

# Implementasi algoritma similarity based biclustering dengan menggunakan pam clustering pada data ekspresi gen microarray = Implementation of similarity based biclustering algorithm using pam clustering from microarray gene expression data

Fahrezal Zubedi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20467560&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Pada penelitian ini mengimplementasikan algoritma Similarity Based Biclustering dengan menggunakan PAM clustering pada tiga dataset ekspresi gen microarray. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui ekspresi regulasi dari masing-masing bicluster yang diperoleh dan mengetahui kinerja algoritma Similarity Based Biclustering-PAM clustering berdasarkan hasil analisis kelompok kondisi. Similarity based biclustering-PAM clustering secara teoritis terdiri dari empat tahap utama yaitu: mentransformasi data, membangun matriks similaritas, proses clustering khususnya dalam tesis ini menggunakan metode partisi PAM dan mengekstrak bicluster. Algoritma similarity based biclustering-PAM clustering dapat mengetahui ekspresi regulasi dari tiap bicluster pada tiga dataset yaitu: Diabetes Melitus tipe II, Diabetes Retinopati, dan Limfoma. Akurasi yang diperoleh dari algoritma Similarity Based Biclustering untuk masing-masing dataset yaitu Diabetes Melitus tipe II sebesar 0.55, Diabetes Retinopati sebesar 0.80 dan Limfoma sebesar 0.83.

.....

In this research implements Similarity Based Biclustering algorithm by using PAM Clustering method in three dataset of microarray gene expression. Aim of this research is to know the regulated expression of each obtained bicluster and to know the performance of Similarity Based Biclustering PAM Clustering algorithm based on the result of group condition analysis. Similarity Based Biclustering is theoretically composed of four main stages transforming data, constructing matrix similarity, clustering process, especially in this thesis using PAM partition algorithm and extracting bicluster. Similarity Based Biclustering PAM is able to know the regulatory expression of each bicluster in three datasets Diabetes Mellitus type 2, Diabetes Retinopathy, and Lymphoma. Accuracy obtained from Similarity Based Biclustering algorithm for each dataset is 0.55 in data of type 2 diabetes mellitus, 0.80 in diabetic retinopathy data and 0.83 in lymphoma data.