



Hak cipta dan penggunaan kembali:

Lisensi ini mengizinkan setiap orang untuk menggubah, memperbaiki, dan membuat ciptaan turunan bukan untuk kepentingan komersial, selama anda mencantumkan nama penulis dan melisensikan ciptaan turunan dengan syarat yang serupa dengan ciptaan asli.

Copyright and reuse:

This license lets you remix, tweak, and build upon work non-commercially, as long as you credit the origin creator and license it on your new creations under the identical terms.

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

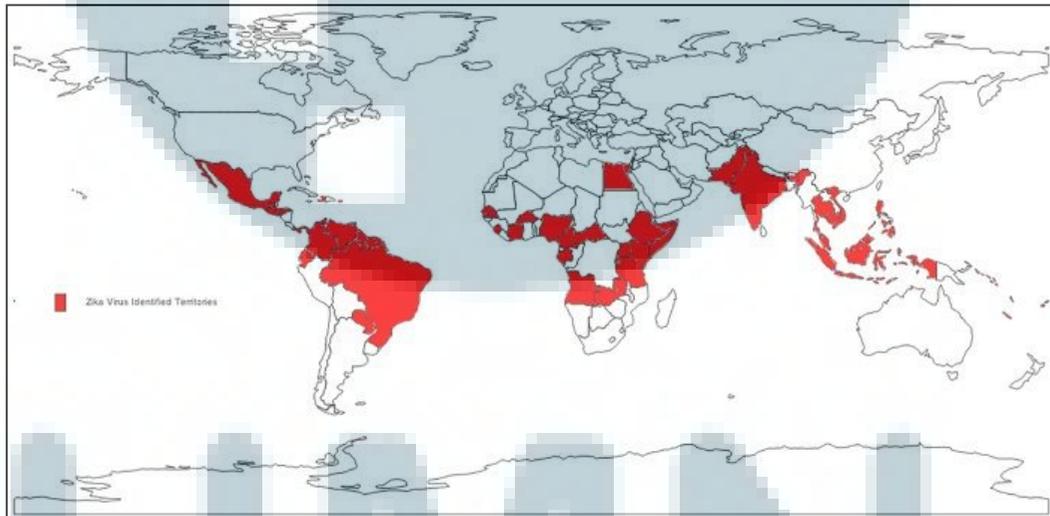
Pengenalan pola dengan penjajaran sekuen telah menjadi pokok permasalahan sendiri dalam bidang bioinformatika. Jerald dan Nair (2012) menggunakan teknik penjajaran sekuen untuk mengetahui tingkat keefektifan vaksin virus H1N1. Muhire dkk. (2013) menggunakan penjajaran sekuen untuk mengidentifikasi karakteristik *Mastrevirus* yang menjangkit tumbuhan monokotil. Penelitian menggunakan penjajaran sekuen bertujuan untuk mengidentifikasi pola sebuah virus sehingga dapat ditentukan upaya yang efektif untuk mengatasi virus tersebut.

Berdasarkan *timeline* yang disusun oleh Reuters (2016), *outbreak* besar pertama terjadi di Kepulauan Yap, Micronesia, pada tahun 2007. Selanjutnya, berdasarkan *timeline* yang sama, terjadi *outbreak* di Brazil pada tahun 2015 sehingga membuat Brazil mengumumkan *national public health emergency*.

Pada 22 Januari 2016, Centers for Disease Control and Prevention mengaktifkan *Incident Management System* dan mengupayakan penanggulangan terhadap *outbreak* virus Zika di Benua Amerika dan melaporkan adanya kasus *microcephalus* dan *Guillain-Barré syndrome* di daerah yang terpengaruh virus Zika. Pada 1 Februari 2016, World Health Organization (WHO) mengumumkan *Public Health Emergency of International Concern* (PHEIC) karena banyaknya kasus cacat lahir dan gangguan pada sistem saraf di area yang terpengaruh oleh virus Zika. Pengumuman ini bertujuan untuk meningkatkan *awareness* warga dunia terhadap virus Zika.

World Health Organization (2016) mendefinisikan virus Zika (*Zika virus*) sebagai sebuah virus dari genus *Flavivirus* yang umumnya tersebar melalui nyamuk *Aedes*. Virus ini pertama kali ditemukan pada monyet *Rhesus* di Uganda (1947). Lima tahun setelahnya, virus ini ditemukan pertama kali pada manusia yaitu di Uganda dan Republik Tanzania.

Berdasarkan peta persebaran virus Zika pada Gambar 1.1, terlihat bahwa Indonesia juga menjadi salah satu negara yang terkena dampak dari virus Zika. Meskipun belum terdapat kasus *outbreak* di Indonesia, ada baiknya jika langkah preventif dilakukan. Salah satunya adalah dengan mengidentifikasi pola virus Zika yang mulai muncul di Indonesia, agar sumber virus dapat segera diketahui sehingga dapat ditentukan upaya pencegahan yang efektif.



Gambar 1.1 Peta persebaran virus Zika
(National Center for Biotechnology Information, 2016)

Penjajaran global sekuen nukleotida menggunakan algoritma Needleman-Wunsch telah dilakukan sebelumnya oleh Zen dkk. (2006) untuk mendeteksi hubungan kekerabatan antara dua orang. Dalam penelitian ini, terdapat perbandingan kompleksitas antara algoritma Needleman-Wunsch dan algoritma Brute Force. Hasilnya, algoritma Needleman-Wunsch lebih efektif daripada algoritma Brute Force.

Penelitian selanjutnya yang dilakukan oleh Himawan (2013) adalah melakukan penjajaran lokal sekuen DNA menggunakan algoritma Smith-Waterman. Untuk meningkatkan akurasi, saran yang diberikan oleh Himawan untuk penelitian selanjutnya adalah mencoba menggabungkan penggunaan dari penjajaran lokal dan penjajaran global.

Berdasarkan latar belakang dan penelitian-penelitian sebelumnya, akan dilakukan penjajaran sekuen antara virus Zika dari Indonesia dan virus Zika dari negara selain Indonesia. Penjajaran sekuen ini akan menggunakan dua algoritma, yaitu algoritma Needleman-Wunsch untuk penjajaran global dan algoritma Smith-Waterman untuk penjajaran lokal. Penjajaran ini akan menghasilkan keluaran berupa nilai kemiripan, dalam bentuk skor penjajaran (*score*) dan persentase kemiripan (*identity*), antara virus Zika dari Indonesia dan virus Zika dari negara selain Indonesia.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Bagaimana cara mengimplementasikan algoritma Needleman-Wunsch dan Smith-Waterman dalam penjajaran sekuen virus Zika?
2. Berapa *score* dan *identity* hasil penjajaran antara virus Zika dari Indonesia dan virus Zika dari negara selain Indonesia?

1.3 Batasan Masalah

Batasan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Data yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari GenBank NCBI.
2. Seluruh sekuen yang diujarkan telah teridentifikasi mengandung virus Zika.
3. Ukuran sekuen yang diujarkan tidak harus sama.
4. Proses penjajaran dilakukan antara virus Zika yang ditemukan di Indonesia dengan virus Zika yang ditemukan di negara selain Indonesia.

1.4 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengimplementasikan algoritma Needleman-Wunsch dan Smith-Waterman dalam penjajaran sekuen virus Zika.
2. Mendapatkan *score* dan *identity* hasil penjajaran antara virus Zika dari Indonesia dan virus Zika dari negara selain Indonesia.

1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Bagi peneliti, dapat dijadikan sebagai sarana untuk mengimplementasikan algoritma penjajaran global Needleman-Wunsch dan algoritma penjajaran lokal Smith-Waterman pada penjajaran sekuen virus Zika.
2. Bagi praktisi kesehatan, dapat menggunakan informasi kemiripan virus Zika di Indonesia dengan virus Zika di negara lain untuk analisis medis selanjutnya.

1.6 Sistematika Penulisan

Sistematika penulisan yang digunakan pada penulisan skripsi ini adalah sebagai berikut.

1. BAB I PENDAHULUAN

Bab ini berisi latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan penelitian, manfaat penelitian, dan sistematika penulisan.

2. BAB II LANDASAN TEORI

Pada bab ini, dijelaskan teori-teori dan konsep dasar yang berkaitan dengan penelitian yang dilakukan. Teori-teori yang dijelaskan tersebut meliputi penyakit Zika, nukleotida, penjabaran sekuen, algoritma Needleman-Wunsch, algoritma Smith-Waterman, National Center for Biotechnology Information (NCBI), Basic Local Alignment Search Tool (BLAST), dan algoritma *k-means clustering*.

3. BAB III METODOLOGI DAN PERANCANGAN

Bab ini berisi penjabaran metode penelitian dan rancangan dari sistem yang dibangun. Hal ini meliputi penjabaran metode penelitian, variabel penelitian, teknik pengumpulan data, dan rancangan sistem.

4. BAB IV IMPLEMENTASI DAN UJI COBA

Pada bab ini, dijelaskan mengenai implementasi dan pengujian dari penelitian yang dilakukan, sekaligus menjabarkan data hasil pengujian.

5. BAB V SIMPULAN DAN SARAN

Bab ini berisi simpulan dari hasil penelitian yang telah dilakukan, serta saran untuk penelitian lebih lanjut.