

**Non-deterministic Finite Automata Dalam Mendeteksi Mutasi DNA BRCA1 untuk
Diagnosa Kanker Payudara**



Mata Kuliah: Teori dan Bahasa Otomata

Disusun oleh Kelompok 5 :

I Gede Putu Putra Wibawa (2308561002)

I Gusti Ngurah Adhiwangsa Devananda (2308561104)

Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008)

Albertin Caecilia Djema (2308561056)

Aditya Chandra (2308561092)

PROGRAM STUDI INFORMATIKA

FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM

UNIVERSITAS UDAYANA

JIMBARAN

2024

KATA PENGANTAR

Penyelesaian kasus dengan judul *Non-deterministic Finite Automata Dalam Mendeteksi Mutasi DNA BRCA1 untuk Diagnosa Kanker Payudara* disusun dalam rangka pelaksanaan pembelajaran mata kuliah Teori Bahasa dan Otomata di Program Studi Informatika FMIPA Universitas Udayana. Penelitian ini dirancang untuk mengaplikasikan konsep Non-deterministic Finite Automata (NFA) dalam mendeteksi mutasi DNA BRCA1, yang merupakan salah satu penyebab kanker payudara. Dengan harapan, implementasi ini dapat memberikan pemahaman lebih dalam tentang bagaimana teori otomata dapat diterapkan pada bidang biologi molekuler, khususnya dalam analisis genetik.

Dengan selesainya laporan dan implementasi ini, maka saya ingin menyampaikan rasa terima kasih dan penghargaan yang sebesar-besarnya kepada berbagai pihak yang telah membantu dalam penyusunan laporan ini, antara lain:

1. Ibu Dr. Anak Agung Istri Ngurah Eka Karyawati, S.Si., M.Eng, selaku dosen pengampu mata kuliah Teori Bahasa dan Otomata yang telah memberikan bimbingan dan dukungan selama proses penyusunan laporan ini.
2. Kawan-kawan di kelas B Program Studi Informatika yang telah memberikan masukan dan dukungan dalam penyelesaian laporan ini.

Semoga laporan ini dapat memberikan manfaat baik secara akademik maupun praktis, serta menjadi referensi yang bermanfaat untuk pengembangan lebih lanjut dalam penerapan teori otomata di berbagai bidang.

DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR	2
DAFTAR ISI	3
DAFTAR TABEL	4
DAFTAR GAMBAR	4
ABSTRAK	5
ABSTRACT	6
BAB I	7
PENDAHULUAN	7
1.1 Latar Belakang	7
1.2 Rumusan Masalah	8
1.3 Batasan Masalah	8
1.4 Tujuan Penelitian	9
1.5 Manfaat Penelitian	10
1.6 Sistematika Penelitian	10
BAB II	
TINJAUAN PUSTAKA	10
2.1 Tinjauan Teori	10
2.1.1 Non-deterministic Finite Automata	10
2.1.2 DNA	11
2.1.3 BRCA1	11
2.1.4 Mutasi DNA	11
2.2.5 Kanker Payudara	11
2.2 Tinjauan Empiris	11
2.1.1 Penerapan Konsep Non-deterministic Finite Automata Dalam Diagnosa Penyakit ISPA	11
2.1.2 DNAPattern Analysis using Finite Automata (Qura-Tul-Ein et al., 2014)	12
2.1.3 BRCA1 Gene in Breast Cancer	13
2.1.4 DNA Pattern Analysis using FA, Mealy and Moore Machines (Mehdi, M., Khan, A., 2016)	14
BAB III	17
ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM	17
3.1 Data dan Metode Pengumpulan Data	17
3.2 Desain Sistem/ Metode	17
3.3 Desain Evaluasi Sistem/ Metode	18
BAB IV	20
HASIL DAN PEMBAHASAN	20
4.1 Quintuple dari model FSA	20
4.2 DIAGRAM TRANSISI dan CODING MODEL FSA	23

4.3 disini soal c	26
4.4 Inovasi yang dilakukan dan Desain Mockup	26
4.5 Code Interface menggunakan Python GUI	34
BAB V	39
KESIMPULAN DAN SARAN	39
4.1 Kesimpulan	39

DAFTAR TABEL

DAFTAR GAMBAR

ABSTRAK

Kanker payudara merupakan salah satu jenis kanker dengan angka prevalensi tertinggi pada perempuan di seluruh dunia. Salah satu faktor risiko utamanya adalah mutasi pada gen BRCA1, yang berperan penting dalam menjaga stabilitas genetik. Deteksi dini terhadap mutasi ini sangat krusial untuk menentukan langkah pencegahan dan penanganan yang lebih baik. Namun, proses analisis DNA secara manual seringkali membutuhkan waktu, biaya, dan teknologi yang kompleks. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan sistem berbasis Non-deterministic Finite Automata (NFA) guna mendeteksi mutasi DNA BRCA1 secara efisien.

Rumusan masalah yang diangkat meliputi cara merancang model NFA yang mampu mendeteksi mutasi DNA BRCA1, merancang sistem yang dapat memvalidasi urutan DNA hingga mencapai *final state*, serta mengevaluasi performa sistem dalam skenario terbaik, rata-rata, dan terburuk. Penelitian ini juga mencakup pengembangan antarmuka pengguna

yang intuitif, memungkinkan pengguna untuk memasukkan urutan DNA baik melalui unggahan file maupun secara manual.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa sistem yang dirancang dapat memproses dan memvalidasi urutan DNA dengan tingkat akurasi yang tinggi. DNA yang sesuai dengan pola mutasi BRCA1 akan mencapai *final state*, menunjukkan indikasi risiko kanker payudara, sedangkan DNA yang tidak sesuai tidak akan mencapai *final state*. Implementasi ini dirancang menggunakan pendekatan FSA dengan bahasa pemrograman Python, dilengkapi antarmuka yang ramah pengguna.

Melalui inovasi ini, diharapkan sistem dapat menjadi alat bantu yang lebih cepat, terjangkau, dan akurat untuk deteksi dini kanker payudara, serta berkontribusi dalam pengembangan teknologi berbasis pola DNA untuk diagnosis penyakit lainnya di masa depan.

Kata Kunci: Kanker Payudara, Mutasi DNA BRCA1, Non-deterministic Finite Automata, Deteksi Dini, Finite State Automata.

ABSTRACT

Breast cancer is one of the most prevalent cancers in women worldwide. One of the main risk factors is mutations in the BRCA1 gene, which plays an important role in maintaining genetic stability. Early detection of these mutations is crucial to determine better prevention and treatment measures. However, manual DNA analysis often requires time, cost and complex technology. Therefore, this research aims to develop a Non-deterministic Finite Automata (NFA) based system to detect BRCA1 DNA mutations efficiently.

The problems raised include how to design an NFA model capable of detecting BRCA1 DNA mutations, design a system that can validate DNA sequences until they reach the final state, and evaluate system performance in the best, average, and worst scenarios. This research also includes the development of an intuitive user interface, allowing users to input DNA sequences either through file upload or manually.

The results show that the designed system can process and validate DNA sequences with a high degree of accuracy. DNA that matches the BRCA1 mutation pattern will reach the

final state, indicating an indication of breast cancer risk, while DNA that does not match will not reach the final state. This implementation is designed using the FSA approach with the Python programming language, equipped with a user-friendly interface.

Through this innovation, it is hoped that the system can become a faster, affordable, and accurate tool for early detection of breast cancer, as well as contribute to the development of DNA pattern-based technology for the diagnosis of other diseases in the future.

Keyword: *Breast Cancer, BRCA1 DNA Mutation, Non-deterministic Finite Automata, Early Detection, Finite State Automata.*

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Kanker payudara adalah salah satu jenis kanker paling umum yang dialami oleh perempuan di seluruh dunia. Menurut laporan World Health Organization (WHO) pada tahun 2020, kanker payudara menjadi penyebab utama kematian akibat kanker pada perempuan, dengan angka prevalensi yang terus meningkat setiap tahunnya (*World Health Organization, 2021*). Salah satu faktor yang berkontribusi pada risiko kanker payudara adalah adanya mutasi pada gen BRCA1. Mutasi ini dapat menyebabkan kerusakan fungsi genetik yang mempengaruhi kemampuan tubuh dalam memperbaiki DNA yang rusak, sehingga meningkatkan kemungkinan terjadinya kanker.

Dalam dunia medis, deteksi dini mutasi genetik seperti BRCA1 sangat penting untuk menentukan risiko dan langkah pencegahan kanker payudara. Namun, proses analisis DNA yang kompleks seringkali membutuhkan waktu, biaya, dan teknologi canggih yang tidak selalu mudah diakses. Oleh karena itu, pengembangan sistem yang efisien, otomatis, dan berbasis komputer dapat membantu mempercepat proses deteksi mutasi DNA secara lebih sederhana dan terjangkau.

Finite Automata adalah salah satu pendekatan dalam ilmu komputer yang dapat digunakan untuk memproses data berbasis pola, termasuk pola DNA. Dengan menggunakan Non-deterministic Finite Automata (NFA), pola DNA dapat dianalisis untuk menentukan apakah urutan tertentu mengandung mutasi yang relevan dengan penyakit tertentu, seperti kanker payudara. NFA memungkinkan sistem untuk memproses banyak kemungkinan jalur transisi secara paralel, sehingga lebih fleksibel dan efisien dibandingkan pendekatan Deterministic Finite Automata (DFA).

Permasalahan yang sering muncul dalam proses analisis DNA adalah sulitnya membedakan antara urutan DNA normal dan yang mengandung mutasi dengan cara manual. Oleh karena itu, pendekatan berbasis NFA menjadi inovasi yang memungkinkan deteksi otomatis DNA dengan membandingkan urutan DNA user dengan pola mutasi yang sudah diketahui. Sistem ini dirancang untuk mendeteksi mutasi pada gen BRCA1 secara spesifik, di mana jika ditemukan kecocokan, hasil analisis dapat memberikan indikasi risiko kanker payudara.

Penelitian sebelumnya telah menggunakan Finite Automata untuk mendeteksi pola DNA yang abnormal. Namun, penelitian tersebut berfokus pada pola DNA normal sebagai acuan. Inovasi dalam penelitian ini adalah menggunakan database DNA mutasi spesifik penyakit sebagai acuan, sehingga sistem dapat langsung mendeteksi keberadaan mutasi yang relevan. Dengan pendekatan ini, proses analisis DNA menjadi lebih terfokus dan relevan untuk mendeteksi penyakit tertentu, seperti kanker payudara yang terkait dengan mutasi BRCA1 (Ein et al., 2014).

Penggunaan NFA dalam mendeteksi mutasi DNA tidak hanya meningkatkan efisiensi analisis, tetapi juga memberikan peluang untuk implementasi sistem berbasis komputer yang dapat digunakan oleh laboratorium, rumah sakit, maupun individu yang memerlukan informasi dini terkait risiko kanker. Melalui sistem ini, diharapkan proses deteksi menjadi lebih mudah, cepat, dan akurat, serta memberikan manfaat bagi langkah pencegahan dan pengobatan kanker payudara.

1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimana cara menggunakan Non-deterministic Finite Automata (NFA) untuk mendeteksi pola mutasi DNA BRCA1 yang terkait dengan kanker payudara?
2. Bagaimana merancang dan mengimplementasikan model FSA (Finite State Automata) yang dapat memvalidasi urutan DNA secara efisien untuk menentukan kecocokan dengan pola mutasi gen BRCA1?
3. Bagaimana mengevaluasi kinerja sistem deteksi berbasis NFA dengan mempertimbangkan skenario terbaik, rata-rata, dan terburuk?
4. Bagaimana membangun antarmuka sistem yang intuitif dan memudahkan pengguna dalam memasukkan DNA serta menerima hasil deteksi?

1.3 Batasan Masalah

Berdasarkan rumusan masalah yang telah disebutkan sebelumnya, batasan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Sistem hanya dirancang untuk mendeteksi mutasi DNA BRCA1 yang terkait dengan risiko kanker payudara. Sistem tidak dirancang untuk mendeteksi mutasi pada gen lain atau penyakit lain di luar lingkup penelitian ini.

2. Validasi input DNA hanya mencakup urutan DNA berbentuk string dengan format huruf (A, T, G, dan C). Kesalahan input, seperti penggunaan karakter non-DNA atau format file yang tidak sesuai, akan menghasilkan pesan kesalahan.
3. Sistem tidak menggunakan database eksternal untuk menyimpan atau mengolah data DNA secara permanen. Proses deteksi dilakukan langsung pada input yang diberikan pengguna selama sesi program berjalan.
4. Sistem dirancang hanya untuk memvalidasi kecocokan urutan DNA dengan pola mutasi yang telah ditentukan menggunakan model Non-deterministic Finite Automata (NFA). Sistem tidak memberikan analisis lanjutan terkait tingkat keparahan mutasi atau rekomendasi medis.
5. Antarmuka pengguna dirancang sederhana, dengan dua metode input: pengunggahan file teks DNA atau input manual berupa string DNA. Tidak ada fitur tambahan seperti pengeditan data DNA yang sudah diunggah.
6. Sistem tidak dirancang untuk menghasilkan laporan diagnostik resmi dalam format seperti PDF atau dokumen lain yang dapat dicetak. Output sistem hanya berupa hasil deteksi dalam bentuk teks visual pada antarmuka.
7. Evaluasi kinerja sistem hanya dilakukan melalui simulasi dengan skenario tertentu dan tidak mencakup pengujian langsung pada sampel biologis nyata.

1.4 Tujuan Penelitian

1. Mengembangkan sistem berbasis Non-deterministic Finite Automata (NFA) untuk mendeteksi keberadaan pola mutasi gen BRCA1 pada urutan DNA.
2. Merancang model Finite State Automata (FSA) yang mendukung analisis DNA hingga mencapai final state jika valid.
3. Membuat skenario evaluasi untuk mengukur performa sistem pada berbagai kondisi, termasuk skenario terbaik, rata-rata, dan terburuk.
4. Mengimplementasikan sistem berbasis Python atau web dengan antarmuka pengguna yang mudah digunakan untuk memasukkan urutan DNA dan menampilkan hasil deteksi.
5. Memberikan solusi inovatif dalam analisis DNA yang lebih cepat, akurat, dan terjangkau untuk mendukung deteksi dini kanker payudara.

1.5 Manfaat Penelitian

Implementasi ini secara praktis mempermudah proses deteksi mutasi DNA BRCA1 yang berpotensi menyebabkan kanker payudara melalui penggunaan model Non-deterministic Finite Automata (NFA), yang menawarkan efisiensi dan akurasi dalam analisis pola DNA. Secara teoritis, penelitian ini memperluas kajian tentang penerapan Finite Automata dalam bioinformatika, sekaligus memberikan kontribusi pada pengembangan teknologi kesehatan berbasis komputasi. Selain itu, sistem ini mendukung upaya deteksi dini kanker payudara yang dapat meningkatkan peluang kesembuhan, serta menyediakan alternatif analisis DNA yang lebih sederhana dan terjangkau, sehingga bermanfaat bagi masyarakat luas, terutama di wilayah dengan keterbatasan fasilitas medis.

1.6 Sistematika Penelitian

Laporan ini disusun menggunakan format lima bab yang tersusun secara sistematis untuk menjelaskan seluruh proses implementasi yang dilakukan. Berikut merupakan gambaran umum dari isi laporan:

1. Bab I Pendahuluan

Bab ini bertujuan untuk memberikan latar belakang dari implementasi yang dilakukan. Bab ini mencakup enam subbab, yaitu latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan, manfaat, dan sistematika penulisan.

2. Bab II Tinjauan Teoritis

Bab ini membahas teori-teori dasar yang menjadi landasan pelaksanaan implementasi ini. Penjelasan meliputi konsep dasar Finite Automata, DNA, gen BRCA1, dan mutasi DNA. Bab ini memberikan penjelasan mendalam untuk memperkuat landasan teoretis dalam mendeteksi mutasi gen BRCA1 menggunakan Non-Deterministic Finite Automata (NFA).

3. Bab III Analisis dan Perancangan Sistem

Bab ini menjelaskan proses analisis dan perancangan sistem yang digunakan untuk mendeteksi mutasi DNA pada gen BRCA1. Pembahasan mencakup metode pengumpulan data, desain sistem yang mengimplementasikan NFA, serta model

evaluasi yang akan digunakan dalam pengujian sistem.

4. Bab IV Hasil dan Pembahasan

Bab ini menguraikan hasil dari implementasi sistem yang telah dilakukan. Hasil ditampilkan dalam bentuk tulisan, diagram transisi, dan tabel untuk memudahkan pembaca memahami bagaimana sistem bekerja dan mengevaluasi hasilnya. Pembahasan difokuskan pada sejauh mana sistem mampu mendeteksi mutasi DNA sesuai dengan tujuan yang telah dirumuskan.

5. Bab V Kesimpulan dan Saran

Bab ini memuat simpulan dari hasil implementasi yang telah dilakukan serta menjawab rumusan masalah yang diajukan. Selain itu, diberikan saran-saran yang diharapkan dapat menjadi masukan untuk pengembangan lebih lanjut dari sistem deteksi DNA berbasis NFA ini di masa mendatang.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Tinjauan Teori

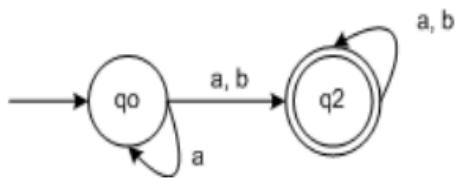
2.1.1 Non-deterministic Finite Automata

Non-deterministic Finite Automata adalah salah satu jenis Finite State Automata yang merupakan suatu model mesin otomata dari bahasa reguler. Suatu Finite State Automata dapat memiliki state banyak berhingga yang dapat berpindah-pindah dari suatu state ke state lainnya. Jenis otomata ini tidak memiliki penyimpanan sehingga kemampuan mengingatnya terbatas.

Secara formal FSA dinyatakan menggunakan beberapa symbol :

- Q = himpunan state
- Σ = himpunan simbol input
- δ = fungsi transisi
- S = state awal
- F = himpunan state akhir

Non-deterministic Finite State itu sendiri merupakan jenis Finite State Automata yang mana bisa terdapat 0, 1 atau lebih transisi dengan berlabel simbol input yang sama. Contohnya :



- $Q = \{q_0, q_2\}$
- $\Sigma = \{a, b\}$
- $S = q_0$
- $F = \{q_2\}$

δ	a	b
q0	{q0, q2}	{q2}
q2	{q2}	{q2}

Dari state q0 ketika memperoleh inputan yang sama yaitu **a** dapat menuju ke lebih dari 1 state yaitu {q0,q2}

2.1.2 DNA

Deoxyribonucleic Acid (DNA) adalah molekul yang mengandung informasi genetik yang diperlukan untuk pertumbuhan, perkembangan, fungsi, dan reproduksi semua organisme hidup. DNA terdiri dari dua untai yang membentuk struktur heliks ganda, yang disusun oleh nukleotida. Setiap nukleotida terdiri dari tiga komponen utama: gula deoksiribosa, gugus fosfat, dan satu dari empat basa nitrogen (adenin, timin, sitosin, dan guanin). Informasi genetik disandikan dalam urutan basa nitrogen tersebut. Pada manusia, DNA tersimpan di dalam inti sel dalam bentuk kromosom. Urutan DNA ini sangat penting untuk menentukan sifat genetik individu dan memastikan fungsi biologis berjalan normal.

2.1.3 BRCA1

RCA1 (*Breast Cancer 1*) adalah gen yang terletak di kromosom 17 dan bertugas memproduksi protein yang berperan dalam memperbaiki kerusakan DNA. Gen ini berfungsi sebagai penekan tumor dengan menjaga stabilitas genom dan mencegah pembentukan sel kanker. Namun, mutasi pada gen BRCA1 dapat menyebabkan protein yang dihasilkan tidak berfungsi dengan baik, sehingga meningkatkan risiko kanker, terutama kanker payudara dan kanker ovarium. Deteksi dini terhadap mutasi gen BRCA1 sangat penting karena individu dengan mutasi ini memiliki peluang lebih besar untuk mengembangkan kanker dibandingkan individu tanpa mutasi.

2.1.4 Mutasi DNA

Mutasi DNA adalah perubahan permanen pada urutan basa nitrogen dalam molekul DNA. Mutasi dapat terjadi secara alami selama proses replikasi DNA atau dipicu oleh faktor eksternal seperti radiasi, bahan kimia, atau virus. Mutasi dibagi menjadi beberapa jenis, seperti substitusi basa, insersi, atau delesi. Pada gen BRCA1, mutasi dapat mengganggu proses perbaikan DNA, yang pada akhirnya memungkinkan akumulasi kerusakan genetik yang dapat memicu kanker. Mutasi ini dapat diwariskan secara genetik atau muncul secara spontan selama kehidupan individu. Oleh karena itu, analisis mutasi DNA, khususnya pada gen BRCA1, menjadi salah satu langkah kunci dalam diagnosa risiko kanker payudara.

2.1.5 Kanker Payudara

Kanker payudara adalah jenis kanker yang terjadi akibat pertumbuhan tidak terkendali pada sel-sel jaringan payudara, yang dapat membentuk tumor ganas dan menyebar ke bagian tubuh lainnya (metastasis). Salah satu penyebab utama adalah mutasi genetik, khususnya pada gen BRCA1, yang berperan dalam memperbaiki kerusakan DNA. Mutasi ini meningkatkan risiko kanker karena mengganggu fungsi perbaikan DNA, sehingga kerusakan genetik menumpuk.

Deteksi dini kanker payudara, seperti melalui analisis genetik BRCA1, sangat penting untuk meningkatkan peluang kesembuhan. Dengan kemajuan teknologi, pendekatan berbasis algoritma, seperti Non-deterministic Finite Automata (NFA), dapat digunakan untuk mendeteksi mutasi secara efisien dan mendukung langkah pencegahan serta pengobatan yang lebih efektif.

2.2 Tinjauan Empiris

2.1.1 Penerapan Konsep Non-deterministic Finite Automata Dalam Diagnosa Penyakit ISPA

Penelitian Risqi Pradana Aryanto (2023) dengan judul Penerapan Konsep Non-deterministic Finite Automata Dalam Diagnosa Penyakit ISPA bertujuan untuk mengembangkan metode otomatis yang dapat mengidentifikasi pola kompleks dalam sistem

mendiagnosa penyakit Infeksi Saluran Pernapasan Akut (ISPA) berdasarkan gejala yang ditunjukan oleh pasien sehingga dapat memberikan diagnosa yang akurat.

Penelitian ini menggunakan metode penelitian eksperimental dengan menerapkan konsep *Non-deterministic finite automata* (NFA) dalam mendiagnosis penyakit Infeksi Saluran Pernapasan Akut (ISPA) menggunakan aplikasi J-Flap. Dengan J-Flap, peneliti dapat mendesain automata yang menggambarkan aturan dan pola-pola terkait dengan diagnosis penyakit ISPA. Data pasien yang terdiagnosa ISPA digunakan sebagai dasar dalam merancang *Finite automata* (FA). Gejala penyakit yang diamati yaitu demam, batuk, pilek, sakit tenggorokan, dan sesak nafas.

Terdapat 30 daftar jenis nama gejala yang digunakan sebagai himpunan *input* gejala dan 9 nama penyakit sebagai himpunan *state output*. Setiap penyakit ISPA memiliki kode unik untuk memudahkan proses identifikasi dan pencatatan. Contohnya, pada himpunan *input* terdapat gejala adanya peningkatan suhu tubuh atau demam sebagai G1 dan himpunan *state output* dengan nama penyakit radang bronkial (bronkitis) dengan kode P1. Daftar jenis diagnosa tersebut digunakan untuk mengklasifikasi jenis ISPA yang dialami pasien dalam pembuatan NFA. Terdapat aturan relasi yang digunakan dalam penelitian ini untuk menghubungkan kombinasi tertentu dari *state* gejala (*input*) dan hasil akhir diagnosa (*output*). Aturan relasi membentuk pola-pola yang menghubungkan gejala tertentu dengan kemungkinan diagnosa penyakit ISPA. Setiap baris aturan relasi memiliki format umum: *jika terjadi gejala ... DAN ... DAN ... DAN ..., maka diagnosa adalah...*. Berdasarkan format umum tersebut, akan di lakukan pengecekan apakah input sesuai dengan aturan relasi dan apakah akan diterima atau ditolak oleh model NFA. Jika *final state* berada pada posisi yang sesuai dengan aturan relasi maka NFA berhasil mengenali dan memahami pola gejala penyakit ISPA berdasarkan data masukan. Contoh dari aturan relasi tersebut, jika terjadi gejala G1 DAN G2 DAN G3 DAN G7 DAN G8 DAN G11 DAN G23 DAN G27 maka *output (final state)* adalah P1. Hasil pengujian menunjukkan bahwa NFA mampu mengenali pola dalam gejala penyakit ISPA dan memberikan diagnosa yang akurat sesuai dengan data yang dimasukkan.

Terdapat perbedaan dan persamaan pada penelitian ini dengan kasus yang akan diangkat, objek penelitian ini adalah penyakit ISPA, sedangkan penelitian yang akan diangkat mengenai DNA kanker payudara BRCA1. Memiliki kesamaan dalam metode yang digunakan yaitu menerapkan konsep *Non-deterministic finite automata* (NFA).

2.1.2 DNA Pattern Analysis using Finite Automata (Qura-Tul-Ein et al., 2014)

Penelitian Qura-Tul-Ein et al. (2014) mengeksplorasi penerapan metode Finite Automata (FA) untuk menganalisis pola DNA. DNA terdiri dari empat nukleotida utama, yaitu Adenin (A), Sitosin (C), Guanin (G), dan Timin (T), yang tersusun dalam pola tertentu. Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi mutasi atau kesalahan pada urutan nukleotida, yang dapat berpengaruh terhadap kesehatan makhluk hidup.

Metode yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari dua tahap. Pertama, pola DNA diubah menjadi bentuk Non-Deterministic Finite Automata (NFA), dengan delapan state yang mewakili bagian tertentu dari urutan DNA yang akan diperiksa. NFA ini memproses urutan DNA dengan memeriksa semua kemungkinan jalur untuk menentukan apakah urutan tersebut sesuai dengan pola normal atau mengalami penyimpangan. Namun, karena NFA membutuhkan pemeriksaan pada semua jalur, proses ini relatif lambat. Oleh karena itu, pada tahap kedua, NFA diubah menjadi Deterministic Finite Automata (DFA) menggunakan tabel transisi, sehingga sistem dapat bekerja lebih efisien dengan hanya memeriksa jalur yang relevan.

Sistem yang dihasilkan memiliki beberapa keunggulan utama. Pertama, dapat mendeteksi mutasi genetik yang tidak seharusnya terjadi. Kedua, mampu menemukan kesalahan dalam urutan DNA, seperti nukleotida yang hilang atau terduplikasi. Ketiga, dapat mengidentifikasi jika ada informasi yang tidak lengkap dalam urutan DNA. Kemampuan ini memiliki implikasi penting dalam diagnosis penyakit genetik, pengembangan obat-obatan, dan studi genetika secara umum.

Meskipun menjanjikan, penelitian ini masih memiliki sejumlah keterbatasan. Salah satunya adalah belum dilakukannya pengujian dengan sampel DNA nyata, sehingga efektivitas metode ini belum dapat diverifikasi sepenuhnya. Selain itu, peneliti belum membandingkan pendekatan ini dengan metode analisis DNA lainnya yang telah ada. Oleh karena itu, peneliti merekomendasikan uji coba lebih lanjut menggunakan data nyata serta pengembangan sistem yang lebih optimal.

Penelitian ini menunjukkan bahwa pendekatan komputasi seperti FA memiliki potensi besar dalam menganalisis permasalahan biologis yang kompleks. Dengan pengembangan lebih lanjut, metode ini berpeluang menjadi alat diagnostik yang andal dalam mendeteksi penyakit genetik serta mendukung penelitian dan pengembangan di bidang bioinformatika. Namun,

sebelum dapat diimplementasikan secara luas dalam praktik medis, validasi dan pengujian tambahan tetap diperlukan.

2.1.3 BRCA1 Gene in Breast Cancer

Penelitian Rosen et al (2003) mengungkapkan fitur klinis fungsional dari mutasi gen BRCA1 penyebab kanker payudara yang mampu menekan pertumbuhan tumor ganas. Penelitian ini menggunakan pendekatan eksperimental dengan mengintegrasikan analisis genetik, biokimia, dan model hewan untuk mengungkap fungsi gen BRCA1. Analisis dilakukan terhadap pasien dengan kanker payudara herediter yang membawa mutasi pada gen BRCA1, serta kanker payudara sporadis yang menunjukkan hilangnya ekspresi gen ini. Pengamatan meliputi aspek molekuler seperti peran BRCA1 dalam pengendalian siklus sel, proses perbaikan DNA, dan mekanisme apoptosis.

Pada penelitian ini, gen BRCA1 diklasifikasikan sebagai gen penekan tumor klasik. Mutasi pada gen ini mengakibatkan hilangnya alel liar, yang menjadi pemicu utama dalam perkembangan kanker payudara dan ovarium pada kasus herediter. Selain itu, hilangnya ekspresi gen BRCA1 dalam kanker sporadis menandakan bahwa gen ini memiliki fungsi protektif yang lebih luas dalam jaringan payudara. Data molekuler menunjukkan bahwa BRCA1 terlibat dalam beberapa mekanisme penting seperti:

1. **Regulasi Siklus Sel:** BRCA1 berperan dalam mengatur transisi antar fase siklus sel, terutama pada titik kontrol G1/S dan G2/M.
2. **Perbaikan DNA:** BRCA1 terlibat dalam mekanisme perbaikan kerusakan DNA melalui homologous recombination (HR), yang sangat penting dalam menjaga stabilitas genom.
3. **Apoptosis:** Gen ini juga memediasi apoptosis melalui interaksi protein yang spesifik, yang menjadi bagian dari fungsi pencegahan tumor.

Penelitian ini menggunakan model hewan untuk memvalidasi fungsi gen BRCA1. Pada tikus dengan mutasi gen BRCA1, ditemukan perkembangan kanker serupa dengan kanker payudara pada manusia, termasuk karakteristik histopatologi spesifik dan pola ekspresi gen yang berubah. Data ini mendukung hipotesis bahwa mutasi atau disfungsi gen BRCA1 merupakan langkah kritis dalam proses tumorigenesis.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa mutasi gen BRCA1 berhubungan erat dengan risiko kanker payudara dan ovarium yang sangat tinggi pada individu pembawa mutasi. Dalam keluarga dengan mutasi BRCA1, risiko kumulatif untuk kanker payudara mencapai 85-90% pada usia 70 tahun. Studi populasi juga menunjukkan prevalensi mutasi spesifik seperti 185delAG dan 5382insC pada populasi tertentu, misalnya, Yahudi Ashkenazi.

Penelitian ini memberikan dasar penting untuk memahami mekanisme molekuler BRCA1 dan membuka jalan bagi pengembangan terapi target yang berbasis genetik. Penemuan ini juga mendukung pentingnya skrining genetik pada individu dengan riwayat keluarga kanker payudara dan ovarium untuk deteksi dini dan pencegahan yang lebih efektif.

2.1.4 DNA Pattern Analysis using FA, Mealy and Moore Machines (Mehdi, M., Khan, A., 2016)

Penelitian ini merupakan suatu penelitian yang membahas tentang konsep penggunaan Finite Automata (FA), Mealy Machines, dan Moore Machines dalam menganalisis pola DNA. DNA ini sendiri merupakan molekul yang menyimpan informasi genetic makhluk hidup, DNA terdiri atas kombinasi nukleotida yaitu Adenin (A), Timin (T), Sitosin (C), dan Guanin (G). DNA memiliki pola tertentu yang mana dapat menentukan kelainan genetic yang terjadi dalam tubuh makhluk hidup. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi pola normal dan abnormal yang dimiliki oleh DNA suatu makhluk hidup menggunakan finite state, mealy machines, dan moore machines. Setelah mengidentifikasi pola DNA menggunakan tiga metode tersebut, penelitian ini juga bertujuan membandingkan ketiga metode yang digunakan tersebut untuk kemudian menentukan metode yang paling efisien untuk digunakan.

Data penelitian yang digunakan dalam penelitian ini merupakan urutan nukleotida DNA yang kemudian dianalisis apakah normal atau abnormal. Kombinasi nukleotida seperti A, T, C, dan G digunakan sebagai input untuk setiap model yang digunakan dalam penelitian.

Metode penelitian yang digunakan adalah dengan membandingkan tiga metode analisis DNA yaitu Finite Automata (FA), Mealy Machines, Moore Machines, yang mana dilakukan pengujian menggunakan perangkat lunak JFLAP. Pada Finite Automata (FA) pola DNA yang memenuhi transisi dari awal ke state akhir akan dianggap normal, sedangkan

apabila pola DNA gagal mencapai final state maka pola DNA tersebut dianggap abnormal. Pada Mealy Machines outputnya ditentukan oleh kombinasi keadaan saat ini dan input saat ini Dimana metode ini diuji menggunakan beberapa pola spesifik seperti TTT, ATG, TAG dll. Pola ini dimasukkan ke mesin untuk melihat apakah diterima atau tidak. Sedangkan pada Moore Machines outputnya hanya bergantung pada keadaan saat ini saja, tanpa bergantung pada inputnya. Pola yang sama seperti pada Mealy machines diuji, dengan pengujian apakah state akhir menghasilkan output yang sesuai atau tidak.

Berdasarkan tiga metode yang sudah diterapkan dalam menentukan pola DNA, berikut adalah hasil dari masing-masing metode tersebut.

- Finite State (FA) hasilnya adalah bahwa FA ini efektif untuk menganalisis pola dasar DNA atau kasus-kasus sederhana, namun apabila digunakan untuk kasus yang lebih kompleks maka seiring bertambahnya jumlah state maka kompleksitasnya juga akan meningkat. Sedangkan perbedaan antara NFA dan DFA terletak pada jumlah state yang mana menyebabkan DFA membutuhkan lebih banyak transisi dibandingkan dengan NFA.
- Mealy Machines hasilnya menunjukkan bahwa metode ini memiliki kinerja terbaik karena lebih sedikit state dan response lebih cepat terhadap input dibandingkan dengan FA dan Moore Machines. Metode ini juga efisien untuk analisis pola DNA real-time karena outputnya langsung dihasilkan pada saat inputnya diterima.
- Moore Machines hasilnya menunjukkan bahwa performanya lebih lambat dibandingkan dengan Mealy yang mana efisien untuk analisis DNA secara real-time hal ini dikarenakan outputnya hanya bergantung pada state akhir. Dalam penelitian ini juga ditemukan hasil bahwa dengan menggunakan pola yang sama, Moore membutuhkan lebih banyak state dan waktu yang lebih lama juga dalam menghasilkan output.

Adapun kekurangan dan kelebihan yang dimiliki oleh penelitian ini, kelebihannya yaitu dapat menemukan Mealy Machines sebagai metode yang efisien dalam mengidentifikasi pola DNA makhluk hidup yang mana metode ini memiliki kecepatan dan state yang lebih sedikit, selain itu penelitian ini juga memberikan pendekatan teoritis yang kuat dan didukung oleh simulasi JFLAP yang mana dapat memberikan dasar yang solid untuk implementasi di masa depan. Sedangkan kekurangannya adalah data simulasi yang digunakan masih sangat sederhana sehingga

metode yang digunakan ini masih tidak memiliki penjelasan rinci tentang adaptasi system ini dalam data yang lebih kompleks di masa depan.

Hubungan penelitian ini dengan kasus yang diangkat adalah bahwa dalam data penelitiannya sama-sama menggunakan pola DNA makhluk hidup, hanya saja dalam kasus yang diangkat makhluk hidupnya secara spesifik disebutkan yaitu manusia. Tujuannya juga sama yaitu untuk menganalisis pola DNA, hanya saja dalam kasus yang diangkat pola DNA yang dianalisis secara spesifik disebutkan yaitu BRCA1. Metode yang digunakan juga memiliki kesamaan yaitu menggunakan Finite Automata, sehingga penelitian ini dapat dijadikan salah satu acuan untuk kasus yang Tengah diangkat.

BAB III

ANALISIS DAN PERANCANGAN SISTEM

3.1 Data dan Metode Pengumpulan Data

Penelitian ini menggunakan data DNA BRCA1, yaitu data sekuens DNA yang diperoleh dari sumber-sumber terpercaya seperti basis data GenBank dan literatur ilmiah terkait mutasi DNA BRCA1. Data yang digunakan dibagi menjadi dua kategori: DNA normal (tidak bermutasi) dan DNA yang mengandung mutasi terkait kanker payudara.

Metode pengumpulan data dilakukan melalui langkah berikut:

1. Pengumpulan Data Sekuens DNA

Data diambil dari publikasi jurnal atau basis data online yang berisi informasi mengenai pola DNA BRCA1 normal dan mutasi.

2. Validasi Data

Data DNA yang dikumpulkan kemudian dibandingkan dengan hasil penelitian terdahulu untuk memastikan keakuratan sekuens DNA yang digunakan dalam sistem.

3. Pengolahan Data DNA

Data diolah dalam format string untuk diintegrasikan ke dalam sistem berbasis Non-deterministic Finite Automata (NFA).

3.2 Desain Sistem/ Metode

Sistem yang dikembangkan menggunakan pendekatan Non-deterministic Finite Automata (NFA) untuk mendeteksi mutasi DNA BRCA1. Tahapan desain sistem adalah sebagai berikut:

1. Definisi Model NFA

Model NFA dirancang dengan memanfaatkan lima komponen utama (Q , Σ , δ , q_0 , F), di mana:

Q : Himpunan state yang merepresentasikan posisi dalam analisis DNA.

Σ : Alfabet yang terdiri dari nukleotida (A, T, C, G).

δ : Fungsi transisi yang menentukan perpindahan antar state berdasarkan input DNA.

q_0 : Initial state tempat analisis dimulai.

F : Final state yang menunjukkan DNA yang cocok dengan pola mutasi BRCA1.

2. Input dan Output Sistem

- Input: Sekuens DNA pengguna dalam format string.
- Output: Indikasi apakah DNA pengguna mengandung mutasi BRCA1 yang terkait kanker payudara.

3. Desain Antarmuka

Sistem menyediakan dua opsi input: pengunggahan file teks berisi DNA atau pengetikan langsung string DNA. Antarmuka dirancang sederhana dengan hasil yang jelas untuk mengindikasikan cocok atau tidaknya DNA dengan pola mutasi.

3.3 Desain Evaluasi Sistem/ Metode

Evaluasi sistem dilakukan untuk memastikan akurasi dan efisiensi deteksi pola DNA BRCA1. Tahapan desain evaluasi meliputi:

1. Skenario Evaluasi

- o **Best Case:** DNA yang sepenuhnya cocok dengan pola mutasi BRCA1.
- o **Worst Case:** DNA yang tidak mengandung pola mutasi BRCA1 sama sekali.
- o **Average Case:** DNA yang sebagian cocok dengan pola mutasi tetapi tidak mencapai final state.

2. Pengukuran Kinerja

- o **Akurasi:** Mengukur tingkat kecocokan sistem dengan data DNA yang sudah divalidasi.
- o **Waktu Pemrosesan:** Mengukur kecepatan sistem dalam memproses input DNA.

3. Pengujian Sistem

- o Sistem diuji dengan 10 sampel DNA (5 DNA bermutasi dan 5 DNA normal). Hasil sistem dibandingkan dengan analisis manual untuk memverifikasi akurasi.

- Feedback pengguna juga digunakan untuk menilai kejelasan antarmuka dan kemudahan penggunaan sistem.

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Quintuple dari model FSA

DNA Pattern Kanker payudara BRCA1 yang sudah mengalami mutasi :

ASAL

1 ggataccgtt tatgggcctt atcaattttt gagtacacctg ttatTTTgt atatTTcag
61 ctgcttgtga attttctgag acggatgtaa caaatactga acatcatcaa cccagtaata
121 atgattgaa caccactgag aagegtgcag ctgagaggca tccagaaaag tatcagggtta
181 gttctgtttc aaacttgcat gtggagccat gtggcacaaa tactcatgcc agtcattac
241 agcatgagaa cagcagtttta ttactcacta aagacagaat gaatgttagaa aaggctgaat
301 tctgtataaa aagcaaacag cctggcttag caaggagcca acataacaga tgggctggaa
361 gtaaggaaac atgtaatgtat aggccggactc ccagcacaga aaaaaaggtt gatctgaatg
421 ctgatcccct gtgtgaaaa

Topik ini membahas cara menggunakan Finite State Automata (FSA) untuk mendeteksi mutasi DNA pada gen BRCA1 yang berkaitan dengan kanker payudara. FSA digunakan untuk mengenali pola tertentu dalam DNA sequence secara efisien.

Finite State Automata (FSA) direpresentasikan dalam bentuk quintuple, yang terdiri dari lima elemen utama:

1. Q: Himpunan semua state dalam FSA.
2. Σ : Himpunan simbol input (alfabet) yang diterima FSA.
3. δ : Fungsi transisi yang menentukan perpindahan antar state berdasarkan input.
4. q_0 : State awal tempat FSA memulai proses.
5. F: Himpunan state final di mana FSA berhenti jika pola ditemukan.

Desain FSA untuk Kasus BRCA1

Untuk mendeteksi pola mutasi DNA, seperti 'AACCAAAC', kita mendesain FSA dengan definisi quintuple sebagai berikut:

1. State (Q):
- $Q = \{q_0, q_1, q_2, q_3, q_4, q_5, q_6, q_7, q_8, q_9\}$

- q_0 : State awal.
- q_1 hingga q_8 : State transisi untuk mencocokkan pola.
- q_9 : State final (accepting state).

2. Alfabet (Σ):

- $\Sigma = \{A, T, G, C\}$ (simbol DNA).

3. Fungsi Transisi (δ):

State Saat Ini	Input	State Berikutnya
q_0	A	q_1
q_1	A	q_2
q_2	C	q_3
q_3	C	q_4
q_4	A	q_5
q_5	A	q_6
q_6	A	q_7
q_7	C	q_8
q_8	-	q_9 (final)

4. State Awal (q_0): mulai dari q_0 .

5. State Final (F): $F = \{q_9\}$.

Cara Kerja FSA

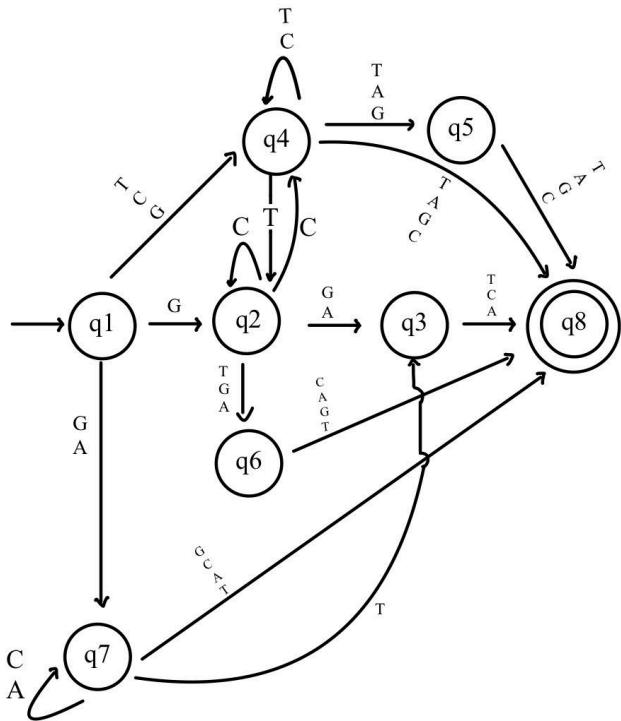
FSA membaca DNA sequence huruf demi huruf dan mencocokkannya dengan pola mutasi. Jika simbol cocok, FSA berpindah ke state berikutnya. Jika mencapai state final (q_9), maka pola mutasi ditemukan.

Berikut adalah contoh validasi menggunakan DNA sequence:

Input String	Pembahasan
AACCAAAC	Valid, karena pola mutasi ditemukan.
AACCAAAG	Tidak valid, karena huruf terakhir tidak cocok.
TTAACCAAAACG	Valid, karena pola mutasi ditemukan.
AACCAGT	Tidak valid, karena pola berhenti di tengah.
GGGAACCAAAC	Valid, karena pola mutasi ditemukan.
AACCCAAAC	Tidak valid, karena pola tidak sesuai.

FSA adalah metode efektif untuk mendeteksi pola mutasi pada DNA sequence, seperti mutasi gen BRCA1 yang terkait kanker payudara. Dengan mendesain state dan transisi yang sesuai, pola mutasi dapat dikenali secara efisien bahkan pada DNA sequence yang panjang.

4.2 DIAGRAM TRANSISI dan CODING MODEL FSA



CODING MODEL FSA

```
class NonDeterministicFiniteAutomata:
    def __init__(self, Q, Sigma, delta, S, F):
        self.states = Q
        self.inputs = Sigma
        self.FTransisi = delta
        self.StateAwals = S
        self.StateAkhirs = F

    def do_delta(self, q, x):
        # Function to find the next states for a given state and input
        try:
            return self.FTransisi[(q, x)]
        except KeyError:
            return set() # Return empty set if no transition exists

    def delta_nfa(self, word):
```

```

# Process a string to see if the NFA accepts it
P = self.StateAwals # Start with initial states
while word:

    Pnew = set() # Temporary set for next states
    for i in P:
        next_states = self.do_delta(i, word[0])
        print(f" State {i} --'{word[0]}--> {next_states}") # Print each transition
        Pnew = Pnew | next_states

    word = word[1:] # Move to the next character
    P = Pnew

return (P & self.StateAkhirs) != set() # Check if any final state is in P

def hat_delta_nfa(self, curr, word):
    # Recursive function to get all reachable states for a given input string
    if word == "":
        return curr
    next_states = set()
    for state in curr:
        next_states = next_states | self.do_delta(state, word[0])
    return self.hat_delta_nfa(next_states, word[1:])

```

```

DNA2 = NonDeterministicFiniteAutomata({1,2,3,4,5,6,7,8},
                                       {"A","T","C","G"},
                                       {(1,"G"):{4,2,7},(1,"A"):{7},(1,"T"):{4},(1,"C"):{4},
                                        (2,"G"):{3,6},(2,"A"):{3,6},(2,"T"):{6},(2,"C"):{2,4},
                                        (3,"A"):{8},(3,"T"):{8},(3,"C"):{8},
                                        (4,"G"):{5,8},(4,"A"):{5,8},(4,"T"):{2,4,5,8},(4,"C"):{4,5},
                                        (5,"G"):{8},(5,"A"):{8},(5,"T"):{8},(5,"C"):{8},
                                        (6,"G"):{8},(6,"A"):{8},(6,"T"):{8},(6,"C"):{8},
                                        (7,"G"):{8},(7,"A"):{7,8},(7,"T"):{3,8},(7,"C"):{7,8},
                                       },
                                       )

```

```
{1},  
{8})
```

Input : "AACCAAAAC"

Output

```
State 1 --'A'--> {7}  
State 7 --'A'--> {8, 7}  
State 8 --'C'--> set()  
State 7 --'C'--> {8, 7}  
State 8 --'C'--> set()  
State 7 --'C'--> {8, 7}  
State 8 --'A'--> set()  
State 7 --'A'--> {8, 7}  
State 8 --'A'--> set()  
State 7 --'A'--> {8, 7}  
State 8 --'A'--> set()  
State 7 --'A'--> {8, 7}  
State 8 --'C'--> set()  
State 7 --'C'--> {8, 7}
```

True

PENJELASAN

Source code yang terlihat diatas adalah sebuah FSA(Finite State Automata) berjenis NFA (Nondeterministic Finite Automata). Cara kerjanya adalah dengan pembuatan sebuah class bernama Non Deterministic Finite Automata yang didalamnya memuat semua logika dalam proses NFA. classnya juga memiliki constructor yang berisi semua parameter atau quintuple yang akan digunakan dalam nfa seperti Himpunan states(Q),himpunan input(Sigma), fungsi transisi(delta), himpunan state awal(S) dan himpunan state akhir(F).

Selanjutnya terdapat sebuah function bernama do_delta yang berfungsi untuk menemukan state selanjutnya berdasarkan state yang diberikan oleh parameter function dengan mengecek

dictionary FTransisi. Function akan terus mengecek apakah next state tersedia dan jika tidak ada maka akan meengeluarkan pesan Error, untuk menanggulangi hal tersebut diimplementasikanlah syntax try dan except agar saat error program akan mengembalikan sebuah set yang kosong.

Setelah itu fungsi delta_nfa digunakan untuk memproses suatu string dan menentukan jikalau string tersebut memenuhi bahasa yang telah di spesifikasi. Variabel P menyimpan semua set awal dan function akan terus berjalan selagi inputan atau katanya masih tersedia. variabel Pnew menyimpan set sementara untuk state selanjutnya. Function mengimplementasikan nested loop untuk mengiterasi semua kemungkinan state dari himpunan state awal. Variabel Pnew juga diupdate secara berkala dan Pnew disimpan di variabel P dan input katanya dipotong satu persatu sampai habis semua. Terakhir function mengecek apakah P terdapat di dalam set himpunan state akhir.

selanjutnya terdapat function hat_delta_nfa yang secara rekursif akan menentukan input diterima atau tidak. Base case dari function rekursif tersebut merupakan string kosong yaitu dimana semua string sudah diproses oleh function dan secara rekursi mengiterasi input katanya dengan memanggil function dirinya sendiri.

4.3 disini soal c

4.4 Inovasi yang dilakukan dan Desain Mockup

A. Penjelasan Mengenai Inovasi yang Dilakukan

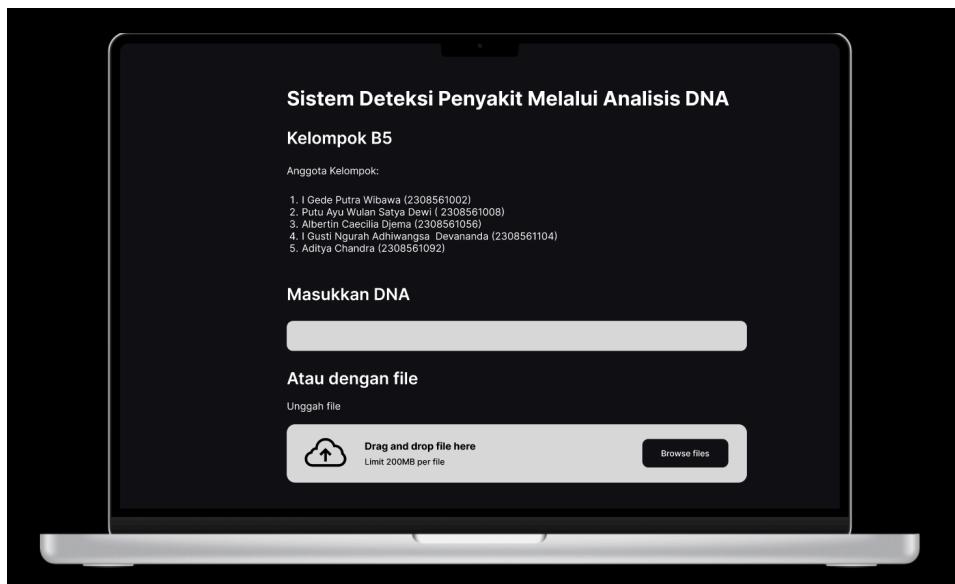
Inovasi yang dilakukan pada sistem deteksi DNA berbasis Non-deterministic Finite Automata (NFA) ini berangkat dari pendekatan yang digunakan pada jurnal sebelumnya. Dalam jurnal tersebut, sistem dirancang untuk menganalisis DNA dengan menggunakan urutan DNA normal sebagai acuan. Jika DNA yang diperiksa tidak mencapai final state, maka DNA dianggap abnormal. Namun, inovasi ini mengambil pendekatan berbeda dengan menggunakan database urutan DNA spesifik penyakit sebagai acuan. Misalnya, dalam kasus ini, mutasi gen BRCA1 yang berkaitan erat dengan kanker payudara dijadikan pola yang disimpan di database. Sistem kemudian membandingkan DNA yang diinputkan user dengan pola tersebut menggunakan NFA.

Jika DNA user sesuai dengan pola di database, sistem akan memberikan hasil bahwa DNA tersebut memiliki indikasi mutasi yang berhubungan dengan kanker payudara. Sebaliknya, jika tidak ada kecocokan, sistem menyatakan bahwa DNA tidak menunjukkan indikasi penyakit tersebut. Pendekatan ini lebih efisien karena langsung mengidentifikasi keberadaan pola spesifik penyakit, tanpa membandingkan dengan DNA normal secara keseluruhan. Selain itu, inovasi ini mempermudah proses diagnosis karena fokus pada satu jenis penyakit tertentu, sehingga lebih akurat dan relevan bagi kasus spesifik seperti kanker payudara. Dengan mengimplementasikan cara ini, sistem menjadi lebih bermanfaat untuk mendeteksi kondisi genetik yang spesifik, sehingga memberikan nilai tambah dibandingkan pendekatan konvensional yang hanya mendeteksi abnormalitas secara umum.

B. Mockup desain sistem antarmuka dan penjelasan setiap aktivitas yang dilakukan user.

1. TAMPILAN AWAL

The mockup shows a dark-themed user interface for a DNA analysis system. At the top center, it says "Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA". Below that, it says "Kelompok B5". Underneath, it lists the members of the group: "Anggota Kelompok:" followed by a numbered list: 1. I Gede Putra Wibawa (2308561002), 2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008), 3. Albertin Cecilia Djema (2308561056), 4. I Gusti Ngurah Adhiwangsa Devananda (2308561104), and 5. Aditya Chandra (2308561092). The main area is titled "Masukkan DNA" and features a large, empty input field. Below it, there's a "Atau dengan file" section with a "Unggah file" button and a "Drag and drop file here" area with a 200MB limit. A "Browse files" button is also present.



Gambar diatas merupakan tampilan awal yang akan ditampilkan untuk user. User dapat memasukkan DNA bisa melalui teks dan file

2. PROSES USER MENGINPUT DNA YANG MENGIDAP KANKER DAN JUGA TAMPILAN HASILNYA



Gambar diatas merupakan tampilan user memasukkan DNA yang mengidap kanker pada text box "Masukkan DNA"

Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA

Kelompok B5

Anggota Kelompok:

1. I Gusti Putri Wiliswaty (2308561092)
2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008)
3. Albertin Cascilia Djema (2308561058)
4. I Gusti Ngurah Adhiwangsa Devananda (2308561104)
5. Aditya Chandra (2308561092)

Masukkan DNA

GGTATCAGTCGATGCTA

Press enter

Atau dengan file

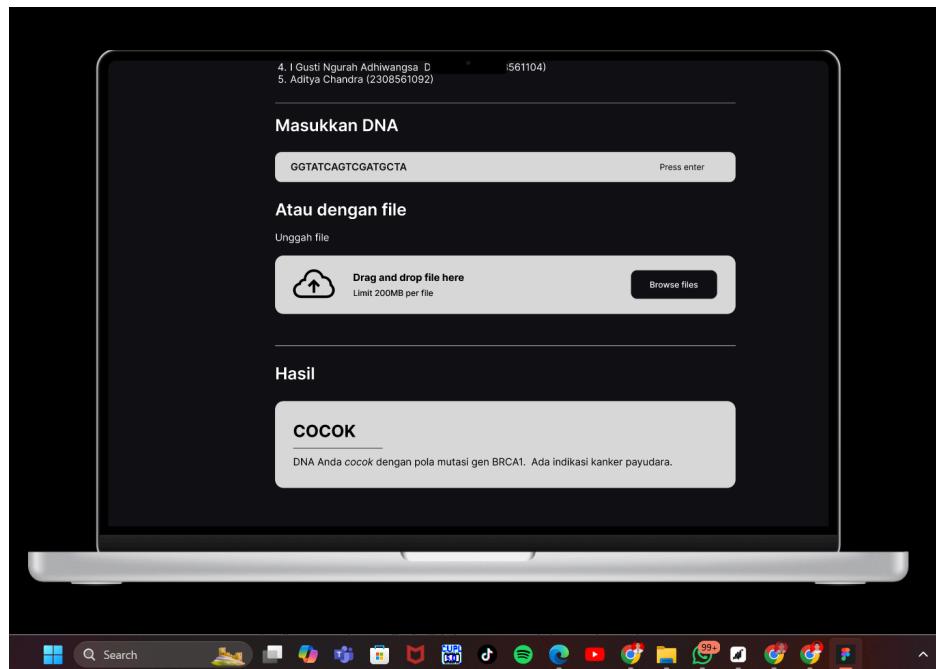
Unggah file

Cloud iconDrag and drop file here
Limit 200MB per fileBrowse files

Hasil

COCOK

DNA Anda cocok dengan pola mutasi gen BRCA1. Ada indikasi kanker payudara.



Gambar diatas merupakan tampilan hasil dari DNA yang cocok dengan pola mutasi BRCA1 yang dimana hasil analisis menunjukkan bahwa DNA Anda cocok dengan pola mutasi BRCA1, yang berhubungan dengan peningkatan risiko kanker payudara

3. PROSES USER MENGINPUT DNA YANG TIDAK MENGIDAP KANKER DAN JUGA TAMPILAN HASILNYA

The screenshot shows the user interface of the "Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA". At the top, it displays the group name "Kelompok B5" and the members' names. Below this, there are two input fields: "Masukkan DNA" containing the sequence "ATGACAGGACAGACA" and "Atau dengan file" with a file upload section labeled "Drag and drop file here" and "Browse files".

Gambar diatas merupakan tampilan user memasukkan DNA yang tidak mengidap kanker pada box “Masukkan DNA”

The screenshot shows the user interface of the "Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA". At the top, it displays the group name "Kelompok B5" and the members' names. Below this, there are two input fields: "Masukkan DNA" containing the sequence "ATGACAGGACAGACA" and "Atau dengan file" with a file upload section labeled "Drag and drop file here" and "Browse files". Under the "Hasil" (Result) section, a message box displays the result: "TIDAK COCOK" (NOT MATCH) with the note: "DNA Anda tidak cocok dengan pola mutasi gen BRCA1. Tidak ada indikasi kanker payudara."

The screenshot shows a dark-themed web application for DNA analysis. At the top, it displays member information: "4. I Gusti Ngurah Adhiwangsa D 561104" and "5. Aditya Chandra (2308561092)". Below this is a section titled "Masukkan DNA" containing a text input field with the sequence "ATGACAGGACAGACA" and a "Press enter" button. There is also a "Atau dengan file" section with a "Unggah file" button, a "Drag and drop file here" area with a cloud icon, and a "Browse files" button. A "Hasil" section at the bottom contains a red box with the text "TIDAK COCOK" and the message "DNA Anda tidak cocok dengan pola mutasi gen BRCA1. Tidak ada indikasi kanker payudara.".

Gambar diatas merupakan tampilan hasil dari DNA yang tidak dengan pola mutasi BRCA1 yang dimana hasil analisis menunjukkan bahwa DNA Anda tidak cocok dengan pola mutasi BRCA1, yang berhubungan dengan peningkatan risiko kanker payudara

4. PROSES USER MENGINPUT DNA YANG TIDAK SESUAI FORMAT PENULISAN DNA DAN JUGA TAMPILAN HASILNYA

The screenshot shows the same dark-themed web application. The title "Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA" and "Kelompok B5" are visible. The "Anggota Kelompok:" list includes members with IDs 2308561002 through 2308561092. The "Masukkan DNA" section has an input field containing "GGTA TCAGT_CGATIGCTA" and a "Press enter" button. The "Atau dengan file" section is identical to the previous screenshot. A red box in the "Hasil" section displays the error message "FORMAT SALINAN DNA ANDA TIDAK BENAR".

Gambar diatas merupakan tampilan user memasukkan DNA yang yang tidak sesuai dengan format karena terdapat spasi dan terdapat karakter yang tidak valid (_ dan !).pada text box “Masukkan DNA”

Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA

Kelompok B5

Anggota Kelompok:

1. I Gede Putra Vibawa (2308561002)
2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008)
3. I Gusti Ngurah Adhwarsa Devawanda (2308561009)
4. I Gusti Ngurah Adhwarsa Devawanda (2308561104)
5. Aditya Chandra (2308561092)

Masukkan DNA

GGTA TCAGT_CGATIGCTA
 Press enter

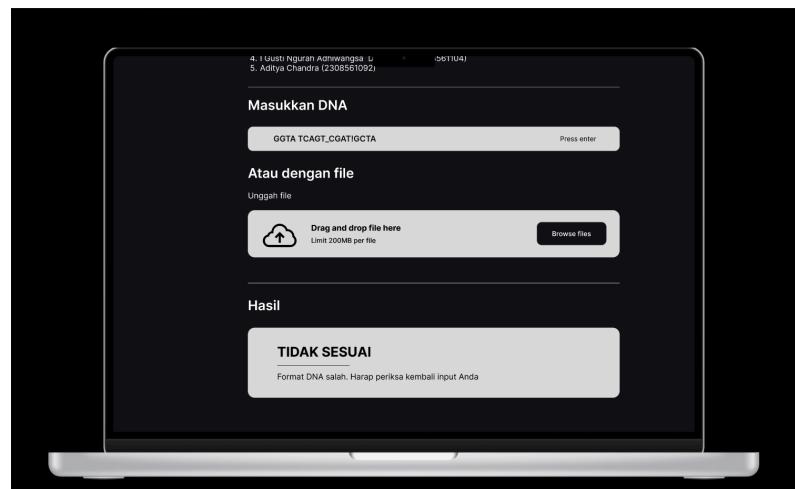
Atau dengan file

Unggah file

Cloud icon Drag and drop file here
Limit 200MB per file
 Browse files

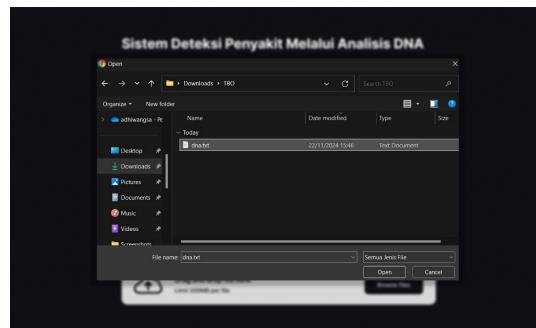
Hasil

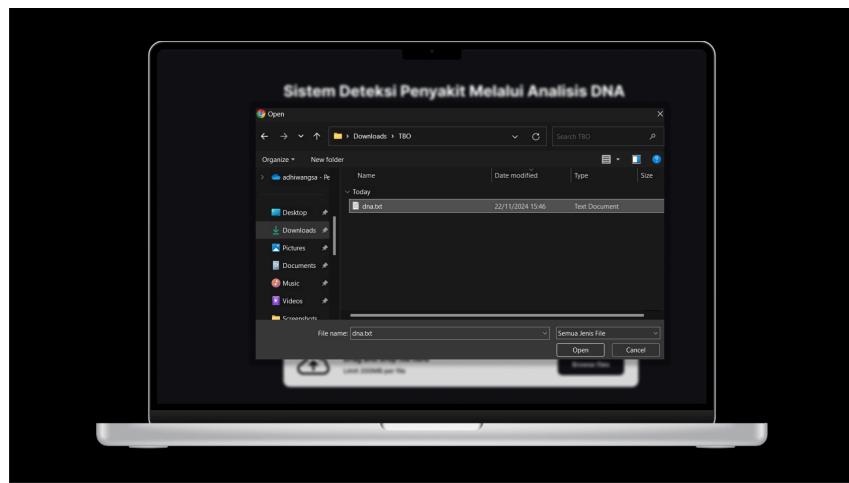
TIDAK SESUAI
 Format DNA salah. Harap periksa kembali input Anda



Gambar diatas merupakan tampilan hasil dari DNA yang tidak sesuai dengan format dna karena mungkin terdapat kesalahan format penulisan DNA.

5. PROSES USER MENGINPUT DNA MELALUI UNGGAHAN FILE DAN JUGA TAMPILAN HASILNYA





Gambar diatas merupakan tampilan bila user ingin mengunggah DNA dengan file.

Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA

Kelompok B5

Anggota Kelompok:

- 1. I Gede Putra Wibawa (2308561002)
- 2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008)
- 3. Albertin Cecilia Djema (2308561056)
- 4. I Gusti Ngurah Adhiwangsa Devananda (2308561104)
- 5. Aditya Chandra (2308561092)

Masukkan DNA

Atau dengan file

Unggah file

Drag and drop file here
Limit 200MB per file

Browse files

DNA.txt 1.3MB

Hasil

COCOK

DNA Anda cocok dengan pola mutasi gen BRCA1. Ada indikasi kanker payudara.

Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA

Kelompok B5

Anggota Kelompok:

- 1. I Gede Putra Wibawa (2308561002)
- 2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi (2308561008)
- 3. Albertin Cecilia Djema (2308561056)
- 4. I Gusti Ngurah Adhiwangsa Devananda (2308561104)
- 5. Aditya Chandra (2308561092)

Masukkan DNA

Atau dengan file

Unggah file

Drag and drop file here
Limit 200MB per file

Browse files

DNA.txt 1.3MB

Hasil

COCOK

DNA Anda cocok dengan pola mutasi gen BRCA1. Ada indikasi kanker payudara.

Gambar diatas merupakan hasil dari analisis DNA melalui unggahan file, dimana terdapat perbedaan yaitu terdapat file yang diunggah oleh user.

4.5 Code Interface menggunakan Python GUI

Berikut merupakan Codenya

```
import tkinter as tk
from tkinter import messagebox, filedialog
from tkinternd2 import TkinterDnD, DND_FILES
```

Bagian ini adalah bagian import library, Adapun library yang digunakan dalam code ini adalah sebagai berikut :

- Tkinker : merupakan modul utama yang berfungsi untuk membangun antarmuka grafis (GUI) dengan Python
- Messagebox dan filedialog : merupakan modul tkinker yang berfungsi untuk menampilkan pesan kesalahan atau peringatan, dan membuka dialog file.
- TkinterDnD dan DND_FILES : merupakan fungsi yang digunakan untuk menambahkan fungsionalitas drag-and-drop pada aplikasi.

```
class NonDeterministicFiniteAutomata:
    def __init__(self, Q, Sigma, delta, S, F):
        # Initialize the NFA with states, alphabet, transitions, initial states, and accepting states
        self.states = Q
        self.inputs = Sigma
        self.FTransisi = delta
        self.StateAwals = S
        self.StateAkhir = F

    def do_delta(self, q, x):
        # Function to find the next states for a given state and input
        try:
            return self.FTransisi[(q, x)]
        except KeyError:
            return set() # Return empty set if no transition exists

    def delta_nfa(self, word):
        # Process a string to see if the NFA accepts it
        P = self.StateAwals # Start with initial states
        while word:
            Pnew = set() # Temporary set for next states
            for i in P:
                next_states = self.do_delta(i, word[0])
                print(f" State {i} --'{word[0]}--> {next_states}") # Print each transition
                Pnew = Pnew | next_states

            word = word[1:] # Move to the next character
            P = Pnew
```

```

        return (P & self.StateAkhir) != set() # Check if any final state is in P

    def hat_delta_nfa(self, curr, word):
        # Recursive function to get all reachable states for a given input string
        if word == "":
            return curr
        next_states = set()
        for state in curr:
            next_states = next_states | self.do_delta(state, word[0])
        return self.hat_delta_nfa(next_states, word[1:])

DNA2 = NonDeterministicFiniteAutomata({1,2,3,4,5,6,7,8},
                                       {"A","T","C","G"},
                                       {(1,"G"):{4,2,7},(1,"A"):{7},(1,"T"):{4},(1,"C"):{4},
                                        (2,"G"):{3,6},(2,"A"):{3,6},(2,"T"):{6},(2,"C"):{2,4},
                                        (3,"A"):{8},(3,"T"):{8},(3,"C"):{8},
                                        (4,"G"):{5,8},(4,"A"):{5,8},(4,"T"):{2,4,5,8},(4,"C"):{4,5},
                                        (5,"G"):{8},(5,"A"):{8},(5,"T"):{8},(5,"C"):{8},
                                        (6,"G"):{8},(6,"A"):{8},(6,"T"):{8},(6,"C"):{8},
                                        (7,"G"):{8},(7,"A"):{7,8},(7,"T"):{3,8},(7,"C"):{7,8},
                                       },
                                       {1},
                                       {8})

```

Merupakan rangkaian code nondeterministic finite automata atau NFA yang berfungsi untuk mendeteksi atau memeriksa rangkaian DNA

```

# Fungsi untuk membuka dan memproses file DNA
def open_file():
    file_path = filedialog.askopenfilename(filetypes=[("Text Files", "*.txt")])
    if file_path:
        with open(file_path, 'r') as file:
            dna_sequence = file.read().strip().upper()
            entry_dna.delete(0, tk.END)
            entry_dna.insert(0, dna_sequence)
            process_dna()

```

Fungsi ini membuka dialog file untuk memilih teks (.txt) yang berisi urutan DNA. Setelah memilih file, fungsi ini membaca isi file dan memproses urutan DNA (menghapus spasi, mengubah ke huruf besar) dan menampilkan urutan DNA ke dalam input field (entry data). Kemudian fungsi proses_dna() dipanggil untuk memproses urutan DNA tersebut.

```
# Fungsi untuk memproses input DNA
def process_dna():
    dna_sequence = entry_dna.get().upper()
    if not dna_sequence:
        messagebox.showwarning("Input Error", "Masukkan DNA sequence!")
        return
    if not all(c in "ATCG" for c in dna_sequence):
        messagebox.showerror("Input Error", "DNA hanya boleh mengandung A, T, C, G!")
        return
    result = analyze_dna(dna_sequence)
    result_label.config(text=f"Hasil: {result}")
    result_frame.pack(pady=20)
```

Fungsi ini mengambil urutan DNA dari input field (entry_dna), mengonversi menjadi huruf besar dan memvalidasi input. Jika input kosong ataupun mengandung karakter lain selain A, T, C,G akan ditampilkan pesan peringatan atau kesalahan. Sebaliknya, jika input valid, fungus analyze_dna() dipanggil untuk menganalisis DNA dan hasilnya ditampilkan pada labeb result_label. Frame result_frame kemudian ditampilkan.

```
# GUI
root = TkinterDnD.Tk()
root.title("Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA")
root.geometry("600x500")
root.configure(bg="#1e1e1e")
```

Membuat window utama dengan menggunakan TkinterDnD.Tk(), yang memungkinkan penggunaan drag-and-drop. Serta mengatur judul pada jendela aplikasi dan ukuran window. Latar belakang jendela diatur menjadi warna gelap (#1e1e1e)

```
# Judul
title_label = tk.Label(root, text="Sistem Deteksi Penyakit Melalui Analisis DNA", font=("Arial", 18, "bold"), fg="white", bg="#1e1e1e")
title_label.pack(pady=20)
```

Menampilkan label sistem atau aplikasi yaitu dengan teks putih san latar belakang yang sesuai dengan desain GUI

```

# Menambahkan input DNA
input_frame = tk.Frame(root, bg="#1e1e1e")
input_frame.pack(pady=10)

dna_label = tk.Label(input_frame, text="Masukkan DNA", font=("Arial", 12), fg="white", bg="#1e1e1e")
dna_label.grid(row=0, column=0, padx=10)

entry_dna = tk.Entry(input_frame, font=("Arial", 12), width=40)
entry_dna.grid(row=0, column=1, padx=10)

# Tombol proses DNA
process_button = tk.Button(input_frame, text="Proses DNA", font=("Arial", 12), command=process_dna)
process_button.grid(row=1, columnspan=2, pady=10)

```

Membuat frame tempat user menginput string DNA, dengan label entri field untuk memasukan urutan DNA. Kemudian tombol “Proses DNA” yang akan menjalankan fungsi proses_dna saat diklik

```

# Menambahkan drag-and-drop untuk file
file_label = tk.Label(root, text="Atau dengan File", font=("Arial", 12), fg="white", bg="#1e1e1e")
file_label.pack(pady=10)

drop_area = tk.Label(root, text="Drag and Drop File Here", relief="solid", width=40, height=3, bg="lightgray")
drop_area.drop_target_register(DND_FILES)
drop_area.dnd_bind('<<Drop>>', lambda e: open_file())

```

Label untuk memberitahun bahwa selain dengan memasukkan string DNA secara manual, pengguna juga bisa memasukan file dengan drag and drop. Area ini adalah label yang didaftarkan sebagai target drag and drop dengan menggunakan TkinterDnD. Ketika file di drag, fungsi open_file akan dipanggil.

```

# Menampilkan hasil analisis
result_frame = tk.Frame(root, bg="#1e1e1e")
result_label = tk.Label(result_frame, text="", font=("Arial", 14), fg="white", bg="#1e1e1e")
result_label.pack()

```

Potongan code ini untuk membentuk fram yang akan digunakan untuk menampilkan hasil analisis DNA entah dia cocok atau tidak dengan DNA yang dibangun dengan NFA.

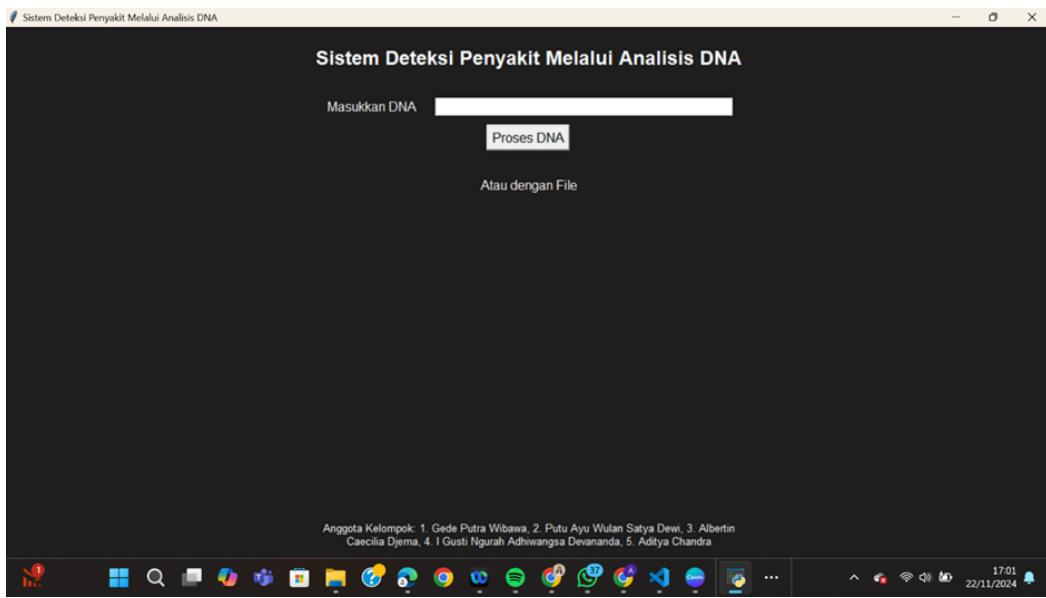
```

# Menambahkan footer (anggota kelompok)
footer_label = tk.Label(root, text="Anggota Kelompok: 1. Gede Putra Wibawa, 2. Putu Ayu Wulan Satya Dewi, 3. Albertin Caecilia Djema,")
footer_label.pack(side="bottom", pady=10)

```

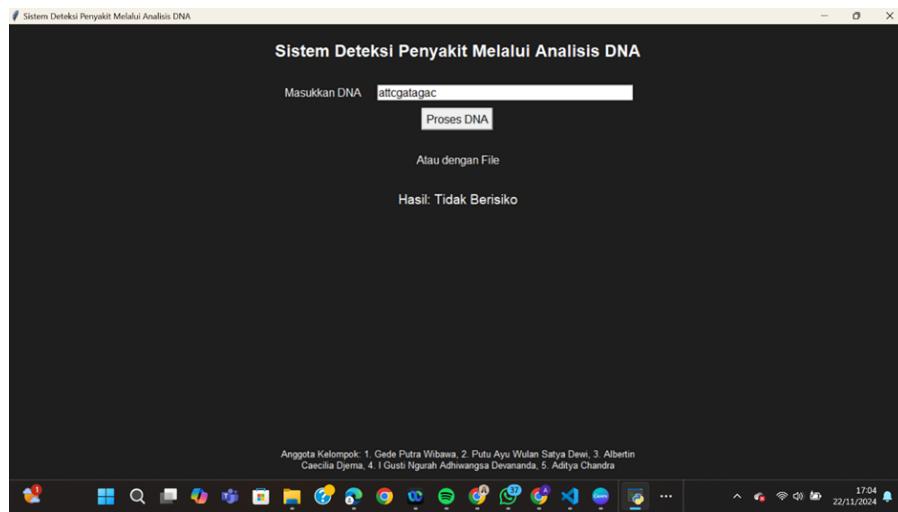
Ini adalah potongan code untuk menambahkan footer dengan teks yang berisi nama anggota kelompok project ini.

OUTPUT PROGRAM



Tampilannya adalah seperti ini, namun entah mengapa frame untuk filenya tidak muncul, karena sudah dicoba berulang kali dan sudah mepet waktu maka tidak diperbaiki.

Tampilan ini adalah tampilan awal agar user dapat memasukkan urutan DNA yang ingin diperiksa. setelah menginput urutan DNA user bisa mengklik tombol proses DNA sehingga DNA bisa dianalisis



Ini adalah tampilan apabila urutan DNA yang dimasukkan user sudah di analisis dan hasilnya tidak sesuai dengan sample yang ada di sistem maka tidak bersiko mengalami penyakit.

BAB V

KESIMPULAN DAN SARAN

4.1 Kesimpulan

Kesimpulan kami adalah bahwa

DAFTAR PUSTAKA

Qura-Tul-Ein, Yousaf Saeed, Shahid Naseem, Fahad Ahmad, Tahir Alyas, dan Nadia Tabassum. "DNA Pattern Analysis using Finite Automata." International Research Journal of Computer Science (IRJCS), vol. 1, no. 2, 2014. Diakses pada 28-11-2024.

World Health Organization. (2021). *Breast cancer now most common form of cancer: WHO taking action*. Retrieved from
<https://www.who.int/news/item/03-02-2021-breast-cancer-now-most-common-form-of-cance>
L.