

Amelia Diah Agustien, 2008. Pohon Perentang Minimal Untuk Mengelompokkan Data Ekspresi Gen. Skripsi ini dibawah bimbingan Drs. Eto Wuryanto, DEA dan Ir. Dyah Herawatic, M.Si. Departemen Matematika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Airlangga.

---

## ABSTRAK

Tujuan dari skripsi ini adalah untuk mengelompokkan data ekspresi gen dengan menggunakan algoritma Pohon Perentang Minimal dan sekaligus mengoptimalkan hasil pengelompokan dengan menggunakan metode *Partitioning Around Medoids* (PAM). Dasar pengelompokan dari algoritma Pohon Perentang Minimal adalah dengan merepresentasikan himpunan data ekspresi gen sebagai Pohon Perentang Minimal. Setiap subpohon dari Pohon Perentang Minimal menunjukkan kelompok – kelompok dari data. Sedangkan dasar pengelompokan dari metode PAM adalah mengelompokkan data sedemikian hingga jumlah jarak tiap data ke obyek yang representatif (*medoid*) kelompoknya minimal.

Pengelompokan dengan algoritma Pohon Perentang Minimal terdiri atas 5 langkah. Proses pengelompokan dimulai dengan menghitung jarak antara dua obyek dari data yang merupakan ukuran ketakmiripan antara dua obyek tersebut. Selanjutnya adalah membentuk pohon perentang minimal dengan menganggap obyek sebagai titik dan jarak sebagai bobot garis antar titik. Langkah ketiga adalah mengelompokkan data dengan memotong garis yang memiliki bobot terbesar. Langkah keempat adalah menentukan jumlah kelompok terbaik dengan menggunakan indeks validitas. Terakhir, mengoptimalkan hasil pengelompokan dengan menggunakan metode PAM.

Data yang digunakan pada skripsi ini adalah data *Saccharomyces cerevisiae* yang diperoleh dari Eisen *et. al.* (1998). Data tersebut terdiri dari 135 gen dengan 79 perlakuan. Data *Saccharomyces cerevisiae* diselesaikan menggunakan program C++ dan diperoleh jumlah kelompok terbaik adalah 7 atau 10 kelompok.

Kata kunci : Data ekspresi gen, pengelompokan, pohon perentang minimal, PAM, indeks validitas, C++.