

Abstrak

Dalam bidang kesehatan DNA *microarray* banyak digunakan untuk memprediksi penyakit kanker, dimana sel kanker dapat mengalami abnormalitas dalam mengekspresikan gennya. DNA *microarray* ini memungkinkan untuk mengetahui tahapan perkembangan sel kanker dengan melihat level ekspresi gennya. Analisis data ekspresi gen dalam bentuk *microarray* dapat memudahkan ahli medis dalam mendeteksi dan mendiagnosis apakah seseorang menderita kanker atau tidak. Data *microarray* sendiri memiliki dimensi yang besar sehingga dapat mempengaruhi proses dan akurasi klasifikasinya. Oleh karena itu, untuk melakukan proses pengklasifikasian pada data *microarray*, perlu dilakukan sebuah proses yaitu reduksi dimensi. Reduksi dimensi ini bertujuan agar mengurangi *redundancy* dan meningkatkan *relevance* pada data yang dimiliki. Dalam hal ini, penulis menggunakan metode *Minimum Redundancy Maximum Relevance* (MRMR) yang dioptimasi menggunakan metode *Genetic Algorithm* (GA). Secara singkat MRMR adalah teknik yang digunakan untuk mengidentifikasi himpunan gen yang memiliki relevansi tinggi terhadap atribut kelas akan tetapi memiliki redundansi yang rendah antar atributnya. MRMR berupaya untuk mengatasi permasalahan ini dengan menghapus subset atribut yang dianggap tidak diperlukan. Kemudian algoritma *Functional Link Neural Network* (FLNN) dengan basis *Legendre Polynomial* digunakan untuk proses pengklasifikasian pada data *microarray*. Pada pengujian MRMR GA dengan klasifikasi *Functional Link Neural Network* (FLNN) didapatkan kenaikan hasil akurasi pada data Colon Tumor sebesar 5,55% - 16,66%, pada data Lung sebesar 2,78 - 5,56% dan pada data Ovarian sebesar 2% - 2,67%.

Kata kunci: Klasifikasi, FLNN, MRMR, GA, DNA *microarray*