

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Penelitian terdahulu sebagai kajian bagi penulis sangat penting untuk mengetahui hubungan antara penelitian yang dilakukan sebelumnya dengan penelitian yang penulis lakukan saat ini serta dapat menghindari adanya duplikasi. Hal ini bermanfaat untuk menunjukkan bahwa penelitian yang dilakukan mempunyai arti penting sehingga dapat diketahui kontribusi penelitian terhadap ilmu pengetahuan.

2.1. Penelitian tentang *Biclustering*

Lazzeroni (2002) menggunakan *biclustering* untuk mengidentifikasi *bicluster* pada *gene expression* ragi dengan 2467 gen dan 10 kondisi percobaan. Percobaan satu sampai tiga memeriksa siklus sel mitosis, percobaan empat hingga enam memeriksa perbedaan ketegangan ragi selama sporulasi, percobaan ke tujuh sampai ke sembilan ekspresi dilacak setelah terpapar berbagai goncangan dan percobaan sepuluh mempelajari pergeseran *diauxic*.

Pontes, et al., (2015) menyatakan bahwa *biclustering* menjadi teknik analisis yang populer untuk studi *gene expression* data dan beberapa pendekatan *biclustering* menggunakan ukuran untuk menentukan kualitas *bicluster*. Pendekatan-pendekatannya yaitu *iterative greedy search*, *stochastic greedy search*, *nature inspired meta-heuristics*, *clustering based approach*, *non metric based biclustering*, *probabilistic models*, dan *linear algebra*.

Klugger (2003) pada penelitian yang berjudul *Spectral Biclustering Data Microarray: Coclustering Gen dan Condition*. Dalam penelitian tersebut Yuval klugger memperkenalkan metode *spectral* untuk analisis *biclustering*. Dimana dalam penjelasannya bahwa algoritma *spectral* menggunakan pendekatan aljabar linier. Pada matriks data yang dimiliki tahapan analisis pertama yang dilakukan adalah melakukan normalisasi matriks data, dimana cara tersebut merupakan langkah pertama sehingga didapat matriks *singular value decomposition*.

Normalisasi pada *spectral biclustering* memiliki beberapa pendekatan yakni dengan cara *biztohostization*, *log normal* dan *irrc (independent rescaling row and coloumn)* masing masing pendekatan normalisasi memiliki keunggulan, missal untuk data yang memiliki ukuran nilai kecil maka log normal merupakan yang terbaik diantara yang ada

Dalam penelitian yang dilakukan oleh Piscopo and Marina (2017) yang berjudul *Applying spectral biclustering to mortality data*. Dalam penelitian tersebut picospo menggunakan pedekatan *biclustering* dengan algoritma *spectral* pada data mortalitas di italia.

2.2. Penelitian Mengenai Etanol Pada Gen

Pada penelitian Lewohi (2000) RNA diekstraksi dari sampel postmortem dari korteks frontal alkoholik dan nonalkohol. Tingkat relatif RNA ditentukan oleh teknik *array* dengan menggunakan cDNA dan *microarrays* oligonucleotide untuk menyediakan cakupan sejumlah besar gen dan untuk memungkinkan cross-validasi untuk gen-gen yang diwakili pada kedua jenis *array*. Tingkat ekspresi ditentukan untuk lebih dari 4000 gen dan 163 di antaranya ditemukan berbeda 40% atau lebih antara pecandu alkohol dan nonalkohol. Analisis perubahan ini mengungkapkan pemrograman ulang selektif ekspresi gen di wilayah otak ini, terutama untuk gen yang berhubungan dengan mielin yang diatur ke bawah dalam sampel alkohol. Selain itu, gen siklus sel dan beberapa gen neuron berubah dalam ekspresi. Perubahan ekspresi gen ini menyarankan mekanisme untuk hilangnya materi putih otak pada pecandu alkohol serta perubahan yang dapat menyebabkan aksi neurotoksik etanol.

Penelitian Kupfer (2013) mendapatkan hasil analisis *microarray* sampel yang mewakili 0%, 0,04%, 0,08%, kembali ke 0,04%, dan 0,02% wt / vol BAC menunjukkan bahwa perubahan ekspresi gen dapat dideteksi sepanjang perjalanan waktu. Perubahan ekspresi diverifikasi oleh qRT-PCR. Kandidat gen yang diminati (GOI) yang diidentifikasi dari analisis *microarray* dan dikelompokkan berdasarkan pola ekspresi di lima titik BAC menunjukkan tujuh kelompok yang diekspresikan

secara terkoordinasi. Analisis menunjukkan jaringan berbasis fungsi, situs pengikatan faktor transkripsi bersama, dan jalur pensinyalan untuk anggota *cluster*. Ini termasuk fungsi hematologis, kekebalan bawaan dan fungsi peradangan, fungsi metabolisme yang diharapkan dari metabolisme etanol, dan fungsi pankreas dan hati. Lima dari tujuh kluster menunjukkan tautan ke jalur p38 MAPK.

2.3. Penelitian Metode *Biclustering* Menggunakan R

Dalam buku Kasim, et al. (2017) yang berjudul *Applied Biclustering Methods for Big and High-Dimensional Data Using R*. Dalam buku tersebut menjelaskan bahwa pada aplikasi R terdapat pengembangan *package* untuk pengelompokan *biclustering*. Beberapa *package* yang sudah dikembangkan diantaranya *biclust*, *fabia*, *isa2*, *iBBiG*, *rqubic*, *BicARE*, *s4vd*, *BcDiag* dan *Superbiclust*. Buku tersebut lebih fokus pada metode analisis data yang relatif baru: *biclustering* Cheng and Church (2000). Dalam buku tersebut juga memaparkan bahwa *cluster* berbeda dengan *biclustering* yang mana *biclustering* adalah metode analisis data yang dirancang untuk mendeteksi pola lokal dalam data.