

## ABSTRAK

Modifikasi pasca-translasi (PTM) adalah mekanisme penting yang terlibat dalam pengaturan fungsi protein yang terdiri dari berbagai macam seperti, fosforilasi, glikosilasi, ubiquitinasi, metilasi, asetilasi, dan lipidasi. Salah satu modifikasi pasca-translasi yang paling umum adalah modifikasi pasca-translasi asetilasi yang terjadi pada protein lisin. Asetilasi pada protein lisin adalah modifikasi besar pasca-translasi yang memainkan peran penting dalam berbagai proses biologis penting, seperti ekspresi gen, metabolisme. *Support Vector Machine* (SVM) adalah metode *machine learning* yang bekerja atas prinsip *Structural Risk Minimization* (SRM) dengan tujuan menemukan *hyperplane* terbaik yang memisahkan dua buah *class* pada *input space* dan merupakan metode klasifikasi yang digunakan untuk mengolah data yang bersifat linear maupun non-linear. Oleh karena itu dilakukan penelitian ini yang bertujuan untuk mengklasifikasikan dan mendapatkan hasil prediksi dari data asetilasi pada *sequence* protein lisin menggunakan *Support Vector Machine*. Hasil prediksi dari 3 kernel *Support Vector Machine*, didapatkan akurasi pada kernel Linear 82.78%, kernel Polynomial 95.68% dan kernel Gaussian 97.52%.

**Kata kunci:** *Post-Translational Modification*, *Support Vector Machine*, Asetilasi