

Penerapan komputasi paralel pada algoritma firefly regularized markov clustering untuk menganalisis jaringan interaksi protein = Application of parallel computing on firefly regularized markov clustering algorithm for analyzing protein interaction networks

Vira Yustia Nurazmi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20467564&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Algoritma Regularized Markov Clustering RMCL adalah suatu metode graf clustering yang merupakan pengembangan dari Markov Clustering MCL . Algoritma RMCL masih memiliki kelemahan pada parameter penggelembungan yang biasanya selalu diinputkan oleh pengguna untuk mendapatkan hasil clustering yang baik. Pada penelitian ini, RMCL digabungkan dengan algoritma Firefly untuk menganalisis jaringan interaksi protein yang disebut algoritma Firefly Regularized Markov Clustering FRMCL . Algoritma Firefly merupakan algoritma yang terinspirasi dari perilaku kunang-kunang dalam mencari koloninya. Implementasi algoritma FRMCL dilakukan pada data jaringan interaksi protein HIV-1 dan Human Herpesvirus 1. Data yang digunakan direpresentasikan ke dalam sebuah graf tak-berarah . Selanjutnya, posisi kunang-kunang pada algoritma firefly akan berperan sebagai parameter penggelembungan. Setiap firefly akan melakukan proses RMCL, sehingga diperoleh beberapa hasil RMCL dengan parameter berbeda. Setiap proses RMCL memberikan nilai global chaos, yang dipilih adalah global chaos minimum yang akan dijadikan best firefly, kemudian akan dilakukan proses perhitungan kembali. Posisi firefly baru ini selanjutnya bertindak sebagai parameter penggelembungan yang baru dan dilakukan proses FRMCL berlanjut hingga diperoleh cluster terbaik. Komputasi paralel akan digunakan saat setiap firefly menjalankan proses FRMCL dengan bahasa pemrograman OpenMP. Berdasarkan hasil simulasi yang dilakukan, diperoleh 14 cluster untuk data Human Herpesvirus 1 dan 4 cluster untuk data HIV-1. Sedangkan proses paralel yang dilakukan pada kedua data PPI tersebut diperoleh running time dan speed up yang menunjukkan komputasi paralel menggunakan 8 thread diperoleh 3,66x dan 4,51x lebih cepat dibandingkan dengan komputasi sekuensial.

<hr />

ABSTRACT

Regularized Markov Clustering RMCL algorithm is a clustering graph method which is the development of Markov Clustering MCL . The RMCL algorithm still has weaknesses on inflate parameters that are usually always input by the user to get best clustering results. In this research, RMCL combined with the Firefly algorithm to analyze a protein interaction network called the Firefly Regularized Markov Clustering FRMCL algorithm. The Firefly algorithm is an algorithm that is inspired by the behavior of fireflies looking for their colonies. Implementation of the FRMCL algorithm was carried out on the data network of HIV 1 protein interactions and Human Herpesvirus 1. The data used to be represented in an undirected graph G. Then, firefly position on the firefly algorithm will act as an inflate parameter. Every firefly will perform the RMCL process, and then obtained some RMCL results with different parameters. Each RMCL process give generated from global chaos, which will be selected minimum global chaos which will be the best firefly, it will be processed back again. This new firefly position will act as a new inflate parameter and perform the FRMCL process until to produce the best clusters. Parallel computations will be used when each firefly runs

the FRMCL process with the programming language using OpenMP. Based on the results of the simulation, 14 clusters are obtained for Human Herpesvirus 1 and 4 cluster data for HIV 1 data. The parallel processing performed on both PPI data is due to running time and speed shows 3,66x and 4,51x parallel computing using 8 thread which faster than sequential computing.