

# Evaluasi THD-Tricluster Menggunakan Multi Slope Measure (MSL) pada Data Ekspresi Gen Tiga Dimensi dari Respon Sel Mesenkim Amnion = THD-Tricluster Evaluation Using Multi Slope Measure (MSL) on Three-Dimensional Gene Expression Data of Amniotic Mesenchymal Cell Responses

Sanjung Maharani, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920533181&lokasi=lokal>

---

## Abstrak

Triclustering merupakan salah satu teknik data mining pada data tiga dimensi untuk mengelompokkan data secara bersamaan pada baris dan kolom di titik waktu yang berbeda menjadi tricluster. Metode ini umumnya diterapkan pada bidang bioinformatika, khususnya data ekspresi gen tiga dimensi. Salah satu triclustering dengan pendekatan biclustering-based adalah THD-Tricluster. Langkah utama dari algoritma ini ialah generate bicluster dan generate tricluster. Algoritma THD-Tricluster menggunakan pola pergeseran dan penskalaan dengan nilai Shifting-and-Scaling-Similarity (SSSim) untuk mengelompokkan gen dan menghasilkan tricluster. Hasil dari THD-Tricluster dievaluasi dengan Multi Slope Measure (MSL) yaitu sebuah pengukuran kualitas melalui representasi grafik dari tricluster. Dalam penelitian ini, data yang digunakan adalah data respon tiga sel individu terhadap pemberian sitokin berupa interleukin-1-beta pada sel mesenkim amnion manusia atau sel pada membran janin. Sitokin memicu regulasi gen inflamasi yang berkontribusi pada kelahiran prematur. Metode THD-Tricluster diimplementasikan pada 15 skenario dengan nilai threshold berbeda. Skenario yang optimal dipilih menggunakan nilai validasi coverage. Pada skenario optimal, diperoleh delapan tricluster yang kemudian dievaluasi menggunakan Multi Slope Measure (MSL). Tricluster<sup>2</sup> yang memiliki nilai MSL paling kecil dan dipilih sebagai tricluster optimal terdiri atas kumpulan gen dari sel yang responsif terhadap pemberian sitokin berupa interleukin-1-beta. Gen-gen pada Tricluster<sup>2</sup> inilah yang dapat digunakan sebagai bahan pertimbangan bagi para peneliti di bidang biologis dan medis untuk penelitian lebih lanjut terkait kelahiran prematur.

.....Triclustering is one of the data mining techniques on three-dimensional data to cluster data simultaneously in rows and columns at different time points into triclusters. This method is generally applied to the field of bioinformatics, especially three-dimensional gene expression data. One of the triclustering methods with a biclustering-based approach is THD-Tricluster. The main steps of this algorithm are generate bicluster and generate tricluster. THD-Tricluster algorithm uses shifting and scaling patterns with Shifting-and-Scaling-Similarity (SSSim) values to cluster genes and generate tricluster. The result of THD-Tricluster is evaluated by Multi Slope Measure (MSL), a measurement of tricluster quality through graphical representation. In this study, the data used is the response data of three individual cells to cytokine in the form of interleukin-1-beta in human amniotic mesenchymal cells or cells in the fetal membrane. Cytokines stimulate the regulation of inflammatory genes that contribute to preterm birth. The THD-Tricluster method was implemented on 15 scenarios with different threshold values. The optimal scenario was selected using the coverage validation value. In the optimal scenario, eight triclusters

were obtained which were then evaluated using Multi Slope Measure (MSL). Tricluster 2 which has the smallest MSL value and selected as the optimal consists of a collection of genes from cells that are responsive to cytokine administration in the form of interleukin-1-beta. The genes in Tricluster 2 can be used by biological and medical researchers to develop treatments to prevent premature birth.