

Abstrak

Human Immunodeficiency Virus atau disingkat HIV merupakan salah satu jenis virus yang sangat berbahaya. HIV menyerang system *immune* yang menyebabkan pasien HIV mengalami kegagalan sistem kekebalan tubuh. Dalam beberapa tahun terakhir, invensi HIV sudah ditangani dengan berbagai terapi. Salah satu terapi paling efektif adalah dengan mengkonsumsi obat antiretroviral yang akan menekan virus HIV agar tidak menduplikasikan diri, ataupun menginfeksi sel darah putih. Namun, virus biasanya akan bermutasi terhadap obat-obatan yang diberikan dalam penanganan, sehingga virus kebal terhadap obat yang biasa diberikan di terapi. Untuk itu dibutuhkan suatu sistem prediksi untuk memprediksi kondisi pasien terapi yang akan membaik, agar mempermudah dalam pengambilan keputusan penanganan dini pada pasien. Dengan menggunakan 4 parameter yaitu jumlah CD4, Viral Load, PR sequence dan RT sequence, penulis berusaha membangun sistem prediksi perkembangan kondisi pasien terapi HIV. Sistem prediksi ini dibangun dengan salah satu metode klasifikasi *machine learning* yaitu metode *Support Vector Machine* (SVM) dan representasi numerik dari urutan nukleotida yaitu ALE-index. Metode ALE-index pada sistem berfungsi untuk mentranslasi parameter RT sequence dan PR sequence yang masih dalam bentuk urutan nukleotida menjadi data numerik agar bisa diinputkan ke dalam SVM. Pada metode ALE-index ini juga terdapat beberapa penanganan karakter yang bukan merupakan empat unsur utama penyusun urutan nukleotida. Hasil pengujian menunjukkan kombinasi penanganan Random-Delete row dengan menggunakan kernel RBF pada SVM memperoleh akurasi yang lebih tinggi dibandingkan kombinasi penanganan dan parameter lainnya yaitu 77.46%. Dan dengan menggunakan keempat parameter, akurasi yang diperoleh lebih tinggi dibandingkan dengan menghilangkan salah satu fitur.

Kata kunci: *HIV, Support Vector Machine, Nukleotida, ALE-index*