

Perbandingan Kinerja Algoritma *Cheng and Church* dan *Qualitative Biclustering* pada Data Produksi Perikanan Budidaya Indonesia

Dewi Zulyani Pomalingo, Muhammad Nur Aidi, dan Kusman Sadik



Volume 14, Issue 2, Pages 510–521, August 2026

Diterima 17 Mei 2026, Direvisi 1 Juli 2026, Disetujui 14 Juli 2026, Diterbitkan 16 Agustus 2026

To Cite this Article : D. Z. Pomalingo, M. N. Aidi, dan K. Sadik, “Perbandingan Kinerja Algoritma *Cheng and Church* dan *Qualitative Biclustering* pada Data Produksi Perikanan Budidaya Indonesia”, *Euler J. Ilm. Mat. Sains dan Teknol.*, vol. 14, no. 2, pp. 510–521, 2026, <https://doi.org/10.37905/euler.v14i2.39884>

© 2026 by author(s)

JOURNAL INFO • EULER : JURNAL ILMIAH MATEMATIKA, SAINS DAN TEKNOLOGI

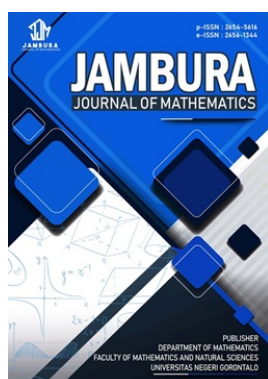


	Homepage	:	http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/euler/index
	Journal Abbreviation	:	Euler J. Ilm. Mat. Sains dan Teknol.
	Frequency	:	Three times a year
	Publication Language	:	English (preferable), Indonesia
	DOI	:	https://doi.org/10.37905/euler
	Online ISSN	:	2776-3706
	License	:	Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License
	Publisher	:	Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo
	Country	:	Indonesia
	OAI Address	:	http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/euler/oai
	Google Scholar ID	:	QF_r-gAAAAJ
	Email	:	euler@ung.ac.id

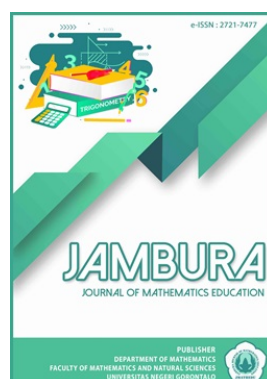
JAMBURA JOURNAL • FIND OUR OTHER JOURNALS



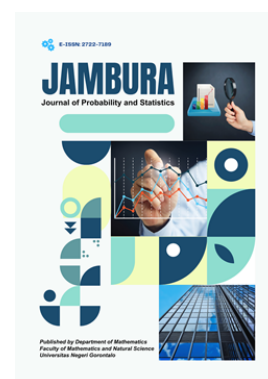
Jambura Journal of
Biomathematics



Jambura Journal of
Mathematics



Jambura Journal of
Mathematics Education



Jambura Journal of
Probability and Statistics

Perbandingan Kinerja Algoritma Cheng and Church dan Qualitative Biclustering pada Data Produksi Perikanan Budidaya Indonesia

Dewi Zulyani Pomalingo¹, Muhammad Nur Aidi^{1,*}, Kusman Sadik¹

¹Program Studi Statistika dan Sains Data, IPB University, Bogor 16680, Indonesia

ARTICLE HISTORY

Diterima 17 Mei 2026

Direvisi 1 Juli 2026

Disetujui 14 Juli 2026

Diterbitkan 16 Agustus 2026

KATA KUNCI

Biclustering
Cheng and Church
MSR
Perikanan budidaya
Qualitative Biclustering

KEYWORDS

Biclustering
Cheng and Church
MSR
Aquaculture
Qualitative Biclustering

ABSTRAK. Biclustering merupakan metode penggerombolan dua dimensi yang mampu mengidentifikasi hubungan simultan antara objek dan variabel, sehingga lebih sesuai untuk menganalisis data yang memiliki pola lokal dibandingkan metode clustering konvensional. Berbagai algoritma biclustering telah dikembangkan, namun kajian yang membandingkan kinerja algoritma pada data statistik sektoral masih relatif terbatas. Penelitian ini bertujuan mengevaluasi kinerja algoritma Cheng and Church (CC) dan Qualitative Biclustering (QUBIC) pada data produksi perikanan budidaya di Indonesia tahun 2023. Data yang digunakan berupa produksi 14 komoditas perikanan budidaya pada 34 provinsi di Indonesia. Penentuan parameter optimum dilakukan melalui manual tuning, kemudian kinerja kedua algoritma dievaluasi menggunakan Mean Squared Residue (MSR), Average Squared Residue (ASR), serta indeks Liu-Wang. Hasil penelitian menunjukkan bahwa parameter optimum algoritma CC diperoleh pada $\delta = 0,009$, sedangkan QUBIC pada kombinasi parameter $r = 1$, $q = 0,06$, dan $c = 0,75$. CC menghasilkan 7 bicluster dengan ASR sebesar 0,0052, sedangkan QUBIC menghasilkan 8 bicluster dengan ASR sebesar 0,4360. Nilai MSR dan ASR CC yang lebih rendah dibandingkan QUBIC menunjukkan bahwa CC lebih unggul dalam membentuk bicluster yang homogen pada data produksi perikanan budidaya. Jumlah keanggotaan provinsi menunjukkan bahwa kedua algoritma mampu menangkap pola pada sebagian besar provinsi, meskipun CC memiliki cakupan yang sedikit lebih luas. Nilai indeks Liu dan Wang sebesar 0,1951 menunjukkan bahwa struktur keanggotaan hasil bicluster CC dan QUBIC memiliki tingkat kemiripan yang relatif rendah. Dengan demikian, meskipun kedua algoritma diterapkan pada data yang sama, yakni produksi perikanan budidaya, CC dan QUBIC cenderung menghasilkan penggerombolan yang berbeda.

ABSTRACT. Biclustering is a two-dimensional clustering approach that simultaneously identifies relationships between objects and variables, making it more suitable than conventional clustering methods for analyzing data with local patterns. Although numerous biclustering algorithms have been developed, comparative studies evaluating their performance on official statistical data remain limited. This study aimed to evaluate the performance of the Cheng and Church (CC) and Qualitative Biclustering (QUBIC) algorithms using Indonesia's aquaculture production data for 2023. The dataset comprised the production of 14 aquaculture commodities across 34 provinces. Optimal parameters for both algorithms were determined through a manual tuning procedure. Their performance was subsequently evaluated using the Mean Squared Residue (MSR), Average Squared Residue (ASR), and the Liu–Wang index. The results showed that the optimal parameter for the CC algorithm was $\delta = 0.009$, while the optimal QUBIC parameters were $r = 1$, $q = 0.06$, and $c = 0.75$. CC produced 7 biclusters with an ASR of 0.0052, whereas QUBIC produced 8 biclusters with an ASR of 0.4360. The lower MSR and ASR values of CC compared with QUBIC indicate that CC was more effective in forming homogeneous biclusters in aquaculture production data. The number of province memberships showed that both algorithms were able to capture patterns across most provinces, although CC had slightly broader coverage. The Liu and Wang index value of 0.1951 indicated a relatively low similarity between the bicluster membership structures produced by CC and QUBIC. Thus, although both algorithms were applied to the same aquaculture production data, CC and QUBIC tended to produce different clustering structures.



This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License. **Editorial of EULER:** Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo, Jln. Prof. Dr. Ing. B. J. Habibie, Bone Bolango 96554, Indonesia.

* Penulis Korespondensi.

1. Pendahuluan

Perkembangan teknologi informasi telah mendorong meningkatnya ketersediaan data dalam berbagai sektor, termasuk sektor perikanan. Banyaknya objek yang diamati beserta beragam variabel yang menyertainya menyebabkan data menjadi semakin kompleks sehingga diperlukan metode analisis yang mampu mengungkap pola-pola yang tidak mudah dikenali melalui pengamatan secara langsung. Salah satu pendekatan yang umum digunakan untuk mengeksplorasi struktur data adalah clustering, yaitu teknik pengelompokan yang menempatkan objek dengan karakteristik serupa ke dalam kelompok yang sama sehingga memiliki tingkat kemiripan yang tinggi di dalam kelompok dan perbedaan yang jelas dengan kelompok lainnya [1, 2].

Meskipun banyak digunakan, clustering konvensional memiliki keterbatasan karena hanya berfokus pada satu dimensi data, yaitu mengelompokkan objek atau variabel secara terpisah. Pendekatan tersebut kurang mampu menggambarkan hubungan yang terjadi secara simultan antara sekelompok objek dengan sekelompok variabel, terutama pada data yang memiliki struktur dua dimensi dan mengandung pola lokal [3, 4]. Kondisi ini mendorong berkembangnya metode *biclustering*, yang memungkinkan proses pengelompokan dilakukan secara bersamaan pada dimensi baris dan kolom sehingga dapat mengidentifikasi submatriks dengan karakteristik yang serupa [5].

Keunggulan utama *biclustering* terletak pada kemampuannya menemukan pola lokal yang sering kali tidak teridentifikasi melalui analisis global. Castanho dkk. [6] menjelaskan bahwa pendekatan ini efektif dalam mengungkap struktur tersembunyi pada data kompleks melalui identifikasi hubungan antarobjek dan antarvariabel secara simultan. Oleh karena itu, *biclustering* tidak hanya dimanfaatkan pada analisis data ekspresi gen sebagai bidang pengembangannya, tetapi juga mulai diterapkan pada berbagai bidang lain, seperti kesehatan, sosial, dan ekonomi. Sebagai contoh, Aidi dkk. [7] memanfaatkan metode ini untuk mengidentifikasi kesamaan pola penyakit menular antardaerah di Indonesia tanpa mempertimbangkan kedekatan wilayah secara geografis.

Berbagai algoritma telah dikembangkan untuk menghasilkan *bicluster*, masing-masing dengan karakteristik dan mekanisme yang berbeda. Algoritma Cheng and Church (CC) merupakan salah satu metode yang paling banyak dijadikan acuan karena menjadi algoritma dasar dalam pengembangan *biclustering*. Algoritma ini mengevaluasi kualitas *bicluster* menggunakan ukuran *MSR* (*Mean Squared Residue*), di mana nilai *MSR* yang lebih rendah menunjukkan tingkat koherensi yang lebih baik antareleman dalam *bicluster* [8]. Sejumlah penelitian melaporkan bahwa algoritma CC mampu menghasilkan *bicluster* yang stabil dan berkualitas pada berbagai jenis data, termasuk data kesejahteraan masyarakat maupun data perdagangan internasional [9, 10].

Selain CC, algoritma *Qualitative Biclustering* (QUBIC) menawarkan pendekatan yang berbeda dalam membentuk *bicluster*. QUBIC tidak hanya mempertimbangkan kesamaan nilai numerik, tetapi juga memanfaatkan pola perubahan data melalui proses diskretisasi sehingga mampu mengenali kecenderungan peningkatan, penurunan, maupun kondisi yang relatif tetap. Karakteristik tersebut membuat QUBIC lebih adaptif terhadap keberadaan *noise* maupun pencilan serta memberikan fleksibilitas dalam mengatur tingkat tumpang tindih antar*bicluster* [4]. Hasil evaluasi yang dilakukan oleh Saelens dkk. [11] dan Eren dkk. [12] menunjukkan bahwa QUBIC memiliki performa yang baik dalam menghasilkan *bicluster* yang stabil dan informatif, khususnya pada data dengan tingkat kompleksitas yang tinggi.

Meskipun demikian, sebagian besar penelitian mengenai algoritma CC maupun QUBIC masih berfokus pada data biologis, terutama data ekspresi gen. Kajian yang mengevaluasi

performa kedua algoritma tersebut pada data statistik sektoral masih relatif terbatas. Hasil perbandingan sejumlah metode analisis data menunjukkan bahwa algoritma yang berbeda dapat menghasilkan tingkat kinerja yang sama maupun berbeda bergantung pada karakteristik data, asumsi metode, dan kriteria evaluasi yang digunakan [13, 14]. Temuan tersebut menegaskan bahwa keunggulan suatu algoritma pada satu jenis data tidak serta-merta berlaku pada jenis data lainnya. Perbedaan struktur data, tingkat keragaman nilai, dan pola hubungan antarvariabel berpotensi memengaruhi kualitas *bicluster* yang dihasilkan. Oleh karena itu, evaluasi empiris diperlukan untuk menentukan algoritma yang paling sesuai dengan struktur dan karakteristik data yang dianalisis.

Data produksi perikanan budidaya merupakan salah satu contoh data sektoral yang memiliki karakteristik multidimensi. Data tersebut memuat informasi berbagai komoditas yang diproduksi oleh setiap provinsi di Indonesia sehingga membentuk matriks yang berpotensi mengandung pola lokal antarkomoditas maupun antarwilayah. Sebagai negara kepulauan dengan sumber daya perairan yang melimpah, Indonesia menjadikan sektor perikanan budidaya sebagai salah satu penopang ketahanan pangan, penyedia lapangan kerja, dan penggerak perekonomian daerah. Kompleksitas data produksi yang dihasilkan menjadikan pendekatan *biclustering* relevan untuk diterapkan sebagai alternatif analisis dibandingkan metode pengelompokan konvensional.

Berdasarkan uraian di atas, penelitian ini dilakukan untuk mengkaji hasil evaluasi kinerja algoritma CC dan QUBIC. Kedua algoritma diterapkan pada data produksi perikanan budidaya di Indonesia untuk membentuk dan mengevaluasi *bicluster* optimal. Evaluasi dilakukan berdasarkan kualitas *bicluster* yang dihasilkan untuk memperoleh gambaran mengenai algoritma yang lebih sesuai dalam mengidentifikasi pola pada data produksi perikanan budidaya. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi dalam pemilihan metode *biclustering* yang tepat untuk analisis data statistik sektoral dengan karakteristik serupa.

2. Metode

2.1. Data Penelitian

Penelitian ini menggunakan data sekunder berupa produksi perikanan budidaya menurut komoditas dan provinsi di Indonesia tahun 2023 yang diperoleh dari portal data Kementerian Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia. Data disusun dalam bentuk matriks berukuran 34×14 , dengan baris merepresentasikan provinsi dan kolom merepresentasikan komoditas perikanan budidaya. Baris pada matriks mewakili 34 provinsi di Indonesia, sedangkan kolom terdiri atas 14 peubah produksi perikanan budidaya. Komoditas yang digunakan yaitu ikan hias (X_1) dalam satuan ribu ekor; rumput laut (X_2), udang (X_3), kerapu (X_4), kakap (X_5), bandeng (X_6), mas (X_7), nila (X_8), lele (X_9), patin (X_{10}), gurame (X_{11}), lainnya (X_{12}), dan pembesaran (X_{14}) dalam satuan ton; serta pembenihan (X_{13}) dalam satuan juta ekor.

2.2. Algoritma Cheng and Church

Algoritma Cheng and Church (CC) membentuk *bicluster* berdasarkan tingkat homogenitas data yang diukur menggunakan *Mean Squared Residue* (MSR). Tujuan dari algoritma ini adalah untuk menemukan submatriks dalam data ekspresi gen di mana gen-gen dan kondisi-kondisi tersebut secara bersama-sama menunjukkan perilaku yang konsisten atau pola ekspresi serupa [15]. Dalam konteks penelitian ini, algoritma CC diterapkan untuk mencari submatriks yang terdiri atas subset provinsi dan subset produksi komoditas perikanan budidaya. Algoritma ini mengadopsi strategi peliputan berurutan untuk menghasilkan daftar n *bicluster* dari matriks data ekspresi [16]. Nilai MSR menunjukkan tingkat penyimpangan setiap elemen ter-

hadap pola umum dalam suatu *bicluster*. Semakin kecil nilai MSR, semakin homogen hubungan antaranggota dalam *bicluster* sehingga kualitas *bicluster* yang dihasilkan semakin baik.

Skor MSR untuk *bicluster* (I, J) didefinisikan sebagai berikut [16]:

$$MSR_{(I,J)} = \frac{1}{|I| \times |J|} \sum_{i=1}^{|I|} \sum_{j=1}^{|J|} (a_{ij} - a_{iJ} - a_{IJ} + a_{IJ})^2, \quad (1)$$

dengan

a_{ij} = elemen *bicluster* pada baris ke- i dan kolom ke- j ,

a_{IJ} = rata-rata di seluruh *bicluster*,

a_{Ij} = rata-rata di kolom ke- j ,

a_{iJ} = rata-rata di baris ke- i ,

$|I| \times |J|$ = dimensi *bicluster* (volume).

Pembentukan *bicluster* pada algoritma CC dikendalikan oleh parameter *threshold* (δ), yaitu batas maksimum nilai MSR yang masih diperbolehkan dalam suatu *bicluster*. Penyesuaian parameter dilakukan dalam dua tahap. Tahap awal menguji $\delta = 0,01$ sampai 0,57 dengan interval 0,01. Setelah $\delta = 0,01$ menghasilkan ASR terendah pada tahap awal, penyesuaian lanjutan dilakukan pada $\delta = 0,003$ sampai 0,009 dengan interval 0,001. Setiap kandidat dievaluasi berdasarkan keseimbangan terbaik antara nilai ASR minimum dan ukuran *bicluster*.

2.3. Algoritma Qualitative Biclustering (QUBIC)

Algoritma *Qualitative Biclustering* (QUBIC) mengidentifikasi *bicluster* berdasarkan kesamaan pola perubahan data, bukan berdasarkan besarnya nilai numerik secara langsung. Oleh karena itu, sebelum proses pembentukan *bicluster* dilakukan, data terlebih dahulu melalui tahap diskretisasi sehingga setiap nilai diubah menjadi representasi kualitatif yang menggambarkan kecenderungan meningkat, menurun, atau tetap. Secara operasional, untuk setiap provinsi (baris), 14 nilai produksi yang telah distandarisasi diurutkan. Nilai yang cukup menonjol pada bagian bawah dan atas distribusi baris diberi kode kualitatif bertanda negatif dan positif, sedangkan nilai di sekitar pusat baris diberi kode 0. Untuk membedakan nilai ekspresi yang terpengaruh, setiap baris i dari matriks data ekspresi asli dengan n baris dan m kolom, nilai ekspresinya diurutkan dalam urutan sebagai berikut [17]:

$$v_{i1} \dots v_{i,s-1} v_{is} \dots v_{i,c-1} v_{ic} v_{i,c+1} \dots v_{i,m-s+1} v_{i,m-s+2} \dots v_{im}, \quad (2)$$

dengan $c = m/2$ dan $s - 1 = mq$, di mana q merupakan parameter yang dapat dipilih. Objek i dianggap tidak berubah dalam kondisi j jika dan hanya jika nilai ekspresinya w_{ij} termasuk dalam interval $(v_{ic} - d_i, v_{ic} + d_i)$, dengan $d_i = \min\{v_{ic} - v_{is}, v_{i,m-s+1} - v_{ic}\}$. Konteks nilai ekspresi gen pada penelitian ini diadaptasi menjadi konteks peubah volume produksi perikanan budidaya.

Setelah proses diskretisasi, pembentukan *bicluster* dikendalikan oleh tiga parameter utama, yaitu r , q , dan c . Parameter r mengatur tingkat pengaruh data terhadap proses diskretisasi, parameter q menentukan proporsi minimum kondisi yang harus dipenuhi agar suatu pola dapat membentuk *bicluster*, sedangkan parameter c mengendalikan tingkat konsistensi pola di dalam *bicluster*. Kombinasi parameter yang diuji yaitu $r = 1, 3, 5$, dan 7; $q = 0,01, 0,03, 0,06, 0,10$, dan 0,20; serta $c = 0,95, 0,85$, dan 0,75. Kombinasi parameter optimum diperoleh melalui proses *manual tuning* dengan mempertimbangkan kualitas *bicluster* yang dihasilkan.

2.4. Evaluasi Kinerja Algoritma

Kinerja algoritma Cheng and Church dan QUBIC dievaluasi menggunakan ukuran *intra-bicluster* dan *inter-bicluster*. Evaluasi *intra-bicluster* dilakukan menggunakan *Average Squared Residue* (ASR) yang mengukur tingkat homogenitas keseluruhan *bicluster*. Semakin kecil nilai ASR menunjukkan bahwa anggota dalam *bicluster* memiliki karakteristik yang semakin seragam. Formula ASR dituliskan sebagai berikut [18, 19]:

$$ASR = \frac{1}{K} \left(\sum_{k=1}^K MSR_{(I_k, J_k)} \right), \quad (3)$$

dengan K merupakan jumlah *bicluster*, sedangkan I_k dan J_k masing-masing merupakan himpunan baris dan kolom pada *bicluster* ke- k .

Evaluasi *inter-bicluster* dilakukan menggunakan indeks Liu-Wang untuk mengukur tingkat kemiripan struktur keanggotaan antarhasil *biclustering*. Indeks ini membandingkan kesamaan baris dan kolom pada setiap pasangan *bicluster*. Semakin besar nilai indeks Liu-Wang menunjukkan bahwa struktur keanggotaan antar*bicluster* semakin mirip. Fungsi evaluasi *inter-bicluster* digunakan untuk melihat kemiripan dari masing-masing kelompok *bicluster* pada setiap kombinasi ambang batas, dapat diukur menggunakan indeks Liu & Wang sebagai berikut [20]:

$$I_{LW}(M_{opt}, M) = \frac{1}{K_{opt}} \sum_{i=1}^{K_{opt}} \max \left(\frac{|G_i \cap G_j| + |C_i \cap C_j|}{|G_i \cup G_j| + |C_i \cup C_j|} \right), \quad (4)$$

dengan

M_{opt} = kelompok *bicluster* dengan nilai rata-rata MSR per volume paling kecil,

M = kelompok *bicluster* lainnya,

K_{opt} = banyaknya *bicluster* yang ada pada M_{opt} ,

$|G_i \cap G_j|$ = banyaknya baris (G) pada M_{opt} yang beririsan dengan baris pada M ,

$|C_i \cap C_j|$ = banyaknya kolom (C) pada M_{opt} yang beririsan dengan kolom pada M ,

$|G_i \cup G_j|$ = banyaknya gabungan baris dari M_{opt} dan M ,

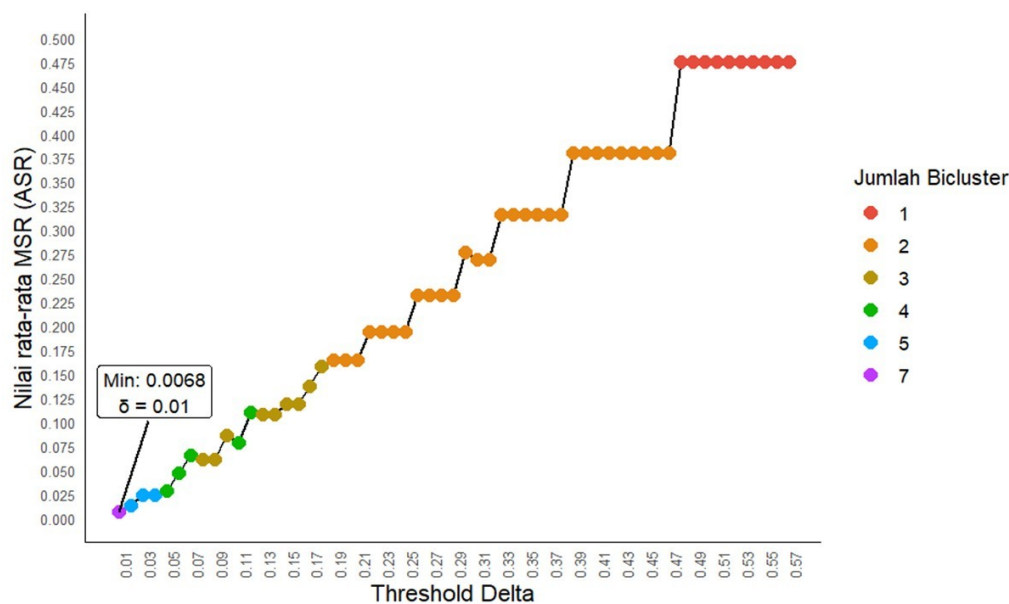
$|C_i \cup C_j|$ = banyaknya gabungan kolom dari M_{opt} dan M .

Indeks Liu & Wang yang semakin tinggi, akan menunjukkan antar*bicluster* yang terbentuk memiliki kemiripan karakteristik keanggotaan yang sama [21].

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Hasil Biclustering Menggunakan Algoritma Cheng and Church

Algoritma Cheng and Church (CC) diterapkan pada data produksi perikanan budidaya Indonesia tahun 2023 untuk mengidentifikasi kelompok provinsi dan komoditas yang memiliki pola produksi serupa. Sebelum proses pembentukan *bicluster* dilakukan, terlebih dahulu ditentukan nilai ambang (*threshold*) δ yang berfungsi sebagai batas maksimum *Mean Squared Residue* (MSR). Proses pembentukan *bicluster* diawali dengan menghitung nilai MSR pada matriks keseluruhan. Selanjutnya, dilakukan pengujian pada beberapa nilai ambang batas δ yang lebih rendah daripada nilai MSR tersebut untuk memperoleh *bicluster* dengan tingkat homogenitas



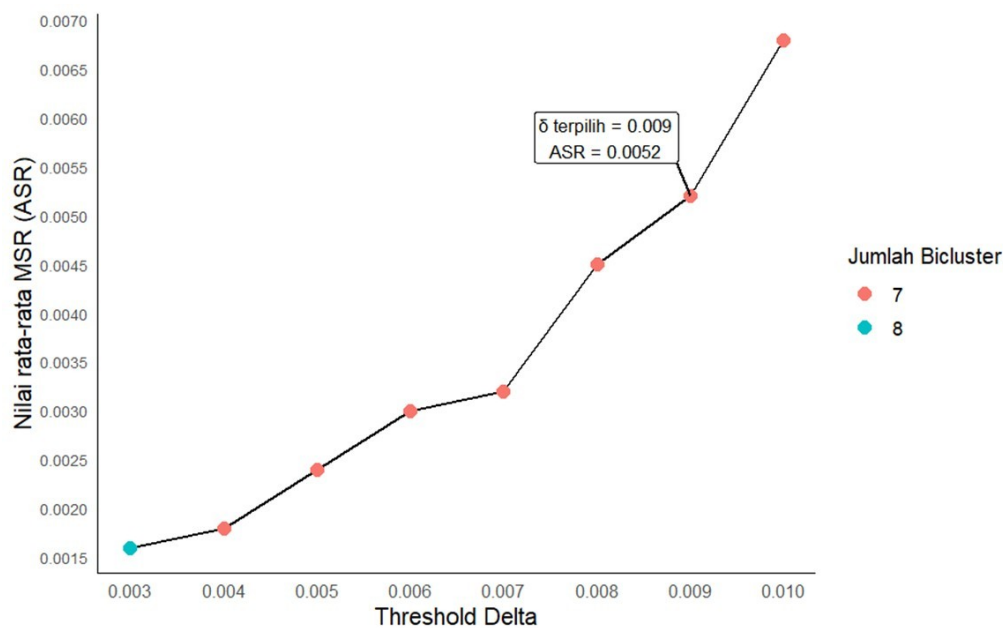
Gambar 1. Sebaran nilai ASR pengujian awal ambang batas δ .

yang lebih baik. Nilai δ diperoleh melalui proses *manual tuning* dengan mempertimbangkan perubahan nilai *Average Squared Residue* (ASR) serta struktur *bicluster* yang dihasilkan.

Hasil pengujian menunjukkan bahwa penurunan nilai δ berpengaruh terhadap kualitas *bicluster* yang dapat dilihat pada **Gambar 1**. Pengujian tahap awal pada rentang 0,01 hingga 0,57 dengan interval 0,01 memberikan hasil $\delta = 0,01$ sebagai kandidat terbaik karena menghasilkan nilai ASR terendah yaitu 0,0068. Selanjutnya, dilakukan pengujian lanjutan (*fine tuning*) pada nilai δ yang lebih kecil dari 0,01, yaitu 0,003 hingga 0,009 untuk mengevaluasi apakah nilai δ yang lebih kecil dapat memberikan kualitas *bicluster* yang lebih baik. Pengujian lanjutan pada rentang $\delta = 0,004$ – $0,009$ menunjukkan bahwa seluruh nilai tersebut menghasilkan tujuh *bicluster*, tetapi ukuran beberapa *bicluster* menjadi semakin kecil ketika nilai δ terus diturunkan pada **Gambar 2**. Kondisi tersebut mengindikasikan bahwa penurunan δ tidak selalu meningkatkan kualitas hasil penggerombolan karena informasi yang tercakup dalam setiap *bicluster* justru berkurang.

Selain mempertimbangkan ASR, stabilitas struktur *bicluster* juga dievaluasi menggunakan indeks Liu-Wang. Nilai indeks pada $\delta = 0,009$ menunjukkan struktur *bicluster* yang masih konsisten dibandingkan hasil pengujian sebelumnya, sedangkan perubahan struktur mulai terlihat pada nilai δ yang lebih kecil. Oleh karena itu, $\delta = 0,009$ dipilih sebagai parameter yang digunakan pada analisis selanjutnya karena memberikan keseimbangan antara homogenitas *bicluster*, ukuran *bicluster*, dan kestabilan struktur penggerombolan. Dengan parameter tersebut, algoritma CC menghasilkan tujuh *bicluster* yang mencakup sebagian besar provinsi dan komoditas perikanan budidaya yang dapat dilihat pada **Tabel 1**. Setiap provinsi hanya tergabung pada satu *bicluster*, sedangkan beberapa komoditas muncul pada lebih dari satu *bicluster*. Karakteristik ini menunjukkan bahwa, pada data produksi perikanan budidaya, algoritma CC membentuk kelompok yang bersifat eksklusif pada dimensi provinsi, tetapi tetap mampu mengidentifikasi komoditas yang memiliki keterkaitan pada lebih dari satu kelompok produksi.

Berdasarkan **Tabel 1**, penerapan ambang batas $\delta = 0,009$ menghasilkan 7 *bicluster* dengan keanggotaan provinsi dan komoditas penciri yang beragam. Secara keseluruhan, hasil *biclustering* algoritma CC mencakup 33 dari 34 provinsi sebagai anggota *bicluster*. Hasil ke-



Gambar 2. Sebaran nilai ASR pengujian lanjutan ambang batas δ .

Tabel 1. Keanggotaan *bicluster* algoritma CC.

<i>Bicluster</i>	Ukuran <i>Bicluster</i>	MSR	Keanggotaan Provinsi	Keanggotaan Peubah
1	12×11	0,0084	Bali, Banten, DKI Jakarta, Gorontalo, Jambi, Kalimantan Barat, Kepulauan Bangka Belitung, Maluku, Maluku Utara, Papua, Papua Barat, Sulawesi Barat	X1, X2, X3, X4, X5, X6, X7, X8, X9, X11, X14
2	5×6	0,0064	Aceh, Bengkulu, Daerah Istimewa Yogyakarta, Kalimantan Tengah, Riau	X1, X2, X4, X11, X13, X14
3	4×6	0,0012	Kalimantan Utara, Nusa Tenggara Timur, Sulawesi Tengah, Sulawesi Tenggara	X1, X7, X8, X9, X11, X13
4	4×6	0,0073	Lampung, Sulawesi Utara, Sumatera Barat, Sumatera Selatan	X1, X2, X4, X6, X12, X14
5	3×5	0,0076	Kalimantan Selatan, Kalimantan Timur, Kepulauan Riau	X1, X2, X7, X13, X14
6	3×4	0,0054	Nusa Tenggara Barat, Sulawesi Selatan, Sumatera Utara	X1, X10, X11, X13
7	2×2	0,0003	Jawa Barat, Jawa Tengah	X5, X14

anggotaan *bicluster* menunjukkan bahwa tidak terdapat tumpang tindih antarprovinsi, karena setiap provinsi tergerombolkan ke dalam tepat satu *bicluster*. Sebaliknya, terjadi tumpang tindih pada komoditas, yang menunjukkan beberapa komoditas budidaya dapat menjadi penciri bagi beberapa kelompok provinsi sekaligus.

Secara umum, hasil *biclustering* CC menghasilkan tujuh *bicluster* dengan karakteristik yang relatif berbeda. *Bicluster* 1 merupakan *bicluster* dengan jumlah anggota terbanyak. Keanggotaannya mencakup wilayah hampir dari seluruh gugus pulau di Indonesia dengan sebagian besar nilai komoditas berada pada kisaran rendah hingga sedang. *Bicluster* 2 dan 3 juga menunjukkan pola yang relatif seragam dengan kecenderungan nilai yang masih berada di bawah rata-rata. *Bicluster* 4 beranggotakan provinsi dari Sumatera dan Sulawesi dengan dominasi Sumatera, yang dapat dipahami sebagai kelompok provinsi dengan pola produksi yang relatif serupa pada kombinasi komoditas tertentu, tetapi masih berada pada kisaran rendah hingga sedang secara relatif.

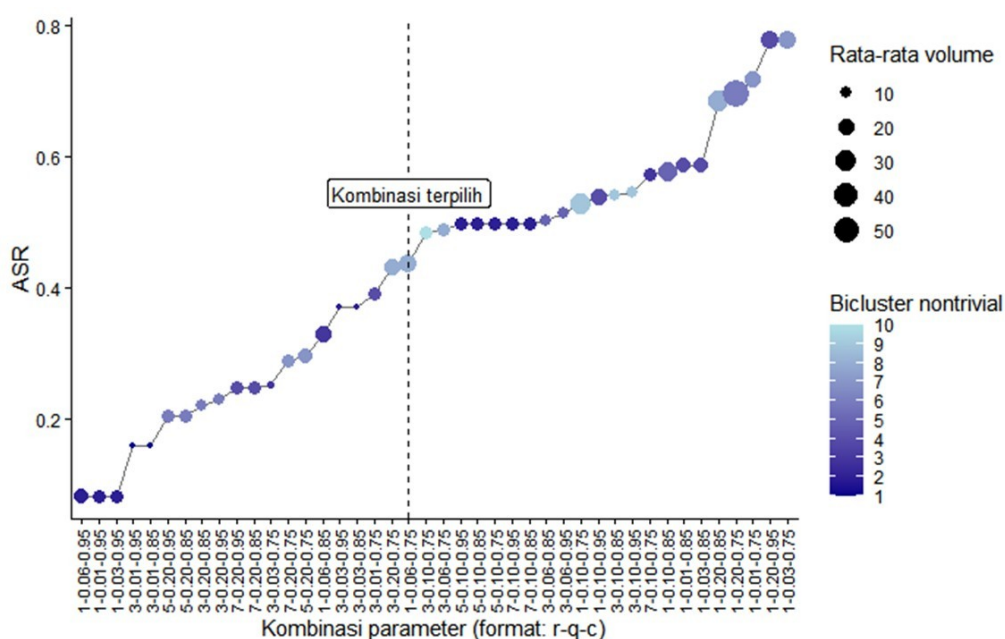
Bicluster 5 dan 6 menggambarkan pola lokal yang lebih spesifik pada kombinasi komodi-

tas tertentu, di mana kesamaan anggota *bicluster* tidak selalu ditentukan oleh tingkat produksi yang sama, melainkan oleh kemiripan pola pada subset komoditas yang menjadi penciri. *Bicluster 7* merupakan *bicluster* terkecil, namun memiliki karakteristik paling menonjol. *Bicluster* ini dapat diinterpretasikan sebagai kelompok provinsi dengan pola relatif lebih kuat pada kapak dan pembesaran, sehingga merepresentasikan pola lokal yang lebih khas dan lebih dekat dengan nilai di atas rata-rata. Secara keseluruhan, hasil *biclustering* CC menunjukkan bahwa sebagian besar provinsi memiliki pola produksi yang relatif homogen dengan tingkat produksi rendah hingga sedang, sementara beberapa kelompok kecil memperlihatkan pola lokal yang lebih khas pada komoditas tertentu.

3.2. Hasil Biclustering Menggunakan Algoritma QUBIC

Algoritma *Qualitative Biclustering* (QUBIC) diterapkan pada data produksi perikanan budidaya Indonesia tahun 2023 untuk mengidentifikasi pola produksi yang memiliki kecenderungan serupa pada kelompok provinsi dan komoditas tertentu. Berbeda dengan algoritma Cheng and Church, QUBIC membentuk *bicluster* berdasarkan pola kualitatif hasil proses diskretisasi sehingga pembentukan *bicluster* dipengaruhi oleh kombinasi parameter r , q , dan c . Parameter optimum diperoleh melalui serangkaian pengujian dengan mempertimbangkan jumlah *bicluster*, volume *bicluster*, serta nilai *Average Squared Residue* (ASR).

Pengujian parameter menunjukkan bahwa perubahan nilai r , q , dan c memberikan pengaruh terhadap karakteristik *bicluster* yang dihasilkan pada Gambar 3. Nilai parameter yang terlalu rendah menghasilkan cakupan *bicluster* yang lebih luas, tetapi tingkat homogenitasnya menurun. Sebaliknya, peningkatan nilai parameter menghasilkan *bicluster* yang lebih selektif sehingga jumlah anggota pada setiap *bicluster* menjadi lebih sedikit. Dalam penelitian ini, *bicluster* nontrivial didefinisikan sebagai *bicluster* yang memiliki ukuran minimal 2 baris dan 2 kolom. Kriteria ini digunakan untuk memastikan bahwa *bicluster* yang dihitung memiliki ukuran yang memadai untuk dianalisis. Oleh karena itu, parameter optimum dipilih pada kombinasi yang mampu mempertahankan keseimbangan antara ukuran *bicluster* dan tingkat homogenitas, tanpa mengurangi representasi pola produksi pada data. Berdasarkan hasil pengujian, kombinasi parameter optimum QUBIC yang dipilih adalah $r = 1$, $q = 0,06$, dan $c = 0,75$.



Gambar 3. ASR kombinasi penyesuaian parameter r-q-c.

Berdasarkan kombinasi parameter optimum tersebut, algoritma QUBIC menghasilkan delapan *bicluster* dengan ukuran yang bervariasi yang dapat dilihat pada Tabel 2. Jumlah *bicluster* yang dihasilkan lebih banyak dibandingkan algoritma Cheng and Church, menunjukkan bahwa QUBIC mampu memisahkan data ke dalam kelompok yang lebih spesifik. Selain itu, beberapa provinsi maupun komoditas muncul pada lebih dari satu *bicluster*. Karakteristik tersebut merupakan konsekuensi dari mekanisme *overlapping* yang diterapkan oleh QUBIC, sehingga satu objek dapat merepresentasikan lebih dari satu pola produksi apabila memiliki karakteristik yang serupa dengan kelompok lain.

Tabel 2. Keanggotaan hasil *biclustering* QUBIC.

<i>Bicluster</i>	Ukuran <i>Bicluster</i>	MSR	Keanggotaan Provinsi	Keanggotaan Peubah
1	12×3	1,1497	Aceh, Gorontalo, Jambi, Kalimantan Barat, Kalimantan Selatan, Kalimantan Tengah, Nusa Tenggara Barat, Riau, Sulawesi Barat, Sulawesi Selatan, Sulawesi Tenggara, Sumatera Selatan	X3, X6, X10
2	6×4	0,0637	Kalimantan Utara, Maluku, Maluku Utara, Nusa Tenggara Barat, Sulawesi Tengah, Sulawesi Tenggara	X2, X4, X8, X14
3	11×2	0,8218	Aceh, Jambi, Kalimantan Barat, Kalimantan Selatan, Kalimantan Tengah, Kalimantan Timur, Nusa Tenggara Barat, Papua Barat, Riau, Sulawesi Barat, Sulawesi Selatan	X3, X10
4	7×3	0,3093	Bengkulu, Daerah Istimewa Yogyakarta, Jawa Tengah, Sulawesi Tenggara, Sumatera Barat, Sumatera Selatan, Sumatera Utara	X6, X8, X9
5	10×2	0,5487	Bali, DKI Jakarta, Kalimantan Utara, Kepulauan Bangka Belitung, Kepulauan Riau, Maluku, Maluku Utara, Papua, Sulawesi Tengah, Sulawesi Tenggara	X4, X8
6	10×2	0,0035	Kalimantan Utara, Maluku, Maluku Utara, Nusa Tenggara Barat, Nusa Tenggara Timur, Papua, Sulawesi Selatan, Sulawesi Tengah, Sulawesi Tenggara, Sulawesi Utara	X2, X14
7	5×3	0,4251	Aceh, Kalimantan Selatan, Sulawesi Barat, Sulawesi Selatan, Sulawesi Tenggara	X3, X5, X6
8	7×2	0,1659	Bengkulu, Daerah Istimewa Yogyakarta, Jawa Tengah, Lampung, Sumatera Barat, Sumatera Selatan, Sumatera Utara	X8, X9

Berdasarkan Tabel 2, kombinasi parameter $r = 1$, $q = 0,06$, dan $c = 0,75$ menghasilkan 8 *bicluster* yang mencakup 31 dari 34 provinsi. Setiap *bicluster* merepresentasikan kelompok provinsi dengan kemiripan pola produksi pada komoditas tertentu sebagai komoditas pencari. Berbeda dengan CC yang hanya memiliki tumpang tindih pada peubah, QUBIC menunjukkan tumpang tindih pada provinsi dan peubah, sehingga suatu provinsi dapat tergabung dalam lebih dari satu *bicluster*.

Bicluster 1 merupakan kelompok terbesar pada udang, bandeng, dan patin. *Bicluster* 3 merupakan pola yang lebih sempit pada udang dan patin serta berbagi banyak provinsi dengan *Bicluster* 1. *Bicluster* 7 juga berkaitan dengan pola udang dan bandeng, tetapi menambahkan kakap dan hanya mencakup lima provinsi. Ketiga *bicluster* tersebut menunjukkan bahwa komoditas udang dapat berasosiasi dengan *subset* komoditas dan kelompok provinsi yang berbeda. *Bicluster* 2, 5 dan 6 juga membentuk pola tumpang tindih. Keanggotaan provinsi yang tumpang tindih yaitu Kalimantan Utara, Maluku, Maluku Utara, Sulawesi Tengah dan Sulawesi Tenggara. *Bicluster* 5 dicirikan oleh komoditas kerapu dan nila, *bicluster* 6 dicirikan oleh rumput laut dan pembesaran, sedangkan *bicluster* 2 menggabungkan komoditas pencari pada kedua *bicluster*

tersebut.

Sementara itu, *bicluster* 4 dan 8 juga memiliki kesamaan pada komoditas penciri dan sebagian anggota provinsi. Kedua *bicluster* tersebut didominasi oleh provinsi-provinsi di Sumatera dan Jawa dengan nila dan lele sebagai komoditas pencirinya. Secara keseluruhan, hasil *bicluster* algoritma QUBIC menunjukkan adanya tumpang tindih pada provinsi maupun komoditas penciri. Hal ini mengindikasikan bahwa suatu provinsi dapat tergabung ke dalam lebih dari satu *bicluster* dan suatu komoditas dapat menjadi penciri bagi beberapa *bicluster* sekaligus.

3.3. Evaluasi Komparatif Kinerja Algoritma Cheng and Church dan QUBIC

Evaluasi kinerja algoritma dilakukan dengan membandingkan hasil *biclustering* yang diperoleh menggunakan algoritma Cheng and Church (CC) dan *Qualitative Biclustering* (QUBIC). Perbandingan dilakukan melalui ukuran *intra-bicluster* dan *inter-bicluster*. Ukuran *intra-bicluster* dievaluasi menggunakan *Mean Squared Residue* (MSR) dan *Average Squared Residue* (ASR), sedangkan ukuran *inter-bicluster* dinilai menggunakan indeks Liu-Wang. Ketiga ukuran tersebut digunakan untuk melihat tingkat homogenitas *bicluster* sekaligus membandingkan struktur hasil penggerombolan yang dibentuk oleh kedua algoritma.

Hasil evaluasi menunjukkan bahwa algoritma CC menghasilkan nilai ASR sebesar 0,0052, sedangkan algoritma QUBIC menghasilkan ASR sebesar 0,4360. Nilai ASR yang lebih kecil menunjukkan bahwa variasi data di dalam *bicluster* semakin rendah sehingga anggota *bicluster* memiliki karakteristik yang lebih homogen. Dengan demikian, berdasarkan ukuran ASR, algoritma CC menghasilkan *bicluster* yang lebih homogen dibandingkan QUBIC pada data produksi perikanan budidaya tahun 2023.

Perbandingan nilai MSR pada setiap *bicluster* memperlihatkan pola yang serupa. Seluruh *bicluster* hasil algoritma CC memiliki nilai MSR yang rendah dan berada pada kisaran 0,0003–0,0084, sedangkan nilai MSR pada algoritma QUBIC bervariasi lebih lebar, yaitu 0,0035–1,1497. Variasi tersebut menunjukkan bahwa homogenitas numerik hasil CC relatif lebih konsisten dibandingkan QUBIC.

Perbedaan karakteristik kedua algoritma juga terlihat dari struktur *bicluster* yang dihasilkan. Algoritma CC membentuk tujuh *bicluster*, sedangkan QUBIC menghasilkan delapan *bicluster*. QUBIC menghasilkan jumlah *bicluster* yang lebih banyak dibandingkan CC, sedangkan CC menghasilkan *bicluster* dengan tingkat homogenitas yang lebih tinggi. Hasil ini menunjukkan bahwa kedua algoritma memiliki karakteristik yang berbeda dalam membentuk *bicluster*.

Dilihat dari cakupan data, algoritma CC mampu mengelompokkan 33 provinsi, sedangkan QUBIC mencakup 31 provinsi. Pada algoritma CC, provinsi yang tidak tercakup dalam *bicluster* yaitu Jawa Timur, sedangkan pada QUBIC antara lain yaitu Banten, Jawa Barat dan Jawa Timur. Ketidakkakupan provinsi-provinsi ini di dalam *bicluster* hasil algoritma CC maupun QUBIC memberikan indikasi pola provinsi tersebut yang tidak memenuhi kriteria konsistensi pada *bicluster* yang terbentuk. Dengan kata lain, pola produksi provinsi-provinsi yang tidak tercakup ini cenderung dinilai memiliki karakteristik khusus atau berbeda dibandingkan pola *bicluster* yang terbentuk. Perbedaan cakupan tersebut menunjukkan bahwa kedua algoritma mampu mengidentifikasi pola produksi pada sebagian besar provinsi di Indonesia, meskipun cakupan hasil CC sedikit lebih luas. Selain itu, struktur keanggotaan *bicluster* yang dihasilkan kedua algoritma juga berbeda. Pada algoritma CC, setiap provinsi hanya menjadi anggota satu *bicluster* sehingga struktur pengelompokan bersifat eksklusif. Sebaliknya, algoritma QUBIC memungkinkan suatu provinsi maupun komoditas muncul pada lebih dari satu *bicluster* melalui mekanisme *overlapping*. Karakteristik ini memungkinkan QUBIC mengidentifikasi pola lokal yang saling beririsan, terutama ketika suatu provinsi memiliki kemiripan pola produksi

pada lebih dari satu kelompok komoditas.

Evaluasi *inter-bicluster* menggunakan indeks Liu-Wang menghasilkan nilai 0,1951. Nilai tersebut menunjukkan bahwa struktur keanggotaan *bicluster* yang dihasilkan CC dan QUBIC memiliki tingkat kemiripan yang relatif rendah. Dengan kata lain, meskipun kedua algoritma diterapkan pada data yang sama, pola penggerombolan yang dihasilkan berbeda.

Secara keseluruhan, hasil evaluasi menunjukkan bahwa tidak terdapat algoritma yang unggul pada seluruh aspek. Algoritma CC memberikan performa yang lebih baik dalam menghasilkan *bicluster* dengan homogenitas numerik yang tinggi, sebagaimana ditunjukkan oleh nilai ASR dan MSR yang lebih rendah. Sebaliknya, QUBIC menghasilkan jumlah *bicluster* yang lebih banyak dan memungkinkan adanya *overlapping* antarkeanggotaan, sehingga lebih mampu merepresentasikan pola lokal yang kompleks. Dengan demikian, pemilihan algoritma tidak hanya ditentukan oleh nilai homogenitas *bicluster*, tetapi juga perlu mempertimbangkan tujuan analisis serta karakteristik pola yang ingin diidentifikasi pada data produksi perikanan budidaya.

4. Kesimpulan

Evaluasi terhadap algoritma Cheng and Church (CC) dan *Qualitative Biclustering* (QUBIC) pada data produksi perikanan budidaya Indonesia tahun 2023 menunjukkan bahwa kedua algoritma memiliki karakteristik yang berbeda dalam membentuk *bicluster*. Algoritma CC menghasilkan *bicluster* dengan tingkat homogenitas numerik yang lebih tinggi, sebagaimana ditunjukkan oleh nilai ASR dan MSR yang lebih rendah dibandingkan QUBIC. Sebaliknya, algoritma QUBIC menghasilkan jumlah *bicluster* yang lebih banyak serta memungkinkan terjadinya *overlapping* antaranggota *bicluster*, sehingga mampu merepresentasikan pola produksi yang saling beririsan. Evaluasi menggunakan indeks Liu-Wang menunjukkan bahwa struktur *bicluster* yang dihasilkan kedua algoritma memiliki tingkat kemiripan yang rendah. Temuan ini mengindikasikan bahwa perbedaan mekanisme pembentukan *bicluster* pada masing-masing algoritma menghasilkan struktur pengelompokan yang berbeda meskipun diterapkan pada data yang sama.

Kontribusi Penulis. Dewi Zulyani Pomalingo: Validasi, investigasi, kurasi data, visualisasi, penulisan—persiapan draf asli, Muhammad Nur Aidi: Validasi, Konseptualisasi, metodologi, analisis formal, supervisi, Kusman Sadik: Konseptualisasi, supervisi, penulisan—tinjauan dan penyuntingan.

Ucapan Terima Kasih. Penulis mengucapkan terima kasih kepada IPB University dan Program Studi Statistika dan Sains Data atas dukungan akademik, serta Kementerian Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia atas ketersediaan data yang digunakan dalam penelitian ini. Penulis juga menyampaikan apresiasi kepada editor dan reviewer atas masukan serta dukungannya dalam proses perbaikan karya ini.

Pembiayaan. Penelitian ini tidak menerima pendanaan eksternal.

Konflik Kepentingan. Para penulis menyatakan tidak ada konflik kepentingan yang terkait dengan artikel ini.

Ketersediaan Data. Data yang digunakan dalam penelitian ini tersedia untuk publik dan dapat diakses melalui <https://portaldata.kkp.go.id/portals/data-statistik/prod-ikan/tbl-statis>.

Referensi

- [1] A. N. Rohman, Erfiani, and M. N. Aidi, "Clustering province in Indonesia by communication technology related variables," *Forum Statistika dan Komputasi: Indonesian Journal of Statistics*, vol. 20, no. 2, pp. 53–59, 2015.
- [2] R. A. Indraputra and R. Fitriana, "K-means clustering data COVID-19," *Jurnal Teknik Industri*, vol. 10, no. 3, pp. 275–282, 2020, doi:[10.25105/jti.v10i3.8428](https://doi.org/10.25105/jti.v10i3.8428).
- [3] C. Wulandari, "Evaluasi hasil analisis bicluster provinsi dan potensi perikanan tangkap di Indonesia antara algoritme BCBimax dan ISA," Tesis, Institut Pertanian Bogor, Bogor, Indonesia, 2023.
- [4] H. Izzati, Indahwati, and A. Djuraidah, "BCBimax biclustering algorithm with mixed-type data," *Juita: Jurnal Informatika*, vol. 12, no. 1, pp. 131–139, 2024, doi:[10.30595/juita.v12i1.21519](https://doi.org/10.30595/juita.v12i1.21519).
- [5] S. C. Madeira and A. L. Oliveira, "Biclustering algorithms for biological data analysis: a survey," *Ieee/Acm Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, vol. 1, no. 1, pp. 24–45, 2004, doi:[10.1109/TCBB.2004.2](https://doi.org/10.1109/TCBB.2004.2).
- [6] E. N. Castanho, H. Aidos, and S. C. Madeira, "Biclustering data analysis: a comprehensive survey," *Briefings in Bioinformatics*, vol. 25, no. 4, p. bbae342, 07 2024, doi:[10.1093/bib/bbae342](https://doi.org/10.1093/bib/bbae342).
- [7] M. N. Aidi *et al.*, "Province clustering based on the percentage of communicable disease using the BCBimax biclustering algorithm," *Geospatial Health*, vol. 18, no. 2, 2023, doi:[10.4081/gh.2023.1202](https://doi.org/10.4081/gh.2023.1202).
- [8] S. Gremalschi, G. Altun, I. Astrovskaya, and A. Zelikovsky, "Mean square residue biclustering with missing data and row inversions," in *Bioinformatics Research and Applications*, I. Mandoiu, G. Narasimhan, and Y. Zhang, Eds. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2009, pp. 28–39, doi:[10.1007/978-3-642-01551-9_4](https://doi.org/10.1007/978-3-642-01551-9_4).
- [9] L. Marifni, I. M. Sumertajaya, and U. D. Syafitri, "Bicluster analysis of cheng and church's algorithm to identify patterns of people's welfare in Indonesia," *JUITA: Jurnal Informatika*, vol. 11, no. 2, pp. 261–270, 2023, doi:[10.30595/juita.v11i2.17446](https://doi.org/10.30595/juita.v11i2.17446).
- [10] S. Baehera, U. D. Syafitri, and A. M. Soleh, "Evaluasi perbandingan kinerja algoritma cheng and church biclustering terhadap algoritma clustering klasik K-Means untuk mengidentifikasi pola distribusi barang ekspor Indonesia," *Jurnal Statistika dan Aplikasinya*, vol. 7, no. 2, pp. 149–161, 2023, doi:[10.21009/JSA.07204](https://doi.org/10.21009/JSA.07204).
- [11] W. Saelens, R. Cannoodt, and Y. Saeys, "A comprehensive evaluation of module detection methods for gene expression data," *Nature Communications*, vol. 9, no. 1, p. 1090, 2018, doi:[10.1038/s41467-018-03424-4](https://doi.org/10.1038/s41467-018-03424-4).
- [12] K. Eren, M. Deveci, O. Küçüktunç, and Ü. V. Çatalyürek, "A comparative analysis of biclustering algorithms for gene expression data," *Briefings in Bioinformatics*, vol. 14, no. 3, pp. 279–292, 05 2013, doi:[10.1093/bib/bbs032](https://doi.org/10.1093/bib/bbs032).
- [13] W. D. R. A. Ndangi, R. Resmawan, and I. Djakaria, "Perbandingan analisis diskriminan dan regresi logistik multinomial," *Jambura Journal of Mathematics*, vol. 1, no. 2, pp. 54–63, 2019, doi:[10.34312/jjom.v1i2.2100](https://doi.org/10.34312/jjom.v1i2.2100).
- [14] I. K. Hasan, R. Resmawan, and J. Ibrahim, "Perbandingan K-Nearest Neighbor dan Random Forest dengan seleksi fitur Information Gain untuk klasifikasi lama studi mahasiswa," *Indonesian Journal of Applied Statistics*, vol. 5, no. 1, pp. 58–66, 2022, doi:[10.13057/ijas.v5i1.58056](https://doi.org/10.13057/ijas.v5i1.58056).
- [15] Y. Cheng and G. M. Church, "Biclustering of expression data," in *Proceedings of the Eighth International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology*, ser. ISMB '00. AAAI Press, 2000, pp. 93–103.
- [16] B. Pontes, R. Giráldez, and J. S. Aguilar-Ruiz, "Biclustering on expression data: A review," *Journal of Biomedical Informatics*, vol. 57, pp. 163–180, 2015, doi:[10.1016/j.jbi.2015.06.028](https://doi.org/10.1016/j.jbi.2015.06.028).
- [17] G. Li, Q. Ma, H. Tang, A. H. Paterson, and Y. Xu, "Qubic: a qualitative biclustering algorithm for analyses of gene expression data," *Nucleic Acids Research*, vol. 37, no. 15, pp. e101–e101, 08 2009, doi:[10.1093/nar/gkp491](https://doi.org/10.1093/nar/gkp491).
- [18] J. Yang, W. Wang, H. Wang, and P. Yu, "/spl delta/-clusters: capturing subspace correlation in a large data set," in *Proceedings 18th International Conference on Data Engineering*, 2002, pp. 517–528, doi:[10.1109/ICDE.2002.994771](https://doi.org/10.1109/ICDE.2002.994771).
- [19] Y. Lee, J.-H. Lee, and C.-H. Jun, "Validation measures of bicluster solutions," *Industrial Engineering & Management Systems*, vol. 8, no. 2, pp. 101–108, 2009, doi:[10.7232/iems.2009.8.2.101](https://doi.org/10.7232/iems.2009.8.2.101).
- [20] X. Liu and L. Wang, "Computing the maximum similarity bi-clusters of gene expression data," *Bioinformatics*, vol. 23, no. 1, pp. 50–56, 01 2007, doi:[10.1093/bioinformatics/btl560](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl560).
- [21] C. Wulandari, I. M. Sumertajaya, and M. N. Aidi, "Evaluation of bicluster analysis results in capture fisheries using the BCBimax algorithm," *Juita: Jurnal Informatika*, vol. 11, no. 1, pp. 57–66, 2023, doi:[10.30595/juita.v11i1.15457](https://doi.org/10.30595/juita.v11i1.15457).