



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

BAB IV

ANALISA DAN PERANCANGAN

4.1 Analisa Kebutuhan Data

Data masukan yang akan digunakan pada penelitian adalah data gejala, data *hidden* (bobot v), data diagnosa, data penyakit, dan data *output*. Kemudian akan diproses dengan menerapkan perhitungan metode *Genetic Algorithm-Feed Forward Neural Network* untuk menghasilkan bobot terbaik sebagai data v (bobot baru) yang diinisialkan sebagai bobot acuan untuk pengujian data. Setelah mendapatkan kromosom terbaik atau nilai bobot terbaik akan dilanjutkan pengujian data baru yang menghasilkan kelas penyakit sebagai solusi dalam mendiagnosa penyakit lambung menggunakan *genetic algorithm-feed forward neural network*.

4.1.1 Analisa Data

Analisa data yang dilakukan untuk penelitian ini membutuhkan data gejala-gejala penyakit lambung yang dapat menghasilkan sebuah klasifikasi untuk menentukan jenis penyakit lambung. Data yang digunakan pada penelitian ini adalah:

1. Data Diagnosa

Data diagnosa adalah data-data pasien yang sudah didiagnosa menderita penyakit lambung berdasarkan gejala-gejala yang di derita untuk digunakan sebagai data latih.

2. Data v awal (kromosom awal)

Data v awal (kromosom awal) adalah bobot awal v yang digunakan untuk perhitungan data masukan yang dibangkitkan secara acak.

3. Data w awal

Data w awal adalah bobot awal w yang digunakan untuk perhitungan dari *hidden layer* ke *output layer*.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

4. Data *output*

Data *output* adalah data kelas penyakit yang merupakan hasil keluaran dari penelitian.

Proses bagian dalam analisa data adalah sebagai berikut:

a. Pembagian Data

Pembagian data yang dilakukan untuk proses pembelajaran dan pengujian dengan menggunakan metode *genetic algorithm-feed forward neural network* dengan membagi data latih dan data uji. Jumlah data secara keseluruhan yang digunakan adalah 150 data pasien penyakit lambung, dimana terdiri dari 50 data pasien penyakit maag, 50 data pasien penyakit *dyspepsia* dan 50 data pasien penyakit GERD.

1. Data Latih

Pada data latih telah ditetapkan nilai target yang ingin dihasilkan. Data penyakit lambung dibagi atas 3 bagian yaitu data maag, data *dyspepsia* dan data GERD. Jumlah data latih yang akan digunakan pada penelitian ini adalah 135 data pasien penyakit lambung, yang mana 45 data untuk penyakit maag, 45 data untuk penyakit *dyspepsia* dan 45 data untuk penyakit GERD.

2. Data Uji

Pengujian ini dilakukan untuk menentukan tingkat akurasi proses klasifikasi. Data uji penyakit lambung dibagi menjadi data maag, data *dyspepsia* dan data GERD. Jumlah data uji yang digunakan adalah 15 data pasien panyakit lambung, yaitu 5 data untuk maag, 5 data untuk *dyspepsia* dan 5 data untuk GERD.

3. Data Masukan

Data masukan pada penelitian ini dapat dilihat pada Tabel 4.1 berikut ini. Untuk variabel x_1 - x_{16} merupakan data masukan yang akan diproses dengan perhitungan *genetic algorithm-feed forward neural network*.

Tabel 4.1 Variabel Data Input

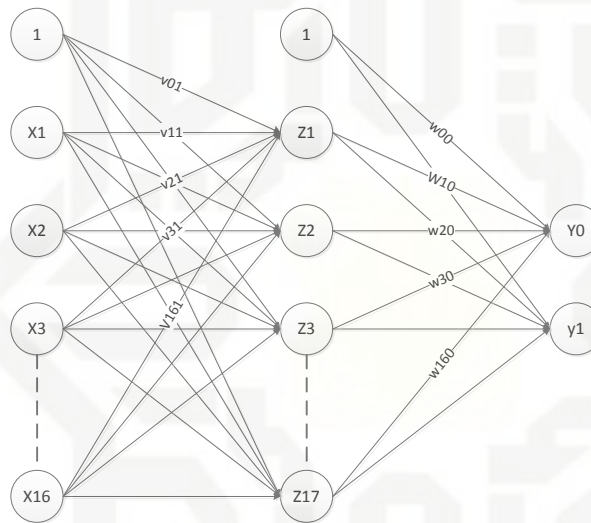
Variabel	Nama Gejala	Keterangan
X1	Mual	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X2	Muntah	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X3	Nyeri bagian ulu hati	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X4	Nafsu makan berkurang	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X5	Mulut pahit	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X6	Sering bersendawa	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X7	Regurgitas	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X8	Kembung	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X9	Perut terasa penuh	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X10	Cepat kenyang	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X11	Mengeluarkan gas asam dari mulut	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X12	Nyeri dibelakang tulang dada	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X13	Suara serak	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X14	Penurunan berat badan	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X15	Sesak seperti menyendat pada bagian tengah atas perut	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0
X16	Perasaan panas di dada dan perut	Jika 'ya' merasakan = 1, jika 'tidak' = 0

4.2 Analisa Model

Analisa model yang dilakukan pada penelitian ini yaitu analisa arsitektur *feed forward neural network* dan analisa metode *genetic algorithm-feed forward neural network*.

4.2.1 Analisa Arsitektur *Feed Forward Neural Network*

Berdasarkan Tabel 4.1 maka dapat digambarkan arsitektur jaringan syaraf tiruan *feed forward neural network* yang ditunjukkan pada Gambar 4.1 berikut :



Gambar 4.1 Arsitektur *Feed Forward Neural Network* untuk Mendiagnosa Penyakit Lambung

Keterangan Gambar 4.1 terdapat variabel x_1-x_{16} pada *input layer* yang merupakan gejala-gejala pada penyakit lambung. Jaringan terdiri atas 16 unit (neuron) pada *input layer* yaitu $x_1, x_2, x_3, \dots,$ dan x_{16} , 1 *hidden layer* dengan 17 neuron, yaitu $z_1, z_2, z_3, \dots,$ dan z_{17} , serta 2 unit pada *output layer* yaitu y_0 dan y_1 . Bobot yang menghubungkan $x_1, x_2, x_3, \dots,$ dan x_{16} dengan neuron pertama pada *hidden layer*, adalah $v_{11}, v_{21}, v_{31}, \dots,$ dan v_{171} (v_{ij} : bobot yang menghubungkan neuron *input* ke-*i* ke neuron ke-*j* pada *hidden layer*). $v_{01}, v_{02}, v_{03}, \dots,$ dan v_{017} adalah bobot bias yang menuju ke neuron pertama dan kedua pada *hidden layer*. Bobot yang



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah,
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

menghubungkan z_1, z_2, z_3, \dots , dan z_{17} dengan neuron pada *output layer*, adalah y_0 dan y_1 . *Hidden layer* dengan *output layer* akan dihubungkan dengan bobot bias $w_{01}, w_{02}, w_{03}, \dots$, dan w_{017} . Fungsi aktivasi yang digunakan antara *input layer* dan *hidden layer* dan juga antara *hidden layer* dan *output layer* adalah fungsi aktivasi *sigmoid biner*.

4.2.2 Analisa Metode *Genetic Algorithm-Feed Forward Neural Network*

Pada tahapan ini dilakukan analisa metode yang digunakan yaitu metode *Genetic Algorithm-Feed Forward Neural Network* untuk mendiagnosa penyakit lambung. Penyelesaian permasalahan diagnosa penyakit lambung menggunakan algoritma pembelajaran *Genetic Algorithm-Feed Forward Neural Network* memerlukan beberapa langkah-langkah yang dilakukan yaitu:

A. Pembentukan Populasi Awal

Populasi awal pada penelitian ini dibangkitkan secara acak. Populasi awal yang dibangkitkan merupakan kromosom-kromosom awal yang akan di proses menggunakan *Genetic Algorithm-Feed Forward Neural Network*. Kromosom dari individu-individu pada penelitian ini direpresentasikan dalam bentuk *real-code*. Panjang kromosom (jumlah gen) setiap individu dibangun berdasarkan bobot-bobot pada arsitektur FFNN yang telah dirancang sebelumnya.

B. Evaluasi

Tahap evaluasi yaitu mengetahui nilai *fitness* dari sebuah individu atau kromosom. Untuk mengetahui nilai *fitness* suatu individu dihitung menggunakan Persamaan (2.13), dan untuk itu cari akurasi setiap kromosom terlebih dahulu dengan menggunakan *feed forward neural network*.

C. Seleksi

Setelah nilai *fitness* setiap individu diperoleh, nilai *fitness* digunakan pada tahap seleksi, metode seleksi yang digunakan adalah metode *stochastic*

**Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang**

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

universal sampling. Hasil yang didapatkan dari proses seleksi merupakan populasi baru yang akan di proses pada tahapan *crossover*.

D. Crossover

Tahap *crossover* pada penelitian ini akan dilakukan menggunakan *crossover linear*. Crossover merupakan tahapan perkawinan silang yang dilakukan pada pasangan kromosom-kromosom untuk menghasilkan kromosom-kromosom baru. *Crossover linear* akan di proses dengan Persamaan (2.18) untuk anak1 dan Persamaan (2.19) untuk anak2 dan kromosom-kromosom baru yang dihasilkan dari proses *crossover* akan digunakan pada tahapan mutasi.

E. Mutasi

Penelitian ini menggunakan teknik mutasi dalam pengkodean riil. Pada proses mutasi akan dilakukan penggantian nilai gen pada kromosom. Hasil yang didapatkan pada proses mutasi merupakan kromosom-kromosom baru dan proses akan berlanjut ke tahapan klasifikasi jika maks generasi tercapai dan kromosom terbaik telah didapat, jika maks generasi belum tercapai maka akan dilakukan kembali proses mulai dari proses evaluasi.

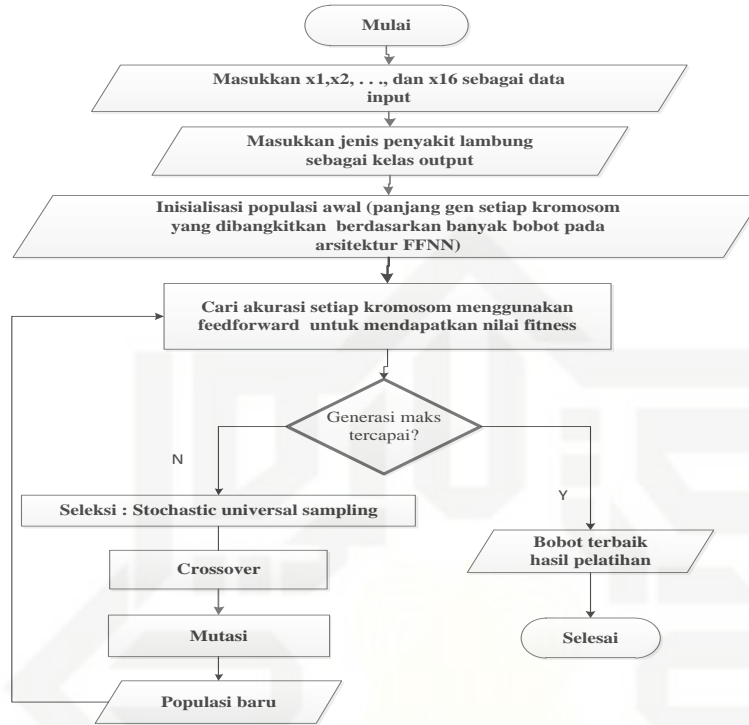
F. Klasifikasi

Tahapan klasifikasi merupakan proses akhir dari metode GA-FFNN. Pada tahapan klasifikasi akan dilakukan proses klasifikasi menggunakan metode *feed forward neural network* pada kromosom terbaik yang telah didapat pada proses-proses sebelumnya. Hasil yang didapatkan pada tahapan klasifikasi yaitu kelas jenis penyakit lambung dan jumlah akurasi yang didapat.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

1. Tahap Pelatihan



Gambar 4.2 Flowchart GA-FFNN

Berdasarkan Gambar 4.2 Flowchart GA-FFNN dapat dilihat pada tahap pelatihan bobot, tahapan pertama yang harus dilakukan yaitu memasukkan variabel *input* x_1, x_2, \dots, x_{16} yang merupakan gejala penyakit lambung. Selanjutnya memasukkan variabel *output* yang terdiri dari 3 kelas yang merupakan jenis penyakit lambung, kemudian menginisialisasikan populasi awal dengan bilangan kecil secara random dan jumlah gen setiap kromosom dibangkitkan sesuai dengan bobot-bobot pada arsitektur FFNN yang telah dirancang sebelumnya, serta menetapkan konfigurasi jaringan syaraf tiruan yang akan digunakan, yaitu jumlah generasi, nilai *threshold*, nilai *pc* dan nilai *pm* yang akan digunakan. Setelahnya melakukan input data yang akan digunakan pada proses pelatihan, selanjutnya masuk ke tahap evaluasi yaitu mencari nilai akurasi setiap kromosom menggunakan FFNN untuk mendapatkan nilai *fitness* setiap kromosom. Tahap evaluasi merupakan generasi ke-0,



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

setelah generasi ke-0 selesai atau nilai fitness telah didapat maka akan dicek kondisi apakah generasi maks telah tercapai. Jika kondisi generasi maks tercapai maka lakukan proses klasifikasi menggunakan FFNN dan jika kondisi generasi maks belum tercapai maka lakukan proses seleksi. Kemudian, jika kondisi belum terpenuhi maka nilai *fitness* yang diperoleh akan digunakan pada tahap seleksi, yaitu mencari induk menggunakan metode *stochastic universal sampling*. Setelah proses seleksi selesai, maka akan diperoleh kromosom-kromosom baru hasil seleksi, dan akan dilakukan proses *crossover* atau perkawinan silang pada kromosom-kromosom baru tersebut. Setelah hasil *crossover* diperoleh, maka kromosom-kromosom hasil *crossover* akan diproses dengan proses mutasi. Pada tahapan mutasi, nilai *gen* yang ada pada kromosom akan diganti. Hasil dari mutasi merupakan populasi baru yang diperoleh. Lakukan cek kondisi kembali, jika belum terpenuhi lakukan kembali dari proses evaluasi, jika telah terpenuhi maka pelatihan akan berhenti dan bobot akhir yang memiliki akurasi terbaik pada proses tersebut akan disimpan untuk digunakan ketahap pengujian.

a. Memasukkan data latih

Pada perhitungan manual digunakan data penderita penyakit lambung dan 16 gejala penyakit lambung sebagai nilai x_1-x_{16} untuk data latih.

- x_1 : Mual
- x_2 : Muntah
- x_3 : Sakit bagian ulu hati
- x_4 : Nafsu makan berkurang
- x_5 : Mulut terasa pahit
- x_6 : Sering bersendawa
- x_7 : Regurgitas
- x_8 : Kembung
- x_9 : Perut terasa penuh
- x_{10} : Cepat kenyang
- x_{11} : Mengeluarkan gas asam dari mulut
- x_{12} : Nyeri dibelakang tulang dada
- x_{13} : Suara serak



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah,
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

- x_{14} : Penurunan berat badan
 - x_{15} : Sesak seperti menyendat pada bagian tengah atas perut
 - x_{16} : Perasaan panas di dada dan perut
- jika ya 'merasakan' = 1, jika tidak = 0

Jenis penyakit lambung dibagi ke dalam tiga kelas, yaitu penyakit *dyspepsia*, maag dan GERD.

Tabel 4.2 Keterangan Variabel Output Penyakit Lambung

No.	Kelas	Y_0	Y_1	Keterangan
1.	Kelas 1	0	0	<i>Dyspepsia</i>
2.	Kelas 2	0	1	Maag
3.	Kelas 3	1	1	GERD

Inisialisasi bobot awal

- P_c (Peluang *Crossover*) = 0.9
- P_m (Peluang Mutasi) = 0.1
- *Threshold* = 0.5
- Maks generasi = 1000
- Jumlah Individu(Kromosom) = 100

Tahap I : Membangkitkan Populasi Awal (kromosom-kromosom baru)

Populasi awal yang dibangkitkan sebanyak 100 kromosom (C) yang terdiri dari 325 *gen* setiap kromosom. Disetiap kromosom terdapat nilai *gen* yang merupakan nilai bobot yang terdiri dari nilai bias, w dan v berdasarkan arsitektur *feed forward neural network* yang telah dirancang sebelumnya.

C	w_{01}	w_{11}	w_{21}	w_{31}	v_{161}	v_{171}
C1	0.9546	0.3381	0.6862	0.9003	0.9735	0.7772
C2	0.8146	0.3050	0.9290	0.7801	0.2826	0.4738
C3	0.6233	0.6481	0.1418	0.8365	0.8540	0.8512
...
...



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

...
C99	0.0062	0.9816	0.8466	0.9086	0.8471	0.9845
C100	0.6964	0.0920	0.7945	0.0323	0.8424	0.8470

Tahap II : Evaluasi

Cari akurasi setiap kromosom :

C1	0.9546	0.3381	0.6862	0.9003	0.9735	0.7772
----	--------	--------	--------	--------	-----	-----	-----	-----	--------	--------

Data ke-1 = 1 ($X_1 = 1, X_2 = 1, X_3 = 1, X_4 = 0, X_5 = 0, X_6 = 1, X_7 = 0, X_8 = 1, X_9 = 0, X_{10} = 0, X_{11} = 0, X_{12} = 0, X_{13} = 0, X_{14} = 0, X_{15} = 0, X_{16} = 0$ Target $T = 1$)

Mencari nilai Z_{in} untuk *hidden layer* :

$$Z_{in1} = (b \cdot w_{01}) + (x_1 \cdot w_{11}) + (x_2 \cdot w_{21}) + (x_3 \cdot w_{31}) + \dots + (x_{16} \cdot w_{161})$$

$$Z_{in1} = (1 \times 0.9546) + (1 \times 0.3381) + (1 \times 0.6862) + \dots + (0 \times 0.7772) = 4.0013$$

$$Z_{in2} = (1 \times 0.6709) + (1 \times 0.6483) + (1 \times 0.4425) + \dots + (0 \times 0.2938) = 2.9321$$

$$Z_{in3} = (1 \times 0.3447) + (1 \times 0.2750) + (1 \times 0.9918) + \dots + (0 \times 0.8970) = 2.5702$$

$$Z_{in4} = (1 \times 0.4800) + (1 \times 0.5209) + (1 \times 0.4391) + \dots + (0 \times 0.7050) = 3.7404$$

$$Z_{in5} = (1 \times 0.1947) + (1 \times 0.8367) + (1 \times 0.5672) + \dots + (0 \times 0.1121) = 2.9830$$

$$Z_{in6} = (1 \times 0.4807) + (1 \times 0.6873) + (1 \times 0.0164) + \dots + (0 \times 0.6334) = 2.8034$$

$$Z_{in7} = (1 \times 0.9498) + (1 \times 0.6572) + (1 \times 0.5102) + \dots + (0 \times 0.5725) = 3.8963$$

$$Z_{in8} = (1 \times 0.7536) + (1 \times 0.2466) + (1 \times 0.9307) + \dots + (0 \times 0.1539) = 2.5988$$

$$Z_{in9} = (1 \times 0.8062) + (1 \times 0.5752) + (1 \times 0.2144) + \dots + (0 \times 0.5318) = 3.9818$$

$$Z_{in10} = (1 \times 0.4829) + (1 \times 0.0629) + (1 \times 0.7412) + \dots + (0 \times 0.2258) = 2.7721$$

$$Z_{in11} = (1 \times 0.2873) + (1 \times 0.9058) + (1 \times 0.3573) + \dots + (0 \times 0.3343) = 2.2757$$

$$Z_{in12} = (1 \times 0.2195) + (1 \times 0.9693) + (1 \times 0.6960) + \dots + (0 \times 0.1997) = 3.6191$$

$$Z_{in13} = (1 \times 0.1929) + (1 \times 0.8384) + (1 \times 0.8232) + \dots + (0 \times 0.3025) = 4.2927$$

$$Z_{in14} = (1 \times 0.0522) + (1 \times 0.7961) + (1 \times 0.9118) + \dots + (0 \times 0.3973) = 3.5630$$

$$Z_{in15} = (1 \times 0.3351) + (1 \times 0.7925) + (1 \times 0.6148) + \dots + (0 \times 0.9937) = 3.2148$$

$$Z_{in16} = (1 \times 0.7087) + (1 \times 0.2742) + (1 \times 0.1225) + \dots + (0 \times 0.4245) = 2.9795$$

$$Z_{in17} = (1 \times 0.6336) + (1 \times 0.6653) + (1 \times 0.8269) + \dots + (0 \times 0.2256) = 3.1702$$



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

Fungsi aktivasi pada *hidden layer* menggunakan Persamaan (2.4):

$$Z_1 = \frac{1}{1 + e^{-4.0013}} = 0.9820$$

$$Z_2 = \frac{1}{1 + e^{-2.9321}} = 0.9494$$

Lakukan perhitungan seperti di atas untuk mencari nilai Z_1 sampai Z_{17} yang dapat dilihat pada Lampiran B. Untuk melihat nilai Z_1 sampai Z_{17} dapat dilihat pada Tabel 4.3 :

Tabel 4.3 Nilai Fungsi Aktivasi pada *Hidden Layer*

Z_1	Z_2	Z_3	Z_4	Z_5	Z_6	Z_{16}	Z_{17}
0.9820	0.9494	0.9289	0.9768	0.9518	0.9429	0.9517	0.9598

Mencari nilai Y_{in} pada *output layer* :

$$Y_{in0} = (b \times v_{00}) + (Z_1 \times v_{10}) + (Z_2 \times v_{20}) + (Z_3 \times v_{30}) + (Z_4 \times v_{40}) + \dots + (Z_{17} \times v_{170})$$

$$Y_{in0} = (1 \times 0.5197) + (0.9820 \times 0.5008) + (0.9494 \times 0.9346) + \dots + (0.9598 \times 0.7878) = 0.8856$$

$$Y_{in1} = (1 \times 0.5633) + (0.9820 \times 0.6003) + (0.9494 \times 0.0188) + \dots + (0.9598 \times 0.7772) = 0.9052$$

Fungsi aktivasi pada *output layer* menggunakan Persamaan (2.4):

$$y_1 = \frac{1}{1 + e^{-0.8856}} = 0.7079$$

$$y_2 = \frac{1}{1 + e^{-0.9052}} = 0.7231$$

$$\text{Fungsi aktivasi : } T = \begin{cases} & y_0 & y_1 \\ \text{kelas 1 :} & 0 & 0 \\ \text{kelas 2 :} & 0 & 1 \\ \text{kelas 3 :} & 1 & 1 \end{cases}$$

Ket : jika $y < 0.5$ nilai 0

Jika $y \geq 0.5$ nilai 1

Cari akurasi setiap kromosom menggunakan FFNN. Hasilnya diperoleh akurasi pada populasi awal sebagai berikut :

Hasil akurasi pada populasi awal dapat dilihat pada Tabel 4.4:

Tabel 4.4 Hasil Akurasi Populasi Awal

C1	C2	C3	C4	C5	C99	C100
0.3333	0.4889	0.3259	0.5407	0.2889	0.3333	0.4815

Cari nilai *fitness* setiap kromosom dengan Persamaan (2.13) :

$$C1 \rightarrow f = 1/0.3333 + 1 = 0.7500$$

$$C2 \rightarrow f = 1/0.4889 + 1 = 0.6716$$

Lakukan perhitungan di atas untuk mencari nilai *fitness* C1 sampai C100.

Nilai *fitness* C1 sampai C100 dapat dilihat pada Tabel 4.5 berikut:

Tabel 4.5 Nilai *Fitness* Semua Kromosom

C1	C2	C3	C4	C5	C99	C100
0.7500	0.6716	0.7542	0.6491	0.7759	0.7500	0.6749

Setelah nilai *fitness* didapatkan maka telah selesai tahap generasi ke-0, cek kondisi.

Jika belum terpenuhi maks generasi maka masuk ke proses seleksi.

Tahap III : Seleksi

Sebelum masuk ke *stochastic universal sampling*, cari ranking nilai *fitness* terlebih dahulu seperti berikut :

Tabel 4.6 Ranking Nilai Fitness

Ranking nilai fitness	Nilai Fitness	C
3	0.7500	C1
6	0.6716	C2
2	0.7542	C3
7	0.6491	C4
1	0.7759	C5
...
...
...
4	0.7500	C99
5	0.6749	C100
Total : 5050		

Dari Tabel 4.6 di atas, selanjutnya buat *rule* seperti di bawah ini:

C1	C2	C3	C4	C5	C99	C100	
0	3	9	11	18	19	5045	5050

Bangkitkan nilai secara acak $R = 0.02$

Untuk mencari nilai jarak antar pointer dilakukan dengan Persamaan (2.15):

$$\text{Jarak antar pointer} = 5050/100 = 50.5$$

Nilai untuk pointer 1 dilakukan dengan Persamaan (2.16)

$$\text{Pointer 1} = 0.02 * 50.5 = 10.1 \rightarrow \text{nilai } 10.1 \text{ terdapat pada C4}$$

$$\text{Pointer 2} = 10.1 + 50.5 = 60.6 \rightarrow \text{nilai } 60.6 \text{ terdapat pada C21}$$

$$\text{Pointer 3} = 60.6 + 50.5 = 111.1 \rightarrow \text{nilai } 111.1 \text{ terdapat pada C45}$$

$$\text{Pointer 4} = 111.1 + 50.5 = 161.6 \rightarrow \text{nilai } 161.6 \text{ terdapat pada C67}$$



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

Pointer 99 = $4908.6 + 50.5 = 4959.1 \rightarrow$ nilai 4959.1 terdapat pada C75

Pointer 100 = $4959.1 + 50.5 = 5009.6 \rightarrow$ nilai 0.98 terdapat pada C87

Populasi baru setelah proses seleksi :

C	w ₀₁	w ₁₁	w ₂₁	w ₃₁	v ₁₆₁	v ₁₇₁
C4→C1	0.6233	0.6481	0.1418	0.8365	0.8540	0.8512
C21→C2	0.6126	0.2310	0.7202	0.8501	0.2871	0.0768
C45→C3	0.6126	0.2310	0.7202	0.8501	0.2871	0.0768
C67→C4	0.8721	0.5425	0.1152	0.9932	0.3372	0.0886
...
...
C75→C99	0.6964	0.0920	0.7945	0.0323	0.8424	0.8470
C87→C100	0.6964	0.0920	0.7945	0.0323	0.8424	0.8470

Tahap IV : Reproduksi

Nilai $p_c = 0.9$

Nilai $\alpha = 0.1$

Setengah kromosom = $100/2 = 50$

Bangkitkan nilai acak R sebanyak setengah kromosom :

R[1]	R[2]	R[3]	R[4]	R[5]	R[49]	R[50]
0.7851	0.9653	0.7165	0.8153	0.9128	0.0216	0.9524

Cek nilai acak yang telah dibangkitkan. jika nilai acak $\leq p_c$ maka bernilai 1 dan jika nilai acak $> p_c$ maka bernilai 0.

R[1]	R[2]	R[3]	R[4]	R[5]	R[49]	R[50]
1	0	1	1	0	1	0

Pilih nilai R yang kecil dari pc yaitu R[1], R[3], R[4],...dan R[49]. Maka kromosom yang terpilih sebagai induk pada proses *crossover* yaitu kromosom yang nilai acak $\leq pc$ seperti pada Tabel 4.7 berikut :

Tabel 4.7 Induk pada Proses *Crossover*

C	R	Induk (bernilai 1)
C1	R[1]	1
C2	R[1]	1
C3	R[2]	0
C4	R[2]	0
C5	R[3]	1
C6	R[3]	1
...
...
C97	R[49]	1
C98	R[49]	1
C99	R[50]	0
C100	R[50]	0

Setelah pasangan induk telah didapatkan, selanjutnya bangkitkan nilai acak dua buah.

Misal : R[1] = 0.7104

R[2] = 0.6175

Untuk mencari nilai beta dapat dilakukan dengan Persamaan (2.17)

Beta1 = $0.2654 * (1+2*0.1) - (0.5+0.1) = 0.2525$

Beta2 = $0.6175 * (1+2*0.1) - (0.5+0.1) = 0.0210$

Contoh :

Proses *crossover* antara C1 x C2

C1	0.7379	0.1115	0.3125	0.8061	0.5174	0.0323
C2	0.6126	0.2310	0.7202	0.8501	0.2871	0.0768



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

Untuk mencari nilai anak c1 dilakukan dengan Persamaan (2.18)

dan untuk anak c2 dilakukan dengan Persamaan (2.19).

$C[1]_{baru}$ (*offspring*) :

$$Gen\ 1\ (C1_{baru}) = 0.2525 * 0.7379 + (1 - 0.2525) * 0.6126 = 0.6442$$

$$Gen\ 2\ (C1_{baru}) = 0.2525 * 0.1115 + (1 - 0.2525) * 0.2310 = 0.2009$$

$$Gen\ 3\ (C1_{baru}) = 0.2525 * 0.3125 + (1 - 0.2525) * 0.7202 = 0.6172$$

$$Gen\ 1\ (C1_{baru}) = 0.2525 * 0.5174 + (1 - 0.2525) * 0.2871 = 0.3452$$

$$Gen\ 2\ (C1_{baru}) = 0.2525 * 0.0323 + (1 - 0.2525) * 0.0768 = 0.0656$$

$C1_{baru}$ yang dihasilkan dari proses *crossover* sebagai berikut :

$C1_{baru}$	0.6442	0.2009	0.6172	0.3452	0.0656
-------------	--------	--------	--------	-----	-----	-----	--------	--------

Kromosom-kromosom baru hasil reproduksi dengan *crossover* sebagai berikut:

C1	0.6442	0.2009	0.6172	0.3452	0.0656
C2	0.6126	0.2310	0.7202	0.2871	0.0768
C3	0.0559	0.7612	0.3320	0.0318	0.6151
...
C99	0.9735	0.6419	0.7513	0.8608	0.6591
C100	0.6964	0.0920	0.7945	0.8424	0.8470

Proses reproduksi dengan Mutasi :

Pada proses mutasi, bangkitkan nilai acak sebanyak jumlah gen semua kromosom.

$$\text{Jumlah gen} = \text{jumlah kromosom} \times \text{jumlah gen 1 kromosom}$$

$$\text{Jumlah gen} = 100 \times 325 = 32500$$

$$\text{Nilai pm} = 0.1$$



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

C	Nilai acak yang dibangkitkan									
C1	0.6612	0.0025	0.8271	0.0921	0.6172	0.0274
C2	0.8826	0.6241	0.0334	0.7252	0.7362	
C3	0.0087	0.1162	0.8396	0.2286	0.4836	
...
C99	0.0625	0.0011	0.8642	0.9987	0.2241	0.5521
C100	0.7763	0.0063	0.7653	0.5539	0.0086	0.9965

Pilih nilai acak yang bernilai kecil dari nilai pm, sehingga terpilih beberapa yang nilai nya lebih kecil dari 0.1. Nilai gen-gen kromosom yang terpilih akan ditambahkan dengan nilai acak yang bernilai kecil.

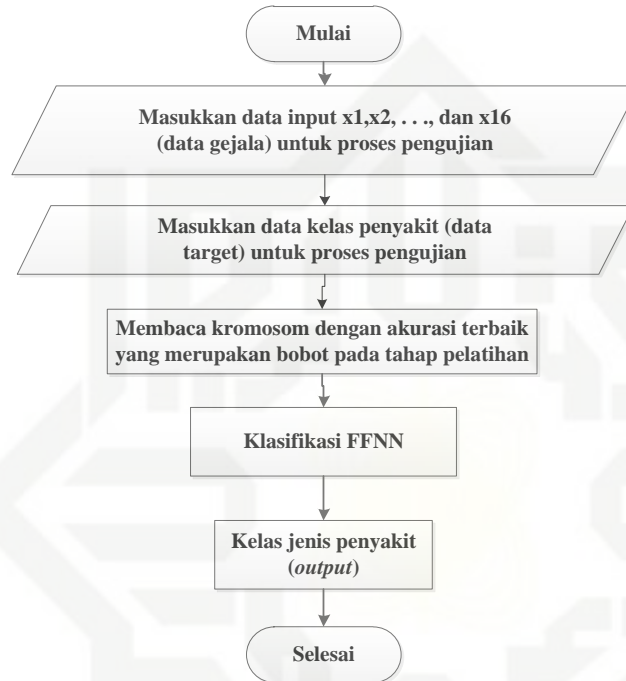
C1	0.6442	0.2009 + 0.002	0.6172	0.8105 +0.001	0.3452	0.0656 + 0.005
C2	0.6126	0.2310	0.7202	0.8501	0.2871	0.0768
C3	0.0559 +0.0015	0.7612	0.3320	0.4925	0.0318	0.6151
...
C99	0.9735	0.6419 +0.0041	0.7513	0.4275	0.8608	0.6591
C100	0.6964	0.0920 +0.0003	0.7945	0.0323	0.8424 +0.0110	0.8470

Populasi baru hasil proses mutasi :

C1	0.7254	0.2029	0.3533	0.8115	0.4944	0.0706
C2	0.6126	0.2310	0.7202	0.8501	0.2871	0.0768
C3	0.0574	0.7612	0.3320	0.4925	0.0318	0.6151
...
C99	0.9735	0.6460	0.7513	0.4275	0.8608	0.6591
C100	0.6964	0.0923	0.7945	0.0323	0.8534	0.8470

Setelah dilakukan pelatihan bobot atau kromosom sebanyak 1000 generasi, maka diperoleh kromosom terbaik dengan akurasi tertinggi yang merupakan bobot baru yang akan digunakan pada proses pengujian.

2. Tahap Pengujian



Gambar 4.3 Diagram Alir Tahap Pengujian

Pada proses pengujian, kromosom dengan akurasi terbaik yang merupakan bobot-bobot terbaik yang didapat pada proses pelatihan akan digunakan untuk proses pengujian. Gejala-gejala penyakit lambung dimasukkan sebagai data *input* dan data kelas penyakit sebagai *output* untuk proses pengujian. Tahap pengujian digunakan klasifikasi *Feed Forward Neural Network* dan hasil yang didapat merupakan kelas penyakit lambung sebagai *output*.

Perhitungan Manual Tahap Pengujian

Pengujian terhadap data uji satu:



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
 1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

Data = 1 (X₁ = 0, X₂ = 1, X₃ = 0, X₄ = 1, X₅ = 0, X₆ = 0, X₇ = 1, X₈ = 1, X₉ = 0, X₁₀ = 1, X₁₁ = 0, X₁₂ = 0, X₁₃ = 0, X₁₄ = 1, X₁₅ = 0, X₁₆ = 0)

Target = kelas 1 (*dyspepsia*)

Kromosom terbaik yang didapatkan setelah proses pelatihan:

W ₀₁	W ₁₁	W ₂₁	W ₃₁	V ₁₆₁	V ₁₇₁
-0.4767	-0.4616	-0.3231	-0.0527	0.4284	0.4974

Operasi pada *Hidden Layer* menggunakan Persamaan (2.8):

$$Z_{in1} = (b \cdot w_{01}) + (x_1 \cdot w_{11}) + (x_2 \cdot w_{21}) + (x_3 \cdot w_{31}) + \dots + (x_{16} \cdot w_{161})$$

$$Z_{in1} = (1 \cdot -0.4767) + (0 \cdot -0.4616) + (1 \cdot -0.3231) + (0 \cdot -0.0527) + (1 \cdot -0.0649) + (0 \cdot -0.3939) + (0 \cdot -0.3067) + (1 \cdot -0.4645) + (1 \cdot -0.1711) + (0 \cdot 0.4048) + (1 \cdot -0.2232) + (0 \cdot -0.3357) + (0 \cdot 0.2952) + (0 \cdot -0.3664) + (1 \cdot 0.0461) + (0 \cdot -0.2235) + (0 \cdot -0.0409) = -1.7696$$

$$Z_{in2} = (1 \cdot 0.7411) + (0 \cdot 0.1384) + (1 \cdot 0.3268) + (0 \cdot -0.5221) + (1 \cdot 0.5845) + (0 \cdot 0.1974) + (0 \cdot 0.4154) + (1 \cdot -0.0598) + (1 \cdot -0.0331) + (0 \cdot -0.1085) + (1 \cdot 0.2228) + (0 \cdot 0.2277) + (0 \cdot 0.1871) + (0 \cdot -0.4822) + (1 \cdot 0.1084) + (0 \cdot 0.0534) + (0 \cdot 0.2856) = 1.7822$$

Lakukan perhitungan diatas untuk mencari nilai Z_{in1} sampai Z_{in17} yang dapat dilihat pada Lampiran B.

Berikut adalah hasil perhitungan nilai Z_{in1} sampai Z_{in17} :

Z _{in1}	Z _{in2}	Z _{in3}	Z _{in4}	Z _{in5}	Z _{in6}	Z _{in7}	Z _{in8}	Z _{in9}
-1.7696	1.7822	1.3125	-1.2315	0.5624	-1.2022	-2.7163	-0.2958	-0.9262

Z _{in10}	Z _{in11}	Z _{in12}	Z _{in13}	Z _{in14}	Z _{in15}	Z _{in16}	Z _{in17}
1.3197	2.0332	-1.3018	-0.6001	-1.4715	-2.3077	-1.3000	0.5323



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
 1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

Fungsi aktivasi pada *hidden layer* menggunakan Persamaan (2.4) :

$$Z_1 = \frac{1}{1+e^{-(-1.7696)}} = 0.1456$$

$$Z_2 = \frac{1}{1+e^{-1.7822}} = 0.8559$$

Lakukan perhitungan diatas untuk mencari nilai Z_1 sampai Z_{17} yang dapat dilihat pada Lampiran B :

Berikut adalah hasil perhitungan nilai Z_1 sampai Z_{17} :

Z_1	Z_2	Z_3	Z_4	Z_5	Z_6	Z_7	Z_8	Z_9
0.1456	0.8559	0.7879	0.2259	0.6370	0.2311	0.0620	0.4266	0.2836

Z_{10}	Z_{11}	Z_{12}	Z_{13}	Z_{14}	Z_{15}	Z_{16}	Z_{17}
0.7891	0.8843	0.2139	0.3543	0.1867	0.0905	0.2142	0.6300

Operasi pada output layer :

Untuk T_0

$$\begin{aligned} Y_{in_0} &= W_0 + W_1 \cdot Z_1 + W_2 \cdot Z_2 + W_3 \cdot Z_3 + W_4 \cdot Z_4 + W_5 \cdot Z_5 + W_6 \cdot Z_6 + W_7 \cdot Z_7 + \\ &W_8 \cdot Z_8 + W_9 \cdot Z_9 + W_{10} \cdot Z_{10} + W_{11} \cdot Z_{11} + W_{12} \cdot Z_{12} + W_{13} \cdot Z_{13} + W_{14} \cdot \\ &Z_{14} + W_{15} \cdot Z_{15} + W_{16} \cdot Z_{16} \\ &= -0.0192 + (-0.7267 \times 0.1456) + (-0.9029 \times 0.8559) + (0.9207 \times 0.7879) + (- \\ &0.3197 \times 0.2259) + (0.5585 \times 0.6370) + (0.0730 \times 0.2311) + (-0.6063 \times \\ &0.0620) + (-0.8203 \times 0.4266) + (0.8443 \times 0.2836) + (-0.4795 \times 0.7891) + (- \\ &0.7828 \times 0.8843) + (-0.8818 \times 0.2139) + (0.6205 \times 0.3543) + (-0.0149 \times \\ &0.1867) + (-0.3336 \times 0.0905) + (0.7547 \times 0.2142) + (0.8274 \times 0.6300) \\ &= -0.4094 \end{aligned}$$

Untuk T_1

$$\begin{aligned} Y_{in_1} &= 0.3605 + (-0.0977 \times 0.1456) + (0.0282 \times 0.8559) + (-0.5691 \times 0.7879) + \\ &(0.5531 \times 0.2259) + (-0.8943 \times 0.6370) + (-0.1322 \times 0.2311) + (0.4319 \times \\ &0.0620) + (-0.9408 \times 0.4266) + (0.6609 \times 0.2836) + (-0.4780 \times 0.7891) + (- \end{aligned}$$



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

$$0.8026 \times 0.8843) + (0.5514 \times 0.2139) + (0.8598 \times 0.3543) + (0.3711 \times 0.1867) + (0.5135 \times 0.0905) + (0.4284 \times 0.2142) + (0.4974 \times 0.6300) = -0.8839$$

Fungsi aktivasi pada output layer :

$$Y_0 = \frac{1}{1 + e^{-(-0.4094)}} = 0.3991$$

$$Y_1 = \frac{1}{1 + e^{-(-0.8839)}} = 0.2924$$

$$\text{Fungsi aktivasi : } T = \begin{cases} y_0 & y_1 \\ \text{kelas 1 :} & 0 \quad 0 \\ \text{kelas 2 :} & 0 \quad 1 \\ \text{kelas 3 :} & 1 \quad 1 \end{cases}$$

Ket : jika $y < 0.5$ nilai 0

Jika $y \geq 0.5$ nilai 1

Jadi, data uji baru mendapatkan nilai $y_0= 0$ dan $y_1= 0$, maka data ini termasuk kelas 1 yaitu *dyspepsia*.

4.3 Perancangan *Pseudo-code*

Didalam perancangan *pseudo-code* terdapat kode-kode yang hampir sama dengan kode-kode yang digunakan pada implementasi. Analisa *pseudo-code* untuk *genetic algorithm-feed forward neural network* terdiri dari *pseudo-code* proses pembentukan populasi awal, evaluasi, seleksi, *crossover* dan mutasi (Ferragud, 1999).

A. *Pseudo-code* Proses Pembentukan Populasi Awal

Function kromosom (input individu : integer, range : integer)
 {membentuk nilai acak untuk populasi awal}

Deklarasi



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

```

pGen : integer
acak : real
mtrx : integer
ublb : integer
lb : integer

Algoritma
pGen ← size (range, 2) {panjang gen pada satu individu}
acak ← rand (individu, pGen)
{acak = nilai acak yang dibentuk dari nilai 0-1 sebanyak 10 individu*325}
mtrx ← [-1 1] * range
ublb ← ones (individu,1) * m
lb ← ones (individu,1) * range(1,:)
kromosom ← ublb.*acak + lb {kromosom = populasi awal yang di bentuk dengan nilai acak
sebanyak individu yang ditentukan}
    
```

B. Pseudo-code Proses Evaluasi

```

function Fitness (input kromosom [i], akurasi : real, N : integer)
{menghitung nilai fitness dari masing-masing kromosom}
Deklarasi
Fitness : real

Algoritma
For i =1 to N do
    Fitness [i] ← 1/akurasi [i]+1
Endfor
    
```

Pada *pseudo-code* proses evaluasi, variable akurasi sebagai input merupakan nilai akurasi dari setiap kromosom yang telah didapatkan dengan menggunakan *Feed Forward Neural Network*.

C. Pseudo-code Proses Seleksi

```

Function sus (input ranking : integer, individu : integer)
{proses seleksi menggunakan stochastic universal sampling}
Deklarasi
jmlh : integer
jarak : real
p1 : rel
    
```



- Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

```

j :: integer
newKrom : real

Algoritma
jmlh ← sum(ranking) {jumlah semua nilai ranking}
j = 0
sumfit = 0
jarak ← jmlh / individu {jarak antar pointer}
p1 ← rand * jarak {pointer pertama}
newKrom(individu ,1 ) = 0 {inisial nilai kromosom dengan 0}
for i = 1: individu
    sumfit ← sumfit + ranking (i)
    while (sumfit >= p1)
        j = j + 1
        kromosom (j) = i
        p1 ← p1 + jarak
    end
    
```

D. Pseudo-code proses Crossover

```

Prosedur Crossover (input kromLama , pc : real, alpha : real, individu : integer)

Deklarasi
n = integer
sIndi = integer
R = real
NewKrom = real

Algoritma
n ← size(kromLama,1)
sIndi ← floor (individu/2)
R ← random (sIndi,1) <= pc
{bangkitkan nilai acak sebanyak sIndi dan cek nilai acak. Jika <= pc maka bernilai 1,
jika nilai acak > pc maka bernilai 0}

α = 0.1
for i = 1 : sIndi
    pin = (i-1)*2+1
    if R (i) == 0
        beta ← random (2,1)*(1+2*alpha) – (0.5+alpha)
    
```



Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

```

anak ← [beta(1) 1-beta(1) ; 1-beta(2) beta(2)];
NewKrom(pin:pin+1,:) = anak*kromLama(pin:pin+1,:);
Endfor
    
```

E. Pseudo-code Proses Mutasi

```

function mutasi (input kromLama : real, FieldDR : integer, individu : integer, pm :
real)
{menentukan gen yang akan di mutasi}

Deklarasi
Nindi : integer
m1 : real
m2 : real
acak : real
mutMx : integer
range : integer
indexMut : integer
m : integer
alpha : real
x : real
xa : real
delta : integer
newKrom : real

Algoritma
Nindi ← (kromLama,1) {jumlah individu lama}
m1 ← 0.5 - (1-pm)*0.5
m2 ← 0.5 + (1-pm)*0.5
acak ← rand(size(kromLama)) {membangkitkan nilai acak sebanyak individu}
mutMx ← (acak > m2) - (acak < m1)
range ← [-1 1]*FieldDR*0.5*shr
range ← ones(Nindi,1)*range
indexMut ← find(mutMx) {gen yang akan diganti}
m = 20
alpha ← rand(m, length (indexMut)) < (1/m) {memangkitkan nilai acak yang bernilai
kecil}
    
```




Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.

2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

```
x ← 2.0 : -1 : (1-m)
xa ← x*alpha
delta ← zeros(size(mutMx))
delta(indexMut) ← xa
newKrom ← kromLama + (mutMx.*range.*delta) {kromosom baru hasil mutasi}
```



UIN SUSKA RIAU