

Abstrak

Prediksi toksisitas obat merupakan aspek penting dalam penelitian bioinformatika untuk mengurangi risiko efek samping yang tidak diinginkan pada manusia. Namun, kompleksitas data toksisitas yang tinggi menuntut metode pemrosesan yang efisien agar model prediksi dapat bekerja secara optimal. Penelitian ini menggunakan kombinasi *Artificial Bee Colony* (ABC) sebagai metode seleksi fitur dan *Support Vector Machine* (SVM) sebagai algoritma klasifikasi untuk meningkatkan akurasi dalam prediksi toksisitas kasus *Androgen Receptor-Ligand Binding Domain* (AR-LBD). Metode seleksi fitur menggunakan ABC bertujuan untuk mengurangi dimensi data tanpa mengurangi informasi penting, sedangkan SVM digunakan dengan tiga jenis kernel (Linear, Polynomial, dan RBF) untuk membandingkan performa model. Selain itu, dilakukan hyperparameter tuning menggunakan *Grid Search* untuk menemukan kombinasi parameter terbaik guna meningkatkan performa model. Pengujian dilakukan dengan mengevaluasi akurasi, *precision*, *recall*, dan *F1-score* pada data uji. Hasil penelitian menunjukkan bahwa ABC berhasil mengurangi jumlah fitur tanpa menurunkan performa model, dengan Kernel RBF memilih 77 fitur dan memiliki *best fitness* sebesar 0.123, menjadikannya yang paling optimal dalam seleksi fitur. Selain itu, *Grid Search* meningkatkan akurasi model, dengan Kernel RBF mengalami peningkatan dari 0.958 menjadi 0.971 setelah tuning parameter. Pengujian model menunjukkan bahwa RBF Kernel memiliki performa terbaik, dengan akurasi 0.97. Dari hasil penelitian ini, dapat disimpulkan bahwa kombinasi ABC dan SVM dengan Kernel RBF merupakan pendekatan terbaik dalam prediksi toksisitas AR-LBD, karena berhasil meningkatkan akurasi model dengan pemilihan fitur yang optimal dan tuning parameter yang efektif.

Kata Kunci: *Artificial Bee Colony*, *Support Vector Machine*, Seleksi Fitur, *Hyperparameter Tuning*, AR-LBD.