

Implementasi Algoritma Genetika dan Jaringan Syaraf Tiruan Untuk Klasifikasi Penyakit Tumor Usus Besar

Aldi Riyadi Ramadhan¹, Danang Triantoro Murdiansyah², Annisa Aditsania³

^{1,2,3}Fakultas Informatika, Universitas Telkom, Bandung

¹aldiriyadi.telkomuniversity.ac.id,

²danangtri@telkomuniversity.ac.id, ³aaditsania@telkomuniversity.ac.id

Abstrak

Tumor usus besar merupakan salah satu penyakit paling umum yang dapat menyebabkan kematian, di mana setengah juta kasus tumor usus besar terjadi setiap tahun di seluruh dunia. Kasus kematian dapat dicegah dengan melakukan diagnosis yang akurat sehingga pasien bisa mendapatkan pertolongan yang tepat dan cepat. Diagnosis dilakukan dengan memperoleh informasi dari data DNA pasien yang berbentuk *microarray* memiliki ribuan atribut. Pada penelitian ini dipakai data ekspresi gen pasien *tumor colon* (*tumor usus besar*), yang diambil dari *Kent Ridge Biomedical Data Set Repository*. Dimensi data ekspresi gen berjumlah ribuan hingga jutaan atribut sehingga proses komputasi memakan waktu dan upaya yang lebih besar. Maka dari itu dibutuhkan metode untuk melakukan reduksi dimensi, namun tetap menggunakan data-data terbaik yang mampu memberikan hasil yang akurat. Pada penelitian ini dilakukan penggabungan metode algoritma genetika serta jaringan syaraf tiruan atau lebih sering disebut *AG-JST Hybrid* yang mampu melakukan reduksi dimensi dan tetap menggunakan data-data terbaik. Hasil terbaik yang diberikan pada pengujian dengan *AG-JST* adalah reduksi dimensi data DNA sebesar 47% dan akurasi 89%.

Kata kunci : DNA, Tumor usus besar, Algoritma Genetika, Jaringan Syaraf Tiruan, *Hybrid*.

Abstract

Colon tumors are one of the most common diseases that can cause death, where half a million cases of colon tumors occur every year around the world. Death cases can be prevented by making an accurate diagnosis so that patients can get the right and fast help. Diagnosis is done by obtaining information from patient DNA data in the form of *textit microarray* which has thousands of attributes. However, the dimensions of human DNA data amount to thousands to millions of attributes so the computational process takes more time and effort. Therefore we need a method to reduce dimensions, but still use the best data that can provide accurate results. In this study, a combination of genetic algorithm and artificial neural networks or more commonly called *AG-JST textit Hybrid* is capable of reducing dimensions and still using the best data. The best results given for testing with *AG-ANN* are the reduction of DNA data dimensions by 47 % and accuracy of 89

Keywords: DNA, Colon Tumor, Genetich Algorithm, Artificial Neural Networks, *Hybrid*.

1. Pendahuluan

Latar Belakang

Tumor usus besar merupakan salah satu penyakit paling umum yang dapat menyebabkan kematian, di mana setengah juta kasus tumor usus besar terjadi setiap tahun di seluruh dunia. Tumor dibedakan menjadi 2 jenis, yaitu tumor jinak dan tumor ganas (kanker)[6]. Diagnosis tumor dilakukan dengan memperoleh informasi dari data DNA pasien dalam bentuk data *microarray* yang memiliki ribuan atribut. Data yang memiliki banyak atribut (dimensi), memakan banyak waktu dan memanfaatkan upaya komputasi berlebihan yang sulit ditangani. Oleh karena itu, metode reduksi dimensi diperlukan untuk memilih atribut optimal sehingga upaya komputasi dapat dilakukan dengan lebih efisien [8].

Belakangan ini, beberapa penelitian untuk diagnosis telah banyak dilakukan, salah satunya adalah diagnosis kanker payudara dengan menggunakan metode Algoritma Genetika pada Struktur *Backpropagation Neural Network* yang mampu menghasilkan nilai rata-rata akurasi yang tinggi yaitu sebesar 97% [9]. Melihat akurasi dan kemampuan metode tersebut untuk mereduksi dimensi pada kasus kanker, metode tersebut kemudian dijadikan acuan pada penelitian ini. Maka, pada penelitian ini digunakan metode algoritma genetika (AG) dan jaringan syaraf tiruan (JST) untuk membantu diagnosa tumor usus besar.