

Analisis dan prediksi interaksi protein antara protein HIV-1 dengan protein manusia menggunakan algoritma LCM-MBC dikombinasikan dengan association rule mining = Analysis and prediction of protein interactions between HIV-1 Protein and human protein using LCM-MBC Algorithm combined with association rule mining

Olivia Swasti, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20492859&lokasi=lokal>

Abstrak

Human Immunodeficiency Virus (HIV) merupakan virus yang menyerang sistem kekebalan tubuh manusia. Virus ini terdiri dari 23 protein dalam RNA untai tunggal. Interaksi protein HIV dan protein manusia dapat mengakibatkan penyakit AIDS. Dengan mempelajari interaksi protein dapat digunakan untuk mengembangkan obat antiviral. Untuk menganalisis interaksi protein dilakukan dengan proses *biclustering*. Algoritma LCM-MBC merupakan suatu algoritma *biclustering* yang digunakan untuk menganalisis interaksi protein.

Hasil dari *biclustering* digunakan untuk memprediksi dengan *association rule mining*. Untuk mengetahui fungsi-fungsi biologis dari protein yang terdapat pada satu *bicluster* digunakan DAVID Gene Ontology. Terdapat 45 *bicluster* yang memiliki protein HIV dalam satu *bicluster* sebanyak lima. Dari *bicluster* yang diperoleh ini, Terdapat 11 protein HIV-1 yang diprediksi akan berinteraksi dengan 36 protein manusia. Jika protein manusia terhubung dengan protein HIV sesuai dengan tipe jenis interaksinya, artinya protein manusia tersebut berinteraksi dengan protein HIV-1.

.....Human Immunodeficiency Virus (HIV) is a virus w attacks the human immune system. This virus consists of 23 proteins in a single-stranded RNA. The protein interaction between HIV proteins and human proteins can impact to AIDS The research about HIV-1 proteins and human proteins interactions leads to the insight of drug target prediction. To analyze protein interactions carried out by *biclustering* process. The LCM-MBC algorithm is a *biclustering* algorithm that is used to analyze protein interactions.

The results of *biclustering* are used to predict with *association rule mining*. To find out the biological functions of proteins found in one cluster used DAVID Gene Ontology. There are 45 *bicluster* that have five HIV proteins in one *bicluster*. From the *bicluster* obtained, there are 11 HIV-1 proteins that are predicted to interact with 36 human proteins. If human protein interacts with HIV-1 protens, it means that human proteins will relate according to the interaction type by HIV proteins.