

# Algoritma Pencarian untuk Pemetaan Kecocokan pada Program Pertukaran Ginjal

Fazat Nur Azizah  
fazat@informatika.org

Ardian Umam  
ardian@informatika.org

Leonardo  
leonardow41@gmail.com

**Abstrak**—Sebelum transplantasi ginjal dilakukan, pendonor dan pasien calon penerima ginjal harus merupakan pasangan yang cocok. Faktanya, tidak jarang ketidakcocokan terjadi di antara pasangan donor-resipien, menimbulkan masalah ketersediaan ginjal. Untuk menyelesaikan masalah ketersediaan ini, Program Pertukaran Ginjal (*Kidney Exchange program*) diciptakan agar pasangan-pasangan ketidakcocokan dapat melakukan pertukaran ginjal dengan pasangan ketidakcocokan lainnya, membuat pendonoran silang. Namun karena sangat banyaknya pasangan ketidakcocokan, mencari pemetaan kecocokan dari sekumpulan pasangan ketidakcocokan bukanlah hal yang mudah. Oleh karena itu, algoritma pencarian pemetaan kecocokan dibuat. Algoritma yang sudah ada, *Edmond's Algorithm*, tidaklah optimal karena sifatnya yang menutup kemungkinan terjadinya pertukaran tiga arah atau lebih. Pada paper ini, dengan modifikasi algoritma pencarian pemetaan kecocokan dua arah yang sudah ada, diimplementasikan algoritma pencarian pemetaan kecocokan  $N$  arah. Berdasarkan hasil pengujian, menggunakan data berisikan 3000 pasangan ketidakcocokan, terbukti bahwa algoritma  $N$  arah adalah algoritma yang superior dibandingkan dengan algoritma dua arah apabila diukur menggunakan metrik efisiensi pencocokan (*matching efficiency*). Peningkatan efisiensi pencocokan yang didapatkan secara rata-rata mencapai 7.75% jika dibandingkan dengan efisiensi pencocokan yang didapatkan oleh *Edmond's Algorithm*.

**Kata Kunci**—transplantasi ginjal, pertukaran ginjal, algoritma pencarian pemetaan kecocokan

## I. PENDAHULUAN

Transplantasi ginjal merupakan metode perawatan yang paling direkomendasikan untuk penyakit-penyakit ginjal yang serius [1]. Setiap tahunnya, di Indonesia sendiri, terdapat lebih dari 100,000 pasien yang memiliki kebutuhan ginjal transplan. Namun hanya sekitar 20% dari pasien-pasien tersebut yang bisa mendapatkan transplantasi [2]. Hal ini terjadi karena adanya masalah finansial, pandangan masyarakat, dan yang paling umum, masalah ketersediaan. Meskipun jumlah pendonor setiap tahunnya semakin meningkat [3], masalah ketersediaan ginjal tetaplah ada dikarenakan oleh banyaknya kriteria medis yang harus dipenuhi oleh pasangan donor-resipien sebelum operasi dapat dilakukan [2]. Pendonor harus memiliki ginjal yang sehat, golongan darah yang cocok dengan resipien, dan tidak memiliki penyakit yang dapat menular melalui darah. Selain itu, sistem imun dari pasien juga harus dapat menerima ginjal pendonor tanpa membunuh ginjal yang bersangkutan.

### A. Transplantasi Ginjal

Terdapat beberapa buah pengujian yang harus dilalui sebelum transplantasi ginjal dapat dilakukan [4]. Uji golongan

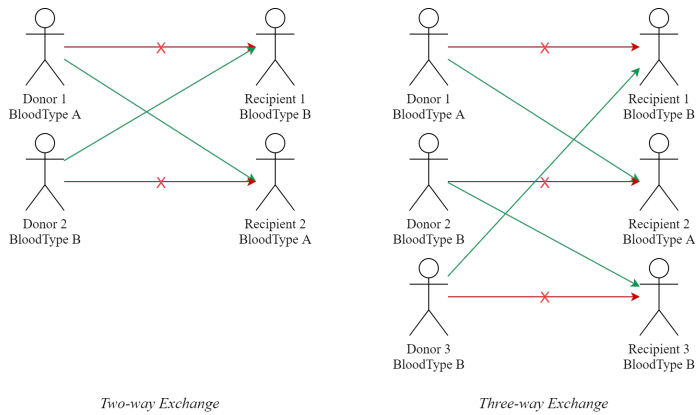
Tabel I  
KOMPATIBILITAS GOLONGAN DARAH PENERIMA DAN PEMBERI DONOR GINJAL [5]

Resipien \ Donor	O	A	B	AB
O	1	0	0	0
A	1	1	0	0
B	1	0	1	0
AB	1	1	1	1

darah dilakukan untuk donor dan juga resipien. Seorang pendonor hanya dapat melakukan pendonoran apabila golongan darah pendonor bersifat cocok dengan golongan darah resipien. Seperti yang dapat dilihat pada Tabel I, angka 1 mengindikasikan kecocokan dan angka 0 mengindikasikan ketidakcocokan. Pendonor dengan golongan darah O merupakan *Universal Donor* karena dapat melakukan donor ke semua golongan darah. Resipien dengan golongan darah AB merupakan *Universal Recipient* karena dapat menerima donor dari semua golongan darah [6]. Uji imunitas dilakukan setelah pasangan donor-resipien melewati uji golongan darah [4]. Terdapat dua jenis pengujian yang dilakukan, yaitu uji silang dan uji *Human Leucocyte Antigen* (HLA). Pada uji silang, darah pendonor dipertemukan dengan darah resipien untuk melihat terjadinya penggumpalan atau tidak. Penggumpalan terjadi apabila sistem imun dari resipien menganggap darah dari pendonor merupakan benda asing yang harus dieksterminasi [7]. Uji HLA juga dilakukan untuk menguji perlawanan dari sistem imun pasien terhadap ginjal pendonor, namun digunakan sel tisu dari pendonor dan resipien melainkan darah [8]. Setelah semua pengujian selesai, uji serologi dilakukan pada pendonor untuk menguji apakah terdapat penyakit yang dapat menular melalui darah pada pendonor [7].

### B. Program Pertukaran Ginjal

Karena banyaknya pasangan donor-resipien yang tidak cocok akibat prasyarat-prasyarat transplantasi, program pertukaran ginjal bernama *Kidney Paired Donation* (KPD) diciptakan agar pasangan donor-resipien ketidakcocokan dapat mempertukarkan ginjal dengan pasangan ketidakcocokan lainnya, membuat pendonoran silang menjadi mungkin [5]. Per-



Gambar 1. Pertukaran dua arah(kiri) dan tiga arah(kanan) pada Program Pertukaran Ginjal

tukaran ginjal antar-pasangan dapat dilakukan secara dua arah, tiga arah, dan dapat dilakukan hingga  $N$  arah.

Karena banyaknya pasangan ketidakcocokan, rumah sakit-rumah sakit tidak dapat secara mudah mendapatkan solusi pencocokan yang optimal untuk sekumpulan pasangan-pasangan ketidakcocokan. Dibutuhkan algoritma untuk mencari pemetaan kecocokan. Salah satu algoritma yang diketahui untuk menyelesaikan permasalahan ini adalah *Edmond's Algorithm* [5]. Pada *Edmond's Algorithm*, kumpulan pasangan ketidakcocokan direpresentasikan dengan suatu graf dengan setiap simpul yang adalah pasangan ketidakcocokan dan sisi yang merupakan arah pencocokan antar-pasangan yang mungkin. Algoritma ini berfokus untuk mencari kecocokan terlebih dahulu untuk pasangan-pasangan dengan prioritas tinggi sehingga pasien-pasien yang lebih membutuhkan transplantasi dapat mendapatkan pertukaran terlebih dahulu. Algoritma lain pada lingkup kerja ini adalah algoritma *First Accept Heuristic Match* [5] yang menggunakan heuristik dimana pasangan yang registrasi lebih dulu akan mendapatkan kecocokan terlebih dahulu.

Algoritma-algoritma ini dinamakan algoritma pencarian pemetaan kecocokan. Bagus atau tidaknya algoritma-algoritma ini diukur menggunakan metrik performa Efisiensi Pencocokan dan Waktu Eksekusi Algoritma [9]. Efisiensi pencocokan merepresentasikan berapa banyaknya pasangan yang mendapatkan kecocokan dari semua pasangan yang ada, ditulis dalam bentuk persentase. Waktu Eksekusi Algoritma adalah metrik yang mengukur seberapa lama waktu jalannya algoritma dimulai dari *input* masuk hingga *output* keluar, diukur dalam milisekon (ms). Algoritma pencarian pemetaan kecocokan terbaik merupakan algoritma yang mampu menghasilkan efisiensi pencocokan yang tinggi dalam waktu eksekusi yang singkat, yang berarti lebih banyak pasien yang lebih dapat terselamatkan secepat mungkin.

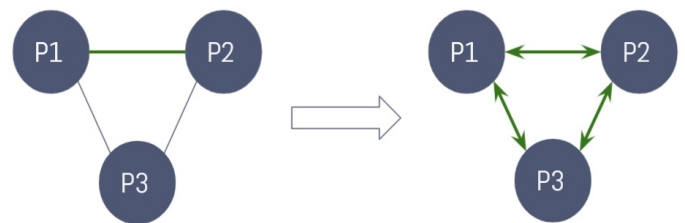
Meskipun *Edmond's Algorithm* dan *First Accept Heuristic Match* sudah ada, algoritma-algoritma tersebut hanya dapat mengembalikan pertukaran dua arah. Hal ini merupakan suatu batasan karena algoritma-algoritma ini menutup kemungkinan dicarikkannya solusi dengan pertukaran tiga arah atau lebih.

## II. METODOLOGI

Berdasarkan masalah-masalah dari algoritma yang sudah dijelaskan pada bab sebelumnya, dibutuhkan algoritma pencarian pemetaan kecocokan  $N$  arah untuk kumpulan pasangan ketidakcocokan. Dengan memodifikasi algoritma-algoritma yang ada, algoritma-algoritma baru dapat dibuat.

### A. Modifikasi-modifikasi untuk Algoritma yang sudah ada

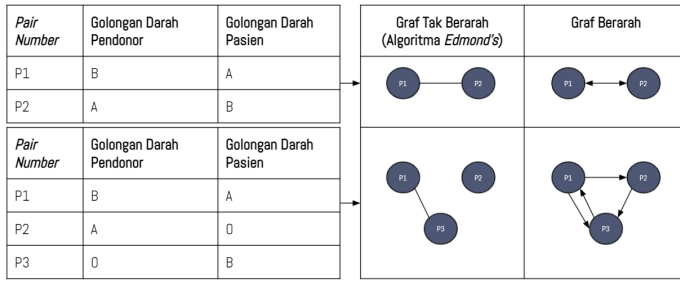
Sebelum algoritma baru dibuat, struktur data dari kumpulan pasangan ketidakcocokan perlu didefinisikan ulang. Graf Kompatibilitas yang digunakan pada *Edmond's Algorithm* adalah graf tak berarah [5], yang berarti sisi pada graf merepresentasikan kecocokan antara dua simpul, sehingga untuk mencari kecocokan antar pasangan, algoritma hanya perlu mendeteksi sisi pada graf kompatibilitas yang sudah ada. Hal ini menutup kemungkinan terdeteksinya kecocokan tiga arah atau lebih. Apabila dilakukan modifikasi untuk digunakan algoritma deteksi siklus dan bukan deteksi sisi untuk menggantikan ini, algoritma-algoritma yang sudah ada akan mampu mendeteksi kecocokan  $N$  arah. Seperti yang dapat dilihat pada Gambar 2, dengan data yang sama, dengan menggantikan algoritma deteksi sisi dengan deteksi siklus, kecocokan tiga arah dapat terdeteksi sehingga efisiensi pencocokan yang didapat meningkat, membuahkan hasil yang lebih baik.



Gambar 2. Deteksi Sisi(kiri) vs. Deteksi Siklus(kanan) pada Graf Kompatibilitas

Meskipun dengan mengubah deteksi sisi menjadi deteksi siklus berpotensi meningkatkan efisiensi pencocokan, hal ini tentunya tidak cukup. Perlu diperhatikan bahwa siklus-siklus yang didapatkan dari graf adalah siklus bolak-balik. Apabila graf kompatibilitas yang merupakan graf tak berarah dapat diubah menjadi graf berarah, siklus-siklus satu arah pada graf juga dapat dideteksi dan dikembalikan, yang secara tidak langsung menambahkan jumlah graf yang dikembalikan, sehingga berpotensi meningkatkan efisiensi pencocokan seperti yang dapat dilihat pada gambar 3. Graf tak berarah sendiri adalah struktur data yang terdiri dari sekumpulan simpul dan dihubungkan oleh sisi, dimana setiap sisi memiliki arah yang menunjukkan arah pergerakan yang dapat dilakukan dari suatu simpul ke simpul-simpul lainnya [10]. Algoritma deteksi siklus untuk graf berarah digunakan untuk mencari keberadaan jalur satu arah dari suatu simpul yang kembali ke simpul mulai pada graf [11].

Algoritma deteksi siklus yang digunakan berbeda dengan algoritma deteksi siklus pada umumnya yang mendeteksi apakah suatu graf memiliki siklus atau tidak (True/False question). Pada implementasi ini, algoritma akan mengumpulkan



Gambar 3. Graf Kompatibilitas Tak Berarah vs. Berarah

dan mengembalikan semua siklus yang dapat terbentuk dari suatu graf kompatibilitas. Setiap siklus pada list siklus yang dikembalikan adalah pertukaran ginjal yang mungkin terjadi karena bersifat cocok antar-pasangan. Panjang dari siklus merepresentasikan  $N$  pada pertukaran  $N$  arah (cth. siklus sepanjang 3 merepresentasikan pertukaran tiga arah). Modifikasi ini dilakukan dengan harapan jumlah siklus yang didapatkan akan meningkat niscaya meningkatkan efisiensi pencocokan, agar lebih banyak pasien yang dapat terselamatkan.

#### B. Algoritma Pencarian Pemetaan Kecocokan $N$ arah

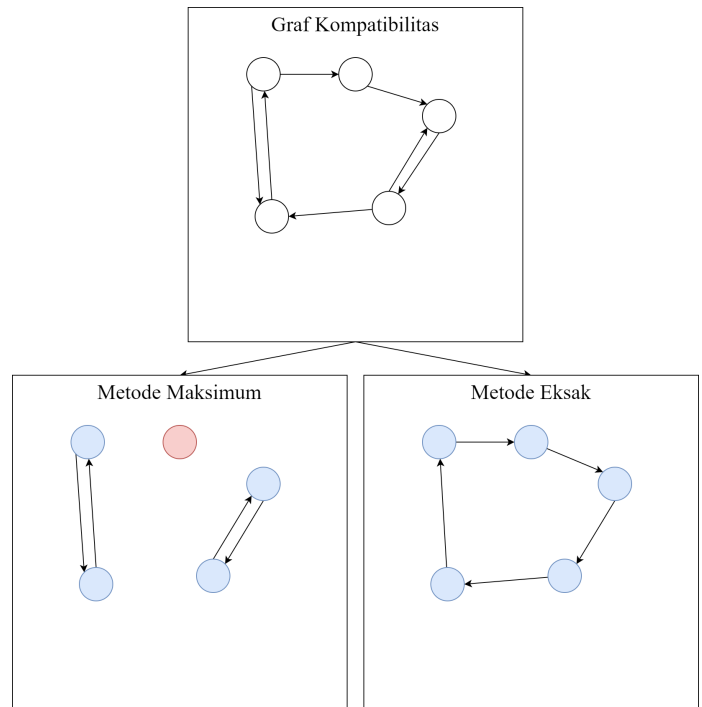
Dengan kompatibilitas graf yang berarah dan juga algoritma deteksi siklus, algoritma pencarian pemetaan kecocokan  $N$  arah dapat dibuat. Algoritma-algoritma  $N$  arah ini akan menerima list siklus yang dikembalikan dari algoritma deteksi siklus yang telah dijelaskan sebelumnya. Keluaran dari algoritma ini adalah list siklus yang telah tereduksi yang dinamakan sebagai pemetaan kecocokan. Reduksi yang terjadi pada algoritma dilakukan karena setiap pasangan pada graf kompatibilitas ada pada lebih dari satu siklus pada list siklus masukan. Hal ini tentunya tidak mungkin karena setiap pasangan hanya dapat memberikan dan menerima tepat satu buah ginjal. Reduksi ini dilakukan untuk mengubah hubungan *many to many* ini menjadi hubungan *one to one*. Reduksi ini pada umumnya menyebabkan beberapa pasangan ketidakcocokan untuk tidak mendapatkan kecocokan sama sekali. Oleh karena itu, metrik efisiensi pencocokan digunakan untuk menilai kualitas algoritma dalam menghasilkan jumlah pasangan yang mendapatkan kecocokan sebanyak-banyaknya dari kumpulan pasangan ketidakcocokan.

1) *First Accept Searching Algorithm*: Algoritma  $N$  arah yang pertama adalah algoritma *First Accept Searching*. Inspirasi dari algoritma ini adalah algoritma *First Accept Heuristic Match*. Pendekatan yang digunakan disini adalah untuk mengembalikan siklus-siklus yang ada terlebih dahulu. Algoritma ini memastikan tidak ada pasangan yang mendapatkan kecocokan lebih dari satu kali dengan menghilangkan siklus-siklus yang mengandung pasangan-pasangan yang telah ada pada siklus-siklus yang telah dikembalikan.

Algoritma ini menggunakan dua buah parameter. Parameter pertama tentunya adalah nilai  $N$  ini sendiri, karena algoritma ini adalah algoritma pencarian pemetaan kecocokan  $N$  arah. Parameter kedua adalah metode penggunaan nilai  $N$ . Nilai  $N$  dapat digunakan sebagai panjang kecocokan maksimum dan

sebagai panjang kecocokan eksak. Jika metode maksimum digunakan, maka siklus-siklus yang dikembalikan dapat memiliki panjang 2 hingga  $N$ . Sementara jika metode eksak digunakan, maka siklus-siklus yang dikembalikan hanya adalah siklus-siklus dengan panjang  $N$  saja.

Meskipun metode maksimum terlihat lebih unggul dibandingkan metode eksak, tidak selalu terjadi demikian. Sebagai contoh, seperti yang dapat dilihat pada Gambar 4, saat  $N$  adalah 5, saat metode maksimum digunakan, siklus-siklus bolak-balik pada graf akan dikembalikan, sehingga pertukaran lima arah pada graf akan dibuang. Saat metode eksak digunakan, karena algoritma akan mencari siklus-siklus lima arah, algoritma akan mengembalikan pertukaran lima arah pada graf. Pada kasus ini, efisiensi pencocokan yang lebih tinggi diperoleh saat metode eksak digunakan, bukan metode maksimum.



Gambar 4. Case where Exact Method is superior to Maximum Method

2) *Priority-based Searching Algorithm*: Algoritma  $N$  arah yang kedua adalah algoritma *Priority-based Searching*. Inspirasi dari algoritma ini adalah *Edmond's Algorithm*. Cara kerja dari algoritma ini sangat mirip dengan algoritma *First Accept Searching*, namun setiap siklus diberikan nilai prioritas sehingga siklus-siklus yang memiliki prioritas tinggi dapat dikembalikan terlebih dahulu dibandingkan yang lainnya.

Algoritma ini menggunakan tiga parameter. Dua parameter pertama juga digunakan pada algoritma *First Accept Searching*, yaitu nilai  $N$  dan juga metode penggunaan nilai  $N$ . Parameter ketiga adalah metode penentuan prioritas. Terdapat dua metode untuk menentukan prioritas setiap siklus. Metode pertama adalah metode *greedy*. Metode ini memberikan prioritas yang lebih tinggi pada siklus-siklus yang

lebih panjang, dengan harapan dengan banyaknya siklus-siklus panjang yang dikembalikan, akan meningkatkan efisiensi pencocokan. Metode kedua adalah metode *infrequent*. Metode ini memberikan prioritas tinggi kepada siklus-siklus dengan pasangan-pasangan yang sulit mendapatkan kecocokan. Pada implementasinya, pasangan-pasangan ini diindikasikan sebagai suatu simpul yang terhubung oleh jumlah sisi yang sedikit, sehingga pasangan-pasangan tersebut lebih terbatas dari pasangan lainnya untuk mendapatkan kecocokan dengan pasangan-pasangan ketidakcocokan lainnya.

### III. EXPERIMENT AND ANALYSIS

Before experiment is performed, Edmond's Algorithm is also implemented as a baseline algorithm so comparisons can be made against an existing algorithm. The data being used in this experiment can be found in this link: <https://rdm.inesctec.pt/dataset/ii-2020-001> while the source code of the implementation and the experiment can be found in this link: <https://github.com/Mingtaros/Kidney-Exchange-Match-Mapping-System>. The purpose of these experiments and evaluations are to find the algorithm and parameter combinations which can produce the best performance results based on pre-defined metrics. In addition, through the experiments, it can be concluded which  $N$ -way algorithm and parameter combinations are able to outperform the baseline, Edmond's Algorithm. Based on the pre-defined metrics, there will be comparison for Execution Time and Matching Efficiency for each algorithm.

#### A. Execution Time Comparison

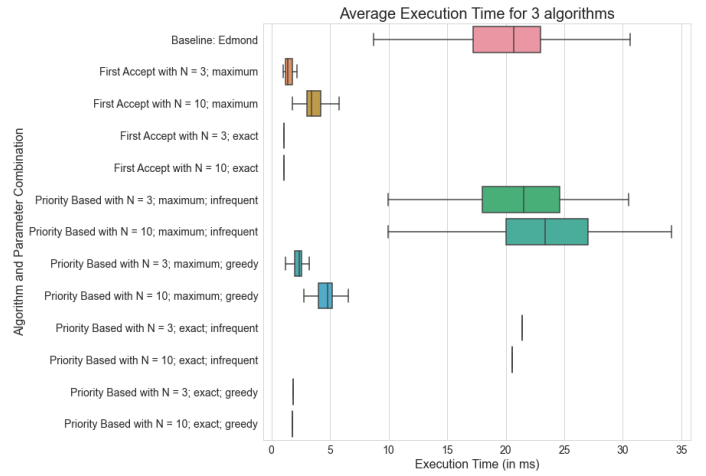
1) *Execution Time Comparison for Different Algorithm Combinations:* For this experiment, each algorithm is used for 3000 incompatible pairs divided into 30 groups of 100. A group is called a seed. Each algorithm will be fitted with the same dataset group 50 times for every group. As seen in Figure 5, each data point in the boxplot is used to show the average execution time from the 50 executions for every dataset group, in one Y coordinate, there are 30 data points, each one for one data group.

As seen from the boxplot, Edmond's Algorithm and Priority-based with infrequent method of priority assignment are the slowest algorithms. However, given that each and every algorithm does not have a significant difference in execution time, the execution time difference can be ignored.

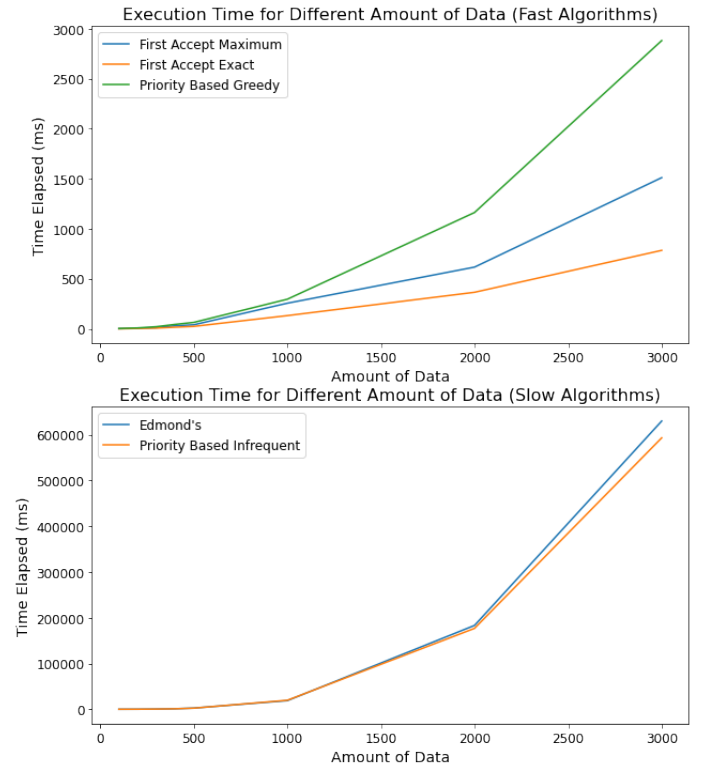
#### 2) Execution Time Comparison for Different Data Sizes:

This experiment is conducted to show the effect of data size to execution time of the match map searching algorithms. For this experiment, the recorded execution time is the average execution time for each algorithm using data size of 100, 200, 300, 400, 500, 1000, 2000, as well as 3000 incompatible pairs. Each data point is the average of algorithm execution time that has been executed 10 times for each algorithm for each data size.

As seen in Figure 6, there are two plots, each one representing a group of fast algorithms and a group of slow algorithms. From the upper figure, even with 3000 incompatible pairs,



Gambar 5. Average Execution Time for 3 Algorithms



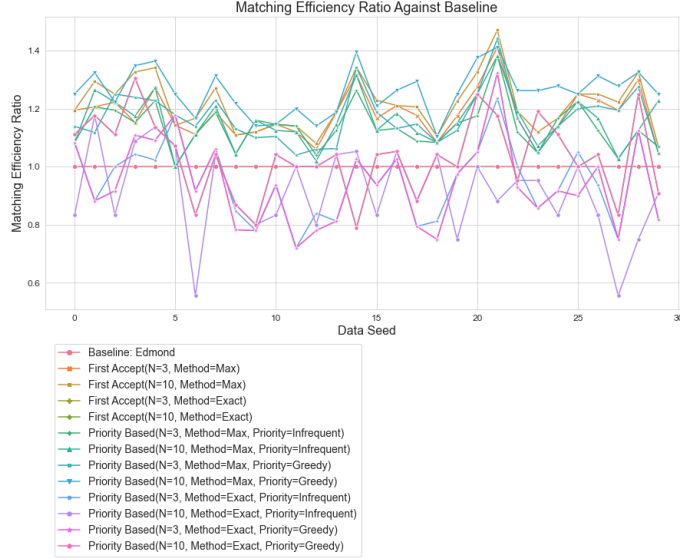
Gambar 6. Execution Time for Different Amount of Data

the maximum algorithm runtime is around 3000 milliseconds. Meanwhile, from the lower figure, both of the algorithms can reach 600000 milliseconds (10 minutes) to process 3000 pairs. From the overall line plot, it can be concluded that the relation of data size and execution time is a form of polynomial function, not linear.

#### B. Overall Matching Efficiency Comparison for Different Algorithms

The final experiment is conducted to show which algorithm-parameter combination is the best one in producing high

matching efficiency. In this experiment, each combination is used for every data seed. To ease up the comparison, in Figure 7, ratio of improvement is used in comparison to Edmond's Algorithm as a baseline shown as a horizontal line in the figure. Every data point is a matching efficiency multiplier of the matching efficiency obtained when Edmond's Algorithm is used.



Gambar 7. Matching Efficiency Ratio of  $N$ -way Algorithms against Baseline

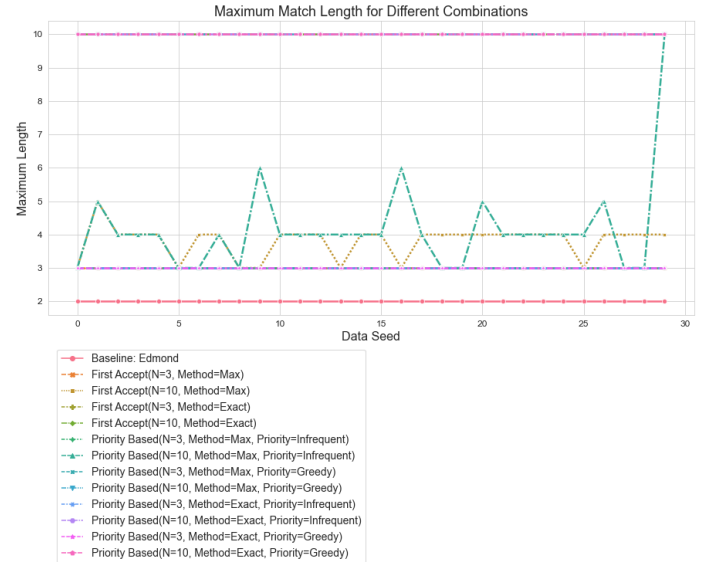
To simplify the figure, Table II is used to store average matching efficiency improvement ratio in compared to baseline. The average used in the table is the average improvement ratio of an algorithm in comparison to baseline for all data seeds.

As can be seen from Table II, most of  $N$ -way match map searching algorithm produces higher matching efficiency in comparison to the baseline, Edmond's Algorithm. However, some algorithms, using the exact method of using  $N$  parameter, have worse results compared to baseline. The average matching efficiency of the  $N$ -way match map searching algorithms is 7.75% higher than the baseline algorithm. The higher matching efficiency improvement is obtained when First Accept Searching algorithm is used when  $N$  is 10, maximum method of using  $N$ , with data seed 21, where the improvement against baseline is 47.06%.

While  $N$ -way match map searching algorithms may produce better results, it is worth noting that with  $N$ -way exchanges being produced by algorithm may be harder to execute in hospitals since the kidney exchanges have to be operated in the same time. The implication is that exchanges with lower number of ways are easier to conduct as less hospital resources are needed to conduct the operation. Therefore, there needs to be an algorithm comparison regarding the average and the maximum exchanges length of the cycles in the match map. In this experiment, every algorithm and parameter combinations are being tested for 30 data seeds with each containing 100 incompatible pairs.

Tabel II  
AVERAGE MATCHING EFFICIENCY RATIO OF  $N$ -WAY ALGORITHMS  
COMPARED TO BASELINE

Algorithm	Average Improvement Ratio
Baseline: Edmond's Algorithm	1.0
First Accept( $N=3$ , Method=Max)	1.18
First Accept( $N=10$ , Method=Max)	1.22
First Accept( $N=3$ , Method=Exact)	0.94
First Accept( $N=10$ , Method=Exact)	1.04
Priority Based( $N=3$ , Method=Max, Priority=Greedy)	1.17
Priority Based( $N=10$ , Method=Max, Priority=Greedy)	1.26
Priority Based( $N=3$ , Method=Max, Priority=Infrequent)	1.14
Priority Based( $N=10$ , Method=Max, Priority=Infrequent)	1.16
Priority Based( $N=3$ , Method=Exact, Priority=Greedy)	0.94
Priority Based( $N=10$ , Method=Exact, Priority=Greedy)	1.04
Priority Based( $N=3$ , Method=Exact, Priority=Infrequent)	0.95
Priority Based( $N=10$ , Method=Exact, Priority=Infrequent)	0.91

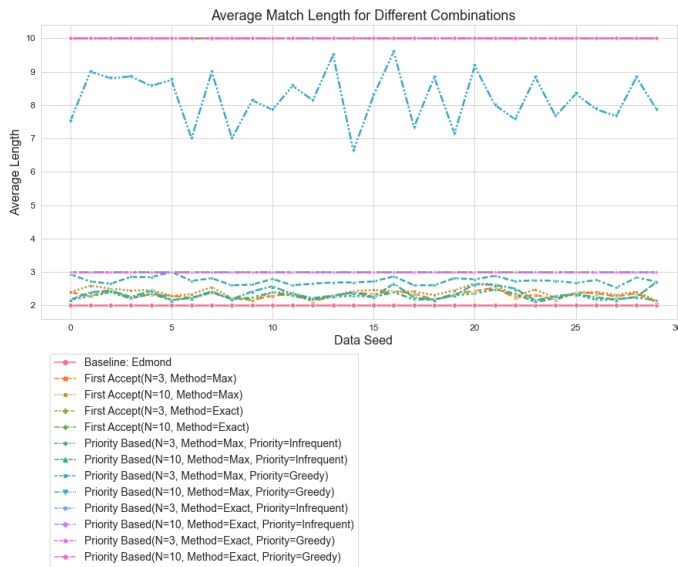


Gambar 8. Maximum Match Length for Different Algorithm Combinations

From what can be seen in Figure 8, Edmond's Algorithm and algorithms with  $N$  usage method parameter assigned to exact, produced the maximum length of  $N$  as the cycles in the produced match map is all of the same length that is  $N$ . The more interesting result is that although the parameter  $N$  is 10, as can be seen with the green and the yellow line, the maximum length is not that close to 10.

Similar to what can be seen in Figure 8, in Figure 9, Edmond's Algorithm and algorithms with  $N$  usage method parameter assigned to exact, produced the average length of





Gambar 9. Average Match Length for Different Algorithm Combinations

$N$  as the cycles in the produced match map is all of the same length that is  $N$ . Generally, almost every algorithm that uses maximum method of  $N$  usage produces cycles with the average length of around 2 to 3, with Priority-based Searching algorithm with  $N=10$ , Method=Max, and Priority=Greedy, having an averagely high average length of exchanges.

#### IV. CONCLUSION

This paper shows that it is a viable option to use  $N$ -way match map searching algorithms instead of the usual two-way algorithms such as Edmond's Algorithm for Kidney Paired Donation, with  $N$ -way algorithms producing better matching efficiency and competitive execution time in comparison to the baseline, Edmond's Algorithm provided the same dataset. Generally speaking, the usage of  $N$ -way algorithms increases matching efficiency by 7.75%.

With the provided data, First Accept Searching algorithm have a more consistent performance in general compared to Priority-based Searching algorithm. However, with Priority-based Searching algorithm, the matching efficiency improvement is generally higher with the exception of when exact method to utilize  $N$  is being used instead of the maximum method. However, it is worth noting that priority-based searching algorithm may produce high matching efficiency with the compromise of high average matching length if greedy priority assignment method is being used. Therefore it can be concluded that First Accept Searching algorithm is the most ideal  $N$ -way match map searching algorithm to use in Kidney Exchange Program.

#### V. RELATED WORK

The idea of the solution, the existing algorithms, and the performance metrics being used as a performance measure are all obtained from the main reference paper, Web Based Decision Support System for Kidney Exchange by Samy Raja,

Prasanna Devi S., and Suryaprakasa Rao K. in International Journal of Computer Applications [5]. In that paper, two-way match map searching algorithms are being used to tackle the problem of the humanely-impossible task of searching the most optimal match map out of an incompatible pairs pool, which becomes the baseline and the reference of the newer algorithms being implemented in this paper.

#### REFERENSI

- [1] Roth, A. E., Sonmez, T., Unver, M. U. (2005). Kidney Exchange. Quarterly Journal of Economics, 32.
- [2] Wiradarma, K. (2016, February 3). Transplantasi Ginjal di Indonesia: Pencapaian dan Hambatannya. Retrieved from klikdokter.com: <https://www.klikdokter.com/info-sehat/read/2697086/transplantasi-ginjal-di-indonesia-pencapaian-dan-hambatannya>
- [3] Roth, A. E., Sonmez, T., Unver, M. U., Delmonico, F. L., Saidman, S. L. (2006, September 18). Utilizing List Exchange and Nondirected Donation through 'Chain' Paired Kidney Donations. Retrieved from onlinelibrary.wiley.com: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1600-6143.2006.01515.x>
- [4] Adrian, K. (2020, May 17). Berbagai Persiapan Donor Ginjal yang Perlu Anda Ketahui. Retrieved from alodokter.com: <https://www.alodokter.com/hal-hal-yang-harus-diperhatikan-sebelum-melakukan-donor-ginjal>
- [5] Raja, S., S., P. D., K., S. R. (2011). Web Based Decision Support System for Kidney. International Journal of Computer Applications (0975 – 8887), 9.
- [6] Chargé, S., Hodgkinson, K. (2017, January). Blood: the basics. Retrieved from profedu.blood.ca/: <https://profedu.blood.ca/en/transfusion/publications/blood-basics>.
- [7] Aprilano, W. D. (2021, January 20). Teknik Transplantasi Ginjal. Retrieved from alomedika.com: <https://www.alomedika.com/tindakan-medis/transplantasi/transplantasi-ginjal/teknik>
- [8] Nguyen, H. D., Williams, R. L., Wong, G., Lim, W. H. (2013, February 13). The Evolution of HLA-Matching in Kidney Transplantation. Retrieved from intechopen.com: <https://www.intechopen.com/books/current-issues-and-future-direction-in-kidney-transplantation/the-evolution-of-hla-matching-in-kidney-transplantation>
- [9] Tullis, T., Albert, B. (2013, June 3). Performance Metrics. Retrieved from sciencedirect.com: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780124157811000042>
- [10] Sedgewick, R., Wayne, K. (2020). Directed Graphs. In R. Sedgewick, K. Wayne, Algorithms, 4th Edition (p. 955). New Jersey: Princeton University.
- [11] Mehta, D. (2020, May 27). Detect Cycle in a Directed Graph. Retrieved from geeksforgeeks.org: <https://www.geeksforgeeks.org/detect-cycle-in-a-graph/>