

Analisis Gene Ontology pada Implementasi Metode Order Preserving Tricluster (OPTricluster) Data Microarray Sel Kanker Pankreas ASPC-1. = Gene Ontology Analysis on the Implementation of Order Preserving Tricluster (OPTricluster) Method ASPC-1 Pancreatic Cancer Cell Microarray Data.

Hafsa Khaerunisa Wenno, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920531227&lokasi=lokal>

Abstrak

Data mining merupakan teknik pengolahan data yang dapat digunakan untuk menemukan pola-pola kelompok dan informasi yang berguna dari kumpulan data tersebut. Salah satu teknik data mining adalah metode triclustering. Triclustering bekerja pada data tiga dimensi. Umumnya algoritma tricluster tidak efektif dalam menganalisis titik waktu pengamatan yang berjumlah sedikit. Oleh karena itu, dikembangkanlah algoritma triclustering berbasis pola yang dirancang untuk menganalisis data microarray dengan jumlah titik waktu pengamatan sedikit yaitu Order Preserving Tricluster (OPTricluster). OPTricluster membentuk tricluster dengan mengidentifikasi gen-gen yang memiliki perubahan tingkat ekspresi yang sama pada subset kondisi eksperimen disepanjang titik waktu. Setelah tricluster didapatkan, analisis Gene Ontology dibutuhkan untuk mendapatkan pemahaman anotasi gen pada hasil tricluster. Metode OPTricluster diimplementasikan pada data microarray sel kanker pankreas ASPC-1 dengan beberapa skenario menggunakan threshold yang berbeda. Skenario terbaik ditunjukkan oleh threshold optimum yang diperoleh dengan membandingkan rata-rata skor Coverage Tricluster dan Tricluster Quality Index. Kemudian tricluster dari skenario terbaik dianalisis dengan Gene Ontology (GO). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa metode OPTricluster berhasil membentuk tricluster dengan kinerja yang baik pada 3 pola tricluster yaitu tricluster pola constant, conserved, dan divergent. Selanjutnya analisis GO dilakukan pada tricluster terbaik pola conserved yaitu tricluster pada kelompok gen yang memiliki pola perubahan tingkat ekspresi gen yang sama saat diberikan obat JQ1 dan diperoleh informasi bahwa respon dari gen-gen sel kanker pankreas ASPC-1 dominan terlibat dalam proses metabolisme, dimana gen-gen tersebut berperan dalam perubahan tingkat ekspresi gen, selain itu letak gen-gen tersebut pun berada dalam inti sel.

.....Data mining is data processing techniques that can be used to find group patterns and useful information from the data set. One of the data mining techniques is the triclustering method. Triclustering works on three-dimensional data. Generally, tricluster algorithms are not effective in analyzing a small number of observation time points. Therefore, a pattern-based triclustering algorithm designed to analyze microarray data with a small number of observation time points was developed under the name Order Preserving Tricluster (OPTricluster). OPTricluster forms triclusters by identifying genes that have similar expression level changes in a subset of experimental conditions across time points. Once the tricluster is obtained, analysis with Gene Ontology is required to gain an understanding of gene annotation in the tricluster result. OPTricluster method was implemented on ASPC-1 pancreatic cancer cell microarray data with several scenarios using different thresholds. The best scenario is indicated by the optimum threshold obtained by comparing the average Tricluster Coverage and Tricluster Quality Index scores. Then the tricluster of the best scenario is analyzed with Gene Ontology (GO). The results showed that the OPTricluster method successfully formed tricluster with good performance in 3 tricluster patterns, namely constant, conserved,

and divergent tricluster patterns. Furthermore, GO analysis was carried out on the best tricluster conserved pattern, namely tricluster in the gene group that has the same pattern of changes in gene expression levels when given the drug JQ1 and obtained information that the response of ASPC-1 pancreatic cancer cell genes is dominantly involved in metabolic processes, where these genes play a role in changes in gene expression levels, besides that the location of these genes is also in the cell nucleus.