

APLIKASI ALGORITMA MOTIF EKSPRESI (xMotif) *BICLUSTERING* **PADA DATA *GENE EXPRESSION MAIZE GROWTH STAGES***

(Studi Kasus: Bicluster Organ *Maize Growth Stages*)

Oleh : Maidah
Program Studi Statistika Fakultas MIPA
Universitas Islam Indonesia

INTISARI

Jagung (Zea Mays L) adalah tanaman pangan terpenting dunia setelah gandum dan padi. Peningkatan produktivitas jagung dapat meningkatkan ketersediaan pasokan jagung, untuk mengatasi permintaan produktivitas jagung dilakukan dengan teknik budidaya yang tepat yaitu mensinergikan kebutuhan tanaman dalam setiap fase pertumbuhan dengan input yang harus diberikan. Tahap pertumbuhan jagung terdiri dari tahap pertumbuhan vegetatif dan tahap pertumbuhan reproduktif. Berdasarkan tahap pertumbuhan jagung, peneliti ingin melakukan pengelompokan dari tahap pertumbuhan jagung berdasarkan gen name pada setiap organ jaringan jagung pada data maize growth stages. Sebelum melakukan analisis pada data maize growth stages akan dilakukan dua tahap filtering yaitu filtering pertama dengan membuang baris probe yang memiliki rata-rata sama dengan nol (0) dan filtering kedua menggunakan fungsi t-test dengan nilai signifikansi 0.0001. Hasil dari filtering ini memberikan data dengan dimensi 512 x 68. Selanjutnya data dimensi 512 x 68 digunakan untuk analisis biclustering menggunakan algoritma xMotif. Hasil dari analisis ini di dapatkan 53 biclustering dengan nilai rata-rata ekspresi tertinggi ada pada bicluster satu terdiri dari 22 gen, dengan gen yang memiliki nilai ekspresi terbesar adalah Zm00001d034773 dan 18 organ jagung yang memiliki nilai ekspresi gen tertinggi yaitu blade. Blade merupakan organ jagung termaksud kedalam fase vegetative. Hal ini menunjukkan bahwa hasil dari bicluster ini dapat dijadikan kajian dalam pemuliaan jagung pada tahap perkembangan vegetatif.

Kata Kunci : MGS, Bioinformatika, *Biclustering*, Algoritma xMotif.

**APPLICATION OF EXPRESSION MOTIF ALGORITHM (*xMotif*) BICLUSTERING
ON GENE EXPRESSION DATA MAIZE GROWTH STAGES**

(Case Study: Bicluster Organ Maize Growth Stages)

By : Maidah

*Study Program of Statistics Faculty of Mathematics and Natural Sciences
Indonesian Islamic University*

ABSTRACT

*Maize (*Zea Mays L*) is the world's most important food crop after wheat and rice. Increased productivity of corn can increase the availability of corn supply, to overcome the demand for corn productivity is done with the right cultivation technique that is synergizing the needs of plants in each phase of growth with input that must be given. Corn growth stage consists of vegetative growth stage and reproductive growth stage. Based on the corn growth stage, the researchers wanted to group the corn growth stage based on the gene name for each organ of corn tissue on the data maize growth stages. Before analyzing the data maize growth stages there will be two stages of filtering, namely the first filtering by removing the probe line which has an average equal to zero (0) and the second filtering uses the *t*-test function with a significance value of 0.0001. The results of this filtering provide data with dimensions of 512 x 68. Furthermore, dimension data of 512 x 68 is used for biclustering analysis using the *xMotif* algorithm. The results of this analysis get 53 biclustering with the highest average expression value in one bicluster consisting of 22 genes, with genes that have the greatest expression value is *Zm00001d034773* and 18 corn organs which have the highest gene expression value, namely blade. Blade is the intended organ of corn into the vegetative phase. This shows that the results of the bicluster can be used as a study in maize breeding during the vegetative development stage.*

Keywords: *MGS, Bioinformatics, Biclustering, Algorithm *xMotif*.*