Seleksi Fitur pada Diagnosis Kanker Kolorektal Berbasis *Machine Learning*: SLR dan *Bibliometrik*

Ferly Ardhy[1], Aristoteles[*2], Favorisen Lumban Raja[3], Khairun Nisa Berawi[4]

[1]Program Doktoral Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lampung

[1]Program Studi Teknik Informatika, Universitas Aisyah Pringsewu

[2*,3]Program Studi Ilmu Komputer, Universitas Lampung

[4]Program Studi Ilmu Kedokteran, Universitas Lampung

E-mail: ferly@aisyahuniversity.ac.id[1], aristoteles.1981@fmipa.unila.ac.id*[2], favorisen.lumbanraja@fmipa.unila.ac.id[3], khairun.nisa@fk.unila.ac.id[4]

Abstrak. Seleksi fitur merupakan tahap penting dalam meningkatkan kinerja dan interpretabilitas model *machine learning* pada diagnosis kanker kolorektal, terutama dalam menangani data medis berdimensi tinggi. Penelitian ini menyajikan kajian komprehensif mengenai penerapan seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning* dengan pendekatan terintegrasi *Systematic Literature Review* (SLR) dan analisis *bibliometrik*. Sebanyak 53 artikel yang dipublikasikan pada periode 2020–2025 dikumpulkan dari *database Scopus* dan diseleksi menggunakan pedoman PRISMA. Analisis *bibliometrik* dilakukan dengan bantuan *tools VOSviewer* untuk identifikasi tren publikasi, struktur konseptual, dan evolusi topik penelitian, sementara SLR digunakan untuk mengkaji metode seleksi fitur, algoritma *machine learning*, serta tujuan dan temuan utama setiap studi. Hasil analisis menunjukkan empat klaster penelitian utama, yaitu analisis *biomarker* dan data pasien kanker kolorektal, seleksi fitur berbasis optimasi, interpretabilitas model dan *feature importance*, serta penerapan *deep learning* pada citra histopatologi. Meskipun metode seleksi fitur berbasis optimasi seperti *Genetic Algorithm* dan *Particle Swarm Optimization* mendominasi penelitian, namun seleksi firur yang menggabungkan *Genetic Algorithm* dan *Particle Swarm Optimization* belum terlihat. Kebaruan penelitian ini terletak pada pemetaan terintegrasi lintas klaster yang secara eksplisit mengungkap kesenjangan antara performa komputasional dan kesiapan klinis, serta memberikan arah pengembangan seleksi fitur hibrida dan interpretable untuk diagnosis kanker kolorektal di masa depan.

Kata kunci: Seleksi Fitur, Kanker Kolorektal, SLR, *Bibliometrik, Vosviewer*

Abstract. *Feature selection is a crucial step in improving the performance and interpretability of machine learning models in colorectal cancer diagnosis, particularly in handling high-dimensional medical data. This study presents a comprehensive review of the application of machine learning-based feature selection in colorectal cancer diagnosis using an integrated approach of Systematic Literature Review (SLR) and bibliometric analysis. A total of 53 articles published in the 2020–2025 period were collected from the Scopus database and selected using PRISMA guidelines. Bibliometric analysis was performed using the VOSviewer tool to identify publication trends, conceptual structure, and the evolution of research topics, while SLR was used to examine feature selection methods, machine learning algorithms, as well as the objectives and main findings of each study. The analysis results indicate four main research clusters: analysis of biomarkers and colorectal cancer patient data, optimization-based feature selection, model interpretability and feature importance, and the application of deep learning to histopathology images. Although optimization-based feature selection methods such as Genetic Algorithm and Particle Swarm Optimization dominate research, feature selection that combines Genetic Algorithm and Particle Swarm Optimization has not yet been seen. The novelty of this study lies in the integrated mapping across clusters that explicitly reveals the gap between*

computational performance and clinical readiness, and provides direction for the development of hybrid and interpretable feature selection for colorectal cancer diagnosis in the future.

***Keywords**: Feature Selection, Colorectal Cancer, SLR, Bibliometrics, Vosviewer.*

1. Pendahuluan

Kanker kolorektal (*colorectal cancer*/CRC) terus menjadi tantangan kesehatan global, serta merupakan salah satu jenis kanker dengan insidensi dan mortalitas tinggi secara global [1]. Dari laporan penelitian menghasilkan bahwa penyakit CRC berdasarkan secara konsisten berada pada peringkat atas yang salah satu penyebab kematin akbat kanker, terutama penyebabnya adalah keterlambatan proses diagnosis serta secara komplek penyakit CRC memiliki karakteristik secara biologis. Oleh sebab itu proses deteksi dini dan proses diagnosis yang akurat menjadi faktor yang utama dalam meningkatkan keberlangsungan hidup pasien secara klinis [2] [3] [4].

Seiring dengan perkembangan teknologi komputasi yang pesat, pendekatan *machine learning* (ML) semakin banyak di lakukan untuk mendukung sistem pengukung keputusan dalam diagnosis penyakit CRC. Dengan memanfaatkan ML yang didukung dengan ketersediaan data medis dalam jumlah besar, seperti data data klinis berskala besar, data *hispatologi,* seta data melekuler seperti *gene expressioan dan microarray* [5]. Sejumlah penelitian menunjukkan bahwa algoritma ML mampu menghasilkan performa yang cukup tinggi dalam proses klasifikasi CRC dibandingkan menerapkan metode konvensional khususnya dalam penerapan identifikasi pola kompleks yang sulit di olah secara manual [6] [7].

Penerapan *machine learning* pada diagnosis kanker kolorektal menghadapi tantangan berupa data berskala yang tinggi, jumlah sampel yang terbatas, *noise*, redundansi fitur, dan ketidakseimbangan kelas. Kondisi tersebut berpotensi menyebabkan *overfitting* serta menurunkan akurasi dan kemampuan generalisasi model [8].

Seleksi fitur merupakan tahap praproses penting untuk mengurangi data klinis berskala besar, memilih fitur yang relevan, serta menghilangkan fitur yang tidak diperlukan. Pendekatan ini membantu menekan *overfitting* dan meningkatkan performa model klasifikasi pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning* [9] [10]. Seleksi fitur tidak hanya meningkatkan akurasi, tetapi juga interpretabilitas model melalui identifikasi biomarker yang relevan secara klinis. Metode yang umum digunakan meliputi *filter*, *wrapper*, dan *embedded*, dengan *Genetic Algorithm* (GA) dan *Particle Swarm Optimization* (PSO) sebagai pendekatan optimasi yang paling banyak diterapkan pada penelitian kanker kolorektal [11].

Meskipun penelitian terkait ML pada CRC telah berkembang pesat, literatur yang ada masih didominasi oleh kajian umum mengenai prediksi risiko, *skrining,* atau penerapan *Artificial Intelegence* (AI) secara luas, tanpa fokus spesifik pada seleksi fitur sebagai komponen metodologis utama. Sebagai contoh, *Machine Learning in Colorectal Cancer Risk Prediction: Scoping Review* lebih berfokus pada model prediksi risiko CRC dan evaluasi algoritma secara umum, tanpa melakukan sintesis mendalam terhadap metode seleksi fitur seperti *filter, wrapper, embedded*, maupun *hybrid feature selection* [12]. Demikian pula, *review* sebelumnya tentang *machine learning for colorectal cancer risk prediction* lebih menitikberatkan pada model prediksi berbasis faktor risiko populasi, bukan pada optimasi fitur berdimensi tinggi seperti biomarker, *omics*, atau *histopatologi* [13]. Hal ini menunjukkan adanya celah penelitian yang jelas: belum tersedia review khusus yang secara sistematis memetakan perkembangan metode feature selection dalam diagnosis CRC berbasis ML, padahal seleksi fitur merupakan faktor penting dalam mengatasi *high dimensionality*, *noise*, dan interpretabilitas klinis.

Di sisi lain, studi *bibliometrik* yang ada, seperti analisis *bibliometrik* AI pada CRC berhasil memetakan lanskap global penelitian AI di CRC, tetapi fokusnya masih pada AI secara makro *(colonoscopy, pathology, imaging),* bukan integrasi mendalam antara *bibliometric analysis* dan *systematic literature review* (SLR) yang secara khusus mengevaluasi tren metodologis seleksi fitur [14]. Meskipun GA dan PSO banyak digunakan untuk seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal, kajian mengenai potensi framework *hybrid* GA–PSO masih terbatas. Kebaruan penelitian ini terletak pada integrasi SLR, analisis bibliometrik, dan gap analysis untuk mengidentifikasi arah pengembangan metode seleksi fitur yang lebih interpretable dan siap diterapkan secara klinis.

2. Metode Penelitian

2.1 Desain Penelitian

Desain penelitian yang digunakan adalah *mixed-method review*, yang terdiri dari dua komponen utama:

1. *Systematic Literature Review* (SLR)
   Pendekatan SLR digunakan untuk mengidentifikasi metode seleksi fitur, algoritma *machine learning*, karakteristik dataset, dan temuan utama penelitian guna memetakan *state of the art* serta kesenjangan riset pada diagnosis kanker kolorektal.
2. Analisis *Bibliometrik*
   Analisis bibliometrik digunakan untuk memetakan tren publikasi dan struktur konseptual penelitian, sedangkan kombinasi dengan SLR membantu mengidentifikasi perkembangan dan arah riset seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning*.

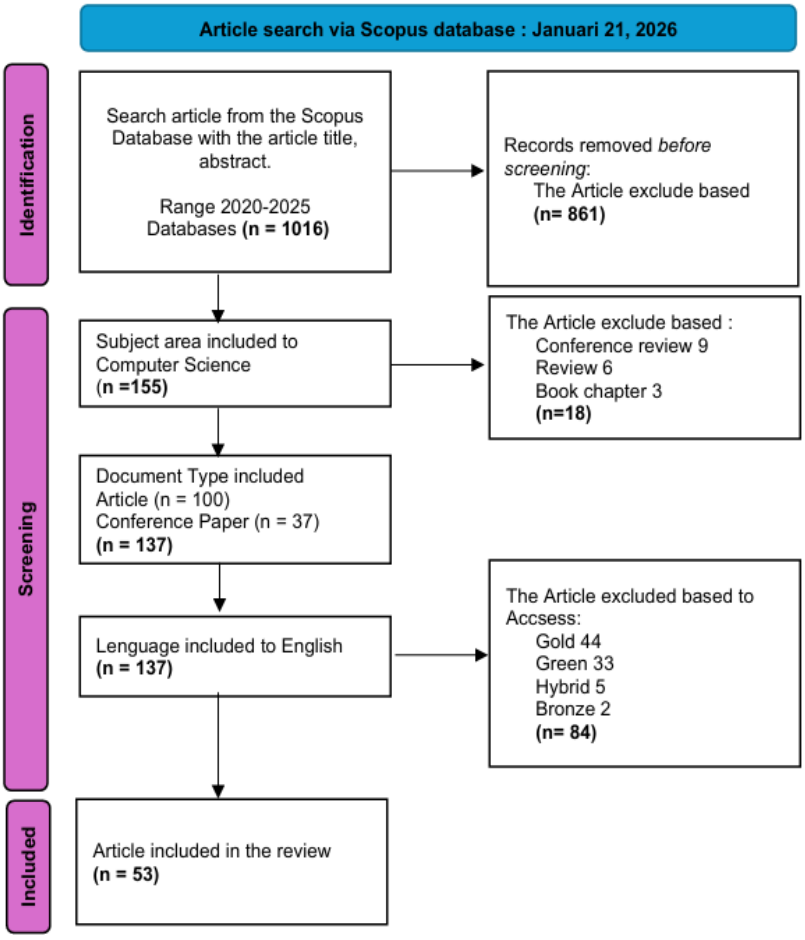
2.2 Research questions

Berdasarkan latar belakang permasalahan dan metode penelitian yang telah diuraikan sebelumnya, serta dengan mempertimbangkan tren dan keterbatasan yang teridentifikasi dalam literatur terkait seleksi fitur dan ML untuk diagnosis kanker kolorektal, Fokus penelitian ini adalah menjawab pertanyaan penelitian utama berikut:

RQ 1	Bagaimana tren dan perkembangan penelitian terkait seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis ML dalam kurun waktu 2020–2025?
RQ 2	Metode seleksi fitur apa saja yang paling banyak digunakan dalam penelitian diagnosis kanker kolorektal berbasis ML?
RQ 3	Algoritma ML dan karakteristik dataset apa yang paling sering dikombinasikan dengan metode seleksi fitur dalam diagnosis kanker kolorektal?
RQ 4	Apa celah penelitian *(research gap)* dan peluang pengembangan riset masa depan dalam seleksi fitur untuk diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning*?

2.3 Proses Identifikasi dan Seleksi Artikel

Pedoman PRISMA *(Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses)* diterapkan dalam proses seleksi artikel penelitian ini. Ekspresi pencarian *Boolean* yang relevan adalah *"feature selection", "machine learning"*, dan "*colorectal cancer*", atau "*colon cancer*". Alur PRISMA digambarkan di bawah ini:



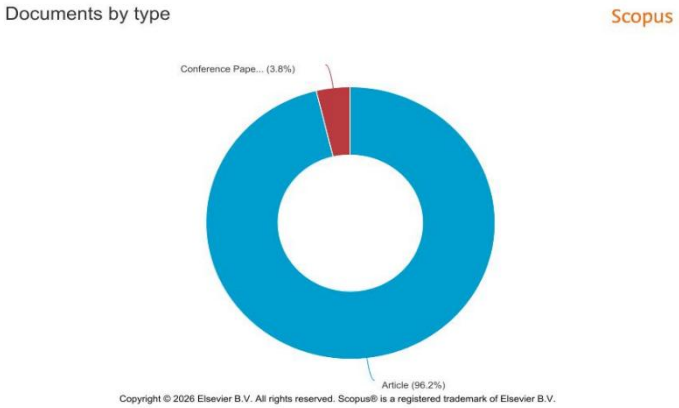
Gambar 1. Diagram Alur PRISMA

Seleksi artikel mengikuti pedoman PRISMA. Data diperoleh dari database Scopus pada 21 Januari 2026. Pencarian awal menghasilkan 1.016 artikel periode 2020–2025, yang kemudian disaring berdasarkan relevansi, bidang ilmu *Computer Science*, jenis dokumen (*article* dan *conference paper*), serta bahasa Inggris. Setelah proses eksklusi terhadap artikel yang tidak memenuhi kriteria, termasuk *conference review*, *review article*, dan *book chapter*, diperoleh 53 artikel yang memenuhi kriteria inklusi. Artikel-artikel tersebut digunakan sebagai dasar analisis bibliometrik dan *systematic literature review* untuk mengidentifikasi tren penelitian, metode seleksi fitur, dan kesenjangan riset pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning*.

3. Hasil dan Analisis

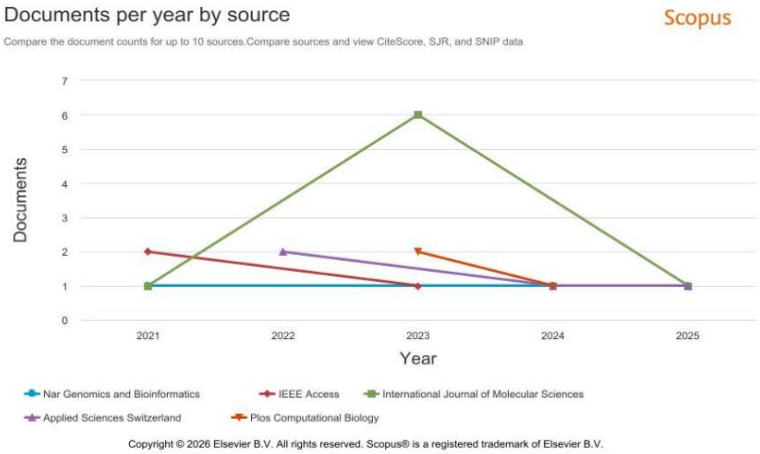
3.1. Ringkasan Studi yang Relevan dengan Pertanyaan Penelitian

Hasil dari proses tinjauan pustaka yang bersumber pada *database scopus* untuk studi lebih lanjut sesuai dengan kriteria inklusi dan eksklusi sebanyak 53 artikel seperti pada gambar 2.



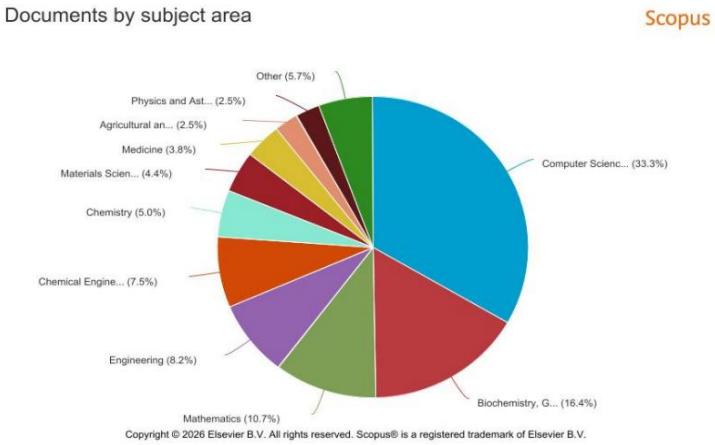
Gambar 2. Dokumen berdasarkan Jenis

Berdasarkan Gambar 2, artikel jurnal mendominasi publikasi dengan proporsi 96,2%, sedangkan *conference paper* hanya 3,8%. Dominasi artikel jurnal menunjukkan bahwa penelitian seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning* umumnya dipublikasikan melalui media ilmiah yang telah melalui proses *peer review*, sehingga memiliki kualitas, validitas, dan reprodusibilitas yang lebih tinggi. Komposisi ini memperkuat kualitas literatur yang digunakan dalam analisis bibliometrik dan SLR [15] [16].



Gambar 3. Dokumen Per Tahun

Gambar 3 menunjukkan bahwa publikasi penelitian seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis machine learning meningkat pada periode 2021–2025 dan mencapai puncaknya pada tahun 2023. *International Journal of Molecular Sciences* menjadi jurnal paling produktif, diikuti *Applied Sciences (Switzerland)*, sementara IEEE *Access*, PLOS *Computational Biology*, dan BMC *Bioinformatics* memberikan kontribusi pendukung. Temuan ini menunjukkan meningkatnya perhatian terhadap penelitian seleksi fitur untuk kanker kolorektal dalam beberapa tahun terakhir.



Gambar 4 Dokumen Berdasarkan Subjek Area

Gambar 4 tersebut memberikan informasi bahwa bidang *computer scince* mendominasi dengan presentase yaitu 33,3%, hal ini menunjukan bahwa pendekatan komputasi khususnya ML menjadi hal yang mendasar dalam penelitian diagnosis penyakit kanker kolorektal berbasis seleksi fitur. Hal ini sejalan dengan fokus penelitian saat ini yaitu pada penerapan optimasi seleksi fitur serta evaluasi performa model klasifikasi pada data kanker kolorektal.

Tabel 1. Ringkasan 53 Artikel berdasarkan data sumber dari *Database Scopus*

Penulis	Tahun	Tipe Data	Tipe Seleksi Fitur	Metode yang Digunakan	Sumber Artikel (Jurnal)	Scopus (Quartil)	Research Gap
Das et al. [17]	2025	Biomarker / Omics	Biomarker / Omics	RF, SVM	BioData Mining	Q1	Belum hybrid FS
Janakarajan et al. [18]	2025	Mult				Q1	Minim supervised benchmark
Park et al. [19]	2025	Clinic or				Q1	Explainability rendah
Eledkawy et al. [20]	2025	Biomarker	Wrapper (GA)	GA, RF	BioData Mining	Q1	Validasi eksternal terbatas
Sharma & Arumugam.[21]	2025	Histopathology / Biomarker	Wrapper (GA)	GA, RF	Computers in Biology and Medicine	Q1	Belum hybrid GA–PSO
Gupta et al. [22]	2025	Genomics	Not Explicit	Not Specified	NAR Genomics and Bioinformatics	Q1	FS tidak eksplisit
Sarkar et al. [23]	2025	Molecular Biomarker	Wrapper (GA)	GA, RF	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Generalisasi dataset
Li et al. [24]	2025	Genomics / Transcriptomics	Not Explicit	Bioinformatics-based	Bioinformatics	Q1	Fokus biologis > ML explainability
Cumbo et al. [25]	2025	Omics	Exploratory	Not Specified	Briefings in Bioinformatics	Q1	Tidak fokus FS CRC spesifik
Bakir-Güngör et al. [26]	2025	Gene Expression	Wrapper (GA)	GA	Applied Sciences (Switzerland)	Q2	Belum multi-model comparison
Alsamri et al. [27]	2025	Histopathology	Hybrid (GA)	DL, GA, NN	Fractals	Q1	Kompleksitas tinggi
Craciun et al. [28]	2025	Clinical	Not Explicit	Computational	Procedia Computer Science	NonQ	Performa belum komprehensif

Alam et al. [29]	2025	Immunological / Biomarker	Wrapper (GA)	GA	Computational and Structural Biotechnology Journal	Q1	Translasi klinis terbatas
Tani et al. [30]	2025	Histopathology	Embedded / Hybrid	DL, RF	Applied Computational Intelligence and Soft Computing	Q1	Interpretabilitas
Nose et al. [31]	2024	O				Q1	FS tidak dominan
Jiang et al. [32]	2024	Gen				Q1	Belum benchmark hybrid
Claude et al. [33]	2024	Genomics	Wrapper (GA)	GA	NAR Genomics and Bioinformatics	Q1	Explainability
Li et al. [34]	2024	Transcriptomics	Wrapper (GA)	GA	Bioinformatics	Q1	Klinis terbatas
Murmu et al..[35]	2024	Medical Imaging	Wrapper (GA)	GA	International Journal of Image, Graphics and Signal Processing	Q3	Dataset kecil
de Oliveira et al. [36]	2024	Histopathology	Hybrid (GA)	CNN, GA, NN	Multimedia Tools and Applications	Q1	Komputasi tinggi
Tenguam et al. [37]	2024	Multi-modal	Comparative FS	DL, NB, NN, RF, SVM	Applied Sciences (Switzerland)	Q2	Belum FS framework baru
Raghav et al. [4]	2024	Clinical / Review	Not Explicit	Intelligent Systems	Intelligent Medicine	Q1	Kurang fokus FS
Ashraf et al. [7]	2024	Biomarker	Wrapper (GA)	GA	International Journal of Advanced Computer Science and Applications	Q3	Belum PSO comparison
Doğan et al. [38]	2024	Clinical Biomarker	Wrapper (GA)	GA, RF	Intelligence-Based Medicine	Q2	Generalisasi
Wang, Z. [39]	2024	Histopathology	Implicit FS	DL	Applied Mathematics and Nonlinear Sciences	NonQ	Black-box issue
Fatima et al. [40]	2023	Histopathology	Implicit FS	CNN, DL, NN	CAAI Transactions on Intelligence Technology	Q1	FS eksplisit minim

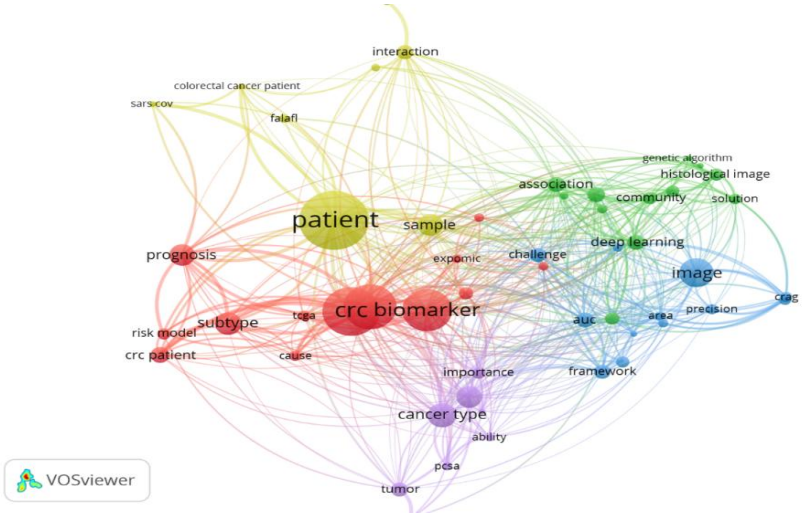
Peixoto et al. [2]	2023	Biomarker	Comparative	DT, RF, SVM	BMC Bioinformatics	Q1	Hybrid FS belum ada
Zhang et al. [41]	2023	Genomics	Not Explicit	Computational Biology	PLOS Computational Biology	Q1	ML detail terbatas
Liao et al. [42]	2023	Molecular	Not Explicit	Molecular Analysis	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Tidak spesifik FS
Jin et al. [43]	2023	O			International Journal of	Q1	Explainability
Huang et al. [44]	2023	Biom				Q1	Clinical deployment
Trasierras et al. [45]	2023	Medical AI	Exploratory	AI Medicine	Artificial Intelligence in Medicine	Q1	FS spesifik kurang
Radanova et al. [46]	2023	Biomarker	Wrapper (GA)	GA	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Multi-center validation
Deschênes et al. [47]	2023	Microbiome	Exploratory	Systems Biology	mSystems	Q1	Integrasi ML terbatas
Wang et al. [48]	2023	Multi-omics	Hybrid (GA)	DL, GA, NN, RF	Briefings in Bioinformatics	Q1	Komputasi
Wei et al. [3]	2023	Gene Expression	Wrapper (GA)	GA, KNN, SVM	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Hybrid optimization
Tsai et al. [49]	2023	Genomics	Wrapper (GA)	GA	PLOS Computational Biology	Q1	Explainability
Sivakumar et al. [50]	2023	Histopathology	Hybrid (GA)	DL, GA, NN	International Journal of Advanced Computer Science and Applications	Q3	Klinis
Zenbout et al. [51]	2023	Histopathology	Hybrid (GA)	DL, GA	IEEE Access	Q1	Robustness
Dabass et al. [52]	2023	Clinical	Not Explicit	Intelligence Medicine	Intelligence-Based Medicine	Q2	FS minim
Tan et al. [53]	2023	Biomarker	Wrapper (GA)	GA	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Belum hybrid
Sha et al. [54]	2022	Omics	Wrapper (GA)	GA	GECCO	NonQ	Metadata kurang

Cekikj et al. [55]	2022	Biomarker	Wrapper (GA)	GA, RF	Applied Sciences (Switzerland)	Q2	Validasi
Alongi et al. [56]	2022	Radiomics / Imaging	Wrapper (GA)	GA	Applied Sciences (Switzerland)	Q2	Explainability
Ram Pavan Ku et al. [57]	2022	Histopathology	Hybrid (GA)	DL, GA, NN	International Journal of Communication Networks and Information Security	NonQ	Clinical translation
Liu et al. [58]	2022	Cli Biol				Q1	Hybrid FS
Deif et al. [59]	2022	Clinical	Hybrid (PSO)	NN, PSO, RF	Wireless Communications and Mobile Computing	NonQ	CRC specificity
Mädler et al.[60]	2021	Genomics	Exploratory	Systems Genomics	NAR Genomics and Bioinformatics	Q1	FS eksplisit
Achilonu et al. [61]	2021	Clinical	Comparative	RF, SVM	Information (Switzerland)	Q2	Dimensionality issue
Taino et al. [62]	2021	Histopathology	Wrapper (GA)	GA	Pattern Analysis and Applications	Q2	Explainability
Hases et al. [63]	2021	Molecular	Wrapper (GA)	GA	International Journal of Molecular Sciences	Q1	Validation
Mulenga et al. [64]	2021	Histopathology	Implicit FS	DL	IEEE Access	Q1	FS tidak eksplisit
Mulenga et a. [65]	2021	Histopathology	Hybrid (GA)	GA, NN	IEEE Access	Q1	Generalisasi klinis

Berdasarkan Tabel 1 dapat menjawab RQ2, RQ3 bahwa penelitian seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal didominasi oleh metode *wrapper* dan *embedded*, terutama GA dan PSO. Algoritma klasifikasi yang paling sering digunakan adalah SVM, *Random Forest*, dan metode *ensemble*, namun studi yang membandingkan atau mengintegrasikan GA dan PSO masih sangat terbatas.

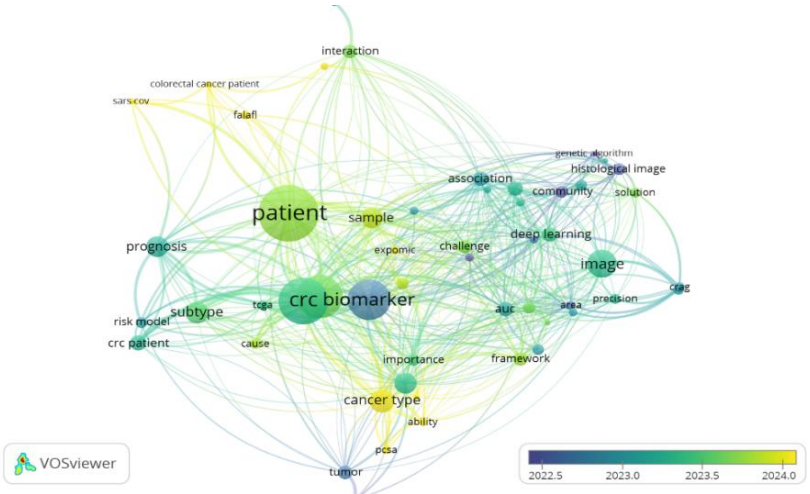
3.2. Bibliometric Analysis

Hasil analisis bibliometrik menunjukkan keterkaitan kata kunci yang diekstraksi dari 53 artikel yang dipilih dari *database scopus.* Perangkat lunak *VOSviewer* digunakan untuk melakukan analisis ini.



Gambar 5. *Co-occurance network* berdasarkan kata kunci

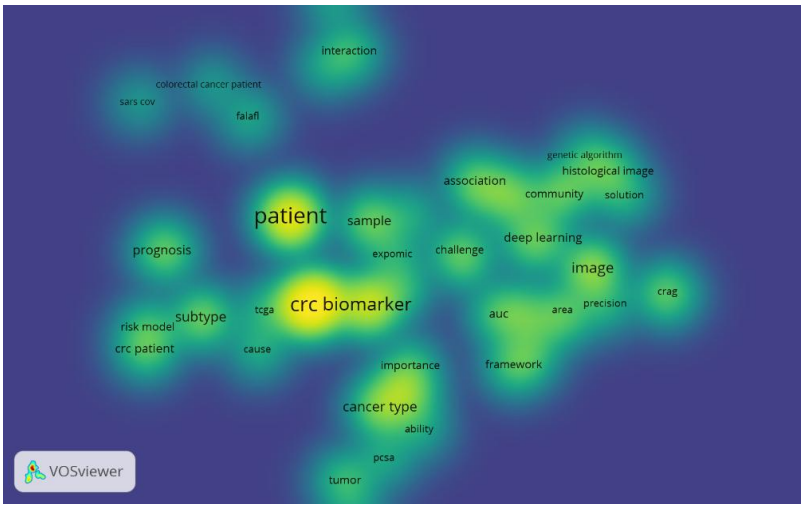
Gambar 5 menampilkan jaringan *keyword co-occurrence* yang menunjukkan bahwa *"crc biomarker"* dan *"patient"* merupakan node paling dominan dan sentral, yang menegaskan kuatnya fokus penelitian pada *biomarke*r dan data pasien CRC. Perkembangan tema kemudian mengarah pada penggunaan genetic algorithm, deep learning, serta analisis citra *histopatologi* yang menunjukkan semakin kuatnya integrasi metode komputasional dalam penelitian CRC. Namun, tema seperti *feature importance, framework*, dan *challenge* masih relatif perifer, sementara keterhubungan PSO dengan seleksi fitur belum terlihat dominan. Temuan ini menunjukkan bahwa literatur yang dianalisis masih lebih berorientasi pada identifikasi *biomarker* dan peningkatan performa model dibandingkan pengembangan strategi optimasi dan validasi yang lebih komprehensif. Implikasinya, penelitian selanjutnya dapat diarahkan pada pengembangan strategi seleksi fitur yang mengintegrasikan metode optimasi, evaluasi lintas algoritma dan dataset, serta penilaian relevansi fitur terhadap kebutuhan klinis.



Gambar 6. *The theme overlay* berdasarkan kata kunci

Gambar 6 menunjukkan perkembangan temporal kata kunci penelitian berdasarkan *Overlay Visualization* VOSviewer. *"Patient"* dan *"CRC biomarker"* menjadi tema paling dominan dan sentral,

menunjukkan kuatnya fokus penelitian pada data pasien dan *biomarker* CRC. Secara temporal, penelitian berkembang dari tema seperti *prognosis, risk model,* dan *tumor* menuju topik yang lebih baru seperti *deep learning, genetic algorithm, histological image, framework,* dan *feature importance*. Namun, PSO belum terlihat sebagai tema yang menonjol, sementara aspek *framework* dan relevansi fitur masih relatif terbatas. Pola ini menunjukkan peluang pengembangan strategi seleksi fitur yang lebih terintegrasi dan tervalidasi melalui kombinasi metode optimasi serta evaluasi lintas algoritma dan dataset. Temuan ini menjawab RQ4 dengan menunjukkan bahwa kesenjangan penelitian dalam literatur yang dianalisis terutama terletak pada keterbatasan eksplorasi strategi optimasi terintegrasi, konsistensi fitur, dan validasi yang lebih komprehensif.



Gambar 7. *The theme density* berdasarkan kata kunci

Berdasarkan Gambar 7 menunjukkan *Density Visualization VOSviewer*, dengan kepadatan tertinggi pada *keyword "patient"* dan *"CRC biomarker"*, yang menegaskan dominasi penelitian berbasis data pasien dan biomarker CRC. Kepadatan menengah juga terlihat pada tema *"genetic algorithm", "deep learning", "image",* dan *"histological image"*, menunjukkan meningkatnya integrasi metode optimasi dan kecerdasan buatan dalam penelitian CRC. Sebaliknya, keyword seperti *"importance"*, *"framework"*, dan *"challenge"* memiliki kepadatan relatif lebih rendah, menunjukkan bahwa aspek pengembangan *framework*, konsistensi fitur, dan evaluasi implementasi masih terbatas dalam literatur yang dianalisis. PSO juga tidak terlihat sebagai tema dominan pada pemetaan ini. Temuan ini menjawab RQ4 dengan menunjukkan bahwa kesenjangan penelitian dalam 53 artikel terutama berkaitan dengan keterbatasan pengembangan strategi optimasi yang terintegrasi serta evaluasi fitur yang lebih sistematis dan konsisten, sehingga membuka peluang pengembangan pendekatan *hybrid* GA–PSO.

3.3 Keterbatasan Study

Penelitian ini memiliki beberapa keterbatasan yang perlu dipertimbangkan dalam menginterpretasikan hasil. Pertama, sumber literatur hanya berasal dari *database Scopus*, sehingga artikel yang terindeks pada *database* lain seperti *Web of Science, PubMed,* atau *IEEE Xplore* tidak tercakup dalam analisis ini. Meskipun *Scopus* dipilih karena kualitas, cakupan multidisiplin, dan kelengkapan metadata yang mendukung analisis *bibliometrik*, penggunaan satu *database* berpotensi membatasi representasi keseluruhan lanskap penelitian. Kedua, rentang waktu publikasi dibatasi pada periode 2020–2025 untuk menangkap perkembangan terbaru, sehingga studi penting sebelum tahun tersebut mungkin tidak terakomodasi. Ketiga, hanya artikel berbahasa Inggris yang disertakan, sehingga terdapat kemungkinan bias bahasa (*language bias*). Selain itu, analisis *bibliometrik* sangat bergantung pada metadata yang tersedia, sehingga ketidakkonsistenan kata kunci atau afiliasi penulis dapat memengaruhi visualisasi jaringan. Meskipun demikian, keterbatasan ini tidak mengurangi kontribusi utama penelitian dalam

memetakan tren, klaster penelitian, dan kesenjangan metodologis terkait seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning*.

Penelitian selanjutnya disarankan untuk mengintegrasikan *multi-database analysis* dan memperluas cakupan temporal guna memperoleh representasi literatur yang lebih komprehensif.

4. Kesimpulan

Penelitian ini menganalisis 53 artikel terindeks *Scopus* menggunakan pendekatan *Systematic Literature Review* (SLR) dan analisis *bibliometrik* untuk memetakan perkembangan seleksi fitur pada diagnosis kanker kolorektal berbasis *machine learning*. Hasil sintesis menunjukkan bahwa penelitian didominasi oleh data *biomarker, genomics, multi-omics*, klinis, dan *histopatologi*, dengan *wrapper-based feature selection* dan *Genetic Algorithm* (GA) sebagai pendekatan yang paling banyak digunakan. Analisis *VOSviewer* juga menunjukkan dominasi tema *patient* dan *CRC biomarker*, disertai perkembangan menuju *deep learning*, *genetic algorithm*, dan analisis citra. Namun, dalam studi yang ditinjau, perhatian terhadap konsistensi fitur, generalisasi lintas dataset, validasi, dan pengembangan strategi optimasi yang terintegrasi masih terbatas.

Kontribusi ilmiah penelitian ini tidak hanya berupa pemetaan literatur, tetapi menghasilkan sintesis terintegrasi yang menghubungkan metode seleksi fitur, karakteristik dataset, algoritma *machine learning*, dan kebutuhan validasi model. Berdasarkan temuan tersebut, penelitian ini menghasilkan *research roadmap* menuju seleksi fitur yang lebih *robust* melalui eksplorasi *hybrid Genetic Algorithm–Particle Swarm Optimization* (GA–PSO) dan evaluasi lintas algoritma *machine learning*. Dengan demikian, kajian ini memberikan landasan metodologis untuk menjembatani optimasi seleksi fitur dengan performa, konsistensi, dan relevansi klinis model diagnosis kanker kolorektal, sekaligus mengidentifikasi arah penelitian lanjutan yang lebih sistematis dan aplikatif.

5. Referensi

[1] J. Li and X. Kuang, “Global cancer statistics of young adults and its changes in the past decade : Incidence and mortality from GLOBOCAN 2022,” vol. 237, no. October, pp. 336–343, 2024, doi: https://doi.org/10.1016/j.puhe.2024.10.033.

[2] C. Peixoto *et al.*, “Identification of biomarkers predictive of metastasis development in early-stage colorectal cancer using network-based regularization,” *BMC Bioinformatics*, vol. 24, no. 1, 2023, doi: 10.1186/s12859-022-05104-z.

[3] W. Wei, Y. Li, and T. Huang, “Using Machine Learning Methods to Study Colorectal Cancer Tumor Micro-Environment and Its Biomarkers,” *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no. 13, 2023, doi: 10.3390/ijms241311133.

[4] S. Raghav, A. Suri, D. Kumar, A. Aakansha, M. Rathore, and S. Roy, “A hierarchical clustering approach for colorectal cancer molecular subtypes identification from gene expression data,” *Intell. Med.*, vol. 4, no. 1, pp. 43–51, 2024, doi: https://doi.org/10.1016/j.imed.2023.04.002.

[5] P. P. Linnekamp JF, Hooff SRV, “Consensus molecular subtypes of colorectal cancer are recapitulated in in vitro and in vivo models,” *Cell Death Differ*, vol. 25, no. 3, p. 616, 2018, doi: 10.1038/s41418-017-0011-5 .

[6] M. Li *et al.*, “A novel colorectal cancer screening framework with feature interpretability to identify high-risk populations for colonoscopy,” *J. Gastroenterol. Hepatol.*, vol. 39, no. 9, pp. 1827–1836, 2024, doi: 10.1111/jgh.16600.

[7] M. Ashraf, M. M. El-Gayar, and E. Eldaydamony, “Novel Biomarkers for Colorectal Cancer Prediction,” *Int. J. Adv. Comput. Sci. Appl.*, vol. 15, no. 10, pp. 224–236, 2024, doi: 10.14569/IJACSA.2024.0151025.

[8] S. MamunaFatima, MuhammadAttiqueKhan and N. Shui-HuaWang, “2C3NetF2 Breast cancer classification using an end-to-end deep learning.pdf,” 2023. doi: DOI:10.1049/cit2.12219.

[9] H. Haji, S. Junaid, and F. Daneshfar, “Automatic colorectal cancer detection using machine learning and deep learning based on feature selection in histopathological images,” vol. 107, no. May 2024, pp. 1–16, 2025, doi: https://doi.org/10.1016/j.bspc.2025.107866.

[10] H. Yang *et al.*, “Enhancing metastatic colorectal cancer prediction through advanced feature selection and machine learning techniques,” vol. 142, no. September, pp. 1–10, 2024, doi:

https://doi.org/10.1016/j.intimp.2024.113033.

[11] H. H. Luong, T. H. N. Nguyen, A. D. Le, and H. T. Nguyen, "Feature Selection with Random Forests Predicting Metagenome-Based Disease," in *Communications in Computer and Information Science*, A. Solanki, S. K. Sharma, S. Tarar, P. Tomar, S. Sharma, and A. Nayyar, Eds., FPT University, Hanoi, Viet Nam: Springer Science and Business Media Deutschland GmbH, 2021, pp. 254–266. doi: 10.1007/978-3-030-82322-1_19.

[12] B. Burnett *et al.*, "Machine Learning in Colorectal Cancer Risk Prediction from Routinely Collected Data : A Review," *MDPI*, vol. 13, no. 2, pp. 2–20, 2023, doi: https://doi.org/10.3390/diagnostics13020301.

[13] N. Qarmiche, M. Chrifi, N. Otmani, and S. El, "Machine Learning for Colorectal Cancer Risk Prediction : Systematic Review," in *In Proceedings of the 2nd International Conference on Big Data, Modelling and Machine Learning*, 2022, pp. 507–511. doi: 10.5220/0010738100003101.

[14] P. Huang, Z. Feng, X. Shu, A. Wu, Y. Tu, and Z. Li, "A bibliometric and visual analysis of publications on arti fi cial intelligence in colorectal cancer," *Front. Oncol.*, vol. 13, no. February, pp. 1–15, 2023, doi: 10.3389/fonc.2023.1077539.

[15] R. K. Verma, P. K. Srivastava, and A. Singh, "Identification of Biomarkers for Colorectal Cancer using Machine Learning and Bioinformatics Approaches," in *2025 International Conference on Innovation in Computing and Engineering (ICE)*, 2025, pp. 1–6. doi: 10.1109/ICE63309.2025.10983928.

[16] G. Mohammadi *et al.*, "Classification and Diagnostic Prediction of Colorectal Cancer Mortality Based on Machine Learning Algorithms: A Multicenter National Study," *Asian Pacific J. Cancer Prev.*, vol. 25, no. 1, pp. 333–342, 2024, doi: 10.31557/APJCP.2024.25.1.333.

[17] S. Das, V. Patel, S. Chakravarty, A. Ghosh, A. Mukhopadhyay, and N. K. Biswas, "An ensemble machine learning-based performance evaluation identifies top In-Silico pathogenicity prediction methods that best classify driver mutations in cancer," *BioData Min.*, vol. 18, no. 1, 2025, doi: 10.1186/s13040-024-00420-x.

[18] N. Janakarajan, G. Larghero, and M. Rodríguez Martínez, "Multi-modal clustering reveals event-free patient subgroup in colorectal cancer survival," *npj Syst. Biol. Appl.*, vol. 11, no. 1, 2025, doi: 10.1038/s41540-025-00557-3.

[19] S. Park *et al.*, "Deep Gaussian process with uncertainty estimation for microsatellite instability and immunotherapy response prediction from histology," *npj Digit. Med.*, vol. 8, no. 1, 2025, doi: 10.1038/s41746-025-01580-8.

[20] A. Eledkawy, T. Hamza, and S. Sara, "Towards precision oncology: a multi-level cancer classification system integrating liquid biopsy and machine learning," *BioData Min.*, vol. 18, no. 1, 2025, doi: 10.1186/s13040-025-00439-8.

[21] D. Sharma and S. Arumugam, "A machine learning-Assisted QSAR and integrative computational combined with network pharmacology approach for rational identification of tankyrase inhibitors in colon adenocarcinoma," *Comput. Biol. Med.*, vol. 197, 2025, doi: 10.1016/j.compbiomed.2025.111068.

[22] S. Gupta, V. K. Mohani, G. Ghislat, P. J. Ballester, and S. Ahmad, "A pan-cancer, pan-treatment model for predicting drug responses from patient-derived xenografts," *NAR Genomics Bioinforma.*, vol. 7, no. 3, 2025, doi: 10.1093/nargab/lqaf111.

[23] N. D. Sarkar, R. Tandon, J. J. Lah, and C. S. Mitchell, "ReduXis: A Comprehensive Framework for Robust Event-Based Modeling and Profiling of High-Dimensional Biomedical Data," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 26, no. 18, 2025, doi: 10.3390/ijms26188973.

[24] X. C. Li, Y. Liu, A. A. Schäffer, S. M. Mount, and S. C. Cenk Sahinalp, "Fair molecular feature selection unveils universally tumor lineage-informative methylation sites in colorectal cancer," *Bioinformatics*, vol. 41, no. Supplement_1, pp. i150–i159, 2025, doi: 10.1093/bioinformatics/btaf237.

[25] F. Cumbo, S. Truglia, E. Weitschek, and D. Blankenberg, "Feature selection with vector-symbolic architectures: a case study on microbial profiles of shotgun metagenomic samples of colorectal cancer," *Brief. Bioinform.*, vol. 26, no. 2, 2025, doi: 10.1093/bib/bbaf177.

[26] B. Bakir-Güngör, N. S. Ersöz, and M. Yousef, "Integrating Biological Domain Knowledge with

Machine Learning for Identifying Colorectal-Cancer-Associated Microbial Enzymes in Metagenomic Data," *Appl. Sci.*, vol. 15, no. 6, 2025, doi: 10.3390/app15062940.

[27] J. Alsamri, F. Quiam, M. Maashi, A. M. Alashjaee, M. Alamgeer, and A. S. Salama, "Predictive Modeling Of Real-Time Colorectal Cancer Via Hyperparameter Configuration With Deep Learning Using Public Health Indicator Analysis," *Fractals*, vol. 33, no. 2, 2025, doi: 10.1142/S0218348X25400018.

[28] V. C. Craciun *et al.*, "Comparing Vision Transformers Towards Automatic Bowel Cleansing: A discussion," *Procedia Comput. Sci.*, vol. 270, pp. 5531–5540, 2025, doi: https://doi.org/10.1016/j.procs.2025.10.021.

[29] A. Alam, M. F. Siddiqui, R. Hamoudi, U. Kishore, M. J. Fernández Cabezudo, and B. K. Al-Ramadi, "A systems biology approach to unveil shared therapeutic targets and pathological pathways across major human cancers," *Comput. Struct. Biotechnol. J.*, vol. 27, pp. 5459–5478, 2025, doi: 10.1016/j.csbj.2025.11.061.

[30] I. Z. Tani, K. O. M. Goh, M. N. Islam, M. T. Aziz, S. M. H. Hasan Mahmud, and D. Nandi, "Addressing Label Noise in Colorectal Cancer Classification Using Cross-Entropy Loss and pLOF Methods With Stacking-Ensemble Technique," *Appl. Comput. Intell. Soft Comput.*, vol. 2025, no. 1, 2025, doi: 10.1155/acis/6552580.

[31] S. Nose, H. Shiroma, T. Yamada, and Y. Uno, "QNetDiff: a quantitative measurement of network rewiring," *BMC Bioinformatics*, vol. 25, no. 1, 2024, doi: 10.1186/s12859-024-05702-z.

[32] J. Jiang, X. Meng, Y. Wang, Z. Zhuang, T. Du, and J. Yan, "Effect of aberrant fructose metabolism following SARS-CoV-2 infection on colorectal cancer patients' poor prognosis," *PLOS Comput. Biol.*, vol. 20, no. 9, 2024, doi: 10.1371/journal.pcbi.1012412.

[33] E. Claude, M. Leclercq, P. Thébault, A. Droit, and R. Uricaru, "Optimizing hybrid ensemble feature selection strategies for transcriptomic biomarker discovery in complex diseases," *NAR Genomics Bioinforma.*, vol. 6, no. 3, 2024, doi: 10.1093/nargab/lqae079.

[34] D. Li, Z. Min, J. Guo, Y. Chen, and W. Zhang, "ExpOmics: a comprehensive web platform empowering biologists with robust multi-omics data analysis capabilities," *Bioinformatics*, vol. 40, no. 8, 2024, doi: 10.1093/bioinformatics/btae507.

[35] A. Murmu, P. Kumar, and S. Malviya, "CRDL-PNet: An Efficient DeepLab-based Model for Segmenting Polyp Colonoscopy Images," *Int. J. Image, Graph. Signal Process.*, vol. 16, no. 4, pp. 15–29, 2024, doi: 10.5815/ijigsp.2024.04.02.

[36] C. I. de Oliveira, M. Z. do Nascimento, G. F. Roberto, T. A. A. Tosta, A. S. Martins, and L. A. Neves, "Hybrid models for classifying histological images: An association of deep features by transfer learning with ensemble classifier," *Multimed. Tools Appl.*, vol. 83, no. 8, pp. 21929–21952, 2024, doi: 10.1007/s11042-023-16351-4.

[37] J. J. Tenguam *et al.*, "Ensemble Learning-Based Solutions: An Approach for Evaluating Multiple Features in the Context of H&E Histological Images," *Appl. Sci.*, vol. 14, no. 3, 2024, doi: 10.3390/app14031084.

[38] R. S. Doğan, E. Akay, S. Doğan, and B. Yilmaz, "Hyperplastic and tubular polyp classification using machine learning and feature selection," *Intell. Med.*, vol. 10, 2024, doi: 10.1016/j.ibmed.2024.100177.

[39] Z. Wang, "Research on microbial data modeling and disease prediction by fusion and integration of deep learning," *Appl. Math. Nonlinear Sci.*, vol. 9, no. 1, 2024, doi: 10.2478/amns-2024-0884.

[40] M. Fatima, M. A. Khan, S. Shaheen, N. A. Almujally, and S.-H. Wang, "B2C3NetF2: Breast cancer classification using an end-to-end deep learning feature fusion and satin bowerbird optimization controlled Newton Raphson feature selection," *CAAI Trans. Intell. Technol.*, vol. 8, no. 4, pp. 1374–1390, 2023, doi: 10.1049/cit2.12219.

[41] S. Zhang, F. Yang, L. Wang, S. Si, J. Zhang, and F. Xue, "Personalized prediction for multiple chronic diseases by developing the multi-task Cox learning model," *PLOS Comput. Biol.*, vol. 19, no. 9 September, 2023, doi: 10.1371/journal.pcbi.1011396.

[42] Y. Liao, D. C. Sloan, J. H. Widjaja, and B. S. Muntean, "KCTD5 Forms Hetero-Oligomeric Complexes with Various Members of the KCTD Protein Family," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no.

18, 2023, doi: 10.3390/ijms241814317.
[43] H. Jin *et al.*, "A Novel Lipid Metabolism and Endoplasmic Reticulum Stress-Related Risk Model for Predicting Immune Infiltration and Prognosis in Colorectal Cancer," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no. 18, 2023, doi: 10.3390/ijms241813854.
[44] H. Huang *et al.*, "A Risk Model for Prognosis and Treatment Response Prediction in Colon Adenocarcinoma Based on Genes Associated with the Characteristics of the Epithelial-Mesenchymal Transition," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no. 17, 2023, doi: 10.3390/ijms241713206.
[45] A. M. Trasierras, J. M. Luna, and S. Ventura, "A contrast set mining based approach for cancer subtype analysis," *Artif. Intell. Med.*, vol. 143, p. 102590, 2023, doi: https://doi.org/10.1016/j.artmed.2023.102590.
[46] M. Radanova *et al.*, "KRAS Mutation Status in Bulgarian Patients with Advanced and Metastatic Colorectal Cancer," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no. 16, 2023, doi: 10.3390/ijms241612753.
[47] T. Deschênes, F. W. E. Tohoundjona, P.-L. Plante, V. D. Di Marzo, and F. Raymond, "Gene-based microbiome representation enhances host phenotype classification," *mSystems*, vol. 8, no. 4, 2023, doi: 10.1128/msystems.00531-23.
[48] L. Wang, Y. Wang, C. Xuan, B. Zhang, H. Wu, and J. Gao, "Predicting potential microbe–disease associations based on multi-source features and deep learning," *Brief. Bioinform.*, vol. 24, no. 4, 2023, doi: 10.1093/bib/bbad255.
[49] Y. S. Tsai, Y. S. Chareddy, B. A. Price, J. S. Parker, and C. V Pecot, "An integrated model for predicting KRAS dependency," *PLOS Comput. Biol.*, vol. 19, no. 5, 2023, doi: 10.1371/journal.pcbi.1011095.
[50] A. Sivakumar, K. Syama, and J. A. A. Jothi, "Microbial Biomarkers Identification for Human Gut Disease Prediction using Microbial Interaction Network Embedded Deep Learning," *Int. J. Adv. Comput. Sci. Appl.*, vol. 14, no. 6, pp. 1272–1287, 2023, doi: 10.14569/IJACSA.2023.01406135.
[51] I. Zenbout, A. Bouramoul, S. Meshoul, and M. Amrane, "Efficient Bioinspired Feature Selection and Machine Learning Based Framework Using Omics Data and Biological Knowledge Data Bases in Cancer Clinical Endpoint Prediction," *IEEE Access*, vol. 11, pp. 2674–2699, 2023, doi: 10.1109/ACCESS.2023.3234294.
[52] M. Dabass, J. Dabass, S. Vashisth, and R. Vig, "A hybrid U-Net model with attention and advanced convolutional learning modules for simultaneous gland segmentation and cancer grade prediction in colorectal histopathological images," *Intell. Med.*, vol. 7, 2023, doi: 10.1016/j.ibmed.2023.100094.
[53] L. Tan *et al.*, "Identification of Aging and Young Subtypes for Predicting Colorectal Cancer Prognosis and Immunotherapy Responses," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 24, no. 2, 2023, doi: 10.3390/ijms24021516.
[54] Z. Sha, Y. Chen, and T. Hu, "Genetic heterogeneity analysis using genetic algorithm and network science," Queen's University, School of Computing, Kingston, ON, Canada: Association for Computing Machinery, Inc, 2022, pp. 763–766. doi: 10.1145/3520304.3529027.
[55] M. Cekikj, M. Jakimovska Özdemir, S. Kalajdzhiski, O. Özcan, and O. U. Sezerman, "Understanding the Role of the Microbiome in Cancer Diagnostics and Therapeutics by Creating and Utilizing ML Models," *Appl. Sci.*, vol. 12, no. 9, 2022, doi: 10.3390/app12094094.
[56] P. Alongi *et al.*, "Artificial Intelligence Applications on Restaging [18F]FDG PET/CT in Metastatic Colorectal Cancer: A Preliminary Report of Morpho-Functional Radiomics Classification for Prediction of Disease Outcome," *Appl. Sci.*, vol. 12, no. 6, 2022, doi: 10.3390/app12062941.
[57] V. T. Ram Pavan Ku, M. Arulselvi, and K. B. S. Sastry, "An Optimized Deep Learning Based Optimization Algorithm for the Detection of Colon Cancer Using Deep Recurrent Neural Networks," *Int. J. Commun. Networks Inf. Secur.*, vol. 14, no. 1s, pp. 22–36, 2022, doi: 10.17762/IJCNIS.V14I1S.5589.
[58] H.-P. Liu, D. Wang, and H.-M. Lai, "Can we infer tumor presence of single cell transcriptomes and their tumor of origin from bulk transcriptomes by machine learning?," *Comput. Struct. Biotechnol. J.*, vol. 20, pp. 2672–2679, 2022, doi: 10.1016/j.csbj.2022.05.035.

[59] M. A. Deif, H. Attar, A. Amer, H. Issa, M. R. Khosravi, and A. A. A. Ahmed Solyman, "A New Feature Selection Method Based on Hybrid Approach for Colorectal Cancer Histology Classification," *Wirel. Commun. Mob. Comput.*, vol. 2022, 2022, doi: 10.1155/2022/7614264.
[60] S. C. Mädler *et al.*, "Besca, a single-cell transcriptomics analysis toolkit to accelerate translational research," *NAR Genomics Bioinforma.*, vol. 3, no. 4, 2021, doi: 10.1093/nargab/lqab102.
[61] O. J. Achilonu, V. Olago, E. Singh, R. M. J. C. Eijkemans, G. Nimako, and E. Musenge, "A text mining approach in the classification of free-text cancer pathology reports from the south african national health laboratory services," *Inf.*, vol. 12, no. 11, 2021, doi: 10.3390/info12110451.
[62] D. F. Taino *et al.*, "Analysis of cancer in histological images: employing an approach based on genetic algorithm," *Pattern Anal. Appl.*, vol. 24, no. 2, pp. 483–496, 2021, doi: 10.1007/s10044-020-00931-3.
[63] L. Hases, A. Ibrahim, X. Chen, Y. Liu, J. Hartman, and C. Williams, "The importance of sex in the discovery of colorectal cancer prognostic biomarkers," *Int. J. Mol. Sci.*, vol. 22, no. 3, pp. 1–14, 2021, doi: 10.3390/ijms22031354.
[64] M. Mulenga *et al.*, "Feature Extension of Gut Microbiome Data for Deep Neural Network-Based Colorectal Cancer Classification," *IEEE Access*, vol. 9, pp. 23565–23578, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2021.3050838.
[65] M. Mulenga *et al.*, "Revolutionizing colorectal cancer detection: A breakthrough in microbiome data analysis," *PLoS One*, vol. 20, no. 1 January, 2025, doi: 10.1371/journal.pone.0316493.

6. Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Tim Promotor S3 Ilmu MIPA Universitas Lampung serta Yayasan Aisyah Lampung yang telah mendukung penuh hingga terbitnya artikel penelitian ini.