

Abstrak

Tugas akhir ini berupaya menganalisis metode pengukuran kemiripan dan perbedaan rantai DNA dengan menggunakan dasar *fuzzy* genom dan ruang *fuzzy* polinukleotida. Analisis dilakukan dengan cara menerapkan metode yang dianalisis dalam sebuah aplikasi sederhana dalam bahasa pemrograman JAVA. Aplikasi yang dibuat bertujuan dapat memberikan nilai kemiripan dan perbedaan dua rantai DNA. Sampel data yang diambil adalah rantai DNA virus influenza yang telah dipetakan genomnya serta telah diketahui subtipe. Virus yang menjadi pembanding utama yaitu virus influenza dengan subtype H5N1. Selain itu, data yang diambil yaitu virus-virus lain yang tersedia juga di dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Hasil menunjukkan bahwa virus dengan tipe yang sama yaitu virus influenza memiliki nilai kemiripan yang lebih besar dan jarak yang kecil. Pengukuran yang dilakukan tidak mampu membedakan subtype sesama virus influenza. Akan tetapi, pengukuran virus influenza dengan jenis virus lainnya memiliki nilai kemiripan yang relatif lebih rendah dan jarak yang jauh. Hasil tersebut memungkinkan untuk membedakan virus influenza dengan jenis virus lain. Metode yang digunakan dapat digunakan sebagai salah satu ciri untuk mengklasifikasi jenis virus tertentu.

Kata kunci: Pengukuran Kemiripan DNA, Fuzzy Genom, Perbandingan Rantai DNA.

Abstract

This thesis attempts to analyze the methods to measure similarity and distance between DNA sequences based on the theory of fuzzy genomes and fuzzy polynucleotide spaces. The analyzing is done using an application coded by JAVA language. The application implements the methods to measure similarity and distance between two DNA sequences. Influenza virus which its genomes has already been mapped and subtype known is used as sample data. The main DNA sequence comparator is the DNA of influenza virus with subtype H5N1. Besides that, other virus data is taken from same source (NCBI - National Center for Biotechnology Information) as samples. The results show that viruses with same type have high similarity value and low distance value. The measure cannot classify subtype in influenza virus. However, the measurements of influenza virus with other kind of virus have relatively low similarity value and high distance value. This result creates a possibility to differ virus influenza and other virus. The methods can be used as a feature for virus classification.

Keywords: DNA Similarity Measure, Fuzzy Genomes, DNA Sequence Comparison.