

ANALISIS REDUKSI DIMENSI PADA KLASIFIKASI MICROARRAY MENGUNAKAN MBP POWELL BEALE

Andi Putri Hafsa Munzir^{1,*}, Adiwijaya², Annisa Aditsania³

¹Ilmu Komputasi, Fakultas Informatika – Universitas Telkom [Email: andifutri@student.telkomuniversity.ac.id]

²Ilmu Komputasi, Fakultas Informatika – Universitas Telkom [Email: adiwijaya@telkomuniversity.ac.id]

³Ilmu Komputasi, Fakultas Informatika – Universitas Telkom [Email: aaditsania@telkomuniversity.ac.id]

*Corresponding Author

ABSTRACT

Cancer is the second leading cause of death in the world based on World Health Organization (WHO) survey in 2015. It took DNA microarray technology to analyze and diagnose cancer. DNA microarray has large dimensions so it influences the process of cancer 's classification. GA and PCA are used as reduction method and MBP Powell Beale as classification method. The testing of MBP classification without dimension reduction results 70,59% – 100% accuracy. MBP+PCA results 76,47% – 100% accuracy. MBP + GA results 76,47% – 92,31% accuracy.

Keywords: cancer, microarray, ga, pca, mbp.

1 PENDAHULUAN

Kanker merupakan salah satu penyebab kematian di negara berkembang. Berdasarkan survei yang dilakukan WHO (2012), kanker dianggap sebagai penyebab utama kematian di dunia. Sekitar 8,2 juta orang meninggal karena kanker dan jumlah ini diperkirakan akan meningkat setiap tahun karena gaya hidup yang tidak sehat. Kanker adalah penyakit akibat pertumbuhan tidak normal dari sel-sel jaringan tubuh yang berubah menjadi sel kanker.

Dalam beberapa dekade terakhir, *microarray* data memegang peran penting dalam mendiagnosis kanker. *Microarray* dapat digunakan untuk menganalisis ribuan gen secara bersamaan. DNA mengandung sifat dan informasi suatu makhluk hidup. Diagnosis kanker hasil olah data *microarray* sering dibandingkan dengan teknik diagnosis tradisional, seperti yang telah dijelaskan Van't Veer et al. (2002).

Dalam penelitian ini dibangun suatu sistem yang dapat menganalisis dan memprediksi se-

orang pasien apakah mengidap kanker atau tidak berdasarkan data *microarray* pasien. Dimensi data *microarray* sangatlah besar. Oleh karena itu, diperlukan proses reduksi dimensi. Reduksi dimensi data merupakan suatu teknik yang dilakukan untuk mengurangi ukuran data yang sangat besar karena dimensi pengamatan yang sangat besar menjadi menjadi kendala dalam perhitungan komputasi sehingga solusi yang dihasilkan tidak stabil seperti yang telah dijelaskan Næs et al. (2002). Nurfalah (2016) telah berhasil menggunakan perpaduan analisis komponen utama dan algoritma *conjugate gradient* pada *backpropagation* untuk menghasilkan akurasi sekitar 76% – 97%.

Penelitian ini membandingkan performansi sistem klasifikasi data *microarray* menggunakan klasifier MBP Powell Beale yang telah melalui proses reduksi dimensi, baik seleksi fitur maupun ekstraksi fitur. PCA dipilih sebagai metode ekstraksi fitur, sedangkan GA dipilih sebagai metode seleksi fitur pada penelitian ini.

2 Reduksi Dimensi

2.1 Ekstraksi Fitur Menggunakan PCA

PCA merupakan teknik untuk mereduksi dimensi, PCA menghasilkan sekumpulan data berdimensi baru yang biasa dinamakan Principal Component (PC). PC merupakan kombinasi linier data actual berdimensi rendah seperti yang telah dijelaskan Nurfalalah (2016).

Pada penelitian ini, pemilihan jumlah vektor eigen yang akan digunakan berdasarkan proporsi kumulatif varians (nilai eigen). Proporsi varians menunjukkan besarnya persentase informasi variabel-variabel asal yang terkandung dalam setiap vektor ciri (vektor eigen) berdasarkan nilai eigen dan memberikan interpretasi mengenai seberapa besar data dapat terwakili dalam dimensi yang telah direduksi yang telah dijelaskan Maharani et al. (2014).

Tahapan untuk melakukan reduksi dimensi dengan menggunakan PCA berdasarkan Nurfalalah (2016), yaitu:

1. Data diatur sebagai satu set $|n|$ data vektor $A_1 \dots A_{|n|}$, dimana matriks input untuk PCA adalah $A(i,j)$ untuk proses training, dengan i merupakan baris dan j merupakan kolom.
2. Hitung mean (\bar{A}) dari data:

$$\bar{A} = \frac{1}{n} \sum_{m=1}^n A_m \quad (1)$$

dengan :

n =jumlah sampel,
 A =data observasi.

3. Menghitung matriks kovariansi (C):

$$C(A) = \frac{1}{n-1} (A_m - \bar{A})(A_m - \bar{A})^T \quad (2)$$

dengan :

n =jumlah sampel,
 A =data observasi,
 \bar{A} =mean data.

4. Menghitung nilai eigen dan vektor eigen:

$$\begin{aligned} C(A)v_m &= \lambda v_m \\ |C(A) - \lambda I|v_m &= 0 \end{aligned} \quad (3)$$

dengan :

v_m = vektor eigen,
 λ = nilai eigen,
 $C(A)$ = matriks kovariansi dari A ,
 m = jumlah atribut

5. Ekstrak nilai diagonal dari nilai eigen dan urutkan nilai diagonal tersebut secara descending.

Ada beberapa cara dalam menentukan jumlah vektor eigen yang akan dipilih berdasarkan nilai eigen, diantaranya:

- (a) menggunakan scree plot. Banyaknya jumlah vektor eigen yang dipilih adalah berdasarkan pada titik kurva yang tidak lagi menurun tajam atau mulai melandai.
- (b) menggunakan proporsi kumulatif varians (nilai eigen) terhadap total varians (nilai eigen).

Adapun Perhitungan Proporsi Varians (PPV) untuk setiap komponen utama (vektor eigen) adalah sebagai berikut:

$$PPV = \frac{\sum_{i=0}^k \lambda_i}{\sum_{i=0}^m \lambda_i} \times 100\% \quad (4)$$

dengan :

λ = nilai eigen,
 m = jumlah atribut data awal,
 k = jumlah atribut yang akan dipilih.

6. Principal Component (PC) dipilih dari k kolom eigen vector yang memiliki nilai diagonal tertinggi.

7. Kemudian didapat data baru dengan mengalikan PC dengan data.

$$data\ baru = PC \times data \quad (5)$$

2.2 Seleksi Fitur Menggunakan GA

Genetic Algorithm adalah cabang dari algoritma evolusi yang merupakan metode *adaptive* yang biasa digunakan untuk memecahkan suatu pencarian nilai dalam sebuah masalah optimasi. Berdasarkan Suyanto (2008) komponen utama *Genetic Algorithm*, yaitu:

1. Teknik Pengkodean
Teknik pengkodean adalah bagaimana mengkodekan gen dari kromosom. Satu gen biasanya akan mewakili satu variabel. Gen dipresentasikan dalam bentuk bit.
2. Membangkitkan Populasi Awal
Membangkitkan populasi awal adalah proses membangkitkan sejumlah individu secara acak atau melalui prosedur tertentu. Teknik yang digunakan dalam pembangkitan populasi awal ini yaitu random generator.
3. Evaluasi *Fitness*
Dalam penelitian ini, fungsi *Fitness* didapatkan dari nilai akurasi dari klasifikasi *backpropagation* termodifikasi dengan algoritma MBP.

$$Fitness(x) = Akurasi(x) \quad (6)$$

$$Akurasi(x) = \frac{TP + TN}{TP + FN + FP + TN} \quad (7)$$

TP (*True Positive*) adalah proporsi positif dalam data set yang diklasifikasikan positif, FP (*False Positive*) adalah proporsi negatif dalam data set yang diklasifikasikan positif, TN (*True Negative*) adalah proporsi negatif dalam data set yang diklasifikasikan negatif, dan FN (*False Negative*) proporsi negatif dalam data set yang diklasifikasikan negatif. Data positif merupakan data yang terkategori kanker dan data negatif merupakan data yang terkategori bukan kanker.

4. Seleksi Orang Tua
Seleksi orang tua dilakukan dengan memilih dua individu secara proporsional berdasarkan nilai *fitness* yang dihasilkan. Metode yang digunakan yaitu *roulette-wheel*.
5. Crossover
Crossover adalah operator dari algoritma genetika yang melibatkan dua orang tua untuk membentuk individu baru berdasarkan titik *Crossover* yang ditentukan secara acak. Penelitian ini menggunakan *Crossover* jenis *single point crossover*.
6. Mutasi
Mutasi diperlukan untuk mengembalikan informasi bit yang hilang akibat *Crossover*, namun dengan probabilitas mutasi (P_m) yang sangat kecil. Sebab jika mutasi terlalu sering dilakukan maka akan menghasilkan individu yang lemah karena konjugasi gen pada individu yang unggul akan dirusak.
7. Seleksi *Survivor*
Seleksi *Survivor* menghasilkan dampak yang signifikan terhadap performansi dan kemampuan GA untuk menemukan solusi dalam ruang pencarian yang sangat besar. Seleksi *Survivor* atau pergantian populasi dilakukan setelah melewati *crossover* dan mutasi.

3 Klasifikasi Menggunakan MBP-Powell Beale

Metode yang digunakan untuk mende-teksi kanker pada *microarray* adalah *modified back-propagation* (MBP) *conjugate gradient* Powell Beale. Arsitektur yang digunakan adalah *multi layer perceptron* dan fungsi aktivasi yang digunakan yaitu *sigmoid biner*.

Backpropagation adalah sebuah metode sistematis untuk pelatihan *multi layer* jaringan syaraf tiruan (MLP-ANN). *Conjugate Gradient* (CG) merupakan algoritma pencarian yang arah pencariannya tidak selalu menu-run tapi berdasarkan pada arah konjungsinya

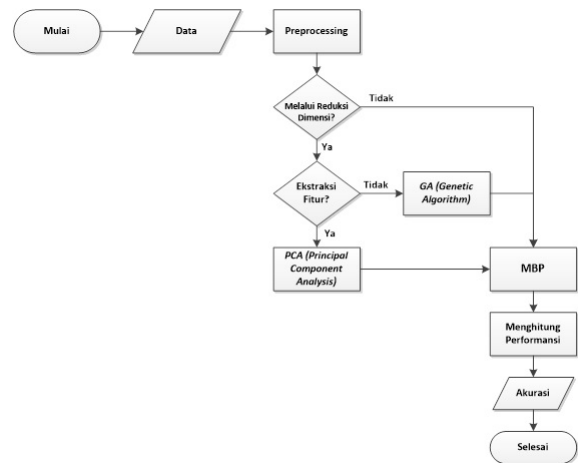
yang telah dijelaskan Nurfalah (2016) Adiwijaya et al. (2013). Secara umum algoritma ini lebih cepat konvergen daripada metode penurunan tercepat standar backpropagation Nurfalah (2016) Adiwijaya et al. (2014).

Hasil keluaran pada proses ini adalah bobot-bobot terbaik dari arsitektur selama proses pelatihan. Adapun tahapan propagasi maju dan propagasi mundur yaitu, data yang telah melalui tahapan *preprocessing* dimasukkan kedalam arsitektur JST. Tahap propagasi disini merupakan salah satu proses untuk mengeluarkan bobot yang optimum. Nilai *error* yang diperoleh digunakan sebagai parameter dalam propagasi mundur. Tahap pelatihan akan berhenti jika $MSE < \text{minimum MSE}$. *Error* tersebut dipropagasikan balik untuk memperbaiki bobot-bobot dari semua *neuron* pada *hidden layer* dan *output layer*. Selanjutnya menghitung gradient di *output layer* dan di *hidden layer*. Kemudian menghitung parameter β pada semua *output layer* dan *hidden layer*. Lalu menghitung *direction* pada iterasi saat ini dan Teknik *line search* digunakan sebagai proses pencarian parameter α yang bertujuan untuk meminimumkan kinerja selama arah pencarian, karena parameter α merepresentasikan besar langkah yang diambil untuk setiap *direction*. Adapun Algoritma pelatihan yang digunakan dapat dilihat pada *paper* Nurfalah (2016).

4 HASIL DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini bertujuan untuk mendiagnosis kanker berdasarkan *microarray* data menggunakan perpaduan analisis komponen utama PCA, genetic algorithm (GA) dan metode *Conjugate Gradient Propagation* (MBP) Powell Beale.

Berdasarkan Gambar 1 untuk menghasilkan akurasi dari sistem ini akan melakukan tahap normalisasi data agar data dapat diproses. Setelah itu data yang telah dinormalisasi akan dibagi menjadi dua data yaitu data *Training* dan data *Testing*. Selanjutnya data *Training* dan *Testing* akan digunakan untuk reduksi dimensi menggunakan ekstraksi fitur PCA dan seleksi fitur GA kemudian di-



Gambar 1. Flowchart Umum Sistem

lakukan pelatihan modified backpropagation (MBP) Powell Beale. Hasil dari tahapan ini akan menghasilkan bobot terbaik. Kemudian akan dilakukan pengujian sistem dengan menggunakan data *Testing* untuk mengetahui hasil akurasi dari sistem.

Data set yang digunakan dalam pengerjaan penelitian ini berupa data *microarray*, terdiri dari tiga dataset DNA *microarray* yaitu *colon cancer*, *lung cancer*, *ovarian cancer*. Data set tersebut diperoleh dari *Ridge Bio-medical Data Set Repository* WHO (2012).

Tabel 1. Dataset *Microarray*

Data	Atribute	Record	Train	Test
<i>Colon Cancer</i>	2000	62	43	19
<i>Ovarian Cancer</i>	15154	253	177	76
<i>Lung Cancer</i>	12533	181	127	54

Proses pengujian menggunakan beberapa skenario klasifikasi diantaranya itu MBP, MBP+PCA, dan MBP+GA. Setiap skema klasifikasi dilakukan percobaan masing-masing sebanyak 9 kali. Pengulangan ini dilakukan karena adanya proses *random number* saat awal proses MBP Powell Beale.

Pada proses pengujian, proporsi data

yang digunakan sebesar 70% untuk data *training* dan 30% untuk data *testing*.

4.1 Pengaruh Arsitektur Jaringan Terhadap Performansi Sistem

Pada proses pengujian ini dilakukan perbandingan akurasi hasil klasifikasi MBP Powell Beale menggunakan berbagai jumlah *hidden neuron*. Perbandingan dilakukan menggunakan 2, 3, dan 4 *Neuron*. Hal ini dilakukan untuk mengetahui jumlah *Hidden Neuron* yang optimal untuk model sistem klasifikasi *modified backpropagation* (MBP) *Conjugate Gradient* Powell Beale.

Tabel 2. Hasil Perbandingan Akurasi Berdasarkan *Neuron Hidden Layer*

<i>Neuron Hidden Layer</i>	<i>Ovarian Cancer (%)</i>	<i>Lung Cancer (%)</i>	<i>Colon Cancer (%)</i>	Rata-Rata (%)
2	97,29	100	70,59	89,29
3	98,65	100	70,59	89,75
4	98,64	100	70,59	89,74

Berdasarkan Tabel 2 hasil perbandingan *neuron hidden layer* di atas didapatkan jumlah *neuron* terbaik pada *hidden layer* sebesar 3 *neuron* dengan akurasi rata-rata sebesar 89,75%. Oleh karena itu, arsitektur jaringan tersebut akan digunakan sebagai arsitektur klasifikasi di skema selanjutnya.

4.2 Pengaruh Ekstraksi Fitur Terhadap Performansi Sistem

Pada penelitian ini, adapun pemilihan jumlah vektor eigen yang akan digunakan yaitu dengan menggunakan proporsi kumulatif varians (nilai eigen) sesuai dengan Næs et al. (2002). Adapun Perhitungan Proporsi Varians (PPV) untuk setiap komponen utama (vektor eigen) adalah menggunakan persamaan 4.

Tabel 3 menyajikan jumlah atribut masing-masing dataset kanker berdasarkan nilai *threshold* PPV.

Tabel 3. Jumlah Atribut berdasarkan Nilai *Threshold* PPV

Data	PC 80%	PC 90%	PC 100%
<i>Colon Cancer</i>	7	14	44
<i>Ovarian Cancer</i>	5	12	178
<i>Lung Cancer</i>	53	80	128

Tabel 4. Hasil Pengujian Skema Klasifikasi MBP dengan PCA

Data	<i>Threshold (%)</i>	Akurasi (%)	<i>Training Time(s)</i>
<i>Colon Cancer</i>	80	76,47	6,37
	90	76,47	6,75
	100	76,47	7,37
<i>Ovarian Cancer</i>	80	95,94	7,08
	90	95,95	7,27
	100	100	7,36
<i>Lung Cancer</i>	80	94,23	5,77
	90	98,08	5,83
	100	100	5,93

Tabel 4 menunjukkan bahwa menggunakan batas *threshold* 100% pada PPV menghasilkan akurasi tertinggi bila dibandingkan dengan batas *threshold* lainnya.

4.3 Pengaruh Seleksi Fitur Terhadap Performansi Sistem

Pada sub bab ini, pengaruh jumlah atribut dari hasil seleksi fitur akan dikaji. Terdapat 2 skenario pengujian, yaitu:

1. Jumlah atribut yang digunakan sesuai dengan jumlah atribut hasil PPV yaitu individu yang akan digunakan untuk data colon cancer sebanyak 7,14 dan 44. Untuk data lung cancer yaitu 53, 80, dan

128. Untuk data ovarian cancer yaitu 5, 12, dan 178.

- Jumlah atribut yang digunakan sesuai dengan persentase proporsi masing-masing data awal (50%, 25% dan 10%).

Ukuran populasi merupakan salah satu parameter yang penting dalam penelitian ini, sehingga ukuran populasi yang telah ditentukan akan dilihat pengaruhnya terhadap kinerja klasifikasi.

Tabel 5. Pengaruh Ukuran Populasi Terhadap Nilai Akurasi

Data	Ukuran Populasi	Max Gen	Jumlah Individu	Akurasi (%)	Training Time (s)
<i>Colon Cancer</i>	50	10	7	64,71	58
			14	64,71	58
			44	35,29	58
	100	5	7	64,71	58
			14	64,71	58
			44	64,71	58
<i>Ovarian Cancer</i>	50	10	5	64,86	76
			12	64,86	75
			178	64,86	79
	100	5	5	64,86	77
			12	64,86	77
			178	62,16	81
<i>Lung Cancer</i>	50	10	53	80,77	77
			80	84,62	75
			128	84,62	77
	100	5	53	84,62	82
			80	73,08	74
			128	84,62	79

Berdasarkan Tabel 5 dapat diamati untuk proporsi ukuran populasi yang mengikuti proporsi PCA mampu menghasilkan nilai akurasi untuk *colon cancer* 64,71% dengan *training time* 58 detik, *ovarian cancer* 64,86% dengan *training time* 75 detik, dan *lung cancer* 84,62% dengan *training time* 75 detik.

Berdasarkan Tabel 6 dapat diamati bahwa untuk proporsi data berdasarkan jumlah atribut mampu memberikan hasil untuk *colon cancer* 64,71% dengan *training time* 60 detik, *ovarian cancer* 64,86% dengan *training time* 133 detik, dan *lung cancer* 84,62% dengan *training time* 98 detik.

Berdasarkan proporsi data yang digunakan dapat diamati bahwa seleksi fitur GA+MBP mampu memprediksi dengan baik pada jenis data lung cancer yaitu sebesar 84,62%. Hal

Tabel 6. Hasil Pengaruh Jumlah Atribut Terhadap Nilai Akurasi

Data	Ukuran Populasi	Max Gen	Jumlah Individu	Akurasi (%)	Training Time (s)
<i>Colon Cancer</i>	50	10	1000	58,82	71
			500	58,82	64
			200	58,82	60
	100	5	1000	64,71	72
			500	64,71	67
			200	64,71	60
<i>Ovarian Cancer</i>	50	10	7577	64,86	222
			3788	64,86	149
			1515	64,86	202
	100	5	7577	64,86	218
			3788	64,86	153
			1515	64,86	133
<i>Lung Cancer</i>	50	10	6266	76,92	211
			3133	84,62	135
			1253	84,62	98
	100	5	6266	84,62	195
			3133	84,62	137
			1253	84,62	108

ini disebabkan karena pemilihan jumlah individu yang digunakan akan memberikan hasil performansi yang optimum.

4.4 Perbandingan Performansi dengan atau tanpa Proses Reduksi Dimensi

Berdasarkan hasil pengujian yang telah didapatkan, maka didapatkan akurasi untuk setiap jenis data.

Tabel 7. Perbandingan Akurasi Berdasarkan Skema Klasifikasi

Data	Skema Klasifikasi	Akurasi(%)
<i>Colon Cancer</i>	MBP	76,47
	MBP+PCA	76,47
	MBP+GA	76,47
<i>Ovarian Cancer</i>	MBP	100
	MBP+PCA	100
	MBP+GA	81,03
<i>Lung Cancer</i>	MBP	100
	MBP+PCA	100
	MBP+GA	92,31

Berdasarkan skema pengujian pada subbab sebelumnya, akurasi untuk setiap jenis data *microarray* menggunakan skema klasifikasi MBP menghasilkan akurasi 70,59% - 100%, skema klasifikasi MBP+PCA menghasilkan akurasi 76,47% - 100%, dan ske-

ma klasifikasi MBP+GA menghasilkan akurasi 35,26% - 84,62%. Hal ini disebabkan karena pengaruh pengambilan vektor eigen (PPV) pada MBP+PCA serta pengaruh ukuran populasi dan max gen pada MBP+GA yang mempengaruhi klasifikasi pelatihan dan pengujian.

Pada *modified backpropagation* (MBP) Powell Beale tanpa menggunakan reduksi dimensi maupun menggunakan reduksi dimensi menghasilkan akurasi lebih dari 70%. Tetapi *training time* pada MBP 20 kali lipat dari *training time* MBP+PCA sehingga diperlukan skema yang didalamnya terdapat proses reduksi dimensi dan proses klasifikasi. Dari hasil pengujian, skema klasifikasi MBP+PCA menghasilkan rata-rata akurasi sebesar 92,15% dengan *training time* 2 – 4 detik untuk pelatihan masing-masing data sedangkan untuk skema klasifikasi MBP+GA menghasilkan rata-rata akurasi sebesar 70% yang membutuhkan waktu *training time* 58 – 222 detik. Hal ini disebabkan karena seleksi fitur GA memilih atribut yang nilai *fitness*-nya paling besar dan prinsipnya menggunakan korelasi padahal tidak semua atribut berkorelasi, sedangkan pada ekstraksi fitur PCA menggunakan semua atribut dan membangun dimensi baru dari kombinasi linier dimensi asli.

Pada penelitian ini penulis merekomendasikan skema klasifikasi menggunakan MBP+PCA karena pada skema klasifikasi MBP+PCA menghasilkan akurasi tertinggi yaitu pada jenis data *ovarian cancer* dan *lung cancer* menghasilkan akurasi sebesar 100%, sedangkan pada jenis data *colon cancer* menghasilkan akurasi sebesar 76,47% dengan waktu *training time* 2 detik.

5 KESIMPULAN DAN SARAN

Skema klasifikasi MBP tanpa reduksi dimensi menghasilkan akurasi 70,59% – 100%, skema klasifikasi MBP+PCA menghasilkan akurasi 76,47% - 100%, dan skema klasifikasi MBP+GA menghasilkan akurasi 35,26% - 84,62%. Hal ini disebabkan karena pengaruh pengambilan vektor ei-

gen (PPV) pada MBP+PCA serta pengaruh ukuran populasi dan max gen pada MBP+GA yang mempengaruhi klasifikasi pelatihan dan pengujian. Penulis menggunakan PPV 80%, 90% dan 100% karena dari hasil pengujian yang telah dilakukan perbandingan jumlah PC yang terpilih menghasilkan akurasi yang tidak jauh beda seperti pada data *ovarian cancer* jumlah PC yang terpilih untuk *threshold* 90% yaitu 12 menghasilkan akurasi 95,95% sedangkan jumlah pc yang terpilih untuk *threshold* 100% yaitu 178 menghasilkan akurasi 100%.

MBP+PCA menghasilkan akurasi tertinggi yaitu pada jenis data *ovarian cancer* dan *lung cancer* menghasilkan akurasi sebesar 100% dan pada jenis data *colon cancer* menghasilkan akurasi sebesar 76,47% dengan waktu *training time* 2 detik.

Daftar Pustaka

- Adiwijaya, U., Wirayuda, T., Baizal, Z., and Haryoko, U. (2013). An improvement of backpropagation performance by using conjugate gradient on forecasting of air temperature and humidity in indonesia. *Far East J. Math. Sci*, 1:57–67.
- Adiwijaya, Wisesty, U., Nhita, F., et al. (2014). Study of line search techniques on the modified backpropagation for forecasting of weather data in indonesia. *Far East Journal of Mathematical Sciences*, 86(2):139.
- Maharani, Adiwijaya, W., Gozali, A. A., et al. (2014). Degree centrality and eigenvector centrality in twitter. In *Telecommunication Systems Services and Applications (TSSA), 2014 8th International Conference on*, pages 1–5. IEEE.
- Næs, T., Isaksson, T., Fearn, T., and Davies, T. (2002). *A user friendly guide to multivariate calibration and classification*. NIR publications.
- Nurfalah, Adiwijaya, S. A. A. (2016). Cancer detection based on microarray data classification using pca and modified back pro-

pagation. *Far East Journal of Electronics and Communications*, 16(2):269.

Suyanto, S. C. (2008). Membangun mesin ber-iq tinggi. *Bandung: Informatika*.

Van't Veer, L. J., Dai, H., Van De Vijver, M. J., He, Y. D., Hart, A. A., Mao, M., Peterse, H. L., Van Der Kooy, K., Marton, M. J., Witteveen, A. T., et al. (2002). Gene expression profiling predicts clinical outcome of breast cancer. *nature*, 415(6871):530–536.

WHO (2012). World health day 2012: ageing and health: toolkit for event organizers.