

Klasifikasi Risiko Human Immunodeficiency Virus (HIV) Menggunakan Parameter CD4 dengan Metode Support Vector Machine

Erica Nursanti¹, Yuliant Sibaroni, S.Si., M.T.²

^{1,2}Prodi S1 Informatika, Fakultas Informatika, Universitas Telkom, Bandung

¹ericanursanti@students.telkomuniversity.ac.id, ²yuliant@telkomuniversity.ac.id

Abstrak

Berdasarkan data dari UNAIDS, di tahun 2019 38 juta orang di seluruh dunia diperkirakan menderita Human Immunodeficiency Virus (HIV). Padahal hingga saat ini masih belum ditemukan obat untuk menyembuhkan HIV. Meskipun begitu, terdapat jenis obat yang dapat memperlambat perkembangan virus yakni antiretroviral (ARV). ARV bekerja dengan menghilangkan unsur yang dibutuhkan virus HIV untuk menggandakan diri, dan mencegah virus HIV menghancurkan sel cluster of differentiation 4 (CD4).

Pandangan negatif terhadap orang dengan HIV/AIDS (ODHA) menjadi hambatan besar untuk pencegahan, pengobatan, perawatan dan dukungan HIV/AIDS. Stigma dan diskriminasi yang tersebar di masyarakat, menyebabkan terjadinya kecemasan dan prasangka terhadap ODHA sehingga masyarakat enggan melakukan pemeriksaan HIV atau tidak mengungkapkan status HIV kepada pasangan. Semua itu menyebabkan penundaan atau penolakan perawatan dan ketidakpatuhan dalam pengobatan HIV.

Dalam penelitian Tugas Akhir ini, telah dilakukan perancangan sistem untuk mengklasifikasikan imunodefisiensi sebagai risiko HIV dengan menggunakan parameter CD4. Metode yang digunakan yaitu Support Vector Machine (SVM) sebagai klasifikator. Pengklasifikasian menggunakan metode SVM dengan pengukuran yang tepat dapat memberikan pertolongan untuk mencegah tersebarnya virus dalam tubuh penderita HIV. Pembelajaran mesin telah digunakan sebagai alat prediksi di banyak bidang kedokteran, termasuk memprediksi obat ARV. Pembelajaran mesin juga dapat digunakan untuk mengklasifikasi risiko dari informasi jumlah CD4. SVM adalah metode pembelajaran mesin yang bekerja dengan tujuan untuk mendapatkan hyperplane terbaik yang memisahkan kelas pada input space.

Hasil yang diperoleh dalam Tugas Akhir ini adalah aplikasi berbasis Python yang dapat mengolah data untuk klasifikasi risiko HIV. Jumlah sampel data yang digunakan dalam penelitian Tugas Akhir ini masih terbatas yakni sebesar 16 data uji dan 500 data latih. Performansi yang dihasilkan dari sistem tersebut yaitu akurasi rata-rata Kernel Linear 68.75%, akurasi Kernel RBF 87.5% dengan nilai parameter pada sequential training SVM.

Kata kunci: Imunodefisiensi, HIV, SVM, CD4

Abstract

Based on data from UNAIDS, in 2019 38 million people worldwide are estimated to suffer from Human Immunodeficiency Virus (HIV). Whereas until now there is still no cure for HIV. However, there

are types of drugs that can retard the progression of the virus that is antiretroviral (ARV). ARVs work by eliminating the elements needed by the HIV virus to multiply, and preventing the HIV virus from destroying cell clusters of differentiation 4 (CD4).

Stigma towards people living with HIV / AIDS (PLWHA) pose a major obstacle to HIV / AIDS prevention, treatment, care and support. Stigma and discrimination are spread in the society, causing anxiety and prejudice against PLWHA so people are reluctant to carry out HIV testing or do not disclose HIV status to partners. All of these cause delays or denial of care and non-compliance with HIV treatment.

In this final project, a system design has been carried out to classify immunodeficiency as HIV risk using CD4 parameters. The method used is Support Vector Machine (SVM) as a classifier. Classification using the SVM method with the right measurements can provide help to prevent the spread of the virus in the body of HIV sufferers. Machine learning has been used as a prediction tool in many fields of medicine, including predicting ARV drugs. Machine learning can also be used to classify risk from CD4 cell information. SVM is a machine learning method that works with the aim of getting the best hyperplane that separates classes in the input space.

The results obtained in this Final Project are Python-based applications that can process data for HIV risk classification. The number of data samples used in this Final Project research is still limited to 16 test data and 500 training data. The resulting performance of the system is the average accuracy of the 68.75% Linear Kernel, the 87.5% Kernel RBF accuracy with the parameter values on the SVM sequential training.

Keywords: Immunodeficiency, HIV, SVM, CD4
