

# Implementasi algoritma biclustering binary inclusion maximal pada data ekspresi gen microarray adenoma = Implementation of the binary inclusion maximal biclustering algorithm on adenoma microarray gene expression data

Syamira Merina, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20475222&lokasi=lokal>

---

Abstrak

**ABSTRAK**

Adenoma merupakan jenis tumor jinak pada lapisan epidermis jaringan. Adenoma dapat berubah menjadi kanker ganas yang kemudian disebut Adenocarcinoma. Terdapat salah satu bentuk data biologi molekuler yang sedang berkembang saat ini, yaitu data ekspresi gen microarray. Microarray dapat digunakan untuk pendeteksian dan penelitian dalam bidang onkologi. Salah satu metode untuk mengolah dan menganalisis data ekspresi gen microarray adalah dengan biclustering. Dalam skripsi ini akan dilakukan implementasi salah satu metode biclustering pada data ekspresi gen microarray, yaitu dengan algoritma Binary Inclusion-Maximal. Algoritma akan diimplementasi pada data Adenoma kolon yang terdiri dari 7070 gen dengan 4 sampel sel adenoma dan 4 sampel sel normal. Implementasi tersebut membutuhkan waktu kurang dari 1 detik dan menghasilkan 22 bicluster yang terdiri dari 25 gen secara keseluruhan.

---

**ABSTRACT**

Adenoma is a benign type of tumor in the epidermal layer of a tissue. Adenoma can turn into a malignant cancer which is then called Adenocarcinoma. There is a form of molecular biology data which is developing today, namely microarray gene expression data. Microarray can be use for detection and research in the field of oncology. One method for processing and analyzing microarray gene data is by biclustering. In this study the writer will be using one method of biclustering, the Binary Inclusion Maximal algorithm, and implement it on microarray gene expression data. The algorithm will be implemented on Colon Adenoma data consisting of 7070 genes with 4 adenoma cell samples and 4 normal cell samples. The implementation took less than one second and resulted in 22 biclusters composed of 25 genes.