

Analisis Cluster Gen dari Microarray Data Ekspresi Gen Menggunakan Spectral Clustering dengan Metode Partisi Fuzzy C-Means = Gene Clusters Analysis of Microarray Data of Gene Expression by Using Spectral Clustering with Fuzzy C-Means Partitioning Method.

Hendy Fergus Atheri Hura, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20455338&lokasi=lokal>

Abstrak

ABSTRAK

Penelitian ini mengimplementasikan metode spectral clustering-Fuzzy C-Means pada tiga microarray data ekspresi gen, dengan tujuan untuk mengelompokkan gen-gen yang memiliki tingkat ekspresi yang similar. Spectral clustering secara teoritis terdiri dari tiga tahap utama yaitu: membangun matriks jarak, membentuk matriks Laplacian, dan proses partisi, khususnya dalam tesis ini menggunakan algoritma partisi Fuzzy C-Means. Oleh karena itu, implementasi dari spectral clustering-FCM lebih sederhana dan intuitif pada pelaksanaannya. Analisis cluster singkat juga akan dipaparkan untuk masing-masing microarray data yang digunakan yaitu: Carcinoma, Leukemia, dan Lymphoma. Hasil cluster yang sangat baik didapatkan, sehingga metode yang diusulkan memiliki potensi besar ke depannya dalam penelitian pada bidang medis.

ABSTRACT

This research implements the spectral clustering FCM method on three microarray gene expression data, with the aim of grouping genes with similar expression levels. Spectral clustering is theoretically composed of three main stages building distance matrix, forming Laplacian matrix, and partitioning process, especially in this thesis using Fuzzy C Means partition algorithm. Therefore, the implementation of spectral clustering FCM is simpler and more intuitive in its implementation. Brief cluster analysis will also be presented for each microarray data used Carcinoma, Leukemia, and Lymphoma. Excellent cluster results are obtained, so the proposed method has great potential for future research in the medical field.