

TUGAS AKHIR - KI141502

KLASTERISASI GRAF UNTUK LOG AUTENTIKASI DENGAN ALGORITMA MOLECULAR COMPLEX DETECTION

I GUSTI NGURAH ARYA BAWANTA NRP 5113100007

Dosen Pembimbing I Royyana M. Ijtihadie, S.Kom., M.Kom., Ph.D.

Dosen Pembimbing II Hudan Studiawan, S.Kom., M.Kom.

Jurusan Teknik Informatika Fakultas Teknologi Informasi Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya 2017





TUGAS AKHIR - KI141502

KLASTERISASI GRAF UNTUK LOG AUTENTIKASI DENGAN ALGORITMA MOLECULAR COMPLEX DETECTION

I GUSTI NGURAH ARYA BAWANTA NRP 511310000

Dosen Pembimbing I Royyana M. Ijtihadie, S.Kom., M.Kom., Ph.D.

Dosen Pembimbing II Hudan Studiawan, S.Kom., M.Kom.

Jurusan Teknik Informatika Fakultas Teknologi Informasi Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya 2017



UNDERGRADUATE THESES - KI141502

GRAPH CLUSTERING FOR AUTHENTICATION LOG USING MOLECULAR COMPLEX DETECTION ALGORITHM

I GUSTI NGURAH ARYA BAWANTA NRP 5113100007

First Advisor Royyana M. Ijtihadie, S.Kom., M.Kom., Ph.D.

Second Advisor Hudan Studiawan, S.Kom., M.Kom.

Department of Informatics Faculty of Information Technology Sepuluh Nopember Institute of Technology Surabaya 2017

LEMBAR PENGESAHAN

KLASTERISASI GRAF UNTUK LOG AUTENTIKASI DENGAN ALGORITMA MOLECULAR COMPLEX DETECTION

TUGAS AKHIR

Diajukan Untuk Memenuhi Salah Satu Syarat Memperoleh Gelar Sarjana Komputer pada

Bidang Studi Komputasi Berbasis Jaringan Program Studi S-1 Jurusan Teknik Informatika Fakultas Teknologi Informasi Institut Teknologi Sepuluh Nopember

Oleh:

I GUSTI NGURAH ARYA BAWANTA NRP: 5113100007

1. Royyana M. Ijtihadie, S.Kom. M.Kom. Ph.D. (NIP. 197708242006041001)

2. Hudan Studiawan, S.Kom., M.Komeknik informatika

(NIP. 198705112012121003)

SURABAYA JUNI, 2017 rbimbing 2)

KLASTERISASI GRAF UNTUK LOG AUTENTIKASI DENGAN ALGORITMA MOLECULAR COMPLEX DETECTION

Nama Mahasiswa : I GUSTI NGURAH ARYA

BAWANTA

NRP : 5113100007

Jurusan : Teknik Informatika FTIF-ITS

Dosen Pembimbing 1: Royyana M. Ijtihadie, S.Kom.,

M.Kom., Ph.D.

Dosen Pembimbing 2: Hudan Studiawan, S.Kom., M.Kom.

Abstrak

Pelanggaran access control merupakan serangan yang utama beberapa tahun silam. Tipe dari klasterisasi pada ancaman keamanan seperti ini tersimpan dalam sebuah log autentikasi. Investigator forensik akan melakukan analisa pada log agar mengetahui ancaman yang mungkin terjadi. Analisa tersebut dapat dipermudah dengan mengklaster log tersebut. Namun, karena belum adanya visualisasi pada log yang telah diklaster membuat analisa log menjadi sulit dan membutuhkan waktu yang lama.

Penulis menggunakan metode dengan membuat visualisasi dari data log yang telah terklasterisasi. Tahap pertama adalah melakukan preprocessing pada log. Lalu data preprocessing akan diklaster menggunakan algoritma Molecular Complex Detection (MCODE). Setelah terklaster, maka akan penulis akan memvisualisasikan hasil dari klaster tersebut.

Pada tugas akhir ini, hasil yang didapat yaitu algoritma Molecular Complex Detection dapat digunakan sebagai metode untuk klasterisasi log autentikasi yang ada dan dapat memberikan hasil akurasi yang bagus. Adapun untuk visualisasi graf, aplikasi Gephi sudah mampu memberikan visualisasi yang jelas dalam melihat perbedaan log yang serangan dan log yang bukan serangan. Sehingga, dapat mempermudah analisis pada tahap selanjutnya.

Kata kunci: Log Autentikasi, Algoritma Molecular Complex Detection, Visualisasi Log, Gephi

GRAPH CLUSTERING FOR AUTHENTICATION LOG USING MOLECULAR COMPLEX DETECTION ALGORITHM

Student's Name : I GUSTI NGURAH ARYA

BAWANTA

Student's ID : 5113100007

Department : Teknik Informatika FTIF-ITS

First Advisor : Royyana M. Ijtihadie, S.Kom.,

M.Kom., Ph.D.

Second Advisor : Hudan Studiawan, S.Kom., M.Kom.

Abstract

Access control violation is major attack these past years. The clustering of these type of violation is stored in the authentication log. Forensics investigators will analyze the log to understand the possible attack to the system. Therefore, because there is no visualization of the clustered log, analyzing process takes a long time.

Author use a method that make a visualization from clustered log data. The first step is to preprocess the authentication log. Then the preprocessed data will clustered with Molecular Complex Detection (MCODE) algorithm. After the log is clustered, then author visualize the result of cluster.

In this undergraduate thesis, the result obtained is Molecular Complex Detection algorithm can be used for clustering the authentication log given and have a good accuracy. As for graph visualization, Gephi can visualize authentication log clearly. So, Ghepi can show the differences between attack log and log that not an attack. So that the visualization can simplify the authentication log analyzing process.

Keywords: Authentication Log, Molecular Complex Detection Algorithm, Log Visualization, Gephi

KATA PENGANTAR

Segala puji bagi TuhanYang Maha Esa, yang telah melimpahkan rahmat-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan Tugas Akhir yang berjudul **KLASTERISASI GRAF UNTUK LOG AUTENTIKASI DENGAN ALGORITMA MOLECULAR COMPLEX DETECTION.** Dengan pengerjaan Tugas Akhir ini, penulis bias memperdalam dan meningkatkan apa yang telah didapatkan selama menempuh perkuliahan di Teknik Informatika ITS. Selain itu, penulis juga dapat menghasilkan suatu implementasi dari apa yang telah dipelajari selama proses perkuliahan. Selesainya Tugas Akhir ini tidak lepas dari bantuan dan dukungan beberapa pihak. Pada kesempatan ini penulis mengucapkan syukur dan terima kasih kepada :

- 1. Tuhan Yang Maha Esa atas anugerah dan pencerahan-Nya yang tidak terkira kepada penulis.
- 2. Bapak I Gusti Ngurah Sudiana dan Ibu Ni Ketut Surinih sebagai orang tua penulis, adik serta keluarga besar penulis di kampung halaman yang telah memberikan dukungan moral, material serta doa yang tak terhingga semenjak penulis merantau hingga mampu menyelesaikan Tugas Akhir ini, bahkan membangkitkan semangat penulis dan menyadarkan penulis ketika berada pada kondisi terburuk.
- 3. Bapak Royyana Muslim Ijtihadie, S.Kom, M.Kom, Ph.D. selaku pembimbing I dan Bapak Hudan Studiawan, S.Kom, M.Kom selaku pembimbing II yang telah membantu, membimbing dan memotivasi penulis mulai dari pengerjaan proposal hingga terselesaikannya Tugas Akhir ini.
- 4. Bapak Darlis Herumurti, S.Kom., M.Kom., selaku Kepala Jurusan Teknik Informatika ITS pada masa pengerjaan Tugas Akhir, Bapak Radityo Anggoro, S.Kom., M.Sc. selaku coordinator Tugas Akhir, dan segenap dosen Teknik Informatika yang telah memberikan ilmu dan

- pengalamannya kepada penulis sebagai bekal menjalani kehidupan yang sebenarnya.
- 5. Teman-teman Asrama Tirtha Gangga yang bersedia menjadi teman berbagi cerita dan bermain selama penulis berada di Surabaya.
- 6. Teman-teman TC 2013 yang selalu Bersama penulis mulai dari awal tahun perkuliahan hingga proses penyelesaian Tugas Akhir.
- 7. Serta semua pihak yang turut membantu dalam penyelesaian Tugas Akhir ini.

Penulis menyadari bahwa tugas Akhir ini masih memiliki kekurangan. Untuk itu, dengan kerendahan hati, penulis mengharapkan kritik dan saran dari pembaca untuk perbaikan kedepannya.

Surabaya, Juni 2017

I Gusti Ngurah Arya Bawanta

DAFTAR ISI

LEMBAR PENGESAHAN	v
Abstrak	vii
Abstract	
DAFTAR ISI	
DAFTAR GAMBAR	xvii
DAFTAR TABEL	
DAFTAR KODE SUMBER	
BAB I PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang	
1.2 Rumusan Masalah	
1.3 Batasan Permasalahan	
1.4 Tujuan	
1.5 Manfaat	
1.6 Metodologi	
1.6.1 Penyusunan Proposal	
1.6.2 Studi Literatur	
1.6.3 Implementasi Perangkat Lunak	
1.6.4 Pengujian dan Evaluasi	
1.6.5 Penyusunan Buku	
1.7 Sistematika Penulisan Laporan	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Forensik Digital	
2.2 Kontrol Akses	
2.3 Log Autentikasi	
2.4 Klasterisasi	
2.5 Klasterisasi Graf	
2.6 Algoritma Molecular Complex Detection (MCODE)	
2.7 Attack pada Autentikasi	
2.8 Anaconda	
2.9 Bahasa Pemrograman <i>Python</i>	
2.10 NumPy	
2.11 SciPy	14
2.12 Library cProfile	14

2.13	Networ	kX	15
2.14	String S	Similarity dengan Levenshtein Distance	15
		si dengan Adjusted Rand Index (ARI)	
2.16	Visualis	sasi dengan <i>Gephi</i>	19
	BAB II	I PERANCANGAN PERANGKAT LUI	NAK.21
3.1	Data		21
3.	1.1 Da	ta Masukan	21
3.	1.2 Da	ta Keluaran	22
3.2	Desain	Umum Sistem	22
		kasi Levenshtein Distance	
3.4	Molecu	lar Complex Detection	28
		rtex Weighting	
3.4		mplex Prediction	
		IMPLEMENTASI	
		ngan Implementasi	
		entasi	
		eprocessing	
4.2	2.2 Gr	aph Modelling	
	4.2.2.1	1.10 011111051 20 / 0.151110111 2 151011100 111111111	
		Pembuatan Graf	
		olecular Complex Detection	
		Vertex Weighting	
	4.2.3.2	1	
4.2		sualisasi dengan Gephi	
4.2		rhitungan nilai <i>adjusted rand index</i> (ARI).	
		HASIL UJI COBA DAN EVALUASI	
5.1		ngan Pengujian	
5.2		engujian	
5.3		o Uji Coba	
5.3		enario Uji Fungsionalitas	
	5.3.1.1	Uji Coba Fungsi pada Preprocessing	
	5.3.1.2	\mathcal{L}	
	5.3.1.3		
	5.3.1.4		
	5.3.1.5	Uji Coba Fungsi Perhitungan Running T	ïme 57

	5.3.1.6	Uji Coba Visualisasi pada Gephi	58
5.		enario Uji Performa	
	5.3.2.1		
	5.3.2.2	Training dan Testing data	62
	5.3.2.3	Uji Coba Akurasi Algoritma MCODE	68
	5.3.2.4	Evaluasi Running Time	69
	5.3.2.5	Uji Visualisasi	72
	5.3.2.6		
	BAB VI	KESIMPULAN DAN SARAN	
6.1	Kesimp	ulan	81
6.2	Saran		82
	DAFTA	R PUSTAKA	83
	BIODA	TA PENULIS	85

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Contoh Log Autentikasi8
Gambar 2.2 Contoh Graf yang Belum Terklaster dan Graf yang
Sudah Terklaster10
Gambar 2.3 Contoh statistik running time dari cProfile14
Gambar 2.4 Representasi matriks perbandingan string17
Gambar 2.5 Hasil representasi matriks dua string
Gambar 2.6 Contoh Visualisasi pada Gephi20
Gambar 3.1 Contoh dataset log sebagai data masukan22
Gambar 3.2 Diagram alir pengerjaan tugas akhir24
Gambar 3.3 Diagram alir proses preprocessing25
Gambar 3.4 Diagram alir proses graph modelling26
Gambar 3.5 Diagram alir algoritma molecular complex detection
27
Gambar 3.6 Pemilihan <i>node</i> dalam sebuah klaster29
Gambar 3.7 Contoh graf dengan score pada node31
Gambar 5.1 Log yang digunakan untuk pengujian fungsi
preprocessing53
Gambar 5.2 Hasil data log setelah fungsi preprocessing
dijalankan54
Gambar 5.3 Node yang berhasil dibuat pada proses pembuatan
graf55
Gambar 5.4 Edge yang berhasil dibuat pada proses pembuatan
graf55
Gambar 5.5 Log yang belum terklaster56
Gambar 5.6 Log yang sudah terklaster56
Gambar 5.7 Nilai <i>adjusted rand index</i> pada log57
Gambar 5.8 Statistik running program pygraphc dengan cProfile
58
Gambar 5.9 Visualisasi graf yang berhasil dibuat pada Gephi59
Gambar 5.10 Diagram alir pengujian performa sistem60
Gambar 5.11 Visualisasi log "Nov 7.log"73
Gambar 5.12 Visualisasi log "Dec 17.log"74
Gambar 5.13 Visualisasi log "dec-11.log"75

Gambar 5.14	Visualisasi	log "dec-2	2.log"	77
Current cir.	, 100,001			, ,

DAFTAR TABEL

Tabel 4.1 Lingkungan Implementasi Perangkat Lunak	33
Tabel 5.1 Spesifikasi Lingkungan Pengujian	51
Tabel 5.2 Hasil perhitungan akurasi algoritma dengan	threshold
MCODE 0.0 sampai 1.0	61
Tabel 5.3 Hasil training data pada dataset Hofstede 2014	63
Tabel 5.4 Hasil training data pada dataset SecRepo	64
Tabel 5.5 Hasil testing data pada dataset Hofstede2014.	66
Tabel 5.6 Hasil testing data pada dataset SecRepo	67
Tabel 5.7 Hasil perhitungan akurasi pada file "Nov 7.log	g"68
Tabel 5.8 Detail file yang digunakan dalam uji coba pe	erhitungan
running time	70
Tabel 5.9 Hasil perhitungan running time	71

DAFTAR KODE SUMBER

Pseudocode 4.1 Kode inisialisasi variabel yang digunakan pada
tahap preprocessing34
Pseudocode 4.2 Kode read log file dan menyimpan datanya ke
variabel34
Pseudocode 4.3 Kode fungsi untuk menghilangkan kata yang
tidak diperlukan35
Pseudocode 4.4 Kode untuk menyimpan data log ke variabel36
Pseudocode 4.5 Kode inisialisasi variabel pada proses Graph
Modelling
Pseudocode 4.6 Kode untuk modifikasi algoritma levenshtein
distance38
Pseudocode 4.7 Kode untuk membuat node pada graf39
Pseudocode 4.8 Kode untuk membuat edge pada graf40
Pseudocode 4.9 Kode untuk Class Zerodict40
Pseudocode 4.10 Kode inisialisasi algoritma molecular complex
detection41
Pseudocode 4.11 Kode program untuk mencari nilai weight pada
node42
Pseudocode 4.12 Kode untuk memberikan id pada tiap node43
Pseudocode 4.13 Kode program untuk melakukan tahap complex
prediction44
Pseudocode 4.14 Kode program untuk inisialisasi variabel yang
digunakan untuk streaming pada Gephi45
Pseudocode 4.15 Kode program untuk melakukan streaming pada
Gephi48
Pseudocode 4.16 Kode program untuk menghilangkan edge
diantara node yang berbeda cluster48
Pseudocode 4.17 Kode program untuk mengevaluasi file log49
Pseudocode 4.18 Kode program untuk menghitung nilai adjusted
rand index 50

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Aktivitas yang terdapat pada secure shell (SSH) server, baik aktivitas yang normal maupun aktivitas yang merupakan serangan terhadap sistem tersimpan dalam log file. Catatan dari aktivitas tersebut dapat mencapai ratusan ribu baris. Dalam aktivitas tersebut memungkinkan adanya pelanggaran access control yang merupakan serangan yang utama beberapa tahun silam. Catatan dari adanya pelanggaran pada kemungkinan ancaman keamanan access control seperti ini tersimpan dalam sebuah log autentikasi.

Investigator forensik akan melakukan analisa pada log agar mengetahui ancaman yang mungkin terjadi. Analisa tersebut dapat dipermudah dengan mengklaster log tersebut [1]. Log yang telah terklaster lebih mudah dianalisis karena log sudah terkelompok berdasarkan aktivitasnya. Namun, proses analisis dari log yang telah terklaster masih memerlukan proses analisis yang lama. Hal tersebut terjadi karena investigator forensik harus melihat data log per baris. Oleh karena itu, penulis memvisualisasikan hasil dari klasterisasi log, sehingga investigator forensik menganalisis log hanya dengan melihat visualisasi dari log.

Penulis menggunakan metode dengan membuat visualisasi dari data log yang telah terklaster. Pertama-tama penulis melakukan *preprocessing* pada log menghilangkan kata yang tidak diperlukan pada proses klasterisasi. Lalu data *preprocessing* akan diklaster menggunakan algoritma *Molecular Complex Detection* (MCODE) [2]. Setelah terklaster, maka penulis akan memvisualisasikan hasil dari klaster tersebut. Visualisasi yang akan ditampilkan penulis akan langsung dapat menunjukkan log yang merupakan serangan dan log yang bukan merupakan serangan.

Hasil yang diharapkan dari klasterisasi tersebut adalah bisa mendapat laporan analisis untuk investigator forensik. Adapun algoritma yang digunakan diharapkan dapat mengklaster data log dengan cepat dan akurat. Serta visualisasi graf dapat mempermudah pembacaan data log bagi investigator forensik.

1.2 Rumusan Masalah

Tugas akhir ini mengangkat beberapa rumusan masalah sebagai berikut:

- 1. Apakah algoritma *molecular complex detection* dapat diimplementasikan pada kasus tugas akhir ini?
- 2. Berapakah *range threshold* yang bagus untuk *molecular complex detection*?
- 3. Berapakah nilai *threshold* yang bagus untuk algoritma *molecular complex detection*?
- 4. Berapakah nilai akurasi terbaik yang didapatkan?
- 5. Apa pengaruh log yang digunakan terhadap *running time* dari sistem?

1.3 Batasan Permasalahan

Permasalahan yang dibahas pada tugas akhir ini memiliki batasan sebagai berikut:

- 1. Menggunakan dataset log autentikasi pada sistem operasi Linux.
- 2. Menggunakan bahasa pemrograman *Python* dan *Library NetworkX* untuk pembuatan graph pada sistem operasi *Windows 8.1*.
- 3. Menggunakan *Gephi* untuk visualisasi.

1.4 Tujuan

Tujuan dari tugas akhir ini adalah sebagai berikut:

1. Membuat perangkat lunak yang dapat mengklaster log autentikasi pada sistem operasi Linux.

2. Memvisualisasi log autentikasi yang telah diklaster dalam bentuk graf.

1.5 Manfaat

Dengan dibuatnya tugas akhir ini diharapkan dapat memberikan manfaat pada dunia forensik untuk mempermudah menganalisis log dengan cara memberikan visualisasi dari dari log yang telah dimasukkan ke klaster-klaster.

1.6 Metodologi

Pembuatan tugas akhir ini dilakukan dengan menggunakan metodologi sebagai berikut:

1.6.1 Penyusunan Proposal

Tahap awal tugas akhir ini adalah menyusun proposal tugas akhir. Pada proposal, diajukan gagasan untuk mengklaster log autentikasi dengan algoritma *Molecular Complex Detection*.

1.6.2 Studi Literatur

Pada tahap ini dilakukan untuk mencari informasi dan studi literatur apa saja yang dapat dijadikan referensi untuk membantu pengerjaan Tugas Akhir ini. Informasi didapatkan dari buku dan literatur yang berhubungan dengan metode yang digunakan. Informasi yang dicari adalah algoritma MCODE, log autentikasi, kontrol akses dan visualisasi pada *Gephi*. Tugas akhir ini juga mengacu pada literatur jurnal karya Hudan Studiawan, Baskoro Adi Pratomo dan Radityo Anggoro dengan judul "Connected Component Detection for Authentication Log Clustering" yang diterbitkan pada tahun 2016.

1.6.3 Implementasi Perangkat Lunak

Implementasi merupakan tahap untuk membangun metodemetode yang sudah diajukan pada proposal Tugas Akhir. Untuk membangun algoritma yang telah dirancang sebelumnya, maka dilakukan implementasi dengan menggunakan suatu perangkat lunak yaitu PyCharm sebagai IDE dan *Package* Anaconda.

1.6.4 Pengujian dan Evaluasi

Pada tahap ini algoritma yang telah disusun diuji coba dengan menggunakan data uji coba yang ada. Data uji coba tersebut diuji coba dengan menggunakan suatu perangkat lunak dengan tujuan mengetahui kemampuan metode yang digunakan untuk mengklaster log autentikasi. Data hasil klaster akan dibandingkan dengan data yang telah disediakan dan dibandingkan dengan algoritma Adjusted Rand Index (ARI). Hasil evaluasi juga mencakup running time dari setiap tahap klastering log.

1.6.5 Penyusunan Buku

Pada tahap ini disusun buku sebagai dokumentasi dari pelaksanaan tugas akhir yang mencangkup seluruh konsep, teori, implementasi, serta hasil yang telah dikerjakan.

1.7 Sistematika Penulisan Laporan

Sistematika penulisan laporan tugas akhir adalah sebagai berikut:

1. Bab I. Pendahuluan

Bab ini berisikan penjelasan mengenai latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, tujuan, manfaat, metodologi, dan sistematika penulisan dari pembuatan tugas akhir.

2. Bab II. Tinjauan Pustaka

Bab ini berisi kajian teori dari metode dan algoritma yang digunakan dalam penyusunan Tugas Akhir ini. Secara garis besar, bab ini berisi tentang forensik digital, kontrol akses, log autentikasi, *Molecular Complex Detection*, visualisasi dengan *gephi*, bahasa pemrograman *python* dan *library networkx*.

- 3. Bab III. Perancangan Perangkat Lunak
 Bab ini berisi pembahasan mengenai tahap-tahap dari aplikasi
 serta perancangan dari metode *Molecular Complex Detection*yang digunakan untuk mengklasterisasi log autentikasi.
- 4. Bab IV. Implementasi
 Bab ini menjelaskan implementasi yang berbentuk

 Pseudocode yang berupa *Pseudocode* dari metode *Molecular Complex Detection.
- 5. Bab V. Hasil Uji Coba dan Evaluasi
 Bab ini berisikan hasil uji coba dari metode *Molecular Complex Detection* yang digunakan untuk mengklaster log autentikasi yang sudah diimplementasikan pada *Pseudocode*.
 Uji coba dilakukan dengan menggunakan dataset log autentikasi Linux. Hasil evaluasi mencakup nilai ARI yang menunjukkan kebenaran dari metode klastering tersebut serta *running time* dari metode yang ada.
- 6. Bab VI. Kesimpulan dan Saran Bab ini merupakan bab yang menyampaikan kesimpulan dari hasil uji coba yang dilakukan, masalah-masalah yang dialami pada proses pengerjaan Tugas Akhir, dan saran untuk pengembangan solusi ke depannya.
- 7. Daftar Pustaka Bab ini berisi daftar pustaka yang dijadikan literatur dalam tugas akhir.
- 8. Lampiran
 Dalam lampiran terdapat tabel-tabel data hasil uji coba dan *Pseudocode* program secara keseluruhan.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini berisi pembahasan mengenai teori-teori dasar yang digunakan dalam tugas akhir. Teori-teori tersebut diantaranya adalah *Molecular Complex Detection*, log autentikasi dan beberapa teori lain yang mendukung pembuatan tugas akhir.

2.1 Forensik Digital

Forensik digital adalah aktivitas yang berhubungan dengan pemeliharaan, identifikasi, ekstraksi, dan dokumentasi bukti digital dalam kejahatan. Bukti-bukti dalam forensik digital sangatlah banyak, seperti semua bukti fisik (komputer, harddisk, dan lain lain), dokumen-dokumen yang tersimpan dalam komputer (gambar, pdf, video, dan lain lain), lalu lintas data dalam jaringan dan lain sebagainya. Karena luasnya cangkupan, forensik digital dibagi menjadi beberapa cabang seperti forensik komputer, forensik analisis data, forensik jaringan, forensik perangkat bergerak, forensik basis data, dan lain lain [3].

2.2 Kontrol Akses

Kontrol akses merupakan cara yang digunakan oleh administrator suatu sistem mengatur akses ke sistem tersebut. Akses yang diatur dapat berupa akses dokumen, akses file dan sebagainya. Izin untuk mengaksesnya disebut dengan otorisasi. Adapun cara untuk otorisasi yaitu dengan autentikasi [4]. Dalam tugas akhir ini, penulis menggunakan kontrol akses pada sistem operasi Linux.

2.3 Log Autentikasi

Log adalah daftar tindakan kejadian atau aktivitas yang telah terjadi dalam sebuah sistem komputer. Log ini tersimpan

dalam sebuah file log. File log dihasilkan oleh sistem untuk mencatat hal-hal yang terjadi pada sebuah sistem. Sehingga dalam log juga terdapat hal-hal yang berpotensi menimbulkan masalah. Masalah yang dapat ditimbulkan dapat berupa masalah keamanan sistem maupun yang lainnya.

Penulis menggunakan dataset log autentikasi pada kontrol akses di sistem operasi linux. Log ini terdapat pada *auth.log* pada folder /var/log pada linux berbasis debian atau folder /var/log/secure pada redhat. Log tersebut menyimpan Pluggable Authentication Modules (PAM) yang menyimpan akses user yang diperbolehkan dan akses Secure Shell (SSH), baik yang berhasil maupun gagal [5]. Log ini sangat berharga bagi investigator forensik untuk menganalisis suatu insiden maupun jejak dari penyerang. Contoh log autentikasi dapat dilihat pada Gambar 2.1.

```
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: Accepted publickey for XXXXX from 161.166.232.12 port 33045 ssh2
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: Received disconnect from 161.166.232.12: 11: disconnected by user
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:02 161.166.232.14 sshd[13356]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10363]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10368]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10368]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10376]: Received disconnect from 161.166.232.12: 11: disconnected by user
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10376]: Received disconnect from 161.166.232.12: 11: disconnected by user
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10376]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10376]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10376]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10
```

Gambar 2.1 Contoh Log Autentikasi

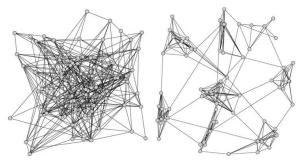
Penulis menggunakan dua buah dataset dalam tugas akhir ini, yaitu dataset *Hofstede2014* dan dataset *SecRepo*. Dataset *Hofstede2014* didapatkan dari penelitian oleh Rick Hofstede dkk. Log ini dikumpulkan dari bulan november tahun 2013 sampai dengan februari 2014 pada jaringan Universitas Twente [6]. Sedangkan dataset *Secrepo* didapatkan dari *Security Repository* yang dibuat oleh Mike Sconzo. Adapun dataset *SecRepo* ini mengandung banyak data log yang merupakan usaha login sistem yang gagal.

2.4 Klasterisasi

Klasterisasi adalah teknik umum yang digunakan untuk analisis data statistik, pengenalan pola, analisis image dan Klasterisasi bioinformatika. merupakan proses untuk mengelompokkan objek yang sama menjadi kelompok yang berbeda, atau membagi dataset menjadi subset, sehingga masingmasing data dalam subset berdasarkan ukuran yang telah ditentukan. Dapat dikatakan bahwa klaster adalah kelompok dari objek yang sama dari objek tersebut dan berbeda dari objek yang dimiliki oleh klaster yang lainnya. Adapun pembagian jenis algoritma klasterisasi data bisa dilakukan dengan klasterisasi hirarki maupun klasterisasi secara partisi. Contoh dari klasterisasi secara hirarki adalah dengan algoritma perhitungan jarak seperti jarak Manhattan dan jarak Euclidean. Sedangkan contoh dari klasterisasi secara partisi adalah algoritma K-means dan algoritma K-medoid [7].

2.5 Klasterisasi Graf

Klasterisasi graf adalah cara untuk mengelompokkan *node* dari graf menjadi klaster dengan mempertimbangkan struktur dari *edge* agar terdapat banyak edge antar didalam sebuah klaster dan sedikit diantara klaster. Tujuan dari klasterisasi graf ini adalah untuk membagi dataset menjadi klaster sehingga elemen-elemen yang telah ditentukan dalam sebuah klaster menjadi sama atau saling terhubung dengan menggunakan acuan yang telah ditentukan sebelumnya. Untuk mempermudah penjelasan tentang klasterisasi graf, dapat dilihat contoh pada Gambar 2.2. Pada Gambar 2.2, gambar graf kiri merupakan graf yang random dan belum terklaster, setelah dilakukan klasterisasi graf, terlihat pada graf kanan.



Gambar 2.2 Contoh Graf yang Belum Terklaster dan Graf yang Sudah Terklaster

2.6 Algoritma Molecular Complex Detection (MCODE)

MCODE merupakan algoritma yang akan mengecek kepadatan dari wilayah node sebuah jaringan node. Algoritma ini biasanya digunakan untuk mengelompokkan jenis protein kompleks. Sering digunkaan pada jaringan PPI [2]. Ada tiga tahap dari algoritma MCODE, yaitu *vertex weighting, complex prediction* dan *post-processing*(opsional) [8].

Pada tahap *vertex weighting*, vertex yang ada akan diberikan nilai *weight* berdasarkan kepadatan jaringan lokal vertex tersebut. Kemudian pada tahap *complex prediction* akan mencari jaringan lokal yang memungkinkan untuk melakukan klasterisasi dengan mengecek nilai *weight* masing-masing node. Pada tahap *post-processing* terdapat dua tahap yang dapat terjadi, yaitu *haircut* dan *fluff*. Pada tahap *haircut*, node yang hanya terhubung dengan sebuah node lain akan dipisahkan dari jaringan. Sedangkan pada tahap *fluff*, jangkauan dari jaringan klaster yang didapatkan sebelumnya akan dilebarkan dengan sebuah node diluar jaringan tersebut [8].

Tahap *post-processing* dapat menyebabkan hilangnya node yang telah dibuat sebelumnya dan merupakan tahap yang optional, maka penulis tidak mengikut sertakan tahap *post-processing* dalam tugas akhir ini.

2.7 Attack pada Autentikasi

Seperti yang kita ketahui, sistem autentikasi memungkinkan untuk diserang. Penyerangan terhadap autentikasi pun beragam, yaitu dapat dengan mencoba kombinasi *username* dan *password* dari pengguna yang terdaftar ataupun dengan menyerang server agar dapat memasuki sistem yang ada. Serangan ini sangat merugikan jika sampai berhasil, namun sistem log sudah mencatat semua kegiatan dari sistem sehingga dapat melacak jika terjadi serangan pada sistem. Berikut adalah daftar dari kemungkinan serangan yang dicatat oleh sistem.

- **Invalid user:** penyerang atau bot menggunakan bruteforce attack untuk masuk ke dalam sistem
- Recieved disconnect from : penyerang menggunakan kode sendiri untuk brute-force ke sistem
- Did not recieve identification string from: penyerang mencoba untuk mencari username dan password pada sistem
- Connection reset by peer: terdapat masalah pada *authentication key* dan kemungkinan terjadi serangan brute-force
- Could not write ident string: terdapat orang yang menggunakan *port scanner* dan mengenai port 22.
- Too many authentication failure: limit MaxAuthTries sudah melebihi batas, kemungkinan terjadi serangan brute-force
- Bad protocol version identification: kemungkinan ada virus yang mencoba menyerang sistem dengan mencari kelemahan sistem
- Connection closed: Kemungkinan terjadinya serangan brute-force
- Reverse mapping checking getaddrinfo: client yang terhubung tidak mempunyai atau mempunyai bad DNS

- This does not map back to the address: reverse IP lookup tidak berhasil
- Failed password: penyerang kemungkinan mencoba password berulang kali
- **Ignoring max retries**: kemungkinan terjadi serangan brute-force
- Recieved disconnect: ada kemungkinan penyerang menggunakan kode sendiri untuk menyerang server, kemungkinan serangan brute-force
- Open failed: koneksi terputus sebelum mencapai SSH tunnel. Ada kemungkinan bukan serangan, tapi administrator lebih baik mengeceknya.
- Root login refused: akses root restricted, namun penyerang mencoba untuk masuk
- **Protocol major versions differ :** kemungkinan menyerang SSH server
- Failed none : penyerang mencoba masuk dengan password kosong

Pencatatan dengan kata diatas kemungkinan adalah serangan [9]. Penulis menggunakan daftar serangan diatas untuk mengklasifikasikan sebuah log merupakan sebuah serangan atau bukan.

2.8 Anaconda

Anaconda adalah *open data science platform* yang dibangun menggunakan bahasa pemrograman Python. Versi Anaconda *open-source* menyediakan distribusi dengan performa tingkat tinggi dari bahasa pemrograman Python dan R yang berisikan lebih dari 100 paket untuk *data science*. Anaconda menyediakan CLI (*command line interface*) berupa perintah "conda" sebagai manajemen lingkungan untuk bahasa pemrograman Python. Perintah "conda" bisa untuk *create*, *export*, *list*, *remove* dan *update* lingkungan yang bisa digunakan untuk

versi bahasa pemrograman Python atau paket yang dipasang didalamnya [10].

2.9 Bahasa Pemrograman *Python*

Python merupakan bahasa pemrograman yang lebih menekankan pada keterbacaan kode, sehingga lebih mudah dipahami dari kebanyakan bahasa pemrograman. Selain itu, Python juga mendukung hampir semua sistem operasi bahkan Sistem Operasi Linux. Kelebihan dari python yaitu merupakan bahasa pemrograman dinamis yang dilengkapi dengan manajemen memori otimatis [11].

2.10 NumPy

NumPy adalah paket dasar untuk komputasi ilmiah menggunakan Python yang berisi antara lain :

- 1. Objek array N dimensi
- 2. Fungsi yang mutakhir
- 3. Kakas bantu untuk mengintegrasi dengan *Pseudocode* C/C++ dan Fortran
- 4. Sangat berguna untuk aljabar linier, Fourier Transform, dan kemampuan angka *random*

Selain digunakan untuk hal ilmiah, NumPy juga bisa digunakan untuk container multidimensi yang efisien untuk data dapat generik. Tipe data arbitrary didefinisikan. memungkinkan NumPy secara lancar dan cepat mengintegrasikan dengan banyak tipe basis data. NumPy adalah singkatan dari Numeric Python atau Numerical Python. Adalah sebuah modul Open Source untuk bahasa pemrograman Python menyediakan fungsi-fungsi yang telah precompiled. NumPy memperkaya kemampuan bahasa pemrograman Python dengan data struktur yang efisien untuk komputasi yang membutuhkan arrays atau matrices multidimensi [12].

2.11 SciPy

SciPy adalah singkatan dari *Scientific Python*. SciPy adalah modul *Library Open Source* yang digunakan untuk bahasa pemrograman Python. SciPy sering digunakan bersama dengan modul NumPy. SciPy menambah kemampuan NumPy dalam fungsi seperti *minimization*, *regression*, dan *Fast Fourier-transformation* [13].

2.12 Library cProfile

Library cProfile digunakan untuk memunculkan running time dari sebuah fungsi pada Python. cProfile merupakan sebuah fitur yang sudah ada saat Python terinstall. Adapun statistik fungsi-fungsi yang ditampilkan termasuk subfungsi yang ada didalam fungsi yang dijalankan. Contoh hasil dari cProfile dapat dilihat pada Gambar 2.3.

```
6692454 function calls (6685117 primitive calls) in 19.127 seconds

Ordered by: cumulative time, file name

ncalls tottime percall cumtime percall filename:lineno(function)

1 0.000 0.000 19.127 19.127 pygraphc:12(main)

1 0.000 0.000 11.595 11.595 pygraphc:90(graph_streaming)

1 0.084 0.084 11.549 11.549 GraphStreaming.py:50(gephi_streaming)

3624 0.034 0.000 11.227 0.003 client.py:54(flush)
```

Gambar 2.3 Contoh statistik running time dari cProfile

Pada Gambar 2.3, terdapat beberapa *header* dari hasil statistik *cProfile*, yaitu :

- Ncalls menunjukkan jumlah fungsi dipanggil
- Totime menunjukkan waktu yang dihabiskan oleh fungsi
- *Percall* menunjukkan rata-rata waktu yang dihabiskan fungsi dalam sekali pemanggilan (*totime* dibagi *ncalls*)
- Cumtime menunjukkan waktu kumulatif dari fungsi
- *Percall* menunjukkan waktu kumulatif tiap pemanggilan fungsi (*cumtime* dibagi *ncalls*)

• Filename:lineno(function) menunjukkan nama file, line keberapa dan nama fungsi yang dipanggil

Selain itu, terlihat bahwa total waktu yang dibutuhkan dalam pemanggilan pada Gambar 2.3 adalah 19,127 detik [14].

2.13 NetworkX

NetworkX adalah *library* dari *python* yang berfungsi untuk mempelajari graf dan jaringan. Beberapa fitur-fitur dari *networkx* adalah sebagai berikut :

- 1. Mengikuti struktur data bahasa *python* untuk graph, digraph, dan multigraph.
- 2. Node dapat berupa apa saja (misalkan teks, gambar, XML).
- 3. Edges dapat menyimpan data apa saja (misalkan *weight*, waktu).
- 4. Memiliki generator untuk graph klasik, graph acak dan jaringan sintetik.
- 5. Algoritma graph standar.
- 6. Kemampuan mengolah struktur jaringan dan metrik analisis jaringan.
- 7. Lisensi BSD open source.
- 8. Telah diuji: lebih dari 1800 unit test, > 90% cakupan kode.
- 9. Manfaat tambahan dari *python* : *prototyping* cepat, mudah untuk mengajar, multi-platform [15].

2.14 String Similarity dengan Levenshtein Distance

String similarity ini digunakan untuk membandingkan dua buah string dalam proses pembuatan graf. Algoritma yang digunakan untuk membandingan dua buah string tersebut adalah algoritma Levenshtein Distance atau edit distance. Dalam teori informasi, Levenshtein distance dua string adalah jumlah minimal

operasi yang dibutuhkan untuk mengubah suatu *string* ke *string* yang lain, di mana operasi-operasi tersebut adalah operasi penyisipan, penghapusan, atau penyubstitusian sebuah karakter. Algoritma ini dinamakan berdasarkan Vladimir Levenshtein yang ditemukannya pada tahun 1965. Pada tugas akhir ini, *Levenshtein distance* dirujuk dengan menggunakan kata jarak saja agar lebih singkat.

Untuk menghitung jarak dari dua *string* dapat menggunakan cara dengan matriks (n + 1) x (m+1) dimana n adalah panjang *string* pertama dan m adalah panjang *string* kedua. Berikut dua *string* yang akan digunakan sebagai contoh :

RONALDINHO ROLANDO

Untuk mengubah *string* RONALDINHO menjadi ROLANDO diperlukan 6 operasi, yaitu :

1. Menstubstitusikan N dengan L:

RONALDINHO ==> ROLALDINHO

2. Menstubstitusikan L dengan N:

ROLALDINHO ==> ROLANDINHO

3. Menstubstitusikan I dengan O:

ROLANDINHO ==> ROLANDONHO

4. Menghapus O:

ROLANDONHO ==> ROLANDONH

5. Menghapus H:

ROLANDONH ==> ROLANDON

6. Menghapus N:

ROLANDON ==> ROLANDO

Dengan menggunakan representasi matriks dapat ditunjukkan pada Gambar 2.4 :

		R	O	N	A	L	D	I	N	Н	O
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
R	1										
O	2										
L	3										
Α	4										
N	5										
D	6										
O	7										

Gambar 2.4 Representasi matriks perbandingan string

Pada Gambar 2.4, elemen baris 1 kolom 1 (M[1,1]) adalah jumlah operasi yang diperlukan untuk mengubah *substring* dari kata ROLANDO yang diambil mulai dari karakter awal sebanyak 1 (R) ke *substring* dari kata RONALDINHO yang diambil mulai dari karakter awal sebanyak 1 (R). sementara elemen M[3,5] adalah jumlah operasi antara ROL (*substring* yang diambil mulai dari karakter awal sebanyak 3) dengan RONAL (*substring* yang diambil mulai dari karakter awal sebanyak 5). Berarti elemen M[p,q] adalah jumlah operasi antara *substring* kata pertama yang diambil mulai dari awal sebanyak p dengan *substring* kata kedua yang diambil dari awal sebanyak q. Sehingga dengan peraturan ini matriks dapat diisi, dan menghasilkan perthitungan seperti Gambar 2.5.

		R	O	N	Α	L	D	I	N	H	O
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
R	1	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
O	2	1	0	1	2	3	4	5	6	7	8
L	3	2	1	1	2	3	4	5	6	7	8
Α	4	3	2	2	1	2	3	4	5	6	7
N	5	4	3	3	2	2	3	4	5	6	7
D	6	5	4	4	3	3	2	3	4	5	6
O	7	6	5	5	4	4	3	3	4	5	6

Gambar 2.5 Hasil representasi matriks dua string

Elemen terakhir (yang paling kanan bawah) adalah elemen yang nilainya menyatakan jarak kedua *string* yang dibandingkan [16].

2.15 Evaluasi dengan Adjusted Rand Index (ARI)

Untuk melakukan evaluasi dari tugas akhir ini, penulis menggunakan ARI. ARI digunakan untuk menghitung kemiripan antara dua buah klaster dengan mempertimbangkan semua *sample* dan menghitung pasangan klaster yang sama maupun berbeda pada klaster yang benar maupun *predicted*. Nilai dari ARI berada diantara 0.0 sampai 1.0, semakin mirip klasternya maka nilai ARI akan mendekati 1.0. Adapun syarat untuk menggunakan ARI yaitu memerlukan file *groundtruth* yang merupakan file referensi serta file *predicted* yang merupakan file yang akan dievaluasi [17].

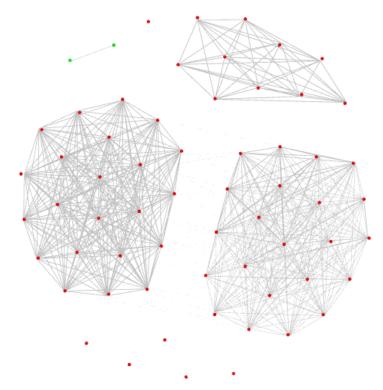
$$RI = \frac{a+b}{C_2^{n_{samples}}} \tag{2.1}$$

JIka C adalah *class* dari *groundtruth* dan K adalah klasternya. Maka nilai dari a adalah jumlah dari elemen yang sama pada set C dan set K. Sedangkan, nilai dari b adalah jumlah dari elemen yang berbeda pada set C dan set K. Dan nilai dari $C_2^{n_{samples}}$ adalah total dari pasangan yang mungkin dalam dataset tanpa mengurutkan dataset. Namun, rumus 2.1 tidak menjamin nilai dari RI mendekati nol jika ditentukan dataset yang acak, misalkan jika jumlah cluster dalam suatu urutan sama dengan nilai pada sampel. Oleh karena itu, digunakan nilai *expected* RI atau E[RI] yang berguna untuk menangani dataset yang acak dengan dilakukan penyesuaian RI atau disebut dengan *adjusted rand index* seperti rumus 2.2.

$$ARI = \frac{RI - E[RI]}{\max(RI) - E[RI]}$$
 (2.2)

2.16 Visualisasi dengan Gephi

Gephi adalah paket perangkat lunak untuk visualisasi dan analisis jaringan. Gephi merupakan perangkat lunak yang bersifat open-source. Dalam penggunaannya gephi dapat membuat visualisasi graf dengan streaming jalannya code atau dengan mengimport file graf. Gephi juga dapat melakukan import data dari jejaring sosial seperti Facebook dan Twitter lalu mengklaster dan membuat grafnya [18]. Contoh dari hasil visualialisasi pada Gephi dapat dilihat pada Gambar 2.6.



Gambar 2.6 Contoh Visualisasi pada Gephi

BAB III PERANCANGAN PERANGKAT LUNAK

Bab ini membahas mengenai perancangan dan pembuatan sistem perangkat lunak. Sistem perangkat lunak yang dibuat pada tugas akhir ini adalah klasterisasi graf pada log autentikasi dengan algoritma *molecular complex detection*.

3.1 Data

Pada sub bab ini akan dijelaskan mengenai data yang digunakan sebagai masukan perangkat lunak untuk selanjutnya diolah dan dilakukan pengujian sehingga menghasilkan data keluaran yang diharapkan.

3.1.1 Data Masukan

Data masukan adalah data yang digunakan sebagai masukan awal dari sistem. Data yang digunakan dalam perangkat lunak klasterisasi graf pada log autentikasi terdiri dari dua buah dataset. Penulis membagi tiap dataset sebagai data masukan untuk training data dan testing data. Dataset pertama adalah dataset Hofstede2014 yang berjumlah 61 data, serta dibagi menjadi 41 data untuk training dan 20 data untuk testing. Dataset yang kedua adalah dataset SecRepo yang berjumlah 32 data serta dibagi menjadi 20 data untuk training dan 12 data untuk testing.

Contoh log sebagai data masukan ditunjukkan pada Gambar 3.1.

```
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: Accepted publickey for XXXXX from 161.166.232.12 port 33045 ssh2  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23346]: Received disconnect from 161.166.232.12: 11: disconnected by user  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.16 sshd[23356]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:02 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10361]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: accepted publickey for XXXXX from 161.166.232.12; port 46929 ssh2  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10372]: pam_unix(sshd:session): session opened for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10378]: accepted publickey for XXXXX from 161.166.232.12; port 46931 ssh2  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10378]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX by (uid=0)  
Dec 1 00:02:03 161.166.232.14 sshd[10378]: accepted publickey f
```

Gambar 3.1 Contoh dataset log sebagai data masukan

3.1.2 Data Keluaran

Data masukan akan diproses dengan menggunakan metode *preprocessing* dan *molecular complex detection*. Hasil dari proses pengklasteran tersebut akan divisualisasikan, disimpan dalam beberapa file yang nantinya akan digunakan untuk evaluasi dari algoritma *molecular complex detection*, serta disimpan dalam bentuk ringkasan ke dalam sebuah file.

3.2 Desain Umum Sistem

Rancangan perangkat lunak untuk klasterisasi graf pada log autentikasi menggunakan algoritma molecular complex detection dimulai dengan proses preprocessing pada log autentikasi. Setelah dilakukan proses preprocessing log autentikasi, maka akan dilakukan proses graph modelling atau tahap permbuatan graf. Setelah graf berhasil dibuat, maka graf tersebut akan diklaster dengan algoritma molecular complex detection. Kemudian akan dihitung nilai adjusted rand index (ARI) untuk proses evaluasi nantinya. Lalu penulis akan memvisualisasikan hasil dari klasterisasi tersebut ke Gephi. Diagram alir proses ini dapat dilihat dalam Gambar 3.2.

Proses awal yaitu *preprocessing*, sangat diperlukan dalam mempercepat proses klaster dan membuat hasil dari klaster menjadi lebih akurat. Perlu diketahui bahwa data log yang digunakan tidak diubah oleh penyerang. Proses *preprocessing* ini berguna untuk menghilangkan bagian-bagian dari log yang tidak diperlukan, misalkan pada klasterisasi ini penulis hanya fokus pada isi dari log, sehingga bagian *date time* tidak perlu diperhatikan. Perlu diketahui bahwa penulis tidak menghilangkan bagian dari log, melainkan hanya mengabaikan bagian log yang tidak diperlukan pada proses klaster. Diagram alir dari tahap *preprocessing* dapat dilihat pada Gambar 3.3.

Setelah tahap *preprocessing* selesai dilakukan, maka proses selanjutnya adalah proses pembuatan graf. Graf yang akan dibuat mempunyai beberapa bagian, yaitu node, edge dan weight. Pada tahap pembuatan node, jika ada data log yang sama, maka akan dijadikan satu node. Untuk pembuatan edge, dilihat dari *string similarity* (kesamaan string) dari dua buah node yang berbeda. Jika ada sedikit kesamaan, maka edge akan dibuat antar node tersebut. Untuk mencocokan kesamaan antar dua buah *string* tersebut, digunakan nilai *levenshtein distance* yang dimodifikasi.

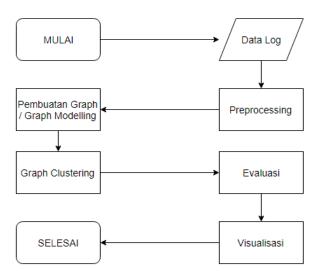
Setelah mendapatkan nilai dari *levenshtein distance*, maka nilai tersebut akan dibandingkan dengan *threshold* (batas) yang telah ditentukan, jika nilai *levenshtein distance* lebih besar dari *threshold*, maka *edge* akan dibuat antar dua node tersebut. Nilai *levenshtein distance* akan digunakan sebagai nilai *weight* dari edge tersebut. Diagram alir untuk proses pembuatan graf ini dapat dilihat pada Gambar 3.4.

Graf yang telah berhasil dibuat sebelumnya akan diklaster menggungkan algoritma molecular complex detection. Ada tiga tahap dari algoritma ini, yaitu vertex weighting, complex prediction dan post-processing. Namun, penulis hanya menggunakan tahap vertex weighting dan complex prediction pada tugas akhir ini karena tahap post-processing dapat menghilangkan node yang ada sedangkan penulis memerlukan semua node yang pernah dibuat untuk proses evaluasi nantinya.

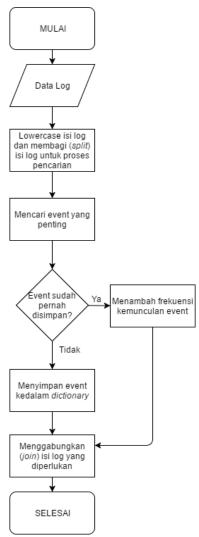
Diagram alir dari algoritma *molecular complex detection* dapat dilihat pada Gambar 3.5.

Pada tahap *vertex weighting*, tiap *vertex* yang ada akan diberikan *weight*. Nilai dari *weight* tergantung dari tetangga dari node tersebut. Pertama tahap ini akan memilih *node* yang akan diberikan weight, lalu mencari nilai *k-core* yang terbesar. Nilai *k-core* merupakan jumlah edge yang terhubung ke *node* yang dipilih sebelumnya. Kemudian menggunakan jumlah *edge* dan kemungkinan *edge*nya, dicari nilai kepadatan *core*nya. Nilai dari *weight*nya adalah nilai kepadatan *corenya* dikali dengan *k-core*.

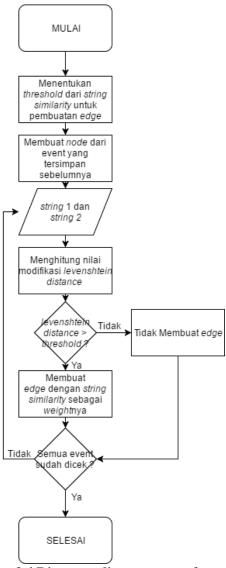
Pada tahap complex prediction, range klaster akan bertambah besar yang berawal dari seed keluar. Pertama penulis menentukan nilai cut off untuk menentukan threshold yang digunakan sebagai batas klaster. Nilai threshold inilah nantinya yang akan menentukan klaster-klaster dari suatu node. Jika nilai weight dari node tersebut lebih besar dari threshold maka node tersebut akan masuk ke dalam klaster yang ditentukan pada saat itu.



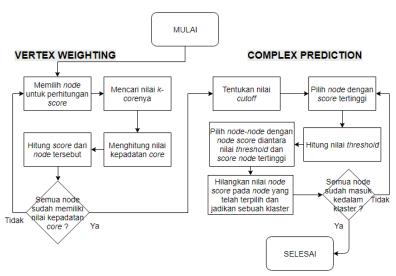
Gambar 3.2 Diagram alir pengerjaan tugas akhir



Gambar 3.3 Diagram alir proses preprocessing



Gambar 3.4 Diagram alir proses graph modelling



Gambar 3.5 Diagram alir algoritma molecular complex detection

3.3 Modifikasi Levenshtein Distance

Levenshtein distance merupakan salah satu metode yang digunakan untuk menentukan nilai dari jarak perubahan dari string pertama menjadi string kedua. Penulis memodifikasi nilai dari levenshtein distance menjadi bernilai dalam range 0 sampai 1. Semakin nilai dari modifikasi levenshtein distance mendekati 1, maka kedua string tersebut semakin mirip. Untuk mengubah nilainya penulis menggunakan rumus 3.1.

$$string_{similarity} = 1 - \frac{levenshtein_{distance}}{\max(len(str1), len(str2))}$$
 (3.1)

Untuk mencari *string similarity*, penulis membagi hasil dari *levenshtein distance* dengan panjang *string* yang terpanjang diantara dua *string* yang ada. Hasil pembagian tersebut

merupakan nilai antara 0 sampai 1, dimana nilai yang mendekati 1 maka kedua *string* tersebut akan semakin berbeda. Karena penulis menginginkan agar nilai yang mendekati 1 merupakan nilai yang menunjukan bahwa kedua *string* semakin mirip, maka penulis mengurangkan 1 dengan hasil tersebut untuk mendapatkan nilai *string similarity*.

Contohnya pada string "RONALDINHO" "ROLANDO". Awalnya nilai dari levenshtein distance merupakan nilai jumlah operasi untuk mengubah string pertama menjadi string kedua, yaitu 6 jumlah operasi pada string "RONALDINHO" dan "ROLANDO". Maka hasil bagi dari levenshtein distance dan panjang string terpanjang adalah 0.6, yang merupakan hasil dari 6 dibagi panjang string terpanjang, yaitu "RONALDINHO" (10 karakter). Sedangkan nilai dari string similarity dari kedua string tersebut adalah 0.4.

3.4 Molecular Complex Detection

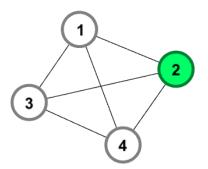
Molecular complex detection merupakan algoritma yang digunakan untuk klasterisasi graf pada data log autentikasi. Terdapat 3 tahap dalam algoritma molecular complex detection, yaitu vertex weighting, complex prediction dan post-processing. Namun, penulis hanya menggunakan tahap vertex weighting dan complex prediction dari algoritma molecular complex detection. Hal tersebut karena pada tahap post-processing, ada kemungkinan sebuah node akan dihilangkan, sehingga dapat menghambat proses evaluasi nantinya.

3.4.1 Vertex Weighting

Vertex weighting merupakan tahap pertama yang dilakukan untuk mengklasterisasi graf pada log autentikasi. Pada tahap ini, tiap node akan diberikan score yang nantinya akan digunakan untuk penentuan klaster. Adapun penentuan nilai score berdasarkan pada tetangga dalam jaringan lokal dari node

tersebut. Semakin banyak tetangganya, maka nilai dari *score*nya akan semakin besar.

Pertama-tama, *node* akan dipilih untuk diberikan *score*, misalkan ada *node* yang dipilih pada klaster seperti Gambar 3.6 adalah node 2. Lalu mencari nilai dari *k-core* terbesar, nilai *k-core* dapat dilihat dari jumlah edge pada *node* 2. Pada contoh klaster di Gambar 3.6, nilai *k-core*nya adalah 3.



Gambar 3.6 Pemilihan *node* dalam sebuah klaster

Setelah mendapatkan nilai *k-core*nya, maka tahap selanjutnya adalah menentukan nilai kepadatan *core*nya. Nilai kepadatan *core* dapat dicari dengan rumus 3.2.

$$CD = \frac{TE}{TPE} \tag{3.2}$$

Dimana CD adalah adalah *core density* (kepadatan *core*), TE adalah total *edge* dan TPE adalah total *possible edge* (edge yang mungkin). Total *edge* adalah jumlah dari *edge* yang ada pada klaster, pada Gambar 3.4 terlihat bahwa total *edge*nya adalah 6. Sedangkan, nilai TPE ditentukan dari jumlah *edge* yang terhubung dengan *node* yang dipilih ditambahkan dengan 1 dan dikuadratkan. Maka nilai TPE dari contoh pada Gambar 3.6 adalah 4², yaitu 16. Dari nilai tersebut diketahui bahwa nilai dari kepadatan *core* dari *node* pada Gambar 3.6 adalah 0,375.

Tahap selanjutnya adalah mencari *score* dari node yang dipilih, yaitu node 2. Nilai *score* merupakan nilai perkalian antara *k-core* dan kepadatan *core*, rumusnya dapat dilihat pada rumus 3.3. Pada contoh klaster pada Gambar 3.6 diketahaui bahwa nilai *k-core*nya adalah 3 dan nilai kepadatan *core*nya adalah 0,375. Maka, *score* dari *node* yang terpilih pada Gambar 3.6adalah 1,125. Proses ini akan diulang sampai seluruh *node* mendapatkan *score*.

$$Score = K_{core} x CD (3.3)$$

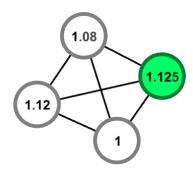
3.4.2 Complex Prediction

Complex prediction merupakan tahap lanjutan untuk mengklaster log autentikasi. Diperlukan inisialisasi nilai cutoff yang digunakan untuk menentukan threshold nantinya. Nilai cutoff ini merupakan nilai range dari sebuah klaster, misalkan nilai score dari sebuah node adalah 1 dan nilai cutoff 0.2, maka nilai thresholdnya adalah 0,8. Hal tersebut berarti node yang mempunyai nilai 0,8 sampai 1 merupakan satu klaster. Semakin besar nilai dari cutoff, maka semakin besar juga jangkauan klaster. Perhitungan tersebut merujuk pada rumus 3.6.

$$threshold = (1 - cutoff)x score_{node}$$
 (3.4)

Tahap pertama pada dari *complex prediction* adalah penentuan nilai *cutoff*, yang nantinya akan digunakan untuk menghitung nilai *threshold*, misalkan nilai *cutoff*nya adalah 0,1. Setelah menentukan nilai *cutoff*, maka akan dicari *node* yang memiliki nilai paling besar, untuk mempermudah penjelasan dapat dilihat contoh dari graf pada Gambar 3.7. Maka *node* yang terpilih pada pemilihan *node* dengan *score* terbesar adalah *node* dengan *score* 1,125. Setelah *node* terpilih, maka nilai *threshold*nya akan dihitung, karena nilai *cutoff*nya adalah 0,1 maka nilai *threshold*nya adalah 1.0125.

Selanjutnya node-node yang terhubung dengan node yang terpilih dan memiliki score diantara threshold dan score node yang terpilih akan menjadi satu klaster. Pada Gambar 3.7, node-node yang dijadikan sebuah klaster adalah node yang mempunyai nilai antara 1.0125 sampai 1,125. Node yang termasuk dalam satu klaster pada Gambar 3.7 adalah node dengan score 1.2 dan 1.125. Jika sebuah node sudah masuk ke sebuah klaster, maka nilai score dari node tersebut akan dihilangkan, hal tersebut berguna agar node tidak terpilih pada tahap pemilihan node dengan score terbesar. Proses ini diulang sampai seluruh node masuk ke dalam suatu klaster.



Gambar 3.7 Contoh graf dengan score pada node

(Halaman ini sengaja dikosongkan)

BAB IV IMPLEMENTASI

Bab ini berisi penjelasan mengenai implementasi dari perancangan yang sudah dilakukan pada bab sebelumnya. Implementasi berupa *Pseudocode* untuk membangun program.

4.1 Lingkungan Implementasi

Implementasi klasterisasi graf pada log autentikasi meggunakan algoritma *molecular complex detection* menggunakan spesifikasi perangkat keras dan perangkat lunak seperti yang ditunjukkan pada Tabel 4.1.

Tabel 4.1 Lingkungan Implementasi Perangkat Lunak

Perangkat	Jenis Perangkat	Spesifikasi					
Perangkat Keras	Prosesor	Intel(R) Core(TM) i5-2.6 GHz					
Keras	Memori	8 GB DDR3					
Danonalizat	Sistem Operasi	Windows 8.1					
Perangkat Lunak	Perangkat Pengembang	JetBrains PyCharm 2.7.4 da Gephi 0.9.1					

4.2 Implementasi

Pada sub bab implementasi ini menjelaskan mengenai pembangunan perangkat lunak secara detail dan menampilkan *Pseudocode* yang digunakan mulai tahap *preprocessing* hingga klasterisasi graf menggunakan algoritma *molecular complex detection*. Pada tugas akhir ini data yang digunakan, seperti yang telah dijelaskan di bab sebelumnya, yaitu terdiri dari dua jenis dataset. Dataset jenis pertama berjumlah 61 buah data log yang

terbagi menjadi 41 data log untuk *training* data dan 20 data log untuk *testing* data. Dataset jenis kedua berjumlah 32 yang terbagi menjadi 20 data log untuk *training* dan 12 data log untuk *testing*.

4.2.1 Preprocessing

Tahap pertama dari *preprocessing* adalah menginisialisasi dari variabel-variabel yang akan digunakan nantinya. Inisialisasi dilakukan dengan menyiapkan variabel-variabel *array* untuk menyimpan *event* dan *integer* untuk menghitung panjang dari lognya. Proses inisialisasi ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.1.

```
CLASS Preprocess (object):
2
        FUNCTION init (self, logfile):
3
              logfile <- logfile
4
              logs <- []
5
              loglength <- 0
6
              event list <- []
7
              event unique <- []
8
              word count <- {}
9
        ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.1 Kode inisialisasi variabel yang digunakan pada tahap preprocessing

Selanjutnya, data log yang ingin di*preprocessing* akan dibaca terlebih dahulu. Pertama-tama, file log akan dibaca perbaris, lalu data log dan panjang log akan disimpan kedalam sebuah variabel. Proses pembacaan data log ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.2.

```
1     FUNCTION __read_log(self):
2          f <- READ(logfile)
3          logs <- f.readlines()
4          loglength <- len(logs)
5     ENDFUNCTION</pre>
```

Pseudocode 4.2 Kode read log file dan menyimpan datanya ke variabel

Kemudian, data log sebelumnya akan diubah menjadi *lowercase* dan log akan dibagi berdasar *message* tiap log. Setelah itu, kata-kata yang tidak diperlukan akan dihilangkan. Proses penghilangan kata-kata yang tidak diperlukan ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.3.

```
1
    FUNCTION get event(self, doc, total docs, docs):
2
          logs lower
                                                        <-
3
    LOWERCASE (logs.SPLIT (message))
4
          doc <- SUB('[^a-zA-Z]','',doc)</pre>
          additional stopwords <- ['preauth', 'from',
          'xxxxx', 'for', 'port', 'sshd', 'ssh']
6
7
          FOR a in additional stopwords:
8
               doc <- doc.REPLACE(a,'')</pre>
9
          doc <- doc.REPLACE(' ','')</pre>
10
         doc <- ' '.JOIN(doc.SPLIT())</pre>
         stopwords
                            <-
                                       corpus.stopwords.
11
         words('english')
         stopwords result <- [w.LOWERCASE()]</pre>
         in doc.SPLIT() if w.LOWERCASE()
                                                        in
12
         stopwords]
13
         RETURN doc
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.3 Kode fungsi untuk menghilangkan kata yang tidak diperlukan

Tahap selanjutnya yaitu menyimpan hasil akhir dari penghilangan kata-kata yang tidak diperlukan ke sebuah variabel. Variabel-variabel tersebut berbentuk *array* untuk penyimpanan log dan *integer* untuk penyimpanan panjang log. Kode dari proses ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.4.

```
FUNCTION do preprocess(self):
2
         events list <- []
3
         events unique <- []
         index <- 0
4
5
         index log <- 0
6
         FOR 1 in logs lower:
7
               auth split <- l.SPLIT()</pre>
8
              event type,
                                   event desc
                                                      <-
              auth split[0].split('[')[0],
               '.join(auth split[1:])
              event <- event_type + ' ' + event desc</pre>
9
               events list.append(event)
10
              preprocessed event <- get event(event,
              logs total, logs lower)
              check events unique
                                                      <-
              [e[1]['preprocessed event'] FOR e
                                                      in
              events unique]
11
                      preprocessed event
              check_events_unique:
12
                     events unique.append([index,
                     {'event': event, 'status' : ''
                     'cluster' : index, 'frequency'
                        , 'member' : [index log]
                     'preprocessed event'
                     preprocessed event,
                                             'attack'
                     attack ] )
13
                     INCREMENT (index)
14
              ELSE :
1.5
                     FOR e in events unique:
16
                              preprocessed event
                         e[1]['preprocessed event']:
17
                             member <- e[1]['member']</pre>
18
                             member.append(index log)
19
                             e[1]['member'] <- member
20
                             e[1]['frequency']
                             INCREMENT (
                             e[1]['frequency'])
21
               index log = index log + 1
22
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.4 Kode untuk menyimpan data log ke variabel

4.2.2 Graph Modelling

Tahap pertama dari proses *graph modelling* adalah inisialisasi dari variabel-variabel yang digunakan untuk pembuatan graf. Adapun variabel yang akan dilakukan inisialisasi berupa variabel yang berbentuk *list* yang digunakan untuk penyimpanan data *edge, weight,* dan *events* dari log, variabel graf yang digunakan untuk pembuatan graf serta variabel *integer* sebagai batas untuk nilai *string similarity* yang nantinya digunakan. *Pseudocode* dari proses ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.5.

```
CLASS CreateGraph(object):

FUNCTION __init__(self, events_unique, string_similarity_threshold):

G <- nx.MultiGraph()
edges_dict <- {}
edges_weight <- []
ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.5 Kode inisialisasi variabel pada proses Graph Modelling

Variabel *g* merupakan sebuah variabel dari *library NetworkX* yang nantinya digunakan untuk pembuatan graf.

4.2.2.1 Modifikasi Levenshtein Distance

Pertama-tama, masing-masing string akan dibagi menurut kata-katanya. Tiap kata dari suatu string akan disimpan ke sebuah variabel array. Lalu dilakukan pengecekan untuk meminimalisir perhitungan jika ada kondisi yang terpenuhi sesuai yang telah ditentukan. Kemudian dilakukan inisialisasi variabel untuk penyimpanan nilai Levenshtein Distance. Kemudian nilai pengecekan pada setiap kata-kata yang ada pada string pertama dan string kedua. Perlu diketahui bahwa nilai dari Levenshtein Distance yang digunakan merupakan perbandingan kata-kata antar dua string, bukan perbandingan huruf pada dua string.

Adapun nilai *cost* antar dua buah kata-kata bernilai 1 jika kata tersebut berbeda dan 0 jika kata tersebut sama. Setelah seluruh kata-kata dari seluruh *string* dicek, maka akan dihitung nilai akhir dari *Levenshtein Distance*, yaitu dengan cara membulatkan nilai dari *Levenshtein Distance* yang telah dimodifikasi sejauh tiga desimal. Adapun perhitungan nilai *Levenshtein Distance* yang telah dimodifikasi yaitu dengan mengurangkan 1 dengan nilai *Levenshtein Distance* dan dibagi dengan panjang *string* terpanjang antara dua buah *string* yang dibandingkan. Proses ini dapat dilihat pada kode pada *Pseudocode* 4.6.

```
1
    FUNCTION levenshtein(string1, string2):
2
        word1 <- string1.SPLIT(" ")</pre>
3
        word2 <- string2.SPLIT(" ")</pre>
4
         IF string1 == string2 :
5
             RETURN 0
6
        ELIF LENGTH(string1) == 0:
7
             RETURN LENGTH (string2)
8
        ELIF LENGTH(string2) ==0:
9
             RETURN LENGTH(string1)
10
        v0 <- [NONE] * (LENGTH (word2) +1)
11
        v1 <- [NONE] * (LENGTH (word2) +1)
12
        FOR i IN RANGE (LENGTH (v0)):
13
             v0[i] <- i
14
        FOR i IN RANGE(LENGTH(word1)):
15
             v1[0] < -i+1
16
             FOR i IN RANGE(LENGTH(word2)):
17
                           0 IF word1[i] == word2[j]
                 cost <-
                 ELSE 1
18
                 v1[i+1]
                           <-
                               MIN(v1[j]+1, v0[j+1]+1,
                 v0[j]+cost)
19
             FOR \uparrow IN RANGE (LENGTH (\lor0)):
20
                 v0[j] <- v1[j]
21
                         ROUND (1-v1 [LENGTH (word2)]
                   <-
        MAX(LENGTH(word1), LENGTH(word2)),3)
22
        RETURN ret val
    ENDFUNCTION
23
```

Pseudocode 4.6 Kode untuk modifikasi algoritma levenshtein distance

4.2.2.2 Pembuatan Graf

Seperti yang kita ketahui, variabel *g* merupakan sebuah variabel dari *library NetworkX* yang digunakan untuk pembuatan graf. Maka dari itu, pembuatan node hanya dilakukan dengan memanggil fungsi yang telah disediakan oleh *Library NetworkX*. Proses tersebut dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.7.

```
1 FUNCTION __create_nodes(self):
2 g.add_nodes_from(events_unique)
3 ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.7 Kode untuk membuat node pada graf

Setelah pembuatan node berhasil, maka tahap selanjutnya adalah dengan membuat *edge* dari *node* yang telah dibuat sebelumnya. Pembuatan *edge* dilakukan dengan membandingkan nilai *threshold* dari *string similarity* antara dua buah *node*. Jika nilai dari *string similarity* antar dua buah *node* tersebut lebih besar dari *threshold* yang ditentukan, maka akan dibuatkan *edge* pada dua *node* tersebut. Adapun nilai *weight* dari *edge* yang dibuat meruapakan nilai dari *string similarity*-nya. Oleh karena penulis memerlukan nilai *string similarity*, maka penulis memanggil fungsi **levenshtein** yang telah dibuat sebelumnya pada *Pseudocode* 4.6. Kode dari pembuatan *edge* ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.8.

```
create edges(self):
    FUNCTION
        edges combination <- [eu[0]
2
                                           FOR
                                                 eu
                                                      IN
        events unique]
3
        edge index <- 0
        FOR ec IN COMBINATION (edges combination, 2):
4
5
             string1 <- g.node[ec[0]]['event']</pre>
6
             string2 <- g.node[ec[1]]['event]</pre>
7
             string similarity
                                                      <-
             levenshtein(string1, string2)
8
                          string similarity
            string_similarity_threshold:
9
                 g.add.edge(ec[0],ec[1],weight
                 string similarity)
10
                 edges weight.append((ec[0],ec[1],
                 string similarity))
                 edges dict[(ec[0],ec[1])]
11
                                                      <-
12
                 edge index
13
                 INCREMENT (edge index)
14
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.8 Kode untuk membuat edge pada graf

4.2.3 Molecular Complex Detection

Setelah berhasil melakukan pembuatan *node* dari dataset yang ada, maka tahap selanjutnya adalah melakukan klaster dari dataset dengan algoritma *molecular complex detection*. Awalnya penulis membuat inisialisasi variabel-variabel yang digunakan dalam proses klaster ini. Adapun penulis membuat sebuah *Class Zerodict* yang digunakan untuk inisialisasi *dictionary*, *Pseudocode* dari *Class Zerodict* dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.9.

```
1 CLASS zerodict(dict):
2 FUNCTION __missing__(self, k):
3 RETURN 0
4 ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.9 Kode untuk Class Zerodict

Ada beberapa variabel yang akan diinisialisasi oleh penulis, yaitu variabel *graph_real*, *graph*, *weight_threshold*,

edges dan add_empty. Variabel graph_real merupakan variabel yang meyimpan isi data dari graf yang asli, variabel graph berisi data graf yang berbentuk dictionary, weight_threshold berisi data integer yang merupakan nilai batas yang digunakan sebagai penentu klaster nantinya, edges merupakan variabel yang menyimpan data dari edge graf. Pseudocode dari inisialisasi variabel ini dapat dilihat pada Pseudocode 4.10.

```
1
    CLASS MCODE:
2
         FUNCTION
                                                edge dict,
                      init(self,
                                      graph,
         edges weight, weight threshold):
3
             graph real <- graph
4
             graph <- defaultdict(set)</pre>
5
             weight threshold <- 1-weight threshold
6
             edges <- defaultdict(zerodict)</pre>
7
             FOR item IN edge dict AND edges weight:
8
                  graph[item[0]].add(item[1])
9
                  graph[item[1]].add(item[0])
10
                  edges[item[0]][item[1]] <- item[2]</pre>
11
                  edges[item[1]][item[0]] <- item[2]</pre>
12
             addEmpty <- set([])</pre>
13
             FOR item IN graph real.node:
14
                  IF graph[item] == addEmpty:
1.5
                      graph[item].add(None)
16
         ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.10 Kode inisialisasi algoritma molecular complex detection

4.2.3.1 Vertex Weighting

Tahap kedua dari algoritma molecular complex detection adalah vertex weighting, pada tahap ini, penulis memberikan score pada node yang ada. Pertama-tama, nilai core density dari tiap node akan dihitung dengan cara membagi jumlah edges dari node yang terpilih dibagi dengan jumlah edges yang mungkin. Setelah itu, nilai dari k-core terbesar akan dicari, nilai ini digunakan untuk perhitungan nilai dari score node yang ada. Setelah mendapatkan nilai k-core terbesar, maka nilai dari score akan dihitung dengan mengalikan nilai k-core terbesar dengan

nilai *core density* pada tiap node. *Pseudocode* dari proses ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.11.

```
FUNCTION _get_vertex_weights(self):
1
2
        empty dict <- {}
3
        weights
                   <-
                        DICT((v,0)
                                      IF
                                           edges[v]
        empty dict
                                                     ELSE
        (v, SUM (edges[v].itervalues())
        LENGTH (edges[v])^2) FOR v IN graph)
4
5
        FOR v IN enumerate(graph):
6
             neighborhood <- set((v,)) | graph[v]</pre>
7
             k < - 2
8
             WHILE True:
9
                 invalid nodes <- True
10
                 WHILE
                              invalid nodes
                                                      AND
        neighborhood:
                     invalid nodes <- set(n FOR n IN
11
                      neighborhood IF
                                        LENGTH(graph[n]
12
                      AND neighborhood) < k)
13
                     neighborhood <-
                                        neighborhood
14
                      invalid nodes
15
                 IF NOT neighborhood:
                     BREAK
                 weights[v]
                                         MAX (weights[v],
                                 <-
                 k*SUM(edges[v][n]
                                         FOR
                                                n
                                                       IN
16
                 neighborhood)
17
                 LENGTH (neighborhood) ^2)
                 INCREMENT (k)
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.11 Kode program untuk mencari nilai weight pada node

4.2.3.2 Complex Prediction

Tahap selanjutnya dari algoritma *molecular complex detection* adalah *complex prediction*. Pertama-tama, penulis membuat sebuah fungsi untuk memberikan id pada *node*. Fungsi ini berfungsi untuk mempermudah proses klaster nantinya. *Pseudocode* dari fungsi ini dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.12.

Pseudocode 4.12 Kode untuk memberikan id pada tiap node

Selanjutnya, penulis menginisialisasi beberapa variabel yang digunakan. Variabel-variabel yang diinisialisasi itu adalah variabel *unvisited*, *num_cluster*, *clusters* dan *cluster_id*. Variabel *unvisited* digunakan untuk menyimpan *node* yang belum diklaster, *num_clusters* untuk menyimpan jumlah dari klaster, variabel *clusters* digunakan untuk menyimpan data dari klaster yang ada dan *cluster_id* digunakan untuk menyimpan nilai dari id pada klaster.

Setelah itu, penulis mengecek seluruh *node* lalu mengklasternya sesuai dengan batas yang telah ditentukan sebelumnya. Adapun penulis menambahkan beberapa variabel, yaitu variabel *frontier*, *seed* dan w. Variabel *frontier* berfungsi untuk menyimpan data *node* yang sedang diproses pada saat itu, variabel *seed* berisi seluruh data *node* beserta dengan *core density* dari *node* tersebut dan variabel w digunakan untuk menyimpan nilai *threshold* dari klaster.

Selanjutnya penulis mengecek *node* yang ada pada variabel *frontier* untuk diproses. Lalu *node* yang ada pada variabel *unvisited* yang berisi *node* pada variabel *frontier* akan dihapus dan klaster akan ditambahkan dengan *node* yang ada pada variabel *frontier*. Setelah itu, nilai *score* dari *node* pada variabel *frontier* akan dibandingkan dan *node* akan dimasukkan ke sebuah klaster jika nilai *score* dari *node* memenuhi. Kemudian penulis mengganti data *node* yang ada pada variabel *frontier* dengan data *node* yang baru pada variabel *unvisited*. Setelah itu, nilai dari *cluster_id* akan ditambahkan 1. Kemudian penulis memanggil fungsi *set label id* untuk memberikan id pada klaster.

Pseudocode dari proses diatas dapat dilihat pada Pseudocode 4.13.

```
1
    FUNCTION do mcode (self):
2
        unvisited <- set(graph)</pre>
3
        num clusters <- 0
4
        clusters <- {}
5
        cluster id <- 0
6
        FOR seed IN SORTED (weights, key=weights.get,
        reverse=True):
7
             IF seed NOT IN unvisited:
8
                 CONTINUE
9
             cluster <- set((seed,)), set((seed,))</pre>
10
             frontier <- set((seed,)), set((seed,))</pre>
11
             w <- weights[seed] * weight threshold
12
             WHILE frontier:
13
                 cluster.update(frontier)
14
                 unvisited <- unvisited - frontier
15
                 frontier
                             <-
                                   set (n
                                            FOR
                                                       IN
                 set.union(*(graph[n]
                                           FOR
                                                       IN
                 frontier))
                                 AND
                                       unvisited
                                                       ΙF
                 weights[n]>w)
16
             IF LENGTH(cluster) > 0:
                 clusters[cluster id]
                                                       <-
                 list(cluster)
17
                 INCREMENT(cluster id)
        set cluster id(graph real, clusters)
18
19
        RETURN clusters
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.13 Kode program untuk melakukan tahap complex prediction

4.2.4 Visualisasi dengan Gephi

Untuk melakukan visualisasi dengan *Gephi*, penulis membuat *Class* yang bernama *GephiStreaming*. Perlu diketahui nama dari *Workspace* pada *Gephi* haruslah *workspace0* karena pada *Class GephiStreaming* hanya menerima *workspace0*. Tahap pertama pada *Class GraphStreaming* adalah inisialisasi variabel yang nantinya akan digunakan. Adapun variabel-variabel yang diinisialisasi adalah *g, edges, sleep_time,* dan *gstream*. Variabel *g*

adalah variabel yang menyimpan graf yang telah terklaster. Variabel *edges* berfungsi untuk menyimpan nilai *edge* dari graf yang telah terklaster. Variabel *sleep_time* berfungsi untuk menyimpan nilai *delay* yang digunakan pada saat *streaming* node. Variabel *gstream* merupakan sebuah variabel yang menyimpan *GephiClient*. *GephiClient* adalah protokol dan *plugin* yang diperlukan agar dapat mengkoneksikan *Python* dan *Gephi. Pseudocode* dari inisialisasi variabel tersebut dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.14.

```
CLASS GraphStreaming(object):
2
        FUNCTION init (self, graph clusters, edges,
        sleep time=10):
3
            g <- graph clusters
            edges <- edges
4
5
            sleep time <- sleep time
                                          GephiClient('
            http://localhost:8080/workspace0
            autoflush=True)
7
            gstream.clean()
8
        ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.14 Kode program untuk inisialisasi variabel yang digunakan untuk streaming pada Gephi

Selanjutnya, penulis memvisualisasikan tiap-tiap *node* dan *edge* pada *Gephi*. Pertama-tama, penulis menginisialisasi variabel *x,y,z* yang menunjukkan koordinat dari *node* yang ingin ditampilkan pada *Gephi*, serta variabel *r,g,b* yang berfungsi untuk mewarnai *node* ketika ditampilkan pada *Gephi*. Setelah itu, penulis melakukan iterasi pada graf yang ada dan mengecek tiap *node* serta menampilkan *node* tersebut. Adapun penentuan koordinat dari *node* yaitu dengan cara acak. Setelah koordinat dari *node* sudah dihitung, maka akan dilakukan pengecekan pada *node*, jika *node* tersebut merupakan serangan, maka variabel *r,g*, dan *b* akan berisi 1,0, dan 0, jika bukan serangan maka nilainya menjai 0,1 dan 0. Nilai tersebut merupakan nilai pada RGB dengan dibagi 255. Maka nilai RGB pada variabel *r,g*, dan *b* jika

terjadi serangan adalah 255, 0 dan 0 yang mengindikasikan warna merah, serta 0,255 dan 0 yang mengindikasikan warna hijau jika tidak terjadi serangan. Setelah itu, *node* akan ditampilkan pada *Gephi* serta nilai dari variabel *x,y* dan *z* yang merupakan koordinat dari *node* akan diubah menjadi 0 agar tidak mengganggu proses selanjutnya. Tahap tersebut akan terus diulang sampai seluruh *node* yang ada berhasil ditampilkan pada *Gephi*. Setelah itu, *edge* akan ditampilkan pada *Gephi* dengan *weight* yang telah ditentukan seperti sebelumnya. *Pseudocode*nya dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.15.

```
FUNCTION gephi streaming(self):
2
        PRINT 'streaming node ...'
3
        x <- 0
        y <- 0
4
5
        z < - 0
6
        r <- {}
7
        a < - {}
8
        b < - \{ \}
9
        temp node <- 0
10
        FOR node IN q.nodes iter(data=TRUE):
11
             x < -x + RANDOM(-100, 100)
12
             y < -y + RANDOM(-100, 100)
13
             z < -z + RANDOM(-100, 100)
14
             temp node <- node[0]</pre>
15
             IF node[1]['attack'] == 1:
16
                 r[temp node] <- 1
17
                 g[temp node] <- 0
18
                 b[temp node] <- 0
19
            ELSE :
20
                 r[temp node] <- 0
21
                 q[temp node] <- 1
22
                 b[temp node] <- 0
23
             node attributes <- { 'size': 10,</pre>
             r[temp node], 'q': q[temp node],
             b[temp node], 'x' : x , 'y' : y ,
             'label' : node[1]['preprocessed event'],
             'frequency' : node[1]['frequency'],
             'cluster':
                                    node[1]['cluster'],
             'attack':node[1]['attack']}
24
             gstream.add node(node[0],
             **node attributes)
            x <- 0
25
            y <- 0
26
27
             z < -0
28
        PRINT 'streaming edge ...'
29
        edges only <- edges keys()
30
        FOR e IN edges only:
31
             TRY:
32
                 weight <- g[e[0]][e[1]]
33
                 edges index <- edges[(e[0],e[1])]</pre>
34
             EXCEPT KeyError:
                 weight <- g[e[1]][e[0]]
35
36
                 edges index <- edges[(e[1],e[0])]</pre>
```

```
node_attributes <- { \r':192/225 , 'g':192/225 , 'b':192/225 }

gsteam.add_edge(edge_index, e[0], e[1], weight=weight[0][\weight'], directed=FALSE, **node_attributes)

ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.15 Kode program untuk melakukan streaming pada Gephi

Setelah berhasil menampilkan *node* dan *edge* pada *Gephi*, penulis menghapus beberapa *edge* yang menghubungkan *node* dengan klaster yang berbeda. Pertama-tama, penulis mengirimkan nilai *edge* yang menghubungkan *node* yang berbeda klaster, kemudian menghapusnya dengan fungsi *delete_edge* yang telah disediakan. Adapun ada kemungkinan data *edge* yang dikirim penulis tidak berurutan, maka penulis harus mengecek kemungkinan adanya *error* dan mencoba menyelesaikan *error* tersebut dengan membalikkan urutan dari data *edge* yang dikirim penulis sebelumnya. *Pseudocode* dari proses tersebut dapat dilihat pada *Pseudocode* 4.16.

```
init (self, removed edges):
1
2
        FOR removed edge IN removed edges:
3
            TRY:
4
                 gstream.delete edge(edges[
                (removed edge[0], removed edge[1]))
5
            EXCEPT KeyError:
6
                 gstream.delete edge(edges[
                (removed edge[1], removed edge[0])])
7
    ENDFUNCTION
8
```

Pseudocode 4.16 Kode program untuk menghilangkan edge diantara node yang berbeda cluster

4.2.5 Perhitungan nilai adjusted rand index (ARI)

Penulis menggunakan dua buah fungsi untuk menghitung nilai ARI. Fungsi pertama adalah *get_evaluated*, yaitu fungsi

yang bertujuan untuk membagi log menjadi beberapa bagian untuk mempermudah perhitungan dari ARI serta fungis get_adjusted_rand yang berfungsi untuk menghitung nilai ARI-nya. Pada fungsi get_evaluated, penulis membaca tiap line dari log kemudian membagi-bagi line tersebut dan menyimpannya pada variabel evaluation_labels. Variabel evaluation_labels inilah yang akan digunakan untuk perhitungan ARI. Pseudocodenya dapat dilihat pada Pseudocode 4.17.

```
FUNCTION get_evaluated(evaluated_file):

OPEN evaluated_file AS ef

evaluations <- READLINES(ef)

evaluation_labels
[evaluation.SPLIT(';')[0] FOR evaluation IN evaluations]

RETURN evaluation_labels

ENDFUNCTION</pre>
```

Pseudocode 4.17 Kode program untuk mengevaluasi file log

Pada fungsi get adjusted rand, terdapat tiga buah vaitu standard labels. prediction labels variabel. adjusted rand index. Variabel standard labels merupakan variabel yang berfungsi untuk menyimpan nilai variabel evaluation_labels pada log yang telah terklaster, sedangkan variabel prediction labels berfungsi untuk menyimpan nilai variabel evaluation_labels pada log yang merupakan hasil yang diharapkan dari proses klaster. Kemudian variabel adjusted rand index merupakan nilai dari ARI antara standard labels dan prediction labels. Adapun perhitungan dari nilai ARI menggunakan fungsi yang telah disediakan oleh sklearn, vaitu fungsi adjusted rand score pada Class metric. Pseudocode dari proses tersebut dapat dilihat pada Pseudocode 4.18.

```
get adjusted rand(standard file,
    FUNCTION
    prediction_file):
2
        standard labels
        get evaluated(standard file)
        prediction labels
3
        get_evaluated(prediction_file)
        adjusted rand index
4
        metric.adjusted rand score(standard labels,
        prediction labels)
        RETURN adjusted rand index
5
6
    ENDFUNCTION
```

Pseudocode 4.18 Kode program untuk menghitung nilai adjusted rand index

BAB V HASIL UJI COBA DAN EVALUASI

Bab ini berisi penjelasan mengenai skenario uji coba dan evaluasi pada klasterisasi graf untuk data log autentikasi dalam dataset log. Hasil uji coba didapatkan dari implementasi pada bab 4 dengan skenario yang berbeda. Bab ini berisikan pembahasan mengenai lingkungan pengujian, data pengujian, dan uji kinerja.

5.1 Lingkungan Pengujian

Lingkungan pengujian pada uji coba permasalahan klasterisasi graf untuk log autentikas dengan algoritma *molecular complex detection* menggunakan spesifikasi keras dan perangkat lunak seperti yang ditunjukkan pada Tabel 5.1.

Tabel 5.1 Spesifikasi Lingkungan Pengujian

Perangkat	Jenis Perangkat	Spesifikasi
Perangkat Keras	Prosesor	Intel(R) Core(TM) i5-2.6 GHz
Keras	Memori	8 GB DDR3
Danasalasi	Sistem Operasi	Windows 8.1
Perangkat Lunak	Perangkat Pengembang	JetBrains PyCharm 2.7.4 dan Gephi 0.9.1

5.2 Data Pengujian

Subbab ini menjelaskan mengenai data yang digunakan pada uji coba. Seperti yang telah dijelaskan sebelumnya, terdapat dua buah dataset yang terbagi menjadi 61 data log *Hofstede2014* dan 32 data log *SecRepo*. Data tersebut kemudian diolah pada tahap *preprocessing* sehingga menghasilkan data log yang

memiliki kata-kata yang hanya diperlukan dari log sebelumnya. Kemudian, kata-kata yang penting hasil dari proses preprocessing akan digunakan untuk mencari nilai string similarity dari log tersebut dan nilai string similarity ini akan digunakan sebagai pembanding nilai batas dari pembuatan graf. Pada pembuatan graf, akan terdapat node dan edge yang dibuat, yang kemudian akan digunakan sebagai data masukan untuk klasterisasi dengan algoritma molecular complex detection. Selain digunakan sebagai data masukan untuk klasterisasi, node dan edge tersebut juga digunakan sebagai data masukan untuk visualisasi pada Gephi. Adapun hasil dari klasterisasi dengan algoritma molecular complex detection adalah sebuah klaster yang berisi sebuah log berada pada klaster apa. Proses-proses ini disajikan dalam diagram alir pada Gambar 5.10Error! Reference source not found.

5.3 Skenario Uji Coba

Sebelum melakukan uji coba, perlu ditentukan skenario yang akan digunakan dalam uji coba. Melalui skenario ini, perangkat akan diuji apakah sudah berjalan dengan benar dan bagaimana performa pada masing-masing skenario. Skenario pengujian dibagi menjadi dua bagian, yaitu uji fungsionalitas dan uji performa.

5.3.1 Skenario Uji Fungsionalitas

Pengujian ini didasarkan pada fungsionalitas yang disajikan sistem. Pengujian dilakukan dengan menjalankan fungsi-fungsi yang terdapat pada sistem. Adapun pengujian-pengujian gunsi yang akan diuji coba yaitu:

- Pengujian fungsi pada proses preprocessing dapat berjalan
- Pengujian fungsi pada proses pembuatan graf dapat berjalan

- Pengujian fungsi-fungsi pada algoritma *molecular* complex detection dapat berjalan
- Pengujian fungsi untuk menghitung adjusted rand index
- Pengujian fungsi untuk melihat *running time* dari fungsi-fungsi sistem
- Pengujian untuk visualisasi pada Gephi

5.3.1.1 Uji Coba Fungsi pada Preprocessing

Uji coba fungsi *preprocessing* akan dilakukan dengan menjalankan fungsi *preprocessing*. Cara pengujiannya yaitu dengan diberikan file log yang akan di*preprocessing*, contoh dari log tersebut terdapat pada Gambar 5.1. Log tersebut akan diinput kedalam fungsi *preprocessing* kemudian fungsi tersebut dijalankan dan output dari fungsi tersebut akan disimpan kedalam sebuah file. Pengujian dinyatakan berhasil jika hasil dari fungsi *preprocessing* sesuai dengan format dari fungsi *preprocessing*.

- 1 Dec 3 00:02:02 161.166.232.16 sshd[31292]: Accepted publickey for XXXXX from 161.166.232.12 port 36382 ssh2
- 2 Dec 3 00:02:02 161.166.232.16 sshd[31292]: pam_unix(sshd:session): session closed for user XXXXX

Gambar 5.1 Log yang digunakan untuk pengujian fungsi preprocessing

Setelah fungsi *preprocessing* dijalankan, terdapat *output* seperti pada Gambar 5.2. *Output* dari fungsi *preprocessing* sudah sesuai dengan format yang diatur pada fungsi *preprocessing*, maka dapat dikatakan bahwa pengujian fungsional fungsi *preprocessing* sudah berhasil.

uid=0)'}]

2 [1, {'status': '', 'end': 'Dec 3 02:53:48', 'start': 'Dec 3 00:05:30', 'attack': 1,
 'member': [41, 53, 96, 109, 116, 139, 161, 166, 178, 190, 195, 197, 198, 203, 206,
 226, 229, 242, 272, 277, 287, 291, 308, 311, 326, 347, 385, 404, 413, 455, 462, 465,
 480, 488, 489, 491, 506, 522, 526, 539, 575, 583, 584, 585, 593, 594, 601, 603, 605,
 661, 671, 672, 679, 700, 720, 739, 746, 755, 767, 768, 769, 770, 782, 787, 794, 803,
 813, 820, 824, 851, 852, 872, 912, 958, 965, 966, 975, 996, 1003, 1005, 1008, 1026,
 1045, 1047, 1075, 1088, 1137, 1141, 1162, 1175, 1181, 1186, 1208, 1221, 1231, 1244,
 1246, 1250, 1261, 1271, 1286, 1288, 1299, 1310, 1333, 1433, 1438, 1459, 1485],
 'cluster': 1, 'preprocessed_event': 'fatal read socket failed connection reset by
 peer', 'frequency': 109, 'event': 'fatal: read from socket failed: connection reset by
 peer [preauth]'}]
3 [2, {'status': '', 'end': 'Dec 3 23:17:01', 'start': 'Dec 3 00:17:01', 'attack': 0,
 'member': [126, 591, 1070, 1583, 1627, 1632, 1639, 1641, 1644, 1649, 1651, 1663, 1668,
 1692, 1717, 1722, 1877, 1902, 1962, 1981, 1992, 2004, 2013, 2015, 2028], 'cluster': 2,
 'preprocessed event': 'pam unix cron session session opened user root by uid',

Gambar 5.2 Hasil data log setelah fungsi *preprocessing* dijalankan

'frequency': 25, 'event': 'pam unix(cron:session): session opened for user root by (

5.3.1.2 Uji Coba Fungsi pada Pembuatan Graf

Uji coba pembuatan graf, akan deilakukan dengan menjalankan fungsi pembuatan graf, yaitu fungsi *CreateGraph*. Cara pengujiannya yaitu dengan menjalankan Fungsi *CreateGraph* pada log yang telah melalui *preprocessing*. Uji coba akan dikatakan berhasil jika *node* dan *edge* beserta *weight* dari *edge* bisa dibuat. Adapun *node* dan *edges* yang berhasil dibuat ditampilkan di *Data Laboratory* yang merupakan sebuah fitur untuk melihat *node* dan *edge* dari graf pada *Gephi*.

Penulis menggunakan log hasil *preprocessing* pada Gambar 5.2. Kemudian penulis akan menjalankan Fungsi *CreateGraph* serta menampilkan graf tersebut pada *Gephi*. Pada Gambar 5.3, terlihat bahwa terdapat *node* yang berhasil dibuat. Terdapat beberapa atribut pada pembuatan *node* tersebut, yaitu *id*, *label*, *cluster*, *frequency* dan *attack*. Atribut *id* menunjukkan *id* dari *node* yang telah dibuat, *label* menunjukkan label dari *node*, *cluster* menunjukkan *node* tersebut berada pada klaster apa, *frequency* menunjukkan banyak *node* yang sama pada log dan

attack mengartikan node tersebut merupakan sebuah serangan atau bukan.

Id	Label	 duster	preprocessed_event	frequency	attack
0	received disconnect bye bye	6		1575	1
1	fatal read socket failed connection reset by peer	2		109	1
2	pam unix cron session session opened user root by uid	3		25	0
3	pam unix cron session session dosed user root	3		25	0

Gambar 5.3 *Node* yang berhasil dibuat pada proses pembuatan graf

Pada Gambar 5.4 terlihat bahwa terdapat *edge* yang berhasil dibuat. Terdapat beberapa atribut yang dibuat pada oleh fungsi *CreateGraph*, yaitu *source*, *target*, *id* dan *weight*. Atribut *source* merupakan *node* asal dari *edge* tersebut, isi dari atribut *source* adalah id dari *node* dan label dari *node* awal. Atribut *target* merupakan *node* tujuan dari *edge* tersebut, isinya sama dengan atribut *source*, yaitu id dan label dari *node* tujuan. Atribut *id* berisi id dari *edge* yang menghubungkan *source* dan *target node*. Atribut *weight* berisi *weight* dari *edge* tersebut. Karena fungsi *CreateGraph* berhasil membuat *node* dan *edge* maka dapat dikatakan bahwa uji coba dari pembuatan graf sudah berhasil.

Source	Target	 . Id	 Weight
22 - invalid user git	57 - invalid user oracle	 352	0.6
29 - input userauth request invalid user ibm	50 - input userauth request invalid user zab	 472	0.8
23 - input userauth request invalid user git	60 - input userauth request invalid user cron	 372	0.8
6 - invalid user admin	28 - invalid user ibmuser	 19	0.6

Gambar 5.4 *Edge* yang berhasil dibuat pada proses pembuatan graf

5.3.1.3 Uji Coba Algoritma MCODE

Uji coba algoritma *molecular complex detection* dilakukan dengan menjalankan algoritma *molecular complex detection* pada log yang telah melalui tahap *preprocessing* dan pembuatan graf. Log tersebut akan diklaster oleh algoritma

molecular complex detection kemudian hasil dari pengklasteran tersebut akan ditampilkan ke sebuah file. Acuan keberhasilan dari algortima molecular complex detection dapat dilihat pada file log yang telah dikelompokkan dalam klaster-klaster. Pada Gambar 5.5, terlihat bahwa log masih acak dan belum masuk pada sebuah klaster.

- 1 17; session opened; Dec 7 00:17:01 ip-172-31-27-153 CRON[29430]: pam_unix(cron:session): session opened for user root by (uid=0)
- 2 17; session opened; Dec 7 00:17:01 ip-172-31-27-153 CRON[29430]: pam unix(cron:session): session closed for user root
- 3 9; invalid user; Dec 7 00:20:45 ip-172-31-27-153 sshd[29444]:
 Invalid user admin from 115.29.39.238
- 4 9; invalid user; Dec 7 00:20:45 ip-172-31-27-153 sshd[29444]: input_userauth_request: invalid user admin [preauth]

Gambar 5.5 Log yang belum terklaster

Hasil dari log pada Gambar 5.5 setelah algoritma *molecular complex detection* dijalankan dapat dilihat pada Gambar 5.6. Terlihat pada baris 1 sampai 4 pada Gambar 5.5 ada yang berbeda, hal tersebut menandakan bahwa log pada Gambar 5.5 belum terklaster. Sedangkan, pada Gambar 5.6 terlihat pada baris 2 sampai 4 log tersebut sama dan pada baris 1 mengartikan nomor klaster. Maka, dapat dikatakan uji coba pada algoritma *molecular complex detection* sudah berhasil.

- 1 Cluster #0
- 2 Dec 7 00:20:45 ip-172-31-27-153 sshd[29444]: Invalid user admin from 115.29.39.238
- 3 Dec 7 02:24:40 ip-172-31-27-153 sshd[29535]: Invalid user admin from 122.225.103.121
- 4 Dec 7 03:49:45 ip-172-31-27-153 sshd[29634]: Invalid user admin from 183.82.1.229

Gambar 5.6 Log yang sudah terklaster

5.3.1.4 Uji Coba Fungsi Perhitungan ARI

Uji coba fungsi perhitungan *adjusted rand index* dilakukan dengan membandingkan dua buah log, yaitu log *groundtruth* yang merupakan hasil yang diharapkan setelah proses klasterisasi dan log hasil dari klasterisasi. Kedua file tersebut akan dibandingkan, semakin sama kedua log tersebut, maka nilai *adjusted rand index* akan semakin mendekati 1, jika semakin berbeda, maka nilai *adjusted rand index* kedua file tersebut akan semakin mendekati 0. Acuan yang digunakan penulis untuk uji coba perhitungan nilai *adjusted rand index* yaitu berhasilnya mendapatkan nilai *adjusted rand index* dari dua buah log. Terlihat pada Gambar 5.7 bahwa nilai *adjusted rand index* berhasil didapatkan, maka dapat dikatakan bahwa uji coba fungsi perhitungan nilai *adjusted rand index* sudah berhasil.

ARI : 0.999209104681

Runtime : 1.30000019073 seconds

Process finished with exit code 0

Gambar 5.7 Nilai adjusted rand index pada log

5.3.1.5 Uji Coba Fungsi Perhitungan Running Time

Perhitungan *running time* dilakukan dengan menggunakan *Library Profiling* pada Python. Program yang dijalankan untuk melihat statistiknya yaitu program untuk *preprocess* log, pembuatan graf, klasterisasi, perhitungan ARI serta visualisasi pada graf. Adapun *Library Profiling* yang digunakan penulis adalah *cProfile*. Statistik dari penjalanan program tersebut dengan *cProfile* dapat dilihat pada Gambar 5.8.

6692454 function calls (6685117 primitive calls) in 19.127 seconds

Ordered by: cumulative time, file name

```
ncalls tottime percall cumtime percall filename:lineno(function)
    1
        0.000 0.000 19.127 19.127 pygraphc:12(main)
    1
         0.000
               0.000 11.595 11.595 pygraphc:90(graph_streaming)
    1
         0.084
               0.084 11.549 11.549 GraphStreaming.py:50(gephi_streaming)
               0.000 11.227 0.003 client.py:54(flush)
0.000 11.201 0.003 client.py:96(_send)
0.000 11.052 0.003 client.py:76(add_edge)
 3624
         0.034
 3625
         0.021
 3492
         0.038
         0.023 0.000 10.523
                                0.003 urllib2.py:131(urlopen)
 3625
         0.065 0.000 10.499 0.003 urllib2.py:411(open)
 3625
 3625
        0.035 0.000 9.966 0.003 urllib2.py:439(_open)
        0.020 0.000 9.929 0.001 urllib2.pv:399( call chain)
 3625
        0.024 0.000 9.905 0.003 urllib2.py:1227(http open)
 3625
        0.166 0.000 9.881 0.003 urllib2.py:1152(do_open)
 3625
        0.059 0.000 6.530 0.002 httplib.py:1099(getresponse)
 3625
        0.084 0.000 6.354 0.002 httplib.py:446(begin)
25375
        0.188 0.000 5.650
                                  0.000 socket.py:410(readline)
                0.000 5.529
0.000 5.303
         0.073
                                  0.002 httplib.py:407(_read_status)
                          5.393
        5.393
                                  0.000 {method 'recv' of '_socket.socket' objects}
10874
                 0.674
                          3.329
         0.674
   1
                                  3.329 Preprocess.py:73(do_preprocess)
         0.012 0.000 3.031
 3625
                                  0.001 httplib.py:1055(request)
```

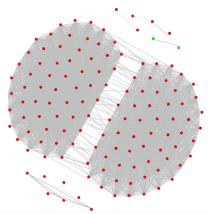
Gambar 5.8 Statistik *running* program pygraphc dengan *cProfile*

Dari data statistik diatas, dapat dilihat bahwa program *pygraphc* berjalan selama 19,127 detik, dimana 11,595 detik terdapat fungsi yang berjalan, yaitu fungsi *graph_streaming*. Data statistik ini sudah mencangkup subfungsi terdalam dari sebuah fungsi, sehingga dapat dikatakan bahwa statistik dari *cProfile* sudah lumayan lengkap.

5.3.1.6 Uji Coba Visualisasi pada Gephi

Graf yang berhasil dibuat selanjutnya akan divisualisasikan di Gephi. Adapun visualisasi *node* nantinya berupa dua buah warna, yaitu *node* dengan warna hijau dan *node* dengan warna merah. *Node* dengan warna hijau merupakan *node* yang merepresentasikan log yang bukan serangan, sedangkan *node* yang berwarna merah merepresentasikan log yang merupakan serangan. Visualisasi graf pada Gephi dapat dilihat pada

Gambar 5.9.



Gambar 5.9 Visualisasi graf yang berhasil dibuat pada Gephi

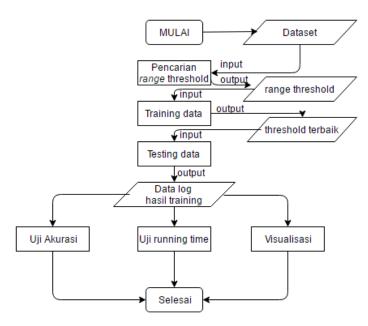
5.3.2 Skenario Uji Performa

Pengujian ini untuk menguji performa dari sistem. Pengujian yang akan dilakukan yaitu sebagai berikut :

- Mencari range nilai *threshold* yang akan digunakan untuk proses *training* dan *testing* data
- Training dan testing data
- Menghitung nilai akurasi dari algoritma molecular complex detection
- Mengevaluasi nilai dari running time tiap fungsi yang ada
- Menguji visualisasi dengan sebuah variabel

Adapun untuk mencari *range threshold*, penulis akan menguji seluruh *threshold* yang ada dan memilih beberapa *threshold* untuk digunakan pada proses *training* dan *testing* data, untuk menghitung nilai akurasi dari algoritma *molecular complex detection*, performa yang diukur adalah *running time* dan nilai akurasinya. Untuk pengujian *running time*, fungsi-fungsi inti yang

dilihat adalah fungsi untuk proses *preprocessing*, pembuatan graf dan proses klasterisasi. Kemudian untuk menguji visualisasi, akan dilihat visualisasi dari graf jika digunakan sebuah variabel. Adapun variabel yang digunakan yaitu jumlah baris dari log. Tahap-tahap uji coba performa sistem dapat dilihat pada Gambar 5.10.



Gambar 5.10 Diagram alir pengujian performa sistem

5.3.2.1 Uji Coba Pencarian Range dari Threshold

Uji coba pencarian *range* dari *threshold* yang ada dilakukan untuk mencari nilai *range threshold string similarity* dan *threshold weight* terbaik yang nantinya digunakan untuk *training* data algoritma *molecular complex detection*. Terdapat beberapa skenario untuk mencari nilai dari *threhold* tersebut. Tujuan dari skenario-skenario tersebut adalah untuk mencari

range dari threshold yang nantinya digunakan. Adapun untuk pencarian range threshold tersebut. digunakan Hofstede 2014, karena dataset tersebut mempunyai baris yang lebih sedikit daripada dataset SecRepo sehingga dapat menghemat waktu untuk pencarian range. Setelah mendapatkan range dari threshold tersebut, maka data range tersebut dapat digunakan untuk training data untuk mendapatkan nilai terbaik dari threshold-threshold yang ada. Kemudian, nilai terbaik dari threshold tersebut akan digunakan untuk testing data. Hasil dari uji coba pencarian range dari threshold yang ada dapat dilihat pada Tabel 5.2. Adapun threshold string similarity yang digunakan adalah 0.0, karena semua kata yang ada akan digunakan sebagai pertimbangan pembuatan graf.

Tabel 5.2 Hasil perhitungan akurasi algoritma dengan threshold MCODE 0.0 samnai 1.0

iii csiioiii Meobe olo sampai 1.0		
Threshold MCODE	Akurasi	
0.0	88.74%	
0.1	81.22%	
0.2	73.98%	
0.3	68.11%	
0.4	61.03%	
0.5	52.58%	
0.6	40.65%	
0.7	31.81%	
0.8	16.94%	
0.9	4.12%	
1.0	0.4%	

Berdasarkan hasil perhitungan akurasi algoritma pada string similarity 0.0, nilai threshold algoritma molecular complex detection yang mempunyai nilai diatas 50% adalah 0.0 sampai dengan 0.5. Sedangkan nilai threshold algoritma molecular complex detection yang mempunyai nilai dibawah 50% adalah 0.6 sampai dengan 1.0.

Hasil perhitungan akurasi dengan threshold **0.6** sampai **1.0** pada algoritma molecular complex detection sangat jauh dari harapan, yaitu dibawah **50%**. Hal tersebut dikarenakan pada threshold tersebut, algoritma molecular complex detection tidak akan bekerja secara maksimal dalam melakukan klasterisasi log yang ada. Adapun proses klasterisasi tidak maksimal dikarenakan pada threshold tersebut, data-data hasil preprocessing dan pembuatan graf akan diolah dengan threshold yang sangat lebar, sehingga data-data berbeda klaster kemungkinan akan menjadi sebuah klaster dan data-data yang seharusnya pada klaster yang sama kemungkinan akan dijadikan klaster yang berbeda.

Hal tersebut juga berlaku pada threshold string similarity. Semakin besar threshold yang digunakan, maka data hasil preprocessing yang diolah menjadi node dan edge pada proses pembuatan graf akan semakin sedikit. Hal tersebut dikarenakan nilai perbandingan antara dua string yang sama akan semakin besar jika nilai threshold yang digunakan semakin besar. Oleh karena itu, penulis menggunakan threshold 0.0 sampai 0.5 untuk string similarity dan threshold algoritma molecular complex detection pada proses training data.

5.3.2.2 Training dan Testing data

Training data dilakukan dengan menguji dataset yang ada dengan threshold yang didapatkan sebelumnya untuk mencari nilai threshold terbaik yang nantinya akan digunakan untuk proses testing data. Hasil akurasi dari testing data ini nantinya akan digunakan sebagai hasil akhir untuk akurasi dari algoritma molecular complex detection. Adapun dataset yang digunakan untuk training data yaitu 41 buah data log dari 61 dataset Hofstede2014 dan 20 buah data log dari 32 buah data dari dataset SecRepo. Adapun jumlah data log pada saat training data lebih banyak daripada saat testing data diharapkan dapat membuat threshold yang terpilih saat proses training data menjadi sesuai dengan yang diharapkan. Hasil training data pada dataset

Hofstede2014 dapat dilihat pada Tabel 5.3. Sedangkan hasil *training* data dengan dataset *SecRepo* dapat dilihat pada Tabel 5.4.

Tabel 5.3 Hasil *training* data pada dataset *Hofstede2014* (merah untuk akurasi terburuk dan biru untuk akurasi terbaik)

String Similarity	Threshold MCODE	Akurasi
0.0	0.0	88.74%
0.0	0.1	81.22%
0.0	0.2	73.98%
0.0	0.3	68.11%
0.0	0.4	61.03%
0.0	0.5	52.58%
0.1	0.0	87.90%
0.1	0.1	88.14%
0.1	0.2	78.46%
0.1	0.3	68.38%
0.1	0.4	62.99%
0.1	0.5	58.28%
0.2	0.0	88.5%
0.2	0.1	90.12%
0.2	0.2	85.04%
0.2	0.3	85.59%
0.2	0.4	83.36%
0.2	0.5	71.34%
0.3	0.0	88.5%
0.3	0.1	81.31%
0.3	0.2	78.63%
0.3	0.3	79.47%
0.3	0.4	78.27%
0.3	0.5	75.57%
0.4	0.0	88.54%
0.4	0.1	81.07%

0.4	0.2	80.5%
0.4	0.3	79.47%
0.4	0.4	76.94%
0.4	0.5	75.54%
0.5	0.0	89.57%
0.5	0.1	80.27%
0.5	0.2	80.83%
0.5	0.3	79.11%
0.5	0.4	80.59%
0.5	0.5	78.39%

Dari hasil yang didapatkan diatas, diketahui bahwa akurasi yang terbaik adalah 90.12%. Nilai akurasi tersebut didapatkan dengan mengklaster log autentikasi menggunakan 0.2 sebagai threshold untuk string similaritynya dan 0.1 untuk threshold algoritma molecular complex detection. Maka, dari proses training data dari dataset Hofstede2014 didapatkan 0.2 sebagai threshold string similarity dan 0.1 sebagai nilai threshold algoritma molecular complex detection. Kemudian nilai-nilai threshold ini akan digunakan untuk proses testing data pada dataset Hofstede2014.

Tabel 5.4 Hasil *training* data pada dataset *SecRepo* (merah untuk akurasi terburuk dan biru untuk akurasi terbaik)

String Similarity	Threshold MCODE	Akurasi
0.0	0.0	87.77%
0.0	0.1	83.32%
0.0	0.2	89.97%
0.0	0.3	83.78%
0.0	0.4	76.11%
0.0	0.5	72.43%
0.1	0.0	88.47%
0.1	0.1	84.63%
0.1	0.2	94.51%

0.1	0.3	89.09%
0.1	0.4	81.42%
0.1	0.5	74.44%
0.2	0.0	87.75%
0.2	0.1	85.16%
0.2	0.2	89.36%
0.2	0.3	97.15%
0.2	0.4	97.09%
0.2	0.5	97.08%
0.3	0.0	87.75%
0.3	0.1	86.2%
0.3	0.2	90.44%
0.3	0.3	98.22%
0.3	0.4	98.22%
0.3	0.5	98.22%
0.4	0.0	88.44%
0.4	0.1	82.08%
0.4	0.2	82.12%
0.4	0.3	82.12%
0.4	0.4	82.12%
0.4	0.5	82.12%
0.5	0.0	87.75%
0.5	0.1	80.81%
0.5	0.2	80.81%
0.5	0.3	80.81%
0.5	0.4	80.81%
0.5	0.5	80.81%
0.5	0.4	80.81%

Dari hasil yang didapatkan diatas, diketahui bahwa akurasi yang terbaik adalah 98.22%. Nilai akurasi tersebut didapatkan dengan mengklaster log autentikasi menggunakan 0.3 sebagai *threshold* untuk *string similarity*nya dan 0.3 untuk *threshold* algoritma *molecular complex detection*. Maka, dari proses *training* data dari dataset *SecRepo* didapatkan 0.3 sebagai

threshold string similarity dan **0.3** sebagai nilai threshold algoritma molecular complex detection. Kemudian nilai-nilai threshold ini akan digunakan untuk proses testing data pada dataset SecRepo.

Tahap selanjutnya dari uji coba ini adalah testing data. Testing data pada dataset Hofstede2014 dilakukan dengan menggunakan nilai **0.2** sebagai nilai threshold string similarity dan **0.1** sebagai nilai threshold algoritma molecular complex detection. Sedangkan untuk dataset SecRepo, digunakan nilai **0.3** sebagai nilai threshold string similarity dan **0.3** sebagai nilai threshold algoritma molecular complex detection. Hasil dari testing data pada dataset Hofstede2014 dapat dilihat pada Tabel 5.5. Sedangkan untuk hasil testing data pada dataset SecRepo dapat dilihat pada Tabel 5.6.

Tabel 5.5 Hasil *testing* data pada dataset *Hofstede2014* (merah untuk akurasi terburuk dan biru untuk akurasi terbaik)

File	Jumlah baris	Jumlah Edge	Akurasi
Dec 1.log	1424	15	92.17%
Dec 10.log	3920	86	89.54%
Dec 11.log	9467	29	99.53%
Dec 2.log	2161	15	75.83%
Dec 22.log	1655	32	89.26%
Dec 27.log	1549	22	82.94%
Dec 30.log	2180	36	85.29%
Dec 4.log	7638	47	84.69%
Dec 8.log	8342	49	99.74%
Nov 13.log	672	1	71.33%
Nov 16.log	2414	18	84.24%
Nov.17.log	1315	19	96.60%
Nov 2.log	2799	33	96.96%
Nov 20.log	3261	33	95.57%
Nov 25.log	3804	40	94.29%
Nov 3.log	557	18	97.84%
Nov 5.log	670	5	100%

Rata-rata			90.36%
Nov 9.log	676	1	71.33%
Nov 8.log	3162	10	99.99%
Nov 7.log	2279	9	100%

Pada Tabel 5.5, dapat dilihat bahwa nilai rata-rata akurasi dari *testing* data pada dataset *Hofstede2014* dapat dikatakan sudah bagus, yaitu **90.36%**. Adapun perhitungan nilai akurasi terbaik diperoleh dengan menggunakan log "Nov 5.log" dan "Nov 7.log" sebagai log yang digunakan. Sedangkan perhitungan nilai akurasi terburuk mencapai **71.33%** jika menggunakan log "Nov 9.log" dan "Nov 13.log". Hal tersebut diakibatkan karena *edge* yang dimiliki masing-masing log tersebut sangatlah sedikit, yaitu hanya berjumlah 1.

Tabel 5.6 Hasil *testing* data pada dataset *SecRepo* (merah untuk akurasi terburuk dan biru untuk akurasi terbaik)

File	Jumlah baris	Jumlah Edge	Akurasi
dec-11.log	3310	1617	99.97%
dec-12.log	2500	7953	99.96%
dec-14.log	4256	1940	99.98%
dec-18.log	860	374	99.60%
dec-19.log	2591	408	99.96%
dec-2.log	17598	23720	99.99%
dec-24.log	2154	4243	99.94%
dec-25.log	2747	882	99.96%
dec-4.log	1337	8665	99.82%
dec-7.log	482	530	98%
dec-9.log	1385	602	99.85%
nov-30.log	688	4496	99.62%
	Rata-rata 99.72%		

Pada Tabel 5.6, dapat dilihat bahwa nilai rata-rata akurasi dari *testing* data pada dataset *SecRepo* dapat dikatakan sudah bagus, yaitu **99.72%**. Adapun perhitungan nilai akurasi terbaik

diperoleh dengan menggunakan log "dec-2.log" sebagai log yang digunakan. Namun, secara keseluruhan, nilai akurasi dari *testing* data pada dataset ini sudah sangatlah bagus, dikarenakan nilai akurasi dari semua log bernilai diatas **98%**, bahkan nilai rata-rata akurasinya mencapai **99%**. Faktor utama yang membuat dataset ini mempunyai nilai akurasi yang sangat tinggi karena sedikitnya variasi dalam lognya dan banyaknya data log yang sama.

5.3.2.3 Uji Coba Akurasi Algoritma MCODE

Uji coba akurasi algoritma molecular complex detection adalah uji coba performa yang dilakukan untuk menghitung nilai adjusted rand index dari log setelah terklaster dan log yang merupakan log yang sudah benar (groundtruth file). Skenario dalam uji coba perhitungan nilai akurasi algoritma molecular complex detection dilakukan dengan menggunakan enam buah threshold untuk algoritma molecular complex detection. Nilai threshold tersebut akan dipilih berdasarkan hasil dari uji coba pada subbab 5.3.2.1 untuk pengujian ini, yaitu 0.0 sampai dengan 0.5. Selain itu, nilai string similarity yang digunakan untuk uji coba ini adalah 0.2, karena merupakan string similarity terbaik dari hasil proses training data.

Threshold yang digunakan pada uji coba ini yaitu **0.0** sampai dengan **0.5**. Hasil dari perhitungan akurasi pada file "Nov 7.log" dapat dilihat pada Tabel 5.7.

Tabel 5.7 Hasil perhitungan akurasi pada file "Nov 7.log"

Threshold	Akurasi
0.0	83.44%
0.1	100%
0.2	100%
0.3	85.77%
0.4	85.77%
0.5	65.86%

Berdasarkan hasil perhitungan akurasi pada Tabel 5.7, dapat dilihat bahwa *threshold* **0.1** dan **0.2** mempunyai nilai akurasi yang paling bagus dari ketiga *threshold* yang diuji coba, yaitu **100%**. Sedangkan jika menggunakan *threshold* **0.5** maka nilai akurasi yang didapatkan menjadi sangat rendah, yaitu **65.86%**.

Hasil perhitungan akurasi dengan threshold **0.5** menjauhi nilai yang diharapkan. Hal tersebut dikarenakan pada threshold **0.5** node dan edge akan dibandingkan dengan tidak detail. Sehingga, jika ada persamaan sedikit saja antar sebuah node maka node tersebut akan dijadikan klaster yang sama, walaupun sebenarnya node tersebut adalah klaster yang berbeda. Kasus ini dapat dimisalkan dengan baris log "Connection closed" dan baris log "Connection open". Seharusnya, kedua log tersebut menjadi klaster yang berbeda, namun jika threshold yang digunakan **0.5** maka kedua log tersebut dapat dianggap sebagai klaster yang sama.

5.3.2.4 Evaluasi Running Time

Evaluasi running time merupakan perhitungan nilai running time dari fungsi-fungsi yang ada pada program. Adapun fungsi-fungsi yang akan dilihat running timenya adalah fungsi pembuatan graf pada proses *preprocessing*, dan klasterisasi. Terdapat tiga skenario pada skenario ini. Perbedaan dari skenario-skenario ini adalah pada data log yang digunakan. Log-log yang digunakan akan dipertimbangkan dari jumlah baris dari log tersebut, jumlah edge dari log tersebut serta nilai akurasi dari testing data log tersebut. Adapun dataset yang digunakan adalah dataset SecRepo karena dataset tersebut mempunyai baris log yang banyak serta nilai akurasi yang tinggi pada tahap testing data (diatas 90%). Selain itu, terdapat empat log dari dataset SecRepo yang akan digunakan pada uji coba ini, data log yang dipilih nantinya yaitu dua buah data log yang jumlah baris lognya lebih banyak dari jumlah edgenya dan dua buah data log yang mempunyai jumlah edge yang lebih banyak dari jumlah barisnya. Agar hasil yang didapatkan menjadi mudah untuk dianalisis, maka penulis menggunakan data log yang mempunyai jumlah baris dan jumlah edge diantara 1000 sampai dengan 10.000. Data log yang dipilih dari log yang digunakan pada proses training data adalah berdasarkan selisih terbesar dari jumlah baris dan jumlah edge dari log yang bersangkutan. Untuk string similarity yang digunakan adalah 0.3 dan threshold dari algoritma molecular complex detection yang digunakan adalah 0.3. Penggunaan nilai string similarity dan threshold tersebut berdasarkan nilai akurasi terbaik dari proses training data.

Tabel 5.8 Detail file yang digunakan dalam uji coba perhitungan *running time*

File	Jumlah Baris	Jumlah <i>Edge</i>
dec-4.log	1337	8665
dec-12.log	2500	7953
dec-11.log	3310	1617
dec-14.log	4256	1940

Detail dari file-file yang digunakan untuk uji coba ini dapat dilihat pada Tabel 5.8. Penulis menggunakan file pada Tabel 5.8 karena adanya perbedaan jumlah baris dari kecil ke besar dan jumlah edge yang tidak bergantung dari jumlah baris pada filenya. Hal tersebut dapat dilihat pada file "dec-12.log" dan file "dec-11.log". Pada kedua file tersebut dapat dilihat bahwa jumlah baris dari file "dec-11.log" lebih besar dari file "dec-12.log". Namun, jumlah dari edge yang dimiliki file "dec-11.log" lebih sedikit dibandingkan dengan jumlah edge yang dimiliki oleh file "dec-12.log". Hal tersebut dapat diakibatkan karena isi dari log "dec-12.log" lebih bervariasi dari log lain yang digunakan pada proses uji coba ini.

Tabel 5.9 Hasil perhitungan running time

File	Running Time (s)				
	Preprocess	Pembuatan	MCODE	Total	
		Graf			
dec-4.log	1.528	0.899	8.89	11.317	
dec-12.log	1.899	0.911	8.664	11.474	
dec-11.log	1.994	0.484	1.363	3.841	
dec-14.log	2.984	0.153	1.38	4.515	

Hasil perhitungan *running time* dari file-file yang digunakan pada Tabel 5.8 dapat dilihat pada Tabel 5.9. Pada hasil tersebut, dapat dilihat bahwa waktu yang paling lama untuk *preprocessing* digunakan oleh file "dec-14.log", sedangkan waktu yang paling lama untuk proses pembuatan graf dan proses pada algoritma *molecular complex detection* digunakan oleh file "dec-12.log". Namun, pada proses pembuatan graf, perbedaan waktu yang dibutuhkan file-file tersebut tidak berbeda terlalu jauh yaitu masih kurang dari satu detik. Tidak seperti pada proses lainnya yang berbeda lebih dari satu detik.

Dari Tabel 5.9 dapat dilihat bahwa untuk proses preprocessing, log "dec-14.log" mempunyai waktu yang paling lama. Hal tersebut dikarenakan pada tahap preprocessing, baris log akan dibaca perline sehingga, yang mempunyai baris line paling banyak otomatis akan menghabiskan waktu yang paling banyak. Hal tersebut ditunjukkan dengan membandingkan jumlah baris tiap file yang diuji dengan running time pada saat preprocessing. Terlihat bahwa semakin banyak jumlah dari baris yang dimiliki log file log tersebut, maka semakin lama juga waktu preprocessing vang diperlukan. Sedangkan untuk tahap pembuatan graf, waktu yang paling lama dimiliki oleh file log "dec-12.log". Unutk klasterisasi dengan algoritma molecular complex detection, diketahui bahwa waktu yang paling lama dimiliki oleh file log "dec-4.log". Diketahui dari kedua file log tersebut, selisih waktu yang dibutuhkan dalam tahap pembuatan graf dan klasterisasi tidak terlalu jauh. Hal tersebut diakibatkan

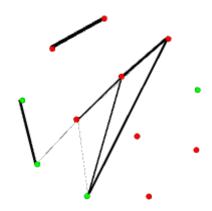
karena edge yang dimiliki kedua file tersebut tidak terlalu berbeda jauh. Tidak seperti file log "dec-11.log" dan "dec-14.log" yang mempunyai perbedaan edge yang sangat jauh dibandingkan "dec-4.log" maupun "dec-12.log". Adapun proses pembuatan graf dan klasterisasi algoritma molecular complex detection sangat dipengaruhi oleh jumlah node dan edge dari file yang digunakan karena pada tahap tersebut, akan terjadi proses pembuatan edge dan node pada proses pembuatan graf. Sedangkan pada proses klasterisasi, akan terjadi peninjauan ulang node dan edge pada graf yang telah berhasil dibuat untuk dimasukkan ke sebuah klaster, sehingga tahap-tahap ini akan sangat dipengaruhi oleh jumlah node dan edgenya.

5.3.2.5 Uji Visualisasi

Uji visualisasi merupakan pengujian visualisasi dengan sebuah variabel dan bertujuan untuk melihat visualisasi dari variabel yang diberikan. Terdapat empat skenario dalam pengujian ini, yaitu dengan menggunakan variabel edge dari graf. Pengujian dilakukan dengan mengatur nilai edge dari edge yang rendah ke tinggi, kemudian akan dilihat visualisasinya. Kedua dataset akan digunakan dalam pengujian ini, namun nilai dari string similarity dan threshold algoritma molecular complex detection yang digunakan merupakan nilai terbaik pada masingmasing dataset. Diantara empat buah skenario yang ada, akan digunakan dua buah dataset Hofstede2014 untuk dua buah skenario. Adapun dataset Hofstede2014 akan digunakan untuk visualisasi dengan edge yang sedikit dan dataset Secrepo digunakan untuk visualisasi dengan edge yang berjumlah banyak.

5.3.2.5.1 Skenario Uji Coba 1

Skenario uji coba 1 adalah uji coba visualisasi dengan *file "Nov 7.log"* pada dataset *Hofstede2014. File* tersebut digunakan karena log tersebut mempunyai *edge* yang berjumlah 9 yang merupakan jumlah yang sedikit dan log tersebut merupakan file log yang mempunyai nilai akurasi tertinggi pada dataset *Hofstede2014.* Visualisasi dari log tersebut dapat dilihat pada Gambar 5.11.



Gambar 5.11 Visualisasi log "Nov 7.log"

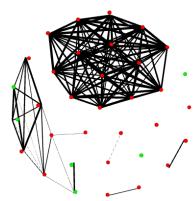
Dari Gambar 5.11 terlihat bahwa terdapat sedikit *node*, sehingga *edge* yang dibuatpun menjadi sedikit. Terlihat juga ada beberapa *node* yang bukan merupakan serangan. Dari visualisasi tersebut terdapat user yang gagal melakukan autentikasi, terdapat juga yang beberapa kali gagal lalu berhasil melakukan autentikasi serta ada user yang langsung berhasil melakukan autentikasi. Dari user yang pernah gagal melakukan autentikasi ada kemungkinan bahwa user tersebut melakukan *brute force* untuk berhasil terautentikasi.

Visualisasi pada Gambar 5.11 kurang bagus dikarenakan kurang terlihatnya hubungan antar *node* dan terdapat banyak *node* yang tidak mempunyai hubungan dengan *node* lainnya. Hal tersebut dikarenakan sedikitnya data log yang ada

sehingga *node* dan *edge* yang dibuatpun menjadi sedikit. Adapun jumlah *node* yang berhasil dibuat pada visualisasi pada Gambar 5.11 adalah 11 buah *node*.

5.3.2.5.2 Skenario Uji Coba 2

Skenario uji coba 2 adalah uji coba visualisasi dengan *file "Dec 17.log"* pada dataset *Hofstede2014*. *File* tersebut digunakan karena log tersebut mempunyai *edge* yang berjumlah 116 yang merupakan jumlah *edge* yang paling banyak pada dataset *Hofstede2014* serta file tersebut mempunyai nilai akurasi yang tinggi, yaitu **97.07%**. Visualisasi dari log tersebut dapat dilihat pada Gambar 5.12.



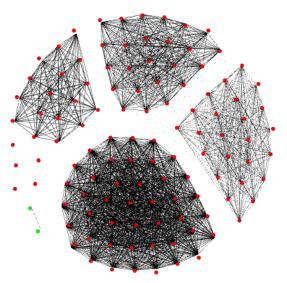
Gambar 5.12 Visualisasi log "Dec 17.log"

Jumlah *node* dari visualisasi tersebut adalah 33. Terlihat banyak *node* serangan yang saling berhubungan dan kemungkinan besar merupakan sebuah serangan terhadap sistem. Adapun perbandingan *node-node* singleton dengan seluruh *node* yang ada sudah lebih baik daripada skenario uji coba 1, yaitu 4 *node* singleton berbanding dengan 29 *node* yang mempunyai pasangan. Namun, perbandingan tersebut masih tergolong kurang

bagus. Sehingga informasi yang diterima dari visualisasi log tersebut masih kurang lengkap.

5.3.2.5.3 Skenario Uji Coba 3

Skenario uji coba 3 adalah uji coba visualisasi dengan *file "dec-11.log"* pada dataset *SecRepo. File* tersebut digunakan karena log tersebut mempunyai *edge* yang berjumlah 1617 yang merupakan jumlah yang sedikit pada dataset *Secrepo* dan memiliki nilai akurasi yang tinggi, yaitu **99.97%**. Visualisasi dari log tersebut dapat dilihat pada Gambar 5.13.



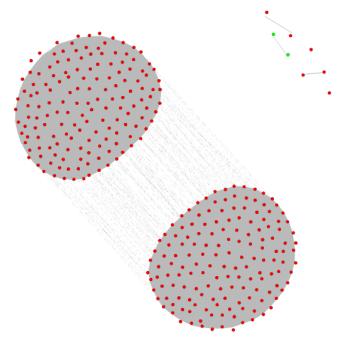
Gambar 5.13 Visualisasi log "dec-11.log"

Pada visualisasi log "dec-11.log" terdapat 114 node yang dibuat. Terdapat empat buah serangan utama yang terjadi pada log tersebut. Selain itu terdapat serangan yang saling berhubungan. Namun, tetap terdapat user yang berhasil terautentikasi ke sistem.

Dapat dikatakan visualisasi pada Gambar 5.13 sudah bagus, hal tersebut dikarenakan informasi yang diberikan sudah jelas, yaitu terdapat serangan pada sistem serta ada serangan yang saling berhubungan dan ada juga user yang berhasil masuk ke sistem. Dapat dilihat juga jumlah *node* singleton sangat sedikit dibandingkan dengan jumlah *node* yang mempunyai pasangan, yaitu 3 berbanding 111 *node*. Sehingga dapat diketahui bahwa *node* singleton tersebut merupakan suatu hal yang memang ada kemungkinan terjadi pada sistem namun tidak terlalu berpengaruh dikarenakan tidak ada *node* lain yang berhubungan dengan *node* tersebut.

5.3.2.5.4 Skenario Uji Coba 4

Skenario uji coba 4 adalah uji coba visualisasi dengan *file "dec-2.log"* pada dataset *SecRepo. File* tersebut digunakan karena log tersebut mempunyai *edge* yang berjumlah 23720 yang merupakan jumlah yang sangat banyak pada dataset *Secrepo* dan merupakan log yang mempunyai nilai akurasi tertinggi pada dataset *SecRepo*. Visualisasi dari log tersebut dapat dilihat pada



Gambar 5.14 Visualisasi log "dec-2.log"

Pada visualisasi log "dec-2.log" terdapat 315 node yang dibuat. Terdapat empat buah serangan utama yang terjadi pada log tersebut. Selain itu terdapat serangan yang saling berhubungan. Namun, tetap terdapat user yang berhasil terautentikasi ke sistem.

Dapat dikatakan visualisasi pada Gambar 5.14 sudah bagus, hal tersebut dikarenakan informasi yang diberikan sudah jelas, yaitu terdapat serangan pada sistem serta ada serangan yang saling berhubungan dan ada juga user yang berhasil masuk ke sistem. Dapat dilihat juga jumlah *node* singleton sangat sedikit dibandingkan dengan jumlah *node* yang mempunyai pasangan, yaitu 2 berbanding 315 *node*. Sehingga dapat diketahui bahwa *node* singleton tersebut merupakan suatu hal yang memang ada kemungkinan terjadi pada sistem namun tidak terlalu berpengaruh

dikarenakan tidak ada *node* lain yang berhubungan dengan *node* tersebut.

5.3.2.6 Evaluasi Umum Skenario Uji Coba

Berdasarkan skenario uji coba fungsional yang telah dilakukan, diketahui bahwa fungsionalitas dari sistem sudah dapat berjalan dengan baik. Fungsional sistem yang dimaksud adalah fungsi-fungsi seperti *preprocessing*, pembuatan graf, klasterisasi dengan algoritma *molecular complex detection*, perhitungan nilai *adjusted rand index*, perhitungan *running time* serta visualisasi di *Gephi*.

Berdasarkan skenario uji coba performa sistem yang telah dilakukan, dapat diketahui bahwa tingkat ketepatan sistem dalam mengklasterisasi graf sudah sangat bagus, yaitu mencapai 90.36% untuk dataset Hofstede2014 dan 99.72% untuk dataset SecRepo. Adapun threshold yang digunakan untuk mendapatkan hasil tersebut yaitu **0.2** untuk threshold string similarity dan **0.1** untuk threshold MCODE pada dataset Hofstede2014 dan 0.3 untuk threshold string similarity serta 0.3 untuk threshold MCODE pada dataset SecRepo. Threshold-threshold tersebut digunakan karena pada proses training data, didapatkan threshold tersebut mempunyai nilai akurasi tertinggi dibandingkan dengan threshold yang lain. Namun, tidak semua threshold yang ada digunakan pada proses training data, melainkan hanya pada range **0.0** sampai dengan **0.5**, hal tersebut dikarenakan *threshold* diatas **0.5** mempunyai akurasi yang buruk dan akan algoritma *molecular* complex detection tidak bekerja secara efisien jika threshold terlalu besar.

Untuk *running time* yang diperlukan fungsi-fungsi pada sistem sangat dipengaruhi dengan jumlah baris dari log serta jumlah *edge* dari log. Adapun jumlah baris dari log mempengaruhi waktu yang dibutuhkan sistem untuk tahap *preprocessing* sedangkan jumlah *edge* sangat mempengaruhi

waktu yang dibutuhkan sistem pada proses pembuatan graf dan klasterisasi graf dengan algoritma *molecular complex detection*.

Sedangkan pada uji coba visualisasi graf, nilai akurasi dari log yang digunakan kurang berpengaruh pada hasil visualisasi dari log tersebut. Namun, jumlah dari *edge* dari file log tersebut sangat berpengaruh pada hasil visualisasi. Selain itu, karena dataset *SecRepo* mempunyai lebih banyak *edge* dibandingkan dataset *Hofstede2014* maka hasil visualisasi pada dataset *SecRepo* menjadi lebih bagus dibandingkan dengan dataset *Hofstede2014*.

(Halaman ini sengaja dikosongkan)

BAB VI KESIMPULAN DAN SARAN

Bab ini berisikan kesimpulan yang dapat diambil dari hasil uji coba yang telah dilakukan. Selain kesimpulan, terdapat juga saran yang ditujukan untuk pengembangan perangkat lunak nantinya.

6.1 Kesimpulan

Kesimpulan yang didapat berdasarkan hasil uji coba klasterisasi log dengan algoritma *molecular complex detection* adalah sebagai berikut :

- 1. Implementasi algortima *molecular complex detection* dapat digunakan pada klasterisasi log autentikasi.
- 2. Pada kasus tugas akhir ini, *range threshold* yang bagus didapatkan dari **0.0** sampai dengan **0.5**.
- 3. Threshold terbaik yang didapatkan pada dataset Hofstede2014 adalah 0.2 untuk threshold string similarity dan 0.1 untuk threshold algoritma molecular complex detection. Sedangkan threshold terbaik yang didapatkan pada dataset SecRepo adalah 0.3 untuk threshold string similarity dan 0.3 untuk threshold algoritma molecular complex detection.
- 4. Rata-rata akurasi terbaik yang didapatkan pada *testing* data adalah **99%**, yaitu pada dataset *SecRepo*.
- 5. Running time pada kasus tugas akhir ini dipengaruhi oleh jumlah baris dari log dan jumlah edge atau node dari log. Running time dari tahap preprocessing dipengaruhi oleh jumlah baris dari log. Sedangkan running time pada tahap pembuatan graf dan klasterisasi dipengaruhi oleh jumlah node dan edge dari log.

6.2 Saran

Saran yang diberikan terkait dengan pengembangan pada Tugas Akhir ini adalah :

- 1. Bisa memvisualisasi log dengan *real time* dengan cara menghitung seluruh proses secara dinamik, bukan statis seperti pada tugas akhir ini
- 2. Dapat dicoba menggunakan data log autentikasi dengan data yang didapatkan dari *server* asli (bukan dataset log)
- 3. Menggunakan data log lain selain log autentikasi

DAFTAR PUSTAKA

- [1] H. Studiawan, B. A. Pratomo and R. Anggoro, "Connected Component Detection for Authentication Log Clustering," 2016.
- [2] M. Wu, X. Li and C.-K. Kwoh, "Algorithms for Detecting Protein Complexes in PPI Networks: An Evaluation Study," *MCODE*, pp. 2-3.
- [3] K. K. Sindhu and B. B. Meshram, "Digital Forensics and Cyber Crime Datamining," *Journal of Information Security*, 2012.
- [4] S. F. Y. and T.-h. Kim, "IT Security Review: Privacy, Protection, Access Control, Assurance and System Security," *International Journal of Multimedia and Ubiquitous Engineering*, 2007.
- [5] H. Studiawan, F. Sohel and C. Payne, "Graph Clustering and Anomaly Detection of Access Control Log for Forensic Purposes," *Forensics*, pp. 2-16, 2016.
- [6] R. Hofstede, L. Hendriks, A. Sperotto and A. Pras, "SSH Compromise Detection using NetFlow/IPFIX," *ACM SIGCOMM Computer Communication Review*, vol. 44, no. 5, pp. 20-26, 2014.
- [7] T. S. Madhulatha, "AN OVERVIEW ON CLUSTERING METHODS," *IOSR Journal of Engineering*, 2012.
- [8] "AllegroViva," [Online]. Available: http://allegroviva.com/allegromcode/mcode-algorithm/. [Accessed 22 January 2017].
- [9] H. Studiawan, "GitHub," [Online]. Available: https://github.com/studiawan/labeledauthlog/blob/master/possible_attacks.md. [Accessed 21 Mei 2017].
- [1 "Anaconda Distribution | Continuum Analytics : 0] Documentation," [Online]. Available:

- https://docs.continuum.io/anaconda/index. [Accessed 22 January 2016].
- [1 "Wikipedia," [Online]. Available:
- 1] https://id.wikipedia.org/wiki/Python_(bahasa_pemrograman). [Accessed 22 January 2017].
- [1 S. Community, "NumPy v1.10 Manual," 18 October 2015.
- 2] [Online]. Available: http://docs.scipy.org/doc/numpy-1.10.1/index.html. [Accessed 22 January 2017].
- [1 "SciPy," Scientific Computing Tools for Python, [Online].
- 3] Available: https://scipy.org/. [Accessed 22 January 2017].
- [1 Python Software Foundation, "Python 2.7.13 documentation,"
- 4] 1990-2017. [Online]. Available: https://docs.python.org/2/library/profile.html. [Accessed 28 May 2017].
- [1 "Overview -- NetworkX," [Online]. Available:
- 5] https://networkx.github.io/. [Accessed 22 January 2017].
- [1 M. B. Ilmy, N. Rahmi and R. L. Bu'ulölö, "Penerapan
- 6] Algoritma Levenshtein Distance untuk Mengoreksi," *Paper*, pp. 1-3.
- [1 scikit-learn, "scikit-learn 0.18.1 documentation," [Online].
- 7] Available: http://scikit-learn.org/stable/modules/generated/sklearn.metrics.adjusted_r and_score.html. [Accessed 22 January 2017].
- [1 "Wikipedia," [Online]. Available:
- 8] https://en.wikipedia.org/wiki/Gephi. [Accessed 22 January 2017].
- [1 S. E. Schaeffer, "Survey Graph Clustering," Computer
- 9] Science Review 1, 2007.

BIODATA PENULIS



I Gusti Ngurah Arya Bawanta merupakan anak dari pasangan Bapak I Gusti Ngurah Sudiana dan Ibu Ni Ketut Surinih. Lahir di Karangasem pada tanggal 21 Maret 1995. Penulis menempuh Pendidikan formal dimulai dari TK Kumara (1999-2001), SDN 6 Besakih (2001-2007), SMP Cipta Dharma Denpasar (2007-2010), SMAN 4 Denpasar (2010-2013) dan S1 Teknik Informatika ITS (2013-2017). Bidang studi yang diambil oleh penulis saat berkuliah di

Teknik Infomatika ITS adalah Komputasi Berbasis Jaringan (KBJ). Penulis aktif dalam organisasi seperti Tim Pembina Kerohanian Hindu ITS (2014-2016). Penulis aktif dalam berbagai kegiatan kepanitiaan, yaitu SCHEMATICS 2014 divisi kesekretariatan dan SCHEMATICS 2015 divisi pembuat soal untuk lomba NLC. Penulis juga menyukai kegiatan sosial dan pecinta alam. Penulis memiliki hobi membaca buku dan menyukai hal baru. Penulis dapat dihubungi melalui email: arya.bawanta@gmail.com.