

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Landasan Teori

2.1.1 Teori Graf

Teori graf merupakan salah satu cabang ilmu matematika yang sering diterapkan dalam kehidupan sehari-hari, diantaranya adalah untuk penjadwalan, pembuatan peta dan pengaturan rangkaian lampu lalu lintas. Teori graf ini pertama kali diperkenalkan pada tahun 1736 dalam suatu dokumen tulisan Euler yang berisikan permasalahan dalam pembuktian masalah jembatan Königsberg di Eropa. Dimana penulis bermaksud untuk membuktikan bahwa empat daerah terhubung tujuh jembatan tersebut bisa dilewati dalam sekali waktu. Penemu graf memperbesar masalah tersebut dan menetapkan bahwa ke empat daerah itu sebagai *vertex* dan tujuh jembatan tersebut sebagai *edges* yang menghubungkan pasangan *vertex* yang sesuai. Pada percobaan yang dilakukannya tersebut, ia menyimpulkan bahwa tidak mungkin bisa melalui setiap jembatan dan kemudian kembali lagi ke tempat semula dalam sekali waktu, oleh sebab itu jumlah jembatan yang menghubungkan setiap daratan harus genap (Shindy Sagita Br Ginting & Mulyono Mulyono, 2023).

Teori graf untuk mempresentasikan objek-objek diskrit dan hubungan antar objek-objek tersebut. Graf dinyatakan secara visual dengan menetapkan objek dengan *vertex* dan hubungan antara objek-objek tersebut diwakili dengan garis. Ketika berbicara tentang bagaimana cara kerjanya di kehidupan sehari-hari ini adalah menentukan penjadwalan menggunakan pewarnaan graf. Pewarnaan yang dimaksud disini adalah pewarnaan *vertex* dimana memadukan dengan Algoritma Welch-Powell yakni algoritma di mana dapat digunakan untuk menentukan sebuah pemetaan berdasarkan derajat tertinggi dari *vertex*-simpulnya. Kelebihan algoritma ini adalah dapat mengimplementasikan pemetaan dengan efisien, tidak dapat terjadinya jika pemetaan tidak sama dengan pemetaan tidak

sama dengan pemeta sebelumnya yang merupakan siswa yang sama kelas. Cara implementasinya yakni dengan melihat jumlah derajat *vertex* terbesar (Mahmudah et al., 2024)

Sebuah graf linier

$$G = (V, E) \quad (2.1)$$

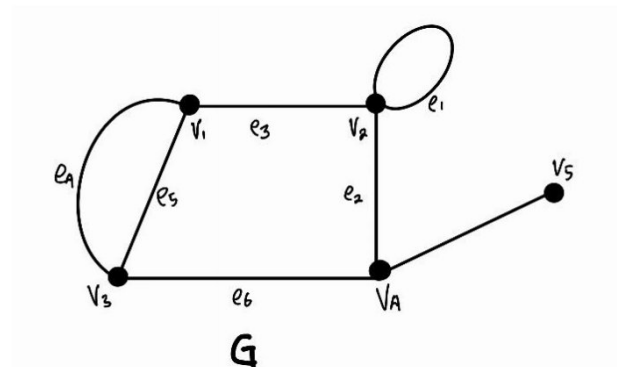
adalah suatu sistem yang terdiri atas suatu himpunan objek

$$V = \{v_1, v_2, \dots\} \quad (2.2)$$

yang disebut himpunan *vertex* dan sebuah koleksi

$$E = \{e_1, e_2, \dots\} \quad (2.3)$$

yang merupakan koleksi *edges* sedemikian hingga tiap *edges* e_k dikaitkan dengan suatu pasangan tak-terurut $\{v_1, v_j\}$. *Vertex* v_1, v_j yang berkaitan dengan e_k disebut *vertex-vertex* ujung *edges* e_k . Cara merepresentasikan sebuah graf yang paling umum adalah dengan diagram. Dalam diagram tersebut, *vertex-vertex* dinyatakan sebagai noktah dan tiap *edges* dinyatakan sebagai kurva sederhana yang menghubungkan tiap dua *vertex*. Untuk lebih jelasnya perhatikan contoh graf pada **Gambar 2.1** berikut:



Gambar 2.1 Graf G dengan Lima Vertex dan Tujuh Edges

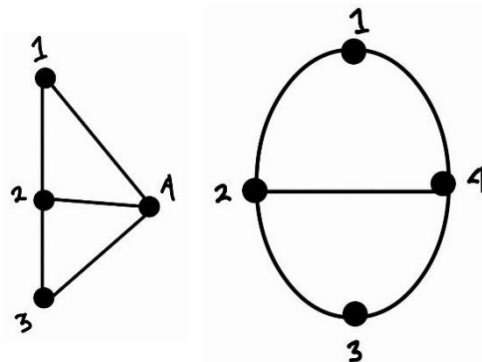
Sumber: Diolah oleh Peneliti

Pada sebuah graf pada contoh diatas, adanya suatu *edges* yang dikaitkan dengan pasangan (v_2, v_2) . *Edges* yang kedua *vertex* ujungnya sama disebut *loop*/gelang. Dalam graf pada **Gambar 2.1**, e_1 merupakan sebuah *loop*. Dari contoh diatas juga perlu dicatat bahwa dalam sebuah

graf adanya lebih dari satu *edges* yang dikaitkan dengan sepasang *vertex*. Sebagai contoh, e_4 dan e_5 pada graf diatas dikaitkan dengan pasangan *vertex* (v_1, v_3). Pasangan *edges* semacam ini disebut *edges-edges* paralel atau *edges* rangkap.

Jika sebuah *vertex* v_1 merupakan *vertex* ujung dari suatu *edges* e_j , maka v dan e_j disebut saling berinsidensi atau *vertex* v_1 menempel/insiden dengan *edges* e_j . Sebagai contoh, pada **Gambar 2.1** diatas *edges* e_2 , e_6 dan e_7 adalah *edges-edges* yang menempel dengan *vertex* v_4 . Dua *edges* yang tidak paralel disebut bertetangga/ajasen, bila kedua *edges* tersebut menempel dengan *vertex* yang sama. Sebagai contoh, e_2 dan e_7 dalam **Gambar 2.1** merupakan dua *edges* yang bertetangga. Selain itu, dua buah *vertex* disebut bertetangga jika kedua *vertex* tersebut merupakan *vertex-vertex* ujung dari *edges* yang sama. Dalam **Gambar 2.1**, v_4 dan v_5 adalah dua *vertex* yang saling bertetangga, sedangkan *vertex* v_1 dan v_4 merupakan dua *vertex* yang tidak saling bertetangga.

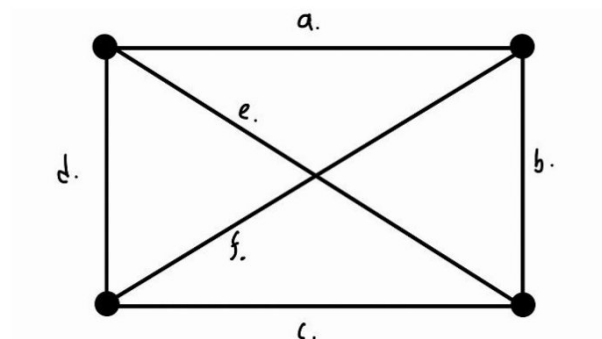
Pada sebuah graf, bentuk *edges* bisa berupa ruas garis lurus atau ruas garis lengkung. Demikian pula ukurannya, dalam penggambaran sebuah graf tidaklah diperhatikan. Hal penting untuk diperhatikan dalam sebuah graf adalah insidensi antara *vertex-vertex* dengan *edges*. Sebagai contoh, **Gambar 2.2** di bawah ini menggambarkan graf yang sama, karena insidensi antara *edges-edges* dan *vertex-vertex* pada graf tersebut adalah sama.



Gambar 2.2 Graf yang sama

Sumber: (Buhaerah et al., 2022)

Sekarang perhatikan **Gambar 2.2** di atas ini. Pada gambar tersebut *edges* e dan f tampaknya seperti berpotongan, akan tetapi perpotongannya tidak berupa *vertex*. Kedua *edges* seperti itu harus dipandang sebagai dua ruas garis yang terletak pada dua bidang berbeda, sehingga kedua *edges* itu tidak berpotongan.



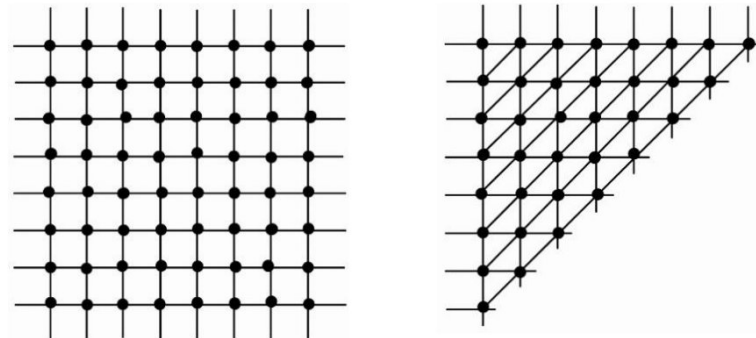
Gambar 2.3 Sisi e dan f Tidak Berpotongan

Sumber: Diolah oleh Peneliti

Walaupun dalam definisi graf tidak disebutkan secara eksplisit bahwa himpunan *vertex* V dan himpunan *edges* E tidak perlu merupakan sebuah himpunan hingga, akan tetapi dalam aplikasi teori graf biasanya kedua himpunan tersebut merupakan himpunan hingga. Sebuah graf

$$G = (V, E) \quad (2.4)$$

dengan V dan E hingga disebut graf hingga atau graf terhingga dan jika sebaliknya yakni jika V atau E tak hingga, maka G disebut graf tak hingga. Contoh graf hingga dapat dilihat di pada **Gambar 2.1**, **Gambar 2.2** dan **Gambar 2.3**. Sedangkan **Gambar 2.4** di bawah ini merupakan contoh dari bagian graf tak hingga (Buhaerah et al., 2022)



Gambar 2.4 Bagian dari Graf tak Hingga

Sumber: (Buhaerah et al., 2022)

2.1.2 Kanker

Kanker merupakan sebuah penyakit yang membutuhkan proses yang lama untuk menggerogoti tubuh manusia. Penyakit kanker salah satu penyebab utama kematian diseluruh dunia dan yang paling di takuti. Fenomena pada penyakit kanker saat ini mengalami peningkatan yang sangat signifikan, dan setiap tahun diberbagai belahan dunia jumlah penderita kanker bertambah. Berdasrakan data dari *World Health Organisation* (WHO) kasus penderita kanker meningkat dari 1,4 juta menjadi 12,7 juta (WHO, 2024). Kanker merupakan suatu penyakit yang menjadi ancaman bagi kesehatan masyarakat di seluruh negara di dunia. Di Indonesia, peningkatan angka kejadian kanker cukup meresahkan, salah satunya adalah kanker payudara.

Kanker payudara (*Carcinoma mammae*) menyerang kelenjar air susu, saluran kelenjar dan jaringan penunjang payudara. Kanker payudara memperlihatkan proliferasi keganasan sel epitel yang membatasi duktus atau lobus payudara. Kanker payudara menduduki peringkat kedua setelah

kanker leher rahim yang menyerang kaum wanita di seluruh dunia. Di Indonesia kanker payudara merupakan kanker dengan angka prevalensi kejadian 0,5% atau sekitar 61.628 dan kejadian kanker payudara di Bali mencapai 0,6% pada tahun 2013. Penyebab kanker payudara termasuk multifaktor yang belum diketahui penyebab utamanya (Narisuari & Manuaba, 2020).

2.1.3 Model Boolean

Boolean merujuk pada konsep dalam logika matematika yang berkaitan dengan pernyataan yang hanya memiliki dua nilai kebenaran, yaitu *TRUE* (benar) dan *FALSE* (salah), atau dalam representasi biner, 1 dan 0. Istilah ini berasal dari matematikawan George Boole, yang pertama kali mengembangkan sistem logika ini pada abad ke-19 melalui karyanya dalam aljabar logika. Berikut adalah penjelasan yang komprehensif berdasarkan beberapa aspek:

- 1) *TRUE* (1), yang berarti "benar"
- 2) *FALSE* (0), yang berarti "salah"

Operasi dasar dalam logika Boolean meliputi:

- 1) *AND*: Operasi ini menghasilkan *TRUE* jika kedua operand (masukan) bernilai *TRUE*, dan *FALSE* jika salah satu atau kedua operand bernilai *FALSE*. Dalam tabel kebenaran, hasil *AND* antara dua nilai *TRUE* (1) adalah *TRUE*, sedangkan kombinasi lainnya adalah *FALSE*.
- 2) *OR*: Operasi ini menghasilkan *TRUE* jika salah satu atau kedua operand bernilai *TRUE*. Hasil *OR* antara dua operand hanya bernilai *FALSE* jika kedua operand adalah *FALSE*.
- 3) *NOT*: Operasi ini membalik nilai operand; jika operand bernilai *TRUE*, hasilnya adalah *FALSE*, dan sebaliknya.

Variabel Boolean hanya mengambil dua nilai (0 dan 1) yang sesuai dengan nilai logika *FALSE* dan *TRUE*. Saat mewakili status entitas biologis dengan variabel biner, kedua status ini biasanya disebut sebagai *OFF* dan *ON*. Fungsi Boolean dengan k variabel adalah pemetaan

$$B: \{0,1\}^k \rightarrow \{0,1\} \quad (2.5)$$

dari semua k -tuple pada $\{0,1\}$ ke *output* biner. Fungsi ini menggambarkan cara menentukan output bernilai Boolean berdasarkan operasi logika tertentu dari k input biner. Operasi logika dasar termasuk *AND*, *OR*, dan *NOT*. Sebagai contoh,

$$D = (A \text{ OR } B) \text{ AND NOT } C \quad (2.6)$$

adalah fungsi Boolean dengan tiga variabel. Fungsi Boolean juga dapat direpresentasikan dalam tabel kebenaran, di mana setiap baris mencantumkan kombinasi nilai dari variabel Boolean dan nilai *output* yang terkait. Tabel kebenaran dari fungsi Boolean dengan k variabel memiliki 2^k baris dan $k + 1$ kolom. Model jaringan Boolean terdiri dari sekumpulan variabel Boolean $\{\sigma_1, \sigma_2, \dots, \sigma_n\}$ yang nilainya ditentukan oleh variabel lain dalam jaringan melalui sekumpulan fungsi Boolean

$$B = \{B_1, B_2, \dots, B_n\} \quad (2.7)$$

Dalam model dinamis Boolean, nilai setiap variabel σ_i ditentukan oleh nilai saat ini atau sebelumnya dari pengatur (*input*) mereka, tergantung pada skema pembaruan yang digunakan dalam model. Skema sinkron memperbarui semua variabel dalam model secara bersamaan, yaitu, nilai dari setiap variabel pada waktu $t + 1$ ditentukan oleh k_i input pada waktu t

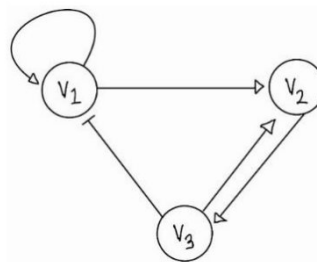
$$\sigma_i^{t+1} = B_i(\sigma_{i1}^t, \sigma_{i2}^t, \dots, \sigma_{iki}^t) \quad (2.8)$$

Model jaringan boolean dapat diproyeksikan menjadi graf berarah $G(V, E)$, di mana himpunan *vertex*

$$V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\} \quad (2.9)$$

sesuai dengan variabel boolean, dan himpunan *edges* E ditentukan secara implisit oleh fungsi boolean dalam model. Setiap *edges* memiliki tanda yang menunjukkan apakah *vertex* input memiliki efek positif atau negatif pada *vertex* target. (R. S. Wang et al., 2012)(Van Den Berg et al., 1997)(Schlatter et al., 2009)

a) Struktur Jaringan



Gambar 2.5 Network Structure

Sumber: (R. S. Wang et al., 2012)

Graf berarah (struktur jaringan) yang terkait dengan model Boolean. *Edges* dengan panah tajam menunjukkan efek positif, sedangkan *edges* dengan panah tumpul menunjukkan efek negatif. Perhatikan bahwa graf ini tidak secara unik menentukan fungsi Boolean untuk *vertex* v_1 dan v_2

b) Fungsi Boolean

$$B_1(\sigma_1, \sigma_3) = \sigma_1 \text{ OR } NOT \sigma_3 \quad (2.10)$$

$$B_2(\sigma_1, \sigma_3) = \sigma_1 \text{ AND } \sigma_3 \quad (2.11)$$

$$B_3(\sigma_2) = \sigma_2 \quad (2.12)$$

Fungsi Boolean dalam model. Perhatikan bahwa graf pada (a) dapat mendukung fungsi Boolean alternatif, khususnya

$$B1(\sigma1, \sigma3) = \sigma1 \text{ AND } NOT \sigma3, B2(\sigma1, \sigma3) = \sigma1 \text{ OR } \sigma3 \quad (2.13)$$

c) Tabel Kebenaran

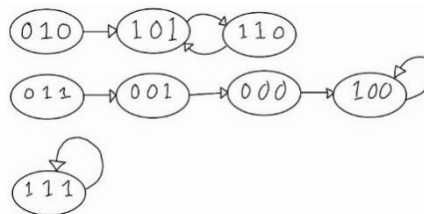
Tabel 2.1 Tabel Kebenaran

$B_1 (\sigma_1, \sigma_3)$			$B_2 (\sigma_1, \sigma_3)$			$B_3 (\sigma_2)$	
σ_1	σ_3	σ_1	σ_1	σ_3	σ_2	σ_2	σ_3

Sumber: (R. S. Wang et al., 2012)

Tabel kebenaran dari fungsi Boolean yang diberikan pada b)

d) Graf Transisi Keadaan

**Gambar 2.6 Graf Transisi Keadaan**

Sumber: (R. S. Wang et al., 2012)

Graf transisi keadaan dari model Boolean yang dibangun menggunakan skema pembaruan sinkron. Keadaan 100 dan 111 adalah *vertex* tetap dari sistem, sedangkan keadaan 101 dan 110 membentuk siklus terbatas (*limit cycle*).

2.1.4 Breast Cancer Network

a. Gambaran Umum Identifikasi Penanda Subjaringan

Penelitian terkini menunjukkan bahwa pendekatan berbasis jaringan protein dapat memberikan wawasan penting mengenai profil ekspresi gen pada pasien kanker payudara. Analisis jaringan dilakukan menggunakan dua kohort data pasien kanker payudara

Universitas Pertahanan Republik Indonesia

yang dipublikasikan oleh (Arc et al., 2002) dan (Llc et al., 2005). Kedua kumpulan data berasal dari tumor primer dan menggunakan platform microarray yang berbeda: *Agilent oligonucleotide Hu25K* dan *Affymetrix HG-U133a GeneChips*. Penelitian ini fokus pada 8.141 gen yang ada di kedua *dataset* tersebut, dibagi menjadi dua kelas: 'metastatik' (pasien dengan metastasis dalam lima tahun pascaoperasi) dan 'non-metastatik' (pasien tanpa metastasis dalam periode yang sama). Kohort van de Vijver terdiri dari 78 pasien metastatik dan 217 non-metastatik, sementara kohort Wang terdiri dari 106 pasien metastatik dan 180 non-metastatik. Integrasi Data Jaringan Protein dan Ekspresi Gen

Langkah pertama dalam pendekatan ini adalah membangun jaringan interaksi protein manusia. Jaringan ini mencakup 57.235 interaksi di antara 11.203 protein, yang diperoleh dari berbagai sumber, termasuk eksperimen yeast *two-hybrid* (Stelzl et al., 2005), prediksi berdasarkan *orthology* dan *co-citation* (Ramani et al., 2005), serta kurasi literatur (Peri et al., 2003); (Alfarano et al., 2005); (Joshi-Tope et al., 2005). Untuk menggabungkan data ekspresi gen dengan jaringan ini, nilai ekspresi masing-masing gen diterapkan pada proteinnya yang sesuai dalam jaringan. Pencarian kemudian dilakukan untuk menemukan subjaringan (*subnetwork*) yang aktivitasnya secara signifikan membedakan pasien metastatik dari non-metastatik.

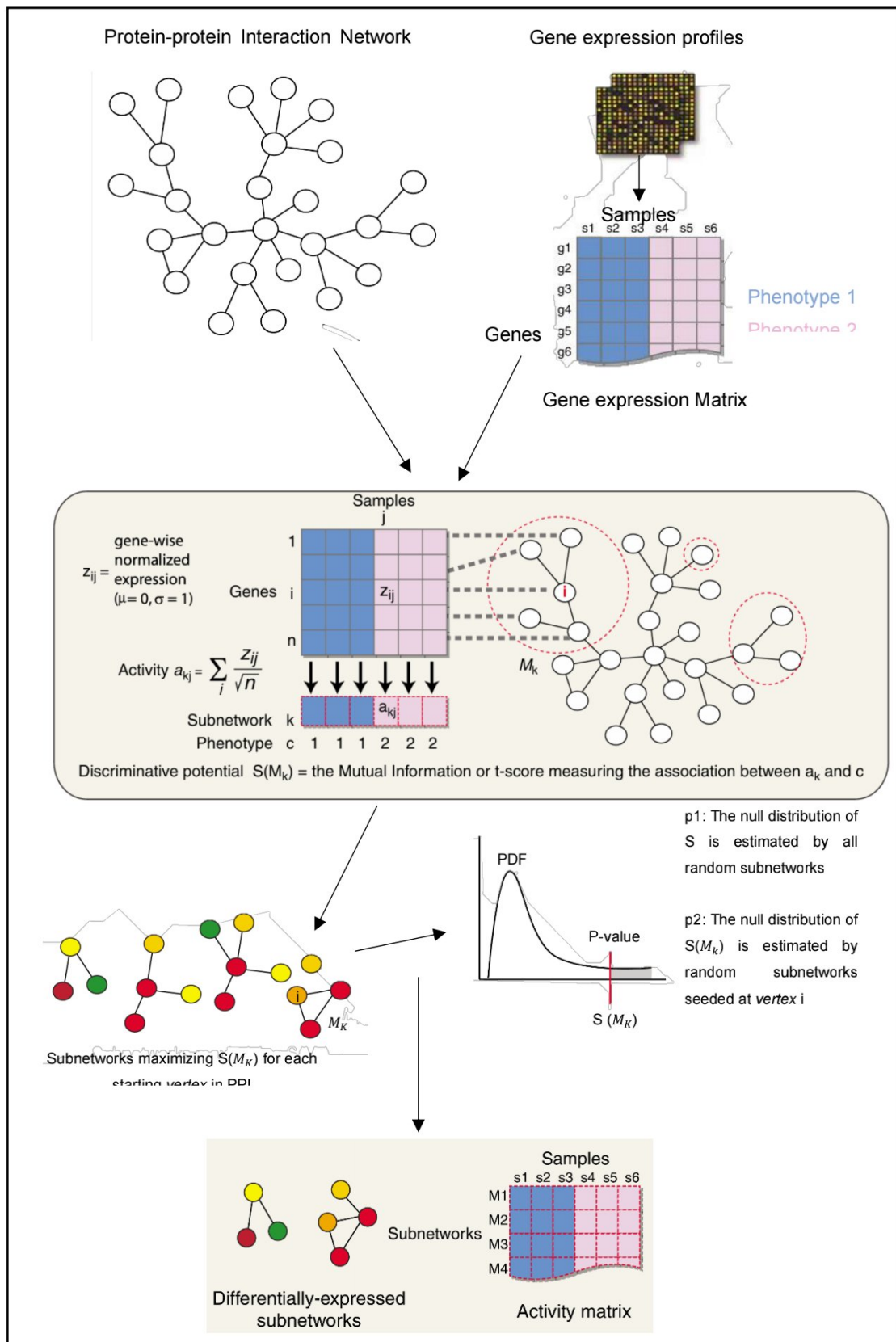
b. Identifikasi Subjaringan yang Diskriminatif

Analisis jaringan protein ini melibatkan proses penilaian dan pencarian beberapa langkah. Setiap subjaringan kandidat pertama dinilai berdasarkan aktivitasnya pada setiap pasien, yang diperoleh dari rata-rata nilai ekspresi gen yang dinormalisasi. Aktivitas subjaringan ini kemudian dihubungkan dengan status penyakit pasien (metastatik/non-metastatik) menggunakan pendekatan berbasis informasi mutual.

Subjaringan yang secara signifikan membedakan status metastatik dari non-metastatik diidentifikasi dengan membandingkan nilai diskriminatifnya terhadap jaringan acak. Hasilnya, terdapat 149 subjaringan diskriminatif dalam data (Arc et al., 2002) dan 243 subjaringan dalam data (Llc et al., 2005)

c. Penanda Subjaringan dan Hubungannya dengan Hallmark Kanker

Setiap subjaringan yang signifikan dapat dianggap sebagai penanda potensial untuk metastasis pada kanker payudara, yang tidak lagi didasarkan pada ekspresi satu gen tunggal tetapi pada perilaku agregat gen-gen yang terhubung dalam jaringan fungsional. Ini merupakan pendekatan yang berbeda dari analisis konvensional berbasis ekspresi gen tunggal karena memberikan wawasan tentang hubungan fungsional dari gen-gen yang terlibat. Sebanyak 47,3% dari subjaringan diskriminatif pada data van de (Arc et al., 2002) dan 65,4% pada data (Llc et al., 2005) menunjukkan keterkaitan protein yang berfungsi dalam proses biologis yang sama, sebagaimana yang dianotasi oleh *Gene Ontology* (GO).



Jaringan interaksi protein-protein digunakan untuk mengelompokkan gen dalam sub-jaringan terpisah. Profil ekspresi gen dari sampel kanker (metastatik atau non-metastatik) diubah menjadi matriks aktivitas sub-jaringan. Aktivitas sub-jaringan dihitung sebagai skor-z gabungan dari ekspresi gen-gen dalam sub-jaringan tersebut. Metode greedy digunakan untuk menemukan sub-jaringan dengan aktivitas diskriminatif. Sub-jaringan signifikan dipilih berdasarkan distribusi nol yang diperkirakan dari sub-jaringan acak, dan digunakan untuk mengidentifikasi gen penyakit. Matriks aktivitas sub-jaringan juga digunakan untuk melatih pengklasifikasi (Chuang et al., 2007).

Data SEER menunjukkan peningkatan risiko leukemia akut (AML) pada penyintas kanker payudara usia di bawah 50 tahun, yang diperburuk oleh kemoterapi. MDS kurang dilaporkan karena sering terlewatkan di rawat jalan. Program Leukemia Johns Hopkins mencatat peningkatan kasus leukemia akut pada pasien dengan riwayat kanker payudara. Studi ini menganalisis Database Hasil Kanker Payudara dari NCCN untuk menggambarkan kejadian neoplasma sumsum tulang setelah diagnosis kanker payudara, termasuk MDS/AML. Dengan data lebih akurat tentang komplikasi terapi, keputusan pengobatan dapat dibuat lebih tepat, terutama untuk pasien stadium awal. Sejak 1980-an, beberapa laporan menunjukkan peningkatan kasus leukemia pasca-terapi kanker payudara, khususnya setelah radiasi dan kemoterapi dengan agen alkilasi (melphalan, siklofosamid). Pada 2003, NSABP melaporkan insiden kumulatif leukemia 0,27% dalam 8 tahun setelah terapi kanker payudara (Wolff et al., 2015)

2.1.5 Markov Cluster Algorithm

Markov Cluster Algorithm (MCL) merupakan suatu algoritma klasterisasi berbasis graf yang memanfaatkan prinsip aliran acak (*random walk*) untuk mengidentifikasi struktur komunitas dalam sebuah jaringan. Algoritma ini dikembangkan oleh Stijn van Dongen pada tahun 2000, dengan tujuan untuk mendeteksi kelompok vertex (klaster) yang memiliki

keterhubungan internal yang tinggi dibandingkan dengan keterhubungan antar kelompok (Enright, 2002). Secara umum, MCL bekerja dengan memodelkan aliran probabilistik pada graf melalui representasi matriks transisi Markov. Operasi utama yang digunakan dalam algoritma ini adalah *expansion* dan *inflation*. Operasi *expansion* dilakukan dengan cara mengkuadratkan matriks transisi sehingga menyimulasikan aliran acak ke simpul-simpul tetangga yang lebih jauh. Sementara itu, operasi *inflation* bertujuan untuk memperkuat jalur-jalur aliran yang paling dominan, yaitu dengan menaikkan setiap elemen matriks ke suatu pangkat $r > 1$, kemudian dinormalisasi kembali agar membentuk matriks stokastik (STRING Consortium, 2025).

Keunggulan utama MCL dibandingkan metode klasterisasi konvensional seperti *k-means* adalah bahwa MCL tidak memerlukan jumlah klaster sebagai parameter awal. Dengan kata lain, algoritma ini secara otomatis akan menentukan sendiri jumlah klaster berdasarkan struktur dari jaringan yang dianalisis, selain itu, MCL bersifat fleksibel dan dapat diterapkan baik pada graf berbobot maupun yang tak berbobot, sehingga sangat cocok digunakan untuk analisis graf yang kompleks dan berskala besar.

2.1.6 Koefisien Klasterisasi

Koefisien klasterisasi adalah ukuran penting dalam teori jaringan yang menggambarkan kecenderungan node dalam jaringan untuk membentuk klaster atau kelompok yang saling terhubung. Ini sering digunakan untuk memahami struktur dan fungsi jaringan kompleks, termasuk jaringan sosial, biologis, dan teknologi. Koefisien klasterisasi tradisional mengukur probabilitas bahwa dua tetangga dari sebuah node juga saling terhubung, membentuk segitiga dalam jaringan. Ini memberikan gambaran tentang seberapa banyak jaringan tersebut membentuk klaster lokal (Li et al., 2017; Salman et al., 2024; Masuda et al., 2018). Dalam konteks jaringan besar, koefisien klasterisasi rata-rata dapat diperkirakan

dengan rasio derajat rata-rata terhadap jumlah node (Aguilar-Alarcón et al., 2023).

$$C(v) = \frac{2 \cdot E(v)}{k(v) \cdot (k(v) - 1)} \quad (2.14)$$

Dimana:

- a. $C(v)$ = Clustering coefficient untuk node v
- b. $E(v)$ = Jumlah edges (hubungan langsung) yang ada di antara tetangga-tetangga node v
- c. $k(v)$ = Jumlah tetangga yang dimiliki node v

2.2 Hasil Penelitian Terdahulu

Tabel 2.2 Hasil Penelitian Terdahulu

No	Judul (Penulis, Tahun)	Hasil	Metode	Perbedaan	Kesamaan
1	<i>The Boolean and Random Sets</i> (Rosenfeld & Serra J, 1981)	Menjelaskan dasar-dasar model Boolean dalam teori himpunan acak, termasuk penggunaan model Boolean untuk konstruksi set acak yang lebih kompleks.	Metode yang digunakan dalam makalah ini berkisar pada model Boolean, yang berfungsi sebagai kerangka dasar untuk mewakili himpunan acak. Model ini sangat menguntungkan untuk mensimulasikan distribusi spasial dan interaksi dalam ruang tertentu. Dengan memanfaatkan model Boolean, makalah ini	Fokus pada penerapan teori graf dan model boolean dalam menganalisis struktur dan interaksi jaringan kanker payudara. Ini mengintegrasikan konsep matematika untuk menggali jaringan biologis dan potensinya dalam pengobatan. Sedangkan di jurnal ini lebih teoritis, membahas sifat-sifat matematika model boolean, seperti stasionaritas ergodisitas, serta penerapannya pada	Sama-sama menggunakan model Boolean untuk strukturisasi data kompleks, meskipun dalam skripsi user lebih fokus pada aplikasi dalam jaringan kanker payudara.

			membahas fenomena kompleks yang memerlukan representasi matematika yang kuat, seperti tekstur atau jaringan biologis. Kemampuan model Boolean untuk menangani kompleksitas ini menjadikannya komponen penting dari metode yang dibahas dalam makalah ini.	himpunan acak. Urnal ini tidak berfokus pada aplikasi biologis atau kanker payudara, melainkan pada aspek teoritis model tersebut. Maka perbedaannya terletak pada aplikasi praktis dibidang biologis dalam satu jurnal, sementara jurnal lain lebih menekankan pada dasar teori matematika model Boolean.	
2	<i>A Boolean Model in Information Retrieval For Search Engines</i> (Lashkari et al., 2009)	Menggunakan model Boolean untuk proses pencarian informasi dengan pemadanan berdasarkan relevansi, memanfaatkan operator logika seperti <i>AND</i>, <i>OR</i>, dan <i>NOT</i>.	Salah satu metode dasar yang dibahas adalah Model Boolean, yang menggunakan aljabar Boolean untuk menghubungkan dokumen ke kueri	penerapan model Boolean dalam konteks sistem pengambilan informasi, khususnya mesin pencari. Model ini didasarkan pada teori himpunan dan aljabar Boolean, di	Sama-sama memanfaatkan model Boolean untuk mengatur informasi yang relevan; skripsi user juga berfokus pada penyusunan dan rekonstruksi jaringan informasi biologis,

			pengguna melalui pencocokan yang tepat. Model ini menggunakan operator logis seperti AND, OR, dan NOT untuk menggabungkan istilah pencarian, memungkinkan pengambilan dokumen yang tepat yang memenuhi kondisi yang ditentukan. Metode penting lainnya yang disorot adalah Model Ruang Vektor, yang mewakili dokumen sebagai vektor dalam ruang multi-dimensi. Keberhasilan model ini sangat tergantung pada bobot istilah, di	mana dokumen diwakili oleh istilah indeks, dan operator logis seperti AND, OR, dan NOT digunakan untuk mencocokkan dokumen dengan kueri pengguna melalui pencocokan yang tepat, Model Boolean dalam konteks ini digunakan untuk mengambil dokumen yang relevan dengan kueri pengguna dengan menemukan kecocokan yang tepat dari istilah kueri dalam dokumen. model Boolean dalam rekonstruksi jaringan domain-biologis yang berbeda. Dalam konteks ini, model Boolean dapat	khususnya pada jaringan kanker.
--	--	--	---	--	--

			mana pentingnya setiap istilah dalam mewakili semantik dokumen tercermin dalam komponen vektor. Pendekatan ini memungkinkan pemahaman yang lebih bernuansa tentang relevansi dokumen berdasarkan frekuensi dan signifikansi istilah. Makalah ini juga menggali konsep frekuensi istilah dan peringkat dokumen, mengusulkan metode sederhana untuk menghitung bobot istilah dalam dokumen. Ini melibatkan pembuatan kamus	digunakan untuk mewakili dan menganalisis interaksi biologis yang kompleks dalam jaringan kanker dada. Teori grafik akan digunakan untuk memodelkan struktur jaringan, di mana <i>vertex</i> mewakili entitas biologis (seperti gen atau protein) dan tepi mewakili interaksi di antara mereka.	
--	--	--	---	--	--

			istilah dan frekuensinya, yang kemudian dapat digunakan untuk memberi peringkat dokumen berdasarkan kejadian dan pentingnya istilah-istilah ini. Metode ini diimplementasikan menggunakan program berbasis Oracle, menunjukkan keefektifannya dalam sistem data kecil hingga menengah		
3	<i>Network-based classification of breast cancer metastasis</i> (Chuang et al., 2007)	Menggunakan jaringan protein untuk mengklasifikasi metastasis kanker payudara, mengidentifikasi sub-jaringan protein yang	Jurnal ini menggunakan pendekatan berbasis jaringan protein untuk mengidentifikasi penanda	Jurnal ini lebih menekankan pada penggunaan jaringan interaksi protein-protein untuk mengidentifikasi subjaringan sebagai	Memiliki kesamaan dalam menggunakan teori graf untuk analisis jaringan kanker payudara, meskipun lebih fokus pada

		relevan berdasarkan profil ekspresi gen.	metastatis dalam profil ekspresi gen. Tidak seperti metode tradisional yang berfokus pada gen individu, pendekatan ini menekankan subjaringan protein yang berinteraksi. Subjaringan ini diekstraksi dari database interaksi protein, memberikan pandangan yang lebih komprehensif tentang mekanisme molekuler yang mendasari metastasis. Dengan berfokus pada perilaku agregat gen yang terhubung dalam	penanda metastasis. Pendekatan ini tidak fokus pada gen individu melainkan pada perilaku kolektif gen dalam subjaringan ini. Studi ini menyoroti keuntungan dari metode ini, seperti peningkatan reproduktifitas dan akurasi yang lebih tinggi dalam memprediksi metastasis dibandingkan dengan metode gen-sentris tradisional. Ini juga mengintegrasikan jaringan protein dengan profil ekspresi kanker untuk mengidentifikasi protein yang berfungsi di jalur	identifikasi sub-jaringan spesifik jaringan dalam jaringan protein.
--	--	--	--	---	---

			jaringan fungsional, penelitian ini menawarkan hipotesis baru tentang jalur yang terlibat dalam perkembangan tumor. Untuk mengevaluasi kinerja penanda sub jaringan ini, penelitian ini menggunakan metode validasi silang lima kali lipat. Ini melibatkan pembagian data menjadi lima bagian, menggunakan empat untuk pelatihan dan satu untuk pengujian, untuk memastikan ketahanan model klasifikasi. Metode	yang terkait dengan perkembangan kanker. Perbedaan utama terletak pada metodologi dan area fokus masing-masing jurnal. Yang pertama menekankan identifikasi sub jaringan sebagai penanda fungsional untuk metastasis, sedangkan yang terakhir kemungkinan berfokus pada sifat struktural dan dinamis jaringan kanker dada menggunakan teori grafik dan model Boolean.	
--	--	--	--	--	--

			ini membantu dalam menilai reproduktifitas dan akurasi klasifikasi berbasis jaringan dibandingkan dengan metode konvensional yang mengandalkan gen penanda individu.		
4	Analisis performa metode KNN pada <i>Dataset</i> pasien pengidap Kanker Payudara (Cahyanti et al., 2020)	Memanfaatkan metode <i>K-Nearest Neighbor</i> (KNN) untuk klasifikasi pasien kanker payudara, dengan hasil akurasi tinggi pada klasifikasi berdasarkan fitur-fitur tertentu.	Jurnal ini menggunakan metode <i>K-Nearest Neighbor</i> (KNN) untuk mengklasifikasikan data kanker dada. KNN adalah algoritma pembelajaran mesin populer yang digunakan untuk tugas klasifikasi. Ia bekerja dengan mengidentifikasi <i>vertex</i> data 'k' terdekat ke input	Jurnal berbasis KNN terutama berkaitan dengan mengklasifikasikan data kanker dada untuk meningkatkan akurasi prediksi mengenai keberadaan atau jenis kanker berdasarkan data pasien. Di <i>edges</i> lain, jurnal berbasis teori grafik berfokus pada pemahaman interaksi dan jaringan kompleks dalam	Sama-sama bertujuan untuk meningkatkan pemahaman tentang jaringan kanker payudara, namun dalam skripsi user lebih fokus pada rekonstruksi jaringan menggunakan

			yang diberikan dan menetapkan kelas yang paling umum di antara tetangga tersebut ke input. Metode ini sangat dihargai karena kesederhanaan, kecepatan, dan efektivitasnya, terutama ketika berhadapan dengan kumpulan data pelatihan yang besar. Namun, ia juga memiliki kelemahan penting, yaitu bias potensial dalam memilih nilai 'k'. Dalam penelitian ini, metode KNN diterapkan pada dataset pasien kanker dada. Studi ini mengeksplorasi nilai yang berbeda dari 'k', khususnya	biologi kanker dada. Ini melibatkan pemetaan interaksi antara gen, protein, atau entitas biologis lainnya, memberikan wawasan tentang perkembangan dan perkembangan kanker. Dalam jurnal KNN, persiapan data, termasuk pembersihan dan pra-pemrosesan, ditekankan untuk memastikan penerapan algoritma KNN yang efektif. Pentingnya memilih nilai 'k' yang tepat dan menggunakan validasi silang untuk meningkatkan kinerja model disorot. Maka kedua jurnal membahas kanker dada, mereka melakukannya dari	model Boolean daripada klasifikasi dengan KNN.
--	--	--	---	--	---

			k=3 hingga k=5, untuk menentukan konfigurasi optimal untuk tugas klasifikasi. Para peneliti juga menerapkan validasi silang dengan k-fold=5 untuk memastikan ketahanan dan keandalan kinerja model. Pendekatan ini membagi kumpulan data menjadi lima bagian, menggunakan empat bagian untuk pelatihan dan satu bagian untuk pengujian, dan memutar proses ini untuk mencakup semua <i>vertex</i> data	perspektif dan metodologi yang berbeda. Jurnal KNN berfokus pada klasifikasi menggunakan pembelajaran mesin, sedangkan jurnal teori grafik mengeksplorasi rekonstruksi jaringan dan interaksi dalam kerangka biologi kanker.	
5	Dimensi Metrik pada Hasil	Meneliti dimensi metrik graf hasil	Jurnal ini berfokus pada eksplorasi dimensi metrik dan	Jurnal ini berkaitan dengan aspek teoritis grafik. menggali sifat-	Kesamaannya dalam menerapkan teori graf untuk

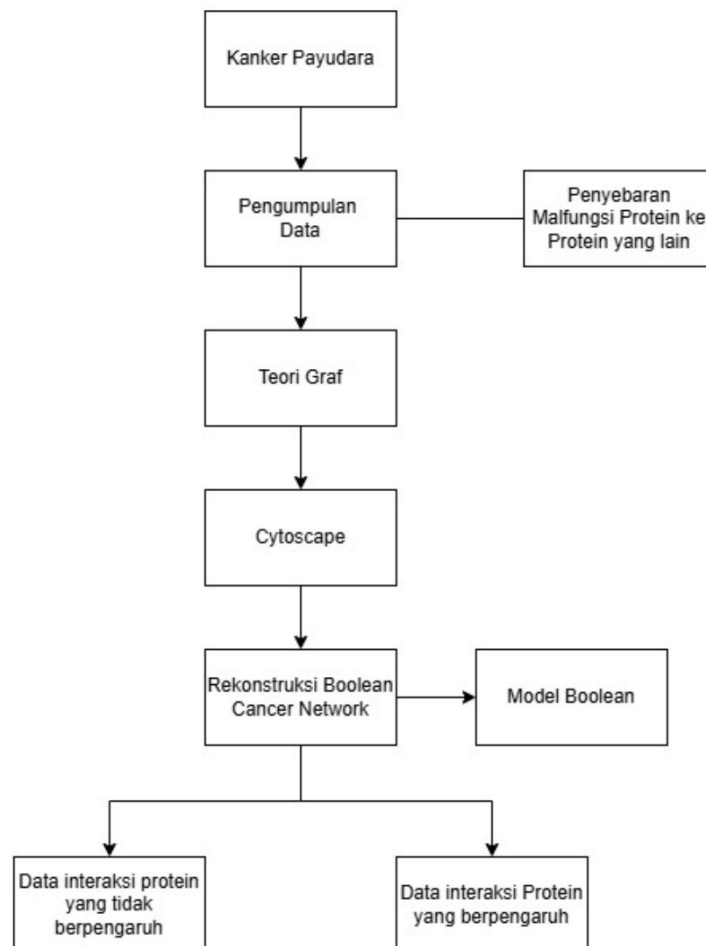
	Operasi Korona Dua Buah Graf (Silviana & Kapita, 2017)	operasi korona pada berbagai jenis graf seperti graf lingkaran dan graf bintang, menggunakan berbagai operasi graf untuk mendapatkan hasil kromatik.	operasi grafik, khususnya operasi korona pada grafik. penelitian ini menggunakan konsep dasar dari teori grafik. Ini membahas berbagai jenis grafik, seperti grafik jalur, grafik siklus, dan grafik bintang, yang penting dalam memahami sifat dan perilaku struktur grafik yang berbeda. Konsep-konsep ini kemungkinan digunakan untuk menyelidiki dimensi metrik dan efek operasi korona pada grafik. penelitian ini adalah analisis dimensi metrik. Dimensi metrik	sifat matematika grafik, secara khusus berfokus pada dimensi metrik dan operasi korona. Operasi korona adalah operasi grafik spesifik yang menggabungkan dua grafik, dan makalah ini mengeksplorasi bagaimana operasi ini memkuat dimensi metrik dari grafik yang dihasilkan. Penelitian ini berakar kuat pada analisis teoritis dan matematika, yang bertujuan untuk memajukan pemahaman operasi grafik dan implikasinya pada dimensi metrik. Jurnal menggunakan teori grafik, metodologi berbeda secara signifikan Jurnal	memahami struktur dan pola hubungan antar elemen; dalam skripsi user, teori graf diterapkan untuk mengelola dan menganalisis struktur jaringan kanker payudara menggunakan model Boolean.
--	--	--	--	---	---

			grafik didefinisikan sebagai kardinalitas minimum dari kumpulan penyelesaian untuk grafik. Ini melibatkan pemeriksaan matematika dan teoritis untuk menentukan dimensi metrik untuk operasi grafik yang berbeda, termasuk korona dua grafik. Makalah ini kemungkinan menggunakan analisis teoretis untuk mengeksplorasi dimensi ini, berdasarkan penelitian yang ada di lapangan	pertama bersifat teoritis, berfokus pada sifat matematika dan dimensi grafik, sedangkan jurnal kedua diterapkan, menggunakan teknik komputasi dan simulasi untuk memodelkan jaringan biologis. Tujuan jurnal ini juga mencerminkan fokus mereka yang berbeda. Singkatnya, meskipun kedua jurnal menggunakan teori grafik, mereka menerapkannya dalam konteks yang berbeda dan dengan tujuan yang berbeda. Jurnal pertama difokuskan pada kemajuan teoritis dalam operasi grafik, sedangkan jurnal	
--	--	--	---	--	--

				kedua menerapkan teori grafik untuk masalah praktis dalam penelitian biologi, menggunakan model komputasi untuk memahami jaringan yang kompleks.	
--	--	--	--	--	--

Sumber : Diolah oleh peneliti

2.3 Kerangka Berpikir



Bagan 2.2 Kerangka Berpikir

Sumber : Diolah oleh peneliti

Berdasarkan **Bagan 2.2**, penelitian ini mengadopsi pendekatan teori graf dan model Boolean untuk merekonstruksi jaringan kanker payudara. Teori graf digunakan untuk memodelkan hubungan kompleks antara gen atau protein yang terlibat dalam perkembangan kanker payudara, dengan elemen-elemen biologis tersebut direpresentasikan sebagai *vertex* (*vertex*), sementara interaksi antar elemen digambarkan sebagai *edges* (*edge*) dalam graf. Jaringan yang terbentuk mencerminkan struktur interaksi biologis dalam proses karsinogenesis, memungkinkan analisis mendalam

terhadap pola atau klaster yang muncul. Cytoscape digunakan sebagai alat visualisasi untuk menganalisis jaringan interaksi biologis, memungkinkan pemetaan interaksi antara gen dan protein secara intuitif, serta pengintegrasian data ekspresi gen atau mutasi genetik. Dengan Cytoscape, peneliti dapat mengeksplorasi hubungan kompleks dalam kanker payudara dan mengidentifikasi pola-pola penting yang dapat menjadi fokus penelitian lebih lanjut.

Pendekatan model Boolean diterapkan untuk menyederhanakan representasi interaksi tersebut, dengan status setiap *vertex* dalam jaringan dikodekan sebagai nilai Boolean, yaitu aktif (1) atau tidak aktif (0), berdasarkan hubungan antar elemen yang terlibat. Model ini menawarkan cara efisien untuk menggambarkan dinamika interaksi biologis, memprediksi dampak perubahan dalam jaringan, serta menggambarkan status aktivasi atau inaktivasi elemen biologis dalam konteks kanker payudara. Melalui penerapan teori graf dan model Boolean, penelitian ini bertujuan untuk menghasilkan rekonstruksi jaringan kanker payudara yang lebih terstruktur dan sistematis, yang dapat memperdalam pemahaman tentang interaksi molekuler dalam perkembangan kanker. Analisis ini diharapkan dapat mengidentifikasi pola-pola yang berpotensi menjadi target dalam diagnosis atau terapi kanker payudara. Pendekatan ini juga menunjukkan potensi teori graf dan logika Boolean dalam aplikasi lain yang melibatkan sistem kompleks, seperti di bidang teknologi informasi, analisis data, dan perencanaan strategis.