

Pengelompokan virus influenza A menggunakan markov clustering = Clustering of influenza A viruses using markov clustering

Elfi Fauziah, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20389791&lokasi=lokal>

Abstrak

Tesis ini membahas pengelompokan virus-virus influenza A. Virus influenza A adalah virus RNA yang berbahaya, karena memiliki kemampuan mutasi yang tinggi dan menyebabkan wabah di beberapa negara. Dengan kemajuan bioinformatika, virus-virus dapat dikelompokkan dengan menganalisis sekuens-sekuens protein dari virus-virus tersebut. Markov clustering (MCL) telah diaplikasikan dengan baik pada bioinformatika, seperti; mengelompokkan jaringan-jaringan antara protein yang satu dengan yang lain, jaringan kemiripan antar protein, dan penentuan keluarga protein.

Tujuan penelitian ini adalah mengelompokkan virus-virus influenza A berdasarkan protein hemagglutinin (HA) menggunakan algoritma Markov clustering (MCL) dan program menggunakan perangkat lunak Octave berbasis open source. Simulasi program menggunakan tiga buah faktor penggelembungan yang berbeda, yaitu; $r = 1.5$, $r = 2.0$, dan $r = 2.5$.

Pengelompokan virus-virus influenza A menghasilkan dua kelompok. Kelompok pertama dengan pusat kelompoknya A/duck/Jiangsu/115/2011(H4N2) dan kelompok kedua dengan pusat kelompoknya A/duck/Victoria/0305-2/2012 (H5N3). Struktur pengelompokan virus-virus influenza A berdasarkan sekuens protein hemagglutinin (HA) yang diperoleh dengan menggunakan algoritma Markov clustering (MCL) mempunyai kemiripan struktur dengan struktur pengelompokan protein hemagglutinin (HA), dengan demikian pengelompokan virus-virus influenza A dapat mengacu pada pengelompokan keluarga protein hemagglutinin (HA).

.....

The focus of this study is the clustering of influenza A viruses. Influenza A virus is an RNA virus that is dangerous, because it has a high mutation capability and caused outbreaks in several countries. With the development of bioinformatics, the viruses can be clustered by analyzing the protein sequences of these viruses. Markov clustering (MCL) has been very well applied to bioinformatics, such as to cluster protein-protein interactions (PPI) networks, determine the similarity between the protein network, and determine the protein families.

The aim of this study is to cluster influenza A viruses based on hemagglutinin protein (HA) using Markov clustering (MCL) and programs using software Octave which based on open source. The simulation of program using three different inflation factors, ie; $r = 1.5$, $r = 2.0$ and $r = 2.5$.

Clustering of influenza A viruses resulted in two clusters. The center of the first cluster is A / duck / Jiangsu / 115/2011 (H4N2) and the center of the second cluster is A / duck / Victoria / 0305-2 / 2012 (H5N3).

Clustering structure of influenza A viruses using Markov clustering (MCL) have the similar structure with clustering structure of the hemagglutinin protein (HA), thus clustering of influenza A viruses can refer to the clustering of hemagglutinin proteins (HA) families.