

Abstrak

Multiple sequence alignment merupakan salah satu masalah fundamental pada bidang bioinformatika karena merupakan langkah awal untuk menganalisa *phylogenetics tree* organisme, memprediksi struktur kedua dan ketiga dari protein dan RNA, dan lain sebagainya. Sejumlah metode dan pendekatan telah dipublikasikan selama lebih dari 30 tahun terakhir. Namun belum ada satu *tool* pun yang dapat secara mangkus menyelesaikan masalah *multiple sequence alignment*.

Metode *dynamic programming* telah terbukti dapat menangani masalah *pairwise sequence alignment* secara efektif dan efisien baik pada *global*, maupun *local alignment*. Namun, ketika dikembangkan untuk menangani *multiple sequence alignment*, metode *dynamic programming* membutuhkan *resource* yang sangat besar.

Untuk itu, pada tugas akhir ini, digunakan metode *divide-and-conquer* untuk mengefisiensikan memory yang digunakan *dynamic programming* untuk melakukan *multiple sequence alignment*.

Dengan menerapkan metode *divide-and-conquer*, kompleksitas ruang untuk melakukan *multiple sequence alignment* dapat berkurang dari $O(n_m^k)$, dimana n_m merupakan panjang maksimum *sequence* awal dan k merupakan banyaknya *sequence* yang di-align, menjadi $O(\hat{n}_m^k)$, dimana \hat{n}_m merupakan batas panjang maksimum *sequence* yang diperbolehkan. Namun, akibat penggunaan *divide-and-conquer*, hasil *alignment* menjadi tidak optimal (*approximate*). Untuk memperbaiki hasil *alignment* agar kembali optimal, digunakan *iterative refinement*. Kompleksitas ruangnya kemudian menjadi $O(L^k)$, dimana L merupakan limit yang digunakan.

Kata kunci: Bioinformatika, *multiple sequence alignment*, *global sequence alignment*, Efisiensi memory, optimasi, *exact method*, *dynamic programming*, *divide-and-conquer*, *iterative refinement*.