
Abstrak

Malaria merupakan penyakit endemik berbahaya yang telah menginfeksi jutaan orang setiap tahunnya. Spesies parasit *Plasmodium Falciparum* bertanggung jawab atas kematian malaria terbanyak. Saat ini, sebagian besar obat anti-malaria yang tersedia kurang efektif karena meningkatnya resistensi parasit terhadap obat. Oleh sebab itu, agen anti-malaria baru dengan efisiensi yang tinggi untuk mengobati malaria sangat diperlukan. Enzim falcipain adalah protein target yang menjanjikan untuk mengembangkan obat anti-malaria baru. Namun, pengujian laboratorium konvensional untuk merancang obat baru membutuhkan waktu lama dan sangat mahal. *Quantitative structure-activity relationship (QSAR)* dapat digunakan untuk akselerasi proses desain obat. Pada penelitian ini dilakukan pengembangan model QSAR menggunakan *genetic algorithm-support vector machine (GA-SVM)* untuk memprediksi nilai pIC₅₀ dari inhibitor falcipain. GA digunakan sebagai metode seleksi fitur, sedangkan SVM dengan optimasi *hyperparameter* digunakan sebagai metode untuk mengembangkan model prediksi QSAR. Model SVM dibangun menggunakan tiga kernel beda yaitu linear, *radial basis function (RBF)*, dan polinomial. Validasi performa model dilakukan dengan menggunakan data internal dan data eksternal. Hasil validasi model menunjukkan bahwa performa terbaik dihasilkan oleh model RBF dengan nilai R^2 pada data latih sebesar 0,98 dan nilai R^2 pada data uji sebesar 0,84. Sedangkan nilai *leave-one-out cross-validation (Q²)* adalah sebesar 0,85.

Kata kunci : anti-malaria, falcipain, *genetic algorithm (GA)*, *quantitative structure-activity relationship (QSAR)*, *support vector machine (SVM)*
