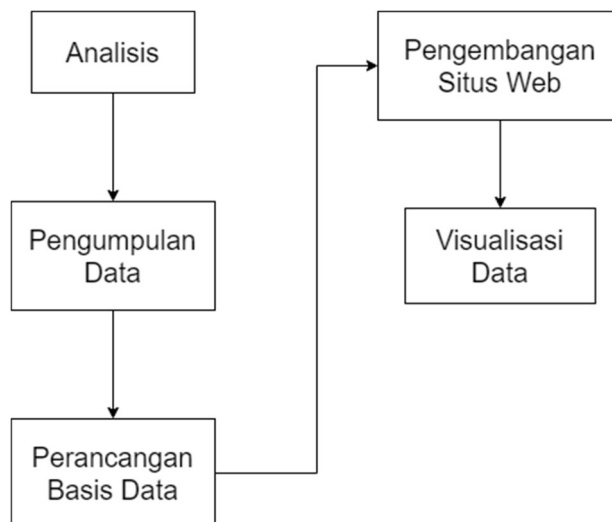


## BAB III

### METODOLOGI PENELITIAN

#### 3.1. Desain Penelitian

Agar penelitian yang dilakukan dapat terlaksana dengan baik dan jelas, maka diperlukan desain penelitian. Berikut merupakan desain penelitian dari penelitian yang akan dilakukan:



Gambar 3.1 Desain Penelitian

##### 3.1.1. Analisis

Pada tahap ini dilakukan analisis terhadap permasalahan kanker yang terjadi di seluruh dunia yang telah mengakibatkan kematian sebesar 1/6 dari seluruh permasalahan medis yang ada. Tahapan analisis yang dilakukan dimulai dari tahap studi literatur mengenai kanker serta mengenai teori graf untuk menampilkan data dalam bentuk visualisasi graf.

###### 1. Studi literatur

Tahap studi literatur merupakan tahapan untuk mencari informasi yang relevan dengan permasalahan yang diangkat mengenai penyakit kanker, KEGG, basis data serta teori graf. Tahapan ini dilakukan dengan tujuan mendapatkan informasi yang lebih dalam mengenai hal yang sudah disampaikan.

###### 2. Identifikasi Masalah

Tahap identifikasi masalah merupakan tahapan untuk mengidentifikasi masalah yang terjadi terutama pada pengobatan penyakit kanker yang

membutuhkan data interaksi antar gen untuk membantu proses pengobatan yang melibatkan interaksi gen.

### 3.1.2. Pengumpulan Data

Pada tahap ini dilakukan pengumpulan data dengan cara mengunduh data melalui website KEGG (<https://www.genome.jp/kegg/>) dengan rincian 17 data *cancer*, 46 data *signal transduction network* dan 9 data *cellular process*. Format berkas yang diperoleh merupakan berkas dengan ekstensi teks (.txt) yang berisi data berupa matriks yang dapat dilihat seperti pada Gambar 3.2 dibawah ini:

```
KIF7 GLI1 PTCH1 BMP2 WNT16 SHH APC2 PTCH1 SUFU AXIN1 DVL1 FZD10 GLI1 SMO HHIP CTNMB1 GSK3B LEF1 TP53 CDKN1A GADD45G BAX BAK1 DDB2 POLK
KIF7 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
GLI1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
PTCH1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
BMP2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
WNT16 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
SHH 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
APC2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
PTCH1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
SUFU 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
AXIN1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
DVL1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
FZD10 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
GLI1 0 0 0 1 1 0 0 1 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
SMO 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
HHIP 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
CTNMB1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
GSK3B 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
LEF1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
TP53 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
CDKN1A 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
GADD45G 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
BAX 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
BAK1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
DDB2 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
POLK 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
```

Gambar 3.2 Data Basal Cell Carcinoma

Data tersebut terdiri dari gen-gen yang ada pada jaringan suatu kanker, pada kasus ini data berupa gen-gen dari jaringan kanker *Basal Cell Carcinoma*. Pada baris pertama merupakan data berupa nama-nama gen yang juga merupakan gen tujuan atau *target* dan baris kedua hingga terakhir pada kata pertama merupakan data sumber atau *source* serta terdapat informasi mengenai interaksi antar gen. Baris pertama yang dimaksud adalah data-data dengan nama seperti KIF7, GLI1, PTCH1 sampai dengan POLK. Untuk mempermudah pemahaman dan pembacaan data interaksi gen, diambil beberapa data dari berkas tersebut yang kemudian akan disalin ke dalam aplikasi Microsoft Excel agar tampilan data lebih rapi dalam bentuk tabel. Hasil tampilan data dapat dilihat pada Gambar 3.3 berikut:

	A	B	C	D	E	F	G	H
1		TP53	CDKN1A	GADD45G	BAX	BAK1	DDB2	POLK
2	TP53	0	1	1	1	1	1	1
3	CDKN1A	0	0	0	0	0	0	0
4	GADD45G	0	0	0	0	0	0	0
5	BAX	0	0	0	0	0	0	0
6	BAK1	0	0	0	0	0	0	0
7	DDB2	0	0	0	0	0	0	0
8	POLK	0	0	0	0	0	0	0

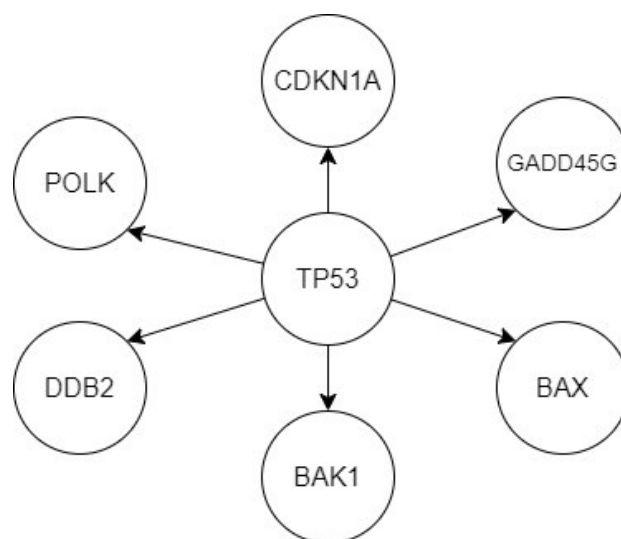
Gambar 3.3 Interaksi Gen pada Jaringan *Basal Cell Carcinoma*

Data yang dipilih pada Gambar 3.3 merupakan tujuh data terakhir pada data *Basal Cell Carcinoma*. Berdasarkan gambar tersebut dapat dijabarkan beberapa informasi, yaitu:

1. Pada baris pertama dimulai dari kolom B hingga H, yaitu TP53, CDKN1A, GADD45G, BAX, BAK1, DDB2 dan POLK merupakan daftar nama-nama gen yang terdapat pada jaringan *Basal Cell Carcinoma*.
2. Pembacaan interaksi gen dimulai dari gen pada kolom A terhadap gen pada kolom B hingga H. Pembacaan ini dilakukan per baris hingga baris terakhir. Berdasarkan ketentuan ini, dapat diketahui bahwa:
  - a. Kolom A pada baris kedua hingga baris kedelapan merupakan nama-nama gen yang ditentukan sebagai gen sumber atau *source*.
  - b. Kolom B hingga H pada baris pertama merupakan nama-nama gen yang ditentukan sebagai gen tujuan atau *target*.
3. Nilai 0 dan 1 menandakan hubungan antara gen *source* dan *target* dengan makna bahwa nilai 0 menandakan tidak adanya hubungan atau interaksi antar gen dan nilai 1 menandakan adanya interaksi antar gen.
4. Berdasarkan poin sebelumnya, dapat disimpulkan bahwa interaksi gen pada Gambar 3.3 adalah:
  - a. Gen TP53 berinteraksi dengan gen CDKN1A, GADD45G, BAX, BAK1, DDB2 dan POLK.
  - b. Gen CDKN1A, GADD45G, BAX, BAK1, DDB2 dan POLK tidak memiliki interaksi dengan gen *target* apapun.

Setelah dilakukan pembacaan dan pemahaman mengenai data interaksi jaringan kanker dalam bentuk tabel, langkah selanjutnya adalah menggambarkan hasil

interaksi tersebut dalam bentuk graf berarah. Hasil penggambaran graf dapat dilihat pada Gambar 3.4 berikut:



Gambar 3.4 Hasil Interaksi Gen dalam Bentuk Graf Berarah

Berdasarkan Gambar 3.4 dapat terlihat bahwa arah panah pada graf berasal dari *node* TP53 (*source*) menuju *node* CDKN1A, GADD45G, BAX, BAK1, DDB2 dan POLK (*target*).

### 3.1.3. Perancangan Basis Data

Perancangan basis data merupakan tahapan yang krusial dalam membangun suatu situs web berbasis basis data. Pada tahap ini dilakukan proses transformasi data dalam bentuk struktur basis data dengan menggunakan metode *Database Life Cycle (DBLC)*. Tahapan yang dilakukan meliputi tahap analisis data, desain konseptual, desain logika, serta tahap desain fisik.

#### 3.1.3.1. Analisis Data

Pada tahap ini bertujuan untuk memahami secara mendalam bagaimana bentuk data yang telah dikumpulkan sehingga pada proses perancangan basis data dapat menghasilkan tabel-tabel yang sesuai. Merujuk pada situs web KEGG ditentukan bahwa terdapat tiga kategori data, yaitu *cancer*, *signal transduction network* dan *cellular process*. Pada berkas-berkas data yang telah dikumpulkan diketahui bahwa setiap data memiliki gen-gen yang dapat direpresentasikan sebagai sumber atau *source* dan tujuan atau *target* dengan informasi nilai biner berupa 0 yang menunjukkan bahwa tidak ada interaksi antar gen dan 1 yang menunjukkan adanya interaksi antar gen.

### 3.1.3.2. Desain Konseptual

Pada tahap desain konseptual ini bertujuan untuk mengidentifikasi entitas dan atributnya, menentukan hubungan antar entitas dan menetapkan batasan. Pada tahap ini dibuat sebuah model data dengan menggunakan model *Entity Relationship Diagram* (ERD).

### 3.1.3.3. Desain Logika

Desain logika ini bertujuan untuk memetakan proses perancangan konseptual ke dalam model basis data yang akan dirancang. Pada tahap ini dilakukan konversi tabel berdasarkan relasi atau hubungan antar entitas berdasarkan hasil ERD yang telah dirancang sebelumnya. Tabel ini akan terbentuk berdasarkan entitas sebagai nama tabel dan atribut-atribut sebagai nama kolom.

### 3.1.3.4. Desain Fisik

Desain fisik ini merupakan proses penerapan skema yang telah dirancang ke dalam struktur basis data yang sebenarnya. Proses ini melibatkan pendefinisian struktur tabel, tipe data, batasan

## 3.1.4. Pengembangan Situs Web

Pada tahap ini dijelaskan mengenai pengembangan situs web yang dibangun. Terdapat beberapa tahapan yang akan dilakukan ketika melakukan pengembangan situs web untuk visualisasi interaksi gen pada jaringan kanker ini, di antaranya:

### 1. Analisis fitur

Dalam proses pengembangan situs web, terlebih dahulu dilakukan analisis kebutuhan untuk fitur yang akan disajikan pada aplikasi. Fitur-fitur yang dirancang untuk situs web ini di antaranya fitur unggah berkas, fitur visualisasi jaringan kanker dan fitur visualisasi detail interaksi gen tertentu.

#### a. Fitur tambah data

Untuk mempermudah proses pemasukan atau penambahan data jaringan kanker, gen dan interaksinya, dibangun sebuah fitur untuk menambah data di mana pengguna dapat memilih kategori, seperti *cancer*, *signal transduction network* atau *cellular process*, nama jaringan, serta unggah berkas data jaringan tersebut. Fitur ini akan menambahkan nama jaringan pada tabel sesuai dengan kategori yang dipilih, nama-nama gen dan interaksi antar gen pada tabel *junction many-to-many*.

b. Fitur visualisasi jaringan kanker

Data yang sudah ditambahkan ke dalam basis data selanjutnya akan diolah untuk ditampilkan interaksi-interaksi gennya dalam bentuk graf berarah. Penggambaran interaksi gen dengan menggunakan graf berarah bertujuan untuk mempermudah pemahaman mengenai gen-gen apa yang berperan sebagai gen asal (*source*) atau gen tujuan (*target*). Selain itu, agar tampilan visualisasi lebih menarik, diterapkan juga metode *force-directed*. Metode ini berfungsi ketika suatu gen digerakkan, maka setiap gen lain akan melakukan gaya tarik-menarik atau tolak-menolak sesuai dengan posisi gen-gen tersebut.

c. Fitur visualisasi detail interaksi gen

Untuk mengetahui lebih detail mengenai gen-gen yang berinteraksi dengan gen tertentu, dibangun visualisasi untuk mengetahui hal ini. Proses yang dilakukan untuk menampilkan visualisasi ini serupa dengan yang dilakukan ketika akan menampilkan visualisasi jaringan suatu kanker.

2. Perancangan antarmuka

Antarmuka yang dirancang untuk visualisasi interaksi gen kanker ini berupa *one-page website* atau situs web yang hanya memiliki satu halaman. Halaman ini berupa fitur-fitur yang telah dirancang sebelumnya, yaitu fitur tambah data, visualisasi jaringan kanker dan visualisasi detail interaksi gen-gen kanker.

3. Implementasi koding

Setelah menentukan fitur apa saja yang akan disajikan pada situs web, tahap selanjutnya adalah menerapkan fitur-fitur tersebut dalam sebuah kodingan dengan menggunakan bahasa pemrograman PHP sebagai proses penambahan data baru ke dalam basis data dan pengambilan data dari basis data yang sudah dibangun untuk selanjutnya diolah dan ditampilkan dalam bentuk graf berarah menggunakan bahasa pemrograman JavaScript.

4. Pengujian

Sebelum situs web dapat digunakan, diperlukan langkah pengujian agar situs web dapat berjalan dengan baik. Pengujian yang dilakukan merupakan pengujian dengan menggunakan metode *black box*. Pengujian *black box* bertujuan untuk memastikan suatu input tertentu akan menghasilkan output sesuai dengan yang

diharapkan. Pengujian ini hanya akan menguji hasil fungsionalitas tanpa memperhatikan bagaimana suatu sistem berjalan ataupun dibuat.

### 3.1.5. Visualisasi Data

Setelah basis data yang dirancang sudah relevan dengan permasalahan dan data-data tersebut udah dimasukkan ke dalam basis data, tahap selanjutnya adalah membuat data-data yang ada pada basis data tersebut untuk dapat divisualisasikan pada situs web lokal dalam bentuk graf berarah untuk selanjutnya akan dilakukan analisis. Metode *force-directed* diterapkan pada visualisasi dengan tujuan agar tampilan visualisasi lebih menarik serta mempermudah dalam analisis interaksi data. Terdapat dua visual data yang disajikan, yang pertama merupakan data utama untuk setiap kategori *cancer*, *signal transduction network* atau *cellular process*. Visual data kedua merupakan interaksi detail suatu gen berdasarkan *node* yang pengguna tekan atau pilih.

### 3.2. Perangkat yang Digunakan

Pengembangan basis data dan visualisasi gen kanker membutuhkan alat pendukung untuk dapat merancang dan menjalankan sistem yang telah dibangun. Perangkat yang dibutuhkan meliputi perangkat keras dan perangkat lunak, di antaranya:

#### 1. Perangkat keras

Dalam pengembangan visualisasi *cancer*, *signal transduction network*, dan *cellular process* ini juga membutuhkan perangkat keras yang dapat mendukung proses pembangunan aplikasi. Perangkat keras yang digunakan meliputi:

- a. Prosesor Intel Core i5-8250U
- b. Memori RAM 8GB
- c. Kartu grafis NVIDIA GeForce 940MX
- d. Hard Disk 1TB
- e. Monitor
- f. Keyboard
- g. Mouse

#### 2. Perangkat lunak

Dalam proses pembangunan visualisasi *cancer, signal transduction network*, dan *cellular process* ini diperlukan dukungan beberapa perangkat lunak, di antaranya:

a. XAMPP

XAMPP merupakan suatu web server lokal yang dapat digunakan secara offline. Penggunaan XAMPP diperlukan untuk menjalankan program berbasis PHP dan juga menjalankan basis data MySQL.

b. Google Chrome

Google Chrome merupakan sebuah peramban yang digunakan untuk menampilkan sebuah website.

c. Microsoft Word 365

Microsoft Word 365 adalah sebuah perangkat lunak yang digunakan untuk penulisan dokumen penelitian.

d. Teks Editor Visual Studio Code

Visual Studio Code merupakan sebuah perangkat lunak teks editor yang digunakan untuk melakukan pengkodean aplikasi website yang dibangun.