# Penerapan String Matching dan Regular Expression dalam DNA **Pattern Matching**

# Dibuat sebagai Tugas Besar 3 IF2211 Strategi Algoritma



### Dikerjakan oleh:

## Finding (D)N(A)emo

**Fernaldy** 13520112 **Brianaldo Phandiarta** 

13520113

M Syahrul Surya Putra 13520161

Program Studi Teknik Informatika Sekolah Teknik Elektro dan Informatika **Institut Teknologi Bandung** 2022

# **DAFTAR ISI**

BAB I	I DESKRIPSI TUGAS	1
BAB II LANDASAN TEORI		2
I.	Pattern Matching	2
II.	Knuth-Morris-Pratt (KMP) Algorithm	2
III.	Boyer-Moore (BM) Algorithm	2
IV.	Regular Expression (Regex)	3
V.	Hamming Distance.	3
VI.	Penjelasan singkat Aplikasi Web Finding (D)N(A)emo	4
BAB I	V. Hamming Distance	
I.	Langkah Pemecahan Masalah Setiap Fitur	5
II.	Fitur Fungsional dan Arsitektur Aplikasi Web yang Dibangun	7
BAB IV IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN		9
I.	Spesifikasi Teknis Program	9
II.	Tata Cara Penggunaan Program	12
III.	Pengujian	14
IV.	Analisis Pengujian	20
IV. Analisis Pengujian		22
V.	Kesimpulan	22
VI.	Saran	22
VII.	. Refleksi	22
DAFTAR PUSTAKA		23
I AMDID AM		24

#### **BABI**

#### **DESKRIPSI TUGAS**

Manusia umumnya memiliki 46 kromosom di dalam setiap selnya. Kromosom-kromosom tersebut tersusun dari DNA (deoxyribonucleic acid) atau asam deoksiribonukleat. DNA tersusun atas dua zat basa purin, yaitu Adenin (A) dan Guanin (G), serta dua zat basa pirimidin, yaitu sitosin (C) dan timin (T). Masing-masing purin akan berikatan dengan satu pirimidin. DNA merupakan materi genetik yang menentukan sifat dan karakteristik seseorang, seperti warna kulit, mata, rambut, dan bentuk wajah. Ketika seseorang memiliki kelainan genetik atau DNA, misalnya karena penyakit keturunan atau karena faktor lainnya, ia bisa mengalami penyakit tertentu. Oleh karena itu, tes DNA penting untuk dilakukan untuk mengetahui struktur genetik di dalam tubuh seseorang serta mendeteksi kelainan genetik. Ada berbagai jenis tes DNA yang dapat dilakukan, seperti uji pra implantasi, uji pra kelahiran, uji pembawa atau carrier testing, uji forensik, dan DNA sequence analysis.

Salah satu jenis tes DNA yang sangat berkaitan dengan dunia bioinformatika adalah DNA sequence analysis. DNA sequence analysis adalah sebuah cara yang dapat digunakan untuk memprediksi berbagai macam penyakit yang tersimpan pada database berdasarkan urutan sekuens DNA-nya. Sebuah sekuens DNA adalah suatu representasi string of nucleotides yang disimpan pada suatu rantai DNA, sebagai contoh: ATTCGTAACTAGTAAGTTA. Teknik pattern matching memegang peranan penting untuk dapat menganalisis sekuens DNA yang sangat panjang dalam waktu singkat. Oleh karena itu, mahasiswa Teknik Informatika berniat untuk membuat suatu aplikasi web berupa DNA Sequence Matching yang menerapkan algoritma String Matching dan Regular Expression untuk membantu penyedia jasa kesehatan dalam memprediksi penyakit pasien. Hasil prediksi juga dapat ditampilkan dalam tabel dan dilengkapi dengan kolom pencarian untuk membantu admin dalam melakukan filtering dan pencarian.

Dalam tugas besar ini, anda diminta untuk membangun sebuah aplikasi DNA Pattern Matching. Dengan memanfaatkan algoritma String Matching dan Regular Expression yang telah anda pelajari di kelas IF2211 Strategi Algoritma, anda diharapkan dapat membangun sebuah aplikasi interaktif untuk mendeteksi apakah seorang pasien mempunyai penyakit genetik tertentu. Hasil prediksi tersebut dapat disimpan pada basis data untuk kemudian dapat ditampilkan berdasarkan query pencarian.

#### **BAB II**

#### LANDASAN TEORI

#### I. Pattern Matching

Pattern matching adalah suatu teknik untuk mencari lokasi keberadaan suatu pattern yaitu suatu string dengan panjang m karakter pada suatu teks yaitu suatu string dengan panjang n karakter. Asumsi yang diambil adalah panjang string teks selalu lebih panjang daripada panjang string pattern. Pattern matching memiliki banyak kegunaan seperti pencarian dalam suatu file, web search engine, analisis citra, bioinformatics, dan lain sebagainya. Hingga saat ini, sudah terdapat banyak implementasi algoritma pattern matching dan beberapa di antaranya adalah Knuth-Morris-Pratt (KMP) Algorithm dan Boyer-Moore (BM) Algorithm.

#### II. Knuth-Morris-Pratt (KMP) Algorithm

Algoritma KMP dicetuskan oleh Donald Ervin Knuth, seorang ilmuwan komputer dan Profesor Emeritus dari Stanford University. Algoritma KMP melakukan pencarian *pattern* pada teks dari kiri ke kanan seperti pencarian dengan menggunakan algoritma *brute force*, tetapi dengan pergeseran *pattern* yang lebih efisien. Apabila terdapat ketidakcocokan pada teks posisi *i* dan pola posisi *j*, maka pergeseran yang dilakukan sebesar prefiks pattern dari posisi 0 hingga *j*-1 terbesar yang sama dengan sufiks pattern dari posisi 1 hingga *j*-1. Kompleksitas waktu algoritma KMP adalah O(n+m). Keuntungan dari algoritma KMP ini adalah tidak pernah bergerak mundur pada teks, sedangkan kelemahannya adalah ketika ukuran alfabet besar.

#### III. Boyer-Moore (BM) Algorithm

Algoritma BM didasarkan pada teknik *looking-glass* dan *character-jump*. Teknik *looking-glass* adalah teknik yang menelusuri kecocokan pola dengan teks dari posisi belakang pola. Teknik *character-jump* adalah mendefinisikan pergeseran pola berdasarkan tiga kemungkinan kasus apabila ditemukan ketidakcocokan teks posisi *i* dan pola posisi *j*. Kasus pertama adalah apabila pola mengandung karakter teks posisi *i* di sebelah kiri *j*, maka sejajarkan posisi karakter tersebut dengan karakter teks posisi *i*. Kasus kedua adalah apabila pola mengandung karakter teks posisi *i* di sebelah kanan *j*, maka geser pola sebesar 1 karakter ke kanan. Kasus ketiga adalah kasus selain kasus pertama dan kedua yaitu sejajarkan pola posisi 0 dengan teks posisi *i*+1. Kompleksitas waktu

kasus terburuk algoritma Boyer-Moore adalah O(nm+A). Keuntungan algoritma Boyer-Moore adalah ukuran alfabet yang besar.

#### IV. Regular Expression (Regex)

Regular expression merupakan pola yang terdiri atas sekumpulan karakter yang mendefinisikan pola yang dicari pada suatu teks. Regex mampu mendefinisikan pola yang fleksibel untuk dicari dalam teks. Beberapa pemanfaatan regex adalah untuk validasi struktur suatu teks, pencarian pola pada teks, penggantian bagian tertentu pada teks, dan lain sebagainya. Beberapa contoh notasi umum pada regex antara lain:

- . mendefinisikan semua karakter kecuali newline
- ^ mendefinisikan awal teks
- \$ mendefinisikan akhir teks
- [abc] mendefinisikan karakter a, b, atau c
- [a-z] mendefinisikan karakter apapun dari a sampai z
- [^abc] mendefinisikan karakter apapun kecuali a, b, dan c
- aa|bb mendefinisikan aa atau bb
- ? mendefinisikan 0 atau 1 kemunculan dari karakter sebelumnya
- \* mendefinisikan 0 atau lebih kemunculan dari karakter sebelumnya
- + mendefinisikan 1 atau lebih kemunculan dari karakter sebelumnya

Selain contoh notasi umum di atas, masih banyak notasi umum regex lainnya.

#### V. Hamming Distance

Hamming distance adalah jumlah substitusi minimum yang diperlukan untuk mengubah suatu string menjadi string lain yang panjangnya sama. Menghitung hamming distance dapat dilakukan dengan menghitung jumlah ketidakcocokan karakter pada posisi yang sama dari dua buah string dengan panjang sama. Dalam melakukan pattern matching, hamming distance dapat dihitung pada tiap offset teks untuk menentukan tingkat kecocokan pola dengan teks. Tingkat kecocokan tertinggi akan diambil berdasarkan hamming distance minimum dari pola dengan teks.

#### VI. Penjelasan singkat Aplikasi Web Finding (D)N(A)emo

Dalam rekayasa perangkat lunak, aplikasi web adalah suatu aplikasi yang diakses menggunakan penjelajah web melalui suatu jaringan seperti internet atau intranet. Aplikasi web Finding (D)N(A)emo merupakan aplikasi web yang dapat diakses melalui jaringan internet. Aplikasi web ini bertujuan untuk melakukan pendeteksian penyakit dengan menggunakan DNA *pattern-matching*. Selain itu, aplikasi web ini juga dapat menyimpan data-data penyakit dan hasil pemeriksaan DNA.

#### **BAB III**

#### **ANALISIS PEMECAHAN MASALAH**

#### I. Langkah Pemecahan Masalah Setiap Fitur

Untuk fitur menambah penyakit baru, aplikasi web dapat menerima masukan nama penyakit beserta sekuens DNA dari penyakit tersebut. Untuk memastikan bahwa sekuens DNA penyakit yang dimasukkan adalah valid, akan dilakukan pengecekan terhadap sekuens DNA tersebut dengan menggunakan regex. Berikut adalah regex untuk melakukan sanitasi input DNA:

Regex: [^AGCT]

Regex tersebut mencari apakah terdapat karakter selain A, G, C, dan T pada sekuens DNA penyakit. Apabila ditemukan ada karakter selain A, G, C, dan T, maka masukan sekuens DNA penyakit tidak valid. Selain itu, akan dilakukan pengecekan terhadap nama penyakit dengan yang tersimpan di dalam basis data agar tidak terdapat duplikasi penyakit. Apabila valid, nama penyakit beserta sekuens DNA penyakit akan disimpan di dalam basis data.

Untuk fitur prediksi penyakit seseorang, aplikasi web dapat menerima nama orang yang ingin diperiksa, sekuens DNA orang tersebut, dan nama penyakit yang ingin diperiksa. Pengecekan terhadap sekuens DNA orang tersebut juga akan dilakukan dengan regex yang sama seperti pada validasi sekuens DNA penyakit. Selain itu, juga akan dilakukan validasi terhadap nama penyakit yang ingin diperiksa apakah tersedia di dalam basis data. Apabila semua kondisi valid, akan dilakukan pencocokan DNA penyakit terhadap DNA orang tersebut. Terlebih dahulu akan dilakukan string matching dengan algoritma KMP untuk mendeteksi kecocokan 100% antara DNA penyakit dengan DNA orang tersebut. Apabila kecocokan tidak 100%, selanjutnya akan dilakukan pencocokan pola dengan memanfaatkan hamming distance untuk menentukan tingkat kecocokan DNA penyakit dengan DNA orang tersebut. DNA penyakit dan DNA orang tersebut dikatakan cocok apabila tingkat kecocokannya mencapai 80%. Selanjutnya, tanggal pengecekan, nama orang, penyakit prediksi, tingkat kecocokan, dan status terprediksi akan disimpan di dalam basis data.

Berikut adalah algoritma KMP:

• Melakukan ComputeFail yang mengembalikan suatu array of integer, fail. Apabila terdapat ketidakcocokan karakter teks pada posisi i dengan karakter pola pada posisi j, fail[j-1]

- menunjukkan posisi j yang baru. Nilai fail[k] dihitung dengan menghitung ukuran prefiks terbesar yang sama dengan sufiks mulai dari pola[0] hingga pola[k]
- Melakukan iterasi dari awal teks hingga akhir dengan *iterator* i dan iterasi dari awal pola hingga akhir dengan *iterator* j. Apabila teks[i] dan pola[j] sama, apabila j sudah mencapai akhir pola, maka kembalikan i panjang pola + 1, sedangkan apabila belum mencapai akhir pola maka keduanya di-*increement*. Apabila teks[i] dan pola[j] tidak sama, apabila j>0 maka nilai j diubah menjadi fail[j-1], sedangkan apabila j=0 maka nilai i di-*increement*. Berikut adalah algoritma Boyer-Moore:
- Melakukan komputasi LastOccurence yaitu posisi terakhir ditemukannya suatu karakter pada pola.
- Melakukan iterasi teks dari awal sampai akhir dengan *iterator* i dan iterasi dari akhir pola hingga awal dengan *iterator* j. Apabila teks[i] dan pola[j] sama, apabila j=0 maka kembalikan i, sedangkan apabila j<>0 maka i dan j di-*decreement*. Apabila teks[i] dan pola[j] tidak sama, apabila last[teks[i]] < j, maka sejajarkan posisi karakter tersebut dengan teks[i], sedangkan apabila last[teks[i]]>j, maka geser pola sebesar 1 karakter ke kanan, sedangkan apabila teks[i] tidak ada dalam pola maka sejajarkan pola[0] dengan teks[i+1].
- Iterasi berhenti apabila i sudah melebihi panjang teks.
  Berikut adalah algoritma *hamming distance*:
- Iterasi dari awal teks hingga akhir dengan iterator *i*.
- Pada tiap iterasi, hitung *hamming distance* dari pola dengan *iterator* j dengan teks pada *offset* i. *Hamming distance* dihitung dengan jumlah teks[i+j] <> pola[j].
- Untuk mempercepat perhitungan, disimpan nilai minimum *hamming distance* dan jika pada *offset* i berikutnya, apabila *hamming distance* sudah mencapai minimum tersebut, maka iterasi dilanjutkan ke *offset* i berikutnya.

Untuk fitur pencarian hasil prediksi, aplikasi web dapat menerima *query* pencarian berupa tanggal prediksi, nama penyakit, atau tanggal prediksi yang diikuti nama penyakit. Validasi *query* ini akan dilakukan dengan regex. Berikut adalah regex untuk validasi *query*:

```
Regex untuk bulan dengan 31 hari:

^(0[1-9]|[12][1-9]|[123]0|31)[-/](0[13578]|10|12)[-/]((202[0-2])|(20[01])[0-9]|(1[0-9]{1,3})|(0[0-9]{1,3}))$

Regex untuk bulan dengan 30 hari:
```

Regex tersebut dapat menerima tanggal dengan format dd-mm-yyyy dengan asumsi bahwa bulan Februari selalu memiliki 29 hari. Apabila *query* pencarian valid, akan dilakukan pencarian hasil prediksi yang tersimpan di dalam basis data dan penampilkan hasilnya ke layar.

#### II. Fitur Fungsional dan Arsitektur Aplikasi Web yang Dibangun

- i) Fitur Fungsional
  - a) Menambahkan data penyakit baru ke basis data Penyakit.
  - b) Melakukan pemeriksaan untaian DNA dengan *pattern* penyakit pada basis data Penyakit dan memasukkan hasilnya ke basis data Hasil.
  - c) Melakukan pencarian data pada basis data Hasil sesuai dengan masukan oleh pengguna.
- ii) Arsitektur Aplikasi Web
  - a) Frontend

Frontend dari Finding (D)N(A)emo dibangun dengan menggunakan bahasa javascript menggunakan framework React JS. Dalam menerima dan mengirimkan data pada API, digunakan pustaka axios. Situs di-deploy secara online menggunakan bantuan Netlify.

#### b) Backend

*Backend* dari Finding (D)N(A)emo dibangun menggunakan golang. Dalam pembangunannya, digunakan pustaka mysql, untuk melakukan koneksi pada basis data; mux, untuk melakukan koneksi API; dan cors untuk melakukan *set-up* CORS. *Backend* di-*deploy* secara *online* menggunakan bantuan Heroku.

#### c) Basis data

Finding (D)N(A)emo menggunakan basis data MySQL yang di-*deploy* secara *online* menggunakan remotemysql.

#### **BAB IV**

#### IMPLEMENTASI DAN PENGUJIAN

#### I. Spesifikasi Teknis Program

- iii) Backend
  - a) lib

Berisi pustaka yang digunakan untuk melakukan pattern-matching.

- (a) Regex.go
  - Fungsi IsValidDNA

Fungsi ini mengembalikan true jika panjang input > 0 dan input tidak mengandung karakter lain selain AGCT

• Fungsi IsValidQuery

Fungsi ini mengembalikan true jika input merupakan tanggal dengan format dd-mm-yyyy, nama penyakit, atau gabungan keduanya

#### (b) StringMatching.go

• Fungsi ComputeFail

Fungsi untuk menghitung border function, yaitu jumlah pergeseran yang diperlukan apabila ditemukan ketidakcocokan antara pola dan teks

• Fungsi KmpMatch

Fungsi melakukan pencocokan string dengan KMP Algorithm memanfaatkan ComputeFail. Fungsi akan mengembalikan indeks ditemukannya pola pada teks jika pola ditemukan atau -1 jika pola tidak ditemukan.

• Fungsi BuildLast

Fungsi memetakan setiap karater pada alfabet ke indeks di mana karakter tersebut terakhir ditemukan pada pola.

• Fungsi BmMatch

Fungsi melakukan pencocokan string dengan Boyer-Moore Algorithm memanfaatkan BuildLast. Fungsi akan mengembalikan indeks ditemukannya pola pada teks jika pola ditemukan atau -1 jika pola tidak ditemukan.

#### • Fungsi HammingDistance

Fungsi HammingDistance melakukan perhitungan hamming distance antara pola dengan tiap offset pada teks dan mengembalikan indeks teks di mana hamming distancenya terkecil.

#### b) controllers

Berisi pustaka yang digunakan untuk memproses data yang dikirimkan dan/atau deterima/dikirimkan oleh *frontend* dan basis data.

#### (a) hasilController.go

#### • Prosedur GetHasilByQuery

Prosedur menerima *query* dari *frontend* dan mengirimkan data sesuai *query* dari basis data menuju *frontend*. Pertama, prosedur akan memvalidasi *query* menggunakan pustaka Regex. Kemudian, prosedur akan mencari data yang dicari sesuai *query* dan mengirimkannya pada *frontend*.

#### • Fungsi AddHasil

Prosedur menerima untaian DNA yang akan diperiksa kecocokannya menggunakan pustaka StringMatching dan kemudan memasukkan hasilnya pada basis data. Untaian DNA juga divalidasi menggunakan pustaka Regex sebelum dilakukan pencocokan.

#### (b) penyakitController.go

• Prosedur AddPenyakit

Prosedur menerima untaian DNA

#### c) database

Berisi pustaka yang digunakan untuk melakukan konfigurasi koneksi dengan basis data.

#### (a) mysql.go

• Fungsi Connect

Mengembalikan koneksi basis data.

#### d) model

Berisi pustaka tipe data yang digunakan untuk pemrosesan data.

- (a) hasil.go
  - Tipe data Hasil

Berisi atribut Tanggal, NamaPengguna, NamaPenyakit, Persentase, dan Hasil.

 Tipe data ResponseHasil
 Berisi atribut Status, Message, dan Data yang merupakan array dari Hasil.

#### (b) penyakit.go

• Tipe data Penyakit

Berisi atribut NamaPanyakit dan SequenceDNA.

 Tipe data ResponseHasil
 Berisi atribut Status, Message, dan Data yang merupakan array dari Penyakit.

#### e) server.go

Berisi program yang menghubungkan API dan basis data.

#### iv) frontend

- (a) src
  - (i) Component

Berisi fungsionalitas Button dan Form yang digunakan untuk semua Button dan Form yang ada pada web page

(ii) Page

Berisi kode halaman-halaman yang ada web page. Page tersebut terdiri dari:

- Home
- AddDNA

- CheckDNA
- FindDNA
- (iii) Templates

Berisi kode template yang digunakan pada semua page yang ada di web page.

Template ini berisi navbar dan animasi transisi tiap page

(iv) Images

Berisi foto yang digunakan sebagai background dan watermark pada

navbar

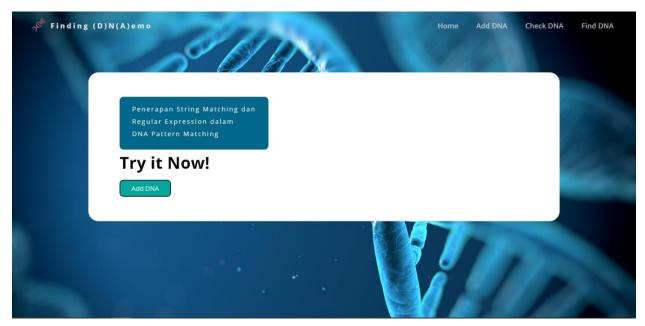
(v) Styles

Berisi kode styling untuk web page

#### II. Tata Cara Penggunaan Program

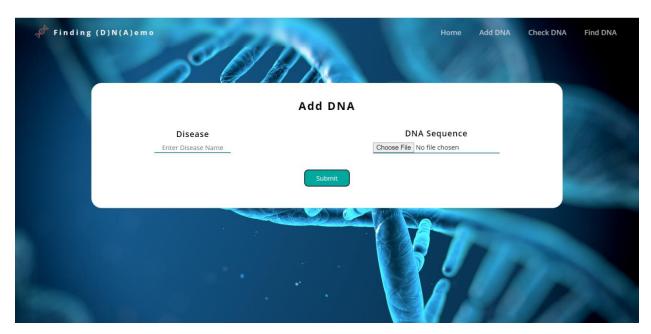
Aplikasi web tersedia pada <a href="https://finding-dnaemo.netlify.app/">https://finding-dnaemo.netlify.app/</a>.

Berikut adalah halaman utama web:



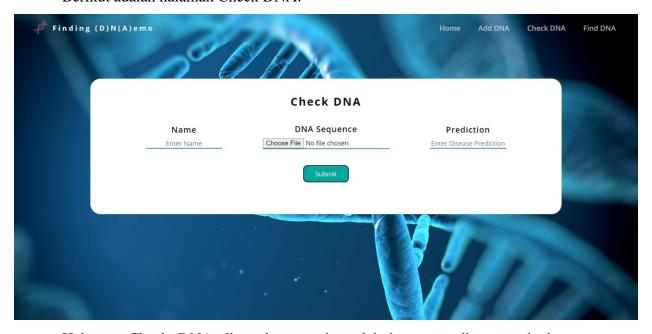
Pada pojok kanan atas halaman terdapat beberapa *button* yang dapat digunakan untuk berpindah halaman. *Button* Add DNA pada bagian tengah halaman juga bisa digunakan untuk berpindah ke halaman Add DNA.

Berikut adalah halaman Add DNA:



Halaman Add DNA digunakan untuk menambahkan penyakit baru ke dalam aplikasi. Pada textbox disease, dapat dimasukkan nama penyakit dan pada file selector dapat dimasukkan file yang berisi sekuens DNA penyakit tersebut. Button submit digunakan untuk melakukan submisi masukan.

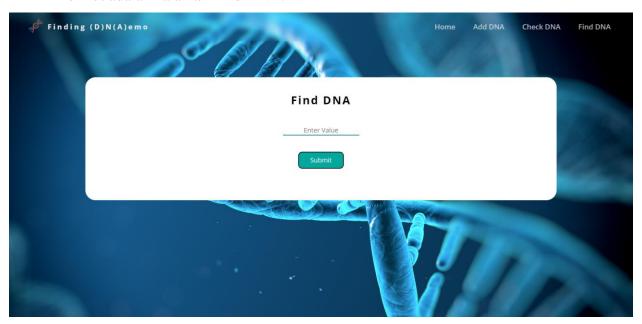




Halaman Check DNA digunakan untuk melakukan pemeriksaan terhadap seseorang terhadap penyakit tertentu. Pada textbox name, dapat dimasukkan nama orang yang ingin diperiksa, pada file selector dapat dimasukkan file yang berisi sekuens DNA orang tersebut, dan

pada textbox prediction, dapat dimasukkan nama penyakit yang ingin diperiksa. Button submit digunakan untuk melakukan pengecekan orang tersebut terhadap masukan nama penyakit.

Berikut adalah halaman Find DNA:

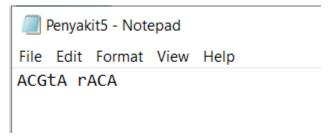


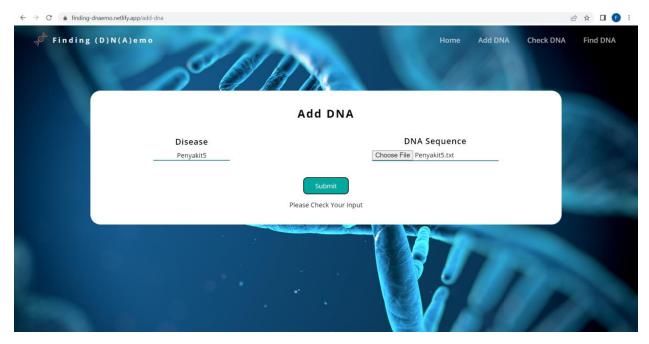
Halaman Find DNA digunakan untuk melakukan pencarian terhadap hasil pemeriksaan. Textbox Find DNA dapat menerima *query* pencarian berupa tanggal dengan format dd-mm-yyyy, nama penyakit, atau gabungan keduanya. Button submit digunakan untuk melakukan pencarian berdasarkan *query* masukan.

#### III. Pengujian

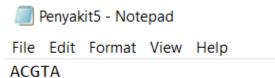
Berikut berbagai skenario fitur-fitur yang ada:

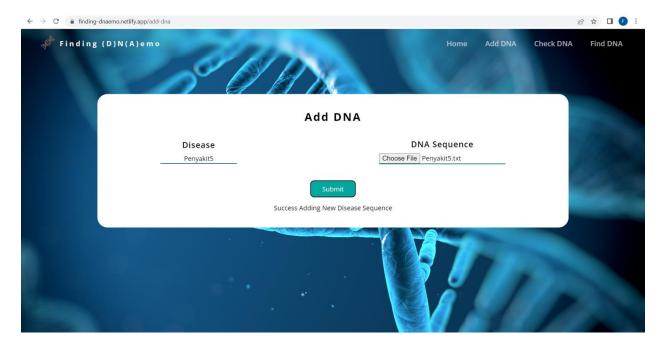
a. Penambahan penyakit dengan sekuens DNA tidak valid



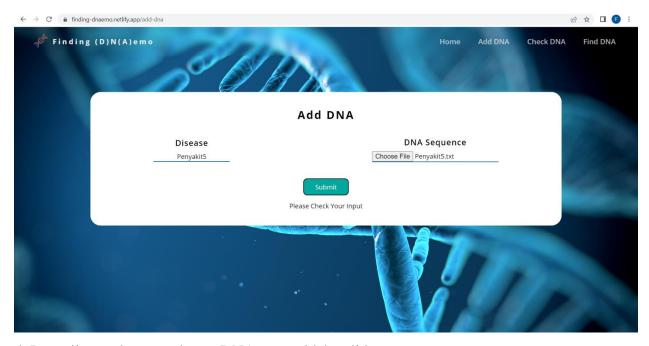


b. Penambahan penyakit dengan sekuens DNA valid





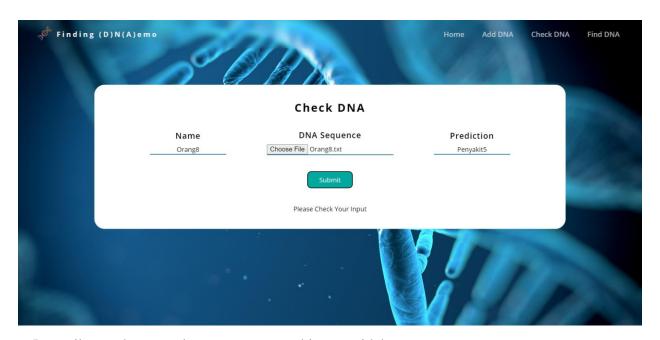
c. Penambahan penyakit dengan nama yang sudah ada



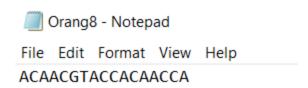
d. Pemeriksaan dengan sekuens DNA orang tidak valid

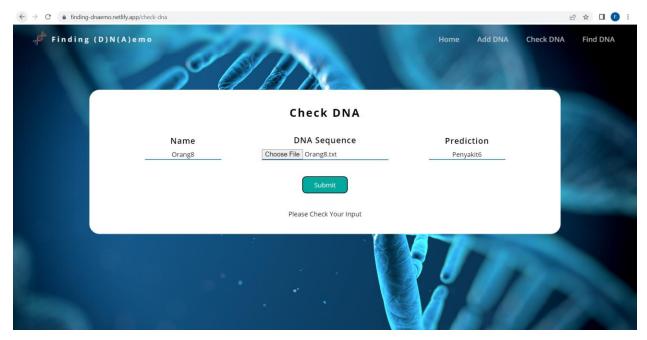
Orang8 - Notepad

File Edit Format View Help
ACAACGT ACCACAACCA

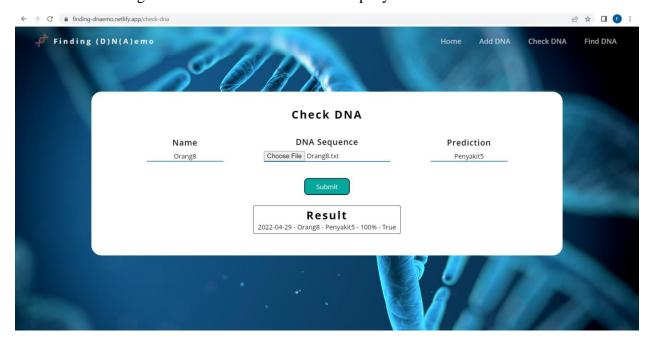


e. Pemeriksaan dengan sekuens nama penyakit yang tidak tercatat

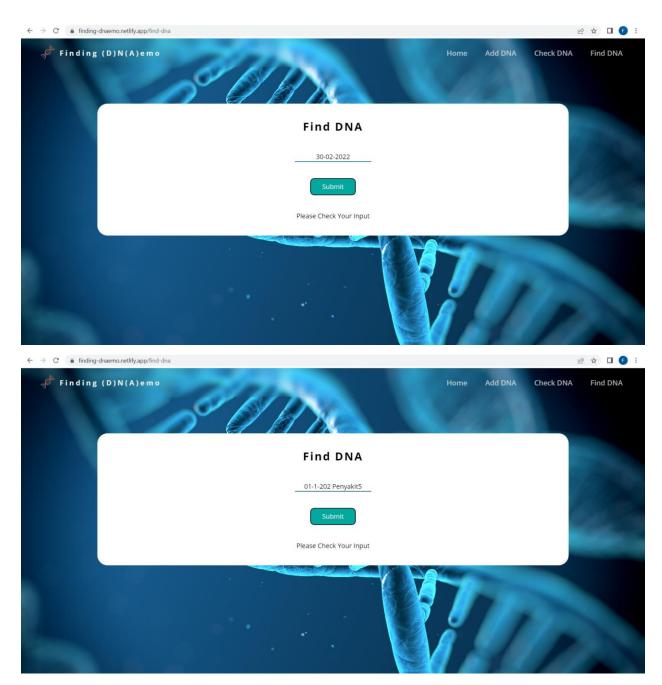




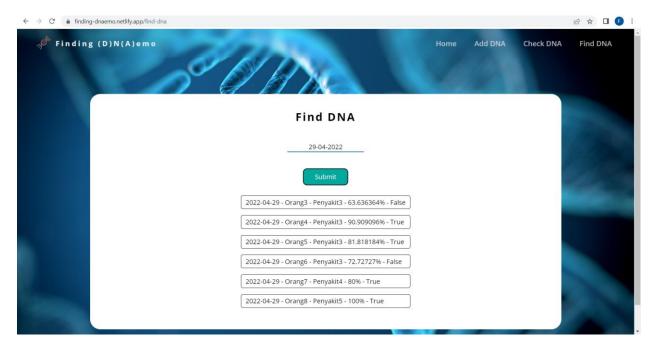
f. Pemeriksaan dengan sekuens DNA valid dan nama penyakit tercatat



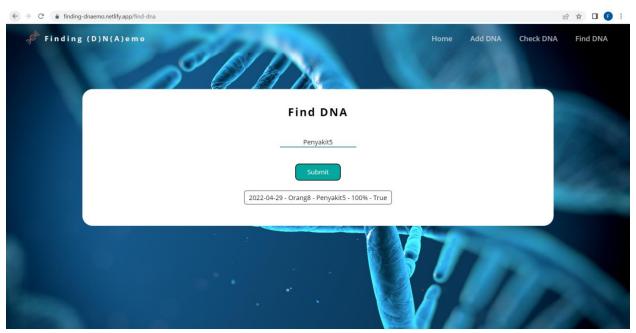
g. Melakukan pencarian dengan tanggal tidak valid



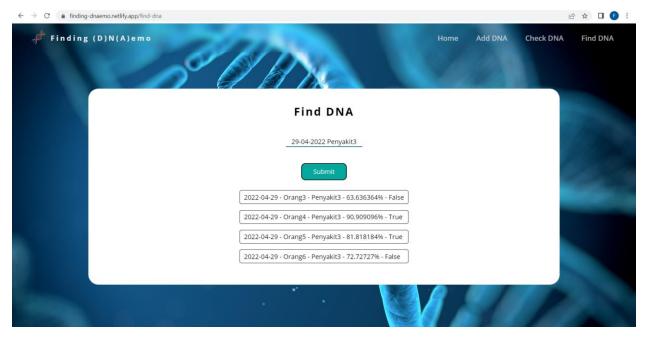
h. Melakukan pencarian dengan tanggal valid



i. Melakukan pencarian dengan nama penyakit



j. Melakukan pencarian dengan tanggal dan nama penyakit



#### IV. Analisis Pengujian

- a. Penambahan penyakit dengan sekuens DNA tidak valid Bisa dilihat dari sequence DNA "ACGtA rACA", terdapat spasi dan huruf kecil pada input. Alhasil, hasil dari test ini ialah ditolak dan akan menghasilkan text error.
- b. Penambahan penyakit dengan sekuens DNA valid Bisa dilihat dari sequence DNA "ACGTA", input sudah memenuhi regex berupa "hanya boleh berisi huruf kapital dari ACGTA". Alhasil, program akan menginput nama DNA dan sequencenya ke database dan menghasilkan text success.
- Penambahan penyakit dengan nama yang sudah ada
   Bisa dilihat dari nama DNA yang sudah ada, hasil tes akan ditolak dan program akan menghasilkan text error.
- d. Pemeriksaan dengan sekuens DNA orang tidak valid Bisa dilihat dari sequence DNA "ACAACGT ACCACAACCA", terdapat spasi pada input. Alhasil, hasil dari test ini ialah ditolak dan akan menghasilkan text error.
- e. Pemeriksaan dengan sekuens nama penyakit yang tidak tercatat

Bisa dilihat dari sequence DNA "ACAACGTACCACAACCA", sequence DNA sudah valid, namun nama prediksi penyakit tidak terdapat pada database, sehingga, test akan ditolak dan akan menghasilkan text error.

# f. Pemeriksanaan dengan sekuens DNA valid dan nama penyakit tercatat Bisa dilihat dari sequence DNA yang sudah valid dan nama penyakit yang tercatat, program akan menghasilkan hasil test berupa tanggal pengecekan, nama pengecek, nama penyakit prediksi, persen kemiripan, dan apakah mirip atau tidak (True jika persen kemiripan > 80%).

# g. Melakukan pencarian dengan tanggal tidak validKarena tanggal tidak valid, program akan mengeluarkan text error.

# Melakukan pencarian dengan tanggal valid Karena tanggal sudah valid, program akan mengeluarkan history pengecekan dari

database dengan tanggal yang sama dengan pencarian

# Melakukan pencarian dengan nama penyakit Karena nama penyakit sudah valid, program akan mengeluarkan *history* pengecekan dari database dengan nama penyakit yang sama dengan pencarian

# j. Melakukan pencarian dengan tanggal dan nama penyakit Karena nama penyakit dan tanggal sudah valid, program akan mengeluarkan history pengecekan dari database dengan nama penyakit dan tanggal yang sama dengan pencarian.

#### BAB V

#### **KESIMPULAN DAN SARAN**

#### V. Kesimpulan

Algoritma *string matching* dapat dimanfaatkan untuk melakukan pencocokan DNA penyakit dengan DNA seseorang untuk menunjukkan bahwa orang tersebut menderita penyakit tertentu. KMP dan Boyer-Moore Algorithm merupakan contoh dari algoritma *string matching* yang mencari dengan tepat kemunculan pola pada teks. KMP dan Boyer-Moore memiliki efisiensi yang lebih baik dibandingkan dengan *brute force string matching* karena melakukan pergeseran pola dengan lebih baik. Sementara itu, Hamming Distance Algorithm merupakan contoh *string matching* yang tidak mencari dengan tepat kemunculan pola pada teks, tetapi menghasilkan jarak minimum pola dengan teks. Melalui Hamming Distance Algorithm, dapat diperoleh tingkat kemiripan pola dengan teks. Di sisi lain, Regular Expression dapat dimanfaatkan untuk melakukan validasi masukan agar masukan sesuai dengan nilai yang valid.

#### VI. Saran

Algoritma *hamming distance* yang diimplementasikan pada program menggunakan pendekatan *brute force* sehingga dapat dicari pendekaatan lain atau alternatif algoritma lain yang dapat melakukan deteksi kemiripan pola dengan teks agar program menjadi lebih efisien.

#### VII. Refleksi

Melalui tugas besar 3 ini, penulis mampu memahami dengan lebih baik algoritma *string matching* khususnya KMP, Boyer-Moore, dan Hamming Distance Algorithm beserta pemanfaatannya dalam pembuatan aplikasi DNA Pattern Matching. Selain itu, penulis juga dapat lebih memahami mengenai pembangunan aplikasi web.

#### **DAFTAR PUSTAKA**

 $\frac{https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/Stmik/2020-2021/Pencocokan-string-2021.pdf}{https://informatika.stei.itb.ac.id/~rinaldi.munir/Stmik/2018-2019/String-Matching-dengan-Regex-2019.pdf}$ 

https://www.tutorialspoint.com/what-is-hamming-distance

## **LAMPIRAN**

Link repository:

https://github.com/msyahrulsp/Tubes3\_13520112

Link website:

https://finding-dnaemo.netlify.app/

Link video demo:

https://youtu.be/VuQxvU0SOro