

## **BAB IV**

### **METODE PENELITIAN**

#### **4.1 Sumber Data**

Pada penelitian ini penulis menggunakan data sekunder yang diambil dari *website National Center for Biotechnology Information (NCBI)* yakni <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE28160> dengan kode series GSE28160 dan platform GPL 570 yang berkutip dari jurnal Borjabad, dkk dengan judul “*Significant Effect of Antiretroviral Therapy on Global Gene Expression in Brain Tissue of Patients with HIV-1-Associated Neurocognitive Disorders*”.

#### **4.2 Waktu dan Tempat Penelitian**

Penelitian yang dilakukan berada di dua kampus yakni Institut Teknologi Bandung dengan waktu seminggu pada bulan Maret 2019 dan Universitas Islam Indonesia Yogyakarta pada waktu setelahnya di bulan Maret 2019.

#### **4.3 Variabel Penelitian**

Pada penelitian ini jumlah variabel sebanyak 38 dan sampel sebanyak 35 dengan keseluruhan *number of gene* sebanyak 54675. Dengan mengklasifikasikan variabel `characteristics_ch1.2` (keadaan penyakit) pada pelaksanaan klasifikasi penyakit HIV dalam jaringan otak pasien.

#### **4.4 Definisi Operasi Variabel dan Variabelnya**

Terdapat beberapa variabel yang digunakan dalam penelitian, berikut variabel dan penjelasannya pada tabel 4.1 berikut.

**Tabel 4.1** Variabel dan Penjelasan

Variabel	Penjelasan
Gen	Gen dari sampel penderita yang terkena HIV-1 dan tidak terkena HIV-1.
Jaringan	Variabel dari kumpulan sel yang tersusun dalam tubuh manusia pada penderita HIV-1 terkait efek neurokognitif pada otak pada penggunaan Antiretroviral.
<i>Disease State</i>	Kondisi penyakit yang terdapat pada pasien yakni yang terjangkit HIV-1 dan tidak.

#### 4.5 Metode Analisis Data

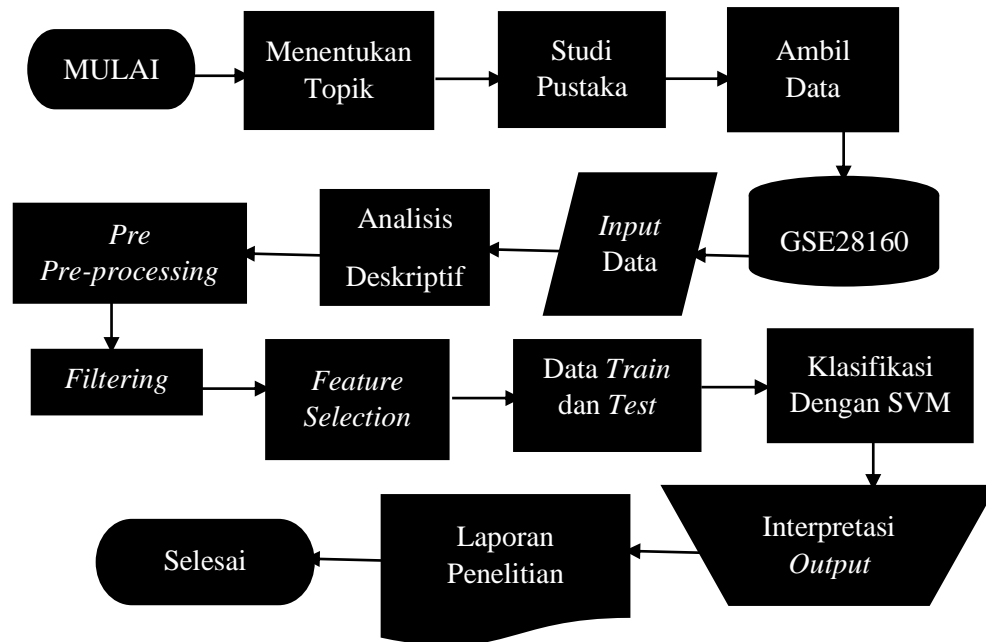
Dalam penelitian ini menggunakan software R studio dengan versi 3.5.2. Penggunaan metode yakni klasifikasi dengan meng-aplikasikan pada algoritma SVM. Terdapat langkah-langkah yang dilakukan sebelum analisis data yakni.

1. Membaca Data
2. *Pre-processing*
3. *Filtering*
4. *Feature Selection*
5. Analisis Data








#### 4.6 Langkah-Langkah Penelitian

Pada tahap langkah penelitian diawali dengan penentuan topik yang akan digunakan terkait bioinformatika, selanjutnya mempelajari beberapa referensi dari penelitian terdahulu yang terkait yakni penerapan metode *Support Vector Machine*. Kemudian peneliti mencari data dan mengambilnya dari *website National Center of Biotechnology Information* (NCBI) dengan kasus penyakit HIV dalam kode akses GSE28160. Beberapa studi literatur pun membantu peneliti dalam membuat rumusan masalah dan tujuannya. Setelah itu peneliti membaca data dan memulai *pre-processing*, *filtering*, dan *feature selection* data sebelum memulai analisis data. Data dibagi menjadi dua bagian yakni data train

dan data test dengan pembagian data 20% : 80% yang akan dimasukan dalam fungsi SVM dengan beberapa perbandingan *kernel* untuk diambil *kernel* terbaik yang akan digunakan untuk nilai akurasi. Akurasi yang terbaik akan diinterpretasikan dalam klasifikasi SVM dan akan menjadi laporan penelitian..



Keterangan :

-  = Permulaan dan engakhiran dari kegiatan
-  = Proses input dan output
-  = Hasil input atau output (berupa *disk magnetik*)
-  = Proses pengolahan data
-  = Pekerjaan atau operasi secara manual
-  = Dokumen (mencetak hasil)
-  = Simbol arus (penghubung antar simbol)