

ABSTRAK

MHD. HIDAYAT, NIM 4183550012 (2023). Pemodelan Interaksi Protein-Protein Dari Tanaman Obat Pada Penyakit Kanker Menggunakan Metode *Recurrent Neural Network*.

Salah satu penyakit yang memiliki tingkat kematian tinggi adalah kanker, dan jumlah penderitanya terus bertambah setiap tahun. Pendekatan eksperimental untuk mempelajari interaksi protein-protein membutuhkan banyak sumber daya seperti waktu, tenaga, dan uang. Penggunaan obat herbal dalam jangka waktu yang panjang menimbulkan dampak negatif yang lebih sedikit jika dibandingkan dengan penggunaan obat konvensional. Pemodelan dengan metode *Recurrent Neural Network* digunakan untuk mengklasifikasikan interaksi protein-protein yang berasosiasi pada penyakit kanker. Tahapan dalam melakukan pemodelan pada penelitian ini adalah pengumpulan data, pra-proses data, pembangunan model, evaluasi model, prediksi interaksi protein-protein, dan analisis. Hasil penelitian menunjukkan bahwa pemodelan *Recurrent Neural Network* memiliki tingkat akurasi dengan arsitektur LSTM adalah sebesar 93% serta dengan 0.05% tingkat *Mean Square Error* (MSE) sedangkan dengan arsitektur *Bidirectional LSTM* adalah sebesar 97% serta dengan 0.01% tingkat *Mean Square Error* (MSE). Protein yang diidentifikasi sebagai protein yang penting (signifikan) adalah protein NTRK2 dan VEGFA. Tanaman obat yang cocok untuk dijadikan kandidat obat alternatif adalah *Codonopsis pilosula*., *Rehmannia glutinosa*, dan *Lycium chinense*.

Kata Kunci: *RNN, LSTM, In Silico, Protein, Cancer.*

ABSTRACT

MHD. Hidayat, NIM 4183550012 (2023). Modeling of Protein-Protein Interactions from Medicinal Plants in Cancer Using the Recurrent Neural Network Method.

One of the diseases with a high mortality rate is cancer, and the number of patients continues to increase every year. Experimental approaches to studying protein-protein interactions require significant resources such as time, energy, and money. The long-term use of herbal medicine has fewer negative impacts compared to conventional drug usage. Modeling with the Recurrent Neural Network method is used to classify protein-protein interactions associated with cancer. The stages in conducting this research include data collection, data preprocessing, model creation, model evaluation, protein-protein interaction prediction, and analysis. The research results show that the Recurrent Neural Network modeling has an accuracy rate of 93% with LSTM architecture, with a Mean Square Error (MSE) rate of 0.05%. Meanwhile, with Bidirectional LSTM architecture, the accuracy rate is 97% with a Mean Square Error (MSE) rate of 0.01%. The identified proteins as important (significant) are NTRK2 and VEGFA proteins. Suitable medicinal plants to be considered as alternative drug candidates are *Codonopsis pilosula*, *Rehmannia glutinosa*, and *Lycium chinense*.

Keywords: RNN, LSTM, In Silico, Protein, Cancer.