

## BAB IV METODOLOGI PENELITIAN

### 4.1 Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini dilakukan di kampus terpadu Universitas Islam Indonesia yang bertempat di Yogyakarta dan di Institut Teknologi Bandung. Waktu pelaksanaan dilakukan dari bulan Februari sampai bulan Juni 2019.

### 4.2 Sumber dan Jenis Data

Jenis data dalam penelitian ini berupa data sekunder yang berbentuk perubahan *gene expression* di dalam darah selama paparan etanol akut berasal dari di NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE20489>) dengan jumlah sampel sebanyak 54 dan jumlah gen sebanyak 54675.

### 4.3 Metode Analisis Data

Metode analisis yang digunakan dalam penelitian ini adalah analisis deskriptif dan *biclustering* model *spectral*. Analisis deskriptif digunakan untuk menggambarkan secara umum mengenai perubahan gen dalam darah yang terpapar etanol akut. Software yang digunakan dalam penelitian ini adalah *Rstudio*.

### 4.4 Variabel dan Definisi Operasional Variabel

Beberapa variabel yang akan digunakan pada penelitian ini antara lain sebagai berikut:

**Tabel 4.1** Definisi Variabel

Variabel	Definisi Operasional
Nama Gen	Variabel nama gen yang digunakan berasal dari data <i>gene expression changes in blood during acute ethanol exposure</i> .
Kode GSM	Terdapat 54 kode GSM berbeda beda. Dimana kode GSM tersebut menunjukan pasien pada gene expression yang di gunakan dalam penelitian ini. Semua sampel digabungkan ke dalam mikroarray untuk menguji perubahan ekspresi gen selama paparan etanol selama waktunya.

#### 4.5 Packages Penelitian

Dalam analisis menggunakan software R terdapat beberapa packages yang digunakan dalam menganalisis data penelitian. Beberapa packages memiliki fungsi tersendiri dan berbeda dengan packages yang lainnya adapun untuk nama dan fungsi dari packages seperti pada **Tabel 4.2**

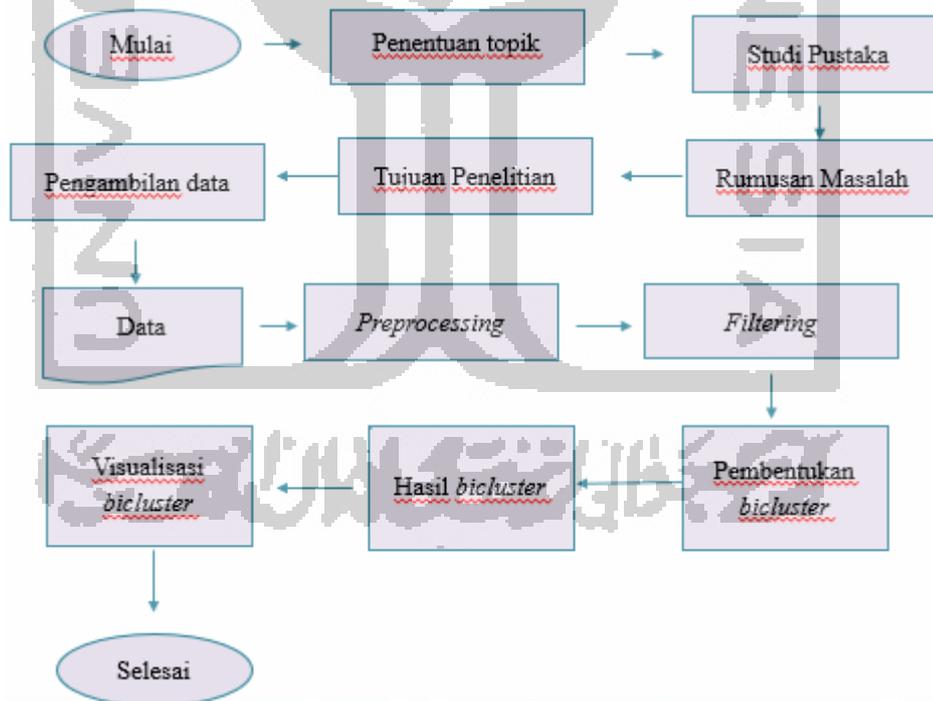
**Tabel 4.2** Nama-nama packages yang diperlukan dalam analisis

No.	Nama package	Fungsi package
1.	biclust	Package ini berisi fungsi algoritma <i>biclustering</i> seperti <i>Cheng and Church</i> , <i>Spectral</i> , <i>Plaid Model</i> , <i>Xmotifs</i> and <i>Bimax</i> .
2.	BcDiag	Paket CRAN R yang menyediakan alat diagnostik berdasarkan ANOVA dan plot sisa cat

No.	Nama <i>package</i>	Fungsi <i>package</i>
		median untuk output yang diperoleh dari paket <i>biclust</i> , <i>isa2</i> dan <i>fabia</i> . Selain itu, paket ini menyediakan beberapa visualisasi diterapkan di BiclustGUI
3.	<i>fabia</i>	Paket <i>bioconductor</i> <i>fabia</i> melakukan teknik berbasis model untuk bikluster. <i>Biclusters</i> ditemukan oleh analisis faktor di mana drkedua faktor.

#### 4.6 Langkah Penelitian

Langkah-langkah atau tahapan pada penelitian ini dapat dilihat pada gambaran flowchart berikut :



**Gambar 4.1** Diagram Alir Penelitian

Keterangan :

1. Langkah pertama yang dilakukan oleh peneliti yaitu menentukan topik yang akan peneliti angkat untuk diteliti. Setelah mendapatkan topik, kemudian melakukan studi pustaka yang berupa penelitian-penelitian terdahulu yang pernah dilakukan. Kemudian peneliti mengidentifikasi dan merumuskan masalah yang akan diteliti. Dari rumusan masalah tersebut, kemudian peneliti menentukan tujuan dari penelitian yang dilakukan.
2. Kemudian masuk ke tahap input data. Pada proses ini, sebelumnya struktur data harus disesuaikan terlebih dahulu dengan *package biclust* agar proses analisis dapat dilakukan. Setelah itu data diinput kedalam direktori kerja R.
3. Setelah mendapatkan data yang akan di analisis langkah selanjutnya adalah dengan melakukan *preprocessing*.
4. kemudian peneliti melakukan proses *filtering* untuk menghilangkan data yang tidak informatif. Pada *filtering* digunakan fungsi `nsFilter`.
5. Tahap selanjutnya, proses pengelompokan *biclustering* dengan metode *Spectral*