Hybrid Hyperparameter Optimization Genetic Algorithm dan SVM Untuk Klasifikasi Penyakit Liver

Maliq Yazid Imani[1], Taghfirul Azhima Yoga Siswa*[2], Muhammad Ridwan[3]
Program Studi Teknik Informatika Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Muhammadiyah Kalimantan Timur
e-mail: [1]2211102441082@umkt.ac.id, [2] tay758@umkt.ac.id*, [3]mr624@umkt.ac.id
*Penulis Korespondensi

Diterima: 1 Agustus 2026; Direvisi: 26 Oktober 2026; Disetujui: 30 Oktober 2026

Abstrak

Penyakit liver (hati) merupakan salah satu penyebab utama kematian di Indonesia sehingga deteksi dini menjadi langkah penting untuk mengurangi risiko komplikasi dan meningkatkan peluang keberhasilan penanganan. Perkembangan teknologi Machine Learning memungkinkan proses klasifikasi penyakit dilakukan secara otomatis berdasarkan data klinis pasien. Salah satu algoritma yang banyak digunakan adalah Support Vector Machine (SVM), namun performanya dipengaruhi oleh pemilihan hyperparameter serta permasalahan ketidakseimbangan data. Dataset yang digunakan adalah Indian Liver Patient Dataset (ILPD) yang terdiri atas 583 data, kemudian dilakukan proses data preprocessing berupa data selection, data cleaning, data transformation, dan standarisasi sehingga diperoleh 570 data setelah penghapusan data duplikat. Evaluasi model dilakukan menggunakan 10-Fold Cross Validation dengan metrik accuracy, precision, recall, dan f1-score. Penelitian membandingkan dua skenario pemodelan, yaitu SVM, serta SVM + GA. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model SVM + GA memberikan performa terbaik dengan nilai accuracy sebesar 70,88%, precision sebesar 72,14%, recall sebesar 96,31%, dan f1-score sebesar 82,49%. Hasil tersebut menunjukkan bahwa optimasi hyperparameter menggunakan Genetic Algorithm memberikan peningkatan performa klasifikasi yang lebih baik dibandingkan penerapan pada model SVM tanpa optimasi atau hyperparameter dengan dataset ILPD.

Kata kunci: *penyakit liver, support vector machine, genetic algorithm, optimasi, hyperparameter*

Abstract

Liver disease remains a significant health concern in Indonesia, making early detection essential for reducing the risk of complications and improving treatment outcomes. Advances in machine learning have enabled the automated classification of diseases based on patients' clinical data. Support Vector Machine (SVM) is a widely used classification algorithm; however, its performance can be affected by hyperparameter selection and class imbalance. This study employed the Indian Liver Patient Dataset (ILPD), which initially contained 583 records. Following data preprocessing, including data selection, cleaning, transformation, and standardization, 570 records remained after duplicate removal. Model performance was evaluated using stratified 10-fold cross-validation based on accuracy, precision, recall, and F1-score. Two classification approaches were compared: standard SVM and SVM optimized using a Genetic Algorithm (SVM-GA). The results showed that the SVM-GA model achieved an accuracy of 70.88%, precision of 72.14%, recall of 96.31%, and F1-score of 82.49%. In comparison, the standard SVM model achieved an accuracy of 70.18%. These findings indicate that GA-based hyperparameter optimization yielded a modest improvement in classification accuracy on the ILPD dataset, although improvements were not observed across all evaluation metrics.

Keywords*: liver disease, support vector machine, genetic algorithm, optimization, hyperparameter*

I. PENDAHULUAN

This is an open access article under the CC–BY-SA license.

Liver atau hati merupakan salah satu organ dalam tubuh manusia yang bertugas untuk menyerap dan membantu proses pencernaan makanan, membunuh racun dalam darah dan membantu dalam penyimpanan energi, metabolisme dan memproduksi enzim penting [1]. Penyakit *Liver* bisa disebabkan oleh virus hepatitis, konsumsi alkohol berlebih dan pola makan yang tidak sehat, beberapa penyakit *liver* meliputi hepatitis, sirosis dan kanker hati [2]. Di setiap tahunnya, penyakit ini dapat merenggut nyawa kurang lebih dua juta orang atau bisa dikatakan 4% dari semua kematian di dunia dan bisa disimpulkan satu orang dari dua puluh lima orang meninggal karena penyakit ini [3]. Di Indonesia penyakit ini masih menjadi masalah serius disemua kelompok usia karena sulit untuk dideteksi, terutama di tahap awal penyakit.

Artificial Intelligence Atau AI adalah suatu metode komputasi cerdas yang dirancang untuk dapat meniru kemampuan kecerdasan dari manusia dalam hal menganalisis data, mengolah informasi dan membuat keputusan secara otomatis [4]. Dalam kecerdasan buatan itu sendiri ada beberapa pendekatan atau teknik seperti *Computer Vision*, Sistem Pakar, *Natural Languange Processing* (NLP),, *Autonomous Robotics* dan *Machine Learning* (ML), salah satu pendekatan yang cukup familiar mengklasifikasi penyakit adalah ML atau pembelajaran mesin [5].

Machine Learning (ML) memiliki beberapa teknik untuk mengembangkan suatu model antara lain: prediksi, klastering, asosiasi dan klasifikasi [6]. Klasifikasi adalah salah satu cara atau teknik yang bisa digunakan untuk dapat memetakan atau membedakan dari sebuah objek satu dengan objek yang lain. [7]. Beberapa algoritma *Machine Learning* untuk klasifikasi yang bisa digunakan antara lain *Naive Bayes* (NB), *K-Nearest Neighbor* (KNN) dan *Support Vector Machine* (SVM) [8].

Klasifikasi penyakit sirosis hati menggunakan algoritma SVM memperoleh akurasi sebesar 53,65% [9]. Selanjutnya, penelitian yang membandingkan algoritma (DT) *Decision Tree*, SVM, dan *Naive Bayes* pada klasifikasi penyakit liver menunjukkan bahwa *SVM* memperoleh akurasi 59%, lebih rendah dibandingkan *Decision Tree* sebesar 65,52% dan *Naive Bayes* sebesar 66% [10]. Sementara itu, pada klasifikasi penyakit lain, kinerja SVM menunjukkan hasil yang lebih baik, klasifikasi penyakit kardiovaskular menggunakan SVM memperoleh akurasi sebesar 79% [11]. Selain itu, pada klasifikasi kanker payudara, SVM mencapai akurasi sebesar 98% dan mengungguli *Logistic Regression* yang memperoleh akurasi 96% [12]. Penelitian lainnya juga menunjukkan bahwa SVM memperoleh akurasi sebesar 97,46%, sedikit lebih tinggi dibandingkan *Naive Bayes* yang memperoleh akurasi 97,37% pada klasifikasi kanker payudara [13]. Hal ini menunjukkan bahwa SVM cukup baik diterapkan pada penyakit lain, sedangkan pada penyakit *liver* cenderung belum maksimal.

SVM adalah salah satu algoritma dari ML yang dikenal mampu dalam pembelajaran klasifikasi, didalam SVM memiliki dua metode antara lain regresi *(Support Vector Regression)* dan Klasifikasi *(Support Vector Classification)* [14]. Algoritma ini bekerja dengan cara menentukan dimana batas antara dua kelas yang paling berdekatan hal ini dilakukan untuk mengukur margin *hyperplane* (garis pemisah) dan menemukan titik maksimalnya, metode SVM dapat mengklasifikasikan data secara *linier* dan *non-linier* [15].

Hybrid merupakan suatu teknik atau pendekatan yang mengkombinasikan berbagai algoritma dan teknik dalam *Machine Learning*, seperti preprocessing, teknik *balancing* dan *hyperparameter tuning*, terdapat tiga bentuk *hybrid*, yaitu *hybrid* antar algoritma, *processing* + model dan *hybrid* model + *boosting* [16]. Pendekatan *hybrid* memiliki keunggulan dalam meningkatkan akurasi dan efesiensi dalam data yang besar dan kompleks dibandingkan dengan metode non-*hybrid* atau *baseline* yang hanya menggunakan metode tunggal [17].

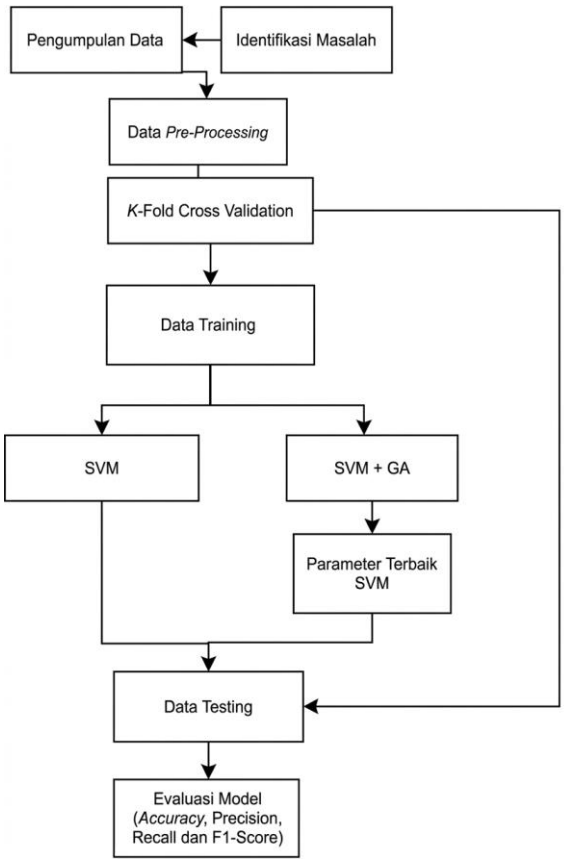
Hyperparameter merupakan parameter yang bisa menyelaraskan dan mengatur bagaimana proses pelatihan model, seperti jumlah pohon, kedalaman maksimum pohon, dan jumlah dari fitur dalam pemisahan node, pemilihan *hyperparameter* yang tepat dapat meningkatkan akurasi model secara signifikan [18]. *Genetic Algorithm* (*GA*) merupakan metode optimasi algoritma evolusioner dan terinspirasi dari teori evolusi Darwin, GA sering digunakan untuk meningkatkan kinerja model *machine learning* melalui pencarian parameter terbaik atau pemilihan fitur yang relevan. [19].

Penerapan optimasi *Genetic Algorithm (GA)* pada algoritma SVM telah terbukti mampu meningkatkan performa klasifikasi pada berbagai jenis penyakit. Klasifikasi penyakit ginjal kronis (*Chronic Kidney Disease* atau CKD) menggunakan kombinasi SVM dan GA memperoleh akurasi sebesar 98,75%, meningkat dari 80% saat menggunakan SVM tanpa optimasi [20]. Selanjutnya, pada klasifikasi *Polycystic Ovary Syndrome* (PCOS), penerapan optimasi GA pada SVM menghasilkan akurasi sebesar 94,26%, lebih tinggi dibandingkan SVM tanpa optimasi yang memperoleh akurasi 82,46% [21]. *Genetic Algorithm* diintegrasikan dengan SVM dengan cara memproses *hyperparameter* C dan gamma dan dari setiap individu pada GA mempresentasikan kombinasi dengan parameter SVM akan dievaluasi menggunakan nilai akurasi sebagai *fitness function* hingga menperoleh model terbaik [22]. Kebaruan penelitian ini akan mengevaluasi komparatif terhadap kinerja *SVM*

sebelum dan sesudah optimasi *hyperparameter* menggunakan penerapan *GA* untuk mengetahui apakah optimasi GA dapat meningkatkan kinerja klasifikasi, dengan penelitian ini diharapkan bisa menujukkan gambaran empiris mengenai efektivitas *GA* terhadap *SVM* pada klasifikasi penyakit *liver* dengan dataset *ILPD* yang mengalami ketidakseimbangan kelas.

II. METODE PENELITIAN

Pada penelitian ini, alur penelitian di awali dengan pengumpulan data dan identifikasi masalah, kemudian dilakukan data preprocessing agar data siap digunakan pada proses pemodelan. Selanjutnya, data dibagi menggunakan *10-Fold Cross Validation* menjadi data *training* dan data *testing*. Data *training* kemudian digunakan pada empat skenario, yaitu *SVM* dan *SVM + GA*, pada skenario yang menggunakan *GA* dilakukan optimasi *hyperparameter SVM* untuk memperoleh parameter terbaik. Model yang dihasilkan kemudian diuji menggunakan data *testing* dan dievaluasi berdasarkan nilai *Accuracy, Precision, Recall,* dan *F1-Score* untuk menentukan model dengan kinerja terbaik. Alur penelitian ditunjukkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Alur penelitian

A. Pengumpulan Data

Dataset yang digunakan didalam penelitian ini bernama *Indian Liver Patient Dataset* (ILPD) yang mudah didapatkan melalui website UCI *Machine Learning* Repository dengan jumlah dataset 583 pasien dengan fitur berbentuk numerik kecuali jenis kelamin (*Gender*). Fitur data dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Fitur data

No	Atribut	Tipe Data	Keterangan
1	*Age*	*Numeric* (*Int*)	Usia Pasien
2	*Gender*	*String*	Jenis Kelamin (laki-laki & perempuan)
3	*Total Bilirubin*	*Numeric* (*Float*)	Total kadar dalam darah
4	*Direct Bilirubin*	*Numerik (Float)*	Total kadar bilirubin dalam kerusakan hati
5	*Alkaline Phosphotase*	*Numerik (Int)*	Jumlah enzim yang terkandung dalam hati
6	*Alanine Aminotransferase*	*Numeric (Int)*	Jumlah enzim hati yang sensitif terhadap kerusakan hati

No	Atribut	Tipe Data	Keterangan
7	*Aspartate Aminotransferase*	*Numeric (Int)*	Jumlah enzim yang ditemukan di hati dan jaringan lain
8	*Total Protein*	*Numeric (Int)*	Jumlah total protein dalam darah
9	*Albumin*	*Numeric (Int)*	Jumlah protein yang bisa di produksi oleh hati
10	*Rasio Albumin dan Globulin*	*Numeric (Int)*	Perbandingan antara albumin dan globulin
11	*Disease*	*Numeric (Class)*	*Target Class* (*Liver & Non-Liver*)

B. Preprocessing Data

Untuk tahap *Pre-Processing* ialah tahap awal yang perlu dilakukan ada 3 langkah penting yang perlu dilakukan yaitu Data *Selection*, Data *Cleaning* dan Data *Transformation* untuk menyiapkan data sebelum diproses oleh model [23]. Terlebih pada data ILPD yang memiliki data yang jenis kelamin dan *class disease*, maka dari itu tahap ini penting untuk meningkatkan baiknya data serta menghasilkan klasifikasi yang stabil dan akurat.

C. K-Fold Cross Validation

K-Fold Cross Validation merupakan salah satu teknik pembagian data dalam penentuan berapa banyaknya data *training* dan data *testing* yang digunakan, k-fold yang akan digunakan adalah K-10 dipilih karena pada metode SVM menunjukkan hasil yang baik ketika menggunakan *K-Fold* dibanding data split.

D. Penerapan Support Vector Machine

SVM merupakan metode *supervised learning* yang sering digunakan untuk melakukan klasifikasi biner dengan membentuk *hyperplane* optimal sebagai jarak batas pemisah antar kelas berdasarkan margin terbesar [24]. Fungsi keputusan pada algoritma SVM yang direpresentasikan pada Persamaan (1) [25]

$$f(x) = w \cdot x + b \tag{1}$$

Keterangan:
x : Vektor data
w : Vektor bobot
b : bias

E. *Penerapan Genetic Algorithm*

Algoritma genetika (GA) berupa algoritma pencari (*metaheuristic*) yang terinspirasi dari prinsip genetika serta seleksi alam atau perubahan (evolusi) alam, algoritma ini konsep utamanya adalah individu-individu yang cukup unggul akan dilanjutkan sedangkan yang tidak cukup kuat akan dihapus [26]. Parameter yang dioptimasi bukan untuk membandingkan parameter satu per satu, melainkan membentuk ruang pencarian yang akan dieksplorasi untuk mencari konfigurasi atau penyetelan terbaik [27]. Adapun perumusan GA yang direpresentasikan oleh pada Persamaan (2).

$$E\big(m(H,t+1)\big) \geq \frac{m(H,t)f(H)}{ft}(1-p)(2) \tag{2}$$

Keterangan:
$m(H,t)$: jumlah schema pada generasi ke-t
$f(H)$: *fitness* rata-rata schema
f_t : *fitness* rata-rata populasi
p : probabilitas kerusakan akibat *crossover* atau mutasi

F. Evaluasi Model

Evaluasi model akan dilakukan untuk mengevaluasi serta mengukur seberapa besar kinerja algoritma SVM dalam mengklasifikasikan penyakit *liver* berdasarkan dataset ILPD. Proses evaluasi ini dilakukan menggunakan data *testing* yang tidak terlibat dalam proses *training* model. Model akan di evaluasi menggunakan *Confusion Matrix* dan beberapa metrik performa, yaitu *Accuracy*, *Precision*, *Recall*, dan *F-1 Score* [28].

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Hasil Pengumpulan Data

Penelitian ini akan menggunakan data gejala penyakit liver dengan nama *Indian Liver Patient Disease* yang telah dikumpulkan dari repository UCI *Machine Learning* yang berjumlah 583 data.. Dataset penyakit jantung dapat dilihat pada Tabel 2

Tabel *2.* Hasil pengumpulan data

Age	*Gender*	*TB*	*DB*	*ALKPHOS*	*SGPT*	SGOT	TP	ALB	A/G RATIO	CLASS
65	*Female*	0.7	0.1	187	16	18	6.8	3.3	0.9	1
62	*Male*	10.9	5.5	699	64	100	7.5	3.2	0.74	1
62	*Male*	7.3	4.1	490	60	68	7	3.3	0.89	1
58	*Male*	1	0.4	182	14	20	6.8	3.4	1	1

Pada Tabel 2 memperlihatkan fitur-fitur yang mempengaruhi penyakit *liver*, Data yang didapatkan memiliki sebanyak 11 Atribut termasuk 1 Kelas, yang akan digunakan dalam proses klasifikasi penyakit *liver* yang terdiri antara lain *Age, Gender, TB, DB, ALKPHOS, SGPT, SGOT, TP, ALB, A/G* Rasio dan *Class* sebagai penentu penyakit, namun data diatas kemungkinan masih mengalami *missing value,* data duplikat dan ketidakseimbangan data maka selanjutnya akan dilakukan data *pre-processing*.

B. Data Selection

Dalam tahap ini, data yang diperoleh akan ditentukan mana data yang relevan dengan tujuan penelitian, yang bertujuan mengurangi data yang tidak memiliki kontribusi sehingga proses penelitian akan lebih efektif menampilkan beberapa fitur yang telah dipilih mempengaruhi penyakit *liver*, data *selection* ini telah di validasi oleh dr. Christopel Korah Tooy, Sp.PD,FINASIM di Rumah Sakit Samarinda Medika Citra, tahap ini dilakukan agar semua atribut bisa digunakan dan memiliki nilai kontribusi untuk proses selanjutnya. Adapun data yang telah diseleksi antara lain *Age, Gender, TB, DB, ALKPHOS, SGPT, SGOT, TP, ALB, A/G* Rasio dan *Class* sebagai penentu penyakit.

C. Data Cleaning

Untuk tahap ini data akan dilakukan pembersihan, melengkapi dan mengatasi *missing value*. Jika ditemukan data kosong, nilai dapat diisi dengan nilai mean semua nilai agar data tetap bisa digunakan pada prses klasifikasi.

1) *Missing Value* : Pada Tabel 3 *menampilkan* hasil pemeriksaan *missing value* pada dataset ILPD, pada atribut *Age*, *Gender*, *TB*, *DB*, *Alkphos*, *Sgpt*, *Sgot*, *TP*, *ALB*, dan *Class* atau *Target* memiliki *missing value* sebesar 0 artinya tidak ada nilai yang kosong sedangkan *A/G Ratio* ditemukan 4 data maka akan dilakukan teknik imputasi data dengan data rata-rata atau biasa disebut *mean imputation* dan dapat dilihat sesudah imputasi nilai menjadi bersih.

Tabel 3. *Data missing value*

No	Atribut	Sebelum Imputasi	Sesudah Imputasi
1	*Age*	0	0
2	*Gender*	0	0
3	*TB*	0	0
4	*DB*	0	0
5	*Alkphos*	0	0
6	*Sgpt*	0	0
7	*Sgot*	0	0
8	*TP*	0	0
9	*ALB*	0	0
10	*A/G Ratio*	4	0
11	*Class / Target*	0	0

2) Handling Nilai Duplikat: Pada tahap ini mencoba mengindentifikasi dan menangani data yang mungkin memiliki nilai yang sama atau bisa identik lebih dari sekali, data duplikat ini jika tidak dilakukan pembersihan dapat menghasilkan karena beberapa data dihitung sekali. Tabel pembersihan dapat dilihat pada Tabel 4

Tabel 4. Data duplikat

No	Penjelasan	Jumlah Baris
1	Total Data	583
2	Jumlah Baris Data Duplikat	13

No	Penjelasan	Jumlah Baris
3	Jumlah Baris Data Setelah Penghapusan Duplikat	570

Pada Tabel 4 menunjukkan hasil dari idenifikasi data yang duplikat, dari total 583 baris data. ditemukan ada 13 data yang duplikat maka dari itu data tersebut akan dihapus dan akhirnya menjadi 570 data yang bersih.

D. Encoding Data

Tabel 5. Encoding data

No	Atribut	Sebelum Perubahan	Sesudah Perubahan
1	*Gender*	*Male* dan *Female*	0 dan 1
2	*Class / Target*	1 dan 2	1 dan 0

Pada Tabel 5 menampilkan hasil dari proses encoding untuk mengubah data kategorikal menjadi numerik agar dibisa diproses dengan lancar, pada atribut *Gender* nilai yang awalnya *Male* dan *Female* diubah menjadi nilai numerik 1 dan 0, selain itu *Class/ Target* juga dilakukan penyesuaian dari 1 dan 2 menjadi 0 dan 1, nilai 1 untuk positif dan 0 negatif liver.

E. Hasil Pembagian K-Fold Cross Validation

Untuk pembagian dataset menjadi data *Training* dan *Testing* dengan cara menggunakan *K-10 Fold Cross Validation*, teknik ini digunakan untuk memperoleh hasil evaluasi yang lebih stabil dan mengurangi bias yang dapat terjadi akibat pembagian data yang tidak beraturan. Hasil pembagian data dengan K-10 Fold dapat dilihat pada gambar 2.

```
===== Fold 1 =====          ===== Fold 6 =====
Jumlah Data Training : 513  Jumlah Data Training : 513
Jumlah Data Testing  : 57   Jumlah Data Testing  : 57

===== Fold 2 =====          ===== Fold 7 =====
Jumlah Data Training : 513  Jumlah Data Training : 513
Jumlah Data Testing  : 57   Jumlah Data Testing  : 57

===== Fold 3 =====          ===== Fold 8 =====
Jumlah Data Training : 513  Jumlah Data Training : 513
Jumlah Data Testing  : 57   Jumlah Data Testing  : 57

===== Fold 4 =====          ===== Fold 9 =====
Jumlah Data Training : 513  Jumlah Data Training : 513
Jumlah Data Testing  : 57   Jumlah Data Testing  : 57

===== Fold 5 =====          ===== Fold 10 =====
Jumlah Data Training : 513  Jumlah Data Training : 513
Jumlah Data Testing  : 57   Jumlah Data Testing  : 57
```

Gambar 2. K-10 *fold cross validation*

Pada Gambar 2 memperlihatkan hasil pembagian data yang akan digunakan secara berurutan sebagai data *training* dan data *testing*, terdapat 513 data *training* dan 57 dan data *testing*, penggunaan *10-Fold Cross Validation* diharapkan akan lebih stabil terhadap kemampuan model dalam proses klasifikasi.

F. Data Standarisasi

Standarisasi data dilakukan untuk menyamakan skala seluruh atribut yang terlampau jauh jaraknya, kecuali untuk *Gender* dan *Target*. Hasil dari data standarisasi dapat dilihat pada Tabel 6.

Tabel 6. Data standarisasi

No	Age	Gender	TB	DB	ALKPHOS	SGPT	SGOT	TP	ALB	A/G Ratio	Class
1	1.241741	0	-0.437546	-0.431382	-0.427421	-0.351482	-0.314428	-0.040174	0.300994	-1.032854	1
2	1.056874	1	1.437668	1.372090	1.661722	-0.086746	-0.032278	0.817776	0.289268	-0.005574	1
3	1.056874	1	0.864998	0.999945	0.808972	-0.0108807	-0.142385	0.773551	0.300994	-0.005574	1
4	0.810385	1	-0.263499	-0.420647	-0.447823	-0.362513	-0.307546	-0.040174	0.312720	0.876733	1
5	1.673096	1	0.127639	0.280703	-0.394778	-0.290813	-0.173353	0.800086	-0.859904	-1.137776	1

Pada Tabel 6 menujukkan hasil dari standarisasi data menggunakan *StandardScaler*, nilai pada setiap atribut numerik tidak lagi memiliki nilai aslinya namun telah ditransformasikan antar rentang 0 dan 1, hal ini dilakukan agar setiap atribut memiliki kontribusi yang sama rata dan proses klasifikasi., kecuali atribut *Gender* dan *Class* yang tetap 0 dan 1 agar nilai tetap asli.

G. Konfigurasi Parameter Support Vector Machine

Tabel 7. Konfigurasi parameter SVM

***Hyperparameter* yang dioptimasi**	**Rentang Nilai**
C	0,1-100
gamma	0,0001-10

Pada Tabel 7 menampilkan parameter dari metode SVM yaitu, *C* dengan rentang nilai 0,1 sampai 100 dan gamma 0,0001-1, rentang ini dipilih untuk memberikan kesempatan kepada *Genetic Algorithm (GA)* dalam mengeksplorasi berbagai kombinasi nilai parameter. Selanjutnya, setiap kandidat kombinasi parameter dievaluasi menggunakan fungsi fitness berbasis akurasi untuk menentukan konfigurasi dengan kinerja terbaik. Rentang tersebut merupakan batas pencarian yang ditetapkan dalam eksperimen, sehingga tidak dimaksudkan sebagai rentang universal yang selalu optimal untuk seluruh dataset. dengan parameter *C* berfungsi menjaga tingkat penalti dari kesalahan klasifikasi artinya semakin besar nilai *C* maka model akan lebih fokus pada klasifikasi yang benar sedangkan nilai *C* yang kecil akan memberikan toleransi pada kesalahan, sedangkan parameter gamma akan mengatur perubahan dari data *training,* jika nilai gamma tinggi maka akan menghasilkan batas keputusan yang lebih rumit dan jika rendah maka lebih sederhana.

H. Konfigurasi Genetic Algorithm

Genetic Algorithm (GA) akan digunakan untuk mencoba mengoptimasi parameter pada model klasifikasi, yaitu parameter *C* dan *gamma*. Konfigurasi yamg akan digunakan yaitu; *Population Size*, *Generations*, *Crossover*, *Mutation* dan *Fitnesss Function*. Untuk penyetelan *GA* pada penelitian ini dapat dilihat pada Tabel 8.

Tabel 8. Konfigurasi *genetic algorithm*

Parameter *Genetic Algorithm*	***Value***
Population Size	20
Generations	20
Crossover	0.8
Mutation	0.1
Fitness	*Accuracy*

Pada Tabel 8 menampilkan konfigurasi yang akan digunakan yaitu, ukuran populasi dengan *value* 20, generasi dengan *value* 20, probablititas 0,8 dan mutasi sebesar 0,1, dengan evaluasi setiap individu dilakukan dengan *10-Fold Cross Validation*, dengan melalui proses tersebut GA akan mencoba mencari parameter terbaik pada dataset penyakit liver (ILPD).

I. Hasil Model SVM

Tabel 9. Hasil per-fold SVM

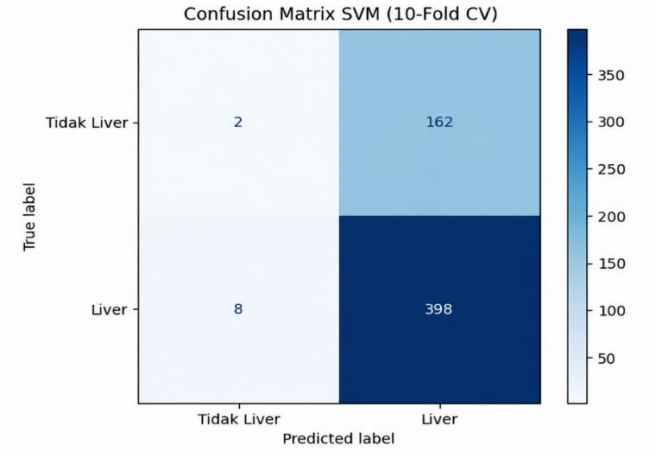
Fold	***Accuracy***	***Precision***	***Recall***	***F1-Score***
1	70,18%	71,43%	97,56%	82,47%
2	70,18%	71,43%	97,56%	82,47%
3	73,68%	73,21%	100%	84,54%
4	70,18%	71,43%	97,56%	82,47%
5	70,18%	71,43%	97,56%	82,76%
6	70,18%	71,43%	97,56%	82,47%
7	68,42%	69,64%	97,50%	81,25%
8	68,42%	69,64%	81,25%	81,25%
9	68,42%	69,64%	97,50%	81,25%
10	71,93%	71,43%	100%	83,33%

Berdasarkan Tabel 9, hasil pengujian model SVM menggunakan *Stratified 10-Fold Cross Validation* memperoleh akurasi berkisar antara 68,42% hingga 73,68%. *Precision* berada pada rentang 69,64% sampai 73,21%, *recall* sebesar 81,25%–100%, dan *f1-score* sebesar 81,25% hingga 84,54%. Hasil tersebut menunjukkan bahwa model *SVM* dinilai mampu melakukan klasifikasi penyakit *liver* dengan performa yang cukup baik dan relatif stabil pada setiap fold pengujian, namun disini klasifikasi cenderung salah akibat *imbalanced* data. Untuk melihat rata-rata akurasi seluruh *fold SVM* dapat dilihat pada Tabel 10.

Tabel 10. Rata-rata hasil SVM

Rata-rata			
Accuracy	*Precision*	*Recall*	*F1-Score*
70,18%	71,07%	98,03%	82,40%

Berdasarkan Tabel 10, rata-rata hasil pengujian model *SVM* menggunakan Stratified *10-Fold Cross Validation* mendapatkan nilai *accuracy* sebesar 70,18%, *precision* sebesar 71,07%, *recall* sebesar 98,03%, dan *f1-score* sebesar 82,40%.. Selain metrik evaluasi, tabel ini juga menampilkan akumulasi nilai *confusion matrix* berupa TP, FN, FP, dan TN dari seluruh fold, yang selanjutnya divisualisasikan pada Gambar 3.



Gambar 3. *Confusion matrix SVM*

Berdasarkan gambar 3 model *SVM* berhasil mengklasifikasikan sebanyak 398 data penyakit *liver* dan 2 data tidak *liver* dengan benar. Tetapi terdapat 162 data tidak *liver* yang salah diklasifikasikan sebagai *liver* dan 8 data *liver* yang salah diklasifikasikan sebagai tidak *liver*. Hasil ini menunjukkan bahwa model SVM memiliki kemampuan yang sangat baik dalam mendeteksi kasus penyakit *liver*, tetapi masih kurang optimal dalam membedakan data yang tidak menderita penyakit *liver*.

J. Hasil Model SVM + GA

Tabel 11. Parameter terbaik *SVM + GA*

Parameter Terbaik	Nilai Terbaik
C	0.554978
gamma	1.717650
Kernel	RBF

Pada Tabel 11 Menunjukkan bahwa hasil optimasi GA dan *hyperparameter* SVM terbaik berupa *C* senilai 0.554978, *gamma* senilai 1.717650 dan kernel RBF. Kombinasi parameter ini akan menjadi kombinasi yang akan memberikan hasil klasifikasi terbaik pada penelitian. Hasil dari evaluasi per-*fold* dapat dilihat pada Tabel 12.

Tabel 12. Hasil per-fold SVM + GA

Fold	*Accuracy*	*Precision*	*Recall*	*F1-Score*
1	73,68%	73,21%	100%	84,53%
2	71,92%	71,92%	100%	83,67%
3	73,68%	76%	92,68%	83,61%
4	66,66%	71,15%	90,24%	79,56%
5	68,42%	73,46%	87,80%	80%
6	71,92%	71,92%	100%	83,67%
7	71,92%	72,22%	97,50%	82,97%
8	70,17%	70,17%	100%	82,47%
9	70,17%	70,17%	100%	82,47%
10	70,17%	71,69%	95%	81,72%

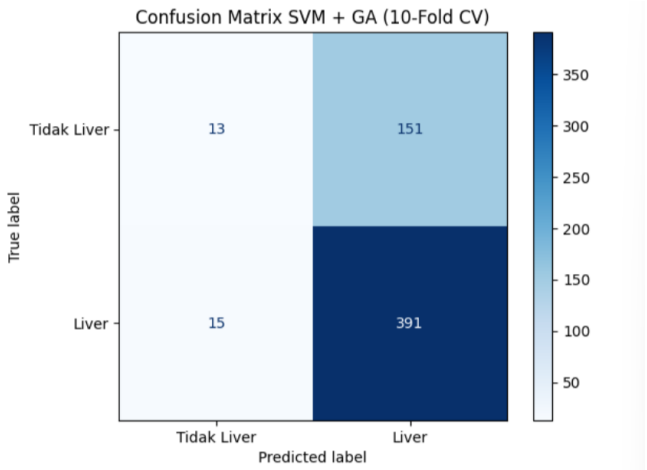
Pada Tabel 12 Menunjukkan hasil evaluasi pada *SVM + GA* pada *10-fold cross validation*, dapat dilihat bahwa hasil yang diberikan cukup baik dengan *accuracy* berkisar 66,66% sampai 73,68%, *precision* 70,17%

sampai 76%, *recall* 87,80% sampai 100%, dan *f1-score* 79,56-84,53%. Hasil yang diperoleh cukup tinggi karena data belum seimbang sehingga prediksi akan terus meningkatkan nilai true positive dan secara langsung akan membantu nilai akurasi . Hasil rata-rata dari 10 fold dapat dilihat pada tabel 13.

Tabel 13. Rata-rata hasil SVM + GA

Rata-rata			
Accuracy	***Precision***	***Recall***	***F1-Score***
70,88%	72,14%	96,31%	82,49%

Pada Tabel 13 menujukkan hasil nilai rata-rata pada model *SVM + GA*. Nilai yang diperoleh meliputi *accuracy* 70,88%, *precision* 72,14%, *recall* 96,31% dan *F1-Score* 82,49%. Yang tersaji secara visual pada gambar 4.



Gambar 4. *Confusion matrix* SVM + GA

K. Pembahasan

Dataset yang akan digunakan pada penelitian ini berasal dari UCI *Machine Learning* yang memiliki 584 data dengan judul *Indian Liver Patient Desiase (ILPD)* di mana data tersebut belum dilakukan data *pre-processing* dan setelahnya ditemukan ada data yang tidak memiliki nilai sebanyak 4 data serta data yang memiliki *value* yang sama persis sebanyak 14 data, maka agar dapat menghindari data bias, wajib dilakukan penghapusan yang bisa saja model akan *training* pada data yang sama dengan akibat estimasi tidak efektif terhadap data yang sebenarnya.

Dataset penyakit *liver* ini memiliki 11 atribut 10 diantaranya adalah atribut sedangkan 1 kelas target. Pemilihan atribut dilakukan dengan validasi medis, validasi medis dilakukan oleh dokter spesialis penyakit dalam dr. Christopel Korah Tooy, Sp.PD,FINASIM untuk sekiranya bisa memastikan bahwa atribut yang akan digunakan memiliki relevansi secara klinis terhadap diagnosis awal penyakit *liver*. Namun data ILPD ini mengalami ketidakseimbangan atau ketimpangan kelas atau imbalanced data.

Dengan hasil akurasi yang didapatkan 70,18% untuk SVM dan 70,88% untuk SVM + GA dengan selisih 0,70%, hasil preprocessing, dataset ILPD yang digunakan dalam penelitian ini terdiri atas 570 data, dengan 406 data kelas *Liver* (71,23%) dan 164 data kelas Tidak Liver (28,77%). Distribusi tersebut menunjukkan adanya ketidakseimbangan kelas yang memengaruhi kinerja model klasifikasi, model dapat lebih cenderung memprediksi kelas mayoritas atau tertinggi sehingga kemampuan dalam mengenali kelas minoritas atau terkecil menjadi kurang optimal. Hasil yang diterima menunjukkan bahwa optimasi parameter *C* dan *gamma* memberikan peningkatan performa yang terbatas karena optimasi *hyperparameter* hanya berfokus pada pencarian konfigurasi parameter sedangkan permasalahan ketidakseimbangan kelas berkaitan langsung dengan distribusi data. Fitur data juga mempengaruhi dikarenakan tumpang tindih distribusi nilai antar kelas sehingga menyulitkan model dalam membentuk kelas keputusan yang tepat. Dataset yang digunakan pada penelitian ini distribusi kelas tidak seimbang, Namun, *recall* kelas Tidak Liver hanya mencapai 1,22% pada SVM dan 7,93% pada SVM-GA, yang menunjukkan bahwa model masih kesulitan mengenali kelas minoritas. Hal ini mengindikasikan bahwa nilai *precision* dan *recall* kelas *liver* belum sepenuhnya menggambarkan kemampuan model dalam mengklasifikasikan kedua kelas secara seimbang.

Penggunaan *accuracy* sebagai fungsi *fitness* GA juga belum secara khusus mengoptimalkan pengenalan kelas minoritas. Oleh karena itu, penelitian selanjutnya dapat mengevaluasi fungsi *fitness* seperti *balanced accuracy* atau *macro-F1* serta menerapkan teknik penyeimbangan kelas, seperti ADASYN atau SMOTE, hanya pada data pelatihan di setiap *fold cross-validation* untuk menghindari kebocoran data. Adapun Tabel Perbandingan dengan 2 skenario lainnya yang disajikan pada Tabel 14.

Tabel 14. Tabel perbandingan hasil evaluasi model

Model	*Accuracy*	*Precision*	*Recall*	*F1-Score*
SVM	70,18%	71,07%	98,03%	82,40%
SVM + GA	70,88%	72,14%	96,31%	82,49%
SVM + PSO	70,70%	71,85%	96,80%	82,48%
SVM + ACO	70,35%	71,74%	96,31%	82,23%

Hasil ini juga didukung oleh penelitian sebelumnya yang menerapkan kombinasi *Support Vector Machine (SVM)* dan *Genetic Algorithm (GA)* untuk mengklasifikasikan *Chronic Kidney Disease (CKD)* hasil penelitian menunjukkan bahwa penerapan optimasi menggunakan *GA* mampu meningkatkan akurasi model dari 80% menjadi 98,75% [20]. Selain itu, penelitian sebelumnya juga mengalami peningkatan performa klasifikasi *Polycystic Ovary Syndrome (PCOS)* melalui optimasi *Genetic Algorithm* pada algoritma *SVM*. Model yang dioptimasi dengan *GA* memperoleh akurasi sebesar 94,26%, sedangkan model SVM tanpa optimasi hanya mencapai 82,46% [21]. Hasil dari temuan diatas adalah teknik optimasi GA berhasil menemukan kombinasi hyperparameter yang lebih baik, *hyperplane* jauh lebih optimal (margin antar kelas menjadi baik, jumlah data salah klasifikasi berkurang, dan support vector yang dipilih semakin representatif), penggunaan proses evolusi (inisialiasi populasi, seleksi, *crossover*, mutasi, dan evaluasi *fitness*) berhasil menemukan peluang kombinasi parameter.

IV. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian menggunakan *Stratified 10-Fold Cross Validation*, model SVM memperoleh *accuracy* sebesar 70,18%, *precision* 71,07%, *recall* 98,03%, dan *F1-score* 82,40%. Sementara itu, model SVM+GA menghasilkan *accuracy* 70,88%, *precision* 72,14%, *recall* 96,31%, dan *F1-score* 82,49%. Dengan demikian, optimasi *hyperparameter* menggunakan *Genetic Algorithm* meningkatkan *accuracy* sebesar 0,70 poin persentase dan *F1-score* sebesar 0,09 poin persentase, tetapi menurunkan *recall*. Peningkatan yang terbatas ini diduga berkaitan dengan ketidakseimbangan kelas pada dataset ILPD, tumpang tindih distribusi fitur antar kelas, serta keterbatasan optimasi parameter *C* dan *gamma*. Oleh karena itu, penelitian selanjutnya disarankan menerapkan teknik penyeimbangan data, seperti *ADASYN* atau *SMOTE*, serta mengevaluasi konfigurasi model lainnya untuk meningkatkan kinerja klasifikasi.

DAFTAR PUSTAKA

[1] F. L. D. Cahyanti, F. Sarasati, W. Astuti, dan E. Firasari, "Klasifikasi Data Mining Dengan Algoritma Machine Larning Untuk Prediksi Penyakit Liver," *Technol. J. Ilm.*, vol. 14, no. 2, hal. 134, 2023, doi: 10.31602/tji.v14i2.10093.

[2] A. B. Hikmah, "Optimasi Hyperparameter Ensemble Learning untuk Prediksi Penyakit Liver Berdasarkan Data Pasien," *J. Sist. Komput. dan Kecerdasan Buatan*, vol. 8, no. 3, hal. 149–158, 2025, doi: 10.47970/siskom-kb.v8i3.798.

[3] W. N. Rohman dan I. M. A. Agastya, "Evaluation of SMOTE Technique in the Comparison of XGBoost and Random Forest Algorithms for Liver Disease Prediction," *J. Appl. Informatics Comput.*, vol. 9, no. 6, 2025, doi: 10.30871/jaic.v9i6.10239.

[4] M. Vetter *et al.*, "Artificial Intelligence For The Classification Of Focal Liver Lesions In Ultrasound – A Systematic Review," *Eur. J. Ultrasound*, vol. 44, no. 44, hal. 395–407, 2023, doi: 10.1055/a-2066-9372.

[5] K. Ofosu-ampong, "Telematics and Informatics Reports Artificial intelligence research : A review on dominant themes, methods, frameworks and future research directions," *Telemat. Informatics Reports*, vol. 14, no. March, hal. 100127, 2024, doi: 10.1016/j.teler.2024.100127.

[6] M. Faid, A. Supri, dan M. Sukron, "Implementasi Data Mining C4.5, Linear Regresi Dan Kmeans Dengan Menggunakan Framework Django Python," *JUSTIFY*, vol. 2, no. 1, hal. 81–88, 2023, doi:

10.35316/justify.v2i1.3309.

[7] Y. A. Suwitono dan F. J. Kaunang, "Implementasi Algoritma Convolutional Neural Network (CNN) Untuk Klasifikasi Daun Dengan Metode Data Mining SEMMA Menggunakan Keras," *J. Komtika (Komputasi dan Inform.*, vol. 6, no. 2, hal. 109–121, 2022, doi: 10.31603/komtika.v6i2.8054.

[8] M. Nurkholifah dan Y. Umar, "Analisa Performa Algoritma Machine Learning Dalam Prediksi Penyakit Liver," *J. Indones. Manaj. Inform. dan Komun.*, vol. 4, no. 1, hal. 164–172, 2023, doi: 10.35870/jimik.v4i1.149.

[9] N. Kencana, V. R. Yr, I. P. Eka, dan I. K. G. Sukarsa, "Klasifikasi Penyakit Sirosis Menggunakan Support Vector Machine," *E-Jurnal Mat.*, vol. 12, no. 2, hal. 87–91, 2023, doi: 10.24843/MTK.2023.v12.i02.p404.

[10] D. N. Herisnan, E. Dadynata, dan L. Efrizoni, "Komparasi Algoritma Decision Tree , SVM , Naive Bayes Dalam Prediksi Penyakit Liver," *JSR*, vol. 8, no. 1, hal. 104–109, 2024, doi: 10.58486/jsr.v8i1.387.

[11] M. Abidin, M. Munzir, A. Imantoyo, N. Waidha, dan B. Grendis, "Classification of Heart (Cardiovascular) Disease using the SVM Method," *Indones. J. Mod. Sci. Technol. Mod.*, vol. 1, no. 1, hal. 9–15, 2025, doi: 10.64021/ijmst.1.1.9-15.2025.

[12] A. Desiani, D. A. Zayanti, I. Ramayanti, dan F. F. Ramadhan, "Perbandingan Algoritma Support Vector Machine (Svm) Dan Logistic Regression Dalam Klasifikasi Kanker Payudara," *J. Kecerdasan Buatan dan Teknol. Inf.*, vol. 4, no. 1, hal. 33–42, 2025, doi: 10.69916/jkbti.v4i1.191.

[13] I. Ozcan, H. Aydin, dan A. Cetinkaya, "Comparison of Classification Success Rates of Different Machine Learning Algorithms in the Diagnosis of Breast Cancer," *Asian Pacific J. Cancer Prev.*, vol. 23, no. 10, hal. 3287–3297, 2022, doi: 10.31557/APJCP.2022.23.10.3287.

[14] H. S. Wafa, A. I. Hadiana, dan F. R. Umbara, "Prediksi Penyakit Diabetes Menggunakan Algoritma Support Vector Machine (SVM)," *Index (Informatics Digit. Expert.*, vol. 4, no. 1, hal. 40–45, 2022, doi: 10.36423/index.v4i1.895.

[15] R. A. Saputra, "Analisis Sentimen Review Skincare Skintific Dengan Algoritma Support Vector Machine," *JITET*, vol. 12, no. 2, hal. 994–1002, 2024, doi: 10.23960/jitet.v12i2.4095.

[16] P. M. Gote, P. Kumar, H. Kumar, dan P. Verma, "Integrating Machine Learning Algorithms : A Hybrid Model for Lung Cancer Outcome Improvement," *Appl. Sci.*, vol. 15, no. 9, hal. 1–18, 2025, doi: 10.3390/app15094637.

[17] E. Prayitno *et al.*, "Implementasi Data Mining dan Machine Learning untuk Segmentasi Pelanggan: Pendekatan Hybrid Menggunakan Big Data," *J. Ilm. FIFO*, vol. 17, no. 1, hal. 57–62, 2025, doi: 10.22441/fifo.2025.v17i1.007.

[18] A. R. Arifa, N. Suarna, A. Bahtiar, N. Rahaningsih, dan W. Prihartono, "Model Machine Learning Untuk Prediksi Risiko Penyakit Liver Dengan Random Forest Teroptimasi," *J. Sist. Inf. DAN Teknol. (S I N T E K)*, vol. 6, no. 1, hal. 39–45, 2026, doi: 10.56995/sintek.v6i1.204.

[19] S. H. Murad, N. Bahjat, N. H. Mahmood, dan L. Arman, "MethodsX Hybrid genetic algorithms-driven optimization of machine learning models for heart disease prediction," *MethodsX*, vol. 15, no. March, hal. 1–10, 2025, doi: 10.1016/j.mex.2025.103510.

[20] L. Luaha, F. Fahmi, dan M. Zarlis, "Performance Analysis of Support Vector Machine (SVM) Model through Parameter Optimization with Genetic Algorithm (GA) in Chronic Kidney Disease Classification," *Int. Conf. Electr. Telecommun. Comput. Eng.*, vol. 31, no. 24, hal. 243–247, 2024, doi: 10.1109/ELTICOM64085.2024.10864385.

[21] F. Novianti dan N. Ulinnuha, "Feature Selection Using Genetic Algorithm In PCOS Medical Record Data Classification Using SVM," *NERO*, vol. 9, no. 1, hal. 9–19, 2024, doi: 10.21107/nero.v9i1.25399.

[22] Q. I. Awalin, I. H. Agustin, A. F. Hadi, dan R. Sunder, "Optimizing Data Classification in Support Vector Machines Using Metaheuristic Algorithms," *CAUCHY J. Mat. Murni dan Apl.*, vol. 9, no. 2, hal. 320–328, 2024, doi: 10.18860/ca.v9i2.29320.

[23] K. Maharana, S. Mondal, dan B. Nemade, "A review : Data pre-processing and data augmentation techniques," *Glob. Transitions Proc.*, vol. 3, no. April, hal. 91–99, 2022, doi: 10.1016/j.gltp.2022.04.020.

[24] A. R. Raharja, A. Pramudianto, dan Y. Muchsam, "Penerapan Algoritma Decision Tree dalam Klasifikasi Data ' Framingham ' Untuk Menunjukkan Risiko Seseorang Terkena Penyakit Jantung dalam 10 Tahun Mendatang," *Technol*, vol. 6, no. 1, hal. 1–9, 2024.

[25] V. Piccialli dan M. Sciandrone, "Nonlinear optimization and support vector machines," *Ann. Oper. Res.*, vol. 314, no. 3, hal. 15–47, 2022, doi: 10.1007/s10479-022-04655-x.

[26] I. P. Dedy, W. Darmawan, G. A. Pradnyana, I. Bagus, dan N. Pascima, "Optimasi Parameter Support Vector Machine Dengan Algoritma Genetika Untuk Analisis Sentimen Pada Media Sosial Instagram," *SINTECH J.*, vol. 6, no. 1, hal. 58–67, 2023, doi: 10.31598/sintechjournal.v6i1.1245.

[27] M. Ridwan dan E. Utami, "Optimized Hyperparameter Tuning for Improved Hate Speech Detection," *J. RESTI (Rekayasa Sist. dan Teknol. Informasi)*, vol. 8, no. 4, hal. 525–534, 2026, doi: 10.29207/resti.v8i4.5949.

[28] D. I. Rabbil, T. A. Y. Siswa, dan J. Pranoto, "Model Hybrid PSO , Correlation Feature Selection Dan KNN Untuk Deteksi Penyakit Jantung Hybrid PSO , Correlation Feature Selection , and KNN Model for Heart Disease Detection," *JIKO*, vol. 10, no. 2, hal. 262–272, 2026, doi: 10.26798/jiko.v10i2.2662.