

BAB I

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Kemajuan dalam bidang bioinformatika dan ilmu data (*data science*) telah memungkinkan analisis yang lebih mendalam terhadap data *sekuensing* genom. Data *sekuensing* memungkinkan identifikasi dan analisis pola mutasi gen yang dapat berkontribusi terhadap berbagai penyakit genetik serta mendukung pengembangan terapi yang lebih efektif (Abdul et al., 2023). Mutasi gen dapat terjadi akibat berbagai faktor, seperti paparan lingkungan, kesalahan dalam replikasi DNA, atau faktor genetik bawaan. Oleh karena itu, memahami bagaimana mutasi ini terjadi dan bagaimana cara terbaik untuk mengidentifikasinya menjadi tantangan utama dalam dunia medis dan bioteknologi.

Mutasi gen adalah perubahan permanen pada urutan nukleotida DNA dalam suatu gen. Mutasi dapat terjadi secara spontan akibat kesalahan replikasi DNA, atau dipicu oleh faktor eksternal yang bersifat mutagen seperti radiasi, bahan kimia, maupun infeksi virus. Perubahan ini dapat bersifat netral, menguntungkan, atau merugikan bagi organisme. Jenis-jenis mutasi gen meliputi substitusi atau pergantian satu nukleotida dengan nukleotida lain, delesi yaitu hilangnya satu atau lebih nukleotida, insersi berupa penambahan nukleotida, duplikasi yang mengakibatkan pengulangan segmen DNA, serta inversi dan translokasi yang melibatkan perubahan orientasi atau perpindahan segmen DNA ke lokasi lain.

Dampak mutasi gen sangat beragam. Beberapa mutasi tidak mengubah fungsi protein (mutasi sinonim) sehingga bersifat netral, sedangkan mutasi lain dapat merugikan dengan menyebabkan penyakit genetik seperti anemia sel sabit, fibrosis kistik, atau hemofilia. Di sisi lain, mutasi juga dapat memberikan keuntungan adaptif, misalnya mutasi gen HbS yang memberikan resistensi terhadap malaria pada individu heterozigot. Mekanisme terjadinya mutasi meliputi kesalahan replikasi DNA, paparan mutagen eksternal seperti sinar ultraviolet atau bahan

kimia, aktivitas transposon atau DNA loncat, serta integrasi DNA virus ke dalam genom inang.

Penelitian terkini menunjukkan peran mutasi gen yang signifikan dalam berbagai bidang kesehatan. Misalnya, mutasi somatik pada gen TP53 ditemukan pada banyak jenis kanker dan berperan dalam regulasi apoptosis serta proliferasi sel (Saldivar-Espinoza et al., 2013). Pada penyakit neurodegeneratif, mutasi pada gen APP, PSEN1, dan PSEN2 terbukti berhubungan dengan Alzheimer familial (Andrade-Guerrero et al., 2023). Dalam konteks infeksi, mutasi pada spike protein SARS-CoV-2 seperti D614G, N501Y, dan E484K memengaruhi kemampuan virus menular serta efektivitas vaksin (Christie et al., 2022). Selain itu, perkembangan teknologi CRISPR-Cas9 membuka peluang besar dalam terapi berbasis gen, misalnya dengan memperbaiki mutasi gen HBB pada pasien β -thalassemia dan sickle cell disease (Frangoul et al., 2021).

Pentingnya penelitian di bidang ini semakin meningkat seiring dengan meningkatnya prevalensi penyakit genetik dan kanker yang berhubungan dengan mutasi genetik. Deteksi dini mutasi gen dapat memberikan peluang lebih besar untuk pencegahan dan intervensi medis yang lebih efektif (Lumbanraja et al., 2024). Selain itu, terapi berbasis genetika, seperti terapi target dan terapi gen, sangat bergantung pada pemahaman yang akurat mengenai mutasi yang terjadi dalam genom pasien. Oleh karena itu, diperlukan metode yang efisien dan akurat untuk menganalisis data genom guna memberikan wawasan yang lebih mendalam terhadap mekanisme penyakit serta memungkinkan pengembangan terapi yang lebih personalisasi.

Teknologi *Next-Generation Sequencing* (NGS) telah merevolusi cara data genom dikumpulkan dan dianalisis (Widyastuti et al., 2024). Dengan kapasitas untuk mengurutkan miliaran fragmen DNA secara paralel, teknologi ini menghasilkan data dalam jumlah besar yang menuntut metode analisis yang efisien dan akurat. Keberadaan variasi genetik dalam data *sequencing* sering kali sulit untuk diinterpretasikan secara manual, sehingga diperlukan pendekatan berbasis komputasi yang mampu mengenali pola kompleks dalam data dan mengklasifikasikan mutasi dengan tingkat keakuratan tinggi.

Sejauh ini, berbagai pendekatan telah diusulkan oleh para peneliti untuk menangani tantangan dalam identifikasi mutasi gen. Pendekatan berbasis *deep learning* telah menjadi salah satu metode utama dalam analisis data genom, khususnya dalam mendeteksi dan memprediksi mutasi gen (Lailil et al., 2021). Dalam penelitian ini, perbandingan akan dilakukan antara dua algoritma *deep learning* utama, yaitu *Convolutional Neural Network* (CNN) dan *Bidirectional Long Short-Term Memory* (BiLSTM), dengan menggunakan berbagai metode *encoding* untuk mengklasifikasikan mutasi gen berdasarkan data *sekuensing* (Mahendra & Santoso, 2025).

Metode *encoding* memainkan peran penting dalam representasi data *sekuensing* genom agar dapat digunakan secara optimal oleh model *deep learning*. Data *sekuensing* terdiri dari rangkaian nukleotida yang harus dikonversi ke dalam format numerik agar dapat diproses oleh algoritma *deep learning*. Pemilihan metode *encoding* yang tepat dapat meningkatkan akurasi model serta mempercepat proses pelatihan.

Salah satu metode *encoding* yang umum digunakan adalah *One-Hot Encoding*, yang merepresentasikan setiap nukleotida dalam bentuk vektor biner. Meskipun sederhana, metode ini sering kali menghasilkan vektor dengan dimensi yang sangat besar ketika diaplikasikan pada sekuens panjang. Alternatifnya, *Embedding* (*Word2Vec* atau *Sequence Embedding*) digunakan untuk merepresentasikan sekuens DNA dalam vektor berdimensi rendah yang menangkap hubungan spasial antar nukleotida. Teknik ini memungkinkan model untuk belajar representasi yang lebih informatif dibandingkan *One-Hot Encoding*.

Metode lain yang digunakan adalah *k-mer Encoding*, yang memecah sekuens DNA menjadi potongan kecil dengan panjang tetap (*k-mers*). Representasi ini memungkinkan model untuk menangkap pola spesifik dalam data *sekuensing* dan telah terbukti meningkatkan akurasi dalam tugas klasifikasi. Selain itu, *Position Specific Scoring Matrix* (PSSM) digunakan untuk menggambarkan probabilitas kemunculan nukleotida pada posisi tertentu berdasarkan data latih. PSSM banyak digunakan dalam analisis motif genetik karena mampu menangkap pola spesifik yang tidak dapat ditangkap oleh metode *encoding* konvensional.

Dalam Upaya mengembangkan metode klasifikasi mutasi gen yang lebih akurat, berbagai algoritma machine learning telah digunakan dalam penelitian sebelumnya. Misalnya, algoritma *Random Forest* dan *Support Vector Machine* (SVM) banyak diaplikasikan dalam klasifikasi varian genetik dari data NGS dan menunjukkan performa yang cukup baik (Pellegrino et al., 2021; Yang et al., 2020). Namun, keterbatasan algoritma tersebut dalam menangkap pola kompleks dan hubungan Bidirectional LSTM (BiLSTM), mampu menangkap hubungan jangka panjang antar nukleotida dalam sekuens genom, yang penting untuk memahami pola mutasi yang lebih kompleks.

Pemilihan metode *deep learning*, khususnya *Convolutional Neural Network* (CNN) dan *Long Short-Term Memory* (LSTM), dalam penelitian ini didasarkan pada berbagai studi terkini yang menunjukkan keunggulan keduanya dibandingkan algoritma pembelajaran mesin tradisional seperti *Random Forest*, k-NN, atau SVM. CNN memiliki kemampuan mengekstraksi fitur secara otomatis dari data berdimensi tinggi tanpa membutuhkan rekayasa fitur manual, sedangkan LSTM unggul dalam menangani data sekuensial yang memiliki dependensi jangka panjang, seperti teks, sinyal biologis, maupun data genom (Kurniawan & Mustikasari, 2020; Guridno et al., 2024).

Penelitian sebelumnya menunjukkan bahwa CNN dan LSTM mampu mencapai akurasi tinggi dalam mendeteksi berita palsu berbahasa Indonesia, di mana CNN mencapai akurasi 0,88 dan LSTM 0,84, melampaui metode tradisional dalam pengenalan pola teks (Kurniawan & Mustikasari, 2020). Hal ini sejalan dengan studi yang membuktikan efektivitas model hybrid CNN–LSTM dalam analisis berita online, dengan CNN berperan sebagai ekstraktor fitur dan LSTM dalam memahami urutan teks sehingga menghasilkan akurasi yang lebih stabil dibandingkan algoritma konvensional (Guridno et al., 2024).

Dalam bidang medis, CNN–LSTM–FNN telah diimplementasikan untuk diagnosis stroke otak berbasis citra medis, dan hasilnya CNN mencapai akurasi 97% serta LSTM 94%, jauh melampaui model tradisional *Feedforward Neural Network* (70%) (Holifah & Tahyudin, 2023). Hasil serupa juga ditunjukkan dalam klasifikasi kulit penderita diabetes, di mana LSTM memperoleh akurasi tertinggi

(94%), diikuti CNN (87%) dan FNN (82%) (Arifin et al., 2023). Temuan ini menegaskan bahwa CNN dan LSTM lebih adaptif terhadap kompleksitas data medis maupun biologis yang memiliki pola spasial dan temporal.

Pada penelitian lain, keunggulan CNN dan LSTM dalam data *time series* juga terbukti, di mana LSTM unggul dalam menurunkan error prediksi, sementara CNN lebih efisien secara komputasi hingga 84% lebih cepat (Sukatmo et al., 2023). Hal ini penting dalam konteks bioinformatika, karena data *sekuensing* DNA bersifat sekuensial sekaligus memiliki motif lokal yang perlu ditangkap secara efisien.

Jika dibandingkan dengan algoritma tradisional, CNN terbukti mampu mencapai akurasi 98% dalam prediksi peralihan pelanggan, lebih tinggi dibandingkan Random Forest (Kusuma et al., 2023). Namun, pada kasus tertentu Random Forest masih kompetitif, seperti dalam deteksi hoaks dan klasifikasi teks multilabel, di mana Random Forest sedikit lebih unggul dibanding CNN atau LSTM (Pramudya et al., 2023; Ahmad et al., 2023). Fakta ini menunjukkan bahwa meskipun algoritma tradisional masih relevan, CNN dan LSTM menawarkan keunggulan khusus dalam kasus data berdimensi tinggi dan sekuensial, yang relevan untuk penelitian mutasi gen.

Dengan demikian, penggunaan CNN dan LSTM dalam penelitian ini didasarkan pada bukti empiris bahwa kedua algoritma *deep learning* tersebut memiliki keunggulan dalam mengekstraksi fitur kompleks, memahami dependensi jangka panjang, serta menghasilkan akurasi yang lebih baik dalam berbagai studi lokal (Kurniawan & Mustikasari, 2020; Holifah & Tahyudin, 2023; Arifin et al., 2023; Guridno et al., 2024; Sukatmo et al., 2023). Hal ini menjadikan CNN dan LSTM pilihan yang tepat untuk menganalisis data *sekuensing* DNA yang bersifat kompleks, non-linear, dan berurutan

CNN dan BiLSTM adalah dua pendekatan utama dalam *deep learning* yang digunakan untuk menganalisis data *sekuensing* genom (Nugroho & Religia, 2021). Meskipun keduanya memiliki keunggulan masing-masing, efektivitasnya sangat bergantung pada metode *encoding* yang digunakan dalam representasi data.

Convolutional Neural Network (CNN) memiliki keunggulan dalam menangkap pola spasial dan fitur lokal dalam sekuens DNA. CNN bekerja dengan

menerapkan filter konvolusi yang memungkinkan model untuk mengenali motif berulang yang dapat mengindikasikan mutasi genetik. Dalam klasifikasi mutasi gen, CNN sering dikombinasikan dengan metode *encoding* seperti *k-mer Encoding* dan PSSM untuk meningkatkan akurasi.

Di sisi lain, BiLSTM lebih unggul dalam menangani data sekuensial karena kemampuannya dalam menangkap hubungan jangka panjang antar nukleotida dalam sekuens DNA. BiLSTM dapat mempertahankan informasi dari sekuens sebelumnya, yang sangat penting dalam memahami pola mutasi yang kompleks. Metode encoding seperti *Word2Vec* atau *Sequence Embedding* sering digunakan dengan BiLSTM untuk menangkap hubungan semantik antar nukleotida dan meningkatkan performa model.

Dalam penelitian ini, evaluasi akan dilakukan untuk membandingkan performa CNN dan BiLSTM dengan menggunakan keempat metode *encoding* yang disebutkan di atas. Analisis akan dilakukan berdasarkan metrik evaluasi seperti akurasi, presisi, *recall*, dan *F1-score* untuk menentukan pendekatan terbaik dalam klasifikasi mutasi gen.

Dengan mempertimbangkan pentingnya prediksi mutasi gen dalam dunia medis dan penelitian, studi ini diharapkan dapat memberikan informasi yang lebih mendalam mengenai performa algoritma serta faktor-faktor yang berkontribusi terhadap efektivitasnya dalam menganalisis data genom. Selain itu, penelitian ini dapat berkontribusi pada pengembangan metode yang lebih efisien dan akurat untuk membantu deteksi dini penyakit genetik serta mendukung perkembangan terapi berbasis genetika yang lebih presisi.

Ke depan, pengembangan model berbasis *deep learning* yang lebih efisien dan adaptif terhadap perubahan data genom diharapkan dapat meningkatkan performa analisis mutasi gen. Selain itu, integrasi dengan sistem berbasis *cloud computing* dapat mempercepat pemrosesan data genom dalam skala besar serta memungkinkan kolaborasi yang lebih luas antara peneliti di berbagai institusi. Dengan demikian, penerapan *deep learning* dalam bioinformatika akan terus berkembang dan berkontribusi dalam peningkatan layanan kesehatan berbasis genetika.

Berdasarkan latar belakang tersebut maka penulis mengajukan penelitian dengan judul "**Perbandingan Algoritma Klasifikasi dalam Memprediksi Mutasi Gen pada Data *Sekuensing* Menggunakan Metode Encoding**".

1.2. Identifikasi Masalah

Berbagai algoritma klasifikasi telah digunakan dalam analisis mutasi gen, tetapi masih terdapat tantangan dalam menentukan algoritma yang paling optimal dalam berbagai skenario. Setiap metode memiliki keunggulan dan keterbatasan yang berbeda, tergantung pada struktur data, metode pre-processing, dan parameter yang digunakan. Selain itu, kompleksitas data *sekuensing* dapat mempengaruhi performa masing-masing algoritma dalam mengklasifikasikan mutasi gen dengan akurat. Oleh karena itu, penelitian ini berfokus pada identifikasi masalah utama dalam menentukan algoritma terbaik untuk memprediksi mutasi gen dengan akurasi dan efisiensi tinggi.

Dalam analisis mutasi gen menggunakan *deep learning*, metode *encoding* memainkan peran krusial dalam merepresentasikan data *sekuensing* secara optimal agar dapat diolah oleh algoritma klasifikasi. Metode *encoding* yang tepat dapat meningkatkan akurasi model dengan mengubah data *sekuensing* menjadi format yang lebih mudah dikenali oleh algoritma. Beberapa metode encoding yang umum digunakan meliputi *One-Hot Encoding*, *Embedding (Word2Vec atau Sequence Embedding)*, *k-mer Encoding*, dan *Position Specific Scoring Matrix (PSSM)*. Pemilihan metode encoding yang sesuai dapat mempengaruhi performa model *deep learning* seperti CNN dan BiLSTM dalam mendeteksi pola mutasi gen.

Dengan mempertimbangkan pentingnya metode *encoding* dan karakteristik berbagai algoritma, penelitian ini bertujuan untuk membandingkan performa CNN dan BiLSTM dalam klasifikasi mutasi gen berdasarkan metode *encoding* yang berbeda. Studi ini diharapkan dapat memberikan wawasan lebih mendalam mengenai kombinasi optimal antara algoritma klasifikasi dan metode *encoding*, sehingga dapat menghasilkan model prediktif yang lebih akurat dan efisien dalam analisis mutasi gen.

1.3. Perumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang tersebut, rumusan masalah dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Algoritma klasifikasi mana yang memberikan performa terbaik dalam memprediksi mutasi gen berdasarkan data *sekuensing*?
2. Bagaimana perbandingan akurasi, sensitivitas, spesifisitas, dan waktu komputasi antara algoritma CNN dan BiLSTM?
3. Kombinasi algoritma *deep learning* dan metode *encoding* (*One-Hot Encoding*, *Embedding* (*Word2Vec* atau *Sequence Embedding*), *k-mer Encoding*, dan *Position Specific Scoring Matrix* (PSSM)) apa yang memberikan kinerja paling baik dalam hal akurasi, presisi, *recall* dan *F1-score*.

1.4. Tujuan Penelitian

Dalam mengarahkan penelitian dan memberikan pemahaman yang jelas tentang apa yang ingin dicapai melalui penelitian ini, maka ditetapkan tujuan penelitian yaitu:

1. Menganalisis performa beberapa algoritma klasifikasi dalam memprediksi mutasi gen berdasarkan data *sekuensing*.
2. Membandingkan keakuratan, sensitivitas, spesifisitas, dan efisiensi komputasi dari CNN dan BiLSTM.
3. Memberikan rekomendasi kombinasi antara algoritma dan metode encoding terbaik untuk diterapkan dalam penelitian bioinformatika dan aplikasi klinis.

1.5. Kebaruan

Penelitian ini berkontribusi dengan memberikan analisis komprehensif terhadap beberapa algoritma klasifikasi dalam mendeteksi mutasi gen berdasarkan data *sekuensing*. Berbeda dari penelitian sebelumnya, studi ini tidak hanya mengevaluasi akurasi model, tetapi juga membandingkan sensitivitas, spesifisitas, dan efisiensi komputasi dari algoritma yang digunakan. Hal ini memungkinkan

pemilihan metode yang tidak hanya unggul dalam aspek keakuratan, tetapi juga dalam aspek keandalan dan efisiensi pemrosesan.

Salah satu aspek utama yang menjadi fokus penelitian ini adalah peran metode *encoding* dalam klasifikasi mutasi gen. Representasi data *sekuensing* memainkan peran penting dalam menentukan performa algoritma *deep learning*. Oleh karena itu, penelitian ini membandingkan berbagai metode *encoding*, seperti *One-Hot Encoding*, *Embedding (Word2Vec* atau *Sequence Embedding)*, *k-mer Encoding*, dan *Position Specific Scoring Matrix (PSSM)*, untuk mengevaluasi bagaimana masing-masing metode dapat mempengaruhi hasil klasifikasi. Dengan meninjau perbedaan performa metode *encoding* dalam algoritma CNN dan BiLSTM, penelitian ini memberikan wawasan mengenai pendekatan optimal dalam mengolah data *sekuensing* genom secara lebih akurat dan efisien.

Selain itu, penelitian ini meneliti dampak berbagai parameter model terhadap performa klasifikasi, yang sering kali diabaikan dalam studi sebelumnya. Dengan melakukan analisis parameter yang lebih mendalam, penelitian ini dapat memberikan rekomendasi terkait bagaimana *tuning* model yang optimal untuk meningkatkan performa klasifikasi. Aspek ini penting mengingat setiap dataset memiliki karakteristik unik yang dapat memengaruhi hasil prediksi mutasi gen (Muammar & Pakpa, 2024).

Studi ini juga mempertimbangkan aspek praktis dalam implementasi model klasifikasi di dunia nyata, termasuk kebutuhan komputasi dan keterbatasan sistem dalam menangani data berukuran besar. Dengan meninjau efisiensi waktu dan sumber daya yang dibutuhkan oleh masing-masing algoritma serta dampak metode *encoding* terhadap efisiensi komputasi, penelitian ini dapat memberikan wawasan mengenai algoritma dan metode *encoding* yang paling sesuai untuk diterapkan dalam analisis mutasi gen pada skala industri dan klinis (Parwito et al., 2024).

Penelitian ini tidak hanya berfokus pada algoritma tunggal, tetapi juga mempertimbangkan bagaimana kombinasi berbagai metode dapat meningkatkan kinerja klasifikasi. Dengan mengeksplorasi kemungkinan kombinasi antara algoritma *deep learning* dengan metode *encoding* pada data *sekuensing*, penelitian

ini dapat memberikan wawasan tambahan mengenai strategi terbaik dalam mengklasifikasikan mutasi gen secara lebih akurat dan efisien.

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi signifikan dalam pengembangan metode klasifikasi untuk analisis mutasi gen serta meningkatkan pemahaman tentang bagaimana teknologi *deep learning* dapat diterapkan dalam bidang bioinformatika (Lailil et al., 2021). Dengan mempertimbangkan aspek *encoding* sebagai faktor penting dalam keberhasilan model, studi ini dapat menjadi referensi bagi pengembang sistem prediksi berbasis AI dalam bidang genetika dan kedokteran. Diharapkan, hasil penelitian ini dapat berkontribusi dalam meningkatkan deteksi dini dan personalisasi terapi bagi pasien dengan kondisi genetik tertentu.

1.6. Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan memberi manfaat yang signifikan, baik dalam konteks akademik maupun praktis. Berikut adalah beberapa manfaat potensial dari penelitian ini:

1. Memberikan wawasan mendalam mengenai performa berbagai algoritma klasifikasi dalam memprediksi mutasi gen. Hal ini bermanfaat bagi peneliti bioinformatika untuk memilih pendekatan yang tepat sesuai karakteristik dataset *sekuensing* yang digunakan.
2. Mendukung evaluasi perbandingan antara CNN dan BiLSTM, sehingga menghasilkan pemahaman yang lebih komprehensif mengenai tingkat keakuratan, sensitivitas, spesifisitas, dan efisiensi komputasi dari kedua algoritma. Hasilnya dapat menjadi referensi dalam menentukan model yang paling sesuai untuk studi bioinformatika maupun penerapan klinis.
3. Memberikan rekomendasi praktis mengenai kombinasi algoritma dan metode *encoding* terbaik. Hal ini akan mendukung pengembangan metode prediksi mutasi gen yang lebih akurat serta berkontribusi dalam aplikasi klinis, khususnya dalam deteksi dini, diagnosis, maupun perancangan terapi berbasis profil genetik.

1.7. Pembatasan Masalah

Agar penelitian ini lebih terfokus, beberapa batasan masalah yang ditetapkan adalah:

1. Penelitian ini hanya berfokus pada algoritma CNN dan BiLSTM tanpa mempertimbangkan algoritma lain.
2. Metode encoding yang digunakan dalam penelitian ini hanya terbatas kepada *One-Hot Encoding*, *Embedding (Word2Vec* atau *Sequence Embedding)*, *k-mer Encoding*, dan *Position Specific Scoring Matrix (PSSM)*.
3. Data yang digunakan dalam penelitian ini bersumber dari dataset publik dan tidak mencakup seluruh variasi mutasi gen yang ada.
4. Penelitian ini lebih menitikberatkan pada evaluasi performa algoritma dibandingkan dengan interpretasi biologis dari hasil prediksi.
5. Studi ini tidak membahas aspek teknis terkait optimalisasi *hardware* atau distribusi data pada sistem komputasi tinggi, yang dapat mempengaruhi efisiensi pemrosesan data skala besar.

1.8. Sistematika Penulisan

Berikut ini merupakan sistematika penulisan pada Proposal Tesis:

BAB I PENDAHULUAN

Pada bab I berisi latar belakang, identifikasi masalah, perumusan masalah, tujuan penelitian, kebaruan, manfaat penelitian, pembatasan masalah, dan sistematika penulisan.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA DAN LANDASAN TEORI

Pada bab II berisi tinjauan pustaka yang memuat penelitian-penelitian terdahulu dan landasan teori yang memuat teori-teori yang berkaitan dengan penelitian.

BAB III METODOLOGI PENELITIAN

Bab III berisi waktu dan tempat penelitian, prosedur penelitian, dan jadwal penelitian.

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

Bab IV akan membahas hasil dan perbandingan hasil dari dua algoritma dengan tiap tiap metode encoding yang dibandingkan. Selanjutnya dilakukan pembahasan dan analisa terhadap masing-masing pasangan algoritma dan metode encoding.

BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

Pada bab ini akan disimpulkan hasil dari penelitian dan juga saran untuk pengembangan penelitian selanjutnya.

DAFTAR PUSTAKA

Daftar pustaka berisi referensi-referensi yang digunakan sebagai landasan penelitian.

