



PROSIDING KNM XV

Manado, 30 Juni - 3 Juli 2010



IndoMS

Indonesia Mathematical Society

ISBN : 978-602-9642

PROSIDING

Konferensi Nasional
Ilmu Matematika XV
Manado, 30 Juni - 3 Juli 2010



Jurusan Matematika
Fakultas Matematika
Universitas Negeri Manado



IndoMS

Indonesia Mathematical Society



ISBN : 978-602-96426-1-2

978-602-96426-1-2

Diterbitkan oleh :



IndoMS

Indonesia Mathematical Society

Tim Prosiding KNM XV

Penanggung Jawab :

Prof. Dr. rer. nat. Widodo, MS.

Editors

1. Dr. Ch. Rini Indrati, M.Si.
2. Dr. Indah Emilia Wijayanti, M.Si.
3. Herni Utami, S.Si., M.Si.

Staf Pendukung

1. Karyati
2. Susiana

Layout dan Cover : Parjilan

Tim Penilai Paper KNM XV di Manado

Dr. Abdurakhman (UGM, Yogyakarta)	Prof. Dr. Mashadi (UNRI, Riau)
Atok Zulijanto, Ph.D. (UGM, Yogyakarta)	Dr. M. Yunus (ITS, Surabaya)
Prof. Dr. Basuki Widodo (ITS, Surabaya)	Dr. Opim Sitompul (USU, Medan)
Prof. Dr. Budi Nurani (UNPAD, Bandung)	Prof. Dr. Pudji Astuti (ITB, Bandung)
Dr. Budi Surodjo (UGM, Yogyakarta)	Dr. Siti Fatimah (UPI, Bandung)
Dr. Ch. Rini Indrati (UGM, Yogyakarta)	Prof. Dr. Siti M. Amin(UNESA, Surabaya)
Prof. Dr. Edi Cahyono (UNHALU, Sulawesi)	Dr. MHD. Reza M.I. Pulungan (UGM, Yogyakarta)
Prof. Dr. Edy Tri Baskoro (ITB, Bandung)	Prof. Dr. Roberd Saragih (ITB, Bandung)
Dr. Fajar Adi Kusumo (UGM, Yogyakarta)	Dr. Supama (UGM, Yogyakarta)
Dr. Gunardi (UGM, Yogyakarta)	Prof. Dr. Sutarto Hadi (UNLAM, Kalimantan)
Prof. Dr. Hendra Gunawan (ITB, Bandung)	Prof. Dr. Sutawanir Darwis (ITB, Bandung)
Dr. Indah Emilia Wijayanti (UGM, Yogyakarta)	Dr. Tri Atmojo Kusmayadi (UNS, Solo)
Dr. Intan Muchtadi (ITB, Bandung)	Prof. Dr. Tulus (USU, Medan)
Prof. Dr. I Nyoman Budiantara (ITS, Surabaya)	Dr. Wanty Widjaya (USD, Yogyakarta)
Prof. Dr. I.Wayan Mangku (IPB, Bogor)	Prof. Dr. Widodo (UGM, Yogyakarta)
Dr. Janson Naiborhu (ITB, Bandung)	Dr. Wikaria Gazali (UBINUS, Jakarta)
Dr. Khabib Mustofa (UGM, Yogyakarta)	Dr. Wono Setya Budhi (ITB, Bandung)
Dr. Kiki A. Sugeng (UI, Jakarta)	Prof. Dr. Zulkardi (UNSRI, Palembang)
Dr. Lina Aryati (UGM, Yogyakarta)	

DAFTAR ISI

	Halaman
Cover	i
Daftar Isi	ii
Tim Prosiding KNM XV	ix
Tim Penilai Paper KNM XV	x
Kata Pengantar dari Presiden IndoMS	xi
Kata Pengantar dari Panitia KNM XV	xiii

PAPER PEMBICARA UTAMA

Pemodelan Stokastik Melalui Pendekatan Model Linier Serta Penerapannya untuk Industri dan Lingkungan.....	001-020
<i>Budi Nurani Ruchjana</i>	
Sangat Besar Peran Matematika dalam Mempercepat Pengembangan Ilmu Ekonomi Secara Umum dan Ilmu Keuangan Secara Khusus.....	021-030
<i>Edison Hulu</i>	
Bukti Sederhana dari Teorema Carnot's dan Ketaksamaan Erdos-Mordel....	031-042
<i>Mashadi</i>	
Robust Control: Teori, Aplikasi dan Pengembangannya ke Depan.....	043-052
<i>Roberd Saragih</i>	
PISA, KTSP and UN	053-054
<i>Zulkardi</i>	

ALJABAR

Pelabelan Total Busur Berurutan Busur Ajaib Pada Graf Terhubung Bukan Graf Pohon.....	055-060
<i>Denny Riama Silaban dan Kiki Ariyanti Sugeng</i>	
Kaitan Antara Isomorfisma Aljabar Insidensi Finitary dengan Poset Pembentuknya	061-068
<i>Emo Carnia, Sri Wahyuni, Irawati, dan Setiadji</i>	
Seputar Modul Bersih-N Kuat.....	069-074
<i>Indah Emilia Wijayanti</i>	

Algoritma Perubahan Pemrograman Linier Klasik Menjadi Pemrograman Linier Fuzzy	075-082
<i>Ino Suryana</i>	
Matematika Vedik dan Metode Kalkulasi	083-094
<i>Rita Desfitri</i>	
Invers Moore Penrose Matriks von Neumann Regular Atas Ring PAQ	095-104
<i>Titi Udjiani SRRM</i>	
 ANALISIS	
Two-Norm Convergence in the L_1 Space in the Sense of Vitali.....	105-112
<i>Ch. Rini Indrati</i>	
Dekomposisi Ruang Representasi Linear Kontinu.....	113-118
<i>Diah Junia Eksi Palupi, Soeparna Darmawijaya, Ch. Rini Indrati, dan Setiadji</i>	
Syarat Cukup Eksistensi Derivatif- ν Fungsi Himpunan di dalam Ruang Metrik Kompak Lokal	119-124
<i>Manuharawati</i>	
Kesamaan Empat Formula Norm- n Di Ruang Hilbert	125-130
<i>S.M. Gozali dan H. Gunawan</i>	
 KOMPUTER	
Analisis Pengaruh S-Box Terhadap Kondisi Steady-State Pada Algoritma s-SPN.....	131-140
<i>Bety Hayat Susanti dan Theresia Natalia</i>	
Desain Algoritma Block Cipher CFN (Cipher Feistel Network	141-152
<i>I Made Mustika Kerta Astawa dan Sri Rosdiana</i>	
Automatic Gridding Citra Microarray dengan Menggunakan Image Thresholding.....	153-162
<i>Joko Siswanto</i>	
Pelabelan Kode Jaringan Komputer Berdasar Kondisi Jarak Pada Graf T-Pyramid dan Cayley-Tree.....	163-170
<i>Mania Roswitha, Diary Indriati, dan Vika Yugi Kurniawan</i>	

Monte Carlo Acceptance Criterion in Optimizing Job Shop Scheduling Problems.....	171-178
<i>Opim Salim Sitompul dan Erna Budhiarti Nababan</i>	
Pengukuran Tingkat Kesamaan Kasus dengan Konsep Himpunan Fuzzy Pada Penalaran Berbasis Kasus.....	179-188
<i>Retantyo Wardoyo dan Sri Mulyana</i>	
MATEMATIKA TERAPAN	
Weakly Nonparaxial Effects on the Deformation of Bi-Plane Waves in Kerr Nonlinear Media.....	189-196
<i>Agus Suryanto</i>	
Penyelesaian Masalah Nilai Batas Persamaan Diferensial Biasa dengan Metode Rayleigh-Ritz	197-206
<i>Betty Subartini</i>	
Dinamika Gradien Suhu Udara dan Kelembaban di Sekitar Batas Hutan Mangrove.....	207-216
<i>Christophil Sipirang Medellu, Imastiwi Ishak, dan Eva Sambuaga</i>	
Persamaan Diferensial Stokastik Untuk Dinamika Indeks LQ45.....	217-228
<i>Dharma Lesmono dan Ferry Jaya Permana</i>	
Perancangan Uji Kecocokan DNA Burung dengan Menggunakan Jaringan Saraf Tiruan.....	229-236
<i>Erick Paulus</i>	
Determination of the Shortest Path with the Existence on Uncertainty.....	237-244
<i>Firmansyah, Abil Mansyur, Linda R. Tambunan, dan Herman Mawengkang</i>	
Aplikasi Analisis Faktor Untuk Menentukan Reliabilitas Konsistensi Internal Instrumen Pengukur Tingkat Kepuasan Mahasiswa Sebagai Pelanggan Internal.....	245-260
<i>Gaguk Margono</i>	
Rata-Rata Penyusutan Pada Kasus Single Decrement dan Multiple Decrement.....	261-270
<i>Hasriati dan Johannes Kho</i>	

Model Matematika untuk Optimisasi Jaringan Lalu Lintas..... <i>Irwan Endrayanto dan Widodo</i>	271-280
Simulasi Perambatan Soliton Pada Medium Nonlinear Bertipe Kerr Tak-Lokal..... <i>Isnani Darti, Suhariningsih, dan Marjono</i>	281-290
Suatu Solusi Model Distribusi Potensial Elektrokinetik dalam Medium Pori Inhomogen dengan Metode Elemen Batas <i>Jeffry Kusuma</i>	291-300
Model Dinamika Respon Immun CTL Pada Infeksi Virus HIV <i>Jeffry Kusuma dan Muhtar</i>	301-310
Pendekatan Metode Secant Pada Algoritma Levenberg-Marquardt..... <i>Lusia Krismiyati Budiasih</i>	311-320
Model Kompetisi Dua Spesies..... <i>Rustanto Rahardi</i>	321-332
Komputasi Eksponen Diperumum dari Digraph Dwiwarna..... <i>Saib Suwilo</i>	333-338
Penerapan Algoritma Genetika dan Algoritma Genetika Hybrid dalam Penyelesaian Puzzle Sudoku <i>Samuel Lukas, Arnold Aribowo, dan Juneidi</i>	339-346
Dinamik pada Three-Degree of Freedom System yang Tereksitasi Secara Parametrik..... <i>Siti Fatimah</i>	347-354
Ambang Kritis Model Kuasilinier Dissipatif Dua Kanal..... <i>Sumardi</i>	355-366
Analisis Kestabilan Dan Pemanenan Optimal Pada Model Populasi Mangsa – Pemangsa..... <i>Syamsuddin Toaha</i>	367-376
Computation of Combustion Chamber Pressure of Gasoline Two-Stroke Linear Engine..... <i>Tulus</i>	377-384
Kontruksi Model Dinamik Pertumbuhan Alga dan Pengaruhnya Pada Perubahan Kadar Nitrogen..... <i>Widowati, Sutimin, dan Tarita IS</i>	385-394

Penerapan Metode Konvolusi dalam Pengolahan Citra Digital.....	395-404
<i>Wikaria Gazali, Haryono Soeparno, dan Jenny Ohliati</i>	

PENDIDIKAN MATEMATIKA

Mengukur Kemampuan Berpikir Kreatif Matematis.....	405-412
<i>Ali Mahmudi</i>	

Eksplorasi Konsep Dasar Matematika Melalui Konteks Lokal dan Penggunaannya dalam Pembelajaran.....	413-422
<i>Helti Lygia Mampouw</i>	

Pengembangan Buku Ajar Matematika SMP Berwawasan Kontekstual yang Relevan dengan Kehidupan Nyata Siswa di Kabupaten Minahasa Sulawesi Utara.....	423-432
<i>Jackson V.A. Tambelu dan Viviani Regar</i>	

Pembelajaran Matematika dengan Program Derive untuk Meningkatkan Minat dan Motivasi Belajar Matematika di Politeknik.....	433-444
<i>Mutia Lina Dewi</i>	

Pengembangan Prototipe Nilai Tempat Berdasarkan Pendekatan Pendidikan Matematika Realistik Indonesia (PMRI) untuk Siswa Kelas IV Sekolah Dasar.....	445-452
<i>Ratu Ilma Indra Putri</i>	

Analisis Karakteristik PMRI dalam Pembelajaran Pengukuran.....	453-464
<i>Theresia Laurens</i>	

Measuring Authoritarianism with Different Sets of Items in a Longitudinal Study.....	465-472
<i>Toni Toharudin, Johan HL Oud, Henk Folmer, dan Jaak Billiet</i>	

STATISTIK

Valuation of Health Insurance Contract using Multistate Model Based on Pseudo-Value Approach.....	473-480
<i>Adhitya Ronnie Effendie</i>	

Pemanfaatan Software Open Source R untuk Komputasi Model Heteroskedastik Univariat ARCH/GARCH.....	481-490
<i>Dedi Rosadi</i>	

Sensitifitas Indikator Multikolinearitas dalam Model Regresi Linear Multipel	491-502
<i>Dien Sukardinah dan Toni Toharudin</i>	
Mereduksi Skewness Pada Distribusi Volatilitas Dengan Transformasi Box-Cox.....	503-510
<i>Herni Utami, Subanar dan Dedi Rosadi</i>	
Interval Konfidensi Kabur.....	511-520
<i>IG. Aris Dwiatmoko</i>	
Estimator Spline Terbobot Parsial dalam Regresi Semiparametrik Heteroskedastik untuk Data Longitudinal.....	521-532
<i>I Nyoman Budiantara, Budi Lestari, dan Anna Islamiyati</i>	
Basis Umum Untuk Estimator Spline Terbobot dalam Regresi Nonparametrik.....	533-542
<i>I Nyoman Budiantara dan Jerry Dwi Purnomo</i>	
Penaksiran Parameter Model Var(1) Menggunakan Metode Yule-Walker.....	543-548
<i>Kankan Parmikanti, Budi Nurani R. dan Toni Toharudin</i>	
Karakteristik Bangunan Rehabilitasi dan Rekonstruksi Pasca Gempa Bumi DIY – Jateng Melalui Pendekatan Analisis Multivariat.....	549-556
<i>Kariyam</i>	
Nonparametric Estimation of Hazard Function	557-564
<i>Kartiko dan Dedi Rosadi</i>	
Pemodelan Fungsi Resiko dengan Estimasi Densitas Kernel Menggunakan Transformasi Champernowne	565-572
<i>Kartiko, Suryo Guritno, Dedi Rosadi dan Abdurakhman</i>	
Estimator Spline Terbobot Untuk Estimasi Kurva Regresi Nonparametrik Birespon.....	573-582
<i>Madu Ratna dan I Nyoman Budiantara</i>	
Pemodelan Regresi Multivariat dengan Adanya Outlier (Kasus Produksi Gula Dan Tetes Tebu)	583-592
<i>Makkulau, Susanti Linuwih, Purhadi dan Muhammad Mashuri</i>	
Perbandingan Kurve Parametrik dan Nonparametrik	593-600
<i>Sri Haryatmi Kartiko</i>	

Pemodelan Runtun Waktu Harga Minyak Sawit Indonesia dengan Arima-Garch	601-610
<i>Subanar dan Tarno</i>	
Optimisasi Portofolio Mean-VaR di Bawah Model Indeks Berganda dengan Volatilitas Tak Konstan dan Efek Long Memory	611-622
<i>Sukono, Subanar dan Dedi Rosadi</i>	
Value-At-Risk di Bawah CAPM Transformasi Koyck dengan Volatilitas Tak Konstan	623-632
<i>Sukono, Subanar dan Dedi Rosadi</i>	
Pengujian Sederhana untuk Pemilihan Model GARCH dan Model Volatilitas Stokhastik	633-640
<i>Tarno dan Dedi Rosadi</i>	

AUTOMATIC GRIDDING CITRA MICROARRAY DENGAN MENGGUNAKAN IMAGE THRESHOLDING

JOKO SISWANTORO

Universitas Surabaya, joko_siswanto@ubaya.ac.id

Abstract. Microarray images are acquired by using laser scanner from microarray which are used to detect the hybridization effects differences of two groups DNA samples. The images are analyzed to obtain fluorescence intensity at each point of microscopic DNA microarray. One of microarray image analysis step is determine regions on the image that contains a DNA microscopic spot. Determination of this region can be done either manually or automatically. Automatic method for determine the region is known as automatic gridding.

Several studies using k-means clustering for automatic gridding, but this method is time consuming in computation. A method for automatic gridding by using image thresholding will be presented in this paper. The method was simulated in MATLAB to compare computation time with k-means clustering. The simulation results show that the computation time automatic gridding with image thresholding is better than with k-means clustering.

Key words and Phrases: automatic gridding, microarray, fluorescence, image thresholding..

Abstrak. Citra *microarray* adalah citra hasil pemindaian *laser scanner* terhadap *microarray* yang umumnya digunakan untuk mendeteksi perbedaan efek hibridisasi dari dua kelompok sampel DNA. Citra tersebut kemudian dianalisis untuk mendapatkan intensitas *fluorescence* setiap titik mikroskopis DNA pada *microarray*. Salah satu tahapan analisis citra *microarray* adalah menentukan daerah pada citra *microarray* yang memuat satu titik mikroskopis DNA. Penentuan daerah ini dapat dilakukan secara manual maupun secara otomatis atau yang dikenal dengan *automatic gridding*.

Beberapa penelitian menggunakan *k-mean clustering* untuk melakukan *automatic gridding*, tetapi metode ini membutuhkan waktu komputasi yang cukup lama. Dalam makalah ini akan dipaparkan metode untuk *automatic gridding* dengan menggunakan *image thresholding*. Selain itu juga dilakukan simulasi dengan menggunakan MATLAB untuk membandingkan waktu yang diperlukan untuk komputasi *automatic gridding* dengan *image thresholding* dan *automatic gridding* dengan *k-mean clustering*. Hasil simulasi menunjukkan bahwa waktu komputasi *automatic gridding* dengan *image thresholding* jauh lebih sedikit di bandingkan dengan *automatic gridding* dengan *k-mean clustering*.

Kata kunci: *automatic gridding, microarray, fluorescence, image thresholding.*

1. Pendahuluan

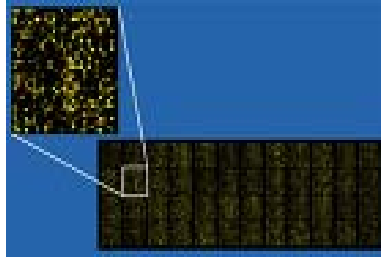
Teknologi *microarray* banyak digunakan oleh para peneliti di bidang biologi molekuler dan kedokteran untuk melakukan penelitian yang berkaitan dengan genetika manusia, diagnosis penyakit, *toxicological*, dan penemuan obat-obatan. *Microarray* memuat susunan ribuan titik mikroskopis DNA yang biasanya digunakan untuk melakukan analisis kuantitatif terhadap signal *fluorescence* yang merepresentasikan kelimpahan relatif mRNA dari dua sampel jaringan yang berbeda. Untuk menghasilkan cDNA *microarray*, cDNA dari sampel jaringan kontrol dan perlakuan dilabeli dengan pewarna *fluorescent* yang berbeda, biasanya *fluorescent* merah untuk kontrol dan hijau untuk perlakuan dengan emisi masing-masing 630-660 nm dan 510-550 nm. Kemudian kedua sampel tersebut dicetak dalam slide kaca berukuran mikro yang disusun dalam format *array* (gambar 1) untuk proses hibridisasi. Setelah proses hibridisasi terjadi, selanjutnya dibuat citra *microarray* (gambar 2) dengan *laser scanner* untuk menangkap emisi *foton* dari dua warna yang berbeda. Citra tersebut kemudian dianalisis untuk mendapatkan intensitas *fluorescence* setiap titik mikroskopis DNA pada *microarray*. Citra *microarray* terdiri dari dua buah array dua dimensi yaitu array untuk warna merah dan array untuk warna hijau, intensitas kedua warna inilah yang diukur untuk mendapatkan intensitas *fluorescence* [1].

Tahapan dasar dalam analisis citra *microarray* dimulai dengan tahap penentuan lokasi, yaitu penentuan daerah pada citra *microarray* yang memuat satu titik mikroskopis DNA, daerah ini kemudian disebut sebagai daerah target. Tahap penentuan lokasi dapat dilakukan secara manual maupun secara otomatis atau yang dikenal dengan automatic gridding. Setelah semua daerah target diketahui tahap berikutnya adalah segmentasi, pada tahap ini setiap piksel yang ada di daerah target dipisahkan menjadi menjadi piksel titik mikroskopis (*foreground*) dan piksel latar (*background*). Tahap terakhir adalah reduksi, yaitu penentuan intensitas warna merah dan hijau dari piksel-piksel di setiap titik mikroskopis [5].



Gambar 1: *Microarray*

(citra asli: <http://en.wikipedia.org/wiki/File:Affymetrix-microarray.jpg>)



Gambar 2: Citra *Microarray*

(citra asli: <http://en.wikipedia.org/wiki/File:Microarray2.gif>)

Saat ini telah banyak alat yang menyediakan algoritma untuk melakukan analisis terhadap citra microarray, seperti GenePix [3], Imogene [4], QuantArray GSI [7] dan ScanAlyze [6]. Namun sebagian besar metode yang digunakan pada alat-alat tersebut berasumsi bahwa titik-titik mikroskopis selalu berbentuk lingkaran dan penentuan lokasi titik mikroskopis dilakukan secara manual oleh pengguna dengan menginputkan beberapa parameter.

Salah satu metode *automatic gridding* yang sering digunakan adalah dengan menggunakan *k-mean clustering* [10]. *K-mean clustering* digunakan untuk mengelompokkan garis-garis vertikal dan horisontal pada citra *microarray* menjadi *foreground* dan *background*. Kemudian garis yang berada di tengah-tengah *background* dijadikan sebagai garis pemisah antara daerah target satu dengan lainnya. Namun metode ini membutuhkan waktu komputasi yang cukup lama terutama pada citra yang berukuran besar. Pada makalah ini akan dibahas metode *automatic gridding* yang lebih sederhana dengan menggunakan image *thresholding*.

2. Hasil Utama

2.1 Automatic Gridding dengan *k-mean Clustering*

Algoritma *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* dimulai dengan mendefinisikan $R(i,j)$ dan $G(i,j)$ sebagai intensitas warna merah dan hijau dari piksel baris ke- i dan kolom ke- j pada citra *microarray*, untuk $i=1,2,\dots,N_1, j=1,2,\dots,N_2$, N_1 dan N_2 masing-masing adalah banyaknya baris dan kolom piksel pada citra *microarray*. Berikut ini langkah-langkah *automatic gridding* dengan *k-mean clustering*:

1. *Iterative clustering*. Dilakukan untuk mengelompokkan semua piksel ke dalam *foreground* dan *background* (gambar 4) menggunakan *k-mean clustering* ($k = 2$), dengan tahapan sebagai berikut:

- a. Definisikan $m_{10} = \left(\min_{i,j} R(i,j), \min_{i,j} G(i,j) \right)$ dan $m_{20} = \left(\max_{i,j} R(i,j), \max_{i,j} G(i,j) \right)$ sebagai nilai awal titik pusat *cluster*.
- b. Pada iterasi ke- k , untuk setiap piksel pada baris ke- i dan kolom ke- j definsikan fungsi indikator $I(i,j)$ sebagai

$$I(i,j)=\begin{cases} 0, & \|(R(i,j),G(i,j))-m_1(k-1)\| < \|(R(i,j),G(i,j))-m_2(k-1)\| \\ 1, & \|(R(i,j),G(i,j))-m_1(k-1)\| \geq \|(R(i,j),G(i,j))-m_2(k-1)\| \end{cases}$$

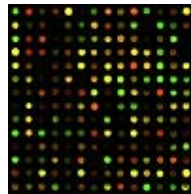
dengan $\|\cdot\|$ adalah norm Euclidean atau norm Manhattan. Nilai 0 menunjukkan piksel dikelompokkan sebagai *background* dan nilai 1 menunjukkan piksel dikelompokkan sebagai *foreground*.

- c. Hitung pusat *cluster* baru, m_{1k} dan m_{2k} masing-masing sebagai rata-rata intensitas warna merah dan hijau di *background* dan di *foreground*, yaitu

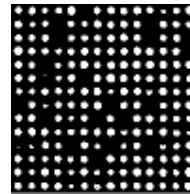
$$m_{1k} = \text{mean}\{(R(i,j),G(i,j)) | I(i,j)=0, i=1,2,\dots,N_1, j=1,2,\dots,N_2\}$$

$$m_{2k} = \text{mean}\{(R(i,j),G(i,j)) | I(i,j)=1, i=1,2,\dots,N_1, j=1,2,\dots,N_2\}$$

- d. Ulangi dua langkah di atas sampai kriteria konvergensi dipenuhi. Kriteria konvergensi yang umum digunakan adalah $\max(\|m_{1k}-m_{1(k-1)}\|, \|m_{2k}-m_{2(k-1)}\|) < \varepsilon$ dengan ε adalah bilangan riil positif yang cukup kecil (misal $\varepsilon=0.000001$).
- e. Hitung fraksi piksel *foreground* (f) sebagai jumlah piksel pada *foreground* dibagi dengan jumlah semua piksel pada citra.
- f. Jika f masih kurang dari suatu nilai tertentu (misal 0.2) ulangi proses *clustering* di atas hanya pada piksel *background* saja. Kemudian tambahkan *foreground* hasil langkah ini ke *foreground* hasil langkah sebelumnya.



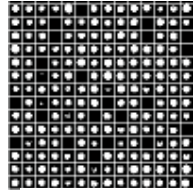
Gambar 3. Citra *microarray* asal



Gambar 4. Hasil *iterative clustering*

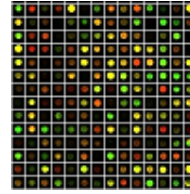
(citra asli: [http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3\[1\].png](http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3[1].png))

2. Pengelompokan baris dan kolom piksel dalam *background* dan *foreground*.
 - a. Untuk setiap baris (kolom) l , hitung fraksi piksel *foreground* di baris (kolom) ke- l (f_l) sebagai jumlah piksel *foreground* di baris (kolom) ke- l dibagi dengan jumlah semua piksel di baris (kolom) tersebut.
 - b. Lakukan penghalusan f_l dengan jendela berukuran tetap (misal $w=7$), yaitu dengan menghitung rata-rata w buah f_l yang berdekatan.
 - c. Jika $f_l > f$ maka baris (kolom) l dikelompokkan sebagai garis *foreground* dan sebaliknya sebagai garis *background*.
3. Penentuan garis pemisah daerah target pada baris dan kolom (gambar 5)
 - a. Tentukan interval garis *background* yang berdekatan pada baris dan kolom.
 - b. Hitung titik tengah interval di atas sebagai garis pemisah daerah target.
 - c. Sesuaikan garis-garis pemisah tersebut berdasarkan median jarak antara dua garis.
4. Potong daerah target berdasarkan garis-garis pemisah (gambar 6).



Gambar 5. Hasil *automatic gridding*

(citra asli: [http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3\[1\].png](http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3[1].png))

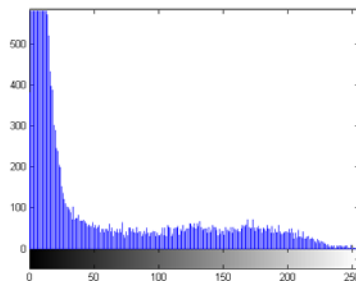


Gambar 6. Potongan citra

2.2 Automatic Gridding dengan Image Thresholding

Algoritma *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* memerlukan waktu komputasi yang cukup lama terutama pada langkah *iterative clustering*. Langkah *iterative clustering* ini sebenarnya adalah langkah pemisahan objek (*foreground*) dari *background*. Pada pengolahan citra digital terdapat metode yang lebih sederhana untuk pemisahan *foreground* dari *background* pada citra skala keabuan yaitu dengan metode *image thresholding* khususnya *bi-level thresholding*. *Bi-level thresholding* dapat dilakukan pada citra yang memiliki histogram *bimodal*. Pada *bi-level thresholding* objek dan *background* membentuk dua kelompok dengan tingkat keabuan yang berbeda [2].

Citra *microarray* pada skala keabuan memiliki histogram *bimodal* (gambar 7), hal ini dapat digunakan sebagai dasar untuk melakukan *bi-level thresholding* guna memisahkan *foreground* dari *background* pada citra *microarray*. Sehingga metode *bi-level thresholding* dapat digunakan untuk menggantikan *k-mean clustering* pada langkah *iterative clustering* agar waktu komputasi untuk *automatic gridding* menjadi lebih singkat. Hal ini akan diperlihatkan pada bagian simulasi untuk membandingkan waktu komputasi *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* dan *image thresholding*.



Gambar 7. Histogram citra *microarray*

Sebelum melakukan *iterative bi-level thresholding* terlebih dahulu citra *microarray* diubah menjadi citra pada skala keabuan, kemudian definisikan $G(i,j)$ sebagai tingkat keabuan dari piksel baris ke- i dan kolom ke- j pada citra *microarray*. Berikut ini langkah *iterative bi-level thresholding* yang digunakan untuk menggantikan langkah 1.a sampai dengan langkah 1.d pada *iterative clustering*:

- a. Definisikan $T_0 = \frac{m_{10} + m_{20}}{2}$ sebagai nilai awal *threshold* T , dengan $m_{10} = \min_{i,j} G(i,j)$ dan $m_2 = \max_{i,j} G(i,j)$.

- b. Pada iterasi ke- k , untuk setiap piksel pada baris ke- i dan kolom ke- j definsikan fungsi indikator $I(i, j)$ sebagai

$$I(i, j) = \begin{cases} 0, & G(i, j) < T_{k-1} \\ 1, & G(i, j) \geq T_{k-1} \end{cases}$$

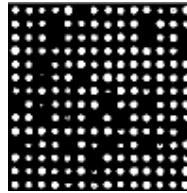
- c. Hitung nilai *threshold* baru $T_k = \frac{m_{1k} + m_{2k}}{2}$, m_{1k} dan m_{2k} masing-masing sebagai rata-rata tingkat keabuan di *background* dan di *foreground*, yaitu

$$m_{1k} = \text{mean}\{G(i, j) | I(i, j) = 0, i=1, 2, \dots, N_1, j=1, 2, \dots, N_2\}$$

$$m_{2k} = \text{mean}\{G(i, j) | I(i, j) = 1, i=1, 2, \dots, N_1, j=1, 2, \dots, N_2\}$$

- d. Ulangi dua langkah di atas sampai kriteria konvergensi dipenuhi. Kriteria konvergensi yang umum digunakan adalah $|T_k - T_{k-1}| < \varepsilon$ dengan ε adalah bilangan riil positif yang cukup kecil (misal $\varepsilon = 0.000001$).

Hasil *iterative bi-level thresholding* tidak jauh berbeda dari hasil *iterative clustering* (gambar 8) dan langkah *automatic gridding* selanjutnya menggunakan langkah seperti pada *automatic gridding* dengan *k-mean clustering*.



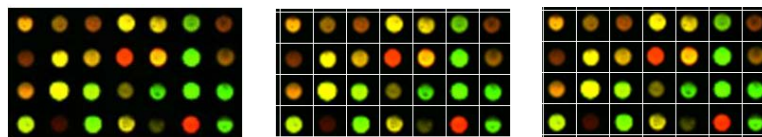
Gambar 8. Hasil *iterative bi-level thresholding*

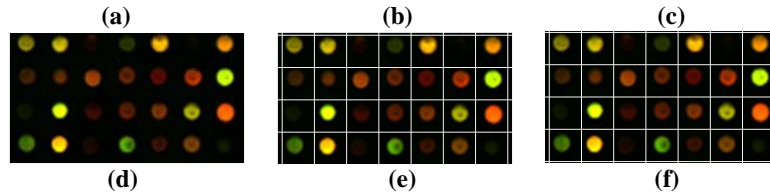
(citra asli: [http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3\[1\].png](http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3[1].png))

2.3 Simulasi

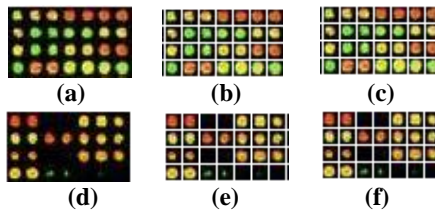
Simulasi dilakukan dengan menggunakan MATLAB [8] untuk membandingkan waktu komputasi antara *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* dan *image thresholding*, dengan metodologi sebagai berikut:

- Sebagai bahan simulasi dipilih empat buah citra *microarray* dengan format jpg berukuran 4×7 titik mikroskopis DNA, yang masing-masing adalah:
 - dua citra beresolusi 247×139 m1.jpg (gambar 9.a) dan m2.jpg (gambar 9.d) dengan intensitas m1.jpg lebih tinggi dari m2.jpg, serta ukuran dan bentuk titik mikroskopis DNA di m1.jpg lebih seragam dibandingkan dengan di m2.jpg
 - dua citra beresolusi 65×37 m3.jpg (gambar 10.a) dan m4.jpg (gambar 10.d) dengan intensitas m3.jpg lebih tinggi dari m4.jpg, serta ukuran dan bentuk titik mikroskopis DNA di m3.jpg lebih seragam dibandingkan dengan di m4.jpg
- Dilakukan *automatic gridding* dengan *k-mean clustering (KM)* dan *image thresholding (IT)* pada keempat citra kemudian dihitung waktu komputasinya, yaitu waktu *miKM* untuk waktu komputasi mi.jpg dengan *k-mean clustering*, waktu komputasi *miIT* untuk mi.jpg dengan *image thresholding*, $i=1, 2, 3, 4$. Langkah ini diulang sebanyak sepuluh kali.





Gambar 9. (a) Citra m1.jpg (b) m1KM (c) m1IT (d) Citra m2.jpg (e) m2KM (f) m2IT
(citra asli: [http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3\[1\].png](http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3[1].png))



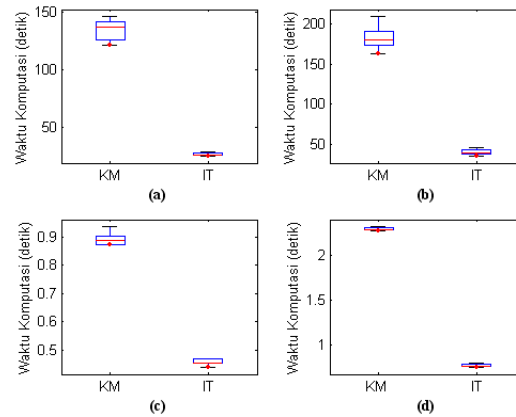
Gambar 10. (a) Citra m3.jpg (b) m3KM (c) m3IT (d) Citra m4.jpg (e) m4KM (f) m4IT
(citra asli: [http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3\[1\].png](http://csmres.jmu.edu/biology/Bio480/Fall10/groupmap/Website/microarray3[1].png))

Hasil simulasi menunjukkan bahwa *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* maupun *image thresholding* memberikan hasil yang sama pada keempat citra *microarray* yang digunakan dalam simulasi, seperti pada gambar 9.b dan gambar 9.c, gambar 9.e dan 9.f, gambar 10.b dan gambar 10.c, serta gambar 10.e dan gambar 10.f. Ringkasan data waktu komputasi disajikan pada tabel 1 yang memuat rata-rata (*mean*), standar deviasi (*sd*), nilai minimum (*min*), kuartil 1 (*Q1*), median, kuartil 3 (*Q3*), dan nilai maksimum (*max*) dari waktu komputasi yang diperlukan untuk *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* dan *image thresholding* pada keempat citra *microarray*, dan *boxplot* data waktu komputasi dapat dilihat pada gambar 11.

Tabel 1: Ringkasan data waktu komputasi

waktu	mean	sd	min	Q1	median	Q3	max
m1KM	134.3249	9.246131172	120.859	126.48800	137.1950	140.69525	146.188
m1IT	26.7454	1.286926416	25.359	25.85175	26.2350	27.84000	29.031
m2KM	184.4298	15.329845153	163.438	174.92175	180.5470	190.03950	209.781
m2IT	39.9220	3.581999038	34.969	37.39850	38.9925	42.73825	45.000
m3KM	0.8968	0.025698249	0.875	0.87500	0.8905	0.90600	0.938
m3IT	0.4564	0.009879271	0.438	0.45300	0.4530	0.46525	0.469
m4KM	2.3031	0.015139720	2.281	2.29700	2.2970	2.30900	2.328
m4IT	0.7717	0.013208162	0.750	0.76500	0.7660	0.78100	0.797

Pada gambar 11 terlihat bahwa semua data waktu komputasi *automatic gridding* dengan *image thresholding* lebih kecil dibandingkan dengan *k-mean clustering*. Sedangkan pada tabel 1 terlihat bahwa *image thresholding* dapat mereduksi rata-rata waktu komputasi *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* sebesar 80.08 % untuk citra m1.jpg, 78.35 % untuk citra m2.jpg, 49.09 % untuk citra m3.jpg, dan 66.49 % untuk citra m4.jpg.



Gambar 11. *Boxplot* waktu komputasi (a) m1.jpg (b) m2.jpg (c) m3.jpg (d) m4.jpg

Tabel 2: *P-value* hasil uji *t*

Ha	P-value
$\mu_{m1KM} > \mu_{m1IT}$	1.442e-11
$\mu_{m2KM} > \mu_{m2IT}$	2.258e-10
$\mu_{m3KM} > \mu_{m3IT}$	1.464e-12
$\mu_{m4KM} > \mu_{m4IT}$	< 2.2e-16

Selanjutnya dilakukan uji statistik untuk membandingkan rata-rata waktu komputasi untuk *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* dan *image thresholding* pada keempat citra, dengan hipotesis alternatif $H_a: \mu_{miKM} > \mu_{miIT}, i = 1, 2, 3, 4$. Dengan menggunakan uji *t* untuk data berpasangan diperoleh kesimpulan bahwa rata-rata waktu komputasi untuk *automatic gridding* dengan *k-mean clustering* lebih besar dari rata-rata waktu komputasi untuk *automatic gridding* dengan *image thresholding* pada keempat citra secara signifikan ($p\text{-value} \approx 0$). *P-value* untuk masing-masing uji *t* pada keempat data dapat dilihat pada tabel 2.

3. Kesimpulan

Penentuan lokasi titik mikroskopis DNA adalah salah satu tahap terpenting pada analisis citra microarray. Penentuan lokasi ini dapat dilakukan secara manual maupun secara otomatis atau yang dikenal dengan *automatic gridding*. Beberapa peneliti menggunakan *k-mean clustering* untuk melakukan *automatic gridding*. Namun metode tersebut membutuhkan waktu komputasi yang cukup lama terutama pada citra yang berukuran besar. *Automatic gridding* dengan *image thresholding* memberikan hasil yang sama dengan *automatic gridding* dengan *k-mean clustering*, tetapi dapat mereduksi waktu komputasi dengan cukup signifikan pada semua citra *microarray* yang digunakan dalam simulasi

Daftar Pustaka

- [1]. A. Baxevanis, B. F. Ouellette, *A Practical Guide to Analysis of Genes and Proteins*, 2nd ed, Wiley, NewYork, 2001.
- [2]. Acharya Tinku, Ray Ajoy K., *Image Processing Principles and Applications*, John Wiley & Sons, Inc., 2005
- [3]. Axon Instruments Inc, *GenePix 4000A User's Guide*. 1997.
- [4]. Biodiscovery Inc, *ImaGene*. <http://www.biodiscovery.com/imagene.asp>.
- [5]. Bozinov Daniel, Rahnenfuhrer Jorg, *Unsupervised Technique for Robust Target Separation and Analysis of DNA Microarray Spots Through Adaptive Pixel Clustering*, *Bioinformatics*, Vol. 18, no. 5, pp. 747 – 756, Oxford University Press, 2002.
- [6]. Eisen MB, *ScanAlyze*, http://rana.lbl.gov/eisen/?page_id=41.
- [7]. GSI Lumonics, *QuantArray Analysis Software, Operator's Manual*, 1999.
- [8]. Gonzalez Rafael C., Woods Richrad E., Eddins Steven L. *Digital Image Processing using MATLAB*. Prentice Hall. 2004.
- [9]. Lehmussola Antti, Ruusuuvuori Pekka, Yli-Harja Olli, Evaluating the performance of microarray segmentation algorithms. *Bioinformatics*, Vol. 22 no. 23, pp. 2910 –2917, 2006.
- [10]. Rahnenfuhrer Jorg, Bozinov Daniel, Hybrid Clustering for Microarray Image Analysis Combining Intensity and Shape Features, *BMC Bioinformatics*, *BioMed Central*, 2004.
- [11]. Yijun Hu, Guirong Weng, Segmentation of cDNA Microarray Spots Using K-means Clustering Algorithm and Mathematical Morphology, *Proc. of WASE International Conference on Information Engineering*, 2009.

