

ABSTRAK

Penyakit diabetes melitus tipe 2 merupakan gangguan metabolik kronis dengan prevalensi global yang terus meningkat. Pemahaman terhadap mekanisme molekuler penyakit ini melalui analisis jaringan interaksi protein sangat penting untuk mengidentifikasi potensi protein untuk target terapi. Penelitian ini mengusulkan penerapan *genetic algorithm* untuk mendeteksi komunitas protein yang relevan secara fungsional dalam jaringan interaksi protein yang berkaitan dengan diabetes melitus tipe 2.

Sebanyak 543 gen terkait penyakit diabetes melitus tipe 2 diperoleh dari *database* OMIM. Setelah dilakukan prapemrosesan menggunakan STRINGdb, diperoleh jaringan tidak berarah dan tidak berbobot yang terdiri dari 132 protein dan 350 interaksi. *Genetic algorithm* diimplementasikan dengan ukuran populasi 450 selama 1000 generasi, menggunakan *modularity* sebagai fungsi *fitness* untuk mengoptimalkan partisi komunitas. Analisis fungsional dilakukan menggunakan *Metascape* guna menilai signifikansi biologis dari komunitas yang terbentuk.

Genetic algorithm berhasil meningkatkan nilai *modularity* secara signifikan, dari 0,0009 menjadi 0,5293, dan mengidentifikasi 20 komunitas protein yang berbeda. Hasil analisis *enrichment* menunjukkan bahwa beberapa komunitas berasosiasi dengan jalur biologis utama terkait diabetes melitus tipe 2, seperti jalur pensinyalan insulin, resistensi insulin dan homeostasis glukosa.

Penelitian ini menunjukkan bahwa *genetic algorithm* efektif dalam mengungkap struktur modular yang bermakna secara biologis dalam jaringan interaksi protein spesifik penyakit, serta memberikan wawasan terhadap mekanisme molekuler dan potensi target terapi pada diabetes melitus tipe 2.

Kata Kunci: Genetic Algorithm, Diabetes Melitus Tipe 2, Deteksi Komunitas, Jaringan Interaksi Protein, modularitas