

Pendekatan Optimisasi Multi-Objective Evolutionary Algorithm dengan Menerapkan Transposed Virtual Error dalam Membangun Tricluster pada Data Ekspresi Gen Human Immunodeficiency Virus-1 = Multi-objective Evolutionary Algorithm Optimization Approach by Applying Transposed Virtual Error in Building Tricluster on Human Immunodeficiency Virus-1 Gene Expression Data

Moh. Abdul Latief, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20509869&lokasi=lokal>

Abstrak

Human Immunodeficiency Virus-1 (HIV-1) merupakan virus yang merusak sel CD4⁺ dalam imun tubuh sehingga menyebabkan sistem kekebalan tubuh menurun drastis. Analisis data ekspresi gen HIV-1 sangat dibutuhkan. Teknologi yang digunakan untuk menganalisis data ekspresi gen yaitu *microarray*. Teknologi *microarray* digunakan untuk mengukur nilai ekspresi dari ribuan gen diberbagai macam kondisi. *Clustering* merupakan teknik untuk mempelajari pola data ekspresi gen kelompok observasi yang memiliki kemiripan berdasarkan kriteria tertentu. *Clustering* menemukan kelompok observasi pada semua atribut. Untuk menemukan kelompok observasi pada beberapa atribut digunakan analisis *biclustering*. Dalam data ekspresi gen *series* yang dibentuk dalam tiga dimensi, analisis yang digunakan adalah *triclustering*. Pendekatan yang dilakukan dalam membangun *triclustering* yaitu pendekatan *biclustering* melalui teknik pencarian *bicluster* menggunakan *Multi-Objective Evolutionary Algorithm* (MOEA). Metode evaluasi yang digunakan MOEA adalah *Mean Square Residue* (MSR) dan kebaruan dalam penelitian ini adalah memodifikasi MOEA dengan metode evaluasi *Transpose Virtual Error* yang mendeteksi pergeseran (*shifting*) dan penskalaan (*scaling*) sekaligus. Hasil dari *bicluster* terbaik digunakan sebagai input dalam *THD-Tricluster*. Data *tricluster* yang diperoleh mengandung *probe* ID-gen 208812_x_at, 209602_s_at, dan 201465_s_at dengan nama gen HLA-C, GATA-3 dan JUN yang berhubungan dengan HIV-1.

Human Immunodeficiency Virus-1 (HIV-1) is a virus that kills CD4 + cells in the bodys immune system, causing a drastic decline in the immune system. Analysis of HIV-1 gene expression data is urgently needed. The technology used to analyze gene expression data is microarray. Microarray technology is used to measure the expression value of thousands of genes in various conditions. Clustering is a technique for studying the gene expression data patterns of the observation groups that are similar based on certain criteria. Clustering finds groups of observations on all attributes. Biclustering analysis is used to find the group of observations on several attributes. In the gene expression series data which is formed in three dimensions, the analysis used is triclustering. The approach taken in building triclustering is the biclustering approach through the bicluster search technique using the Multi-Objective Evolutionary Algorithm (MOEA). The evaluation method used by MOEA is Mean Square Residue (MSR) and the novelty in this study is to modify the MOEA with the Transpose Virtual Error evaluation method which detects shifting and scaling at the same time. The results from the best bicluster are used as input in the THD-Tricluster. The tricluster data obtained contained the gene ID probes 208812xat, 209602s_at, and 201465sat with the gene names HLA-C, GATA-3 and JUN

associated with HIV-1.</p><p> </p>