

ABSTRAK

Kanker payudara merupakan salah satu penyakit kanker dengan prevalensi tinggi di seluruh dunia. Deteksi komunitas pada jaringan interaksi protein (*Protein-Protein Interaction/PPI*) dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam terhadap struktur molekuler dan proses biologis yang terlibat dalam penyakit ini. Penelitian ini bertujuan untuk menerapkan algoritma *Artificial Bee Colony* (ABC) dalam mendeteksi komunitas pada jaringan PPI yang berkaitan dengan kanker payudara. Dataset gen diperoleh dari OMIM dan diproses menjadi jaringan PPI menggunakan STRINGdb. Deteksi komunitas dilakukan dengan pendekatan representasi solusi *locus-based adjacency* dan proses evolusi melibatkan fase *employed bees*, *onlooker bees*, dan *scout bees*. Evaluasi hasil dilakukan menggunakan metrik modularitas serta 13 metrik evaluasi internal untuk menilai kualitas struktur komunitas. Selanjutnya, dilakukan *enrichment analysis* berbasis *Gene Ontology* (GO) dan *KEGG Pathway* menggunakan platform *Metascape* untuk menilai keterkaitan biologis dari komunitas yang terbentuk. Hasil penelitian menunjukkan algoritma ABC mampu membentuk komunitas dengan nilai modularitas terbaik mencapai 0.4351 pada iterasi ke-1931. Hasil *enrichment analysis* menunjukkan sejumlah komunitas memiliki keterkaitan signifikan dengan proses biologis dan jalur yang relevan terhadap kanker payudara, seperti komunitas ke-10 mengandung protein yang terlibat dalam jalur sinyal *Wnt*, yang penting dalam regulasi pertumbuhan sel, perkembangan embrionik, dan kanker payudara. Temuan ini mendukung potensi algoritma ABC dalam analisis jaringan biologis secara *in silico*, dan berpotensi mendukung penelitian lanjutan dalam pengembangan terapi berbasis target protein.

Kata Kunci: Kanker Payudara, Deteksi Komunitas, Jaringan Interaksi Protein, *Artificial Bee Colony*, *Enrichment Analysis*

ABSTRACT

Breast cancer is one of the most prevalent cancer types worldwide. Community detection in protein-protein interaction (PPI) networks can provide deeper insights into the molecular structure and biological processes involved in this disease. This study aims to apply the Artificial Bee Colony (ABC) algorithm to detect communities within PPI networks associated with breast cancer. Gene datasets were obtained from OMIM and transformed into a PPI network using STRINGdb. Community detection was performed using the locus-based adjacency representation, and the evolutionary process involved the employed bees, onlooker bees, and scout bees phases. The quality of the resulting communities was evaluated using the modularity metric and 13 internal evaluation metrics to assess structural validity. Furthermore, enrichment analysis based on Gene Ontology (GO) and KEGG Pathways was conducted using the Metascape platform to assess the biological relevance of the detected communities. The results showed that the ABC algorithm successfully identified meaningful communities, with the best modularity value reaching 0.4351 at iteration 1931. Enrichment analysis revealed that several communities were significantly associated with biological processes and pathways relevant to breast cancer. For instance, Community 10 included proteins involved in the Wnt signaling pathway, which plays a crucial role in cell growth regulation, embryonic development, and breast cancer progression. These findings support the potential of the ABC algorithm for in silico analysis of biological networks and its applicability in future research on targeted protein-based therapies.

Keywords: Breast Cancer, Community Detection, Protein-Protein Interaction Network, Artificial Bee Colony, Enrichment Analysis