

## BAB V

### KESIMPULAN DAN SARAN

#### 5.1 Kesimpulan

Setelah melakukan penelitian mengenai *planted motif search* dalam sekuens DNA menggunakan algoritma Random Projection pada R *package high-performance computing* pbdMPI, maka penulis mendapatkan beberapa kesimpulan yang berhubungan dengan tujuan penelitian. Berikut kesimpulan yang dapat penulis jabarkan.

1. Berhasil membuat model komputasi paralel untuk *planted motif search* pada sekuens DNA menggunakan algoritma Random Projection. Model tersebut memiliki konsep pemotongan *string* agar semua motif dapat dimunculkan sebagaimana yang dihasilkan pada *stand alone*. Pada model tersebut dikenalkan persamaan indeks awal dan indeks akhir sebagai acuan untuk pemotongan *string*.
2. Berhasil menerapkan model yang telah dirancang sebelumnya menggunakan bahasa pemrograman R dengan *package* pbdMPI untuk melakukan komputasi paralel. Program ini telah diuji untuk *error handling* dan akurasinya terhadap data yang lebih kecil.
3. Telah melakukan total 1560 eksperimen yang terbagi kedalam kelompok eksperimen *stand alone* sebanyak 120 eksperimen dan kelompok paralel sebanyak 1440 eksperimen. Eksperimen tersebut dilakukan pada satu komputer dengan spesifikasi yang sama. Data yang digunakan pada eksperimen merupakan data yang *benchmark* yang banyak digunakan oleh peneliti lainnya dalam topik yang sama. salah satu penelitian yang menggunakan data yang sama yaitu penelitian yang dilakukan oleh (Ashraf, et al., 2017).
4. Melakukan analisa hasil eksperimen dengan kesimpulan bahwa dengan melakukan penambahan terhadap nilai  $m$  maka nilai total motif yang sama yang dihasilkan juga cenderung akan ikut bertambah, namun ada juga yang

tidak ikut bertambah dikarenakan munculnya hasil total motif yang sama pada beberapa  $m$ , hal itu bisa disebabkan oleh pengambilan posisi *random*

yang menghasilkan jumlah nilai motif yang sama untuk memproyeksikan  $l$ -mers. Selanjutnya variabel  $d$  mempengaruhi jumlah total  $l$ -mers yang dibentuk.. apabila panjang motif memiliki nilai  $d$  yang sama maka sebarang nilai  $l$ , total  $l$ -mers yang dihasilkan akan sama. Namun semakin besar nilai  $d$  maka total  $l$ -mers yang dihasilkan akan semakin berkurang. Selanjutnya waktu komputasi akan semakin bertambah seiring bertambahnya nilai  $m$ . Kemudian hasil total motif yang ada pada semua  $(l,d)$  dan semua  $m$  akan menghasilkan hasil yang sama pada semua *core* dan semua *batch*. Seiring penambahan jumlah *core* waktu komputasi menjadi lebih cepat, namun penambahan waktu komputasi dapat terjadi apabila jumlah antar *core* dan panjang sekuens tidak memiliki rentang yang jauh. Semakin besar nilai *batch* tidak akan selalu sebanding dengan waktu komputasi yang lebih tinggi atau lebih rendah. Setiap kondisi memiliki nilai *batch* optimum berdasarkan panjang *string*.

## 5.2 Saran

Dalam pelaksanaan penelitian, penulis menyadari bahwa masih banyak kekurangan yang dilakukan oleh penulis dalam penelitian ini. Oleh karena itu, penulis menyampaikan beberapa saran yang dapat dilakukan dikemudian hari. Agar penelitian selanjutnya dapat menghasilkan sebuah program yang jauh lebih baik dalam hal kecepatan dan keakuratan. Berikut beberapa saran yang dapat penulis anjurkan.

1. Agar mempermudah pengguna dalam menggunakan program, maka akan lebih baik jika dibuat *interface* yang *user friendly* agar pengguna dapat memasukan data dan melihat hasil dengan lebih mudah.
2. Sebaiknya format file masukan dapat lebih di perbanyak lagi, sehingga program menjadi lebih fleksibel.
3. Sebaiknya proses pengecekan terhadap anggota *bucket* dilakukan secara paralel agar dapat mempercepat proses pencarian.
4. Alangkah lebih baik apabila menggunakan metode untuk *scoring* setiap motif sehingga nilai *threshold* tidak didefinisikan sendiri.

**Tyas Farrah Dhiba, 2018**

PLANTED MOTIF SEARCH DALAM SEKUENS DNA MENGGUNAKAN ALGORITMA RANDOM PROJECTION PADA R HIGH PERFORMANCE COMPUTING PACKAGE

Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu

5. Penulis berharap program ini dapat berguna untuk menunjang perkembangan ilmu pengetahuan khususnya dalam bidang ilmu komputer dan biologi.
6. Penulis berharap program ini dapat dikembangkan jauh lebih baik lagi.