

BAB VI

KESIMPULAN

a. KESIMPULAN

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menganalisa kestabilan suatu protein yang dimutasi secara *multiple position* (pada banyak posisi dari *sequencenya*). SVM yang dilakukan menggunakan 2 set data yang berbeda, pemilihan set data untuk di training dan di testing ini berdasar kepada tipe data yang di duga memberikan pengaruh terhadap kestabilan protein termutasi. Data set tersebut dibagi menjadi 2 yaitu SVM 1 – L20 untuk residu asam amino yang berbeda dalam setiap pasang data *sequence* dalam data set dan SVM L20 – L400 untuk *sequence* dengan komposisi dipeptida yang berbeda. Jumlah data protein yang digunakan untuk di training berasal dari ke 10 family protein dengan mengacu pada penelitian Annuru (2002) dan Salazar(2000). Hasil akhir, SVM memberikan tingkat keakurasian yang tidak jauh berbeda untuk ke 2 tipe data, yaitu sebesar 86% untuk L20 (SVM berhasil mengidentifikasi 12 dari 14 jenis protein) dan 79% untuk L400 (SVM berhasil mengidentifikasi 11 dari 14 jenis protein). Dari permasalahan penelitian yang dianalisa penulis, SVM berhasil menjawab :

1. Adanya korelasi antara perpanjangan asam amino protein termutasi dengan *wildtypenya* terhadap perubahan stabilitas protein termutasi, sesuai dengan apa yang dihasilkan dari penelitian yang dilakukan oleh Annuru dan Salazar melalui *experimental manualnya*. Dimana perpanjangan mutasi asam amino dari protein *wildtypenya* akan memberikan pengaruh terhadap stabilitas protein mutant yaitu

bertambahnya suhu temperature optimumnya atau dengan kata lain, menjadi thermostabil (data dapat di lihat pada table 5.3 hal 76)

2. Metode SVM berhasil memberikan keakuratan dalam memprediksi 12 dari 14 jenis protein untuk SVM L20 dan 11 dari 14 jenis protein untuk 14 jenis protein yang dimutasi terhadap perubahan kestabilitasnya (mengacu pada data dari experimental Annuru (2002) dan Salazar (2000).
3. Secara garis besar, penerapan TI dapat memberikan bantuan terhadap pengambilan keputusan untuk penentuan experimental yang akan dilakukan, dibandingkan dengan melakukan pengerjaan langsung secara manual tanpa adanya data pasti yang mendukung keberhasilan experimental. Metode *machine learning* dengan SVM merupakan metode yang dapat memberikan bantuan untuk menunjang pengambilan keputusan experimental.

b. SARAN

Penerapan SVM dalam bidang bioinformatika khususnya untuk menganalisa masalah mengenai protein, masih terbatas. Sementara banyak hal yang dapat memberikan pengaruh perubahan terhadap sifat fisika-kimia dari suatu protein jika saja terdapat kesempatan untuk melakukan experimental lebih jauh lagi. Dalam penelitian ini, penulis melakukan analisa terhadap pengaruh mutasi asam amino tetapi tidak di spesifikasi terhadap jenis dan golongan dari asam amino apa saja yang memberikan efek kontribusi yang besar terhadap kestabilan

protein. Dan SVM merupakan salah satu metode yang dapat digunakan untuk menjawab permasalahan tersebut lebih lanjut.

