

PENDEKATAN *TRANSFER LEARNING* UNTUK PREDIKSI INTERAKSI PEPTIDA BISA ULAR *CALLOSELASMA RHODOSTOMA* DENGAN PROTEIN TERKAIT KANKER

JENI ADHIVA



**PROGRAM MAGISTER ILMU KOMPUTER
SEKOLAH SAINS DATA, MATEMATIKA, DAN INFORMATIKA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Pendekatan *Transfer Learning* untuk Prediksi Interaksi Peptida Bisa Ular *Calloselasma Rhodostoma* dengan Protein Terkait Kanker” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, November 2025

Jeni Adhiva
G6501231023

RINGKASAN

JENI ADHIVA. Pendekatan *Transfer Learning* untuk Prediksi Interaksi Peptida Bisa Ular *Calloselasma Rhodostoma* dengan Protein Terkait Kanker. Dibimbing oleh WISNU ANANTA KUSUMA dan TOTO HARYANTO

Kanker masih menjadi penyebab utama kematian dan menuntut pendekatan terapi yang lebih presisi serta efisien. Peptida terapeutik menawarkan afinitas dan spesifisitas tinggi terhadap reseptor sel kanker. Namun, penemuan kandidat peptida baru melalui uji laboratorium memerlukan waktu dan biaya besar. Penelitian ini mengembangkan pendekatan *in silico* berbasis *deep learning* untuk memprediksi interaksi peptida dan protein yang terkait dengan kanker, dengan fokus pada peptida alami dari bisa ular *Calloselasma rhodostoma*.

Tujuan penelitian adalah merancang *pipeline* prediksi yang akurat dan hemat biaya melalui dua strategi. Pertama, melakukan *transfer learning* pada model CAMP yang telah *pre-trained*, kemudian melakukan *fine-tuning* menggunakan data domain khusus berupa pasangan peptida bisa ular dengan protein terkait kanker. Kedua, menyusun pemodelan berbasis fitur *embedding* ProtT5 dengan membangun arsitektur SAE-DNN dan TabNet dari representasi satu dimensi pasangan peptida dan protein. Pelatihan menerapkan *k=5 fold cross-validation*, pencarian *hyperparameter* optimal, dan evaluasi metrik seperti akurasi, *precision*, *recall*, *F1-score*, dan ROC-AUC.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa SAE-DNN yang menggunakan representasi fitur ProtT5 memberikan kinerja terbaik dengan akurasi 0,7749 dan ROC-AUC 0,8538, dan dijadikan model utama dalam penelitian ini. Relevansi biologis dievaluasi melalui analisis pengayaan (GO/KEGG) pada prediksi teratas, yang menyoroti sejumlah target utama protein terkait kanker, antara lain TRBC2, CD274, HIF1AN, PCSK9, dan PLAU, yang berperan pada jalur kritis seperti imunomodulasi/*immune checkpoint*, regulasi hipoksia, metabolisme lipid, dan metastasis. Temuan ini menyajikan prioritas pasangan interaksi peptida dan protein untuk diuji secara eksperimental serta menunjukkan potensi peptida bisa ular sebagai sumber kandidat obat antikanker.

Secara keseluruhan, pendekatan yang diusulkan mempercepat penyaringan kandidat dengan efisiensi waktu dan biaya, sekaligus memberikan dasar hipotesis yang kuat untuk validasi lanjutan. Penelitian ini berkontribusi pada pengembangan metode komputasi untuk penemuan peptida antikanker berbasis sumber alami.

Kata kunci: bisa ular, *deep learning*, interaksi peptida dan protein, kanker, *transfer learning*.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

SUMMARY

JENI ADHIVA. A Transfer Learning Approach for Predicting Interactions between *Calloselasma Rhodostoma* Snake Venom Peptides and Cancer-associated Proteins. Supervised by WISNU ANANTA KUSUMA and TOTO HARYANTO.

Cancer remains one of the leading causes of mortality, requiring more precise and efficient therapeutic strategies. Therapeutic peptides offer high affinity and specificity toward cellular receptors. However, the discovery of new candidates through laboratory assays is both time-consuming and costly. This thesis presents an in silico deep learning-based approach to predict peptide–protein interactions relevant to cancer, focusing on natural peptides derived from the venom of *Calloselasma rhodostoma*.

The objective of this research is to develop an accurate and cost-effective prediction pipeline by employing two complementary strategies. First, transfer learning was applied to a pre-trained CAMP model, followed by fine-tuning with domain-specific data comprising venom peptide–cancer protein interaction pairs. Second, ProtT5 feature-based embeddings were utilized to construct predictive architectures using a stacked autoencoder–deep neural network (SAE-DNN) and TabNet. Model training involved five-fold cross-validation, optimal hyperparameter tuning, and comprehensive evaluation metrics, including accuracy, precision, recall, F1-score, and ROC-AUC.

The results showed that the SAE-DNN model with ProtT5 feature representations achieved the best performance, with an accuracy of 0,7749 and a ROC-AUC of 0.8538, and was therefore selected as the primary model in this study. The biological relevance of the top-ranked predictions was further assessed through enrichment analyses (GO/KEGG), which identified several cancer-related protein targets, including TRBC2, CD274, HIF1AN, PCSK9, and PLA2. These proteins are involved in key oncogenic pathways, including immunomodulation and immune checkpoint signaling, hypoxia regulation, lipid metabolism, and metastasis.

Overall, the findings provide prioritized peptide–protein interaction pairs for subsequent experimental validation and highlight the potential of snake venom–derived peptides as a promising source of anticancer drug candidates. The proposed approach accelerates the screening process by reducing both time and cost, while offering a robust framework for generating hypotheses for downstream validation. This study contributes to the advancement of computational methodologies for discovering anticancer peptides from natural sources.

Keywords: cancer, deep learning, peptide–protein interaction, transfer learning, snake venom.



- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2025
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

PENDEKATAN *TRANSFER LEARNING* UNTUK PREDIKSI INTERAKSI PEPTIDA BISA ULAR *CALLOSELASMA RHODOSTOMA* DENGAN PROTEIN TERKAIT KANKER

JENI ADHIVA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Program Magister pada
Program Studi Ilmu Komputer

**PROGRAM MAGISTER ILMU KOMPUTER
SEKOLAH SAINS DATA, MATEMATIKA, DAN INFORMATIKA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Tim Penguji pada Ujian Tesis: Rina Trisminingsih, S.Kom., M.T.,Ph.D



Judul Tesis : Pendekatan *Transfer Learning* untuk Prediksi Interaksi Peptida
Bisa Ular *Calloselasma Rhodostoma* dengan Protein Terkait
Kanker

Nama : Jeni Adhiva
NIM : G6501231023

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

Prof. Dr. Eng. Wisnu Ananta Kusuma, S.T., M.T.

Pembimbing 2:

Dr. Toto Haryanto, S.Kom, M.Si.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:

Dr. Toto Haryanto, S.Kom, M.Si.

NIP 19821117 201404 1 001

Dekan Sekolah Sains Data, Matematika, dan
Informatika:

Prof. Dr. Ir. Agus Buono, M.Si., M.Kom.

NIP 19660702 199302 1 001

Tanggal Ujian:
04 November 2025

Tanggal Lulus:



PRAKATA

Puji dan syukur tak terhingga penulis panjatkan kepada Allah Subhānahu wa Ta'ālā atas segala karunia, kasih sayang, pertolongan, dan hidayah-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Sungguh, semua karena Allah, dan hanya Allah tempat terbaik dalam meminta dan memohon pertolongan. Tema penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Oktober 2024 sampai bulan Oktober 2025 ini berkaitan dengan bioinformatika, dengan judul “Pendekatan *Transfer Learning* untuk Prediksi Interaksi Peptida Bisa Ular *Calloselasma Rhodostoma* dengan Protein Terkait Kanker”.

Ucapan terima kasih secara khusus penulis haturkan kepada:

1. Bapak Prof. Dr. Eng. Wisnu Ananta Kusuma, S.T., M.T. dan Bapak Dr. Toto Haryanto, S.Kom, M.Si. selaku komisi pembimbing yang telah membimbing, mengarahkan, memberi nasehat serta memberikan tunjuk ajar kepada penulis.
2. Beasiswa Indonesia Bangkit (BIB) dari Kementerian Agama Republik Indonesia berkerjasama dengan LPDP Kementerian Keuangan RI yang telah memberikan pembiayaan pendidikan sehingga penulis dapat melanjutkan studi dengan lancar.
3. Program Kolaborasi Riset Indonesia (RKI) dan Tropical Biopharmaca Research Center, IPB University yang telah mendukung pendanaan serta fasilitas penelitian ini.
4. Kepada Ayah Zamri, Ibu Desliana, kedua adik Nia Maenetta, S.H dan Bagus Ahlik serta seluruh keluarga besar yang senantiasa selalu mendoakan, memberikan dukungan serta kasih sayang kepada Penulis.
5. Sahabat seperjuangan Penulis, teman-teman Ilmu Komputer angkatan 2023, teman-teman alumni *Puzzle Research Data Technology* chapter IPB University (Bang Assad, Zalana, Said dan Kak Helma), serta pihak dan rekan lainnya yang tidak dapat penulis tuliskan satu per satu yang telah memberikan semangat, do'a, dan dukungan selama menempuh Pendidikan Magister di Bogor. Semoga kelak kita semua akan berjumpa kembali.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, November 2025

Jeni Adhiva

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	vii
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR ISTILAH	i
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
1.5 Ruang Lingkup	3
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Penyakit Kanker	4
2.2 Ular <i>Calloselasma rhodostoma</i>	4
2.3 Obat Peptida	5
2.4 Interaksi Peptida dan Protein	5
2.5 Ekstraksi Fitur	6
2.6 <i>Transfer learning</i>	9
2.7 <i>Stack Autoencoder- Deep Neural Network (SAE-DNN)</i>	10
2.8 Tabnet	12
III METODE	14
3.1 Akuisisi Data	14
3.2 Praproses Data	14
3.3 Ekstraksi Fitur	15
3.4 Pemodelan Pendekatan <i>Transfer learning</i>	16
3.5 Evaluasi dan Seleksi Model	19
3.6 Prediksi Peptida Ular <i>Calloselasma rhodostoma</i>	19
3.7 <i>Enrichment Analysis</i>	20
3.8 Validasi Studi Literatur	20
3.9 Peralatan Penelitian	21
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	22
4.1 Akuisisi Data	22
4.2 Praproses Data	24
4.3 Pembentukan Interaksi Negatif	25
4.4 Ekstraksi Fitur	26
4.5 Pemodelan CAMP	29
4.6 Pemodelan SAE-DNN	36
4.7 Pemodelan TABNET	43
4.8 Evaluasi dan Seleksi Model Terbaik	48
4.9 Prediksi Interaksi Peptida Ular <i>Calloselasma rhodostoma</i>	52
4.10 <i>Enrichment Analysis</i>	54
4.11 Validasi Studi literatur	60
V SIMPULAN DAN SARAN	63
5.1 Simpulan	63



5.2	Saran	63
	DAFTAR PUSTAKA	64
	RIWAYAT HIDUP	75

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR TABEL

1. Daftar nilai <i>hyperparameter tuning</i>	18
2. Dataset protein kanker dari basis data Uniprot	22
3. Dataset RCSB PDB	22
4. Dataset SIFTS	23
5. Dataset Drugbank	23
6. Dataset peptida bisa ular <i>Calloselasma rhodostoma</i>	24
7. Dataset protein kanker	24
8. Dataset interaksi peptida dan protein	25
9. Dataset prediksi peptida ular dan protein kanker	25
10. Dataset klasifikasi biner interaksi peptida dan protein	26
11. Hasil ekstraksi fitur protein deskriptor peptida dan protein	26
12. Fitur PSSM peptida dan protein	27
13. Fitur AAS peptida dan protein	27
14. Fitur ID peptida dan protein	28
15. Fitur PP peptida dan protein	28
16. Hasil ekstraksi fitur ProtT5 peptida dan protein	28
17. Hasil evaluasi pada data validasi CAMP <i>baseline</i>	29
18. Kombinasi <i>hyperparameter tuning</i> menggunakan <i>grid search</i> CAMP <i>baseline</i>	31
19. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik CAMP <i>baseline</i>	31
20. Daftar <i>Hyperparameter</i> CAMP TL	33
21. Kombinasi <i>hyperparameter tuning</i> dengan teknik <i>grid search</i> CAMP TL	33
22. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik CAMP TL	33
23. <i>Hyperparameter tuning</i> SAE-DNN	36
24. Kombinasi <i>hyperparameter tuning</i> menggunakan <i>grid search</i> SAE-DNN	37
25. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik SAE-DNN	37
26. Daftar <i>hyperparameter</i> SAE-DNN TL	40
27. Kombinasi <i>hyperparameter tuning</i> dengan teknik <i>grid search</i> SAE-DNN TL	40
28. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik SAE-DNN TL	41
29. Daftar nilai <i>hyperparameter</i> Tabnet	43
30. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik Tabnet	44
31. Daftar nilai <i>hyperparameter</i> Tabnet TL	45
32. Hasil pelatihan model dengan <i>hyperparameter</i> terbaik Tabnet TL	46
33. Hasil nilai rata-rata dan standar deviasi model	48
34. Model <i>training time</i> model	49
35. <i>Confusion matrix</i> seluruh model	52
36. Sepuluh pasangan dengan probabilitas prediksi tertinggi.	53

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR GAMBAR

1. Arsitektur ProtT5 (Chandra et al. 2023b)	7
2. Komponen <i>multi head attention</i> (Mohiuddin et al. 2023)	8
3. Ilustrasi umum penerapan transfer learning (Dalkiran et al. 2023)	10
4. SAE dengan 3 layer <i>autoencoder</i> (Kannadasan et al. 2019)	11
5. Arsitektur TabNet (Arik dan Pfister 2020)	12
6. Tahapan penelitian	14
7. Ilustrasi matriks input hasil ekstraksi fitur	16
8. <i>Transfer learning</i> CAMP	17
9. Pemodelan ekstraksi fitur ProtT5 pada SAE-DNN dan Tabnet	18
10. Kurva ROC-AUC CAMP <i>baseline</i>	30
11. Kurva ROC-AUC rata-rata selama <i>cross-validation</i> CAMP <i>baseline</i>	32
12. Kurva ROC-AUC k=5 <i>fold cross validation</i> CAMP TL	34
13. Kurva ROC-AUC evaluasi data uji CAMP TL	35
14. <i>Confusion Matrix</i> CAMP TL	35
15. Kurva ROC-AUC rata-rata selama <i>cross-validation</i> SAE-DNN	38
16. Kurva ROC-AUC evaluasi data uji SAE-DNN	38
17. <i>Confusion Matrix</i> SAE-DNN	39
18. Kurva ROC-AUC rata-rata pelatihan dengan k=5 <i>fold cross validation</i> SAE-DNN TL	41
19. Kurva ROC-AUC evaluasi data uji SAE-DNN TL	42
20. <i>Confusion matrix</i> evaluasi data uji SAE-DNN TL	42
21. Kurva ROC-AUC evaluasi data uji Tabnet	44
22. <i>Confusion matrix</i> evaluasi data uji Tabnet	45
23. Kurva ROC-AUC rata-rata pelatihan Tabnet TL	46
24. Kurva ROC-AUC evaluasi data uji Tabnet TL	47
25. <i>Confusion matrix</i> evaluasi data uji Tabnet TL	48
26. Bar chart model CAMP <i>baseline</i> dan CAMP TL	49
27. Bar chart model SAE-DNN dan Tabnet	50
28. Kurva ROC-AUC seluruh model	51
29. Kurva AUPR seluruh model	51
30. GO Biological Processes (a) Sepuluh istilah teratas dengan nilai p terendah (b) Jejaring protein dengan Proses Biologis GO, dengan warna yang lebih gelap menunjukkan istilah dengan nilai $p < 0,01$	55
31. GO Cellular Component (a) Sepuluh istilah teratas dengan nilai p terendah (b) Jejaring protein dalam Komponen Seluler GO, dengan warna yang lebih gelap menunjukkan istilah dengan nilai $p < 0,01$	57
32. GO Molecular Function (a) Sepuluh istilah teratas dengan nilai p terendah (b) Fungsi Molekuler GO, dengan warna yang lebih gelap menunjukkan istilah dengan nilai $p < 0,01$	58
33. KEGG Pathway (a) Sepuluh istilah teratas dengan nilai p terendah (b) jejaring protein–Jalur KEGG, dengan warna yang lebih gelap menunjukkan istilah dengan nilai $p < 0,01$	59

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR ISTILAH

Angiogenesis	Proses pembentukan pembuluh darah baru, sering terlibat dalam perkembangan tumor.
Apoptosis	Proses kematian sel terprogram yang terjadi secara alami untuk menjaga keseimbangan sel dalam tubuh.
Disintegrin	Protein kecil yang biasanya berasal dari bisa ular dan mampu menghambat adhesi sel melalui interaksi dengan integrin.
ECM–receptor interaction	Interaksi sel dengan matriks ekstraseluler melalui reseptor seperti integrin.
Endolysosome	Kompartemen seluler hasil fusi endosom dan lisosom yang berfungsi dalam degradasi dan daur ulang berbagai molekul.
Enrichr	Alat analisis yang digunakan untuk melakukan enrichment analysis terhadap daftar gen.
Fine-tuning	Proses melatih kembali model pre-trained pada data tertentu untuk meningkatkan performa pada tugas spesifik.
Focal adhesion	Tempat sel menempel pada matriks ekstraseluler dan mengatur sinyal untuk pergerakan dan bentuk sel.
Gene Ontology (GO)	Sistem klasifikasi yang menjelaskan fungsi gen berdasarkan proses biologis, fungsi molekuler, dan komponen seluler.
Hydrogen bond	Interaksi lemah antara atom hidrogen dan atom elektronegatif, penting dalam struktur protein.
Hydrophobic contact	Interaksi nonpolar antara residu atau molekul yang menghindari air dan berperan dalam stabilitas struktur protein.
Immunomodulation /Immune Checkpoint	Pengaturan respons imun tubuh melalui molekul pengendali seperti PD-1/PD-L1 yang dapat dimanfaatkan tumor untuk menghindari deteksi imun.



Imunoterapi

Pendekatan terapi yang memanfaatkan sistem imun untuk melawan kanker.

Invasi dan Metastasis

Kemampuan sel kanker menembus jaringan sekitarnya dan menyebar ke bagian tubuh lain melalui darah atau limfa.

Kemoterapi

Pengobatan kanker menggunakan obat-obatan yang menghentikan atau memperlambat pertumbuhan sel kanker.

Metabolisme Lipid

Proses pengaturan pembentukan, pemecahan, dan penggunaan lipid (lemak) yang sering berubah pada kanker untuk mendukung pertumbuhan sel.

Metalloproteinase

Enzim yang memerlukan ion logam untuk aktivitasnya dan mampu memotong protein dalam matriks ekstraseluler.

Onkogenik

Sifat atau proses yang dapat memicu pembentukan atau perkembangan kanker.

Peptida terapeutik

Peptida yang dirancang atau digunakan untuk tujuan pengobatan.

Protein–Ligand Interaction Profiler (PLIP)

Alat untuk menganalisis interaksi antara protein dan ligan, termasuk kontak hidrogen, hidrofobik, dan lainnya.

Pre-trained

Model yang sudah dilatih sebelumnya pada dataset besar sebelum digunakan pada tugas khusus.

Proteolysis

Pemecahan protein menjadi fragmen lebih kecil oleh aktivitas enzim protease.

Receptor Binding

Proses ketika suatu molekul (ligan) menempel dan berinteraksi dengan reseptor pada permukaan atau dalam sel untuk memicu sinyal biologis.

Regulasi Hipoksia

Kondisi ketika jaringan mengalami kekurangan oksigen, sering memicu respons adaptif sel kanker.

Serine-type endopeptidase activity

Aktivitas enzim protease berbasis residu serin yang memotong protein.

Transmembrane

Mengacu pada protein atau domain protein yang melintasi membran sel.