

# Membangun THD-Triclusler Berbasis Bioclustering dengan Menggunakan Transposed Virtual Error pada Data Ekspresi Gen = Building Bioclustering Based THD-Triclusler Using Transposed Virtual Error in Gene Expression Data

Siregar, Anggrainy Togi Marito, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20509937&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Data tiga dimensi banyak ditemukan terutama dalam bidang biomedical dan sosial. Contoh data tiga dimensi adalah data gen-sampel-waktu, individual-fitur-waktu, atau node-node-time,yang umumnya disebut sebagai data konteks-atribut-observasi. Salah satu teknik dalam mengelola data tiga dimensi yaitu tricluslering. Penelitian ini menggunakan metode THD-Triclusler untuk mendapatkan hasil tricluslering pada data 3 dimensi penyakit AIDS yang disebabkan oleh virus Human Immunodeficiency Virus Tipe 1 (HIV-1). Pencarian tricluslering tersebut dilakukan melalui tahap bioclustering yang dilakukan pada setiap kondisi. Penelitian ini dengan memodifikasi algoritma Cheng & Church (CC) untuk menghasilkan bioclustering dengan ukuran yang digunakan yaitu transposed virtual error ) yang mampu mengelompokkan data berdasarkan pola pergeseran (shifting) dan penskalaan (scaling). Hasil bicluster tersebut yang kemudian diiriskan pada masing-masing kondisi sehingga menghasilkan tricluslering. Keseluruhan penelitian ini dilakukan pada program RStudio. Setiap triclusler memiliki suatu kedalaman yang dapat ditentukan bergantung pada banyak kondisi yang diiriskan. Implementasi ukuran transposed virtual error pada tricluslering ini menghasilkan 4 triclusler pada kedalaman empat. Evaluasi triclusler tersebut dilakukan dengan menggunakan inter temporal homogeneity dan diperoleh nilai korelasi triclusler antar kondisi di atas 0.9. Dari hasil tricluslering tersebut dianalisis probe id gen yang berpengaruh pada penyakit AIDS. Dari analisis tersebut ditemukan 2 simbol gen yang berhubungan dengan penyakit AIDS yang disebabkan oleh HIV-1 yang ada pada setiap kondisi penderita HIV-1 normal, akut, kronis, dan nonprogressor yaitu HLA-C dan ELF-1.

Three-dimensional data are mainly found in biomedical and social fields. Examples of three-dimensional data are gene-sample-time, individual-feature-time, or node-node-time Data, commonly referred to as context-attribute-observation data. One of the techniques in managing three-dimensional data is tricluslering. This study uses the THD Triclusler method to obtain tricluslering results in 3-dimensional data on AIDS caused by the HIV-1 virus. The Tricluslering search is carried out through bioclustering stages carried out in each condition. This study modifies the Cheng & Church (CC) algorithm to produce a bicluster using the measure called transposed virtual error ( which is able to group data based on shifting and scaling patterns. The bioclustering results are then sliced under each condition to produce a triclusler. This research was conducted in the RStudio program. Each triclusler has a depth that can be determined depending on the many overlapping conditions. The implementation of the transposed virtual error size on bioclustering results in 4 tricluslers with a depth of four. The triclusler evaluation was carried out using inter temporal homogeneity and obtained a triclusler correlation value between conditions that was above 0.9. Then, the probe id genes that affect AIDS were analyzed from the results of the tricluslering. From this analysis, 2 symbol genes associated with AIDS caused by HIV-1 were found in every condition of HIV-1

sufferers, which are normal, acute, chronic, and non-progressor HIV-1 sufferers, namely HLA-C and ELF-1.