

ABSTRAK

Hipertensi merupakan salah satu penyakit tidak menular dengan tingkat prevalensi dan dampak kesehatan yang tinggi secara global. Meskipun tidak selalu menunjukkan gejala pada tahap awal, hipertensi berkontribusi besar terhadap risiko kejadian kardiovaskular serius seperti stroke dan gagal jantung. Dalam beberapa tahun terakhir, pendekatan berbasis jaringan interaksi protein (PPI) telah digunakan untuk memahami mekanisme molekuler penyakit ini secara lebih menyeluruh. Deteksi komunitas dalam jaringan PPI menjadi langkah penting untuk mengidentifikasi kelompok protein yang mungkin terlibat dalam jalur biologis terkait hipertensi..

Penelitian ini mengimplementasikan algoritma PSO-Net, sebuah metode berbasis Particle Swarm Optimization, untuk mendeteksi komunitas dalam jaringan PPI yang dikonstruksi dari data protein terkait hipertensi. PSO-Net dioptimalkan menggunakan fungsi objektif modularitas, serta memanfaatkan representasi *Locus-based Adjacency Representation* (LAR) untuk efisiensi dalam operasi crossover dan mutasi. Proses analisis dilakukan mulai dari *preprocessing* data, konstruksi jaringan, hingga partisi komunitas secara iteratif guna mencapai konfigurasi optimal.

Hasil implementasi menunjukkan bahwa PSO-Net mampu menghasilkan struktur komunitas dengan nilai modularitas yang stabil dan meningkat secara bertahap, mencerminkan kualitas partisi yang baik dari sisi struktur jaringan. Validasi lebih lanjut dengan *enrichment analysis* mengindikasikan bahwa sebagian besar komunitas memiliki konsistensi terhadap pola fungsional yang relevan, meskipun tidak menggunakan informasi biologis secara langsung dalam proses deteksi. Temuan ini menunjukkan potensi pendekatan komputasional berbasis *swarm intelligence* dalam analisis jaringan biologis.

Kata Kunci: Hipertensi, Jaringan Interaksi Protein, PSO-Net, Deteksi Komunitas

ABSTRACT

Hypertension is one of the most prevalent non-communicable diseases globally, with a significant impact on public health. Although it often presents without symptoms in its early stages, hypertension substantially increases the risk of serious cardiovascular events such as stroke and heart failure. In recent years, protein–protein interaction (PPI) network-based approaches have been utilized to better understand the molecular mechanisms underlying this condition. Community detection within PPI networks plays a crucial role in identifying groups of proteins that may be involved in biological pathways related to hypertension.

This study implements the PSO-Net algorithm, a method based on Particle Swarm Optimization, to detect communities within a PPI network constructed from hypertension-associated protein data. PSO-Net is optimized using a modularity-based objective function and employs Locus-based Adjacency Representation (LAR) for efficient crossover and mutation operations. The analytical process includes data preprocessing, network construction, and iterative community partitioning to achieve an optimal configuration.

The implementation results show that PSO-Net is capable of producing community structures with stable and gradually increasing modularity values, reflecting high-quality partitioning from a network structure perspective. Further validation through enrichment analysis indicates that most communities are functionally coherent, even though no explicit biological information was used during the detection process. These findings demonstrate the potential of swarm intelligence-based computational approaches for biological network analysis.

Keywords: *Hypertension, Protein-Protein Interaction Network, PSO-Net, Community Detection*