

ABSTRAK

Terdapat kebutuhan analisis biologi dengan melakukan pencarian similaritas pada *sequence* biologi (RNA, DNA, protein). Pencarian similaritas dalam permasalahan ilmu komputer adalah permasalahan *string matching*. *String matching* pada kebutuhan analisis biologi bisa dilakukan dengan membandingkan pasangan string atau *sequence* biologi (*pairwise sequence alignment*) atau membandingkan kelompok *sequence* biologi (*multiple sequence alignment*). Algoritma utama dalam *pairwise alignment* ataupun *multiple sequence alignment* adalah *Dynamic programming* (DP).

Bit-parallelism atau *Bit-Vector* merupakan salah satu algoritma yang dikembangkan dari algoritma DP, yang mengadaptasi cara kerja pemrosesan word di dalam sistem komputer. *Word* merupakan unit yang terdiri dari kumpulan data biner. *Bit-parallelism* melakukan transformasi unit komputasi pada *DP matrix* menjadi unit-unit word.

Dalam penelitian ini telah mengimplementasikan dua buah algoritma yaitu *dynamic programming* dan *bit-parallelism* untuk mencari kecocokan antara dua buah *input string* dan membandingkan kecepatan dan tingkat kompleksitas antara dua buah algoritma tersebut.

Hasil dari penelitian ini adalah kedua algoritma dipengaruhi oleh lingkungan tempat algoritma itu dijalankan dalam hal ini penulis menggunakan Matlab dan VS code. Di Lingkungan Matlab, *Dynamic Programming Matrix* memiliki kecepatan lebih tinggi dikarenakan dalam matlab pengoperasian level bit menggunakan *library* dan itu menambahkan waktu ketika *bit-parallelism* diimplementasikan. Sedangkan pada lingkungan VS code dihasilkan bahwa *bit-parallelism* memiliki waktu yang lebih cepat dibandingkan dengan DP Matrix dan mendapatkan efisiensi 98% lebih baik.

Kata Kunci: Pencocokan kata, *Bit-Parallelism*, *Dynamic Programming Matrix*.