isi, daftar gambar, dan daftar tabel.

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:

PIC

Gambarx1: *Creative Common License 1.0 Generic*

Gambarx1 diambil dari <http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/1.0/deed.enxCA>. 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 LATEXxjuga. Untuk meyakinkan Anda, coba lihat properti dari dokumen ini dan Anda akan menemukan bagian seperti Gambarx2. Dokumen ini dimaksudkan untuk memberikan gambaran kepada Anda seperti apa mudahnya menggunakan LATEXxdan 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 LATEXxdan 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 LATEX.

PIC

Gambarx2: Dokumen Dibuat dengan PDFLatex

Semoga template ini dapat membantu orang-orang yang ingin mencoba menggunakan 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:

11 Nama	11 : 11	11 Mukhlis Amien
11 NPM	11 : 11	11 1406522102
11 Program Studi	11 : 11	11 Magister Ilmu Komputer
11 Fakultas	11 : 11	11 Ilmu Komputer
11 Jenis Karya	11 : 11	11 Thesis
11		

demi 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.

11 Dibuat di	11 : 11	11 Depok
11 Pada tanggal	11 : 11	11 XX Januari 2016
11		

Yang menyatakan

(Mukhlis Amien)

Abstrak

11	Nama	11	:	11	Mukhlis Amien
11	Program Studi	11	:	11	Magister Ilmu Komputer
11	Judul	11	:	11	Metode Seleksi Fitur Berbasis Perankingan Bobot Secara Multi Step Menggunakan Deep Learning untuk Pencarian Biomarker pada Data Microarray

11

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

11 Name 11 : 11 Mukhlis Amien
 11 Program 11 : 11 Magister Ilmu Komputer
 11 Title 11 : 11 FEATURE SELECTION METHOD BASED ON MULTI STEP
 WEIGHT RANKING USING DEEP LEARNING TO SEARCH
 BIOMARKER IN LUNG CANCER MICROARRAY DATA SET

11

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

HALAMAN JUDUL

LEMBAR PERSETUJUAN

LEMBAR PERNYATAAN ORISINALITAS

LEMBAR PENGESAHAN

KATA PENGANTAR

LEMBAR PERSETUJUAN PUBLIKASI ILMIAH

ABSTRAK

Daftar Gambar

Daftar Tabel

1 PENDAHULUAN

x1.1 Latar Belakang

x1.2 Perumusan Masalah

xx1.2.1 Definisi Permasalahan

xx1.2.2 Batasan Permasalahan

x1.3 Tujuan

x1.4 Posisi Penelitian

x1.5 Manfaat Penelitian

x1.6 Sistematika Penulisan

2 LANDASAN TEORI

x2.1 Ekspresi Gen

x2.2 Pemrosesan Data Microarray

x2.3 Ekstraksi Fitur dan Seleksi Fitur Pada Penelitian Sebelumnya

x2.4 Deep Learning

x2.5 Restricted Boltzmann Machine

x2.6 Deep Belief Network

x2.7 Multi Layer Perceptron

x2.8 Logistic Regression

3 METODOLOGI PENELITIAN

x3.1 Satu Persamaan

x3.2 Lebih dari Satu Persamaan

4 HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

x4.1 thesis.tex

x4.2 laporanxsetting.tex

x4.3 istilah.tex

x4.4 hype.indonesia.tex

x4.5 pustaka.tex

x4.6 bab[1 - 6].tex

5 KESIMPULAN DAN SARAN

x5.1 Kesimpulan

x5.2 Saran

Daftar Referensi

LAMPIRAN

Lampiran 1

Daftar Gambar 1x*Creative Common License 1.0 Generic*2xDokumen
Dibuat dengan PDF_{Latex}2.1xAda 23,6% dari keseluruhan fungsi gen yang
belum diketahui, sehingga pengetahuan tentang fungsi gen masih belum lengkap.
(Hxggstrxm,x2014)2.2xProses Keseluruhan Percobaan Microarray.(Babu,x2004)

Daftar Tabel

BABx1PENDAHULUAN

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 mahalannya 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 didapatkan dalam 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 didapatkan 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 (Hxggstrxm, 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 dengan cara melakukan modifikasi algoritma seleksi fitur untuk logistic regression dilakukan oleh Shevade and Keerthi (2003).

11 @todo
11 bagian bawah ini masih ruwet
11
11

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 dijejarkan. 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

11
11

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

¹¹₁₁ @todo

¹¹₁₁ 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

¹¹₁₁

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

¹¹ **@todo**
¹¹ Tambahkan penjelasan singkat mengenai isi masing-masing bab.
¹¹

BABx2LANDASAN TEORI

2.1 Ekspresi Gen

Percobaan microarray, mengukur tingkat aktivitas gen di dalam sebuah jaringan sel. Sehingga dapat memberikan informasi berdasarkan aktivitas di dalam jaringan yang bersangkutan. Data ini didapatkan dengan cara mengukur banyaknya mRNA yang diproduksi pada saat proses transkripsi DNA, dimana dapat diukur seberapa aktif atau seberapa berfungsinya gen tersebut dalam sebuah jaringan (Elloumi and Zomaya,x2011). Karena kanker berhubungan dengan berbagai macam aktivitas penyimpangan regulasi pada sel, maka data ekspresi gen pada kanker merefleksikan penyimpangan regulasi tersebut. Untuk menangkap keabnormalan ini, percobaan microarray, dimana dapat mengukur secara simultan dari level ekspresi ratusan bahkan ribuan ekspresi gen dapat digunakan untuk mengidentifikasi kanker. Percobaan microarray sering dipakai untuk membandingkan profil ekspresi gen pada sel yang terkena kanker, dibandingkan dengan sel yang normal pada berbagai macam percobaan. Percobaan microarray digunakan untuk mengidentifikasi ekspresi yang berbeda pada dua percobaan, yang biasanya berupa data tes dan data kontrol.

PIC

Gambarx2.1: Ada 23,6% dari keseluruhan fungsi gen yang belum diketahui, sehingga pengetahuan tentang fungsi gen masih belum lengkap. (Hxggstrxm,x2014)

Data ekspresi gen yang masih mentah didapatkan dari percobaan di laboratorium menggunakan alat yang dinamakan dengan alat Gchip microarray. Data tersebut kemudian dilakukan pemrosesan awal untuk mendapatkan sebuah matriks ekspresi gen. Matriks ini memiliki data kolom dan baris, dimana kolom berisi data eksperimen, dan baris berisi nilai ekspresi pada tiap-tiap gen (gambar 2.2) [Babu, 2004].

PIC

Gambarx2.2: Proses Keseluruhan Percobaan Microarray.(Babu,x2004)

11 @todo
 11 tambahkan dua gambar yang digambar sendiri
 11
 11

Karena data microarray yang didapatkan dapat mencapai ribuan ekspresi dalam satu waktu secara simultan, maka data ini dapat sangat membantu dalam mengidentifikasi penyakit. Akan tetapi, hasil yang didapat dengan menganalisa beberapa data microarray yang dilakukan oleh dua percobaan yang berbeda tetapi dengan tujuan yang sama, dapat menghasilkan hasil yang sangat berbeda. Salah satu alasannya adalah terbatasnya sampel dan terlalu banyaknya profil ekspresi gen. Sehingga diperlukan metode testing statistik untuk memastikan bahwa data microarray tersebut memiliki tingkat signifikansi yang cukup, dan dipastikan bahwa perbedaan tersebut memang karena eksperimen, bukan karena kerusakan alat atau kesalahan prosedur eksperimen.

2.2 Pemrosesan Data Microarray

Data yang dihasilkan dari alat microarray ini berupa citra yang perlu diproses lebih lanjut. Sebelum data ekspresi gen dapat dianalisa lebih lanjut, perlu dilakukan pemrosesan awal yang berupa (i) perbaikan background, (ii) normalisasi data dan kemudian (iii) penyaringan data.

Perbaikan Background

Perbaikan background ini ditujukan untuk menghilangkan titik-titik noise yang tidak berasal dari proses hibridisasi. Metode untuk perbaikan background ini banyak diajukan dalam penelitian. [15]

Normalisasi

Tujuan dari normalisasi adalah untuk mengatur bias yang dihasilkan oleh variasi proses percobaan microarray. Metode normalisasi data microarray ada banyak, dan pada penelitian ini akan digunakan normalisasi standar untuk data microarray.

Penyaringan data Tidak semua data yang didapat dari percobaan microarray bagus, kadangkala terjadi kesalahan alat dan noise yang diakibatkan oleh alat,

oleh karena itu perlu disaring, mana data yang disebabkan oleh proses biologi, dan mana yang disebabkan oleh noise alat.

Missing Value Imputation

Tidak semua data ekspresi gen dapat kita dapatkan, dikarenakan rumitnya percobaan microarray, kadangkala data tidak kita dapatkan, oleh sebab itu diperlukan metode untuk melakukan pendekatan statistic dalam memberikan perkiraan isi data dalam titik data yang hilang tersebut.

Seleksi Fitur

Setelah proses diatas, diperlukan teknik untuk menseleksi fitur pada data microarray. Ada banyak metode yang sudah diusulkan oleh para peneliti. Seperti pada table 1 dibawah. Dan pada titik inilah penelitian ini dijalankan. Diharapkan penelitian ini menghasilkan metode reduksi dimensi untuk data microarray.

2.3 Ekstraksi Fitur dan Seleksi Fitur Pada Penelitian Sebelumnya

```
11 @todo
11 tulis tabel perbandingan seleksi fitur
11
11
```

2.4 Deep Learning

```
11 @todo
11 tuliskan secara singkat tentang deep learning
11
11
```

2.5 Restricted Boltzmann Machine
11 @**todo**
11 tuliskan secara detail tentang rbm
11
11

2.6 Deep Believe Network
11 @**todo**
11 tuliskan secara detail tentang dbn
11
11

2.7 Multi Layer Perceptron
11 @**todo**
11 tuliskan secara detail tentang dbn
11
11

2.8 Logistic Regression
11 @**todo**
11 tuliskan secara detail tentang dbn
11
11

BABx3METODOLOGI PENELITIAN
¹¹₁₁ @todo
¹¹₁₁ tambahkan kata-kata pengantar bab 1 disini
¹¹₁₁

3.1 Satu Persamaan

$$\frac{y - y_1}{y_2 - y_1} = \frac{x - x_1}{x_2 - x_1}$$

Persamaanx3.1 diatas adalah persamaan garis. Persamaanx3.1 dan 3.2 sama-sama dibuat dengan perintah \align. Perintah ini juga dapat digunakan untuk menulis lebih dari satu persamaan.

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

3.2 Lebih dari Satu Persamaan

$$\begin{aligned} |a * b| &= |a||b| \sin \theta \\ a * b &= \begin{matrix} 11 & x & 11 & x_1 & 11 & x_2 \\ 11 & x & 11 & y_1 & 11 & y_2 \\ 11 & \hat{k} & 11 & z_1 & 11 & z_2 \\ 11 & & & & & \end{matrix} \\ &= \begin{matrix} 11 & y_1 & 11 & y_2 \\ x_{11} & z_1 & 11 & z_2 \\ 11 & & & \end{matrix} \end{aligned}$$

Pada Persamaanx3.3 dapat dilihat beberapa baris menjadi satu bagian dari Persamaanx3.3. Sedangkan dibawah ini dapat dilihat bahwa dengan cara yang sama, Persamaanx 3.4, 3.5, dan 3.6 memiliki nomor persamaannya masing-masing.

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

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

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

BABx4HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

¹¹₁₁ @**todo**
¹¹₁₁ tambahkan kata-kata pengantar bab 1 disini
¹¹₁₁

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 laporanxsetting.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 LATEXtentu akan mempercepat dan mempermudah pengerjaan laporan.

4.4 hype.indonesia.tex

Berkas ini berisi cara pemenggalan beberapa kata dalam bahasa Indonesia. LATEXmemiliki 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,x2004)

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 LATEX yang tidak dibutuhkan; contohnya perintah `\include{bab6.tex}` merupakan kode untuk memasukan berkas bab6.tex kedalam laporan.

BABx5KESIMPULAN DAN SARAN

¹¹₁₁ @todo

¹¹₁₁ Tambahkan kesimpulan dan saran terkait dengan pekerjaan yang dilakukan.

¹¹₁₁

5.1 Kesimpulan

5.2 Saran

Daftar Referensi

xxxMxMwanadan Babu. Introduction to microarray data analysis. *Computational genomics: Theory and application*, pages 225–249, 2004.

xxxSupriyo 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.

xxxStevenxA Belinsky. Gene-promoter hypermethylation as a biomarker in lung cancer. *Nature Reviews Cancer*, 4(9):707–717, 2004.

xxxMourad Elloumi and AlbertxY Zomaya. *Algorithms in computational molecular biology: techniques, approaches and applications*, volumex21. John Wiley & Sons, 2011.

xxxMikael Hxggstrxm. Diagram of the pathways of human steroidogenesis. *Medicine*, 1:1, 2014.

xxxShirishxKrishnaj Shevade and SxSathiya Keerthi. A simple and efficient algorithm for gene selection using sparse logistic regression. *Bioinformatics*, 19(17):2246–2253, 2003.

xxxYoungmi 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.

PICT

LAMPIRAN

Lampiran 1

```
11 @todo
```

```
11 Membuat todolist apa yang akan dikerjakan untuk thesis
```

```
11 1. belajar copy paste code
```

```
11 2. belajar membuat git
```

```
11 3. belajar buat bagan
```

```
11 4. belajar pseudo code
```

```
11 5. kumpulan dalam sebuah totorial dan link dengan cepat secara offline jika
```

```
    diperlukan
```

```
11 6. belajar machine learning nando
```

```
11 7. xxx
```

```
11
```

```
11
```

```
11
```

