

**ANALISA KOMPERATIF ALGORITMA UNTUK MASALAH  
*MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENT* (MSA) DALAM  
BIDANG BIOINFORMATIKA**



**TESIS**

**EGY SEPTIAN**

**NIM. 232420018**

**PROGRAM STUDI TEKNIK INFORMATIKA S2**

**PROGRAM PASCASARJANA**

**UNIVERSITAS BINA DARMA**

**PALEMBANG**

**2025**

**ANALISA KOMPERATIF ALGORITMA UNTUK MASALAH  
*MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENT* (MSA) DALAM  
BIDANG BIOINFORMATIKA**



**Tesis ini diajukan sebagai salah satu syarat  
untuk memperoleh gelar**

**MAGISTER TEKNIK INFORMATIKA**

**EGY SEPTIAN**

**NIM. 232420018**

**PROGRAM STUDI TEKNIK INFORMATIKA S2**

**PROGRAM PASCASARJANA**

**UNIVERSITAS BINA DARMA**

**PALEMBANG**

**2025**

**HALAMAN PENGESAHAN PEMBIMBING TESIS**

Judul Tesis : **ANALISA KOMPERATIF ALGORITMA UNTUK  
MASALAH *MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENT*  
(MSA) DALAM BIDANG BIOINFORMATIKA**

Oleh EGY SEPTIAN NIM 232420018 Tesis ini telah disetujui untuk diseminarkan di hadapan Tim Penguji Program Studi Teknik Informatika – S2 Konsentrasi Enterprise IT Infrastructure Pascasarjana Universitas Bina Darma pada 28 Agustus 2025 dan telah dinyatakan LULUS.

Palembang, 28 Agustus 2025  
Mengetahui,  
Program Studi Teknik Informatika – S2  
Universitas Bina Darma  
Ketua,



.....  
**Dr. Usman Ependi, S.Kom., M.Kom**

Pembimbing,



.....  
**Tri Basuki Kurniawan, S.Kom., M.Eng., Ph.D**

## HALAMAN PENGESAHAN PENGUJI TESIS

Judul Tesis : **ANALISA KOMPERATIF ALGORITMA UNTUK  
MASALAH *MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENT*  
(MSA) DALAM BIDANG BIOINFORMATIKA**

Oleh EGY SEPTIAN NIM 232420018 Tesis ini telah disetujui untuk diseminarkan di hadapan Tim Penguji Program Studi Teknik Informatika – S2 Konsentrasi Enterprise IT Infrastructure Pascasarjana Universitas Bina Darma pada 28 Agustus 2025 dan telah dinyatakan LULUS.

Palembang, 28 Agustus 2025  
Mengetahui,  
Program Pascasarjana  
Universitas Bina Darma  
Direktur,

  
  
PROGRAM PASCASARJANA

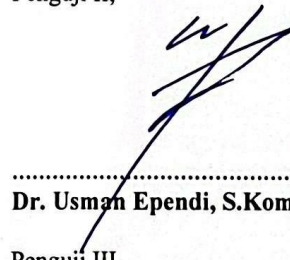
Prof. Dr. Ir. Achmad Syarifudin, M.Sc

Penguji I,



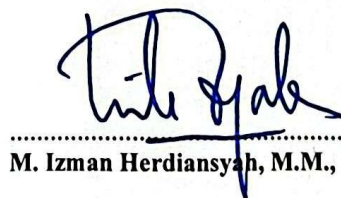
Tri Basuki Kurniawan, S.Kom., M.Eng., Ph.D

Penguji II,



Dr. Usman Ependi, S.Kom., M.Kom

Penguji III,



M. Izman Herdiansyah, M.M., Ph.D

## SURAT PERNYATAAN

Saya yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama : Epy Septian

NIM : 232420018

Dengan ini menyatakan bahwa:

1. Karya tulis Saya (Tesis, Skripsi, Tugas Akhir) ini adalah asli dan belum pernah diajukan untuk mendapatkan gelar akademik baik (Magister, Sarjana, dan Ahli Madya) di Universitas Bina Darma;
2. Karya tulis ini murni gagasan, rumusan dan penelitian Saya sendiri dengan arahan tim pembimbing;
3. Dalam karya tulis ini tidak terdapat karya atau pendapat yang telah ditulis atau dipublikasikan orang lain, kecuali secara tertulis dengan jelas dikutip dengan mencantumkan nama pengarang dan memasukkan ke dalam daftar pustaka;
4. Karena yakin dengan keaslian karya tulis ini, Saya menyatakan bersedia Tesis/Skripsi/Tugas Akhir, yang Saya hasilkan di unggah ke internet;
5. Surat Pernyataan ini Saya tulis dengan sungguh-sungguh dan apabila terdapat penyimpangan atau ketidakbenaran dalam pernyataan ini, maka Saya bersedia menerima sanksi dengan aturan yang berlaku di perguruan tinggi ini.

Demikian Surat Pernyataan ini saya buat agar dapat dipergunakan sebagaimana mestinya.

Palembang, 28 Agustus 2025

Yang Membuat Pernyataan,



Egy Septian

NIM: 232420018

## ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis dan membandingkan performa dua algoritma *multiple sequence alignment* (MSA) yang populer, yaitu MAFFT dan Clustal Omega, dalam menangani dataset protein. Fokus utama penelitian mencakup pengukuran akurasi *alignment* terhadap *ground truth* menggunakan benchmark dataset, evaluasi efisiensi komputasi dari sisi waktu proses dan penggunaan sumber daya, serta penilaian relevansi biologis hasil *alignment* terhadap domain fungsional protein berdasarkan data NCBI. Metode yang digunakan adalah eksperimen komputasional dengan pendekatan terapan, di mana kedua algoritma dijalankan pada dataset yang sama menggunakan parameter standar dan hasilnya dianalisis berdasarkan metrik seperti *SP Score*, *TC Score*, waktu eksekusi, dan relevansi biologis. Hasil penelitian menunjukkan bahwa MAFFT dan Clustal Omega mampu menghasilkan *alignment* yang sangat akurat, dengan nilai *SP Score* dan *TC Score* mencapai 100% terhadap *ground truth*. Clustal Omega unggul dalam efisiensi komputasi, dengan *runtime* yang lebih cepat (0.04 detik) dibandingkan MAFFT (0.14 detik), sementara penggunaan memori puncak relatif sama (sekitar 0.06 MB). Selain akurat secara matematis, hasil *alignment* dari kedua algoritma juga relevan secara biologis karena mampu mempertahankan domain konservatif protein. MAFFT dinilai lebih cocok untuk analisis eksploratif yang membutuhkan fleksibilitas parameter, sedangkan Clustal Omega ideal untuk kebutuhan efisiensi tinggi seperti layanan web dan analisis otomatis. Dengan demikian, pemilihan algoritma MSA yang optimal sangat bergantung pada karakteristik dataset dan tujuan analisis bioinformatika yang dilakukan.

**Kata kunci:** *Multiple Sequence Alignment*, MAFFT, Clustal Omega, Akurasi *Alignment*, Efisiensi Komputasi, Bioinformatika

## **ABSTRACT**

*This study aims to analyze and compare the performance of two widely used multiple sequence alignment (MSA) algorithms MAFFT and Clustal Omega when applied to protein datasets. The main objectives include assessing alignment accuracy against ground truth using standardized benchmark datasets, evaluating computational efficiency in terms of processing time and resource usage, and examining the biological relevance of alignment results based on protein functional domains registered in the NCBI database. The research employs a computational experimental method with an applied research approach, where both algorithms are tested on the same datasets using default or recommended parameters. The resulting alignments are evaluated using metrics such as SP Score, TC Score, execution time, and biological relevance. The findings indicate that both MAFFT and Clustal Omega produce highly accurate alignments, achieving 100% SP Score and TC Score when compared to ground truth. Clustal Omega demonstrates superior computational efficiency, with a faster runtime (0.04 seconds) compared to MAFFT (0.14 seconds), while both algorithms show similar Peak Memory Usage (approximately 0.06 MB). In addition to their mathematical accuracy, the alignment results are biologically relevant, successfully preserving conserved domains in protein sequences. MAFFT is better suited for in-depth exploratory analyses requiring fine-tuned parameter control, whereas Clustal Omega is more appropriate for high-efficiency applications such as web services, batch processing, and automated systems. Therefore, the optimal choice of MSA algorithm should be guided by dataset characteristics and specific bioinformatics objectives.*

**Keywords:** *Multiple Sequence Alignment, MAFFT, Clustal Omega, Alignment Accuracy, Computational Efficiency, Bioinformatics*

## MOTTO DAN PERSEMBAHAN

### MOTTO

“Takdir itu Milik Allah, namun usaha dan Doa Milik kita dan bersabar lah kamu Sesungguhnya Janji Allah Maha benar.”  
(Q.S Ar Rum:60)

“Jangan Merasa IRI Kepada Orang lain, Setiap Manusia Sudah di Takdirkan Oleh Allah Swt. Keberhasilan Masing-masing, Terlambat Bukan Berarti gagal, Cepat Bukan Berarti Hebat. Terlambat bukan menjadi alasan untuk menyerah, setiap orang memiliki proses berbeda. *PERCAYA PROSES* itu yang paling penting, Karena Allah telah mempersiapkan Hal Baik dibalik Kata Proses yang kamu anggap rumit”

### PERSEMBAHAN

- ❖ Allah SWT, yang senantiasa memberikan rahmat Nya kepada kita semua dan sebagai rasa syukur atas ilmu yang Allah SWT berikan kepada Hamba.
- ❖ Kedua Orang Tua ku Alm Bapak M. Sumarsi.Mzk dan Almh Mamak Sumihartati yang telah berjuang segenap jiwa raga menumpahkan darah dan mencurahkan keringat untuk mendukung pendidikan saya semasa hidup. Sehingga saya bisa mendapatkan gelar Magister Komputer.
- ❖ Untuk keluargaku Kakak, Ayuk, dan Keponakan yang telah memberikan dukungan dan motivasi kepada penulis sehingga bisa bertahan hingga proses penelitian selesai.
- ❖ Teruntuk seseorang yang belum bisa penulis nulis dengan namanya disini, namun sudah tertulis jelas di *Lauhul Mahfudz* untuk penulis. Terimakasih telah menjadi salah satu motivasi penulis dalam memantaskan diri. Meskipun saat ini penulis tidak tahu keberadaanmu entah di bumi bagian mana dan menggengam tangan siapa, seperti kata Bj. Habibie “Kalau memang dia dilahirkan untuk saya, kamu jungkir balik pun saya yang dapat”.
- ❖ Terakhir sebelum penulis akhiri, “*Beberapa anak memang terlahir beruntung ditengah keluarga yang bercukupan. Sisanya lebih beruntung lagi karena di beri hati dan tulang kuat untuk berusaha sendiri*” kata-kata yang pernah penulis baca dan membuat penulis bisa bertahan hingga titik ini. Terimakasih banyak kepada Egy Septian, S.Kom., M.Kom selaku penulis, sudah berusaha dan tidak lelah dalam kondisi apapun. Adapun kurang lebihmu, mari kita rayakan diri sendiri.

## KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT yang telah memberikan kesehatan, rahmat, dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis dengan judul “Analisa Komperatif Algoritma Untuk Masalah *Multiple sequence alignment* (Msa) Dalam Bidang Bioinformatika.”

Tesis ini disusun sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar akademik Magister Teknik Informatika pada Universitas Bina Darma Palembang. Meskipun penulis sudah berusaha semaksimal mungkin dalam penyusunan tesis ini, penulis menyadari akan kelemahan dan keterbatasan yang ada sehingga dalam menyelesaikan tesis ini memperoleh bantuan dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis mengharapkan saran dan kritik yang bersifat membangun untuk tesis ini. Dalam kesempatan ini penulis menyampaikan ucapan terima kasih kepada:

1. Kedua orang tua saya terutama Alm Bapak dan Almh Mamak, yang telah berjuang segenap jiwa raga menumpahkan darah dan mencurahkan keringat untuk mendukung pendidikan saya semasa hidup. Sehingga saya bisa mendapatkan gelar Magister Komputer.
2. Kepada kakak, Ayuk, dan Keponakan yang telah memberikan dukungan dan motivasi kepada penulis sehingga bisa bertahan hingga proses penelitian selesai.
3. Ibu Prof. Dr. Sunda Ariana, M.Pd., MM selaku Rektor Universitas Bina Darma Palembang.
4. Bapak Prof. Dr. Ir. Ahmad Syarifudin, M.Sc selaku Direkur Program Pascasarjana Universitas Bina Darma Palembang.
5. Bapak Dr. Usman Ependi, S.Kom., M.Kom selaku Ketua Program Studi Magister Teknik Informatika (S2) Univeritas Bina Darma Palembang sekaligus sebagai penguji.
6. Bapak Tri Basuki Kurniawan, S.Kom., M.Eng., Ph.D selaku Dosen Pembimbing yang selalu sabar dalam menghadapi penulis dan telah menyisihkan waktunya untuk memberikan arahan dan bimbingan selama proses penyusunan tesis ini.

7. Kepada Bapak Dr. Usman Ependi, S.Kom., M.Kom dan Bapak M. Izman Herdiansyah, M.M., Ph.D. sebagai Dosen Penguji.
8. Kepada teman-teman seperjuangan Program Studi Magister Teknik Informatika(S2) Universitas Bina Darma Palembang Angkatan 2023.
9. Seluruh Dosen Program Studi Magister Teknik Informatika (S2) Universitas Bina Darma Palembang yang telah memberikan ilmu yang berharga.
10. Pihak Sekretariat Pascasarjana Universitas Bina Darma Palembang yang telah memberikan pelayanan dan arahan terbaik kepada penulis.
11. Dan pihak-pihak yang sangat membantu dalam penulisan tesis ini, yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu.

Palembang, September 2025

Penulis,

**Egy Septian**

**NIM. 232420018**

## DAFTAR ISI

	Halaman
<b>COVER TESIS .....</b>	<b>i</b>
<b>HALAMAN DEPAN .....</b>	<b>ii</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN PEMBIMBING TESIS .....</b>	<b>iii</b>
<b>HALAMAN PENGESAHAN PENGUJI TESIS .....</b>	<b>iv</b>
<b>SURAT PERNYATAAN.....</b>	<b>v</b>
<b>ABSTRAK .....</b>	<b>vi</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>vii</b>
<b>MOTTO DAN HALAMAN PERSEMBAHAN.....</b>	<b>viii</b>
<b>KATA PENGANTAR.....</b>	<b>ix</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>xi</b>
<b>DAFTAR TABEL .....</b>	<b>xiii</b>
<b>DAFTAR GAMBAR.....</b>	<b>xiv</b>
<b>DAFTAR LAMPIRAN .....</b>	<b>xv</b>
<b>BAB I PENDAHULUAN .....</b>	<b>1</b>
1.1 Latar Belakang Penelitian .....	1
1.2 Rumusan Permasalahan .....	10
1.3 Batasan Masalah .....	10
1.4 Tujuan Penelitian .....	11
1.5 Manfaat Penelitian .....	11
1.6 Ruang Lingkup Penelitian.....	12
1.7 Sistematika Penulisan .....	14
<b>BAB II KAJIAN PUSTAKA .....</b>	<b>16</b>
2.1 <i>Multiple sequence alignment</i> (MSA).....	16
2.2 Bioinformatika .....	18
2.3 MAFFT .....	19
2.4 <i>Clustal Omega</i> .....	23
2.5 Protein.....	24
2.6 Evaluasi Pengukuran.....	26
<b>BAB III METODOLOGI PENELITIAN .....</b>	<b>30</b>
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian.....	30
3.2 Prosedur Penelitian .....	30
3.3 Metode Penelitian .....	34
3.4 Analisis Data.....	35
3.5 Jadwal Penelitian .....	37
<b>BAB IV HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN .....</b>	<b>38</b>
1.1 Hasil Penelitian .....	38
1.1.1 Deskripsi Dataset yang Digunakan .....	38

1.1.2	Hasil Evaluasi Akurasi <i>Alignment</i> .....	41
1.1.3	Hasil Evaluasi Efisiensi Komputasi.....	45
1.2	Pembahasan.....	49
1.2.1	Perbandingan Performa MAFFT dan Clustal Omega dalam Melakukan <i>Multiple sequence alignment</i> (MSA) Pada Dataset Protein .....	49
1.2.2	Perbedaan Signifikan Akurasi <i>Alignment</i> Antara MAFFT dan Clustal Omega Berdasarkan Standar <i>Benchmark</i> Dataset ....	50
1.2.3	Efisiensi Komputasi Kedua Algoritma Saat Diaplikasikan Pada Dataset Protein Berskala Besar .....	51
1.2.4	Hasil <i>Alignment</i> Dari MAFFT dan Clustal Omega Relevan Secara Biologis.....	52
1.2.5	Algoritma Paling Optimal Dalam Aplikasi Bioinformatika Modern .....	53
<b>BAB VI PENUTUP .....</b>		<b>55</b>
5.1	Kesimpulan .....	55
5.2	Saran .....	57
<b>DAFTAR PUSTAKA.....</b>		<b>61</b>
<b>DAFTAR RIWAYAT HIDUP .....</b>		<b>64</b>
<b>LAMPIRAN-LAMPIRAN .....</b>		<b>65</b>

## DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 2.1. Pengukuran Perbandingan.....	29
Tabel 4.1. Deskripsi Dataset.....	38



## DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 3.1 Prosedur Penelitian.....	34
Gambar 4.1 Dataset_protein.FASTA .....	39
Gambar 4.2 Keratin_100.fasta .....	40
Gambar 4.3 Evaluasi Akurasi <i>Alignment</i> dataset_protein.FASTA.....	42
Gambar 4.4 Evaluasi Akurasi <i>Alignment</i> keratin_100.fasta.....	44
Gambar 4.5 Evaluasi Efisiensi Komputasi dataset_protein.FASTA .....	46
Gambar 4.6 Evaluasi Efisiensi Komputasi keratin_100.fasta .....	48



## DAFTAR LAMPIRAN

	Halaman
Lampiran 1 <i>Output</i> Olah Data.....	65
Lampiran 2 Lembar Perbaikan Tesis.....	75
Lampiran 3 SK Pembimbing.....	76
Lampiran 4 Lembar Konsultasi Tesis.....	77

