

Penerapan agglomerative clustering untuk menganalisa kekerabatan bakteri pada air liur = Application of agglomerative clustering for analyzing phylogenetically on bacterium of saliva / Iing Fitria

Iing Fitria, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20350306&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Menganalisis populasi bakteri Streptococcus adalah penting karena spesies ini dapat menyebabkan karies gigi, periodental (plak), halitosis (bau mulut) dan masih banyak lagi masalah yang dapat ditimbulkan. Dalam tesis ini akan dibahas hubungan kekerabatan antara bakteri Streptococcus pada air liur dengan menggunakan pohon filogenetik dari metode agglomerative clustering. Dimulai dengan adanya barisan DNA bakteri Streptococcus yang diambil dari pangkalan data gen (GenBank) yang akan disejajarkan, proses pensejajaran yang dilakukan menggunakan Algoritma Needleman-Wuncsh untuk pensejajaran global. Hasil pensejajaran tersebut berupa skor optimal yang merupakan jarak antara dua barisan DNA bakteri Streptococcus. Skor-skor optimal dikumpulkan dalam satu matriks kemudian membuat pohon filogenetik dengan metode agglomerative clustering yang terdiri atas teknik single linkage, complete linkage dan average linkage. Pada setiap teknik, banyaknya kelompok sama dengan banyaknya individu spesies. Spesies yang paling mirip dikelompokkan sampai akhirnya kemiripan berkurang maka terbentuk kelompok tunggal. Hasil dari pengelompokan berupa pohon filogenetik dan cabang-cabang yang bergabung merupakan tingkatan jarak yang terbentuk. Semakin kecil jarak, maka semakin besar kemiripan spesies serta mengimplementasikannya dengan menggunakan perangkat lunak berbasis open source (Oktave).

<hr>

ABSTRACT

Analyzing population of Streptococcus bacteria is important because these spesies can cause dental caries, periodontal, halitosis (bad breath) and more problems. This paper will discuss the phylogenetically relation between the bacterium Streptococcus in saliva using a phylogenetic tree of agglomerative clustering methods. Starting with the bacterium Streptococcus DNA sequence obtained from the GenBank to be aligned, the alignment is performed using the Needleman-Wuncsh Algorithm for global alignment. The alignment results in the optimal score or the distance between DNA sequence of the bacterium Streptococcus one another. Optimal scores collected in a single matrix. Agglomerative clustering technique consisting of single linkage, complete linkage and average linkage. In this technique the number of group sequel to the number of individual species. The most similar species is grouped until the similarity decreases and then formed a single group. Results of grouping is a phylogenetic tree and branches that join an established level of distance, that the smaller distance the more the similarity of the larger spesies implementation is using the Octave, an open source program.