

ABSTRAK

Mencari kemiripan pada *sequence* DNA, RNA atau protein dalam disiplin ilmu Bioinformatika bermanfaat untuk menemukan hubungan struktur, fungsi dan evolusi antar organisme. BLAST merupakan perangkat analisa kemiripan *sequence* biologi yang membandingkan satu *sequence* terhadap kumpulan *sequence* dalam suatu basis data dengan komputasi dilakukan secara berpasangan untuk semua *sequence*. Peningkatan koleksi *sequence* dalam basis data dapat memperpanjang proses pencarian similaritasnya. Hadoop Mapreduce digunakan sebagai framework komputasi yang dapat meningkatkan performa komputasi BLAST karena pada prinsipnya operasi perbandingan berpasangan adalah saling independen sehingga bisa diparalelkan. Tugas Akhir ini mengukur tingkat efisiensi komputasi BLAST dengan memanfaatkan *framework* hadoop. Hasil penelitian menunjukkan *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) yang dibangun pada Hadoop berturut-turut terjadi percepatan dan cluster hadoop dengan 3 node 33x lebih cepat dibanding tanpa menggunakan Hadoop.

Kata kunci: Bioinformatika, BLAST, Sequence Alignment, Hadoop, Mapreduce