

Pengolahan Data Protein Berbasis Matlab: Analisis Sifat Hidrofobisitas Asam Amino

Ferdiansyah Prayoga¹, Najwa Aulia Meliala^{2*}

¹²Fakultas Ilmu Komputer, Program Studi Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Medan, Indonesia

Email: ¹ferdiansyahprayoga1133@email.com, ²nazwaauliaa2004@email.com*

(* : coresponding author)

Abstrak—Protein merupakan komponen biologis yang berperan vital dalam berbagai proses kehidupan, di mana struktur dan fungsinya sangat dipengaruhi oleh karakteristik kimia asam amino penyusunnya, terutama sifat hidrofobisitas. Penelitian ini mengajukan pendekatan berbasis komputasi untuk mempelajari profil hidrofobisitas sekuens protein menggunakan MATLAB dengan mengacu pada skala Kyte–Doolittle. Sekuens protein yang berasal dari basis data publik maupun data simulasi diubah menjadi representasi numerik, kemudian dianalisis melalui pemrograman MATLAB dan ditampilkan dalam bentuk grafik hidropatik untuk mengungkap wilayah hidrofobik dan hidrofilik di sepanjang rantai protein. Rancangan penelitian menggunakan simulasi deskriptif–kuantitatif dengan fokus pada perhitungan numerik, proses penghalusan data menggunakan moving average, serta analisis visual. Profil yang dihasilkan dimanfaatkan untuk mengidentifikasi kemungkinan daerah inti protein, segmen yang berada di permukaan, serta potensi domain transmembran berdasarkan konsep bioinformatika. Hasil kajian menunjukkan bahwa MATLAB efektif digunakan sebagai sarana pembelajaran maupun analisis awal sekuens protein, serta bahwa pemetaan hidrofobisitas mampu memberikan gambaran awal mengenai kecenderungan pelipatan dan wilayah fungsional protein.

Kata Kunci: Bioinformatika; Protein; Hidrofobisitas; MATLAB; KyteDoolittle

***Abstract**—Proteins are fundamental biological molecules whose structures and functions are largely determined by the chemical characteristics of their amino-acid components, particularly hydrophobicity. This research presents a computational strategy for examining hydrophobicity patterns in protein sequences using MATLAB and the Kyte–Doolittle hydropathy scale. Protein sequences obtained from public repositories and simulated datasets are transformed into numerical representations, analyzed through MATLAB programs, and displayed as hydropathy plots to highlight hydrophobic and hydrophilic regions along the chain. A descriptive–quantitative simulation framework is applied, focusing on numerical processing, data smoothing through moving-average techniques, and graphical interpretation. The resulting profiles are employed to estimate potential core regions, surface-accessible segments, and possible transmembrane domains in accordance with established bioinformatics principles. The results demonstrate that MATLAB serves as an effective platform for introductory protein sequence analysis and that hydrophobicity profiling can provide preliminary insight into protein folding behavior and functional regions.*

Keywords: Bioinformatics; Protein; Hydrophobicity; MATLAB; KyteDoolittle

1. PENDAHULUAN

Salah satu aspek penting dalam bidang bioinformatika adalah kajian mengenai protein. Protein merupakan molekul esensial yang berperan dalam hampir seluruh proses biologis, mulai dari reaksi metabolisme, transportasi molekul, hingga mekanisme regulasi gen. Fungsi dan struktur protein sangat bergantung pada urutan asam amino yang menyusunnya. Setiap asam amino memiliki karakteristik kimia yang khas, salah satunya berupa sifat hidrofobisitas (kecenderungan untuk menghindari air) dan hidrofilisitas (kecenderungan untuk berinteraksi dengan air).

Hidrofobisitas sendiri dapat diartikan sebagai kecenderungan suatu residu asam amino atau molekul untuk menghindari kontak langsung dengan air. Analisis terhadap sifat ini menjadi krusial karena berhubungan langsung dengan struktur, kestabilan, serta fungsi protein. Sebagai contoh, daerah protein yang bersifat lebih hidrofobik biasanya berada di bagian inti protein, sedangkan residu hidrofilik cenderung menempati bagian permukaan sehingga dapat berinteraksi dengan lingkungan berair.

Pemahaman mengenai distribusi hidrofobisitas dalam suatu rantai protein sangat penting untuk memprediksi struktur tiga dimensi protein. Pada umumnya, residu hidrofobik akan berlokasi di bagian dalam untuk melindungi diri dari lingkungan berair, sementara residu hidrofilik menempati bagian luar agar dapat berinteraksi dengan molekul di sekitarnya. Analisis seperti ini tidak hanya relevan untuk mempelajari struktur, tetapi juga berguna dalam memahami interaksi protein dengan

ligan, mengidentifikasi domain fungsional, hingga mendukung proses desain obat dalam bidang farmasi.

Untuk melakukan pengolahan data protein dengan baik, dibutuhkan perangkat lunak yang mampu mengolah data numerik sekaligus menampilkan hasil dalam bentuk visual. Salah satu platform yang sangat relevan adalah MATLAB, yang terkenal dengan kemampuan komputasi numeriknya yang kuat, fleksibilitas dalam membuat skrip analisis, serta keunggulan dalam menghasilkan grafik informatif. Selain itu, MATLAB juga memiliki *Bioinformatics Toolbox* yang menyediakan berbagai fungsi untuk menganalisis sekuens DNA maupun protein secara komprehensif.

Melalui pemanfaatan MATLAB, analisis hidrofobisitas dapat dilakukan dengan lebih efisien karena dukungan terhadap pemrograman, perhitungan numerik, dan pembuatan visualisasi grafik. Atas dasar itu, proyek ini mengajukan penelitian dengan judul “Pengolahan Data Protein Berbasis MATLAB: Analisis Sifat Hidrofobisitas Asam Amino” sebagai upaya untuk memahami hubungan antara sekuens protein dengan sifat biokimiawinya secara lebih komputasional dan sistematis.

2. METODE PENELITIAN

2.1 Desain Penelitian

Penelitian ini dirancang sebagai studi simulasi komputasi berbasis MATLAB dengan pendekatan deskriptif-kuantitatif, yang bertujuan untuk memahami dan menggambarkan sifat hidrofobisitas asam amino pada protein secara visual dan numerik. Desain ini dipilih karena fokus penelitian bukan pada pengumpulan data biologis baru, melainkan pada pemrosesan serta interpretasi data yang sudah ada menggunakan pendekatan komputasi. Melalui rancangan ini, peneliti berusaha menghubungkan teori dasar bioinformatika dengan penerapannya secara praktis dalam perangkat lunak MATLAB.

Pendekatan deskriptif digunakan untuk menggambarkan fenomena biologis, yaitu pola distribusi hidrofobisitas sepanjang urutan asam amino pada protein. Sementara itu, pendekatan kuantitatif dilakukan dengan mengonversi setiap residu asam amino ke dalam bentuk angka menggunakan skala hidrofobisitas Kyte-Doolittle. Hasil konversi tersebut diolah menjadi data numerik yang kemudian divisualisasikan dalam bentuk grafik hidropatik. Dengan demikian, proses ini memungkinkan peneliti untuk melihat kecenderungan daerah protein yang bersifat hidrofobik atau hidrofilik secara lebih sistematis.

Selain itu, pemilihan MATLAB sebagai platform utama dalam penelitian ini didasari oleh beberapa alasan metodologis. MATLAB memiliki kemampuan analisis numerik tingkat tinggi, dukungan *Bioinformatics Toolbox*, serta kemampuan visualisasi data multidimensi yang sangat sesuai untuk menggambarkan hubungan antarresidu dalam rantai protein. Dibandingkan dengan bahasa pemrograman lain seperti Python atau R, MATLAB menawarkan integrasi lebih sederhana antara perhitungan matematis dan tampilan grafik, yang membuatnya ideal untuk penelitian bioinformatika berskala pendidikan dan eksploratif.

Secara keseluruhan, desain penelitian ini diharapkan dapat memberikan gambaran komprehensif mengenai bagaimana sifat hidrofobisitas memengaruhi struktur protein, sekaligus memberikan pengalaman praktis bagi mahasiswa dalam menggunakan perangkat lunak komputasi ilmiah. Melalui simulasi ini, mahasiswa dapat memahami hubungan antara teori biokimia, algoritma komputasi, dan hasil visual yang menggambarkan fenomena biologis secara nyata.

2.2 Metode Pengumpulan Data

Dalam konteks simulasi, pengumpulan data juga melibatkan verifikasi dan validasi internal, yaitu memastikan bahwa data protein yang digunakan bebas dari kesalahan input dan sesuai dengan nilai hidrofobisitas yang digunakan dalam perhitungan. Hal ini dilakukan dengan cara menguji potongan sekuens pendek terlebih dahulu untuk memastikan hasil visualisasi dan perhitungan berjalan sesuai algoritma yang dirancang. Dengan demikian, hasil analisis yang diperoleh dari simulasi dapat dianggap valid secara komputasional meskipun tidak dilakukan eksperimen biologis langsung.

Data yang digunakan dalam penelitian ini diperoleh melalui dua cara, yaitu:

1. Data simulasi, berupa urutan asam amino yang dibuat secara manual sebagai contoh representatif dari protein sederhana. Data ini digunakan agar proses analisis dapat dilakukan secara fleksibel tanpa keterbatasan akses database.
2. Data sekunder, yaitu contoh sekuens protein nyata yang diambil dari basis data Protein Data Bank (PDB) untuk keperluan validasi hasil analisis.

2.3 Prosedur Analisis Data

Langkah-langkah analisis data dalam proyek "*Simulasi Analisis Hidrofobisitas Protein Menggunakan MATLAB*" dilakukan secara bertahap menggunakan pendekatan komputasi bioinformatika. Prosedur ini disusun untuk memastikan setiap tahap berjalan sistematis, mulai dari persiapan data hingga interpretasi hasil visualisasi. Berikut tahapan analisis yang dilakukan:

2.3.1 Persiapan Data Input

Tahap awal adalah menyiapkan data sekuens asam amino yang akan dianalisis. Data sekuens diambil dari basis data publik seperti UniProt atau NCBI Protein Database, lalu disimpan dalam format teks (.txt atau fasta).

Setiap huruf pada sekuens merepresentasikan satu jenis asam amino (misalnya A untuk Alanin, L untuk Leusin, I untuk Isoleusin, dan sebagainya). Format teks dipilih karena kompatibel dengan pemrosesan di MATLAB dan memudahkan proses pembacaan otomatis. Sebelum digunakan, data diperiksa kembali untuk memastikan tidak ada karakter yang tidak dikenal dan urutannya benar sesuai standar 20 asam amino alami. Pada tahap ini juga dilakukan validasi data, yakni memastikan bahwa sekuens protein yang dipilih sesuai dengan kebutuhan penelitian dan memiliki panjang cukup untuk dianalisis secara statistik.

2.3.2 Konversi Nilai Hidrofobisitas

Setelah data sekuens siap, langkah berikutnya adalah mengonversi setiap asam amino menjadi nilai hidrofobisitas numerik berdasarkan Skala Kyte-Doolittle (KD). Skala ini memberikan nilai positif untuk residu yang bersifat hidrofobik (cenderung tidak larut dalam air) dan nilai negatif untuk residu hidrofilik (mudah larut dalam air).

Contohnya, isoleusin (I) memiliki nilai +4,5, valin (V) +4,2, sedangkan asam aspartat (D) dan lisin (K) masing-masing bernilai -3,5 dan -3,9. Nilai-nilai ini kemudian disimpan dalam array atau tabel yang sesuai dengan urutan asam amino pada sekuens. Proses ini dapat dilakukan secara manual (menginput nilai satu per satu ke dalam MATLAB) atau dengan membuat fungsi mapping otomatis, yaitu skrip yang secara langsung mengonversi huruf asam amino menjadi nilai hidrofobisitasnya berdasarkan referensi yang telah ditetapkan.

2.3.3 Pemrograman MATLAB

Tahap ini merupakan inti dari analisis, di mana seluruh proses pengolahan data dilakukan menggunakan skrip MATLAB.

Langkah-langkah pemrograman mencakup:

- Membaca file sekuens asam amino menggunakan fungsi `fileread` atau `fopen`.
- Mengonversi setiap karakter asam amino menjadi nilai numerik hidrofobisitas dengan algoritma sederhana berbasis switch-case atau dictionary.
- Menyimpan hasil konversi ke dalam array numerik untuk analisis lebih lanjut.

Setelah data berhasil dikonversi, MATLAB digunakan untuk menghitung rata-rata bergerak (moving average) guna menghaluskan fluktuasi data. Fungsi `movmean` atau filter biasanya digunakan untuk menghasilkan kurva hidrofobisitas yang lebih halus. Tahapan ini memungkinkan analisis tren nilai hidrofobisitas sepanjang rantai protein dan membantu mengidentifikasi pola umum yang mungkin tidak terlihat pada data mentah.

2.3.4 Visualisasi Hasil

Tahap visualisasi dilakukan menggunakan perintah plot atau bar untuk menampilkan grafik hidrofobisitas. Sumbu X menunjukkan posisi residu asam amino dalam urutan protein, sedangkan sumbu Y menunjukkan nilai hidrofobisitasnya. Hasil grafik akan memperlihatkan variasi nilai hidrofobisitas sepanjang rantai protein, di mana:

- Nilai positif menunjukkan segmen hidrofobik (cenderung berada di bagian dalam protein atau berinteraksi dengan lipid membran).
- Nilai negatif menunjukkan segmen hidrofilik (cenderung berada di permukaan protein dan berinteraksi dengan air).

MATLAB memungkinkan hasil grafik diberi label, warna, serta grid agar lebih informatif dan mudah dianalisis. Visualisasi ini menjadi salah satu hasil utama dari proyek karena membantu memahami bagaimana distribusi sifat kimia memengaruhi struktur protein.

2.3.5 Interpretasi Hasil

Tahap akhir adalah analisis dan interpretasi terhadap grafik yang telah dihasilkan. Peneliti menelaah pola-pola yang muncul, seperti puncak nilai positif yang menunjukkan daerah hidrofobik dan lembah bernilai negatif yang menandakan daerah hidrofilik. Pola ini membantu memperkirakan bagian protein yang kemungkinan besar:

- Berada pada inti struktur protein (core region), jika menunjukkan hidrofobisitas tinggi.
- Berada di permukaan protein (surface region), jika menunjukkan nilai rendah atau negatif.

Hasil simulasi kemudian dibandingkan dengan referensi dari literatur atau database Protein Data Bank (PDB) untuk memastikan kesesuaiannya secara biologis. Dari interpretasi ini, dapat ditarik kesimpulan mengenai karakteristik umum protein yang dianalisis serta potensi aplikasi hasil analisis dalam bidang bioteknologi dan bioinformatika.

2.4 Rancangan Sistem dan Implementasi MATLAB

Penelitian ini menggunakan pendekatan sistem sederhana yang terdiri atas tiga tahap utama, yaitu input data, proses analisis, dan output visualisasi.

1. Tahap Input Data

Pada tahap ini, pengguna memasukkan sekuens asam amino secara manual ke dalam program MATLAB. Data disimpan dalam bentuk string dan diolah lebih lanjut untuk proses perhitungan nilai hidrofobisitas.

2. Tahap Proses Analisis

MATLAB membaca urutan asam amino dan mencocokkannya dengan tabel skala Kyte-Doolittle. Proses ini menghasilkan deretan nilai numerik yang menunjukkan tingkat hidrofobisitas masing-masing residu.

3. Tahap Output Visualisasi

Hasil analisis divisualisasikan dalam bentuk grafik hidropatik, yang menggambarkan fluktuasi sifat hidrofobik dan hidrofilik sepanjang rantai protein. Grafik ini membantu dalam memahami distribusi residu serta potensi lokasi domain fungsional dalam protein.

Selain itu, skrip MATLAB dapat dikembangkan untuk menambahkan fitur tambahan seperti perhitungan rata-rata hidrofobisitas, identifikasi domain hidrofobik panjang, dan ekspor hasil dalam format CSV untuk analisis lebih lanjut.

3. ANALISA DAN PEMBAHASAN

Penelitian ini menghasilkan sejumlah keluaran utama melalui simulasi analisis hidrofobisitas protein dengan bantuan MATLAB. Keluaran yang diperoleh mencakup proses pengubahan sekuens asam amino menjadi nilai hidrofobisitas menggunakan skala Kyte-Doolittle, penyajian grafik

hidropatik protein, serta penentuan dan penafsiran wilayah yang bersifat hidrofobik maupun hidrofilik. Hasil-hasil tersebut secara keseluruhan memberikan gambaran awal mengenai sifat kimia serta kecenderungan struktur dari protein yang dianalisis.

3.1 Rancangan Sistem dan Implementasi MATLAB

Berdasarkan hasil perhitungan menggunakan MATLAB, diperoleh profil hidrofobitas protein yang menunjukkan perbedaan nilai pada setiap posisi asam amino. Nilai hidrofobitas yang positif menunjukkan residu yang bersifat hidrofobik, sedangkan nilai negatif mengindikasikan residu yang bersifat hidrofilik.

Tahap awal analisis dilakukan dengan memasukkan sekuens protein ke dalam lingkungan MATLAB. Setiap residu asam amino pada sekuens tersebut kemudian dikonversi secara otomatis menjadi nilai hidrofobitas sesuai dengan skala Kyte–Doolittle. Proses konversi ini dilakukan menggunakan skrip MATLAB yang memetakan simbol huruf asam amino ke nilai numerik tertentu.

Hasil konversi ditampilkan dalam bentuk array numerik, di mana setiap elemen array merepresentasikan tingkat hidrofobitas dari satu residu protein. Data numerik ini menjadi dasar utama untuk tahap visualisasi dan analisis lanjutan, karena memungkinkan karakteristik kimia protein dianalisis secara kuantitatif.

Tabel 1 Nilai Hidrofobitas Asam Amino (Skala Kyte–Doolittle)

Asam Amino	Simbol	Nilai Hidrofobitas
Alanine	A	1.8
Arginine	R	-4.5
Asparagine	N	-3.5
Aspartate	D	-3.5
Cysteine	C	2.5
Glutamate	E	-3.5
Glutamine	Q	-3.5
Glycine	G	-0.4
Histidine	H	-3.2
Isoleucine	I	4.5
Leucine	L	3.8
Lysine	K	-3.9
Methionine	M	1.9
Phenylalanine	F	2.8
Proline	P	-1.6
Serine	S	-0.8

Asam Amino	Simbol	Nilai Hidrofobisitas
Threonine	T	-0.7
Tryptophan	W	-0.9
Tyrosine	Y	-1.3
Valine	V	4.2

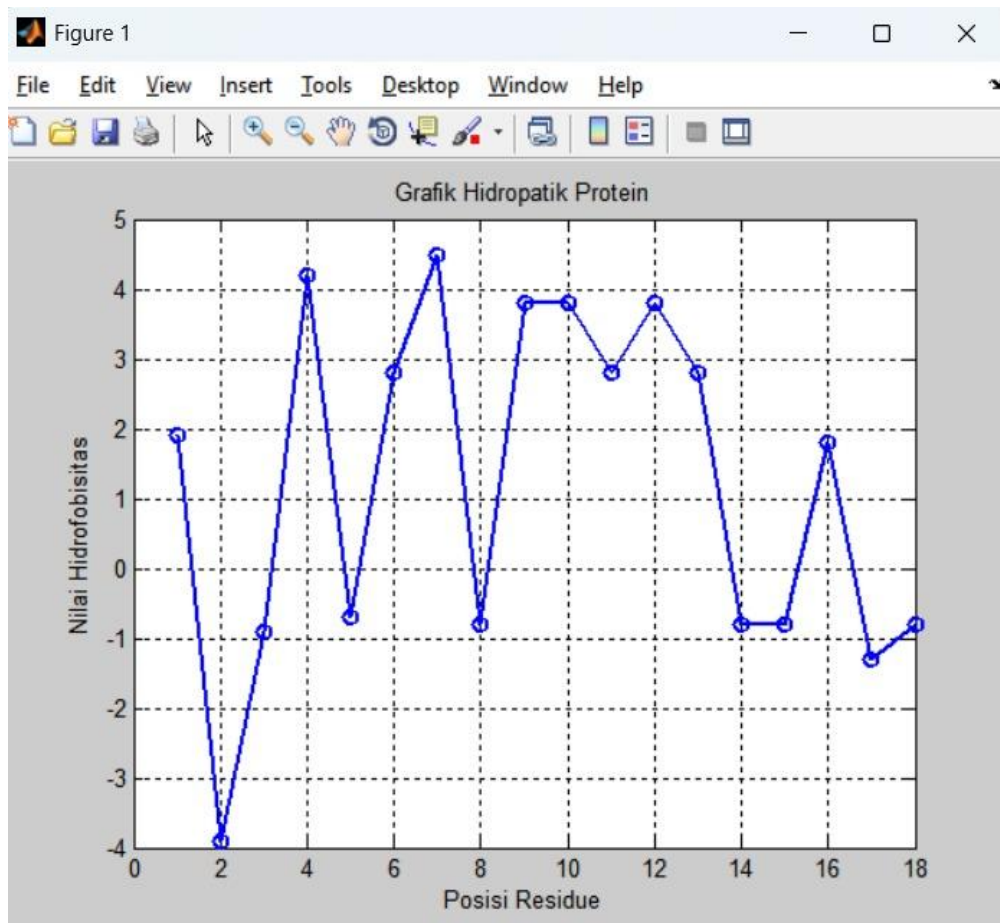
3.2 Implementasi Program MATLAB

```

1  % -----
2  % Program Analisis Hidrofobisitas Protein
3  % Menggunakan Skala Kyte-Doolittle
4  % -----
5
6  clear; clc;
7
8  % Input sekuens protein
9  sequence = 'MKWVTFISLLFLFSSAYS'; % contoh sekuens (bisa diganti)
10
11 % Skala Kyte-Doolittle
12 hydroScale = containers.Map( ...
13 {'A','C','D','E','F','G','H','I','K','L','M','N','P','Q','R','S','T','V','W','Y'}, ...
14 [1.8, 2.5, -3.5, -3.5, 2.8, -0.4, -3.2, 4.5, -3.9, 3.8, 1.9, -3.5, -1.6, -3.5, -4.5, -0.8, -0.7, 4.2, -0.9, -1.3]);
15
16 % Konversi sequence ke nilai
17 hydroValues = zeros(1, length(sequence));
18
19 for i = 1:length(sequence)
20     aa = upper(sequence(i));
21     if isKey(hydroScale, aa)
22         hydroValues(i) = hydroScale(aa);
23     else
24         hydroValues(i) = NaN;
25     end
26 end
27
28 % Menampilkan hasil
29 disp('Nilai Hidrofobisitas:');
30 disp(hydroValues);
31
32 % Plot Grafik
33 figure;
34 plot(hydroValues, '-o', 'LineWidth', 1.5);
35 title('Grafik Hidropatik Protein');
36 xlabel('Posisi Residue');
37 ylabel('Nilai Hidrofobisitas');
38
39 grid on;
40
41 % Bar Chart Opsional
42 figure;
43 bar(hydroValues);
44 title('Visualisasi Bar Hidrofobisitas');
45 xlabel('Posisi Residue');
46 ylabel('Skor Kyte-Doolittle');
47 grid on;

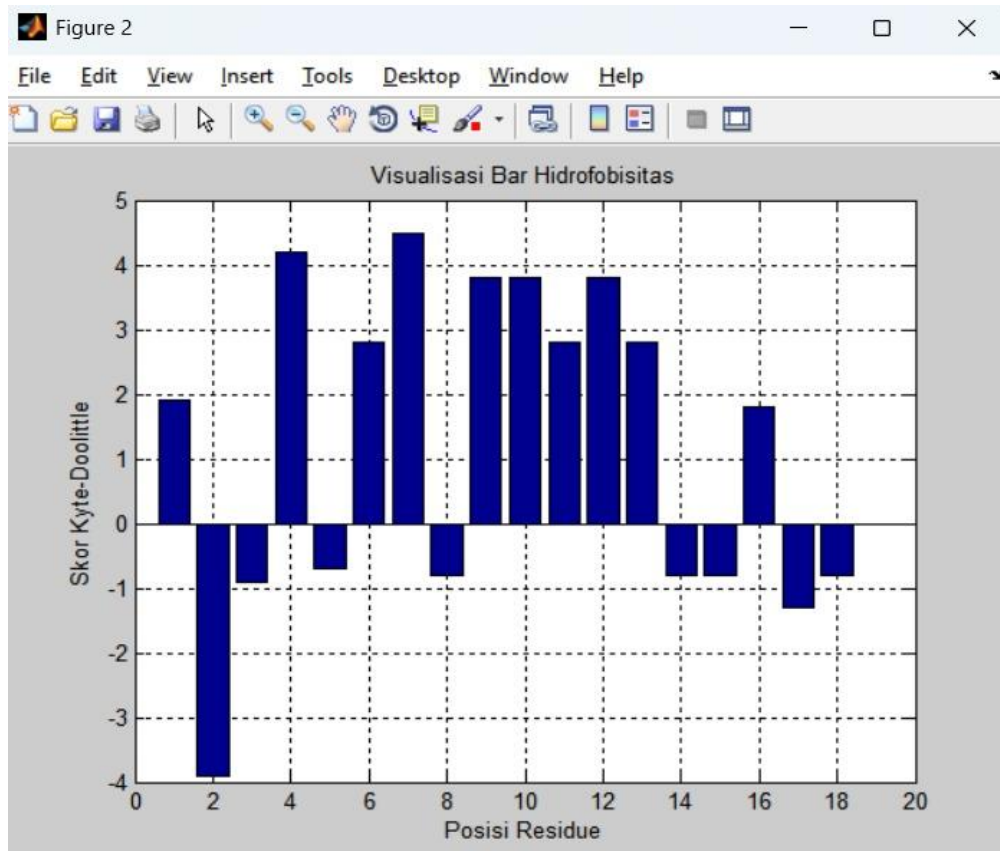
```

Gambar 1 Listing Program MATLAB Analisis Hidrofobisitas Protein



Gambar 2 Grafik Hidropatik Protein Hasil Analisis MATLAB

Gambar ini menampilkan grafik garis yang menunjukkan variasi nilai hidrofobisitas pada setiap posisi residu asam amino sepanjang sekuens protein. Nilai di atas nol menandakan residu bersifat hidrofobik, sedangkan nilai di bawah nol menunjukkan residu hidrofilik. Grafik ini membantu mengamati pola perubahan hidrofobisitas dan mengidentifikasi segmen protein yang berpotensi membentuk inti protein atau domain tertentu.



Gambar 3 Visualisasi Distribusi Nilai Hidrofobisitas

Gambar ini menampilkan nilai hidrofobisitas tiap residu dalam bentuk diagram batang. Setiap batang merepresentasikan satu residu asam amino, sehingga memudahkan perbandingan langsung antara residu hidrofobik dan hidrofilik. Visualisasi ini memperjelas residu dengan nilai ekstrem dan mendukung interpretasi distribusi sifat kimia protein secara lebih intuitif.

Hasil visualisasi menunjukkan adanya pola naik dan turun yang merepresentasikan fluktuasi nilai hidrofobisitas antar residu. Beberapa bagian grafik memperlihatkan nilai positif yang cukup tinggi, mengindikasikan keberadaan segmen-segmen hidrofobik. Di sisi lain, terdapat pula bagian dengan nilai negatif yang relatif stabil, yang menunjukkan daerah hidrofilik pada protein. Pola puncak yang muncul secara berurutan juga mengindikasikan potensi domain hidrofobik panjang yang berkaitan dengan pembentukan inti protein atau kemungkinan domain transmembran.

3.3 Pola Hidrofobisitas dan Relevansinya Terhadap Struktur Protein

Hasil analisis menunjukkan bahwa penyebaran nilai hidrofobisitas pada protein tidak terjadi secara acak, melainkan membentuk pola yang teratur dan konsisten. Pola ini mencerminkan susunan residu asam amino yang saling berinteraksi untuk menjaga kestabilan struktur tiga dimensi protein. Residu-residu yang bersifat hidrofobik cenderung berkelompok dan tersusun pada bagian dalam protein sehingga membentuk inti yang stabil, sementara residu yang bersifat hidrofilik lebih sering ditemukan pada permukaan protein karena kemampuannya berinteraksi dengan lingkungan berair di sekitarnya.

Kondisi ini sesuai dengan konsep dasar pelipatan protein, di mana protein melipat diri untuk mengurangi kontak antara residu hidrofobik dan lingkungan berair. Oleh karena itu, grafik hidropatik yang dihasilkan dapat dimanfaatkan sebagai gambaran awal untuk memahami kecenderungan struktur protein secara konseptual.

3.4 Kesesuaian Hasil dengan Literatur Bioinformatika

Pola distribusi hidrofobisitas yang dihasilkan dalam penelitian ini menunjukkan kesesuaian dengan konsep-konsep yang telah banyak dibahas dalam berbagai literatur bioinformatika. Analisis hidropatik secara luas dikenal sebagai metode awal yang efektif untuk memprediksi keberadaan domain transmembran pada protein, mengidentifikasi bagian loop atau segmen yang berada di luar membran, serta memperkirakan kecenderungan lipatan lokal pada rantai polipeptida. Selain itu, informasi hidrofobisitas juga berperan penting dalam memahami bagaimana protein berinteraksi dengan lingkungan sekitarnya, baik dengan molekul air, lipid, maupun molekul biologis lainnya.

Hasil simulasi yang diperoleh melalui pemrograman MATLAB memperkuat konsep tersebut dengan menampilkan grafik hidropatik yang jelas menunjukkan variasi sifat kimia sepanjang urutan protein. Perubahan nilai hidrofobisitas yang tampak pada grafik mencerminkan perbedaan karakter residu asam amino di setiap posisi, sehingga memberikan gambaran awal mengenai organisasi struktural protein. Temuan ini menunjukkan bahwa meskipun menggunakan pendekatan komputasi yang relatif sederhana, analisis berbasis MATLAB tetap mampu menghasilkan informasi yang bermakna dan relevan untuk memahami karakteristik dasar protein secara konseptual.

3.5 Kelebihan dan Keterbatasan Analisis

Metode analisis hidrofobisitas yang digunakan dalam penelitian ini memiliki beberapa kelebihan, antara lain mudah diterapkan, tidak memerlukan data struktural yang kompleks, serta mampu memberikan gambaran awal mengenai karakteristik kimia protein. Selain itu, metode ini cocok digunakan sebagai media pembelajaran bioinformatika karena bersifat visual dan intuitif.

Namun demikian, metode ini juga memiliki keterbatasan. Analisis hanya mempertimbangkan sifat hidrofobisitas masing-masing residu secara individual tanpa memperhitungkan interaksi antar-residu maupun pengaruh lingkungan molekuler yang lebih kompleks. Selain itu, metode ini belum mampu menggambarkan struktur tiga dimensi protein secara menyeluruh. Meskipun demikian, untuk tujuan pembelajaran dan analisis awal, pendekatan ini tetap relevan dan representatif.

4. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa analisis hidrofobisitas protein menggunakan pendekatan bioinformatika berbasis MATLAB mampu memberikan gambaran awal mengenai karakteristik kimia dan struktur suatu protein. Proses konversi sekuens asam amino ke dalam nilai hidrofobisitas menggunakan skala Kyte-Doolittle dapat dilakukan secara sistematis dan menghasilkan data numerik yang mudah dianalisis.

Visualisasi grafik hidropatik menunjukkan bahwa distribusi residu hidrofobik dan hidrofilik pada protein tidak bersifat acak, melainkan membentuk pola tertentu yang berkaitan erat dengan mekanisme pelipatan protein. Segmen dengan nilai hidrofobisitas tinggi berpotensi membentuk inti protein atau domain transmembran, sedangkan segmen dengan nilai rendah cenderung berada di permukaan protein dan berperan dalam interaksi dengan lingkungan berair.

Selain itu, hasil simulasi membuktikan bahwa penggunaan MATLAB sebagai alat bantu analisis bioinformatika relatif mudah dipahami dan efektif untuk kegiatan pembelajaran. Pendekatan ini memungkinkan mahasiswa memahami konsep dasar analisis protein secara komputasional tanpa memerlukan perangkat lunak yang kompleks atau data struktural tiga dimensi yang sulit diperoleh. Dengan demikian, penelitian ini dapat menjadi dasar awal dalam pengenalan analisis protein berbasis komputasi di bidang bioinformatika.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah memberikan dukungan dan kontribusi dalam pelaksanaan serta penyusunan penelitian ini. Ucapan terima kasih disampaikan kepada dosen pembimbing dan pengampu mata kuliah Bioinformatika atas arahan, masukan, serta

bimbingan yang sangat berharga selama proses penelitian berlangsung.

Penulis juga mengapresiasi institusi Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, khususnya Fakultas Sains dan Teknologi, Program Studi Ilmu Komputer, atas fasilitas dan lingkungan akademik yang mendukung terselenggaranya penelitian ini.

Selain itu, penulis menyampaikan terima kasih kepada pengelola basis data publik dan pengembang perangkat lunak yang digunakan dalam penelitian ini, seperti Protein Data Bank serta MathWorks MATLAB, yang menyediakan sumber daya penting untuk pengolahan dan analisis data.

Akhir kata, penulis berterima kasih kepada seluruh pihak yang secara langsung maupun tidak langsung telah membantu hingga penelitian ini dapat diselesaikan dengan baik.

REFERENCES

- Adham Prayudi, H. S. (2022). *POTENSI HIDROLISAT PROTEIN IKAN SEBAGAI PENAMBAH NUTRISI PADA PRODUK MINUMAN SUSU POTENTIAL*. 23–24.
- Amalia, L., & Nurlaela, R. S. (2024). *Perbandingan Profil Protein Daging Ayam Dan Daging Tikus Menggunakan SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulfate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis)*. 3, 5248–5263.
- Amaniyah, M. (2023). *Deteksi Marker Genetik dari Sekuen Protein Hewan untuk Autentikasi Halal Melalui Pendekatan Bioinformatika*. 9, 289–299.
- Chem, J. (2023). *Suppl. 1 Supplementary Data*. 23(5), 1–3.
- Fakih, T. M., Syah, D., Ramadhan, F., Hidayat, A. F., & Prabowo, B. (2021). *Identifikasi Struktur Protein Spike Varian Baru SARS-CoV-2 Bioinformatika dalam Pengembangan Kandidat Terapi COVID-19 secara*.
- Jamhuri, M., Irawan, M. I., Mukhlash, I., Nyoman, N., & Puspaningsih, T. (2025). *Hydrophobicity signal analysis for robust SARS-CoV-2 classification*. 37(2), 1294–1305. <https://doi.org/10.11591/ijeecs.v37.i2.pp1294-1305>
- Kadek, N. I., Permatasari, D., Studi, P., Biologi, P., Pendidikan, J., Dan, M., Pengetahuan, I., Keguruan, F., Ilmu, D. A. N., & Tadulako, U. (2022). *ANALISIS IN-SILICO PROTEIN DRD4 DAN DEAF1 YANG DIEKSPRESIKAN OLEH GEN DRD4 DAN DEAF1 PENYEBAB PERILAKU MEMATUK BULU PADA AYAM (Gallus gallus) DAN ANALISIS IN-SILICO PROTEIN DRD4 DAN DEAF1 YANG DIEKSPRESIKAN OLEH GEN DRD4 DAN DEAF1 PENYEBAB PERILAKU MEMATUK BULU PADA AYAM (Gallus gallus) DAN*.
- Mcbride, J. M., Koshevnikov, A., Siek, M., Grzybowski, B. A., & Thursty, T. (2024). *Statistical Survey of Chemical and Geometric Patterns on Protein Surfaces as a Blueprint for Protein-Mimicking Nanoparticles*. <https://doi.org/10.1002/sstr.202400086>
- Mukherjee, S. (2025). *BEER: Biochemical Estimator & Explorer of Residues A Comprehensive Software Suite for Protein Sequence Analysis*. 1, 1–7.
- Nurhidayat, S. W. (2025). *ANALISIS IN SILICO PROTEIN ALLERGEN Anisakis spp.: PERBANDINGAN STRUKTUR DAN POTENSI IMUNOGENISITASNYA*. 2(2), 816–822.
- Pitman, C., Santiago-mcrae, E., Lohia, R., Lamb, R., Bassi, K., Riggs, L., Joseph, T. T., Hansen, M. E. B., & Brannigan, G. (2025). *Revealing protein sequence organization via contiguous hydrophobicity with the blobulator toolkit*. 4, 1–20.
- Prasetyo, A., Rasmiyana, R., Studi, P., Rekayasa, T., Pertanian, J. T., Jember, P. N., & Timur, J. (2025). *UJI IN SILICO PEPTIDA BIOAKTIF DARI PROTEIN MIOSIN IKAN NILA (Oreochromis niloticus) SEBAGAI ANTIBIOFILM TERHADAP Staphylococcus aureus*. 8(2), 131–142.
- Yusuf, Z., Natsir, M. H., & Sjoefjan, O. (2024). *In Silico Study of Bioactive Compounds from Yellow Bioherbal as Potential LpxC Protein Inhibitors for Controlling Pathogenic Bacteria in Broiler Chicken Intestinal*. 34(1), 87–98. <https://doi.org/10.21776/ub.jiip.2024>