

Analisis ekspresi gen terdiferensiasi pada data microarray penyakit alzheimer menggunakan bicmix = Analysis of differentiated gene expressions in microarray data of alzheimer's disease using bicmix

Nyoman Arda Wibawa, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20492989&lokasi=lokal>

Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk mencari gen terdiferensiasi dan informasi biologis dari data ekspresi gen penyakit Alzheimer. Data yang digunakan merupakan data microarray penyakit Alzheimer yang berukuran 54675 probes \times 161 sampel. Data tersebut diperoleh dari National Centre for Biotechnology Information (NCBI) yang dapat diakses melalui laman: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Gen yang memiliki ekspresi terdiferensiasi diseleksi menggunakan algoritma Delta Relative Deviation dan Absolute Deviation (DARDAD). 7089 gen dengan ekspresi terdiferensiasi pada sampel sakit selanjutnya dianalisis menggunakan metode biclustering. Bicluster didapatkan dengan menggunakan model BicMix yang memodelkan matriks ekspresi gen sebagai perkalian dua parameter ditambah matriks eror. Hasil faktorisasi dari Singular Value Decomposition (SVD) digunakan untuk menginisialisasi proses estimasi parameter model BicMix menggunakan metode iteratif Variational Expectation Maximization (VEM). Hasil bicluster selanjutnya dianalisis menggunakan Gene Ontology dan Disease Ontology. Didapatkan 30 bicluster dan beberapa penyakit yang berkaitan dengan penyakit Alzheimer.

.....

The purpose of this research is to find genes that differentially expressed and biologic information from Alzheimer's gene expression data. Microarray data of Alzheimer's disease with 54675 probes \times 161 samples were used in this research. Data downloaded from National Centre for Biotechnology Information (NCBI), <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Delta Relative Deviation and Absolute Deviation (DARDAD) were used to find differentially expressed genes. 7089 differentially expressed genes then analyzed using biclustering method with BicMix model. BicMix modeled gene expression matrix data as multiplication two parameters and an error matrix. Parameters in the model estimated using Singular Value Decomposition (SVD) - Variational Expectation Expectation Maximization (VEM). Bicluster result then analyzed using Gene Ontology and Disease Ontology. Result of this research are 30 biclusters and disease that are active in Alzheimer.