BAB III
METODE PENELITIAN

Pada bab ini, dijelaskan bagaimana alur penelitian dirancang dari mulai pendekatan yang diterapkan, instrumen yang digunakan, tahapan pengumpulan data yang dilakukan, hingga langkah-langkah yang dijalankan.

3.1 Desain dan Instrumen Penelitian

Penelitian Klasifikasi Spesies berdasarkan *DNA Barcode Sequence* menggunakan Random Ferns ini termasuk pada kategori penelitian eksperimental dengan pendekatan kuantitatif. Jenis desain yang digunakan penelitian ini tergolong pada metode *true experimental*.

Instrumen/alat, bahan, dan metode yang digunakan untuk pengumpulan data dan pengembangan perangkat lunak dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

3.1.1 Alat Penelitian

Pengumpulan data dan pengembangan perangkat lunak di penelitian ini, menggunakan perangkat keras komputer pribadi. Spesifikasi yang digunakan ialah sebagai berikut:

- *Processor*: 2.6 GHz Intel Core i5-3230M
- *Memory* : 12GB SODIMM DDR3 1600 MHz
- *Storage* : 240 GB 3D TLC SATA III *Solid State Drive*
- *Network* : 10/100 BASE-T ethernet dan 802.11b/g/n wi-fi adapter

M Ammar Fadhlur Rahman, 2022
Klasifikasi Spesies berdasarkan DNA Barcode Sequence menggunakan Random Ferns
Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu

Selain komputer pribadi tersebut, digunakan juga satu buah *virtual private server* (VPS) pada layanan Google Cloud Platform (GCP). Spesifikasi komputer server tersebut adalah sebagai berikut:

- *Machine Type* : e2-custom
- *Processor* : 24 core vCPU - 2.20GHz Intel Xeon Broadwell
- *Memory* : 32 GB
- *Storage* : 200 GB *Solid State Drive*
- *Zone* : asia-southeast1-a

Sedangkan untuk perangkat lunak yang digunakan adalah sebagai berikut:

- Sistem Operasi
  - Komputer Pribadi : Windows 11 Home v21H2 64 bit
  - Komputer Server : Container-Optimized OS v89 from Google (Linux 5.4.144+ 64bit, Chromium OS 12.0)
- *Integrated development environment* (IDE)
  - Jupyter Notebook v6.4.12
  - Google Colaboratory
  - RStudio v2022.07.1+554
- *Console emulator* Powershell v7.1.5
- Bahasa pemrograman R v4.2.1
- *Package*:
  - ape
  - BiocManager
  - Biostrings
  - caret
  - DECIPHER
  - doParallel
  - dplyr
  - foreach
  - ggplot2
  - hrbrthemes
  - ips
  - muscle
  - profvis
  - randomForest
  - rentrez
  - rFerns
  - viridis

3.1.2 Bahan Penelitian

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini merupakan sekuens DNA gen kloroplas rbcL dari spesies dalam famili *Amaryllidaceae* dan *Liliaceae*.

3.1.3 Metode Penelitian

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

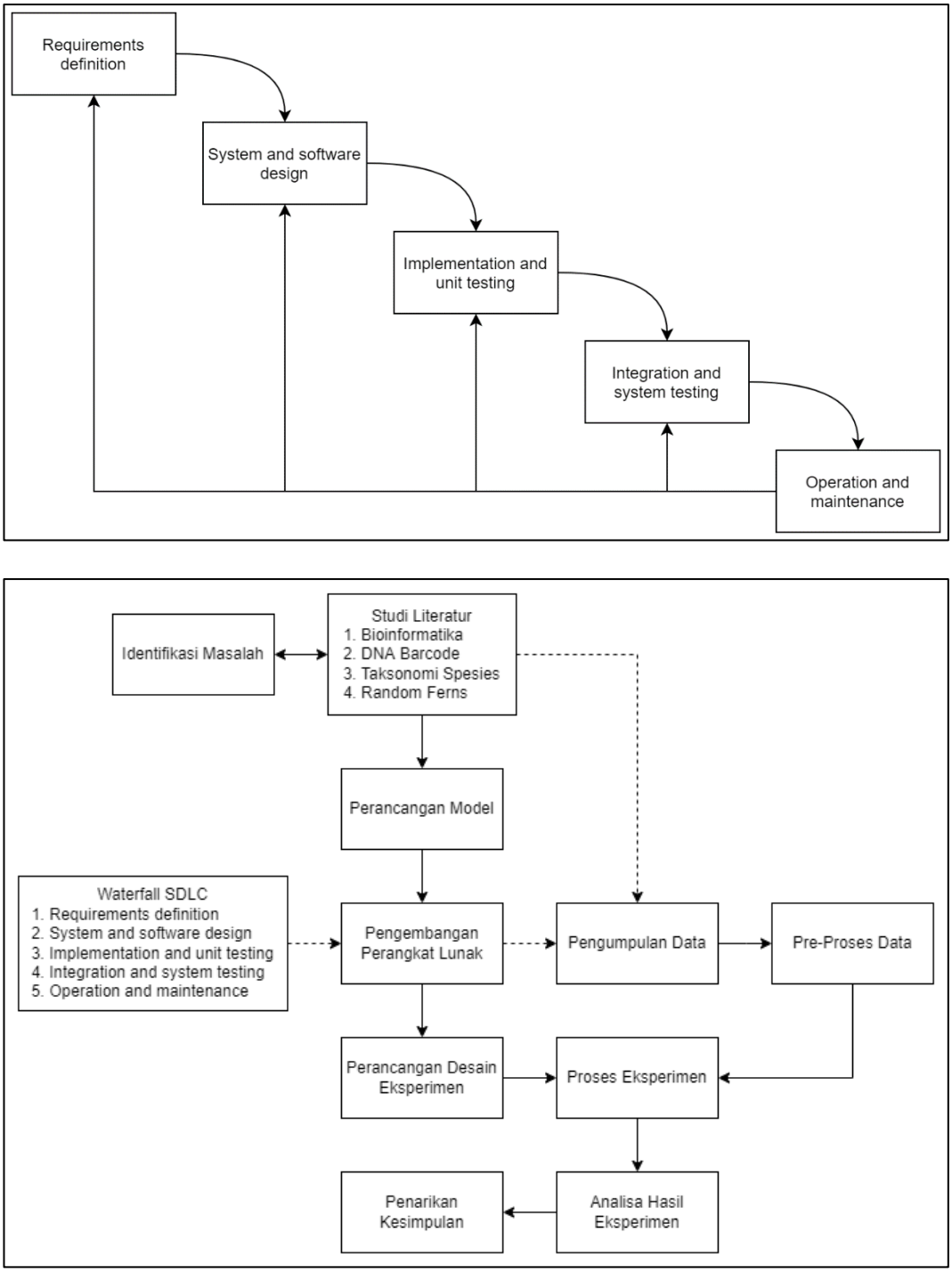
3.1.3.1 Metode Pengumpulan Data

Data yang dikumpulkan untuk penelitian ini terbagi menjadi dua kategori, studi literatur dan bahan penelitian. (1) Studi literatur dilakukan untuk mengetahui perkembangan termutakhir dalam dunia keilmuan (*state of the art*) dari teori yang sedang dikaji dan kedudukan masalah penelitian dalam bidang ilmu yang diteliti. Metode pengumpulan data untuk studi literatur ini berupa pencarian dan pembelajaran dari buku, artikel jurnal, dan sumber informasi lainnya. (2) Bahan penelitian didapatkan dari GenBank. Metode pengumpulan data untuk bahan penelitian dilakukan dengan cara mengunduh secara manual yang kemudian diotomatisasi dengan bantuan *package*.

3.1.3.2 Metode Pengembangan Perangkat Lunak

Pengembangan perangkat lunak dalam penelitian ini menggunakan model *Waterfall*. Secara umum siklus pengembangan perangkat lunak yang diilustrasikan pada Gambar 3.1 (Sommerville, 2015). Pengembangan dimulai dengan analisis dan penentuan kebutuhan, desain sistem dan perangkat lunak, implementasi dan *unit testing*, *integration* dan *system testing*, serta pengoperasian dan perbaikan.

M Ammar Fadhlur Rahman, 2022
Klasifikasi Spesies berdasarkan DNA Barcode Sequence menggunakan Random Ferns
Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu



Gambar 3.1 Model pengembangan perangkat lunak *Waterfall* (atas) dan desain penelitian Klasifikasi Spesies berdasarkan DNA Barcode Sequence menggunakan Random Ferns (bawah)

3.2 Prosedur Penelitian

Dalam praktiknya, penulis melakukan penelitian dengan menggunakan prosedur kerja yang diilustrasikan pada Gambar 3.1. Berikut merupakan penjelasan dari masing-masing tahapan yang dilakukan dalam penelitian ini:

1) Identifikasi Masalah

   Tahap ini dimulai dengan proses identifikasi masalah yang mungkin dapat digunakan untuk penelitian. Permasalahan tersebut kemudian dirumuskan dengan batasan-batasannya yang menjadi cikal bakal penelitian ini. Ditentukan juga model, metode, dan algoritma yang akan digunakan untuk menyelesaikan permasalahan dalam penelitian ini.

2) Studi Literatur

   Penulis melakukan studi literatur yang berkenaan dengan permasalahan yang telah dirumuskan. Tahapan ini dilakukan untuk melakukan validasi rumusan masalah, mengetahui perkembangan termutakhir dalam dunia keilmuan (*state of the art*) dari teori yang perlu dikaji, serta mengetahui kedudukan masalah penelitian ini dalam bidang ilmu terkait. Beberapa teori tersebut di antaranya berkenaan dengan bioinformatika, *DNA*, *DNA barcode*, *DNA barcode database*, *DNA sequence alignment*, metode klasifikasi, algoritma klasifikasi termasuk algoritma Random Ferns, dan ukuran *performance* model klasifikasi.

3) Perancangan Model Komputasi

   Rancangan model komputasi mencakup seluruh proses yang dilakukan untuk menjawab permasalahan yang telah dirumuskan. Model komputasi ini dimulai dari proses pengumpulan data secara otomatis, *praproses* data, *training* model, hingga proses klasifikasi.

4) Pengembangan Perangkat Lunak

   Berdasarkan model komputasi yang telah dibuat di tahapan sebelumnya, perangkat lunak untuk klasifikasi spesies berdasarkan *DNA barcode sequence* mulai dikembangkan di tahap ini. Pengembangan perangkat lunak dalam penelitian ini menggunakan metode *Waterfall*.

5) Pengumpulan Data

   Dari literatur yang sudah dipelajari, dikumpulkan sumber data yang dapat digunakan untuk penelitian ini. Pada tahap ini, penulis mengumpulkan data dari NCBI menggunakan fungsi perangkat lunak yang telah dikembangkan di tahap sebelumnya.

6) Pre-Proses Data

   Sebelum digunakan sebagai masukan untuk pengembangan model dalam eksperimen, terlebih dahulu dilakukan tahapan pre-proses data. Dalam tahapan ini dilakukan verifikasi data secara manual, *sequence alignment*, dan *sequence trimming*.

7) Perancangan Desain Eksperimen

   Setelah perangkat lunak selesai dibuat, dipersiapkan rancangan desain eksperimen yang akan dilakukan.

8) Proses Eksperimen

   Pada tahap ini, dilakukan eksperimen berdasarkan rancangan desain eksperimen yang sudah dibuat.

9) Analisis Hasil Eksperimen

   Penulis melakukan analisis hasil eksperimen dengan melakukan komparasi kelas *output* klasifikasi dengan sumber lain.

10) Penarikan Kesimpulan

    Berdasarkan hasil analisis eksperimen, dilakukan penarikan kesimpulan.