

BAB 3 IMPLEMENTASI SISTEM

Pada bab ini akan dijelaskan implementasi sistem yang digunakan pada penelitian tugas akhir Penulis. Penjabaran ini untuk memberikan pemahaman mendalam tentang desain sistem yang akan diimplementasikan, serta penjelasan mengapa desain tersebut yang dipilih dan bagaimana mengimplementasikan desain tersebut.

3.1. Modifikasi Rancangan Basisdata dna_project

Pada penelitian sebelumnya [2], telah dibuat basisdata profil DNA orang Indonesia yang menggunakan dmbs MySQL. Basisdata tersebut terdiri dari dua tabel, yaitu tabel data pribadi dan tabel data profil DNA. Tabel data pribadi menyimpan informasi tentang identitas seseorang, sedangkan tabel data profil DNA menyimpan data profil DNA seseorang yang terdiri dari 16 locus, dimana setiap locus memiliki dua *allele*. Berikut adalah rancangan tabel pada penelitian sebelumnya.

Tabel 3-1 Struktur tabel data_pribadi

| Field | Type | Null | Pry | Default |
|---------------|--------------|------|-----|---------|
| Nama | Varchar (50) | - | - | Null |
| No_identitas | Varchar (25) | No | Pry | - |
| Tempat_Lahir | Varchar (25) | - | - | Null |
| Tanggal_Lahir | Varchar (25) | - | - | Null |
| Alamat | Varchar (50) | - | - | Null |
| Suku | Varchar (25) | - | - | Null |
| Bahasa | Varchar (25) | - | - | Null |
| Nama_ayah | Varchar (50) | - | - | Null |
| Nama_ibu | Varchar (50) | - | - | Null |
| Suku_ayah | Varchar (25) | - | - | Null |
| Suku_ibu | Varchar (25) | - | - | Null |

Tabel 3-2 Struktur tabel data_profil dna

| Field | Type | Null | Pry | Default |
|--------------|--------------|------|-----|---------|
| No_identitas | Varchar (30) | No | Pry | - |
| d3s1358_1 | Float | - | - | Null |
| d3s1358_2 | Float | - | - | Null |
| d7s720_1 | Float | - | - | Null |
| d7s720_2 | Float | - | - | Null |
| d8s1179_1 | Float | - | - | Null |
| d8s1179_2 | Float | - | - | Null |
| d21s11_1 | Float | - | - | Null |
| d21s11_2 | Float | - | - | Null |
| csf1po_1 | Float | - | - | Null |
| csf1po_2 | Float | - | - | Null |
| th01_1 | Float | - | - | Null |
| th01_2 | Float | - | - | Null |
| d13s317_1 | Float | - | - | Null |
| d13s317_2 | Float | - | - | Null |
| d16s539_1 | Float | - | - | Null |
| d16s539_2 | Float | - | - | Null |
| d2s1338_1 | Float | - | - | Null |
| d2s1338_2 | Float | - | - | Null |
| d19s433_1 | Float | - | - | Null |
| d19s433_2 | Float | - | - | Null |
| Vwa_1 | Float | - | - | Null |
| Vwa_2 | Float | - | - | Null |
| Tpox_1 | Float | - | - | Null |
| Tpox_2 | Float | - | - | Null |
| d18s51_1 | Float | - | - | Null |
| d18s51_2 | Float | - | - | Null |

| | | | | |
|----------|------------|---|---|------|
| d5s818_1 | Float | - | - | Null |
| d5s818_2 | Float | - | - | Null |
| amel_1 | Varchar(1) | - | - | Null |
| amel_2 | Varchar(1) | - | - | Null |
| fga_1 | Float | - | - | Null |
| fga_2 | Float | - | - | Null |

Rancangan tersebut memiliki kekurangan yaitu tidak menyimpan data hubungan antar-individu, sehingga informasi dalam basis data tidak saling terkait. Oleh karena itu diperlukan penyimpanan data hubungan antar-individu. Manfaat yang akan diperoleh jika data hubungan antar-individu disimpan, antara lain:

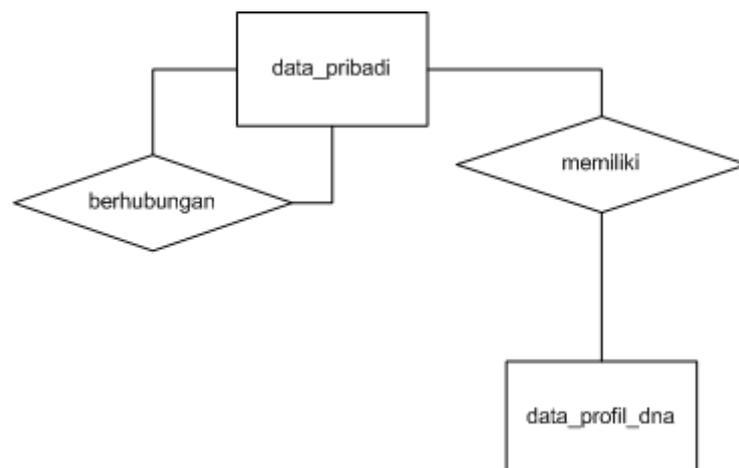
1. Pencarian data referensi tidak harus dilakukan secara manual, dapat dibuat otomatisasi pencarian data referensi.
2. Pada penelitian selanjutnya, sistem dapat dikembangkan sehingga memiliki kemampuan memetakan pohon silsilah keluarga suku-suku yang ada di Indonesia.

Penulis mengusulkan adanya tabel baru yang dapat menyimpan hubungan kekerabatan antar individu. Tabel yang bernama *data_hubungan* ini memiliki *fields* seperti yang terlihat pada Tabel 3-3.

Tabel 3-3 Struktur tabel *data_hubungan*

| Field | Type | Null | Pry | Default |
|----------|--------------|------|-----|---------|
| id_1 | Varchar (30) | No | Pry | - |
| id_2 | Varchar (30) | No | - | - |
| hubungan | Varchar (30) | No | - | - |

Hubungan antar-*entity* secara umum dapat dilihat pada Gambar 3-1 berikut.



Gambar 3-1 Entity relationship diagram tanpa atribut

3.2. Penambahan Referensi Pada Tes Kemiripan Profil DNA

Pencarian referensi pada penelitian tugas akhir ini tidak diberi batasan harus memiliki hubungan kekerabatan. Profil DNA *evidence* dapat dibandingkan dengan profil DNA siapapun individu yang telah dipilih oleh Pengguna dan ada dalam basisdata sistem. Nomor identitas referensi yang dimasukkan ke dalam sistem akan dicari profil DNA-nya kemudian profil DNA tersebut akan ditampilkan kepada Pengguna. Hal tersebut dilakukan agar Pengguna dapat mengetahui serta membandingkan profil DNA referensi dan *evidence* sebelum ditambahkan kedalam daftar referensi. Setelah diampilkan profil DNA referensi, Pengguna dapat memilih untuk menambahkan profil DNA tersebut atau tidak. Jika Pengguna memilih untuk menambahkan, maka Profil DNA yang ditambahkan akan dimasukkan kedalam daftar referensi. Antarmuka untuk menambahkan profil DNA dapat dilihat pada Gambar 3-2. Jika proses memasukkan referensi telah selesai, pengguna dapat menghitung kemiripan antar profil DNA tersebut dengan *evidence*.

| MARKER | Allele 1 | Allele 2 |
|---------|----------|----------|
| AMEL | X | Y |
| CSF1PO | 11 | 11 |
| D13S317 | 8 | 11 |
| D16S539 | 11 | 14 |
| D18S51 | 14 | 14 |
| D19S433 | 13 | 15 |
| D21S11 | 29 | 32.2 |
| D2S1338 | 0 | 0 |
| D3S1358 | 16 | 18 |
| D5S818 | 12 | 12 |
| D7S820 | 8 | 8 |
| D8S1179 | 11 | 15 |
| FGA | 21 | 23.2 |
| TH01 | 9 | 10 |
| TPOX | 8 | 11 |
| vWA | 14 | 18 |

Gambar 3-2 Antarmuka tambah profil DNA

3.3. Rancangan Antarmuka Sistem

Pengembangan sistem menggunakan Matlab 7.0.1, serta rancangan antarmuka menggunakan *toolbox* GUI yang telah disediakan oleh Matlab. Pengguna dapat melakukan beberapa hal berikut ini pada sistem:

1. Mencari Profil DNA seseorang

Profil DNA seseorang dicari dalam basisdata berdasarkan nomor identitasnya.

2. Menentukan operator *fuzzy* yang akan digunakan

Operator *fuzzy* yang digunakan dibagi menjadi dua tipe yaitu s-norm dan t-norm. Operator s-norm yang dapat digunakan antara lain:

- Bounded Sum
- Drastic Sum
- Maximum atau Godel S-norm

- Probabilistic Sum

Operator t-norm yang dapat digunakan antara lain:

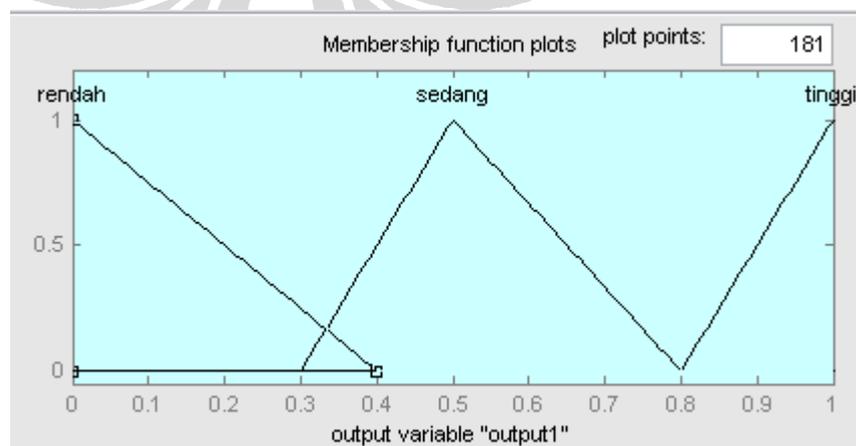
- Algebraic Product
- Drastic Product
- Minimum atau Godel T-norm
- Lukasiewicz T-norm

3. Menentukan metode inferensi *fuzzy* yang akan digunakan

Terdapat dua metode inferensi *fuzzy* yang digunakan, yaitu inferensi Sugeno dan inferensi Mamdani. Metode inferensi Sugeno yang dilakukan menggunakan fungsi keanggotaan keluaran yang sama dengan penelitian sebelumnya [2], seperti terlihat pada Gambar 3-3.



Gambar 3-3 Fungsi keanggotaan keluaran dengan metode inferensi Sugeno Untuk metode Mamdani menggunakan fungsi keanggotaan keluaran seperti Gambar 3-4 berikut.



Gambar 3-4 Fungsi keanggotaan keluaran dengan metode inferensi Mamdani

4. Menentukan teknik defuzzifikasi yang akan digunakan

Teknik defuzzifikasi yang akan digunakan dipilih berdasarkan metode inferensi *fuzzy*. Untuk metode inferensi *fuzzy* Sugeno, teknik defuzzifikasi yang dapat dilakukan antara lain:

- *weighted average*
- *weighted sum*

Jika metode inferensi *fuzzy* yang dipilih adalah Mamdani, teknik defuzzifikasi yang dapat dilakukan antara lain:

- *centroid*
- *bisector*
- *mom*
- *som*
- *lom*

5. Menentukan referensi yang akan dibandingkan

Referensi yang dapat dibandingkan adalah data profil DNA yang sudah ada dalam basisdata.

6. Menghitung nilai kemiripan profil DNA *evidence* dengan profile DNA referensi.

7. Mencari profil DNA dalam basisdata yang memiliki nilai kemiripan yang tinggi jika dibandingkan dengan profil DNA *evidence*.

Rancangan antarmuka sistem halaman depan dapat dilihat pada Gambar 3-5.

The screenshot shows the DNAMatching application window with the title "Tes Kemiripan Profil DNA dengan Pendekatan Logika Fuzzy". The interface is divided into two main sections: "Cari Data Profil DNA" and "Tes Kesamaan Profil DNA".

Cari Data Profil DNA:

- Fields for "No. Identitas" and "Nama".
- A "Cari!" button.
- A table for DNA markers with columns for "MARKER", "Allele 1", and "Allele 2".

| MARKER | Allele 1 | Allele 2 |
|---------|----------|----------|
| AMEL | | |
| CSF1PO | 0 | 0 |
| D13S317 | 0 | 0 |
| D16S539 | 0 | 0 |
| D18S51 | 0 | 0 |
| D19S433 | 0 | 0 |
| D21S11 | 0 | 0 |
| D2S1338 | 0 | 0 |
| D3S1358 | 0 | 0 |
| D5S818 | 0 | 0 |
| D7S820 | 0 | 0 |
| D8S1179 | 0 | 0 |
| FGA | 0 | 0 |
| TH01 | 0 | 0 |
| TPOX | 0 | 0 |
| YWA | 0 | 0 |

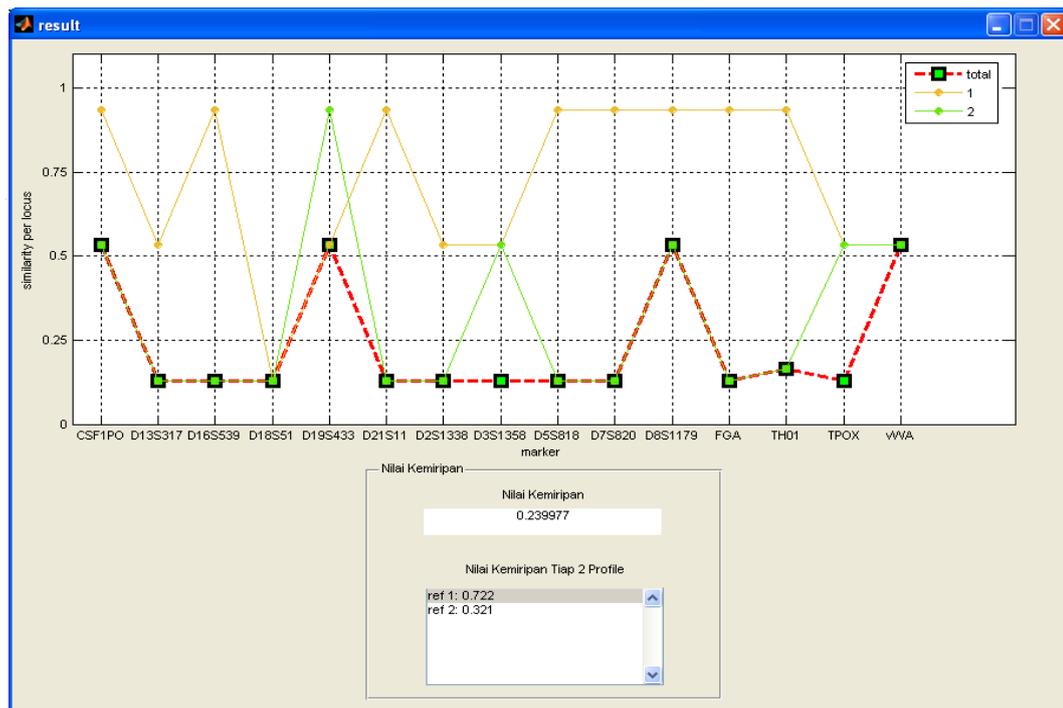
A "Ubah basisdata" button is located at the bottom of this section.

Tes Kesamaan Profil DNA:

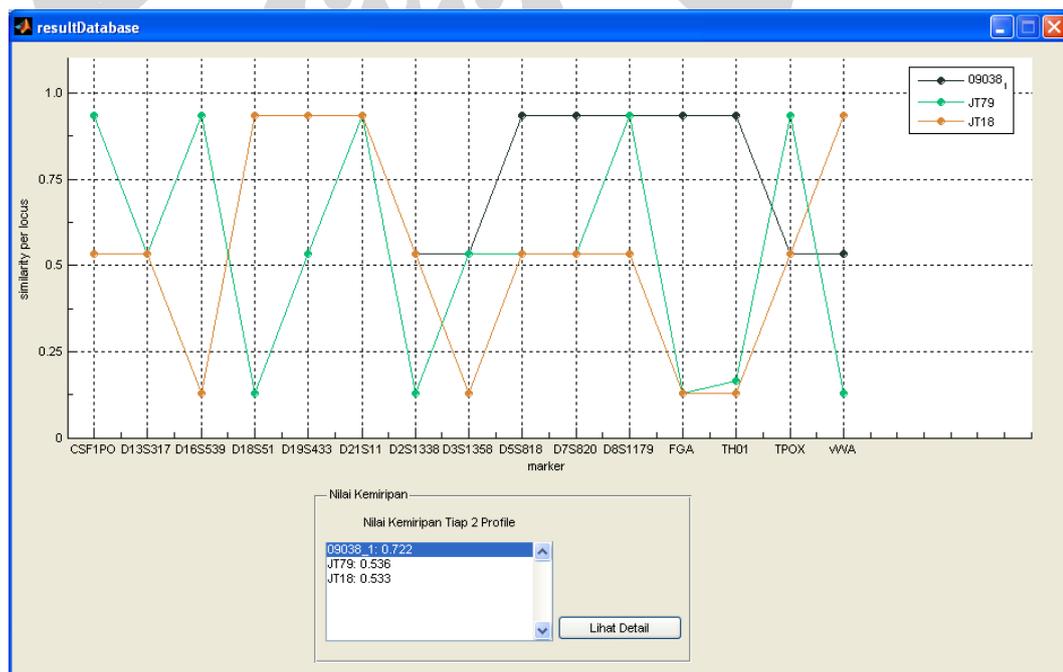
- Operator Fuzzy:**
 - Type: t-norm, s-norm. Dropdown menu: Lukaszewicz T-norm.
- FIS:**
 - Mamdani, Sugeno.
 - Defuzzification: Dropdown menu: centroid.
- Referensi:**
 - Daftar Referensi: A list box with "Tambah Referensi", "Hapus Referensi", and "Lihat Detail" buttons.
 - "Tes Kemiripan dengan Referensi" button.
- Basisdata:**
 - Text: "Tampilkan n hasil terbaik (berupa integer dan kurang dari 11)".
 - Field: "Masukkan jumlah n:".
 - "Tes Kemiripan dengan Basisdata" button.

Gambar 3-5 Rancangan antarmuka sistem halaman depan

Jika Pengguna sudah memasukkan *input* yang benar dan sesuai, maka sistem dapat menampilkan hasil 'Tes Kemiripan dengan Referensi' atau hasil 'Tes Kemiripan dengan Basisdata'. Keluaran sistem jika masukan Pengguna benar dan Pengguna memilih tombol 'Tes Kemiripan dengan Referensi' adalah seperti pada Gambar 3-6.



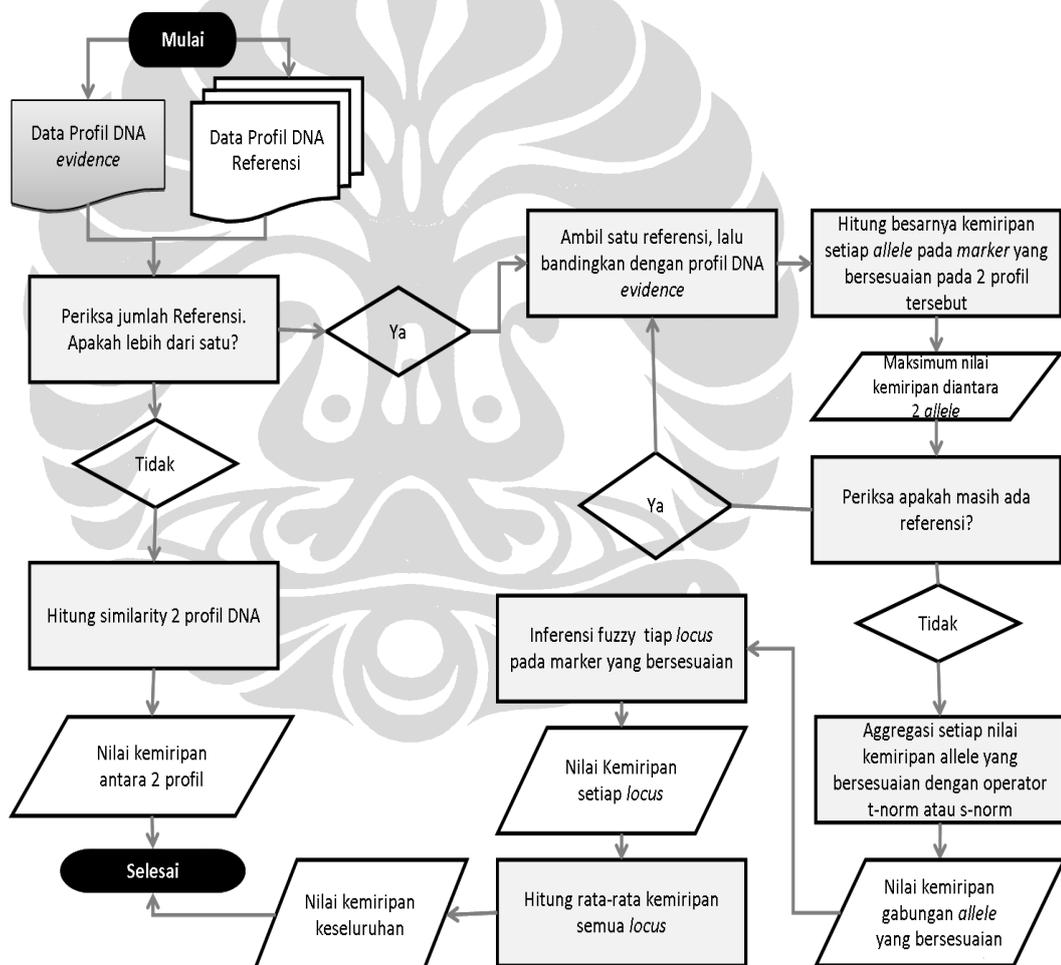
Gambar 3-6 Contoh tampilan hasil ‘Tes Kemiripan dengan Referensi’
Jika Pengguna telah memasukkan *input* yang benar dan Pengguna memilih tombol ‘Tes Kemiripan dengan Basidata’, maka sistem akan menampilkan Gambar 3-7.



Gambar 3-7 Contoh tampilan hasil ‘Tes Kemiripan dengan Basidata’

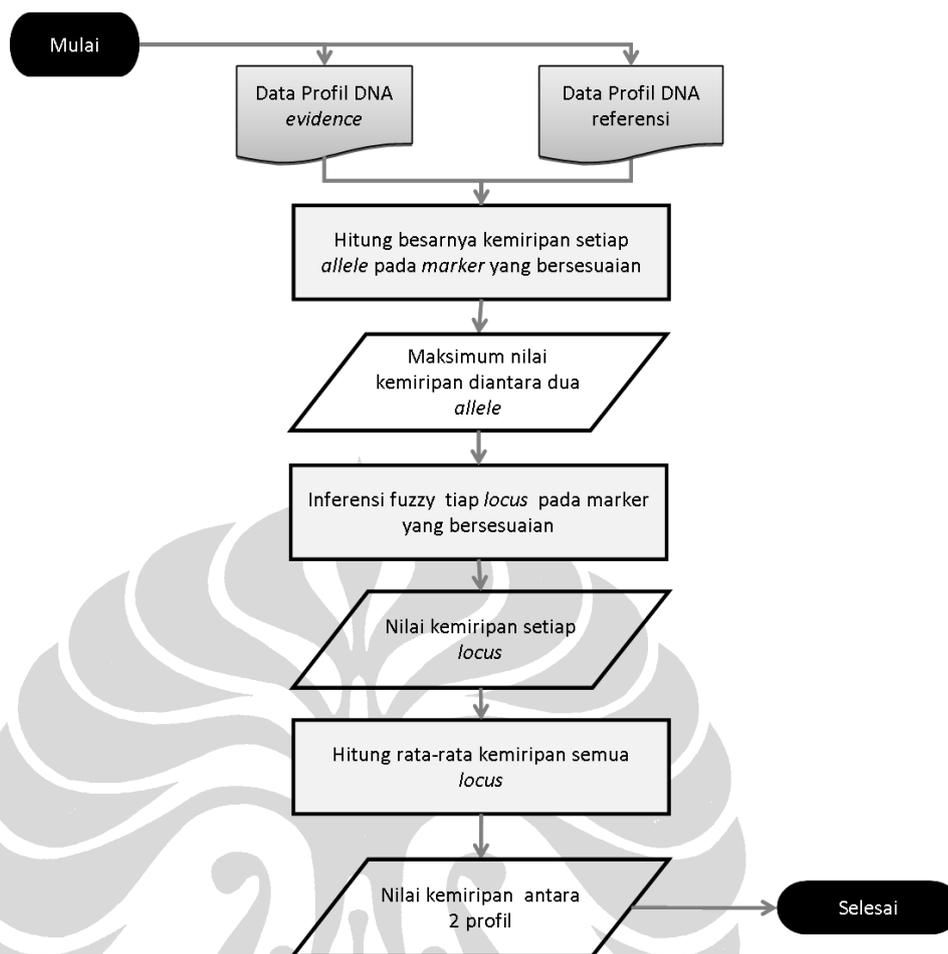
3.4. Pengukuran Kemiripan Profil DNA *Evidence* dengan Referensi

Telah dijelaskan sebelumnya pada pemrosesan sampel biologis manusia dapat diketahui profil DNA *evidence*. Pengukuran kemiripan profil DNA tersebut dengan referensi dilakukan untuk mengetahui apakah terdapat hubungan kekerabatan antara *evidence* dengan referensi. Untuk kasus pengukuran kemiripan antara ibu atau ayah dan anaknya, jika delapan dari lima belas locus mirip maka dapat dikatakan bahwa ibu atau ayah tersebut benar-benar orang tua biologis dari anak tersebut. Proses pengukuran ini kemiripan dapat dilihat pada Gambar 3-8 Alur penghitungan nilai kemiripan profil DNA *evidence* dengan referensi (bisa lebih dari satu)



Gambar 3-8 Alur penghitungan nilai kemiripan profil DNA *evidence* dengan referensi (bisa lebih dari satu)

Proses ini dimulai jika sudah diketahui data profil DNA *evidence* dan referensi. Setelah itu akan diperiksa jumlah referensi. Jika jumlah referensi hanya ada satu maka akan langsung dihitung nilai kemiripan antara dua profil DNA. Diagram alur proses ini dapat dilihat pada Gambar 3-9. Jika jumlah referensi lebih dari satu maka dibandingkan data profil DNA *evidence* dengan setiap data referensi, untuk mengetahui besarnya nilai kemiripan *allele* antara *allele evidence* dengan kedua *allele* referensi pada *marker* yang bersesuaian. Hal ini dilakukan berulang kali hingga tidak ada referensi yang belum dihitung nilai kemiripan *allele*-nya dengan profil DNA *evidence*. Dari himpunan nilai kemiripan pada *marker* yang bersesuaian tersebut akan dilakukan agregasi menggunakan operator *fuzzy*, sehingga diperoleh sebuah nilai tunggal. Pada kasus penghitungan kemiripan DNA ini, operator *fuzzy* yang sesuai untuk agregasi himpunan nilai kemiripan *allele* adalah operator t-norm (yang perilakunya seperti operator biner OR). Hal tersebut karena nilai kemiripan *allele* referensi yang satu dapat diperkuat dengan nilai kemiripan *allele* dari referensi yang lain. Untuk kasus tes kemiripan *allele* anak yang dibandingkan dengan ayah dan ibu misalnya jika *allele* tersebut anak tersebut tidak mirip dengan *allele* ayah, mungkin saja terjadi *allele* tersebut berasal dari ibu, dan berlaku sebaliknya. Nilai tunggal kemiripan *alleles* ini kemudian akan dijadikan sebagai masukan pada tahap inferensi *fuzzy* setiap *locus*. Dari proses tersebut akan dihasilkan lima belas nilai kemiripan *loci* (Amelogenin tidak dihitung karena merupakan kromosom seks). Setelah itu akan dihitung rata-rata kemiripan semua nilai *locus* sehingga didapatkan nilai kemiripan keseluruhan.

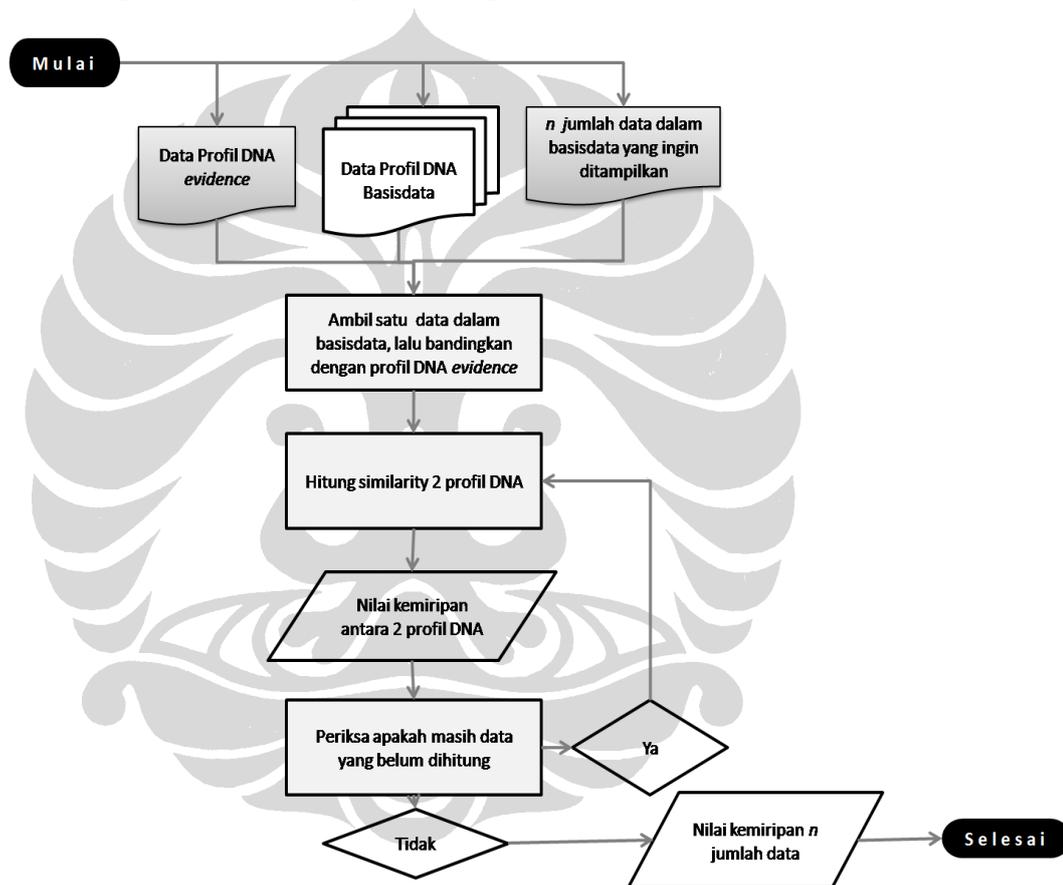


Gambar 3-9 Alur penghitungan nilai kemiripan dua profil DNA

Proses penghitungan kemiripan dua profil DNA dimulai dari data profil DNA *evidence* dan referensi yang merupakan masukan untuk proses penghitungan nilai kemiripan antara dua *allele* pada *marker* yang bersesuaian. Jadi setiap *allele evidence* akan dibandingkan dengan kedua *allele* referensi, kemudian yang akan digunakan pada tahap selanjutnya adalah nilai maksimum dari dua nilai kemiripan tersebut. Penghitungan ini akan dijelaskan pada subbab 3.6. Nilai kemiripan yang didapat ini kemudian menjadi masukan untuk proses inferensi *fuzzy* tiap *locus marker* yang bersesuaian. Proses inferensi *fuzzy* ini akan dijelaskan pada subbab 3.7. Dari proses tersebut akan dihasilkan lima belas nilai kemiripan *loci*. Tahap terakhir yaitu menghitung rata-rata nilai kemiripan semua *loci* tersebut sehingga didapat nilai kemiripan dua profil DNA.

3.5. Pencarian Profil DNA dalam Basisdata

Pencarian profil DNA dalam basisdata berguna untuk mencari profil DNA yang memiliki nilai kemiripan yang tinggi dengan profil DNA *evidence*. Pengguna sistem dapat menentukan jumlah data yang ditampilkan. Jika Pengguna memasukkan nilai 10, maka akan ditampilkan sepuluh profil DNA yang memiliki nilai kemiripan terbesar dibandingkan data lainnya. Alur kerja sistem dalam mencari profil DNA ini dapat dilihat pada Gambar 3-10.



Gambar 3-10 Alur pencarian profil DNA dalam basisdata

Profil DNA *evidence* dibandingkan dengan tiap profil yang ada dalam basisdata. Proses tersebut menggunakan proses penghitungan kemiripan dua profil DNA yang telah dijelaskan pada subbab 3.4. Setelah semua profil DNA dalam basisdata dibandingkan dengan profil DNA *evidence*, sistem akan mengurutkan himpunan

nilai kemiripan profil tersebut berdasarkan nilai terkecil hingga terbesar. Sistem kemudian akan menampilkan n jumlah data yang telah dipilih oleh Pengguna sebelumnya. Data tersebut merupakan n data terbesar.

3.6. Pengukuran Kemiripan Setiap *Allele* Profil DNA *Evidence* dengan Referensi

Penghitungan kemiripan profil DNA antar *evidence* dengan referensi dilakukan dengan pendekatan logika *fuzzy* sehingga nilai ini berada pada interval $[0, 1]$. Kemiripan pada level *allele* dihitung berdasarkan rumus yang digunakan pada [2]:

$$\frac{t}{1} = \frac{\frac{1}{2}(a3 - b1)}{(a3 - a2)}$$

dimana: posisi *allele* pertama < *allele* kedua

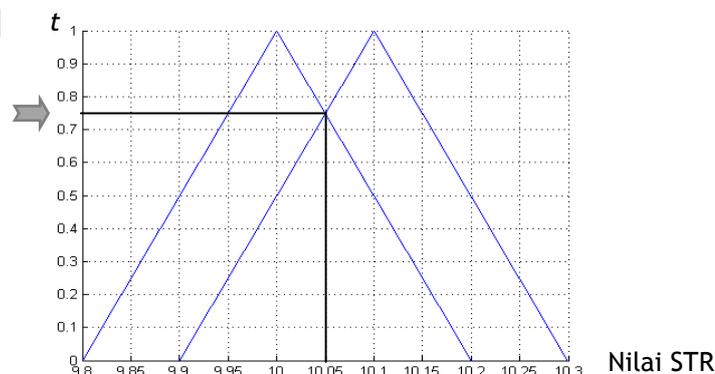
t = titik potong kedua *allele*

$a2$ = nilai STR dari *allele* pertama

$a3 = a2 + 0,2$

$b1$ = nilai STR *allele* kedua - 0,2

Jika t sebagai hasil dari perhitungan diatas bernilai negatif, maka t dianggap bernilai nol karena berarti tidak ada titik potong pada kedua nilai STR tersebut. Oleh karena itu, nilai t tetap berada pada interval $[0,1]$. Tampilan geometris penghitungan titik potong ini dapat dilihat pada Gambar 3-11.

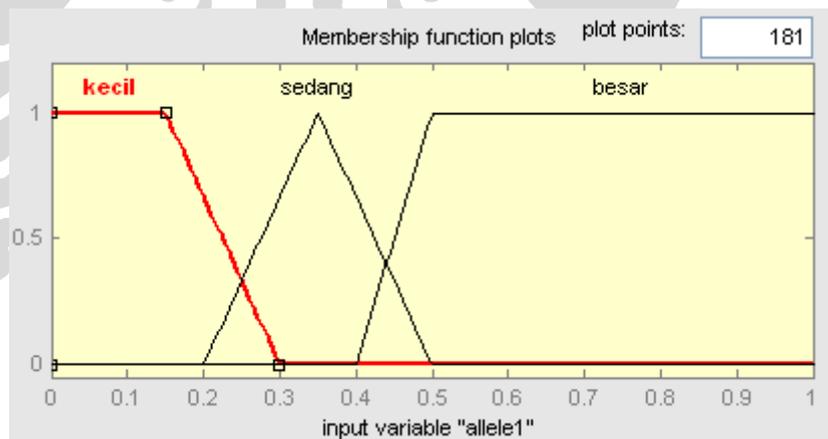


Gambar 3-11 Tampilan geometris hasil penghitungan nilai t , jika *allele* pertama bernilai 10 dan *allele* kedua bernilai 10.1

3.7. Inferensi Fuzzy Setiap Locus Profil DNA

Masukan untuk inferensi *fuzzy* adalah nilai kemiripan dua *allele* pada *locus* yang bersesuaian, serta hasilnya berupa nilai kemiripan setiap *locus* profil DNA. Metode yang digunakan dalam inferensi ini ada dua, yaitu metode Sugeno dan Mamdani. Dalam pengimplementasiannya yang berbeda dari kedua metode tersebut adalah teknik defuzzifikasi yang digunakan dan himpunan keanggotaan keluaran sistem inferensi *fuzzy* (dapat dilihat pada subbab 3.3). Persamaan pengimplementasiannya terletak pada jumlah masukan sistem inferensi *fuzzy*, himpunan keanggotaan masukan, dan aturan inferensi yang digunakan.

Masukan sistem inferensi *fuzzy* ada dua yaitu *allele1* dan *allele2*. Kedua *allele* tersebut memiliki himpunan keanggotaan yang sama [2]. Secara geometris, gambaran himpunan keanggotaannya dapat dilihat pada Gambar 3-12 Derajat keanggotaan kedua *allele* tersebut ditentukan dari nilai kemiripan yang dihasilkan pada tahap sebelumnya (subbab 3.7).



Gambar 3-12 Himpunan keanggotaan masukan *allele1* dan *allele2*

Terdapat sembilan aturan *fuzzy* yang digunakan, aturan ini dapat dilihat pada Gambar 3-13.

```
1. If (allele1 is kecil) and (allele2 is kecil) then (output1 is rendah) (1)
2. If (allele1 is kecil) and (allele2 is sedang) then (output1 is rendah) (1)
3. If (allele1 is kecil) and (allele2 is besar) then (output1 is sedang) (1)
4. If (allele1 is sedang) and (allele2 is kecil) then (output1 is rendah) (1)
5. If (allele1 is sedang) and (allele2 is sedang) then (output1 is sedang) (1)
6. If (allele1 is sedang) and (allele2 is besar) then (output1 is sedang) (1)
7. If (allele1 is besar) and (allele2 is kecil) then (output1 is sedang) (1)
8. If (allele1 is besar) and (allele2 is sedang) then (output1 is sedang) (1)
9. If (allele1 is besar) and (allele2 is besar) then (output1 is tinggi) (1)
```

Gambar 3-13 Aturan *fuzzy* (*Fuzzy Rules*)

