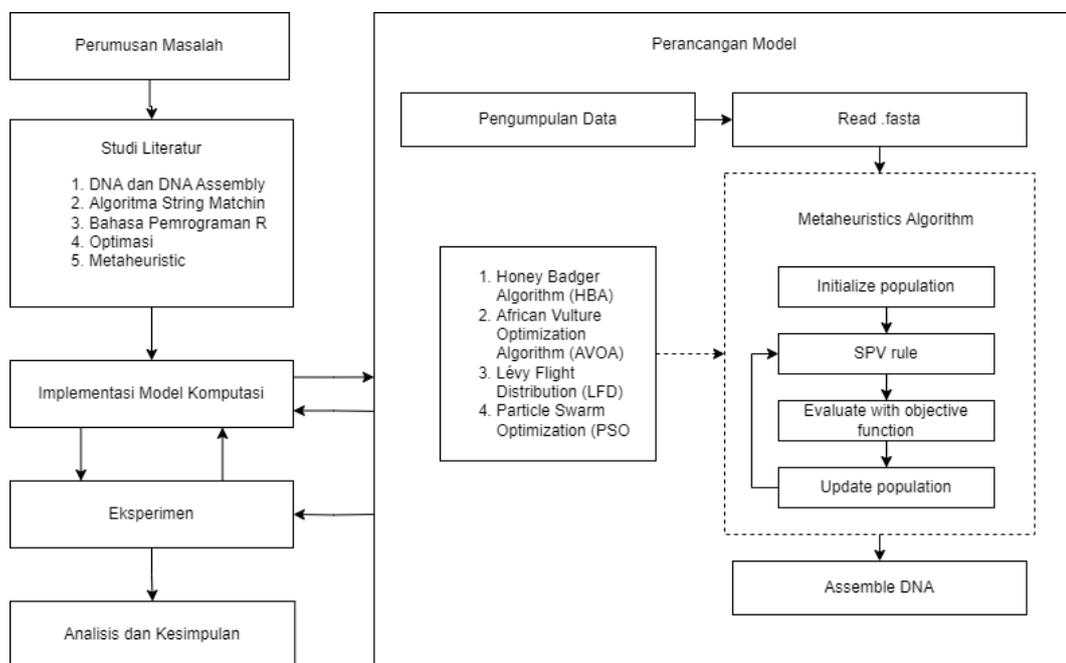


## BAB III METODE PENELITIAN

### 3.1 Desain Penelitian

Desain penelitian merupakan kerangka kerja yang digunakan untuk melakukan penelitian. Pada bagian ini penulis akan memaparkan kerangka kerja terkait penelitian dari memulai penelitian sampai dengan selesai. Desain penelitian dijelaskan lebih spesifik pada Gambar 3.1.



Gambar 3.1 Desain penelitian

Terdapat 6 tahap utama dalam desain penelitian yang dilakukan, yang akan dijelaskan sebagai berikut:

#### 1. Perumusan Masalah

Tahap ini merupakan tahap di mana penulis akan mengidentifikasi dan merumuskan masalah yang akan dibahas yang kemudian akan menentukan metode atau algoritma yang akan digunakan untuk menyelesaikan masalah tersebut. Setelah itu, pada tahap ini juga akan ditentukan model penelitian untuk membantu penyelesaian masalah yang telah dirumuskan.

## 2. Studi Literatur

Studi literatur berkaitan dengan proses belajar dan literasi topik yang telah disetujui sebelumnya. Penulis melakukan studi literatur mengenai DNA dan DNA *assembly*, algoritma *string matching*, bahasa pemrograman R, optimasi, dan *metaheuristic* sebagai tempat berjalannya penelitian yang dilakukan oleh penulis. Studi literatur berasal dari beberapa sumber seperti buku, jurnal, juga internet, dan bacaan lainnya yang dapat dijadikan bahan literatur.

## 3. Perancangan Model Komputasi

Tahap ini merupakan tahap di mana penulis akan melakukan perancangan model algoritma *population-based metaheuristic* untuk DNA *sequence assembly*. Rancangan model ini dimulai dari praproses data, proses-proses pada algoritma *population-based metaheuristic*. Kemudian membuat model program tersebut untuk berjalan pada bahasa pemrograman R.

## 4. Implementasi Model Komputasi

Pada tahap ini penulis akan membangun program DNA *sequence assembly* pada data *input* dengan menggunakan algoritma-algoritma *population-based metaheuristic* yang diimplementasikan pada bahasa pemrograman R. Metode pengembangan perangkat lunak yang digunakan adalah metode waterfall.

## 5. Tahap Perancangan Skenario Eksperimen

Setelah dilakukan pengembangan program pada tahap sebelumnya, pada tahap ini akan dilakukan perancangan skenario eksperimen yang akan dilakukan untuk menguji apakah program berjalan sebagaimana mestinya dan menganalisis hasil keluaran dari program.

## 6. Tahap Hasil dan Analisis

Setelah melakukan perancangan skenario dan melakukan eksperimen sesuai dengan skenario yang telah dirancang pada tahap sebelumnya, hasil dari eksperimen tiap algoritma akan dibandingkan dan selanjutnya dianalisis.

Pada tahap ini diharapkan dapat mendapatkan hasil dari eksperimen yang telah dilakukan sebelumnya.

### **3.2 Metode Penelitian**

Metode penelitian yang dilakukan dalam penelitian ini dibagi menjadi dua tahapan, yaitu metode pengumpulan data dan metode pengembangan perangkat lunak.

#### **3.2.1 Metode Pengumpulan Data**

Pada metode pengumpulan data penulis berusaha mendapatkan data yang valid dan mampu untuk menunjang penelitian yang dilakukan. Adapun metode pengumpulan data pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Studi Literatur

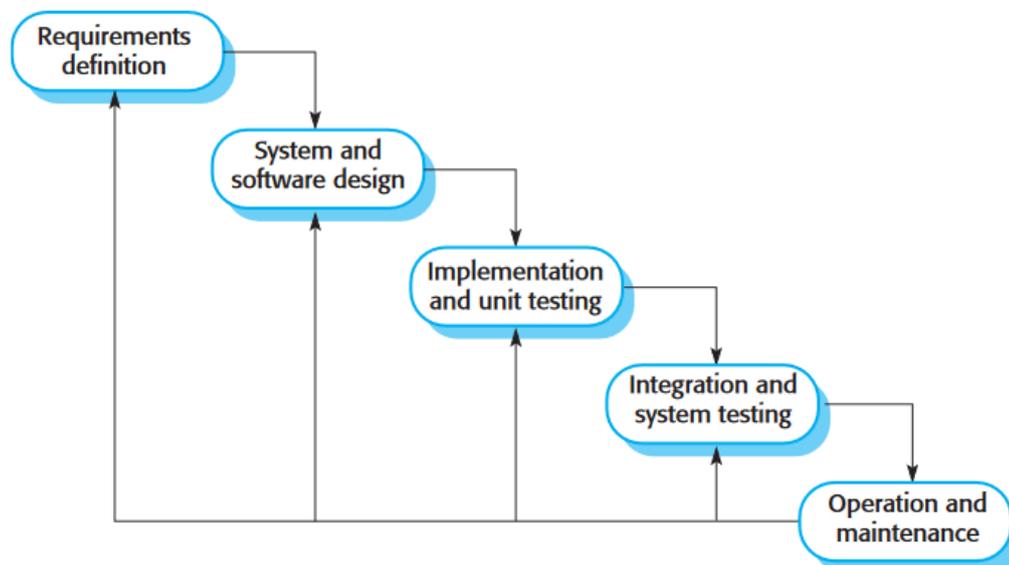
Studi literatur dilakukan dengan cara mempelajari teori dan konsep yang mendukung dalam penelitian ini dengan membaca dari berbagai sumber seperti buku, jurnal, dan sumber-sumber ilmiah lain mengenai topik DNA dan *DNA sequence assembly*, algoritma *string matching*, bahasa pemrograman R, optimasi, dan *metaheuristic*.

2. Mendapatkan Sekuens Data

Untuk mendukung penelitian yang dilakukan oleh penulis, maka diperlukan data yang akan digunakan dalam penelitian. Data diperoleh dari situs NCBI.

### 3.2.2 Metode Pengembangan Perangkat Lunak

Dalam penelitian ini pengembang menggunakan model waterfall untuk melakukan pembangunan perangkat lunak.



Gambar 3.2 Model *waterfall* dalam pengembangan perangkat lunak (Pressman, 2010)

Model *waterfall* yang digambarkan pada Gambar 3.2 menggambarkan lima tahapan yang dapat membantu dalam proses pengerjaan perangkat lunak. Pengertian dari setiap tahapan tersebut sebagai berikut:

#### 1. Perumusan Masalah

Analisis dan definisi kebutuhan layanan sistem, kendala, dan tujuan ditetapkan melalui konsultasi dengan pengguna sistem. Pada tahap ini dilakukan analisis terhadap data-data yang didapatkan dan diperlukan seperti data sekuens DNA yang akan digunakan. Tahapan ini harus dilengkapi hingga memenuhi semua kebutuhan.

#### 2. Desain

Proses desain membentuk arsitektur sistem secara keseluruhan. Desain perangkat lunak melibatkan pengidentifikasian dan penggambaran abstraksi sistem perangkat lunak dasar dan hubungannya. Dalam tahapan ini akan dilakukan perancangan desain perangkat lunak yang akan dibuat dari

basis data, arsitektur, dan lain sebagainya. Desain ini dibuat berdasarkan spesifikasi yang telah ditetapkan sebelumnya.

### 3. Implementasi

Pada tahap implementasi, desain perangkat lunak diwujudkan sebagai satu set program atau unit program. Program ini juga nantinya akan diuji agar memenuhi kebutuhan spesifikasi.

### 4. Pengujian

Pada tahap pengujian atau *testing* melibatkan verifikasi bahwa setiap bagian dalam sebuah program memenuhi spesifikasinya. Pada tahapan ini memastikan apakah program sudah sesuai dengan kebutuhan spesifikasi atau belum. Dilakukan juga pengujian dalam hal integrasi untuk memastikan setiap bagian dalam perangkat lunak sudah terintegrasi.

## 3.3 Alat dan Bahan Penelitian

Bagian ini akan menjelaskan secara detail mengenai alat dan bahan penelitian yang digunakan pada penelitian ini.

### 3.3.1 Alat Penelitian

Dalam penelitian ini alat yang digunakan untuk menunjang kebutuhan selama penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Perangkat Keras (*hardware*) untuk *stand alone* yaitu komputer dengan spesifikasi:
  - *Processor* Intel Core i5 1135G7 2.4 GHz
  - *Memory* 16GB RAM
  - SSD 512GB
2. Perangkat Lunak (*software*) sebagai berikut:
  - *Operating System* Windows 11 64 bit
  - R interpreter 64 bit versi 4.2.1 (*Funny-Looking Kid*)
  - R Studio versi 2023.06.1

### 3.3.2 Bahan Penelitian

Bahan yang diperlukan pada penelitian ini adalah data awal berupa kumpulan DNA dalam format .fasta. Data ini terdiri dari dua jenis data yaitu data *dummy* untuk melakukan validasi assembly dan data *benchmark*. Data *dummy* didapatkan dari sekuens DNA pendek yang dipotong-potong untuk mengevaluasi akurasi assembly yang dicapai oleh model DNA *assembler*. Sedangkan data *benchmark* merupakan data yang digunakan oleh penelitian sebelumnya yang dapat diperoleh dari sumber awal yaitu NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).