

Implementasi algoritma markov clustering pada jaringan interaksi protein protein penghambat tumor (TP53) = Implementation of markov clustering algorithm on protein protein interaction network of tumor suppressor protein (TP53)

Thia Sabel Permata, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20422496&lokasi=lokal>

Abstrak

Pembentukan dan perkembangbiakan sel tumor terjadi jika protein khusus yang mengatur pembelahan sel mengalami perubahan fungsi, ekspresi gen atau hilang keduanya. Salah satu protein penekan tumor yang berperan dalam pengendalian siklus sel adalah protein TP53. Pada sebagian besar perubahan genetik dalam tumor, baik delesi atau mutasi pada lebih dari 50% kanker pada manusia, ditemukan mutan TP53 yang merupakan faktor beresiko tinggi terhadap kanker. Oleh karena itu, penting untuk melakukan studi tentang pengelompokan interaksi protein-protein TP53. Interaksi protein secara umum disajikan dalam jaringan graf (graph network) dengan protein sebagai simpul dan interaksinya sebagai busur. Algoritma Markov Clustering (MCL) adalah satu metode graph clustering yang dibuat berdasarkan simulasi dari flow stokastik pada suatu graf. Dalam skripsi ini, dibahas mengenai implementasi algoritma MCL pada data interaksi protein-protein TP53 dengan menggunakan bahasa pemrograman Python. Algoritma MCL terdiri dari tiga operasi utama yaitu ekspansi, penggelembungan, dan pemotongan. Selanjutnya, dilakukan analisis hasil clustering dari simulasi algoritma MCL dengan menggunakan parameter ekspansi, penggelembungan dan faktor pengali yang berbeda-beda. Berdasarkan analisis hasil clustering yang dilakukan, algoritma MCL terbukti menghasilkan robust cluster dengan protein TP53 sebagai pusat cluster untuk setiap hasil clustering.

The formation and proliferation of tumor cells occurs if a special protein that regulates cell division changing the function, gene expression or lost both. One of the tumor suppressor protein that plays a role in controlling the cell cycle is the TP53 protein. In most of the genetic changes in the tumor, either deletions or mutations in more than 50% of human cancers, it found that mutant of TP53 is a high risk factor for cancer. Therefore, it is important to conduct studies on protein-protein interactions clustering of TP53. Protein interactions are generally presented in the graph network with proteins as nodes and interactions as edges. Markov Clustering (MCL) algorithm is a graph clustering method which is based on a simulation of stochastic flow on a graph. This minithesis discussed about the implementation of the MCL process on protein-protein interaction of TP53 data using the Python programming language. MCL algorithm consists of three main operations: expansion, inflation, and prune. Furthermore, the clustering simulation is using the different parameter of expansion, inflation and the multiplier factor. Based on the analysis of the clustering results, MCL algorithm is proven to produce robust cluster with TP53 protein as a centroid for each clustering results.