

ABSTRAK

Karsinoma hepatoseluler (HCC) merupakan kanker hati primer dengan insiden global tertinggi kedua dan angka kematian yang signifikan pada pria maupun wanita. Meskipun berbagai studi telah mengidentifikasi gen dan jalur molekuler yang terlibat, pemahaman menyeluruh mengenai modul fungsional dalam patogenesis HCC masih terbatas. Analisis jaringan interaksi protein–protein (PPI) menawarkan pendekatan *in silico* untuk mengungkap struktur komunitas biologis yang kompleks dan berpotensi mengidentifikasi kluster protein yang berperan penting dalam perkembangan penyakit. Oleh karena itu, penelitian ini mengusulkan penggunaan algoritma deteksi komunitas yang terinspirasi secara biologis yaitu Algoritma Firefly (FA) yang digunakan untuk mempartisi jaringan PPI HCC menjadi modul-modul fungsional berdasarkan profil mutasi genomik.

Data mutasi dari 494 sampel HCC diperoleh dari basis data cBioPortal, kemudian 935 gen mutasi dipetakan sebagai *node* dan 8.931 interaksi sebagai *edge*, lalu dikonstruksi menjadi jaringan PPI menggunakan platform STRINGdb. Algoritma *Firefly* kemudian diimplementasikan dengan representasi *locus-based adjacency*, memanfaatkan parameter *chaotic alpha* untuk memperkenalkan elemen stokastik, parameter *attraction* untuk menegaskan kekuatan tarikan antar *firefly*, dan parameter *light absorption* untuk mengatur penyerapan sinyal cahaya sebagai indikator kualitas solusi. Proses optimasi modularitas Newman–Girvan dilakukan hingga 1.000 iterasi untuk menemukan pembagian jaringan yang paling signifikan. Selain itu, validasi internal komunitas dilakukan menggunakan 13 metrik kepadatan dan keterpaduan dari *library* CDlib, sedangkan *enrichment analysis* berdasarkan GO Biological Process, GO Cellular Component, KEGG Pathway, dan Reactome Gene Sets dilakukan melalui platform Metascape untuk menginterpretasikan peran biologis setiap komunitas protein.

Hasil eksperimen menunjukkan bahwa algoritma *Firefly* berhasil membagi jaringan PPI HCC menjadi 35 komunitas dengan nilai modularitas puncak sebesar 0,3926 pada iterasi ke-999. Dari jumlah tersebut, 24 komunitas ($\approx 69\%$) memetakan minimal satu term fungsional signifikan, seperti keterlibatan dalam jalur sinyal Wnt/ β -catenin dan Hippo, menegaskan relevansi biologis pendekatan deteksi komunitas pada jaringan PPI kanker hati. Kombinasi optimasi modularitas berbasis FA, evaluasi multi-metrik, dan analisis *enrichment* menyediakan kerangka kerja komprehensif untuk identifikasi modul protein yang berpotensi menjadi kandidat biomarker atau target terapeutik dalam HCC.

Kata Kunci: jaringan interaksi protein–protein, deteksi komunitas, algoritma *Firefly*, modularitas, *enrichment analysis*