

## BAB I

### PENDAHULUAN

#### I.1 Latar Belakang Masalah

DNA atau *Deoxyribose Nucleic Acid* merupakan hal terpenting untuk semua jenis kehidupan di alam semesta ini, karena DNA mengandung informasi genetika yang menentukan perkembangan biologis dari seluruh bentuk kehidupan sel. Karena itu, segala upaya untuk memahami DNA sangat penting, tidak terkecuali upaya pencocokan rangkaian DNA.

Pada sebagian besar organisme, pewarisan tersebut tidak dapat berlangsung 100% sempurna, karena terdapat faktor pembatas lingkungan, seperti mutasi dan degenerasi gen. Pada saat ini, pengujian DNA sudah menjadi salah satu metode paling ampuh dalam membuktikan apakah seseorang berkerabat langsung (keturunan dari seseorang lain) atau menentukan apakah suatu organisme merupakan anggota dari spesies tertentu.

Dalam proses pengujian kekerabatan langsung, DNA dari kedua orang tersebut disejajarkan. Apabila ditemukan ketidakcocokan melebihi batas toleransi tertentu, maka dapat dipastikan bahwa kedua orang tersebut tidak mungkin memiliki hubungan kekerabatan langsung. Sedangkan untuk pengujian keanggotaan spesies, DNA organisme uji disejajarkan dengan rangkaian umum DNA spesies dugaan. Pensejajaran DNA menggunakan komputer merupakan salah satu perkembangan komputer di bidang bioinformatika.

Istilah bioinformatika mulai dikemukakan pada pertengahan era 1980-an untuk mengacu pada penerapan komputer dalam biologi. Namun demikian, penerapan dalam bioinformatika (seperti pembuatan basis data dan pengembangan algoritma untuk analisis sekuens biologis) sudah dilakukan sejak tahun 1960-an. Beberapa algoritma yang digunakan dalam bidang bioinformatika khususnya dalam pensejajaran DNA adalah algoritma *Boyer-Moore*, *Knuth-Morris-Pratt*, *Karp-Rabin*, *Naive Brute Force*, *Needleman-Wunsch*, dan masih banyak yang lainnya.

Aplikasi ini dibuat oleh penulis setelah menelaah beberapa makalah yang telah dibuat sebelumnya, diantaranya "Aplikasi Algoritma Pencarian String *Boyer-Moore* pada Pencocokan DNA" (Arie, 2005) dan "Analisa dan Implementasi Algoritma *Boyer Moore*" (Davis, 2007). Di dalam aplikasi pencocokan string menggunakan algoritma *Boyer-Moore*, string diuji dari kanan ke kiri. Karakter paling kanan pada pola merupakan karakter pertama yang akan dicocokkan dengan teks. Dalam hal ini, penulis mencoba untuk mengembangkan suatu aplikasi pencocokan string menggunakan algoritma lainnya yaitu *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*. Penulis ingin mengaplikasikan kedua algoritma ini pada DNA. Oleh karena itu penulis memilih judul " **PENGEMBANGAN APLIKASI PENSEJAJARAN DNA DENGAN MENGGUNAKAN ALGORITMA NAIVE BRUTE FORCE DAN NEEDLEMAN-WUNSCH** ".

## **I.2 Rumusan Masalah**

Rumusan masalah yang ada pada tugas akhir ini adalah:

1. Bagaimana mengembangkan sebuah aplikasi yang dapat digunakan untuk mensejajarkan DNA antar spesies dengan menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*?
2. Bagaimana perbandingan unjuk kerja dari algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch* dalam pensejajaran DNA ?

### **I.3 Batasan Masalah**

Dari uraian di atas maka batasan - batasan masalah yang ada adalah sebagai berikut:

1. Algoritma yang digunakan untuk perbandingan hanya 2 algoritma saja yaitu algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.
2. Pada algoritma *Needleman-Wunsch* hanya diambil satu jalur solusi saja.
3. Pembuatan program menggunakan bantuan perangkat lunak Visual Basic .NET 2003.

### **I.4 Tujuan Penelitian**

Tujuan dari penelitian ini adalah

1. Mengembangkan sebuah aplikasi yang dapat digunakan untuk mensejajarkan DNA antar spesies menggunakan algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch*.
2. Dapat membandingkan unjuk kerja dari algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch* dalam pensejajaran DNA.

## **I.5 Metode yang Digunakan**

Metode yang digunakan dalam penulisan tugas akhir ini antara lain sebagai berikut:

### **1. Studi Literatur**

Yaitu dengan mempelajari algoritma *Naive Brute Force* dan *Needleman-Wunsch* untuk aplikasi pensejajaran DNA.

### **2. Pembangunan Perangkat lunak**

a. Analisis Kebutuhan Perangkat Lunak, dilakukan dengan evaluasi dan sintesa fungsional perangkat lunak. Hasil analisis ini dituliskan dalam dokumen teknis Spesifikasi Kebutuhan Perangkat Lunak (SKPL).

b. Perancangan Perangkat Lunak, dilakukan untuk mendapatkan deskripsi arsitektural perangkat lunak, deskripsi antarmuka, deskripsi data, deskripsi prosedural. Hasil perancangan berupa dokumen Deskripsi Perancangan Perangkat Lunak (DPPL).

c. Membuat Program, proses penulisan program yang akan merealisasikan rancangan sistem yang dikembangkan dengan menggunakan bahasa pemrograman, dengan mengikuti kaidah-kaidah pemrograman yang berlaku.

## **I.6 Kebutuhan Khusus**

1. Perangkat komputer dengan processor PC Intel Pentium IV dan RAM 256 MB.

2. Visual Basic .NET 2003.

### 3. Mouse dan keyboard.

#### **I.7 Sistematika Penulisan**

Dalam penulisan tugas akhir ini, menggunakan sistematika penulisan sebagai berikut:

##### **BAB I PENDAHULUAN**

Berisi latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan penelitian, metode penelitian, jadwal penelitian, dan sistematika penulisan laporan.

##### **BAB II LANDASAN TEORI**

Berisi mengenai beberapa teori yang relevan dengan permasalahan yang dibahas dalam penulisan tugas akhir ini.

##### **BAB III ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM**

Berisi tentang tinjauan aspek informatika berupa analisis dan perancangan perangkat lunak.

##### **BAB IV IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN SISTEM**

Berisi tentang implementasi program yang telah dihasilkan dan pengujian sistem.

##### **BAB V KESIMPULAN DAN SARAN**

Berisi kesimpulan dan saran dari penulis.

#### **Daftar Pustaka**

Bagian paling akhir dari laporan ini berisi seluruh daftar referensi yang digunakan selama proses Pembuatan Laporan Akhir yang mendukung proses Pembuatan Laporan Akhir sendiri.