

## BAB V PENUTUP

### 5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, proses penerapan metode K-Nearest Neighbor (K-NN) dalam mengklasifikasikan struktur sel bakteri *Escherichia coli* (*E. coli*) menggunakan dataset dari UCI Machine Learning Repository menunjukkan bahwa algoritma ini mampu mengenali pola atribut biologis dengan baik dan menghasilkan model klasifikasi yang akurat serta konsisten. Tahapan penelitian dimulai dari pengumpulan dataset *E. coli*, dilanjutkan dengan pra-pemrosesan data seperti normalisasi dan pembagian data menjadi data latih serta data uji, agar setiap fitur memiliki skala yang seimbang. Selanjutnya, algoritma K-NN diimplementasikan dengan berbagai variasi nilai *k* untuk menentukan jumlah tetangga terdekat yang paling optimal.

Proses klasifikasi dilakukan dengan menghitung jarak Euclidean antara data uji dan data latih, kemudian menentukan kelas berdasarkan mayoritas tetangga terdekat. Hasil pengujian menunjukkan bahwa nilai *k* optimal memberikan performa terbaik dengan akurasi sebesar 92,31%, presisi 91,13%, *recall* 91,24%, dan *F1-score* 90,75%. Nilai-nilai metrik ini menunjukkan bahwa model K-NN memiliki kemampuan yang sangat baik dalam mengidentifikasi struktur sel *E. coli* berdasarkan karakteristik biologisnya. Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa metode K-NN efektif digunakan untuk menganalisis dan mengklasifikasikan data biologis, terutama karena sifatnya yang sederhana namun mampu memberikan hasil yang stabil dan reliabel dalam mengenali pola kompleks pada data mikroorganisme seperti *E. coli*.

### 5.2 Saran

Berisi hal-hal yang masih dapat dikerjakan dengan lebih baik dan dapat dikembangkan lebih lanjut, atau berisi masalah-masalah yang dialami pada saat proses pengerjaan skripsi.

1. Penelitian di masa mendatang disarankan untuk mengeksplorasi algoritma klasifikasi lain seperti *Support Vector Machine (SVM)*, *XGBoost*, atau

pendekatan *Deep Learning* guna meningkatkan akurasi, efisiensi, dan kemampuan generalisasi model dalam mengklasifikasikan struktur sel *Escherichia coli*.

2. Sistem klasifikasi berbasis metode K-NN ini dapat dikembangkan lebih lanjut dalam bentuk aplikasi berbasis web atau desktop yang dapat digunakan di laboratorium mikrobiologi maupun bidang kesehatan sebagai alat bantu diagnosis awal dalam identifikasi struktur sel bakteri.
3. Evaluasi performa model dapat diperluas dengan menambahkan visualisasi kurva *ROC*, analisis sensitivitas terhadap fitur, serta studi terhadap pengaruh parameter tuning pada kinerja algoritma, sehingga hasil analisis menjadi lebih komprehensif dan representatif.

