

ABSTRAK

Teknologi yang semakin maju memungkinkan para peneliti dalam melakukan ekstraksi level ekspresi gen dalam berbagai jenis percobaan. Hal ini memudahkan untuk mempelajari lebih lanjut mengenai fungsi gen, jaringan gen, proses biologi dan efek dari suatu perlakuan medis. Langkah pertama untuk melakukannya adalah dengan melakukan *clustering* gen. Saat ini sudah banyak sekali algoritma *clustering* yang dibuat namun baru sedikit algoritma yang dikhususkan pada *clustering data* gen. CLICK atau *Cluster Identification via Connectivity Kernel* merupakan salah satu algoritma yang bertujuan untuk melakukan *clustering data* gen.

Algoritma ini berbasis graf berbobot dan menggunakan penghitungan probabilitas sehingga diharapkan dapat memberikan hasil yang lebih akurat. Dalam tugas akhir ini dilakukan implementasi dan analisis performansi algoritma CLICK dalam melakukan *clustering data* gen yang bersifat homogen ataupun heterogen yang kemudian akan diuji melalui metode *Figure Of Merit* (FOM), serta untuk mencari tahu apakah faktor sifat homogen atau heterogen suatu data akan mempengaruhi nilai FOM dari data tersebut. Selain itu dalam penelitian ini dilakukan perbandingan nilai FOM yang dihasilkan CLICK dengan nilai FOM yang dihasilkan algoritma K-Means, GenClust dan Cast dalam melakukan *clustering data* yang sama. Sehingga memudahkan para peneliti dalam memilih algoritma yang akan digunakan untuk melakukan *clustering data* gen yang memiliki sifat-sifat tersebut.

Dari hasil penelitian yang dilakukan dihasilkan kesimpulan bahwa untuk jumlah eksperimen yang sama, algoritma CLICK memiliki performansi yang lebih baik dalam melakukan *clustering data* gen yang bersifat lebih heterogen daripada data homogen setelah dibandingkan dengan ketiga algoritma lainnya. Sedangkan nilai FOM tidak dipengaruhi oleh sifat heterogen atau homogen suatu data melainkan oleh rata-rata dari cluster yang dihasilkan serta jumlah eksperimen yang diujikan.

Kata Kunci : *CLICK, clustering, gen*