

SERTIFIKAT

ICT FOR SMART SOCIETY

↓ Think Ecosystem Act Convergence

Diberikan kepada:

Ade Jamal

Sebagai:

Pemakalah

Bandung, 22-24 Mei 2013
Ketua Umum e-Indonesia Initiatives Forum



eii
e-Indonesia Initiatives

Prof. Suhono Harso Supangkat, CGEIT



e-INDONESIA
INITIATIVES
Forum
2013



PROSIDING

ISBN 978-979-16338-5-7

ICT FOR SMART SOCIETY



Think Ecosystem Act Convergence

SMART CITY SMART HEALTH SMART EDUCATION SMART ENERGY SMART TRANSPORTATION

BANDUNG

23-24 MEI 2013



e-Indonesia
Initiatives



IAC
Indonesia Chapter

Host:

Sekolah Teknik Elektro dan Informatika
Institut Teknologi Bandung
e-Indonesia Initiatives

Supported by:

Kemkominfo
The Indonesian ICT Institute

www.eii-forum.or.id

PROSIDING

Diterbitkan oleh : Sekolah Teknik Elektro dan Informatika ITB

Bekerjasama dengan

e-Indonesia Initiatives (eII) Forum ke IX/2013

**Konferensi dan Temu Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi
(TIK) untuk Indonesia**

ICT for Smart Society "Think Ecosystem Act Convergence"

Bandung, 23-24 Mei 2013

Editor:

Prof. Suhono Harso Supangkat, CGEIT

Dr. Ir. Jaka Sembiring

Dr. Ir. Bambang Pharmasetiawan

Dr. Ir. Yudi Satria Gondokaryono

Dr. Ir. Hammam Riza

Dr. I Gusti Bagus Baskara N

Dr. Ir. Y. Bandung

Dr. Widyawardana Adiprawita

Ir. Albarda, MT

e-Indonesia Initiatives (e-II) Forum ke IX 2013

Konfrensi dan Temu Nasional

Teknologi Informasi dan Komunikasi (TIK) untuk Indonesia

Bandung 23-24 Mei 2013

Konfrensi e-Indonesia Initiatives (eII) forum kembali diadakan untuk yang ke-9 kalinya. eII diadakan sebagai Konfrensi dan Temu Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi (TIK) untuk Indonesia. Konfrensi ini merupakan forum untuk pertemuan para peneliti, industri, pengembang, otoritas, pemerintahan, analisis, dan lainnya yang terkait dengan TIK untuk memaparkan dan mendiskusikan hasil-hasil penelitian, pengembangan maupun usulan yang berkaitan dengan TIK. Forum ini telah berlangsung 8 kali (6 kali di Bandung dan 2 kali di Jakarta) dengan peserta rata-rata lebih dari 600 orang dan dibuka oleh Presiden RI (2005) dan Wakil Presiden RI (2006). Hasil konfrensi telah menjadi referensi penerapan TIK nasional antara lain dasa sila TIK Bandung dan masukan program-program TIK nasional seperti Dewan Teknologi Informasi dan Komunikasi Nasional (DETIKNAS).

Konfrensi ini memberikan paparan tentang hasil penelitian, pengembangan produk/layanan dan pengembangan kebijakan terkait dengan TIK khususnya pita lebar dan layanan untuk menyongsong era baru e-Indonesia yang meliputi Next Generation Infrastructure, Next Generation Content, Next Generation e-Commerce, Next Generation Service, dan lain sebagainya. Selain itu untuk memenuhi tuntutan pengembangan service oriented application yang diperlukan oleh information society. Perkembangan IT saat ini mengarah pada implementasi konsep-konsep social networking, openness, share, colaborations, mobile, easy maintenance, one click, terdistribusi/tersebar, scalability, concurrency dan transparan, yang merupakan karakteristik dari teknologi Cloud Computing. Untuk itu tema konfrensi 2013 adalah :

“Think Ecosystem Act Convergence”

Topik atau produk yang diharapkan dalam temu nasional ini antara lain (tetapi tidak terbatas pada) :

1. Konsep dan Pengembangan Smart Society

- Smart City
- Smart Villages
- Smart Houses
- Smart Transportation

- Smart Education
- Smart Health
- Smart Energy

2. Teknologi dan Inovasi Sensor

- Contacted and non contacted sensor
- Medical sensor
- Transportation sensor
- Social sensor
- Intelligent sensor

3. Inovasi Jaringan TIK untuk Smart Society

- Internet of Things
- Machines to Machines
- Wireless and wireline Backbone
- Wifi
- Broadband access and Backbone
- 3G dan 4G
- Konvergensi teknologi jaringan

4. Cloud Computing untuk Smart Society

- IaaS
- PaaS
- SaaS
- Securty

5. Pengembangan Aplikasi dan Layanan Smart Society

- Pendidikan
- Kesehatan
- Transportasi
- Sosial
- Ekonomi
- Energi

- Lingkungan

6. Regulasi, Standardisasi, Industrialisasi Smart Society

- Bisnis model
- Standardisasi
- Regulasi
- Riset dan inovasi
- Industrial

Sambutan

Ketua Umum eII (e-Indonesia Initiatives)

Yang Terhormat Peserta, Delegasi dan Tamu Undangan Konfrensi dan Temu Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi (TIK) 2013.

Kami ucapkan selamat datang kepada seluruh peserta, delegai dan tamu undangan Konfrensi dan Temu Nasional Teknologi Informasi dan Komunikasi (TIK) 2013 di Bandung, Indonesia. Konfrensi ini adalah bagian dari kerangka pengembangan TIK nasional yang menjadi salah satu kegiatan e-Indonesia Initiatives (eII). Forum yang telah berlansung sebanyak 8 kali ini telah menghasilkan beberapa referensi penerapan TIK nasional. Kegiatan ini tentunya berkaitan dengan gerakan untuk pengembangan teknologi informasi dan komunikasi untuk Indonesia.

Konfrensi TIK tetap bertujuan menjadi forum komunikasi antara peneliti, penggiat, birokrat pemerintah, pengembang sistem, kalangan industri dan seluruh komunikasi TIK Indonesia maupun luar negeri. Dengan kegiatan ini diharapkan dapat terus memberikan masukan bagi stakeholder TIK di Indonesia menjadi semakin efisien dan sesuai dengan visi misi bangsa Indonesia.

Forum ini diharapkan akan terus dilaksanakan secara kontinyu dan periodik sehingga kontribusinya semakin nyata terlihat dan langsung berdampak bagi pertumbuhan pembangunan nasional.

Akhir kata, kami mengucapkan terima kasih kepada seluruh pihak yang terkait dalam penyelenggaraan Konfrensi TIK 2013. Kami berharap seluruh peserta dan seluruh pembicara mendapatkan manfaat yang sebesar-besarnya dari kegiatan ini.

Wassalamu'alaikum Wr.Wb

Prof. Dr. Suhono Harso Supangkat
Ketua Umum e-Indonesia Initiative

DAFTAR ISI

Tentang e-Indonesia Initiatives (eII) Forum IX 2013.....	ii
Sambutan Ketua Umum eII Forum IX 2013	v
DAFTAR ISI.....	vi
KONSEP DAN PENGEMBANGAN SMART SOCIETY.....	1
Penyusunan Arsitektur Enterprise Untuk Smart City Studi Kasus : Bandung Smart City.	1
Membangun Smart Home Untuk Efisiensi Penggunaan Energy.....	6
Sistem Monitoring Kesehatan Untuk Penderita Hipertensi.....	11
Pengembangan Awan Kesehatan Untuk Integrasi Informasi Publik Jejaring Pelayanan Kesehatan di Indonesia	15
Peran Sosial Media Dalam Meningkatkan Kesehatan Masyarakat Di Tujuh Daerah Terpencil Indonesia (Studi Kasus: Pencerah Nusantara).....	21
Analisis Sistem Pendukung Pembelajaran Kooperatif Menggunakan Metode Jigsaw	25
Verifikasi E-money Secara Offline Dengan Menggunakan Jaringan Saraf Buatan Untuk Pembayaran Skala Mikro.....	29
Usulan Pemanfaatan Framework Community Network Untuk Komunitas Informasi Pertanian	34
Perancangan Model Informasi Dengan Pendekatan Enterprise Ontology Di LPMP Jawa Barat.....	40

Perancangan Struktur Organisasi TI Untuk Organisasi Publik Berbasis Pengelolaan Sumber Daya Dengan Outsourcing Dan Cloud Computing	205
PENGEMBANGAN APLIKASI DAN LAYANAN SMART SOCIETY	212
Perancangan Dan Implementasi Kontrol Audio Berbasis PLD (Programmable Logic Device).....	212
Penggunaan BCI2000 Untuk Pembacaan Data Mentah Sinyal EEG Dari EPOC-Neuroheadset Pada Sistem Brain Computer Interface (BCI)	218
Pairwise Sequence Alignment Untuk Phylogenetic Tree Dari Genbank UAI Bioinformatika	223
Pengembangan Database Genbank UAI-Bioinformatics	230
Optimasi Distribusi Tipe Rumah Menggunakan Algoritma Genetika Pada Aplikasi Tata Perumahan	236
Sistem Informasi Eksekutif (SIE) Berbasis Mobile Untuk Manajemen Rumah Sakit Studi Kasus: Rumah Sakit Sekar Wangi Sukabumi	242
Pembangunan Aplikasi Pendukung Berbasis Website Untuk Klinik Rawat Jalan Sebagai Sumber Informasi Bersama Antara Pasien, Dokter Dan Manajemen	246
Pembangunan Sistem Informasi Manajemen Terintegrasi Pada Pelayanan Perijinan Terpadu, Studi Kasus Badan Pelayanan Dan Perijinan Terpadu Pemerintah Kota Medan	254
Pengendalian Operasi Pembangkit Secara Terpusat (POPST).....	261
Lesson Study Berbasis TIK Untuk Komunitas Guru Belajar	265
Pengembangan Sistem Pusat Repository PDII Untuk Meningkatkan Diseminasi Konten Perpustakaan Digital Lembaga Penelitian Di Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia.....	273

Pengembangan Database Genbank

UAI-Bioinformatics

Ade Jamal¹, Ipnu Chabib¹, dan Vanny Narita²

¹Program Studi Teknik Informatika, Fakultas Sains dan Teknologi

²Program Studi Bioteknologi, Fakultas Sains dan Teknologi

Universitas Al Azhar Indonesia, Jl. Sisingamangaraja, Kompl. Mesjid Agung Al Azhar, Jakarta 12110, Indonesia^{1,2}

Abstrak

National Center for Biotechnology Information (NCBI) adalah multi-disiplin kelompok penelitian yang berfungsi sebagai sumber daya untuk informasi biologi molekuler. NCBI menyediakan berbagai tools dan database mengenai biologi molekuler. Terdapat database sekuens DNA dan protein yaitu GenBank dan Protein Fasta yang disediakan oleh NCBI dan dapat digunakan oleh publik secara gratis. Selain itu, NCBI juga menyediakan koneksi ke database tersebut dengan menggunakan protokol SOAP (Web service) dan FTP ketika dalam pengambilan data. Data-data di database GenBank dan Protein Fasta, menggunakan sistem flat file dalam penyimpanannya. Pada kedua database tersebut terdapat beberapa file yang berisi sekuens DNA ataupun protein dan juga beberapa file yang bisa digunakan sebagai informasi adanya update data. Database di NCBI memiliki beberapa format data yaitu format genbank, genpept dan fasta yang semuanya menjelaskan mengenai sekuens. Pembuatan database UAI-Bioinformatics mengacu pada sistem database yang ada di NCBI. Semua datanya diambil dari database di NCBI yang kemudian disimpan pada direktori-direktori tertentu sesuai dengan sistem yang ada di NCBI. Penggunaan direktori dikarenakan sistem UAI-Bioinformatics menggunakan sistem penyimpanan flat file seperti halnya pada sistem di NCBI. Sistem UAI-Bioinformatics juga memerlukan sistem yang dapat digunakan untuk melakukan pengolahan data di database ini. Sistem API (Application Programming Interface) diperlukan agar aplikasi lain bisa terkoneksi dengan database UAI-Bioinformatics sehingga dapat terintegrasi dan dapat memperoleh data sekuens sesuai dengan pencarian yang diinginkan.

Kata Kunci: NCBI, GenBank, Protein Fasta, flat file, sekuens

I. PENDAHULUAN

National Center for Biotechnology Information (NCBI) adalah multi-disiplin kelompok penelitian yang berfungsi sebagai sumber daya untuk informasi biologi molekuler. NCBI dibentuk pada tahun 1988 sebagai pelengkap kegiatan dari National Institute of Health (NIH) dan National Library of Medicine (NLM) yang terletak di Bethesda, Maryland, Amerika Serikat. Awalnya, penciptaan NCBI dimaksudkan untuk membantu dalam memahami mekanisme molekuler yang mempengaruhi kesehatan manusia dan penyakit dengan tujuan untuk membuat dan memelihara database publik, mengembangkan perangkat lunak untuk menganalisis data genom, dan untuk melakukan penelitian dalam biologi komputasi.

NCBI membuat database yang dapat diakses oleh publik dan mengembangkan software penganalisis data genom. Database tersebut adalah GenBank yang merupakan database asam nukleat yang berisi informasi urutan lebih dari 200.000 organisme yang berbeda. Selain database GenBank, ada database lain yang disediakan oleh NCBI untuk publik salah satunya adalah database yang berisikan mengenai data protein dalam format fasta. Jika dilihat secara detail, database ini disimpan dalam direktori atau database yang disebut dengan NCBI-Asn1 dan disimpan dalam flat file seperti pada database GenBank.

Penggunaan NCBI ini sangatlah diperlukan bagi peneliti dalam bidang BioInformatika. Namun, ketika terdapat

sesuatu yang baru ataupun data baru mengenai gen, mutasi gen ataupun molekul-molekul lainnya, NCBI tersebut tidak memberikan notifikasi kepada *user* mengenai *update* data. Oleh karena itu sangatlah menyulitkan untuk mengikuti perkembangan data yang ada di NCBI tersebut. Selain itu, untuk mendapatkan hasil seperti *phylogenetic tree* membutuhkan NCBI dan aplikasi *phylogenetic tree*. Saat ini aplikasi *phylogenetic tree* dan NCBI belum terintegrasi satu sama lain sehingga merepotkan dalam penggunaannya. Data yang telah dicari menggunakan web NCBI yang kemudian di salin secara manual ke aplikasi *phylogenetic tree* yang kemudian baru bisa mendapatkan hasil yang diinginkan berupa *phylogenetic tree*.

Dari permasalahan di atas, maka dibutuhkan adanya *database* yang menyimpan sekuens-sekuens DNA dan protein yang sumbernya berasal dari NCBI. *Database* tersebut yang kemudian bisa digunakan oleh aplikasi *phylogenetic tree* yang terhubung langsung dengan *database*.

II. DATABASE NCBI GENBANK

II.1 NCBI (National Centre for Biotechnology Information)

NCBI (National Centre for Biotechnology Information) merupakan suatu institusi yang menyediakan sumber informasi terkait perkembangan biologi molekuler. NCBI membuat *database* yang dapat diakses oleh publik dan mengembangkan *software* penganalisis data genom [1].

NCBI memiliki *software* maupun *database* yang bisa digunakan oleh publik untuk digunakan dalam pencarian informasi terkait perkembangan biologi molekuler, diantaranya adalah:

1. Entrez: merupakan sistem pencarian informasi dalam NCBI yang menyediakan akses terintegrasi untuk melakukan sekuensing, pemetaan (*mapping*), taksonomi dan data struktural [2].
2. Nucleotide *Database*: nukleotida merupakan suatu koleksi sekuens dari beberapa sumber, termasuk diantaranya GenBank, *Reference Sequence* (RefSeq), *Third Party Annotation* (TPA) dan Protein Data Bank (PDB). GenBank merupakan *database* sekuens genetik dari NIH (National Institutes of Health), berupa koleksi

sekuens DNA yang dapat diketahui oleh publik [3].

3. BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*): merupakan suatu program untuk pencarian kemiripan sekuens (*sequence similarity*) dan merupakan alat dalam identifikasi gen dan karakter genetik [3].

II.2 GenBank

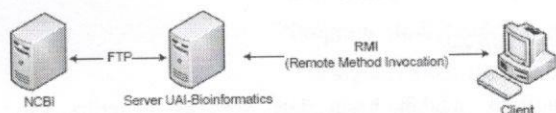
GenBank adalah basis data sekuens genetika yang dikelola oleh National Institutes of Health (NIH). GenBank merupakan kumpulan sekuens nukleotida dan protein tercatat (memiliki anotasi) yang dapat diakses publik. Record di dalam GenBank merepresentasikan rangkaian DNA dan RNA beserta keterangannya. Sekarang ini, semua record pada GenBank dihasilkan dari pendaftaran langsung ke basisdata sekuens oleh para peneliti sendiri yang secara sukarela membagikan catatan penelitiannya kepada publik. GenBank dibangun oleh National Center for Biotechnology Information (NCBI) yang merupakan bagian dari International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC) bersama dengan DDBJ (DNA Data Bank Japan) dan EMBL (European Molecular Biology Laboratory) [3,4,5].

Pertukaran data GenBank antara NCBI dengan DDBJ dan EMBL terjadi setiap hari. Data dari GenBank dapat diakses secara gratis melalui protokol FTP ataupun *WebService* atau menggunakan aplikasi yang disediakan NCBI yang berbasis web seperti *Entrez Retrieval System*. Entrez mengambil data DNA dan protein dari GenBank. Disamping Entrez, NCBI menyediakan juga BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), yaitu kakas pencarian sekuens yang memiliki kemiripan dengan menggunakan teknik *sequence alignment* dan mengakses data sekuens dari GenBank. BLAST disediakan NCBI dalam dua platform yaitu berbasis web dan aplikasi stand-alone [3]. Selain Entrez dan BLAST yang merupakan kakas utama, NCBI menyediakan banyak alat analisa dan pengaksesan basisdata sekuens dari GenBank seperti PubMed, the NCBI Taxonomy Browser, RefSeq, Cancer Chromosomes, Influenza Viral Resources, HIV-1/Human Protein Interaction Database dan masih banyak lagi yang semuanya bisa diakses melalui URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> [5,6].

III. GENBANK UAI-BIOINFORMATIKA [7]

III.1 Arsitektur Sistem

Koneksi *database* menggunakan dua metode yaitu penggunaan protokol FTP (*File Transfer Protocol*) dan RMI (*Remote Method Invocation*).



Gambar 1. Arsitektur GenBank UAI-Bioinformatika

FTP digunakan ketika terjadi koneksi antara *database* UAI-Bioinformatics dengan NCBI. FTP merupakan sebuah protokol Internet yang berjalan di dalam lapisan aplikasi yang merupakan standar untuk pengiriman berkas (*file*) komputer antar mesin-mesin dalam sebuah antar jaringan. FTP yang digunakan hanya menggunakan metode autentikasi standar, yakni menggunakan *username* dan *password* yang dikirim dalam bentuk tidak terenkripsi. Pengguna yang telah terdaftar dapat menggunakan *username* dan *password*-nya untuk mengakses, men-*download*, dan meng-*upload* berkas-berkas yang dikehendaki. Pengguna yang belum terdaftar dapat juga menggunakan metode *anonymous login*, yakni dengan menggunakan nama pengguna *anonymous* dan *password* yang diisi dengan menggunakan alamat *e-mail*.

Ketika terjadi integrasi ke klien digunakan RMI, merupakan sebuah sistem di pemrograman Java yang digunakan untuk mengurus pemanggilan *method* pada objek jarak jauh atau pemanggilan objek dari sisi yang berbeda. Sisi yang menyediakan objek adalah *server* dan sisi yang memanggil objek adalah klien.

III.2 Sistem Berkas

Sistem database UAI-Bioinformatics terbagi menjadi dua bagian yaitu pembuatan database dan penyediaan koneksi database. Pembuatan database UAI-Bioinformatics disesuaikan dengan database yang ada pada NCBI yaitu menggunakan metode sistem berkas. Sistem Berkas merupakan kumpulan dari informasi berkait yang diberi nama dan direkam pada tempat penyimpanan. Sistem berkas adalah mekanisme penyimpanan berkas agar mudah diakses, baik data maupun program yang berada

dalam sistem operasi. Terdapat dua bagian penting dalam sistem berkas, yaitu [8]:

1. Kumpulan berkas, sebagai tempat penyimpanan data
2. Struktur direktori, yang mengatur dan menyediakan informasi mengenai seluruh berkas dalam sistem.

Sistem berkas, memiliki beberapa metode dalam mengakses data [8]:

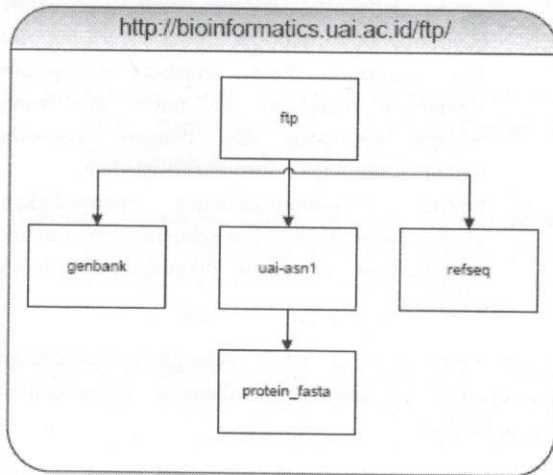
1. Akses secara berurutan; *Sequential Access* merupakan metode paling sederhana karena informasi yang disimpan dalam berkas diproses berdasarkan urutan.
2. Akses langsung; *Direct Access* merupakan metode yang membiarkan program membaca dan menulis dengan cepat pada berkas yang dibuat dengan *fixed-length logical* order tanpa adanya urutan. Operasi berkas pada metode ini harus dimodifikasi untuk menambahkan nomor blok sebagai parameter. Pengguna menyediakan nomor blok ke sistem operasi biasanya sebagai nomor blok relatif, yaitu indeks relatif terhadap awal berkas.
3. Akses menggunakan indeks; Metode ini merupakan hasil dari pengembangan metode *direct access*. Metode ini memasukkan indeks untuk mengakses berkas. Jadi untuk mendapatkan suatu informasi suatu berkas, kita mencari dahulu di indeks, lalu menggunakan *pointer* untuk mengakses berkas dan mendapatkan informasi tersebut.

Format yang digunakan untuk menyimpan data adalah model *flat-file*, yang merupakan kumpulan beberapa *record* yang disimpan dalam bentuk sebuah *file* biasa/*format file* text. Informasi pada suatu *file* disimpan sebagai *fields*, dengan *fields*-nya memiliki panjang konstan atau bervariasi yang dipisahkan beberapa karakter/*delimiter*.

Pada model ini, tidak ada hubungan (*relationship*) yang bisa didefinisikan atau dibuat diantara *fields* tersebut. Dengan tidak adanya hubungan antar *fields*, maka *fields* tersebut hanya bisa diakses dengan cara berurutan (sekuensial) [9].

IV. RANCANGAN SISTEM UAI-BIOINFORMATIKA

IV.1 Rancangan Database



Gambar 2. Direktori Database UAI-Bioinformatika

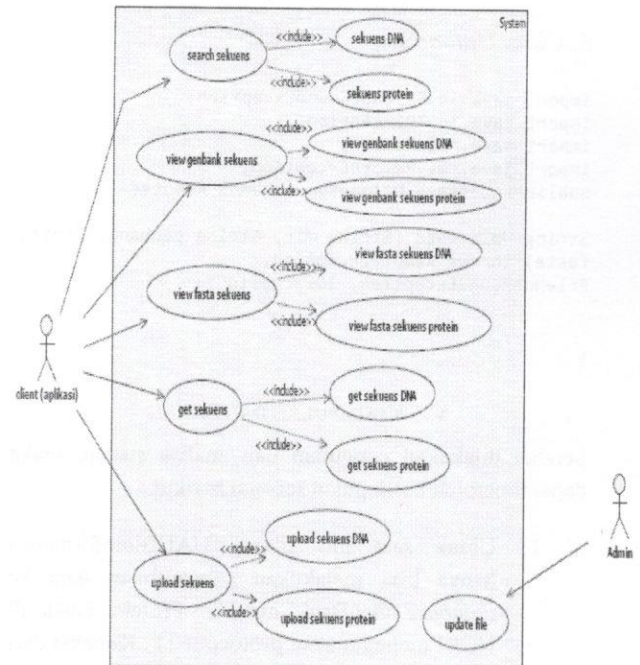
Sistem UAI-Bioinformatics menggunakan sistem berkas sebagai penyimpanan data sekuens. Hal yang harus dilakukan dalam penggunaan sistem berkas adalah pembagian direktori sesuai dengan kebutuhan dan berisi flat file yang sesuai dengan konten direktorinya.

Tabel 1. Jenis Berkas dan lokasi pada sistem

Jenis File	Format	Sumber /Lokasi pada sistem
Sekuens DNA	1. GenBank 2. Fasta	Direktori di NCBI : ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genbank/ Direktori pada sistem : http://bioinformatics.uai.ac.id/ftp/genbank/ http://bioinformatics.uai.ac.id/ftp/refseq/ (optional)
Sekuens protein	1. GenPept 2. Fasta	Direktori di NCBI : ftp://ftp.ncbi.nih.gov/ncbi-asn1/protein_fasta/ Direktori pada sistem : http://bioinformatics.uai.ac.id/ftp/uai-asn1/Protein Fasta/ http://bioinformatics.uai.ac.id/ftp/refseq/ (optional)

IV.1 API UAI-Bioinformatics

Pembuatan sistem ini dimaksudkan untuk pengaturan terhadap database UAI-Bioinformatics. Pengaturan tersebut berupa penyediaan komunikasi atau koneksi antara database dengan aplikasi lain seperti aplikasi Phylogenetic tree yang masih dalam tahap pengembangan [10]. Koneksi tersebut menggunakan RMI (Remote Method Invocation) karena sistem ini menggunakan bahasa pemrograman Java dalam pembuatannya.



Gambar 3. Use case Database UAI-Bioinformatika dan API-nya

Berikut class dan method-method yang disediakan oleh sistem UAI-Bioinformatics :

1. Class DirektoriGenBankSeq

```

import java.rmi.Remote;
import java.rmi.RemoteException;
import java.util.ArrayList;
public interface DirektoriGenBankSeq extends Remote
{
    ArrayList<ArrayList<String>> SearchSeqBy (String dir, String getBy, String key) throws RemoteException;

    String ViewFullSeqFromSeqBy (String dir, String key) throws RemoteException;
    String getSeq (String dir, String key) throws RemoteException;
}
    
```

```

}

2. Class DirektoriFastaSeq
import java.rmi.RemoteException;
import java.rmi.Remote;
public interface DirektoriFastaSeq extends Remote {

```

```

String ViewFastaSeqFromSeqBy (String dir, String
key) throws RemoteException;

```

```

String ViewFastaSeqFromFullSeq (String dir, String
fullRecord) throws RemoteException;
}

```

3. Class UploadSeq

```

import java.io.FileNotFoundException;
import java.io.IOException;
import java.rmi.Remote;
import java.rmi.RemoteException;
public interface UploadSeq extends Remote{

```

```

String UploadSeq (String dir, String genbank, String
fasta) throws RemoteException,
FileNotFoundException, IOException;

```

```

}

```

V. KESIMPULAN DAN SARAN

Setelah dilakukan pengujian dan analisa sistem, maka dapat diperoleh kesimpulan sebagai berikut :

1. Untuk saat ini, sistem UAI-Bioinformatics hanya bisa melakukan pengambilan data ke *database* GenBank maupun Protein Fasta di NCBI menggunakan protocol FTP. Koneksi dari *database* UAI-Bioinformatics ke *database* di NCBI digunakan ketika pengambilan data sekuens DNA dan Protein dan menggunakan Wget untuk koneksinya.
2. Pengambilan data / *dump* data dari *database* di NCBI dijadikan sumber data dari *database* UAI-Bioinformatics.
3. Sistem UAI-Bioinformatics memiliki dua jenis sekuens yaitu DNA dan Protein. Data DNA hanya dalam *format* GenBank sedangkan Protein dengan *format* Fasta.
4. Sistem UAI-Bioinformatics belum bisa melakukan *release* otomatis sesuai dengan perubahan data pada *database* GenBank dan Protein Fasta di NCBI. Karena permasalahan tersebut, untuk notifikasi adanya perubahan data belum bisa terpenuhi.

5. Terdapat tiga *file* yaitu *gbnew.txt.gz*, *gbchg.txt.gz*, dan *gbdel.txt.gz* yang merupakan *file* penyimpanan data berupa nama *file* dan *accession* field sekuens dan berada di direktori GenBank NCBI dan NCBI-ASNI. Nama *file* dan *accession* field tersebut merupakan keterangan mengenai *file* mana saja yang terdapat perubahan data dengan *accession* tertentu sehubungan dengan *release* data.
6. Sistem UAI-Bioinformatics menyediakan *method* untuk *upload* data sekuens namun untuk validasi datanya perlu dikembangkan lebih lanjut.

Adapun berbagai saran untuk melengkapi kesimpulan yang diambil dan guna pengembangan sistem adalah sebagai berikut :

1. Perlu dipelajari lebih dalam mengenai koneksi FTP ke NCBI sehingga ketika terjadi *release*, *database* UAI-Bioinformatics otomatis mengikuti *release* tersebut dan melakukan *dump* data sesuai dengan perubahan ketika terjadi *release*.
2. Perlu juga dipelajari mengenai beberapa *file* yang ada di NCBI-ASNI yaitu *file* dengan ekstensi “.aso”. *File* tersebut jika dilakukan ekstrak menggunakan aplikasi *asn2all* yang sudah disediakan oleh NCBI akan menghasilkan beberapa *file* berisi sekuens DNA dan Protein baik dalam *format* GenBank/GenPept dan *fasta*. *File* tersebut bisa jadi acuan mengenai data sekuens yang ada di *database* GenBank maupun Protein Fasta.
3. Pencarian informasi mengenai waktu terjadi *update* data / *release* pada *database* GenBank maupun Protein Fasta sehingga bisa digunakan otomatisasi *update* data pada *database* UAI-Bioinformatics. Perlu juga mengetahui adanya informasi *update* data bukan per *release* melainkan harian karena hal tersebut sangat membantu ketika adanya perubahan data pada *database* di NCBI.
4. Diperlukan pengujian sistem berkaitan dengan estimasi waktu ketika terjadi proses pencarian sekuens sehingga bisa digunakan sebagai acuan dalam pengembangan sistem.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] McEntyre J, Ostell J. 2002. *The NCBI Handbook*. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (NCBI), US
- [2] Anonymous, 2010. *Entrez Programming Utilities Help*. Bethesda (MD) : National Center for Biotechnology Information (US)
- [3] Benson, Dennis A.; Karsch_Mizrachi, Ilene; Lipman, David J.; Ostel, James Ostell; Wheeler, David L.; 2008, "GenBank", Nucleic Acids Research, Vol. 36, Database issue, 2008, D25-D30
- [4] Benson, Dennis A.; Karsch_Mizrachi, Ilene; Clarck, Karen; Lipman, David J.; Ostel, James Ostell; Sayers, Eric W, 2012, "GenBank", Nucleic Acids Research, Vol. 40, Database issue, 2012, D48-D53
- [5] Sayers, Eric W.; Barrett, Tanta; et al, 2009, "Database Resources of The National Center for Biotechnology Information", Nucleic Acids Research. 2009, January: Vol.37, Database issue, D5-D15
- [6] Wheeler, David L.; Barrett, Tanta; et al, 2008, "Database Resources of The National Center for Biotechnology Information", Nucleic Acids Research. 2008, Vol.36, Database issue, D13-D21
- [7] Chabib, Ipnur, 2013, "Pengembangan Database GenBank UAI-BioInformatics", Laporan Tugas Akhir, Teknik Informatika, Universitas Al Azhar Indonesia.
- [8] Harbron, Thomas R., 1988, "File Systems, Structures and Algorithms", Prentice-Hall Inc.
- [9] Anonymous, 2007. *Warehous Builder User's Guide*. Oracle
- [10] Wardani, Kartika Kusuma. 2013. *Pairwise Sequence Alignment untuk Phylogenetic tree dari genbank UAI-Bioinformatics*, Laporan tugas Akhir, Teknik Informatika, Universitas Al Azhar Indonesia.