

BAB 5

SIMPULAN SARAN

5.1 Simpulan

Berdasarkan hasil penelitian mengenai klasifikasi stadium kanker lambung berbasis data ekspresi gen menggunakan metode pembelajaran mesin, maka dapat ditarik simpulan sebagai berikut:

1. Penelitian ini berhasil melakukan tahapan praproses dan seleksi fitur pada data ekspresi gen pasien kanker lambung, yang meliputi penyelarasan data klinis dan ekspresi gen, penanganan nilai hilang dengan imputasi median, standarisasi fitur, serta transformasi label stadium kanker menjadi klasifikasi biner. Metode seleksi fitur LASSO terbukti efektif dalam mereduksi dimensi data dari puluhan ribu gen menjadi sejumlah gen kandidat yang relevan.
2. Model *machine learning* untuk klasifikasi stadium kanker lambung ke dalam kategori *early stage* (stadium I dan II) dan *late stage* (stadium III dan IV) berhasil dikembangkan menggunakan beberapa algoritma, yaitu Logistic Regression, Support Vector Machine (SVM), Random Forest, Multi-Layer Perceptron (MLP), serta model ensemble dengan metode *soft voting*.
3. Evaluasi kinerja model menggunakan metrik klasifikasi seperti *accuracy*, *recall*, *F1-score*, dan *ROC-AUC* menunjukkan bahwa model *Support Vector Machine (SVM)* dengan *kernel RBF* memberikan performa terbaik dan paling konsisten. Performa optimal dicapai pada penggunaan sekitar 40–50 fitur gen, dengan nilai *ROC-AUC* mendekati 0,87, yang menunjukkan kemampuan model yang baik dalam membedakan stadium kanker lambung awal dan lanjut.
4. Gen-gen terpilih hasil seleksi fitur LASSO yang digunakan dalam pemodelan terbukti berkontribusi signifikan dalam proses klasifikasi stadium kanker lambung. Hasil ini menunjukkan potensi gen-gen tersebut sebagai biomarker molekuler yang relevan untuk mendukung analisis dan prediksi stadium kanker lambung berbasis data ekspresi gen.

5.2 Saran

Berdasarkan hasil penelitian dan keterbatasan yang diidentifikasi, beberapa saran yang dapat diajukan untuk pengembangan penelitian selanjutnya adalah sebagai berikut:

1. Penelitian selanjutnya disarankan untuk menggunakan jumlah sampel yang lebih besar serta berasal dari berbagai sumber atau pusat penelitian (*multi-center*) guna meningkatkan kemampuan generalisasi dan mengurangi potensi bias dataset.
2. Validasi eksternal menggunakan dataset independen perlu dilakukan untuk menguji konsistensi performa model sebelum diterapkan sebagai sistem pendukung keputusan klinis.
3. Analisis lanjutan terhadap gen-gen hasil seleksi LASSO, seperti analisis jalur biologis (*pathway analysis*) atau *gene set enrichment analysis*, perlu dilakukan untuk meningkatkan interpretabilitas biologis dan relevansi klinis dari model yang dikembangkan.
4. Integrasi data multi-omics, seperti kombinasi data ekspresi gen dengan data DNA methylation, proteomics, atau data klinis pasien, berpotensi meningkatkan akurasi dan nilai prediktif model klasifikasi stadium kanker lambung.
5. Eksplorasi metode pembelajaran mendalam (*deep learning*), seperti autoencoder atau arsitektur jaringan saraf yang dirancang khusus untuk data genomik, dapat dipertimbangkan untuk menangkap pola non-linear yang lebih kompleks.
6. Dalam pelaksanaan program MBKM selanjutnya, kolaborasi yang lebih intensif antara mahasiswa, dosen pembimbing, dan praktisi medis sangat disarankan agar penelitian yang dilakukan semakin selaras dengan kebutuhan klinis dan memiliki potensi implementasi nyata di bidang kesehatan.

Dengan adanya simpulan dan saran tersebut, diharapkan penelitian ini dapat menjadi landasan bagi pengembangan sistem klasifikasi stadium kanker lambung berbasis kecerdasan buatan yang lebih akurat, andal, dan aplikatif, serta memberikan kontribusi nyata bagi pengembangan riset di bidang bioinformatika dan onkologi.