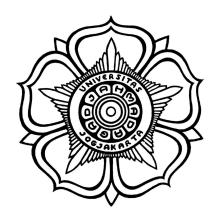
LAPORAN TUGAS BIOINFORMATIKA IMPLEMENTASI SUPPORT VECTOR MACHINE UNTUK PREDIKSI STRUKTUR SEKUNDER PROTEIN



HERY CIAPUTRA

15/385649/PA/17034

PROGRAM STUDI S1 ILMU KOMPUTER DEPARTEMEN ILMU KOMPUTER DAN ELEKTRONIKA FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM UNIVERSITAS GADJAH MADA YOGYAKARTA 2019

Analisis Data

Data adalah kumpulan 126 sekuens primer dan sekunder protein yang berkorespondensi secara berturut-turut tiap baris oleh Rost dan Sander. Dataset kemudian dinamakan RS126. Contoh tampilan dari data:

Membaca data dan membuat list untuk data

```
lineList = [line.rstrip('\n') for line in open('RS126.data')]
```

Membagi data ke list primer dan sekunder

```
prm,skn = lineList[::2], lineList[1::2]
```

Mencari dan menghapus sekuens yang tidak memiliki panjang yang sama antara primer dan sekundernya

```
for i in range(len(prm)-1):
    if (len(prm[i]) != len(skn[i])):
    prm.pop(i)
    skn.pop(i)
```

Memisahkan tiap asam amino menjadi elemen sendiri

```
def split(word):
    return [char for char in word]

prm2 = []
    skn2 = []
    for i in range(len(prm)-1):
        prm2.append(split(prm[i]))
        skn2.append(split(skn[i]))
```

Menggabungkan tiap baris

```
import numpy as np
prm2 = np.concatenate(prm2)
```

```
skn2 = np.concatenate(skn2)
```

Feature Embedding

Interpretasi data kemudian dilakukan dengan mengubah tiap asam amino primer menjadi One Hot Encoding dan sekunder menjadi Integer Encoding

```
from numpy import array
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder

val1 = array(prm2)
val2 = array(skn2)
le = LabelEncoder()
ie = le.fit_transform(val1)
skn3 = le.fit_transform(val2)
ohe = OneHotEncoder(sparse=False)
ie = ie.reshape(len(ie), 1)
prm3 = ohe.fit_transform(ie)
```

Contoh tampilan list primer menjadi

Contoh tampilan list sekunder menjadi

```
array([0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 1, 0, 0])
```

Penerapan SVM

Penerapan SVM menggunakan library scikit-learn

```
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn import svm

X_train, X_test, y_train, y_test = train_test_split(prm3, skn3, test_size = 0.20)
svc = SVC()
svc.fit(X_train, y_train)
```

	precision		f1-score	support
0	0.52	0.69	0.59	1971
1	0.39	0.22	0.28	1036
2	0.45	0.40	0.42	1478
accuracy			0.48	4485
macro avg	0.45	0.43	0.43	4485
weighted avg	0.47	0.48	0.46	4485

Digunakan GridSearch untuk melakukan parameter tuning

Dan didapatkan hasil

```
{'C': 0.1, 'gamma': 1, 'kernel': 'rbf'} SVC(C=0.1, cache_size=200, class_weight=None, coef0=0.0, decision_function_shape='ovr', degree=3, gamma=1, kernel='rbf', max_iter=-1, probability=False, random_state=None, shrinking=True, tol=0.001, verbose=False)
```

Hasil yang didapatkan tidak berbeda dengan tanpa GridSearch yaitu

	precision	recall f1-score		support
(0.52	0.69	0.59	1971
1	0.39	0.22	0.28	1036
2	0.45	0.40	0.42	1478
accuracy	y		0.48	4485
macro avg	9 0.45	0.43	0.43	4485
weighted avg	0.47	0.48	0.46	4485