



Hak cipta dan penggunaan kembali:

Lisensi ini mengizinkan setiap orang untuk mengubah, memperbaiki, dan membuat ciptaan turunan bukan untuk kepentingan komersial, selama anda mencantumkan nama penulis dan melisensikan ciptaan turunan dengan syarat yang serupa dengan ciptaan asli.

Copyright and reuse:

This license lets you remix, tweak, and build upon work non-commercially, as long as you credit the origin creator and license it on your new creations under the identical terms.

BAB 5 SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Penelitian mengenai identifikasi protein signifikan penyakit leukemia dengan menggunakan metode PCA dan *ClusterONE* telah berhasil dilakukan. Dimulai dari melakukan *web scraping* basis data OMIM dan STRING dalam mengumpulkan data protein dan *score* dari jaringan PPI yang terbentuk, hingga melakukan implementasi metode PCA dalam melakukan perhitungan nilai *overall centrality*, dibangunlah subgraf berdasarkan pada 20% protein yang memiliki nilai *overall centrality* tertinggi untuk kemudian dilakukan *clustering*. Dari hasil proses *clustering* dengan menggunakan algoritma *ClusterONE*, terbentuk empat *cluster* dengan total 17 *nodes* dan 30 *edges*. Setelah dilakukan analisis terhadap *cluster* yang dianggap valid dengan cara membandingkan rata-rata nilai *overall centrality*, *cluster* 1 merupakan *cluster* dengan protein-protein signifikan terbaik yang memiliki peran terhadap penyakit leukemia. Protein-protein yang terdapat dalam *cluster* 1 adalah ATM, FUS, KRAS, CREBBP, JAK2, MCL1, NPM1, ETV6, dan MLLT10.

5.2 Saran

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan, berikut saran yang dapat diberikan kepada penelitian selanjutnya.

1. Melakukan validasi atau perbandingan terhadap data protein yang dihasilkan dalam *cluster* 1 sebagai protein signifikan yang berperan penting dalam penyakit leukemia secara general.
2. Melakukan perbandingan hasil *clustering* dengan algoritma *soft clustering* lainnya untuk mendapatkan hasil yang lebih baik.
3. Dapat digunakan untuk penelitian lanjutan dengan menggunakan data biologis lainnya, seperti untuk pencarian *biomarker* atau *drug repurposing*.