

Implementasi hierarchical clustering menggunakan k-mer sparse matrix untuk menganalisis kekerabatan virus mers-cov = Implementation of hierarchical clustering using k-mer sparse matrix to analyze mers-cov genetic relationship / Eryawan Deise Ulul

Eryawan Deise Ulul, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20415566&lokasi=lokal>

Abstrak

[ABSTRAK

Hierarchical clustering merupakan metode yang efektif dalam membentuk pohon filogenetik dengan mengetahui matriks jarak antar barisan DNA. Salah satu cara untuk membuat matriks jarak yaitu dengan cara menggunakan metode -mer. Kelebihan dari metode -mer yaitu lebih efisien dalam segi waktu. Langkahlangkah dalam membuat matriks jarak dengan metode -mer dimulai dengan membentuk -mer sparse matrix dari masing barisan DNA. Selanjutnya, membentuk -mer singular value vector. Pada tahap akhir yaitu menghitung jarak antar vektor. Pada tesis ini akan dilakukan analisis terhadap barisan DNA MERSCoV dengan mengimplementasi Hierarchical clustering menggunakan -mers sparse matrix sehingga dapat diketahui leluhur dari masing-masing barisan DNA MERS-CoV.

<hr>

ABSTRACT

Hierarchical clustering is an effective method in creating phylogenetic by knowing the distance matrix between DNA sequence. One of methods to make the distance matrix use -mer method. -mer is more efficient than others. The steps to make distance matrix using -mer method starts from creating -mer sparse matrix. Then, creating -mer singular value vector. The last steps is counting distance each vectors. This thesis will analyze the sequence of DNA MERS-CoV by implementing Hierarchical clustering using k-mers sparse matrix so that will be known the ancestor of each sequence of DNA MERS-CoV., Hierarchical clustering is an effective method in creating phylogenetic by knowing the distance matrix between DNA sequence. One of methods to make the distance matrix use -mer method. -mer is more efficient than others. The steps to make distance matrix using -mer method starts from creating -mer sparse matrix. Then, creating -mer singular value vector. The last steps is counting distance each vectors. This thesis will analyze the sequence of DNA MERS-CoV by implementing Hierarchical clustering using k-mers sparse matrix so that will be known the ancestor of each sequence of DNA MERS-CoV.]