

BAB I PENDAHULUAN

Bab ini menjelaskan mengenai gambaran umum keseluruhan penelitian yang telah dilakukan. Penjelasan mengenai latar belakang, tujuan, ruang lingkup penelitian dan metodologi penelitian. Pada bab ini juga dijelaskan mengenai sistematika penulisan laporan tugas akhir ini.

I.1. Latar Belakang

Perkembangan ilmu pengetahuan genetika menghasilkan informasi yang lebih rinci mengenai makhluk hidup melalui DNA (*deoxyribonucleic acid*). DNA adalah sebuah materi pembentuk kehidupan yang memuat banyak informasi biologis. DNA terdiri dari empat buah basa penyusunnya yaitu: T (*thymine*), C (*cytosine*), A (*adenine*) dan G (*Guanin*). Model DNA pertama kali dikenalkan oleh Watson dan Crick pada 1953 [WAT53]. Walaupun hanya terdiri dari empat macam, namun kombinasi keempatnya dapat menghasilkan kombinasi yang sangat kompleks dalam memuat informasi genetik makhluk hidup. Keseluruhan DNA pada satu makhluk hidup yang telah dipetakan disebut dengan genom.

Rantai genom dapat memberikan gambaran utuh sebuah makhluk hidup. Pertama kali genom yang berhasil dipetakan adalah sebuah bakteri bernama *Haemophilus influenzae* pada tahun 1995[KOO03]. Berikutnya, pada tahun 2003, proyek pemetaan genom manusia (*human genome project*) telah berhasil memetakan Genom manusia. Genom terdiri dari rantai DNA yang sangat besar, mulai dari beberapa juta pasang pada *prokariotes* hingga miliaran pada *eukariotes*. Sebagai contoh, genom *Wolbachia*, sebuah bakteri yang tentunya sangat kecil ternyata memiliki 126 juta pasang DNA. *Arabidopsis thaliana*, a sebuah tumbuhan memiliki 120 juta pasang DNA, dan genom manusia memiliki 3,2 Miliar pasang DNA.

Dalam mengatur informasi yang kompleks dalam makhluk hidup tersebut dibutuhkan sebuah teknologi. Teknologi tersebut dipelajari dalam sebuah bidang ilmu baru yang disebut bioinformatika. Bioinformatika adalah sebuah ilmu yang mempelajari mengenai aplikasi berbasis teknologi komputer untuk mengatur informasi biologi [JEN09]. Bioinformatika saat ini dalam proses tahap awal

menggabungkan atau mengintegrasikan banyak aspek dan ilmu dalam berbagai macam bidang seperti biologi, kedokteran, ilmu komputer, teknik industri, kimia, fisika dan matematika. Bioinformatika memiliki ruang lingkup permasalahan yang sangat luas untuk dipelajari lebih lanjut. Menurut Jena et al [JEN09], beberapa permasalahan tersebut diantaranya:

- Perbandingan dan *alignment* rantai DNA, RNA dan protein.
- Pemetaan gen dalam kromosom.
- Pencarian gen dan identifikasi *promoter* dari rantai DNA.
- Interpretasi dari *ekspresi* gen dan data *micro-array*
- Pembuatan pohon *phylogenetic* untuk mempelajari hubungan evolusi.
- Prediksi struktur DNA.
- Prediksi struktur RNA.
- Prediksi struktur protein dan klasifikasinya.

Salah satu permasalahan yang disebutkan adalah perbandingan rantai DNA, RNA dan protein. Hal ini dibutuhkan sebagai salah satu cara untuk menggali informasi yang terkandung dalam DNA. Besarnya data yang dibuat oleh rantai DNA menjadikan hal ini merupakan tantangan yang tidak mudah untuk melakukan analisis.

Data DNA memiliki sifat ketidakpastian yang cukup tinggi. Tingkat ketidakpastian ini dapat dipecahkan dengan pendekatan logika *fuzzy*. Beberapa penelitian mengenai pengukuran kesamaan dan perbedaan rantai DNA dengan pendekatan berbasis himpunan *fuzzy* telah dilakukan. Dr. Sadegh-Zadeh memperkenalkan representasi rantai DNA sebagai himpunan *fuzzy* [SAD00]. Teori pengukuran kemiripan dan perbedaan antara dua rantai DNA berdasarkan himpunan *fuzzy* diperkenalkan oleh Nieto et al [TOR02, NIE06]. Kemudian perdebatan dari metode perbandingan yang dilakukan oleh Nieto et al [SAD07, TOR07].

I.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang masalah yang telah disampaikan, Beberapa rumusan masalah dibuat untuk pelaksanaan tugas akhir ini. Beberapa rumusan masalah itu yakni:

1. Ciri-ciri apa saja yang dapat digunakan untuk menentukan tingkat kemiripan atau perbedaan rantai DNA?
2. Bagaimana menghitung tingkat kemiripan dari dua buah rantai DNA yang dibandingkan?
3. Dapatkah pengukuran kemiripan DNA menjadi salah satu acuan untuk klasifikasi jenis organisme?

I.3. Tujuan

Tujuan penelitian tugas akhir yang dilakukan yaitu:

1. Mendapatkan sebuah metode yang dapat mengukur nilai kemiripan dua rantai DNA.
2. Mengembangkan sebuah sistem sederhana yang mengimplementasikan metode untuk mengukur kemiripan dua rantai DNA.

I.4. Ruang Lingkup

Penelitian tugas akhir yang dilakukan dibatasi dalam ruang lingkup sebagai berikut:

1. Teknologi pengambilan DNA atau anekaragam cara tes mendapatkan DNA tidak dalam bagian penelitian ini. Data yang didapatkan dianggap sudah valid.
2. Kesamaan fungsi dari struktur DNA yang mirip tidak menjadi bahasan dalam penelitian ini.
3. Nilai kesamaan dua buah rantai dilihat dari komposisi nukleotida penyusun rantai tersebut.
4. DNA yang dibandingkan hanya mengambil *single strand* dari DNA, tidak memperhatikan susunan *double helix*.

I.5. Metodologi Penelitian

Metodologi yang digunakan melalui beberapa tahapan penelitian. Tahapan penelitian yang dilakukan dalam menyelesaikan tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

1. Tahap pertama yaitu mempelajari penelitian terkait. Beberapa penelitian terkait yang mempelajari pemberian nilai kesamaan pada rantai DNA dipelajari.
2. Tahapan kedua mengumpulkan dan mempelajari data. Pengumpulan data dilakukan secara online dengan merujuk pada penelitian-penelitian yang berfokus pada bioinformatik. Analisis struktur data yang digunakan dilakukan terhadap data yang telah berhasil dikumpulkan.
3. Tahap ketiga yaitu pengembangan sistem untuk melakukan eksperimen. Pengembangan sistem berpedoman pada data yang dimiliki, kebutuhan yang dimiliki dan hasil yang ingin dicapai.
4. Tahapan keempat melakukan eksperimen dengan sistem yang telah dibuat dan data yang tersedia.
5. Tahapan kelima yang merupakan tahapan terakhir melakukan analisis terhadap hasil uji coba, serta melakukan evaluasi terhadap metode yang digunakan.

I.6. Sistematika Penulisan Laporan

Laporan ini disusun dalam beberapa bab, diantaranya:

Bab I. Pendahuluan

Bab ini menjelaskan mengenai gambaran umum keseluruhan penelitian yang telah dilakukan. Penjelasan mengenai latar belakang, tujuan, ruang lingkup penelitian dan metodologi penelitian. Pada bab ini juga dijelaskan mengenai sistematika penulisan laporan tugas akhir ini.

Bab II Landasan Teori

Bab ini menjelaskan tentang berbagai teori yang digunakan untuk melakukan penelitian ini. Penjelasan meliputi teori himpunan *fuzzy*, pengukuran *fuzzy*, DNA

sebagai himpunan *fuzzy* serta perhitungan ruang vektor polinukleotida. Selain itu, bab ini menjelaskan pengenalan mengenai DNA.

Bab III Implementasi

Dalam bab ini dijelaskan mengenai implementasi sistem yang dikembangkan untuk melakukan percobaan terhadap metode yang diteliti. Penjelasan meliputi perangkat keras, perangkat lunak, alur kerja sistem dan implementasi sistem pengukuran kemiripan DNA.

Bab IV Uji Coba dan Analisis

Bab ini menjelaskan hasil uji coba yang dilakukan dengan menggunakan sistem yang dibuat. Penjelasan meliputi data yang digunakan, skenario uji coba dan hasil uji coba beserta analisis dari hasil uji coba yang telah dilakukan.

Bab V Penutup

Bab ini menjelaskan kesimpulan dan saran. Pada bagian kesimpulan dijelaskan hasil yang diperoleh dari tugas akhir ini. Bagian saran berisikan saran-saran yang dapat digunakan untuk pengembangan lebih lanjut penelitian ini.