

ABSTRAK

Struktur sekunder protein memainkan peran penting dalam menentukan fungsinya dalam sel dan memiliki kontribusi besar dalam bidang biomedis, termasuk dalam pengembangan obat dan desain vaksin. Namun, metode eksperimental untuk mengidentifikasi struktur ini, seperti kristalografi sinar-X dan spektroskopi NMR, memerlukan biaya tinggi dan waktu lama sehingga mengakibatkan lambatnya kemajuan dalam penelitian dan penemuan terkait protein. Oleh karena itu, prediksi struktur sekunder protein berbasis komputasi menjadi solusi yang banyak diminati. Penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan model prediksi struktur sekunder protein ke dalam skema 8 kelas (Q8) menggunakan arsitektur *Bidirectional Long Short-Term Memory* (Bi-LSTM) yang mampu menangkap informasi sekuensial dari dua arah, sehingga meningkatkan akurasi prediksi. Implementasi model dilakukan dengan menggunakan dataset CullPDB untuk pelatihan dan validasi serta dataset CB513 untuk pengujian. *Hyperparameter* model seperti *optimizer*, *learning rate*, *dropout rate*, dan jumlah lapisan LSTM juga dijadikan sebagai objek penelitian, dimana *hyperparameter* tersebut dilakukan *tuning* untuk mencapai performa optimal. Evaluasi model dilakukan menggunakan metrik akurasi untuk skema Q8 dan *confusion matrix*, serta analisis lebih lanjut melalui *precision*, *recall*, dan *F1-score* pada tiap kelas struktur sekunder. Hasil penelitian menunjukkan bahwa kombinasi *hyperparameter* terbaik, yaitu *optimizer* Adam, *learning rate* 1×10^{-3} , *dropout rate* 0.1, dan dua lapisan LSTM, memberikan akurasi tertinggi sebesar 91,33% pada data validasi dan 67,28% pada data uji CB513. Kesimpulannya, model Bi-LSTM menunjukkan performa yang baik dalam prediksi struktur sekunder protein, meskipun masih menghadapi tantangan dalam menangani kelas dengan jumlah data yang lebih sedikit.

Kata kunci : Prediksi struktur sekunder protein, Bi-LSTM, *Tuning Hyperparameter*, Skema Q8