

BAB VII

KESIMPULAN DAN SARAN

7.1 Kesimpulan

Dari penelitian yang telah dilakukan dapat ditarik beberapa kesimpulan sebagai berikut:

1. Pembuatan sistem prediksi struktur sekunder protein telah berhasil dilakukan dengan model Deep Learning dengan lapisan konvolusi dan Bidirectional Gated Recurrent Unit. Model terdiri dari 3 lapisan konvolusi yang disusun secara paralel, dan Bidirectional GRU.
2. Akurasi yang didapat pada CB513 adalah 68,16%, sedangkan akurasi pada test set CullPDB adalah 69,38%.
3. *Loss* terendah diperoleh dengan nilai masing-masing parameter berupa jumlah *epoch* 83, *learning rate* 0,0001, menggunakan Batch Normalization, tidak menggunakan Gradient Clipping, dan tidak menggunakan regularisasi L2.
4. Didapatkan hasil bahwa Batch Normalization mempercepat konvergensi model hingga 3x lipat.

7.2 Saran

Dalam penelitian ini masih ada beberapa aspek yang dapat ditingkatkan lagi pada penelitian selanjutnya. Beberapa saran untuk penelitian selanjutnya:

1. Mencoba menggunakan lapisan Embedding pada fitur orthogonal/*one-hot* sebelum ditumpuk dengan PSSM, karena dengan lapisan Embedding, Li & Yu (2016) berhasil menaikkan akurasi dari 68.9% menjadi 69.4%.

2. Menambah jumlah *hidden layer* pada model, baik itu pada lapisan konvolusi, Bidirectional-RNN, maupun lapisan *fully-connected*, atau mengganti dengan arsitektur yang lebih optimal.
3. Melakukan inisialisasi bobot dengan metode lain, seperti Data-dependent Initialization seperti yang dilakukan Krahenbuhl, dkk. (2016) dan Salimans & Kingma (2016) dalam dua penelitian berbeda, karena menurut Krahenbuhl, dkk. (2016), miscalibrasi pada bobot inisial dapat menyebabkan konvergensi yang buruk.
4. Menggunakan fungsi aktivasi lain seperti Leaky ReLU dan Parametric ReLU, seperti telah dibahas pada Subbab 3.7.2.