

## Abstrak

Salah satu metode prediksi struktur sekunder RNA (*ribonucleic acid*) adalah SCFG (*stochastic context free grammar*). Namun SCFG memiliki ketegantungan yang tinggi terhadap *grammar*. *Grammar* yang kurang baik akan berdampak buruk terhadap performansi prediksi. Hal ini menyebabkan hasil prediksi menjadi tidak optimal. Oleh karena itu, penelitian tugas akhir ini berfokus dalam perancangan probabilitas setiap *production rules* dari *grammar* untuk meningkatkan nilai *sensitivity* dari *grammar* Watson Crick yang biasa digunakan dalam SCFG. Untuk mencapai nilai *sensitivity* yang lebih baik maka dalam penelitian ini dibangun sebuah sistem menggunakan *grammatical evolution* untuk mendapatkan probabilitas setiap *production rule* dari *grammar*. Dari hasil pengujian didapatkan nilai *sensitivity* sebesar 0,32-0,42.

**Keyword:** prediksi struktur sekunder RNA, *SCFG*, *Grammatical Evolution* nilai *sensitivity*