

BAB V PENUTUP

Bab ini menjelaskan kesimpulan dan saran. Pada bagian kesimpulan dijelaskan hasil yang diperoleh dari tugas akhir ini. Bagian saran berisikan saran-saran yang dapat digunakan untuk pengembangan lebih lanjut penelitian ini.

V.1. Kesimpulan

Berdasarkan seluruh proses penelitian tugas, beberapa kesimpulan yang dapat diambil:

- Metode yang digunakan memberikan nilai jarak yang cukup kecil dan kemiripan yang cukup besar. Dari tiga skenario yang dilakukan dan dua metode yang diterapkan, nilai kemiripan yang didapat memiliki nilai yang relatif tinggi. Hal ini dikarenakan, metode yang digunakan banyak menghilangkan informasi mengenai susunan rantai DNA yang diukur. Pada proses konversi dari genom keseluruhan menjadi vektor bedimensi 12 terdapat kehilangan informasi, karena konversi tersebut berupa fungsi dari banyak ke satu (*many to one*).
- Metode ini dapat memberikan gambaran struktur nukleotida yang terkandung dalam sebuah rantai DNA khususnya pada *coding region*.
- Pengukuran jarak ini dapat dijadikan sebagai sebuah metode untuk menunjukkan berapa besar kemungkinan bahwa dua rantai DNA yang dibandingkan berasal dari organisme (sumber) yang sejenis. Dengan kata lain, pengukuran ini dapat dijadikan menjadi salah satu tolak ukur untuk melakukan pengklasifikasian rantai DNA.

V.2. Saran

Beberapa saran yang dapat dipertimbangkan untuk pengembangan lebih lanjut dalam penelitian ini diantaranya:

- Pelibatan seluruh data genom yang telah dimiliki untuk melakukan pengukuran jarak. Pada penelitian ini data yang diukur hanya pada rantai DNA pada wilayah *coding region* dan genomnya sudah dipetakan secara keseluruhan.

- Penambahan variabel pengukuran sehingga hasil yang didapat menjadi lebih akurat. Beberapa aspek lain dapat dimasukkan untuk pengukuran tergantung jenis pengukuran yang ingin dicapai. Sebagai contoh, variabel dari perbedaan panjang rantai DNA dapat digunakan sebagai alat untuk meningkatkan ketelitian hasil pengukuran.
- Pengambilan data sampel pada makhluk hidup yang lebih kompleks. Pengembangan metode yang digunakan untuk makhluk hidup yang lebih kompleks merupakan hal yang patut diteliti.
- Memperhatikan penyusunan *double helix* pada DNA, sehingga memperhitungkan hasil dari *strand* positif dan negatif.
- Pengukuran kemiripan fungsi rantai DNA yang dihitung.
- Pengembangan tempat penyimpanan data genom makhluk hidup dengan struktur data fuzzy polinukleotida. Data genom makhluk hidup lebih cocok disimpan dengan struktur data fuzzy, karena makhluk dalam satu spesies pun tidak seratus persen sama.

