

Metode pencarian segmen pendek untuk merepresentasikan barisan genom deng 4 pada analisis filogenetika dengan metode maximum likelihood = Short segment search method to represent deng 4 genome sequences for phylogenetic analysis by maximum likelihood method

Afif Akbar Iskandar, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20403149&lokasi=lokal>

Abstrak

Dalam Bioinformatika, untuk menganalisis hubungan kekerabatan atau filogenetika, dibutuhkan segmen CDS untuk keakuratan yang maksimal. Namun, analisis dengan menggunakan CDS membutuhkan biaya yang mahal dan waktu yang lama, sehingga dibutuhkan segmen pendek namun representatif dengan CDS yaitu segmen protein envelope atau NS3. Setelah dilakukan metode nested sliding window, ternyata dapat ditemukan segmen pendek yang lebih baik dalam segi topologi dari segmen protein envelope maupun NS3. Pada skripsi ini akan dibahas metode matematika untuk menganalisis sekuen dengan menggunakan nested sliding window untuk mencari segmen pendek yang representatif untuk keseluruhan Genom.

.....

In order to analyze phylogenetics in Bioinformatics, CDS segment is needed for maximal accuracy. However, analysis by CDS cost a lot of time and money, so a representative short segment by CDS, which is envelope protein segment or NS3 is necessary. After sliding window is implemented, a better short segment than envelope protein segment and NS3 is found. This paper will discuss a mathematical method to analyze sequences using nested sliding window to find a short segment which is representative for whole genome.