

ABSTRAK

Kanker merupakan salah satu penyakit yang dapat menyebabkan kematian manusia didunia. Berdasarkan data yang diperoleh dari GLOBOCAN, *International Agency for Research on Cancer* (IARC) tahun 2012, diketahui bahwa terdapat 14.1 juta kasus baru, 8.2 juta kematian akibat kanker [1]. Karena itu, diperlukan suatu teknologi DNA *microarray* yang beberapa tahun terakhir sering digunakan sebagai teknologi untuk menganalisis dan mendiagnosis kanker. Dengan analisis data ekspresi gen berupa *microarray* tersebut, memungkinkan suatu medis untuk dapat mengetahui apakah seseorang terkena suatu kanker atau tidak. Data dalam DNA *microarray* memiliki dimensi yang besar, besarnya dimensi dapat berpengaruh terhadap proses klasifikasi kanker. Karena itu, diperlukan skema yang didalamnya terdapat proses reduksi dimensi dan proses klasifikasi, sehingga skema klasifikasi data *microarray* tersebut mendapatkan hasil maupun akurasi yang baik. Banyak metode yang dapat diterapkan dalam klasifikasi kanker berdasarkan *microarray* data, salah satunya *Support Vector Machines* (SVM) sebagai metode klasifikasi dan *Principal Component Analysis* (PCA) sebagai metode reduksi dimensi, dimana keduanya telah teruji pada beberapa penelitian sebelumnya. Dengan menerapkan kedua metode tersebut, yaitu metode PCA dan metode SVM pada beberapa jenis data kanker, didapatkan bahwa pada data kanker *central nervous, colon, ovarian, lung, breast* dan leukemia mendapatkan hasil akurasi lebih dari 80% untuk kernel *linear* dan RBF.

Kata Kunci: kanker, klasifikasi, reduksi dimensi, SVM, PCA.