

ANALISIS METODE *SINGLE-POINT CROSSOVER* (SPX), *TWO-POINT CROSSOVER* (TPX) DAN *MULTI-POINT CROSSOVER* (MPX) PADA FUNGSI NONLINEAR DUA PEUBAH DENGAN *BINARY CODING*

Adriana Fanggidae

Jurusan Ilmu Komputer, Fakultas Sains dan Teknik, Universitas Nusa Cendana

adrianafanggidae@staf.undana.ac.id

INTISARI

Algoritma genetika merupakan salah satu algoritma *evolusioner* yang memiliki beberapa tahapan penting yaitu pengkodean, seleksi, *crossover* dan mutasi. Pada tulisan ini, kinerja dari *binary coding* pada 3 metode *crossover* SPX, TPX, dan MPX diuji pada 5 fungsi nonlinear dua peubah. Hasil yang diperoleh menunjukkan metode *crossover* TPX memberikan kinerja yang lebih baik daripada SPX dan MPX.

ABSTRACT

Genetic algorithms are one of the evolutionary algorithms that have several important processes, namely coding, selection, crossover and mutation. In this paper, the performance of binary coding on 3 methods crossover SPX, TPX, and MPX are test on 5 nonlinear functions of two variables. The results obtained show that the TPX crossover method provides better performance than SPX and MPX.

Kata Kunci: algoritma genetika, *binary coding*, *crossover*.

I. PENDAHULUAN

Algoritma genetika diperkenalkan oleh John Holland pada tahun 1975 dan merupakan algoritma *evolusioner* yang memiliki beberapa tahapan penting, yaitu pengkodean, seleksi, *crossover* (kawin silang) dan mutasi dalam mendapatkan solusi. Tahapan *crossover* merupakan tahapan yang paling berkembang ragamnya. Banyak penelitian telah dilakukan untuk mendapatkan metode kawin silang yang sederhana tetapi cepat dalam mendapatkan solusi. *Single-Point Crossover* (SPX), *Two-Point Crossover* (TPX), dan *Multi-Point Crossover* (MPX) merupakan metode kawin silang sederhana yang hanya menukarkan area perpotongan dari kedua *parents* (orang tua).

Fungsi nonlinear adalah fungsi yang kurvanya tidak berbentuk garis lurus. Ada beberapa bentuk fungsi nonlinier, diantaranya fungsi *polynomial* derajat > 1 , fungsi eksponensial dan fungsi logaritmik. Penyelesaian fungsi nonlinear dengan 1 peubah dapat dengan mudah diselesaikan menggunakan metode analitik, tetapi menjadi sulit untuk peubah berjumlah lebih dari satu. Solusi yang ditawarkan adalah menggunakan algoritma genetika. Penyelesaian fungsi nonlinier menggunakan algoritma genetika harus dapat dikodekan dalam kromosom. *Binary coding* adalah bentuk pengkodean yang paling sederhana dan mudah dimanipulasi [1]. Pengkodean biner dapat diterapkan pada penyelesaian permasalahan numerik.

II. MATERI DAN METODE

A. *Binary coding*

Binary coding adalah pengkodean yang menggunakan bilangan biner 0 dan 1 [2]. Pengkodean bilangan numerik menggunakan *binary coding* membutuhkan panjang gen yang cukup panjang. Penentuan panjang gen menggunakan [3]:

$$2^{m_j-1} < (b_j - a_j) * 10^k \leq 2^{m_j} - 1 \quad (1)$$

dimana:

- j = banyak peubah
- k = tingkat kepresisian angka dibelakang koma
- m_j = panjang gen untuk peubah ke- j
- a_j = batas bawah dari peubah ke- j

b_j = batas atas dari peubah ke- j

Pengkodean bilangan numerik ke bilangan biner menggunakan [3]:

$$v = a_j + decimal(substring_j) * \frac{b_j - a_j}{2^{m_j - 1}} \quad (2)$$

dimana $decimal(substring)$ menyatakan nilai desimal dari $substring$ ke- j untuk variable v .

B. Crossover

Crossover bertujuan untuk menjaga keragaman di dalam populasi. Algoritma SPX, TPX, dan MPX adalah sebagai berikut [4]:

Algoritma SPX

1. Bangkitkan satu bilangan acak (nilainya berupa bilangan bulat dari 1 sampai panjang gen dari suatu kromosom), dimana bilangan ini akan dijadikan posisi awal gen dari suatu kromosom yang akan mengalami *crossover*. Tandai alel-alel yang akan dikawinsilangkan (mulai dari posisi awal gen hingga posisi akhir gen).
2. Tukarkan alel pada *parent 1* dan *parent 2* yang ditandai.

Algoritma TPX

1. Bangkitkan dua bilangan acak (nilainya berupa bilangan bulat dari 1 sampai panjang gen dari suatu kromosom), dimana bilangan ini akan dijadikan posisi awal dan akhir gen dari suatu kromosom yang akan mengalami *crossover*. Tandai alel-alel yang akan dikawinsilangkan (mulai dari posisi awal hingga posisi akhir).
2. Tukarkan alel pada *parent 1* dan *parent 2* yang ditandai.

Algoritma MPX

1. Tentukan banyaknya area perpotongan (harus lebih besar dari 1). Untuk setiap area perpotongan, tentukan posisi awal dan akhir gen dari suatu kromosom yang akan mengalami *crossover*. Posisi awal dan akhir gen pada setiap area perpotongan berupa bilangan bulat pada rentang nilai 1 hingga panjang gen dari suatu kromosom. Tandai alel-alel yang akan dikawinsilangkan (mulai dari posisi awal hingga posisi akhir untuk setiap area perpotongan).
2. Tukarkan alel pada *parent 1* dan *parent 2* yang ditandai.

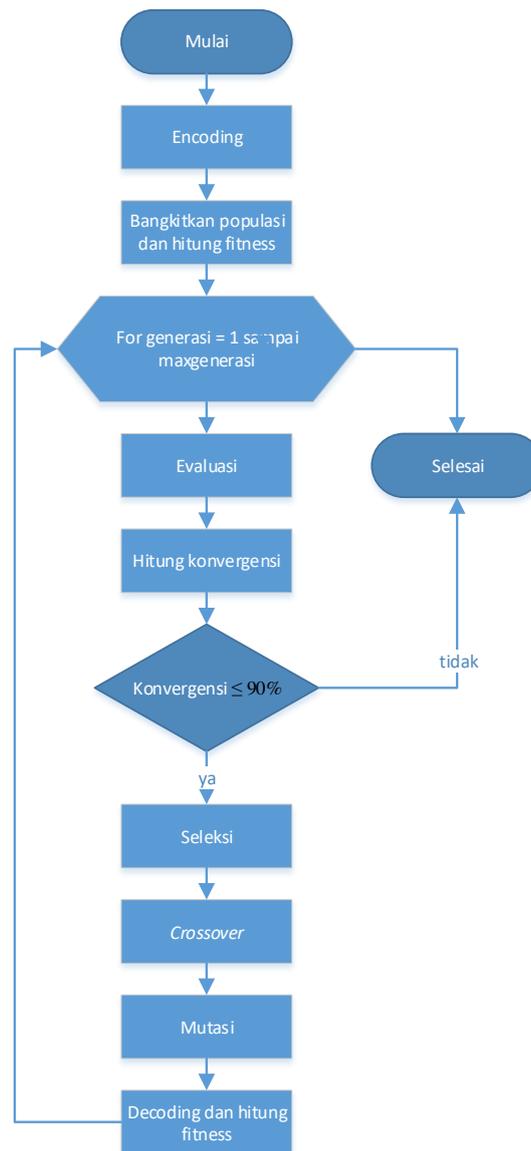
III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Flowchart algoritma genetika yang digunakan pada penelitian ini dapat dilihat pada gambar 1.

Ada beberapa ketentuan yang digunakan pada penelitian ini, yaitu:

1. Jumlah peubah yang digunakan adalah 2, dan tingkat kepresisian adalah 3 angka di belakang koma.
2. Maksimum generasi adalah 1000, jumlah kromosom dalam populasi adalah 10, probabilitas *crossover pc* adalah 0,25, probabilitas mutasi *pm* adalah 0,05, dan ukuran ruang pencarian untuk kedua peubah adalah [-10,10].
3. Pada algoritma MPX, jumlah area perpotongan yang digunakan adalah 2, 1 area perpotongan berada di peubah ke-1, dan 1 area perpotongan berada di peubah ke-2.

Pengujian menggunakan fungsi nonlinear dua peubah dapat dilihat pada tabel 1. Hasil pengujian pada tabel 2 menunjukkan nilai *best*, *worst*, dan *mean* dari nilai *error* sebanyak 100 kali uji coba.



Gambar 1. Flowchart algoritma genetika

Tabel 1. Fungsi uji [5]

Fungsi	Global minimum	
	x^*	$f(x^*)$
$f(x_1, x_2) = (1,5 - x_1 + x_1x_2)^2 + (2,25 - x_1 + x_1x_2^2)^2 + (2,625 - x_1 + x_1x_2^3)^2$	(3, 0,5)	0
$f(x_1, x_2) = x_1^2 + 2x_2^2 - 0,3\cos(3\pi x_1) - 0,4\cos(4\pi x_2) + 0,7$	(0, 0)	0
$f(x_1, x_2) = (x_1 + 2x_2 - 7)^2 + (2x_1 + x_2 - 5)^2$	(1, 3)	0
$f(x_1, x_2) = (x_1 + 10)^2 + (x_2 + 10)^2 + e^{-x_1^2 - x_2^2}$	(0, 0)	0
$f(x_1, x_2) = 2x_1^2 - 1,05x_1^4 + \frac{x_1^6}{6} + x_1x_2 + x_2^2$	(0, 0)	0

Tabel 2. Hasil pengujian

Metode <i>crossover</i>	Pengujian	Fungsi				
		1	2	3	4	5
SPX	<i>best</i>	2.6145e-06	1.5135e-05	3.1537e-06	1.3839e-87	1.8628e-07
	<i>worst</i>	0.9759	0.0111	1.8185	0.0013	0.0023
	<i>mean</i>	0.3270	0.0014	0.6651	1.3126e-04	2.9361e-04
TPX	<i>best</i>	1.7699e-06	4.4619e-06	4.6066e-06	1.3839e-87	4.0981e-06
	<i>worst</i>	0.9728	0.0112	1.8166	7.0226e-04	0.0021
	<i>mean</i>	0.3139	0.0012	0.6527	1.1695e-04	2.6007e-04
MPX	<i>best</i>	1.3544e-07	4.4619e-06	4.0478e-06	1.3839e-87	1.8628e-07
	<i>worst</i>	0.9714	0.0054	1.8345	0.0011	0.0022
	<i>mean</i>	0.3577	0.0014	0.6711	1.5299e-04	2.9956e-04

Hasil pengujian pada kelima fungsi uji menunjukkan metode *crossover* TPX menghasilkan nilai *mean* yang lebih rendah daripada metode *crossover* SPX dan MPX.

IV. KESIMPULAN DAN SARAN

Penelitian ini menganalisis kinerja 3 metode *crossover*, yaitu SPX, TPX, dan MPX pada fungsi nonlinear dua peubah. Pengujian menggunakan 5 fungsi uji. Metode *crossover* TPX unggul pada kelima fungsi uji.

Pada penelitian selanjutnya, perlu dilakukan analisis kinerja metode *crossover* TPX dengan melibatkan cara pengkodean biner dan cara pengkodean lainnya, dengan memperhatikan batas ruang pencarian untuk setiap *fitness* yang dihasilkan.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Davis, L. 1991. *Handbook of Genetic Algorithms*. Van Nostrand Reinhold, New York.
- [2] Varnamkathi, M. J. & Lee, L. S. 2012. A Fuzzy Genetic Algorithm Based on Binary Encoding for Solving Multidimensional Knapsack Problems. *Journal of Applied Mathematics*. 2012 (6): 1-24.
- [3] Fadlisyah., Arnawan., & Faisal. 2009. *Algoritma Genetik*. Penerbit Graha Ilmu.
- [4] Weise, T. 2009. *Global Optimization Algorithms Theory And Application*. <http://www.it-weise.de/projects/book.pdf>. Diakses tanggal 28 Maret 2019.
- [5] Yang, X. S. 2014. *Nature-Inspired Optimization Algorithms 1st*. Elsevier.