

**PERBANDINGAN KINERJA *NAIVE BAYES CLASSIFIER*
DAN JARINGAN SYARAF TIRUAN *BACKPROPAGATION* PADA
KLASIFIKASI PENYAKIT KANKER PAYUDARA**



SKRIPSI

**Disusun Sebagai Salah Satu Syarat
Untuk Memperoleh Gelar Sarjana Komputer
pada Departemen Ilmu Komputer / Informatika**

Disusun Oleh :

KHARIS KHASBURRAHMAN

24010313140107

**DEPARTEMEN ILMU KOMPUTER/ INFORMATIKA
FAKULTAS SAINS DAN MATEMATIKA
UNIVERSITAS DIPONEGORO**

2017

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI

Saya yang bertanda tangan dibawah ini :

Nama : Kharis Khasburrahman

NIM : 24010313140107

Judul : Perbandingan Kinerja *Naive Bayes Classifier* Dan Jaringan Syaraf Tiruan
Backpropagation Pada Klasifikasi Penyakit Kanker Payudara

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam tugas akhir/ skripsi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu Perguruan Tinggi, dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis diacu dalam naskah ini dan disebutkan di dalam daftar pustaka.

Semarang, 30 Agustus 2017



Kharis Khasburrahman
24010313140107

HALAMAN PENGESAHAN

Judul : Perbandingan Kinerja *Naive Bayes Classifier* Dan Jaringan Syaraf Tiruan
Backpropagation Pada Klasifikasi Penyakit Kanker Payudara

Nama : Kharis Khasburrahman

NIM : 24010313140107


Telah diujikan pada sidang tugas akhir pada tanggal 24 Juli 2017 dan dinyatakan lulus pada tanggal 24 Juli 2017

Semarang, 15 Agustus 2017

Mengetahui,
Ketua Departemen Ilmu Komputer / Informatika
FSM UNDIP

Ragil Saputra, S.Si, M.Cs
NIP. 198010212605011003

Panitia Penguji Tugas Akhir
Ketua,


Dr. Aris Puji Widodo, S.Si, MT
NIP. 197404011999031002

HALAMAN PENGESAHAN

Judul : Perbandingan Kinerja *Naive Bayes Classifier* Dan Jaringan Syaraf Tiruan
Backpropagation Pada Klasifikasi Penyakit Kanker Payudara

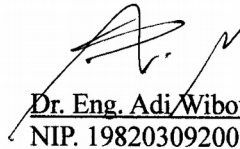
Nama : Kharis Khasburrahman

NIM : 24010313140107

Telah diujikan pada sidang tugas akhir pada tanggal 24 Juli 2017.

Semarang, 11 Agustus 2017

Pembimbing



Dr. Eng. Adi Wibowo, S.Si., M.Kom
NIP. 198203092006041002

ABSTRAK

Klasifikasi antara sel kanker dengan normal menggunakan data *fluorescence* hasil pengukuran ekspresi gen MicroRNA sangat diperlukan untuk keberhasilan sistem deteksi dini. Metode klasifikasi yang diimplementasikan pada tugas akhir ini adalah *Naive Bayes Classifier* dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation*. Metode klasifikasi yang digunakan diukur akurasi dengan menggunakan metode pengujian *10 fold cross validation*. Hasil eksperimen menunjukkan waktu komputasi pengujian k-fold tercepat adalah menggunakan metode *Naive Bayes Classifier*. Waktu komputasi pengujian k-fold menggunakan *Naive Bayes Classifier* adalah 0,112 detik pada lingkungan pengembangan sedangkan *Backpropagation* adalah 10,063 detik pada lingkungan pengembangan. Akurasi terbaik diperoleh menggunakan metode Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* dengan nilai akurasi 99.04%, *sensitivity* 0,99038, *specificity* 0,99038, dan *false positive rate* 0,00962 sedangkan *Naive Bayes Classifier* memperoleh akurasi 97.12%, *sensitivity* 0,99, *specificity* 0,95470, dan *false positive rate* 0,05607.

Kata Kunci : Kanker Payudara, *Naive Bayes Classifier*, Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation*, MicroRNA

ABSTRACT

Classification between cancer cell and normal using fluorescence data from the result of MicroRNA gen expression measurement is needed for early detection system. Classification methods used in this study are Naive Bayes Classifier and Backpropagation Neural Network. Accuracy of the classification methods are measured using 10 fold cross validation. Result of experiments suggests that the fastest computation time for k-fold evaluation method is by using Naive Bayes Classifier. Computation time for k-fold evaluation using Naive Bayes Classifier is 0,112 seconds in development environment whilst the computation time of Backpropagation is 10,063 seconds in the development environment. The best accuracy is obtained by using Backpropagation with the accuracy 99.04%, *sensitivity* 0,99038, *specificity* 0,99038, and *false positive rate* 0,00962 whilst the accuracy using Naive Bayes is 97.12%, *sensitivity* 0,99, *specificity* 0,95470, dan *false positive rate* 0,05607.

Keyword : Breast Cancer, Naive Bayes Classifier, Backpropagaion Nerual Network, MicroRNA

KATA PENGANTAR

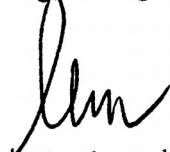
Segala puji syukur bagi Tuhan Yang Maha Esa atas karunia-Nya yang diberikan kepada penulis sehingga penulis dapat menyelesaikan penulisan tugas akhir ini. Laporan ini disusun untuk salah satu syarat untuk memperoleh gelar sarjana komputer di Departemen Ilmu Komputer/ Informatika, Fakultas Sains dan Matematika, Universitas Diponegoro.

Dalam penyusunan laporan ini tentulah banyak mendapat bimbingan dan bantuan dari berbagai pihak. Untuk itu, pada kesempatan ini penulis mengucapkan rasa hormat dan terima kasih kepada:

1. Dr. Eng. Adi Wibowo, S.Si., M.Kom, selaku dosen pembimbing yang membantu dalam proses bimbingan tugas akhir di Departemen Informatika/ Ilmu Komputer Fakultas Sains dan Matematika Universitas Diponegoro hingga terselesaikannya skripsi ini.
2. Helmie Arif Wibawa, S.Si, M.Cs, selaku Koordinator Tugas Akhir yang membantu dalam proses perijinan Tugas Akhir di Departemen Informatika/ Ilmu Komputer, Fakultas Sains dan Matematika, Universitas Diponegoro.
3. Semua pihak yang telah membantu kelancaran dalam pelaksanaan Tugas Akhir, yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu.

Penulis menyadari bahwa dalam laporan ini masih banyak kekurangan baik dari segi materi ataupun dalam penyajiannya karena keterbatasan kemampuan dan pengetahuan penulis. Oleh karena itu, kritik dan saran sangat penulis harapkan. Semoga laporan ini dapat bermanfaat bagi pembaca pada umumnya dan penulis pada khususnya.

Semarang, 30 Agustus 2017



Kharis Khasburrahman

DAFTAR ISI

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI.....	ii
HALAMAN PENGESAHAN.....	iii
HALAMAN PENGESAHAN.....	iv
ABSTRAK.....	v
ABSTRACT.....	vi
KATA PENGANTAR.....	vii
DAFTAR ISI.....	viii
DAFTAR GAMBAR.....	xii
DAFTAR TABEL.....	xiv
DAFTAR PERSAMAAN.....	xv
DAFTAR KODE.....	xvi
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1Latar Belakang.....	1
1.2Rumusan Masalah.....	2
1.3Tujuan dan Manfaat.....	2
1.4Ruang Lingkup.....	3
1.5Sistematika Penulisan.....	3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	4
2.1Kanker.....	4
2.2Kanker Payudara.....	4
2.3MicroRNA.....	5
2.3.1MicroRNA Berkaitan dengan Kanker Payudara.....	5
2.4Penelitian Terkait.....	6
2.4.1Klasifikasi kanker payudara dengan backpropagation.....	6
2.4.2Klasifikasi rRNA Sequence menggunakan Naive Bayes.....	6
2.5Cloud Computing.....	6
2.5.1OpenShift.....	7
2.6Pengenalan Pola.....	7
2.7Jaringan Syaraf Tiruan <i>Backpropagation</i>	8
2.7.1Fungsi Aktivasi.....	8
2.7.2Pelatihan Jaringan Syaraf Tiruan Backpropagation.....	9
2.7.3Pengujian Jaringan Syaraf Tiruan.....	10
2.8Naive Bayes Classifier.....	11
2.8.1Klasifikasi dengan <i>Naive Bayes Classifier</i>	11
2.8.2Atribut kontinyu pada <i>Naive Bayes</i>	12
2.9Kurva ROC.....	12
2.10K-Fold Cross Validation.....	13
2.11Python.....	13

2.11.1	Serialisasi Objek pada Python.....	14
2.12	JavaScript Object Notation.....	14
2.13	Proses pengembangan perangkat lunak.....	14
BAB III	METODOLOGI PENELITIAN.....	16
3.1	Metode Pengumpulan Data.....	17
3.1.1	Pengumpulan Data.....	17
3.1.2	Proporsi data.....	17
3.2	Arsitektur Aplikasi.....	18
3.3	<i>Preprocessing</i> Data.....	19
3.4	Pembagian Data Training dan Testing Menggunakan K-fold.....	19
3.5	Pemetaan Data.....	19
3.6	Pelatihan dan Pengujian Menggunakan <i>Backpropagation</i>	21
3.7	Menggunakan <i>Naive Bayes Classifier</i>	25
BAB IV	HASIL DAN ANALISIS.....	28
4.1	Analisis Kebutuhan Aplikasi.....	28
4.1.1	Gambaran Umum Kebutuhan Aplikasi.....	28
4.1.2	Analisis Kebutuhan Pengguna.....	28
4.1.3	Analisis Kebutuhan Data.....	29
4.1.4	Spesifikasi Kebutuhan Aplikasi.....	29
4.1.5	Permodelan Data.....	30
4.1.6	Permodelan Fungsional.....	30
4.1.6.1	Diagram Dekomposisi.....	31
4.1.6.2	Data Context Diagram.....	31
4.1.6.3	Data Flow Diagram Level 1.....	32
4.1.6.4	Data Flow Diagram Level 2 Proses Mengelola Data microRNA.....	33
4.1.6.5	Data Flow Diagram Level 2 Proses Pembuatan Pengujian Model.....	33
4.2	Perancangan Aplikasi.....	35
4.2.1	Perancangan Struktur Data.....	35
4.2.1.1	Struktur data <i>backpropagation</i>	36
4.2.1.2	Struktur data <i>naive bayes</i>	36
4.2.1.3	Struktur data pengujian.....	36
4.2.1.4	Struktur data microRNA.....	37
4.2.1.5	Struktur data pengelola.....	38
4.2.2	Perancangan Fungsi.....	38
4.2.2.1	Fungsi Login.....	38
4.2.2.2	Fungsi Melihat Data.....	39
4.2.2.3	Fungsi Mengimpor Data.....	39
4.2.2.4	Fungsi Pembuatan Pengujian <i>Backpropagation</i>	39
4.2.2.5	Fungsi Pembuatan Pengujian <i>Naive Bayes</i>	43
4.2.2.6	Fungsi melihat model yang dibuat.....	45
4.2.2.7	Fungsi melihat hasil pengujian.....	45
4.2.2.8	Fungsi klasifikasi.....	45
4.2.3	Perancangan Antarmuka.....	47

4.2.3.1	Antarmuka login.....	47
4.2.3.2	Antarmuka kelola data.....	48
4.2.3.3	Antarmuka pembuatan pengujian model.....	48
4.2.3.4	Antarmuka klasifikasi.....	49
4.3	Implementasi.....	50
4.3.1	Lingkungan Pengembangan dan Implementasi Aplikasi.....	50
4.3.2	Implementasi aplikasi pada layanan cloud.....	51
4.3.3	Implementasi Data.....	51
4.3.3.1	Implementasi data <i>backpropagation</i>	51
4.3.3.2	Implementasi data <i>naive bayes</i>	53
4.3.3.3	Implementasi data pengujian.....	53
4.3.3.4	Implementasi data microRNA.....	54
4.3.3.5	Implementasi data pengelola.....	54
4.3.4	Implementasi Fungsi.....	55
4.3.4.1	Fungsi login.....	55
4.3.4.2	Fungsi melihat data.....	56
4.3.4.3	Fungsi mengimpor data.....	56
4.3.4.4	Fungsi pembuatan pengujian <i>backpropagation</i>	56
4.3.4.5	Fungsi pembuatan pengujian <i>naive bayes</i>	57
4.3.4.6	Fungsi melihat model yang dibuat.....	57
4.3.4.7	Fungsi melihat hasil pengujian.....	58
4.3.4.8	Fungsi klasifikasi.....	58
4.3.5	Implementasi Antarmuka.....	58
4.3.5.1	Antarmuka <i>login</i>	59
4.3.5.2	Antarmuka kelola data.....	59
4.3.5.3	Antarmuka pembuatan pengujian model.....	59
4.3.5.4	Antarmuka klasifikasi.....	59
4.4	Pengujian.....	62
4.4.1	Pengujian <i>Black Box</i>	62
4.4.1.1	Deksripsi dan Hasil Uji.....	64
4.4.2	Pengujian dan Analisa Hasil Jaringan Syaraf Tiruan <i>Backpropagation</i>	66
4.4.2.1	Skenario Pengujian Jaringan Syaraf Tiruan <i>Backpropagation</i>	66
4.4.2.2	Pengujian <i>Learning Rate</i>	66
4.4.2.3	Analisa Pengujian <i>Learning Rate</i>	67
4.4.2.4	Pengujian <i>Hidden Unit</i>	67
4.4.2.5	Analisa Pengujian <i>Hidden Unit</i>	68
4.4.2.6	Pengujian <i>Epoch</i>	68
4.4.2.7	Analisa Pengujian <i>Epoch</i>	69
4.4.2.8	Pengujian <i>Max Error</i>	69
4.4.2.9	Analisa pengujian <i>max error</i>	70
4.4.2.10	Parameter terbaik Jaringan Syaraf Tiruan <i>Backpropagation</i>	70
4.4.3	Pengujian <i>Naive Bayes Classifier</i>	70
4.5	Analisis Hasil Pengujian.....	71
BAB VI PENUTUP.....		73
5.1	Kesimpulan.....	73

5.2Saran.....	73
DAFTAR PUSTAKA.....	74
LAMPIRAN 1 Kode program wsgi.py.....	77
LAMPIRAN 2 Kode program services.py.....	77
LAMPIRAN 3 Kode program pengelola.py.....	81
LAMPIRAN 4 Kode program keloladata.py.....	81
LAMPIRAN 5 Kode program checksession.py.....	82
LAMPIRAN 6 Kode program fitur.py.....	82
LAMPIRAN 7 Kode program loaddatasetcsv.py.....	83
LAMPIRAN 8 Kode program pengujiankfold.py.....	85
LAMPIRAN 9 Kode program serialisasi.py.....	87
LAMPIRAN 10 Kode program backprop.py.....	89
LAMPIRAN 11 Kode program backpropcontrol.py.....	91
LAMPIRAN 12 Kode program naivebayes.py.....	92
LAMPIRAN 13 Kode program naivebcontrol.py.....	94
LAMPIRAN 14 Data MicroRNA.....	96

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Arsitektur jaringan syaraf tiruan (Goh, 1995).....	8
Gambar 3.1 Diagram blok metodologi penelitian perbandingan kinerja klasifikasi.....	16
Gambar 3.2 Arsitektur Aplikasi.....	18
Gambar 3.3 Arsitektur Jaringan Syaraf Tiruan Backpropagation yang digunakan.....	21
Gambar 3.4 diagram pelatihan dan pengujian backpropagation.....	21
Gambar 3.5 diagram menggunakan Naive Bayes Classifier.....	25
Gambar 4.1 Diagram Dekomposisi Aplikasi ADFPK.....	31
Gambar 4.2 Data Context Diagram aplikasi ADFPK.....	32
Gambar 4.3 Data Flow Diagram Level 1.....	34
Gambar 4.4 Data Flow Diagram Level 2 Proses Mengelola Data MicroRNA.....	34
Gambar 4.5 Data Flow Diagram Level 2 Proses Pembuatan Pengujian Model.....	35
Gambar 4.6 Flowchart fungsi login.....	38
Gambar 4.7 Flowchart fungsi melihat data.....	39
Gambar 4.8 Flowchart fungsi mengimpor data.....	39
Gambar 4.9 Flowchart pelatihan backpropagation.....	40
Gambar 4.10 Flowchart mencari nilai min, maks.....	40
Gambar 4.11 Flowchart normalisasi.....	41
Gambar 4.12 Flowchart feedforward.....	41
Gambar 4.13 Flowchart backpropagate.....	42
Gambar 4.14 Flowchart pelatihan-pengujian k-fold.....	43
Gambar 4.15 Flowchart pembuatan model naive bayes.....	44
Gambar 4.16 Flowchart mencari mean.....	44
Gambar 4.17 Flowchart mencari standar deviasi.....	44
Gambar 4.18 Flowchart melihat model yang dibuat.....	45
Gambar 4.19 Flowchart melihat hasil pengujian.....	45
Gambar 4.20 Flowchart klasifikasi naive bayes.....	46
Gambar 4.21 Flowchart klasifikasi backpropagation.....	46
Gambar 4.22 Flowchart klasifikasi.....	47
Gambar 4.23 Rancangan Antarmuka Login.....	47
Gambar 4.24 Rancangan antarmuka kelola data.....	48
Gambar 4.25 Rancangan antarmuka pembuatan pengujian model.....	48
Gambar 4.26 Rancangan antarmuka lihat hasil pengujian.....	49
Gambar 4.27 Rancangan antarmuka lihat model yang dibuat.....	49
Gambar 4.28 Rancangan antarmuka klasifikasi.....	50
Gambar 4.29 Implementasi antarmuka login.....	59
Gambar 4.30 Implementasi antarmuka kelola data (1).....	60
Gambar 4.31 Implementasi antarmuka kelola data (2).....	60
Gambar 4.32 Implementasi antarmuka pembuatan pengujian model (1).....	61

Gambar 4.33 Implementasi antarmuka lihat model.....	61
Gambar 4.34 Implementasi antarmuka lihat pengujian.....	62
Gambar 4.35 Implementasi atarmuka klasifikasi.....	62
Gambar 4.36 Kurva ROC Pengujian.....	72

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Notasi JST Backpropagation.....	9
Tabel 2.2 Notasi yang digunakan Naive Bayes.....	12
Tabel 3.1 Contoh data ekspresi MicroRNA dan kelas pada data.....	17
Tabel 3.2 Pemetaan Data.....	20
Tabel 3.3 Contoh Penyesuaian Output.....	20
Tabel 3.4 Data contoh pelatihan backpropagation.....	22
Tabel 3.5 Inisialisasi Bobot dan Bias.....	22
Tabel 3.6 Data contoh Naive Bayes.....	25
Tabel 4.1 Kebutuhan pengguna.....	29
Tabel 4.2 Kebutuhan Fungsional Aplikasi.....	29
Tabel 4.3 Struktur data backpropagation.....	36
Tabel 4.4 Struktur data naive bayes.....	36
Tabel 4.5 Struktur data pengujian.....	37
Tabel 4.6 Struktur data microRNA.....	37
Tabel 4.7 Struktur data pengelola.....	38
Tabel 4.8 daftar implementasi kode program.....	55
Tabel 4.9 implementasi fungsi login.....	55
Tabel 4.10 implementasi fungsi melihat data.....	56
Tabel 4.11 implementasi fungsi mengimpor data.....	56
Tabel 4.12 implementasi fungsi pembuatan pengujian backpropagation.....	56
Tabel 4.13 implementasi fungsi pembuatan pengujian naive bayes.....	57
Tabel 4.14 implementasi fungsi melihat model.....	58
Tabel 4.15 implementasi fungsi melihat hasil pengujian.....	58
Tabel 4.16 implementasi fungsi klasifikasi melalui web.....	58
Tabel 4.17 pengujian black box.....	63
Tabel 4.18 deskripsi dan hasil pengujian aplikasi.....	64
Tabel 4.19 Skenario pengujian Jaringan Syaraf Tiruan Backpropagation.....	66
Tabel 4.20 Pengujian learning rate 0.001 – 0.1 pada lingkungan pengembangan.....	67
Tabel 4.21 Pengujian learning rate 0.1 – 0.9 pada lingkungan implementasi.....	67
Tabel 4.22 Pengujian hidden unit 2-10 pada lingkungan pengembangan.....	67
Tabel 4.23 Pengujian hidden unit 2-10 pada lingkungan implementasi.....	68
Tabel 4.24 Pengujian epoch 25-100 pada lingkungan pengembangan.....	69
Tabel 4.25 Pengujian epoch 25-100 pada lingkungan implementasi.....	69
Tabel 4.26 Pengujian max error 0,1-0,001 pada lingkungan pengembangan.....	69
Tabel 4.27 Pengujian max error 0,1-0,001 pada lingkungan implementasi.....	70
Tabel 4.28 parameter pelatihan terbaik backpropagation.....	70
Tabel 4.29 Pengujian Naive Bayes pada lingkungan pengembangan.....	70
Tabel 4.30 Pengujian Naive Bayes pada lingkungan implementasi.....	71

DAFTAR PERSAMAAN

Persamaan 2.1 fungsi sigmoid.....	8
Persamaan 2.2 turunan fungsi sigmoid.....	9
Persamaan 2.3 naive bayes maximum likelihood estimate.....	12
Persamaan 2.4 fungsi gaussian.....	12

DAFTAR KODE

Kode sumber 4.1 membuat gear python 3.3 pada openshift.....	51
Kode sumber 4.2 perintah clone git.....	51
Kode sumber 4.3 perintah commit dan push git.....	51
Kode sumber 4.4 implementasi data backpropagation.....	52
Kode sumber 4.5 implementasi serialisasi data model klasifikasi.....	52
Kode sumber 4.6 implementasi data naive bayes.....	53
Kode sumber 4.7 implementasi data pengujian.....	53
Kode sumber 4.8 implementasi serialisasi data pengujian.....	54
Kode sumber 4.9: implementasi csv data microRNA.....	54
Kode sumber 4.10: implementasi csv data pengelola.....	54

BAB I

PENDAHULUAN

Bab ini menyajikan latar belakang, rumusan masalah, tujuan dan manfaat, serta ruang lingkup mengenai tugas akhir Perbandingan Kinerja *Naive Bayes Classifier* Dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* Pada Klasifikasi Penyakit Kanker Payudara.

1.1 Latar Belakang

Kanker adalah kelompok penyakit yang memiliki ciri tidak terkontrolnya pertumbuhan dan perkembangan sel. Penanganan kanker yang terlambat menyebabkan tingkat resiko kematian yang sangat tinggi. Pada tahun 2007 hingga 2011 angka kematian yang disebabkan oleh kanker di Amerika Serikat adalah 211.6 pria dan 147.4 wanita per 100.000 jiwa. Deteksi dini penyakit kanker pada stadium awal dapat meningkatkan peluang sembuh pada penderita. Contohnya pada kasus kanker payudara yang terdeteksi saat stadium awal kanker belum menyebar nilai kemungkinan relatif bertahan hidup 5 tahun adalah 99%, sedangkan jika kanker sudah menyebar maka nilai kemungkinan relatif bertahan hidup 5 tahun turun ke 25% (American Cancer Society, 2015). Untuk melakukan deteksi dini, maka diperlukan informasi *biomarker* yang sesuai untuk membedakan antara penyakit kanker dan normal.

Salah satu *biomarker* yang dapat digunakan untuk fitur deteksi dini adalah *Micro Ribonucleic Acid* (MicroRNA). MicroRNA adalah RNA noncoding kecil yang berperan dalam perkembangan tumor. MicroRNA mengatur gen target yang baik dengan degradasi atau dengan translasi replisi (Zhang, et al., 2007). Ekspresi menyimpang dari MicroRNA dapat menunjukkan pembentukan tumor (Corney & Nikitin, 2008). Untuk mendeteksi ekspresi menyimpang MicroRNA pada kanker dapat menggunakan teknik optik molekul sinyal dengan metode *fluorescence* (Wu, 2015). Data *fluorescence* adalah data yang berisi pengukuran dari *biomarker* MicroRNA (Hasemeier, Christgen, Kreipe and Lehmann, 2008). Data *fluorescence* memiliki pola tertentu yang biasanya dianalisis oleh dokter atau pakar ekspresi gen.

Bahasan penelitian mengenai MicroRNA yang sudah ada cenderung lebih fokus pada ranah bioinformatika. Penelitian mengenai MicroRNA oleh Lu et al. (2005)

berhasil mengklasifikasi tumor dengan menggunakan MicroRNA. Penelitian Rosenfeld et al. (2008) menyatakan bahwa MicroRNA efektif sebagai *biomarker* untuk melacak jaringan asal kanker dengan hasil dua per tiga dari sampel mendapatkan akurasi diatas 90%.

Data *fluorescence* hasil pengukuran ekspresi MicroRNA dapat digunakan pada metode pengenalan pola. Pengenalan pola adalah cabang dari pembelajaran mesin yang fokus pada pengenalan pola dan regularitas pada data (Bishop, 2006). Pengenalan pola dapat menggunakan metode *Naive Bayes Classifier* dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation*. *Naive Bayes Classifier* memiliki kelebihan dalam kecepatan pelatihannya. Penelitian yang menggunakan *Naive Bayes Classifier* dilakukan oleh Wang, Garrity, Tiedje and Cole (2007) untuk mengklasifikasi 165 rRNA sequence menjadi *high-order taxonomy* menghasilkan akurasi 98%. Sedangkan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* memiliki kelebihan nilai akurasi yang tinggi seperti yang digunakan pada penelitian yang dilakukan oleh Paulin (2011) untuk klasifikasi kanker payudara nilai akurasi tertinggi didapat 99.28%. Salah satu kendala dalam implementasi pengenalan pola adalah dibutuhkannya kemampuan seseorang dalam bidang pemrograman komputer, sehingga mempersulit dokter untuk menganalisa menggunakan metode pengenalan pola ini.

Berdasarkan hal tersebut diatas ada kepentingan untuk membandingkan kinerja metode *Naive Bayes Classifier* dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* sehingga tugas akhir ini akan membahas hasil analisa kinerja dari kedua metode tersebut.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian latar belakang dapat dirumuskan permasalahan yaitu bagaimana kinerja *Naive Bayes Classifier* dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* pada klasifikasi penyakit kanker menggunakan data *fluorescence* hasil pengukuran ekspresi MicroRNA.

1.3 Tujuan dan Manfaat

Tujuan yang ingin dicapai dari penelitian ini yaitu mengetahui hasil kinerja dari *Naive Bayes Classifier* dan Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation* untuk klasifikasi penyakit kanker menggunakan data *fluorescence* hasil pengukuran ekspresi

MicroRNA. Adapun manfaat yang diharapkan dari penelitian ini adalah dapat digunakan sebagai sarana untuk membantu klasifikasi penyakit kanker payudara.

1.4 Ruang Lingkup

Ruang lingkup dalam pembuatan aplikasi *cloud computing* pengenalan data *fluorescence* untuk klasifikasi kanker payudara adalah sebagai berikut

1. Data yang digunakan program adalah data *fluorescence* hasil pengukuran ekspresi MicroRNA sel kanker payudara normal dan kanker yang diperoleh dari National Cancer Institute Genomic Data Common dengan alamat : <http://gdc.cancer.gov>
2. Penyetelan parameter hanya dilakukan pada metode Jaringan Syaraf Tiruan *Backpropagation*
3. Pengujian akurasi hasil klasifikasi menggunakan *10 fold cross validation*

1.5 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan yang digunakan pada tugas akhir ini terbagi menjadi beberapa bab yaitu

1. BAB I PENDAHULUAN

Bab ini membahas latar belakang masalah, rumusan masalah, tujuan dan manfaat penelitian, serta sistematika penulisan dalam pembuatan tugas akhir

2. BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini menjelaskan tentang teori dan kajian pustaka yang berkaitan dan digunakan dalam penelitian tugas akhir ini

3. BAB III METODOLOGI PENELITIAN

Bab ini menyajikan garis besar penyelesaian masalah tugas akhir, beserta analisis dan perancangan aplikasi.

4. BAB IV IMPLEMENTASI DAN HASIL

Bab ini membahas tentang implementasi aplikasi, hasil pengujian dan hasil analisa metode yang digunakan

5. BAB V PENUTUP

Bab ini berisi kesimpulan dari pengerjaan penelitian tugas akhir ini dan saran-saran yang dapat digunakan untuk pengembangan lebih lanjut terhadap penelitian serupa.