

# Pendekatan Optimisasi Multi-Objective Evolutionary Algorithm dengan Menerapkan Transposed Virtual Error dalam Membangun Tricluster pada Data Ekspresi Gen Human Immunodeficiency Virus-1 = Multi-objective Evolutionary Algorithm Optimization Approach by Applying Transposed Virtual Error in Building Tricluster on Human Immunodeficiency Virus-1 Gene Expression Data

Moh. Abdul Latief, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20509869&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Human Immunodeficiency Virus-1 (HIV-1) merupakan virus yang merusak sel CD4<sup>+</sup> dalam imun tubuh sehingga menyebabkan sistem kekebalan tubuh menurun drastis. Analisis data ekspresi gen HIV-1 sangat dibutuhkan. Teknologi yang digunakan untuk menganalisis data ekspresi gen yaitu *microarray*. Teknologi *microarray* digunakan untuk mengukur nilai ekspresi dari ribuan gen diberbagai macam kondisi. *Clustering* merupakan teknik untuk mempelajari pola data ekspresi gen kelompok observasi yang memiliki kemiripan berdasarkan kriteria tertentu. *Clustering* menemukan kelompok observasi pada semua atribut. Untuk menemukan kelompok observasi pada beberapa atribut digunakan analisis *biclustering*. Dalam data ekspresi gen *series* yang dibentuk dalam tiga dimensi, analisis yang digunakan adalah *triclustering*. Pendekatan yang dilakukan dalam membangun *triclustering* yaitu pendekatan *biclustering* melalui teknik pencarian *bicluster* menggunakan *Multi-Objective Evolutionary Algorithm* (MOEA). Metode evaluasi yang digunakan MOEA adalah *Mean Square Residue* (MSR) dan kebaruan dalam penelitian ini adalah memodifikasi MOEA dengan metode evaluasi *Transpose Virtual Error* yang mendeteksi pergeseran (*shifting*) dan penskalaan (*scaling*) sekaligus. Hasil dari *bicluster* terbaik digunakan sebagai input dalam *THD-Tricluster*. Data *tricluster* yang diperoleh mengandung

*probe* ID-gen 208812\_x\_at, 209602\_s\_at, dan 201465\_s\_at dengan nama gen HLA-C, GATA-3 dan JUN yang berhubungan dengan HIV-1.

---

Human Immunodeficiency Virus-1 (HIV-1) is a virus that kills CD4 + cells in the bodys immune system, causing a drastic decline in the immune system. Analysis of HIV-1 gene expression data is urgently needed. The technology used to analyze gene expression data is *microarray*. *Microarray* technology is used to measure the expression value of thousands of genes in various conditions. *Clustering* is a technique for studying the gene expression data patterns of the observation groups that are similar based on certain criteria. *Clustering* finds groups of observations on all attributes. *Biclustering* analysis is used to find the group of observations on several attributes. In the gene expression series data which is formed in three dimensions, the analysis used is *triclustering*. The approach taken in building *triclustering* is the *biclustering* approach through the *bicluster* search technique using the *Multi-Objective Evolutionary Algorithm* (MOEA). The evaluation method used by MOEA is *Mean Square Residue* (MSR) and the novelty in this study is to modify the MOEA with the *Transpose Virtual Error* evaluation method which detects *shifting* and *scaling* at the same time. The results from the best *bicluster* are used as input in the *THD-Tricluster*. The *tricluster* data obtained contained the gene ID probes 208812xat, 209602s\_at, and 201465sat with the gene names HLA-C, GATA-3 and JUN

associated with HIV-1.</p><p> </p>