



Hak Cipta Diindungi 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 II

LANDASAN TEORI

2.1 Hemofilia

Hemofilia adalah gangguan produksi faktor pembekuan yang diturunkan, hemofilia berasal dari bahasa Yunani yaitu *haima* yang artinya darah dan *philein* yang artinya mencintai atau suka. Walau sebenarnya makna tidak sesuai, tetapi kata hemofilia tetap dipakai (J, Smith dan OP, Smith, 2006 dikutip oleh Kosman, 2013).

Berdasarkan definisi lain, hemofilia adalah penyakit kelainan faktor pembekuan yang diturunkan secara *X-linked recessive*, terjadi akibat pengurangan produksi salah satu faktor pembekuan, dan dapat dibagi menjadi hemofilia A dan hemofilia B. Secara klinis hemofilia dibagi menjadi tiga kelompok yaitu ringan, sedang dan berat (Arkin dkk, 2005 dikutip oleh Kosman, 2013).

Hemofilia merupakan penyakit genetik karena pengaruh gen lemah (resesif) yang menempel pada kromosom X disebabkan oleh tidak adanya protein tertentu yang diperlukan untuk penggumpalan darah. Para penderita hemofilia mengalami pendarahan yang berlebihan ketika terluka (Aryulina dkk, 2007).

Penyakit ini terjadi akibat kelainan sintesis salah satu faktor pembekuan, pada hemofilia A terjadi kekurangan F VIII (*Antihemophilic Factor*), sedangkan pada hemofilia B terjadi kekurangan F IX (*Christmas Factor*). Hemofilia A mencakup 80%-85% dari keseluruhan penderita hemofilia (Arkin dkk, 2005 dikutip oleh Kosman, 2013).

Berdasarkan data yang dikeluarkan oleh Pusat Data dan Informasi Kementerian Kesehatan Republik Indonesia yang dikutip dari Dokter Spesialis Hematologi-Onkologi yang juga menjabat sebagai Ketua Himpunan Masyarakat Hemofilia Indonesia (HMHI) Prof. Dr. Djajadiman Gatot, pada tahun 2012 terdapat 20 ribu orang di Indonesia yang mengidap penyakit hemofilia, bisa

dipastikan lagi penderita hemofilia melebihi angka tersebut karena kurangnya pemahaman dari penderita penyakit tersebut.

Perempuan yang homozigot resesif untuk gen ini merupakan penderita (X^hX^h), sedangkan perempuan yang heterozigot (X^HX^h) pembekuan darahnya normal. Seorang laki-laki penderita hanya memiliki satu gen resesif (X^hY) saja, karena laki-laki hanya memiliki satu kromosom X, hal inilah yang mengakibatkan mengapa penderita penyakit yang disebabkan oleh gen tertaut seks lebih banyak diderita oleh laki-laki. Jika seorang ibu *carrier* hemofilia, maka anak laki-laknya pasti ada yang mewarisi penyakit tersebut, karena anak laki-laki selalu mendapat kromosom X dari ibunya. Kromosom adalah unit genetik yang terdapat dalam setiap inti sel pada semua makhluk hidup, kromosom berbentuk deret panjang molekul yang disusun oleh DNA dan protein-protein (Aryulina dkk, 2007).

Pautan seks pada penyakit ini terjadi pada kromosom X dengan genotip atau sifat gen sebagai berikut:

Genotip perempuan normal	: X^HX^H
Genotip perempuan <i>carrier</i>	: X^HX^h
Genotip perempuan hemofilia	: X^hX^h
Genotip laki-laki normal	: X^HY
Genotip laki-laki hemofilia	: X^hY

Dari data genotip yang dijabarkan tersebut kemungkinan untuk wanita penderita hemofilia tidak ada, karena bersifat letal atau kedua kromosom X yang terdapat pada wanita pengidap penyakit hemofilia ini sudah rusak sehingga menyebabkan kematian (Riyanto, Bekti dan Nugoho, 2010).

Faktor yang menentukan jumlah keturunan penderita hemofilia ditentukan berdasarkan sifat gen yang dibawa atau dimiliki oleh kedua orang tua dari penderita hemofilia tersebut. Perkawinan dengan sifat gen kedua orang tua yang berbeda akan menunjukkan besarnya kemungkinan persentase jumlah keturunan yang mengidap hemofilia. Persentase jumlah keturunan yang terindikasi



Hak Cipta Diilindungi 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.

mengidap penyakit tersebut dibedakan antara laki-laki dan perempuan sehingga menghasilkan jumlah pengidap penyakit yang berbeda pula antara masing-masing individu dari dua jenis kelamin tersebut (Aryulina dkk, 2007).

Dalam kasus menurunnya penyakit hemofilia terhadap keturunan, ada beberapa kemungkinan yang terjadi jika perkawinan dengan sifat gen yang berbeda dilakukan, yaitu:

1. Perkawinan wanita normal ($X^H X^H$) dengan laki-laki penderita ($X^h Y$)

Dalam kasus ini kemungkinan persentase menurunnya penyakit untuk keturunannya adalah 50% perempuan *carrier* ($X^H X^h$) dan 50% laki-laki normal ($X^H Y$)

2. Perkawinan wanita *carrier* ($X^H X^h$) dengan laki-laki normal ($X^H Y$)

Kemungkinan persentase menurunnya penyakit untuk keturunannya yang lahir adalah 25% wanita normal ($X^H X^H$), 25% wanita *carrier* ($X^H X^h$), 25% laki-laki normal ($X^H Y$) dan 25% laki-laki ($X^h Y$) penderita.

3. Perkawinan wanita *carrier* ($X^H X^h$) dengan laki-laki penderita ($X^h Y$)

Kemungkinan persentase menurunnya penyakit untuk keturunan yang lahir adalah 25% wanita *carrier* ($X^H X^h$), 25% wanita penderita ($X^h X^h$), 25% laki-laki normal ($X^H Y$) dan 25% laki-laki ($X^h Y$) penderita.

4. Perkawinan wanita penderita ($X^h X^h$) dengan laki-laki normal ($X^H Y$) atau dengan laki-laki penderita ($X^h Y$).

Kasus perkawinan dengan sifat gen wanita penderita ($X^h X^h$) sampai saat ini belum pernah terjadi karena wanita yang membawa sifat gen letal atau lemah tersebut tidak bisa bertahan hidup disebabkan kedua kromosom X nya sudah rusak atau cacat (Rohmana, 2009).

2.2 Regresi Berganda

Persamaan regresi yang digunakan untuk membuat taksiran mengenai variabel dependen disebut persamaan regresi estimasi, yaitu suatu formula matematis yang menunjukkan suatu hubungan keterkaitan antara satu atau beberapa variabel yang nilainya sudah diketahui dengan satu variabel lain yang

Hak Cipta Diindungi Undang-Undang

1. Diarang 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 satu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar UIN Suska Riau.
2. Diarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin UIN Suska Riau.

nilainya belum diketahui (Hazaki dkk, 2009 dikutip oleh Ervan dan Mulyanto, 2014).

Analisis regresi berganda adalah teknik statistik yang dapat digunakan untuk menganalisis hubungan linier satu variabel respon dan beberapa variabel prediktor (Anderson dkk, 2009 dikutip oleh Ervan dan Mulyanto, 2014).

Model regresi berganda yang melibatkan K buah variabel prediktor ($X_1, X_2, X_3, X_4, \dots, X_5$) adalah:

$$Y_i = \beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j X_{ij} + \epsilon_i \quad 0.1$$

Taksiran persamaannya adalah:

$$\hat{y}_i = b_0 + \sum_{j=1}^p b_j X_{ij} \quad 0.2$$

$i = 1, 2, \dots, n$ dan $j = 1, 2, \dots, p$. Dengan n adalah banyaknya pengamatan dan $(p+1)$ adalah banyaknya parameter.

Keterangan:

y = Variabel respon.

\hat{y} = Taksiran variabel respon.

x = Variabel prediktor.

β = Parameter regresi.

b = Taksiran parameter regresi.

ϵ = Residual.

2.3 Pengujian Validitas dan Reliabilitas Data Uji

Data uji yang digunakan pada penelitian ini adalah data yang diperoleh secara acak atau data simulasi yang dibuat berdasarkan ketentuan yang telah ditetapkan agar bisa digunakan untuk proses analisis dan implementasi dari algoritma genetika, selanjutnya data tersebut akan diuji validitas dan reliabilitasnya. Data yang diuji validitasnya dan reliabilitasnya adalah data yang

telah berbentuk persamaan linier dan sebelumnya telah diproses dengan analisis regresi berganda.

2.3.1 Uji Validitas

Uji validitas dilakukan untuk mengukur sah atau valid tidaknya suatu data. Data dikatakan valid jika nilai, variabel, atau indikator yang terdapat pada data tersebut mampu mengungkapkan sesuatu yang akan diukur oleh data tersebut (Ghozali, 2006). Pengujian validitas menggunakan korelasi *bivariate* yang berfungsi untuk mengetahui erat atau tidaknya hubungan antara dua variabel dan dilakukan dengan menghitung korelasi antara skor masing-masing nilai yang digunakan dengan total skor variabel dengan ketentuan berikut ini:

Sig. \leq 0,05 berarti Valid, dan sig. $>$ 0,05 berarti Tidak valid.

Keterangan:

Sig = Signifikansi.

2.3.2 Uji Reliabilitas

Uji reliabilitas digunakan untuk mengetahui tingkat *reliable* atau keandalan suatu alat ukur dengan menggunakan rumus *Cronbach Alpha* yaitu suatu konstruk atau variabel dikatakan *reliable* jika memberikan nilai *Cronbach Alpha* \geq 0,60. Instrumen yang *reliable* adalah instrumen yang apabila digunakan beberapa kali untuk mengukur objek yang sama akan menghasilkan data yang sama (Ghozali, 2006).

2.4 Algoritma Genetika

Algoritma genetika merupakan metode pencarian yang diadopsi dari proses evolusi alam. Algoritma ini dikenalkan Holland pada tahun 1975 dari Universitas Michigan (Zukhri, 2014). Nama algoritma genetika berasal dari analogi struktur genetik yang ada pada kromosom. Algoritma ini dimulai dengan kumpulan solusi yang disebut dengan populasi kemudian solusi-solusi dari populasi ini akan diambil dan digunakan untuk membentuk populasi yang baru. Populasi yang baru tersebut diharapkan akan lebih baik daripada populasi



Hak Cipta Diindungi 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.

sebelumnya. Solusi-solusi atau populasi yang dipilih untuk membentuk solusi yang baru dipilih berdasarkan nilai *fitness* masing-masing solusi.

Pada implementasi algoritma genetika, suatu hal yang pertama kali harus dipertimbangkan adalah representasi kandidat solusi (kromosom) yang sesuai untuk persoalan yang diselesaikan. Proses ini dikenal dengan istilah encoding yaitu merepresentasikan karakteristik dari persoalan dalam bentuk sekumpulan string (bilangan atau alphabet). Representasi kromosom ini merupakan struktur data yang mempresentasikan kandidat solusi. Representasi yang baik haruslah mampu mempresentasikan semua parameter dan solusi yang mungkin (*feasible solutions*) untuk persoalan yang akan diselesaikan (Syarif, 2014).

Ciri-ciri permasalahan menurut Desiani (2006) dikutip oleh Hasuli (2015) yang dapat dikerjakan dengan menggunakan algoritma genetika dan sesuai dengan penelitian yang dilakukan ini adalah sebagai berikut:

1. Mempunyai fungsi tujuan optimalisasi *non linear* dengan banyak kendala yang juga *non linear*.
2. Mempunyai kemungkinan solusi yang jumlahnya tak terhingga.
3. Membutuhkan solusi *real time*, solusi bisa didapatkan dengan cepat sehingga dapat diimplementasikan untuk permasalahan yang mempunyai perubahan yang cepat seperti optimasi pada pembebanan kanal pada komunikasi seluler.
4. Mempunyai *multi-objective* dan *multi-criteria*, sehingga diperlukan solusi yang dapat secara bijak diterima oleh semua pihak.

2.4.1 Persoalan Optimasi

Menurut Gen dan Cheng dalam Syarif (2014) pengelompokan persoalan optimasi menjadi 4 kelompok yaitu sebagai berikut:

1. Optimasi tanpa pembatas (*Unconstraint Optimization*)

Optimasi tanpa pembatas bisanya berkaitan dengan maksimasi atau minimalisasi dari suatu fungsi dengan beberapa variabel. Setiap variabel tidak memiliki pembatas dan memiliki nilai *real*.

2. Optimasi dengan pembatas

Hak Cipta Diindungi 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.

Optimasi dengan pembatas sering dikenal dengan *nonlinear programming*. Persoalan ini berkaitan dengan optimasi suatu fungsi tujuan yang memiliki beberapa fungsi pembatas. Fungsi pembatas dapat berupa suatu persamaan ataupun pertidaksamaan. Persoalan ini banyak dijumpai dalam berbagai aplikasi teknik, operasi riset, matematika, ekonomi dan lain sebagainya. Kesulitan GA untuk persoalan ini adalah membangkitkan kromosom yang memenuhi persyaratan pembatas yang ada. Kesulitan lainnya adalah menjaga kelayakan *offspring* setelah dilakukan operasi *crossover* dan mutasi.

3. Optimasi kombinatorik (*Combinatorial Optimization*)

Persoalan kombinatorik mempunyai ciri-ciri bahwa terdapat solusi yang layak dalam jumlah yang tak terhingga. Namun demikian pada aplikasinya, persoalan yang dihadapi biasanya sangatlah besar sehingga jumlah solusi yang layak tersebut juga sangat banyak. Pada kondisi yang demikian sering sekali sangat sulit memperoleh solusi optimal dari persoalan ini dengan metode tradisional.

4. Optimasi dengan beberapa fungsi tujuan (*Multi-Objective Optimization*)

Dalam banyak persoalan optimasi, sering dijumpai persoalan yang memiliki lebih dari suatu fungsi tujuan. Fungsi-fungsi ini biasanya saling berkaitan ataupun bertolak belakang satu dengan yang lainnya. Sebagai contoh sederhana, seringkali ada persoalan meminimumkan biaya dan memaksimumkan keuntungan pada saat yang bersamaan. Pada persoalan ini tidak selamanya terdapat solusi yang optimal untuk keseluruhan fungsi tujuan yang ada. Suatu solusi mungkin saja optimal untuk fungsi tujuan tertentu, namun sangat buruk untuk fungsi tujuan yang lain. Solusi untuk persoalan optimasi dengan beberapa fungsi tujuan dikenal dengan istilah *non-dominated solution* dan *pareto solution*.

Pada penelitian ini optimasi yang digunakan adalah optimasi dengan pembatas karena proses penggunaan algoritma genetika akan sampai pada pembangkitan kromosom yang memenuhi persyaratan pembatas yang ada.



2.4.2 Struktur Umum Algoritma Genetika

Menurut Goldberg dalam Aktari (2012) dikutip oleh Hasuli (2015) algoritma genetika mempunyai karakteristik-karakteristik membedakannya dengan algoritma pencarian yang lain, yaitu:

1. Algoritma genetika bekerja dengan pengkodean dari himpunan solusi permasalahan berdasarkan parameter yang telah ditetapkan dan bukan parameter itu sendiri.
2. Algoritma genetika melakukan pencarian pada sebuah populasi dari sejumlah individu-individu yang merupakan solusi permasalahan bukan hanya dari sebuah individu.
3. Algoritma genetika merupakan informasi fungsi *objektif (fitness)*, sebagai cara untuk mengevaluasi individu yang mempunyai solusi terbaik bukan turunan dari suatu fungsi.
4. Algoritma genetika menggunakan aturan-aturan transisi peluang, bukan deterministik.

Menurut Desiani (2006) dikutip oleh Hasuli (2015) menyatakan variabel dan parameter yang digunakan pada algoritma genetika adalah:

1. Fungsi *fitness* (fungsi tujuan) yang dimiliki oleh masing-masing individu untuk menentukan tingkat kesesuaian individu tersebut dengan kriteria yang ingin dicapai.
2. Populasi jumlah individu dilibatkan pada setiap generasi.
3. Probabilitas jumlah individu dilibatkan pada setiap generasi.
4. Probabilitas terjadinya mutasi pada setiap individu.
5. Jumlah generasi yang akan dibentuk menentukan lama penerapan algoritma genetika.

Menurut (Zukhri, 2014 dikutip oleh Hasuli 2015) struktur dasar dari algoritma genetika adalah sebagai berikut:

Hak Cipta Diindungi Undang-Undang

© Hak Cipta milik UIN Suska Riau

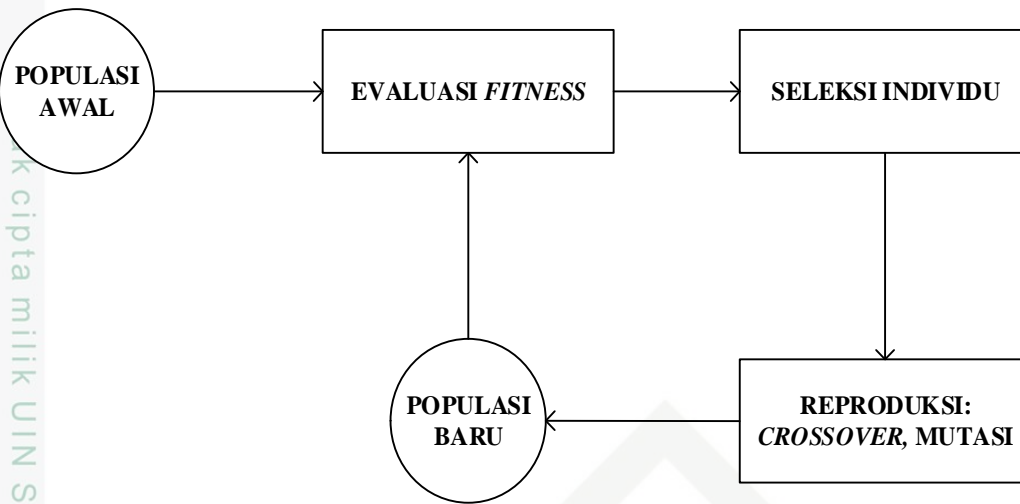
State Islamic University of Sultan Syarif Kasim Riau

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.



Gambar 0.1 Struktur Dasar Algoritma Genetika (Sumber: Zuhri, 2014 dikutip oleh Hasuli 2015)

2.4.3 Nilai Fitness

Nilai *fitness* adalah nilai yang menyatakan baik tidaknya suatu solusi (individu) yang dijadikan acuan dalam mencapai nilai optimal dalam algoritma genetika (Zuhri, 2014 dikutip oleh Hasuli, 2015).

Suatu individu dievaluasi berdasarkan suatu fungsi tertentu sebagai ukuran performansinya. Di dalam evolusi alam, nilai *fitness* dari suatu kromosom akan menunjukkan kualitas kromosom dalam populasi. Semakin besar nilai *fitness* maka akan semakin besar pula kemungkinannya untuk bertahan pada proses populasi selanjutnya.

Pada penelitian ini nilai *fitness* tergantung pada faktor jumlah anak berdasarkan jenis kelaminnya dan sifat gen yang dimiliki oleh induk atau orang tuanya (Anderson dkk, 2009 dikutip oleh Ervan dan Mulyanto, 2014). Berdasarkan hal tersebut maka rumus penentuan nilai *fitness* untuk penelitian ini dapat dimodelkan sebagai berikut:

$$f = b_0 + b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + b_4X_4 \quad 0.3$$

Keterangan:

f = Nilai *fitness*.

Hak Cipta Diindungi 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.

b = Taksiran parameter regresi.

X = Variabel prediktor.

X_1 = Jumlah anak laki-laki.

X_2 = Jumlah anak perempuan.

X_3 = Sifat gen ibu.

X_4 = Sifat gen ayah.

2.4.4 Pengkodean Algoritma Genetika

Pengkodean merupakan bagian penting dalam algoritma genetika, proses ini diperlukan dalam kaitannya dengan peranan kromosom sebagai representasi penyelesaian masalah (Zukhri, 2014 dikutip oleh Hasuli, 2015).

Berdasarkan jenis simbol yang digunakan sebagai nilai suatu gen, metode pengkodean dapat diklasifikasikan sebagai berikut:

1. Pengkodean Biner

Pengkodean biner merupakan cara pengkodean paling umum digunakan dalam algoritma genetika. Keuntungan pengkodean ini adalah sederhana untuk diciptakan dan mudah dimanipulasi. Pengkodean biner memberikan banyak kemungkinan untuk kromosom walaupun dengan jumlah nilai-nilai yang mungkin terjadi pada suatu gen yang sedikit (0 dan 1). Pengkodean ini sering tidak sesuai untuk banyak masalah dan kadang pengkoreksian harus dilakukan setelah operasi *crossover* dan mutasi.

2. Pengkodean Bilangan Riil

Pengkodean bilangan riil adalah suatu pengkodean dalam bentuk riil. Masalah optimasi fungsi dan optimalisasi kendala lebih tepat diselesaikan dengan pengkodean bilangan riil karena struktur topologi ruang genotif untuk pengkodean bilangan riil identik dengan fenotifnya, sehingga mudah membentuk operator genetika yang efektif dengan cara memakai teknik yang dapat digunakan yang berasal dari metode *convensional*.

Hak Cipta Diindungi 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.

3. Pengkodean Bilangan Bulat

Pengkodean bilangan bulat merupakan metode yang mengkodekan bilangan dalam bentuk bilangan bulat. Pengkodean ini baik digunakan untuk masalah optimasi *combinational*.

4. Pengkodean Struktur Data

Pengkodean struktur data adalah model pengkodean yang menggunakan struktur data. Pengkodean ini digunakan untuk masalah kehidupan yang lebih kompleks seperti perencanaan jalur robot dan masalah pewarnaan *group*.

2.4.5 Parameter Algoritma Genetika

Pada saat penerapan algoritma genetika pada suatu persoalan, ada beberapa nilai yang harus ditentukan dari beberapa parameter diantaranya probabilitas *cossover* (p_c), probabilitas mutation (p_m), population size (*popsize*), dan maksimum generasi (max_gen).

a. Probabilitas *Crossover*

Parameter p_c mempunyai nilai 0-1, nilai ini menggambarkan seberapa sering *crossover* akan dilakukan. Mudah dipahami jika nilai p_c adalah 0, berarti tidak dilakukan proses *crossover* atau dengan kata lain seluruh kromosom pada generasi yang baru dibuat dengan kromosom pada generasi sebelumnya. Sebaliknya jika bernilai 1, berarti semua kromosom berpeluang akan melakukan *crossover* meskipun tidak harus semua kromosomnya melakukan proses *crossover*.

b. Probabilitas Mutasi

Parameter p_m memiliki nilai 0-1, paramter ini menggambarkan seberapa sering proses mutasi terhadap kromosom dilakukan. Jika nilai parameter ini 0 berarti tidak perlu melakukan proses mutasi sebaliknya jika bernilai 1 maka semua kromosom berkesempatan melakukan proses mutasi.

c. Ukuran Populasi (*Population Size*)

Nilai parameter *pop_size* menunjukkan jumlah kromosom pada populasi (setiap generasi). Apabila jumlah kromosom dalam suatu populasi kecil maka akan sedikit kromosom yang melakukan proses *crossover* dan



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.

mutasi. Hal ini akan mempengaruhi kualitas solusi yang akan diperoleh, sebaliknya jika *pop_size* terlalu besar maka proses GA akan menjadi sangat lambat.

d. Maksimum Generasi (*Maximum Generation*)

Parameter *max-gen* memberikan jumlah maksimum generasi yang dilakukan pada proses GA, yang berarti parameter ini merupakan suatu parameter yang dipakai sebagai kriteria pemberhentian dari proses GA.

2.4.6 Operator Genetika

Algoritma genetika merupakan proses pencarian yang heuristik dan acak sehingga penekanan pemilihan operator yang digunakan sangat menentukan keberhasilan algoritma genetika dalam menemukan solusi optimum suatu masalah yang diberikan. Operator genetika digunakan setelah proses evaluasi tahap pertama untuk membentuk suatu populasi baru dari generasi sekarang, operator-operator tersebut adalah operator seleksi, *crossover* dan mutasi.

1. Seleksi

Secara umum proses seleksi yang merupakan langkah awal pada operator genetika bertujuan untuk memberikan kesempatan reproduksi yang lebih besar bagi anggota populasi yang paling *fit*. Langkah pertama dalam seleksi ini adalah pencarian nilai *fitness*. Masing-masing individu dalam wadah seleksi akan menerima probabilitas reproduksi yang bergantung pada nilai objektif dirinya sendiri terhadap nilai objektif dari semua individu dalam wadah seleksi tersebut. Nilai *fitness* inilah yang nantinya akan digunakan pada tahap-tahap seleksi berikutnya (Kusumadewi, 2003 dikutip oleh Hasuli, 2015).

Proses awal yang akan dilalui pada operator genetika tahap seleksi adalah penentuan probabilitas nilai *fitness*. Proses penentuan nilai probabilitas ($P[i]$) dari nilai *fitness* ini berfungsi untuk menghasilkan kromosom yang memiliki peluang terpilih pada generasi selanjutnya. Rumus yang digunakan untuk penentuan nilai probabilitas tersebut adalah sebagai berikut:

$$P[i] = \frac{Fitness[i]}{Total\ Fitness} \quad 0.4$$



Nilai probabilitas yang diperoleh berdasarkan ketentuan dari rumus tersebut digunakan kembali untuk perhitungan nilai kumulatif dari setiap kromosom yang ada dan digunakan pada tahapan seleksi (Hermawanto, 2007).

Beberapa jenis seleksi yang umum dipakai adalah:

a. *Rank-based Fitness*

Pada *rank-based fitness*, populasi diurutkan menurut nilai objektifnya. Nilai *fitness* tiap-tiap individu hanya tergantung pada posisi individu tersebut dalam urutan dan tidak dipengaruhi oleh nilai objektifnya.

b. Seleksi Peringkat

Dalam metode seleksi ini, kromosom-kromosom dalam satu populasi diurutkan berdasarkan nilai *fitness*nya. Kromosom dengan nilai *fitness* yang lebih tinggi menempati peringkat yang lebih tinggi atau mempunyai urutan lebih awal. Probabilitas terpilihnya kromosom (P_i) ditentukan dengan fungsi distribusi sehingga jumlah probabilitas terpilihnya kromosom adalah 1 pada setiap individu (Zukhri, 2014 dikutip oleh Hasuli, 2015).

c. Seleksi Roda *Roulette* (*Roulette Wheel Selection*)

Metode seleksi roda *roulette* ini merupakan metode yang paling sederhana serta paling banyak digunakan, dan sering juga dikenal dengan nama *stochastic sampling with replacement*. Pada metode ini orangtua dipilih berdasarkan nilai *fitness*nya, semakin baik nilai *fitness*nya maka semakin besar kemungkinannya untuk terpilih. Perhitungan yang digunakan pada metode seleksi roda *roulette* salah satunya adalah dengan membangkitkan bilangan acak atau bilangan *Random* (R) dalam *range* 0-1 untuk selanjutnya nilai acak tersebut akan dibandingkan dengan nilai kumulatif (C) yang diperoleh pada perhitungan nilai kumulatif probabilitas dengan ketentuan jika $R[k] < C[1]$ maka pilih kromosom pertama sebagai induk, hal itu berlaku untuk seleksi roda *roulette* pada kromosom pertama. Rumus seleksi roda *roulette* untuk penentuan kromosom induk dari nilai

Hak Cipta Diindungi 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.

kumulatif yang terdapat pada kromosom kedua dan kromosom yang selanjutnya adalah sebagai berikut:

$$C[k-1] < R < C[k] \quad 0.5$$

Keterangan:

$C[k-1]$: Nilai kumulatif pertama.

R : Nilai bilangan *random*.

$C[k]$: Nilai kumulatif kedua.

Berdasarkan rumus tersebut bisa diketahui proses seleksi perputaran roda *roulette* berfungsi untuk mencari nilai *Random* yang memenuhi syarat agar terbentuknya kromosom induk yang baru dari kumpulan kromosom yang ada (Hermawanto, 2007).

d. *Stochastic Universal Sampling*

Pada metode ini, individu-individu dipetakan dalam suatu segmen garis secara berurutan sedemikian hingga tiap-tiap segmen individu memiliki ukuran yang sama dengan *fitness*nya seperti halnya pada seleksi roda *roulette*. Kemudian diberikan sejumlah *pointer* sebanyak individu yang ingin diseleksi pada garis tersebut. Andaikan N adalah jumlah individu yang akan diseleksi, maka jarak antar *pointer* adalah $1/N$, dan posisi *pointer* pertama diberikan secara acak pada *range* $[1, 1/N]$.

e. Seleksi dengan pemotongan (*Truncation Selection*)

Seleksi ini biasanya digunakan oleh populasi yang jumlahnya sangat besar. Pada metode ini, individu-individu diurutkan berdasarkan nilai *fitness*nya. Hanya individu-individu yang terbaik saja yang akan diseleksi sebagai induk. Parameter yang digunakan dalam metode ini adalah suatu nilai ambang *trunc* yang mengindikasikan ukuran populasi yang akan diseleksi sebagai induk yang berkisar antara 50%-100%. Individu-individu yang ada dibawah nilai ambang ini tidak akan menghasilkan keturunan.

f. Seleksi Dengan Turnamen (*Tournament Selection*)



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.

Pada metode seleksi dengan turnamen ini akan ditetapkan satu nilai *tour* untuk individu-individu yang dipilih secara random dari suatu populasi. Individu-individu yang terbaik dalam kelompok ini akan diseleksi sebagai induk. Parameter yang digunakan pada metode ini adalah ukuran *tour* yang bernilai 2 sampai N (jumlah individu dalam suatu populasi).

2. Crossover

Operator persilangan merupakan operasi yang bekerja untuk menggabungkan dua kromosom orang tua (*parent*) menjadi kromosom baru (*offspring*). Kromosom yang dijadikan induk dipilih secara acak, pada proses ini jumlah kromosom yang mengalami *crossover* dipengaruhi oleh parameter *crossover rate* (*pc*) yang telah ditentukan yaitu sebesar 25% atau sebesar 0,25 (Hermawanto, 2007).

Pada tahapan ini akan dilakukan penentuan bilangan acak atau bilangan *random* (*R*) yang akan dibandingkan dengan nilai *crossover rate* (*pc*) untuk mendapatkan kromosom induk yang baru. Rumus yang digunakan yaitu sebagai berikut:

$$R[k] < pc \quad 0.6$$

Berdasarkan ketentuan tersebut maka kromosom yang dipilih sebagai induk adalah kromosom yang memiliki nilai *random* lebih kecil dari nilai *crossover rate* (*pc*) (Hermawanto, 2007).

Beberapa jenis *crossover* tersebut adalah:

a. Crossover Satu Titik

Proses *crossover* dilakukan dengan memisahkan suatu string menjadi dua bagian dan selanjutnya dalah satu bagian dipertukarkan dengan salah satu bagian dari string yang lain yang telah dipisahkan dengan cara yang sama. Misalkan ada 2 kromosom dengan panjang 12: Posisi yang dipilih:6.

Induk 1: 0 1 1 1 0 0 | **1 0 1 1 1 0**

Induk 2: 1 1 0 1 0 0 | 0 0 1 1 0 1

Hak Cipta Diindungi 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.

Kromosom baru yang terbentuk:

Anak 1: **0 1 1 1 0 0 | 0 0 1 1 0 1**

Anak 2: 1 1 0 1 0 0 | 1 0 1 1 1 0

b. *Crossover* Banyak Titik

Proses *crossover* ini dilakukan dengan memisahkan suatu string menjadi beberapa bagian dan selanjutnya dipertukarkan dengan bagian dari string yang lain yang telah dipisahkan dengan cara yang sama sesuai dengan urutannya. Misalkan ada 2 kromosom dengan panjang 12:

Induk 1: **0 1 | 1 1 0 0 | 1 0 1 1 | 1 0**

Induk 2: 1 1 | 0 1 0 0 | 0 0 1 1 | 0 1

Kromosom baru yang terbentuk:

Anak 1: **0 1 | 0 1 0 0 | 1 0 1 1 | 0 1**

Anak 2: 1 1 | **1 1 0 0 | 0 0 1 1 | 1 0**

c. *Crossover* Seragam

Kromosom seragam menghasilkan kromosom dengan menyalin *bit-bit* secara acak dari kedua orang tuanya. Misalkan ada 2 kromosom dengan panjang 12:

Induk 1: **0 1 1 1 0 0 1 0 1 1 1 0**

Induk 2: 1 1 0 1 0 0 0 0 1 1 0 1

Kromosom baru yang terbentuk:

Anak 1: **0 1 0 1 0 0 0 0 1 1 1 0**

Anak 2: 1 1 1 1 0 0 1 0 1 1 0 1

3. **Mutasi**

Mutasi merupakan proses mengubah nilai dari satu atau beberapa gen dalam suatu kromosom. Jumlah kromosom yang mengalami mutasi dalam suatu



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.

populasi ditentukan oleh parameter *mutation rate* (pm) yang telah ditentukan yaitu sebesar 10% atau 0,1. Proses mutasi dilakukan dengan cara mengganti suatu gen yang terpilih secara acak dengan nilai baru yang diperoleh secara acak. Proses awal yang akan dilalui dalam tahapan mutasi adalah penentuan total gen yang terdapat dalam suatu populasi, proses tersebut dapat dilakukan dengan rumus berikut ini:

$$\text{Total Gen} = \text{Jumlah Gen Dalam Kromosom} \times \text{Jumlah Populasi} \quad 0.7$$

Proses penentuan posisi gen yang mengalami mutasi dilakukan dengan cara membangkitkan bilangan *integer* secara acak sesuai dengan jumlah total gen yang ada, jika bilangan acak yang diperoleh lebih kecil dari nilai *mutation rate* maka pilih posisi tersebut sebagai sub kromosom yang mengalami mutasi. Selanjutnya pada posisi kromosom yang akan mengalami mutasi tersebut bangkitkan bilangan acak sebesar nilai maksimal gen yang terdapat pada kromosom data uji yang digunakan (Hermawanto, 2007).

Beberapa cara operasi mutasi diterapkan dalam algoritma genetika menurut jenis pengkodean terhadap *phenotype*, antara lain:

- a. Mutasi Dalam Pengkodean Biner

Mutasi pada pengkodean biner merupakan operasi yang sangat sederhana. Proses yang dilakukan adalah menginversi nilai *bit* pada posisi tertentu yang dipilih secara acak (atau dengan menggunakan skema tertentu) pada kromosom, yang disebut inversi *bit*.

Contoh mutasi pada pengkodean biner:

Kromosom sebelum mutasi: 1 0 0 1 0 **1** 1 1

Kromosom sesudah mutasi: 1 0 0 1 0 **0** 1 1

- b. Mutasi Dalam Pengkodean Permutasi

Proses mutasi yang dilakukan dalam pengkodean biner dengan mengubah langsung *bit-bit* pada kromosom tidak dapat dilakukan pada pengkodean permutasi karena konsistensi urutan permutasi harus diperhatikan. Salah

Hak Cipta Diindungi Undang-Undang

1. Diarangi 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.

satu cara yang dapat dilakukan adalah dengan memilih dua posisi (*locus*) dari kromosom dan kemudian nilainya saling dipertukarkan.

Contoh mutasi dalam pengkodean permutasi:

Kromosom sebelum mutasi: 1 2 **3** 4 6 5 8 **7** 9

Kromosom sesudah mutasi: 1 2 **7** 4 6 5 8 **3** 9

c. Mutasi Dalam Pengkodean Nilai

Proses mutasi dalam pengkodean nilai dapat dilakukan dengan berbagai cara, salah satunya yaitu dengan memilih sembarang posisi gen pada kromosom, nilai yang ada tersebut kemudian ditambahkan atau dikurangkan dengan suatu nilai kecil tertentu yang diambil secara acak.

Contoh mutasi dalam pengkodean nilai rill dengan nilai yang ditambahkan atau dikurangkan adalah 0,1.

Kromosom sebelum mutasi: 1,43 **1,09** 4,51 **9,11** 6,94

Kromosom sesudah mutasi: 1,43 **1,19** 4,51 **9,01** 6,94

Proses selanjutnya adalah penentuan posisi kromosom yang mengalami mutasi dengan cara pembagian antara bilangan *random* terpilih yang diperoleh pada proses sebelumnya dengan jumlah gen yang ada dalam kromosom seperti persamaan rumus berikut ini:

$$\text{Posisi Kromosom} = \frac{\text{Bilangan Random Terpilih}}{\text{Jumlah Gen Dalam Kromosom}} \quad 0.8$$

Selanjutnya untuk proses penentuan posisi gen yang mengalami mutasi, sama dengan proses penentuan posisi kromosom yang mengalami mutasi yaitu melakukan pembagian antara bilangan *random* yang terpilih dengan jumlah gen dalam kromosom. Nilai yang akan digunakan pada proses penentuan mutasi gen adalah nilai sisa bagi yang diperoleh dari pembagian tersebut.



2.4.7 Elitisme

Elitisme adalah proses pengopian satu atau lebih individu yang bernilai *fitness* tinggi agar tidak hilang selama evolusi. Ini dilakukan karena seleksi dilakukan secara acak, maka tidak ada jaminan bahwa suatu individu bernilai *fitness* tertinggi akan selalu terpilih. Jika terpilih mungkin individu tersebut akan rusak karena proses pindah silang (*crossover*). Prosedur ini digunakan pada algoritma genetika berjenis *generational replacement*.

2.4.8 Penggantian Populasi

Pada algoritma genetika berjenis *generational replacement*, N individu pada suatu generasi digantikan sekaligus oleh N individu baru hasil pindah silang dan mutasi. Skema penggantian populasi pada algoritma genetika berjenis *generational replacement* dapat dilakukan dengan langkah-langkah sebagai berikut:

1. Selalu mengganti individu yang memiliki nilai *fitness* terkecil.
2. Selalu mengganti individu yang paling tua.
3. Membandingkan anak dengan kedua orang tua, apabila anak memiliki nilai *fitness* yang lebih baik dari salah satu atau kedua orang tua maka anak menggantikan orang tua yang memiliki nilai *fitness* terendah.

2.4.9 Syarat Operasi Algoritma Genetika Berhenti

Proses optimasi yang dilakukan dengan algoritma genetika akan berhenti setelah suatu syarat terpenuhi. Beberapa syarat berhenti yang digunakan adalah batas nilai fungsi *fitness*, batas nilai fungsi objektif, batas waktu komputasi, banyak generasi dan terjadinya konvergensi (Zukhri, 2014 dikutip oleh Hasuli, 2015).

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.