

Implementasi Algoritma *CC Biclustering* pada Data Bioinformatika

Himelda Aziza

Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Islam Indonesia

INTISARI

Jagung (Zea Mays L) memiliki peran dalam berbagai bidang industri maupun pembangunan pertanian di Indonesia. Permintaan akan jagung akan sebanding dengan kebutuhan jagung yang semakin meningkat. Sehingga dibutuhkan usaha untuk meningkatkan ketersediaan jagung, salah satu cara dengan memperoleh sifat-sifat jagung yang baik sehingga memperoleh hasil maksimal dengan cara pemuliaan tanaman. Seleksi yang akurat terhadap suatu karakter yang diinginkan dari tanaman adalah dengan berdasarkan pada gen yang mengendalikan karakter tersebut. Berdasarkan gen ekspresi pada organ jagung, penulis ingin mengetahui gen dan organ jagung yang memiliki kesamaan secara koheren. Maize growth stages (MGS) merupakan data pengelompokan organ jaringan jagung berdasarkan nilai gen name apakah termasuk kelompok tahap pertumbuhan jagung vegetatif atau tahap pertumbuhan reproduktif. Dalam hal ini, digunakan sebuah cabang ilmu machine learning yang dapat mengelompokkan gen dan organ jagung secara simultan yaitu algoritma CC biclustering dengan bantuan program RStudio dengan tambahan packages bioinformatika. Terdapat 3 tahap dalam pengolahannya yaitu input data, filtering untuk mereduksi data dan analisis CC biclustering. Berdasarkan hasil analisis CC biclustering menggunakan nilai $\delta = 0.5$ dan $\alpha = 1$, ditemukan 32 bicluster. Ditemukan gen Zm00001d043857 yang koheren dengan organ Post_Pollination yang merupakan organ jagung pada tahap perkembangan reproduksi saat serbuk sari bertemu dengan ovum. Dari informasi ini dapat dijadikan kajian dalam pemuliaan jagung.

Kata kunci : *Maize Growth Stages, Bioinformatika, Bicluster, CC Biclustering*

Implementation of CC Biclustering Algorithm on Bioinformatics Data

Himelda Aziza

Departement of Statistics, Faculty of Mathematics and Natural Sciences Islamic
University of Indonesia

ABSTRACT

Corn (Zea Mays L) has a role in various fields of industry and agricultural development in Indonesia. The demand for corn will be comparable to the increasing need for corn. So it takes effort to increase corn availability, one way to obtain good corn properties so as to obtain maximum results by plant breeding. Accurate selection of a desired character from plants is based on the genes that control the character. Based on the gene expression in corn organs, the author wanted to know the genes and organs of corn that have a coherent similarity. Maize growth stages are data grouping of maize tissue organs based on genes name value whether including vegetative growth stage or growth stage of reproductive growth stage. In this case, used a branch of machine learning science that can group genes and organs simultaneously the CC biclustering algorithm with the help of RStudio program with additional bioinformatics packages. There are 3 stages in the processing of data input, filtering to reduce data and CC biclustering analysis. Based on the results of CC biclustering analysis using $\delta = 0.5$ and $\alpha = 1$, found 32 bicluster. Found a Zm00001d043857 genes coherent with Post_Pollination organs which are corn organs at the stage of reproductive development when pollen meets with an ovum. From this information can be used as a study in maize breeding.

Keyword : *Maize Growth Stages, Bioinformatics, Bicluster, CC biclustering*