

ABSTRAK

KLASIFIKASI ASETILASI DAN METILASI PADA DNA HISTON RAGI MENGUNAKAN METODE *CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK*

Oleh

MUHAMAD SEPRYAN ASTRAYESA

Penelitian ini menyajikan studi eksperimental tentang klasifikasi DNA ragi menggunakan Convolutional Neural Network (CNN) dengan pengkodean *one-hot* pada data DNA. Tujuannya adalah untuk menyelidiki kinerja model CNN dalam mengklasifikasikan urutan DNA ragi secara akurat. Tiga percobaan dilakukan, masing-masing dengan variasi arsitektur model dan teknik pelatihan. Hasilnya dievaluasi berdasarkan metrik akurasi, daya ingat, dan presisi. Di antara ketiga eksperimen tersebut, Eksperimen 3 menunjukkan hasil yang paling menjanjikan. Model yang dilatih mencapai akurasi rata-rata 84,10%, recall 83,27%, dan presisi 86,87% selama fase pelatihan. Namun pada tahap pengujian, model menunjukkan penurunan performa yang sedang, menghasilkan akurasi rata-rata 65,32%, recall 65,13%, dan presisi 69,51%. Meskipun terlihat penurunan performa selama pengujian, Eksperimen 3 mengungguli eksperimen lain dalam hal akurasi klasifikasi. Temuan menunjukkan potensi model CNN untuk secara akurat mengklasifikasikan urutan DNA ragi. Penelitian lebih lanjut diperlukan untuk mengatasi kesenjangan kinerja antara fase pelatihan dan pengujian, dengan fokus pada pengoptimalan arsitektur model dan teknik pelatihan untuk meningkatkan kemampuan generalisasi sistem klasifikasi.

Kata Kunci: Klasifikasi DNA, Jaringan Saraf Konvolusi, pengkodean *one-hot*, metilasi, asetilasi.

ABSTRAK

KLASIFIKASI ASETILASI DAN METILASI PADA DNA HISTON RAGI MENGUNAKAN METODE *CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK*

Oleh

MUHAMAD SEPRYAN ASTRAYESA

This study presents an experimental investigation into the classification of yeast DNA sequences using Convolutional Neural Networks (CNNs) with one-hot encoding applied to the DNA data. The primary objective is to evaluate the performance of CNN models in accurately classifying yeast DNA sequences. Three experiments were conducted, each employing variations in model architecture and training techniques. The outcomes were assessed based on accuracy, recall, and precision metrics. Among the three, Experiment 3 yielded the most promising results. During the training phase, the model achieved an average accuracy of 84.10%, recall of 83.27%, and precision of 86.87%. However, in the testing phase, the model exhibited a moderate performance decline, with an average accuracy of 65.32%, recall of 65.13%, and precision of 69.51%. Despite the observed performance drop during testing, Experiment 3 outperformed the other configurations in terms of classification accuracy. These findings highlight the potential of CNN-based models to effectively classify yeast DNA sequences. Further research is necessary to bridge the performance gap between training and testing phases, focusing on model architecture optimization and training strategies to enhance the generalization capabilities of the classification system.

Keywords: DNA classification, Convolutional Neural Network, one-hot encoding, methylation, acetylation.