

Abstrak

Salah satu bidang yang rawan akan tindakan plagiarisme *source code* adalah di dunia pendidikan, khususnya kegiatan praktikum Jurusan Teknik Informatika, karena sangat erat kaitannya dengan algoritma dan pemrograman, dan diimplementasikan dalam bentuk *source code*. Pengoreksi / asisten praktikum sering kesusahan untuk mendeteksi ada tidaknya indikasi plagiarisme yang terjadi pada tugas mahasiswa yang dikumpulkan. Algoritma *Needleman-Wunsch* diharapkan dapat menentukan tingkat kemiripan dua *source code* sebagai alat bantu untuk mendeteksi adanya tindak plagiarisme.

Dalam dunia bioinformatika, algoritma *Needleman-Wunsch* adalah metode pertama yang ditemukan untuk menemukan kesamaan antara dua rangkaian DNA (*Deoxyribo Nucleic Acid*). Algoritma ini merupakan perluasan dari *String Matching* yang merupakan salah satu teknik pemrograman dinamis. Konsep kerja algoritma ini adalah gugus-gugus karbon (A,T,G,C) yang menyusun kedua DNA disejajarkan dengan cara mencocokkan serta menggeser, sehingga didapatkan tingkat kesamaan maksimal yang menyeluruh (*Global Alignment*). Pada implementasinya untuk pensejajaran *source code*, setiap token atau baris dari *source code* dianalogikan sebagai gugus-gugus karbon dalam pensejajaran DNA. Dari hasil penelitian diperoleh suatu kesimpulan bahwa algoritma *Needleman-Wunsch* ini dapat menentukan tingkat kesamaan secara akurat, serta dapat diketahui jenis kecurangan / plagiarisme yang ada dengan proses lebih lanjut.

Kata kunci: *Needleman-Wunsch*, *source code*, plagiarisme, pensejajaran