

Pencarian Rute Terbaik pada Obyek Wisata di Kabupaten Banyumas Menggunakan Algoritma Genetika Metode TSP (*Travelling Salesman Problem*) (*Determine the Best Path at Tourist Objects in Banyumas Regency Using Genetic Algorithms on Traveling Salesman Problem Method*)

Imam Tahyudin¹, Ika Susanti²

¹⁾²⁾Program Studi Sistem Informasi STMIK AMIKOM Purwokerto

Jl. Letjendpol Soemarto Purwokerto 53127 Tlp. 0281-623321

¹⁾imam.tahyudin@amikompurwokerto.ac.id

Abstrak-Objek wisata di Kabupaten Banyumas cukup banyak dan menarik. Berdasarkan data yang diperoleh jumlah obyek wisata di Banyumas ada 25 lokasi. Pada penelitian ini obyek yang dijadikan sampel penelitian ada 11. Tujuan penelitian ini untuk menentukan jalur terbaik yang menghubungkan kesebelas obyek tersebut menggunakan Algoritma Genetika khususnya metode TSP. Berdasarkan hasil penelitian diperoleh panjang jalur terbaik adalah 0,878 unit kartesian dengan ukuran populasi 25 dan probabilitas mutasi 0,005 dengan urutan yaitu Alun-alun Purwokerto, Taman kota Andang pangrenan, Lokawisata Baturraden, Wisata air Dreamland Ajibarang, Curug cipendok Cilongok, wisata pendidikan STMIK AMIKOM Purwokerto, Depo Bay Sokaraja, Situs Goa Maria Kaliori, Museum Pangsar Jend. Soedirman, Museum BRI, Bale Kemambang.

Kata Kunci : Rute terbaik, Algoritma genetika, TSP, Obyek wisata Banyumas

Abstract-There are many wonderful tourist attractions in Banyumas. Based on data which are obtained, its number are 25 locations while in this research focus on 11 objects as experiment. The purpose of this study was to determine the best path that connects the eleventh object using Genetic Algorithms especially TSP method. Based on the results are the best path length is 0.878 units of Cartesian with a population size is 25 and the probability of mutations is 0,005. The sequence paths are Purwokerto square, Andang pangrenan Parks, Baturraden, Dreamland Waterboom Ajibarang,

Cipendok waterfall, educational tours of STMIK AMIKOM Purwokerto, Depo Bay Sokaraja, Goa Maria Kaliori, Museum of General Soedirman, BRI Museum, and Bale Kemambang.

Keywords: *The best route, genetic algorithm, TSP, Banyumas tourism.*

I. PENDAHULUAN

Kabupaten Banyumas adalah salah satu kabupaten yang kaya akan potensi wisata. Obyek wisata di Kabupaten Banyumas diantaranya terletak di daerah Wangon yaitu Sungai Serayu, Pemandian Tirta Husada Kalibacin dan Masjid Sakatunggal Cikakak. Lalu Penyebaran Brosur dilanjutkan ke Daerah Purwokerto yaitu Museum BRI, Museum Panglima Besar Jendral Soedirman dan TRAP Andhang Pangrenan. Terletak di Lokawisata Baturraden yang meliputi Curug Gede, Lokawisata Baturraden, Wanawisata Baturraden, Telaga Sunyi, Pancuran 7, Pancuran 3 dan Curug Ceheng. Selanjutnya di daerah Ajibarang yaitu Curug Cipendok dan Dreamland serta Wisata Baturragung yang berada di daerah Kedung Banteng. Selanjutnya berada di Daerah Banyumas, yang meliputi Depo Bay, Bumper Kendalisada, Goa Maria dan Museum Wayang Sendangmas Banyumas [1].

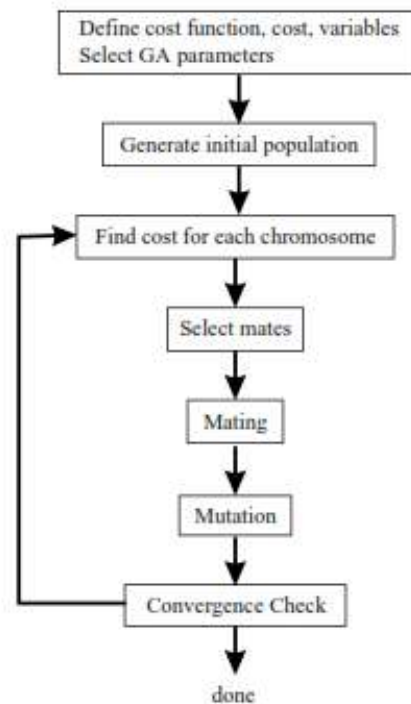
Permasalahan pertama terkait dengan tidak meratanya jumlah wisatawan di setiap objek wisata

disebabkan salah satunya karena promosi yang tidak masif dan tidak menarik. Permasalahan tersebut telah dilakukan solusi yaitu dengan memanfaatkan teknologi AR yang dapat mengemas potensi objek wisata secara menarik, atraktif dan kekinian. Solusi yang telah dilakukan tersebut dengan menggunakan brosur pariwisata yang diintegrasikan dengan AR. Keunggulan brosur ini, calon pengunjung dapat melihat secara nyata dalam bentuk video gambaran obyek wisata di kabupaten Banyumas melalui *smartphone* android dengan menscan marker yang ada di brosur [2, 3]. Permasalahan berikutnya adalah terkait dengan informasi rute terpendek dan rute alternative yang dapat ditempuh oleh calon pengunjung. Informasi rute ini sangat penting khususnya bagi calon pengunjung dari luar daerah karena salah satu factor yang mempengaruhi banyaknya pengunjung yang datang ke obyek wisata. Salah satu solusi yang dapat dilakukan untuk permasalahan ini dengan menerapkan algoritma genetika. Algoritma genetika dapat menjadi solusi yang tepat untuk menentukan rute terpendek [4]. Solusi ini merupakan pelengkap untuk aplikasi yang ada.

Terdapat beberapa penelitian yang sudah menerapkan algoritma genetika dalam menentukan rute terpendek diantaranya yaitu: 1) penentuan jarak terpendek pada jalur distribusi barang di pulau jawa dengan menggunakan algoritma genetika [5], 2) penerapan algoritma genetika pada system rekomendasi wisata kuliner [6], 3) penerapan algoritma genetika dalam optimasi pendistribusian pupuk di PT pupuk Iskandar Muda aceh Utara [7], 4) pemanfaatan metode heuristic pada pencarian jalur terpendek dengan algoritma genetika [8], dan 5) penentuan modul Quality of Service (QoS) yang baru dengan pendekatan algoritma genetika untuk menemukan jalur optimal dari sumber menuju tempat tujuan [9]. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menerapkan metode algoritma genetika khususnya TSP untuk pencarian rute terbaik pada obyek wisata di Kabupaten Banyumas.

II. METODE

Diagram alir metodologi penelitian dapat dilihat pada Gambar 1. melalui gambar ini diharapkan dapat diperoleh gambaran yang lengkap dan menyeluruh tentang tahap-tahap penelitian yang akan dilaksanakan.



Gambar 1. Diagram Alir Metodologi Penelitian [10]

Penjelasan diagram alir metodologi penelitian :

1. Mendefinisikan fungsi biaya, biaya dan variable yang akan dilakukan
2. Mengenerate inisial populasi
3. Mencari biaya untuk masing-masing kromosom
4. Memilih pasangan
5. Hasil pasangan
6. Proses mutasi
7. Cek convergensi, jika belum optimal kembali ke langkah 3.
8. Hasil akhir

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Traveling salesman problem (TSP) adalah salah satu masalah optimasi kombinatorial. Jika diberikan sejumlah lokasi atau tempat dengan biaya perjalanan tertentu dari satu tempat ke tempat yang lain dengan tujuan untuk menemukan rute terdekat atau biaya termurah. Pada penelitian ini jumlah obyek wisata yang digunakan sebagai uji kasus sebanyak 11 lokasi terdiri dari wisata air Dreamland Ajibarang, curug cipendok Cilongok, Lokawisata Baturraden, alun-alun Purwokerto, Bale kemambang karang kobar, Situs Goa maria kaliore, wisata air Depo Bay Depo pelita, Taman kota Andang Pangrenan, Museum BRI, Museum

Pangsar Jend. Soedirman dan Wisata Pendidikan STMIK AMIKOM Purwokerto. Dengan menggunakan MATLAB diperoleh hasil sebagai berikut :

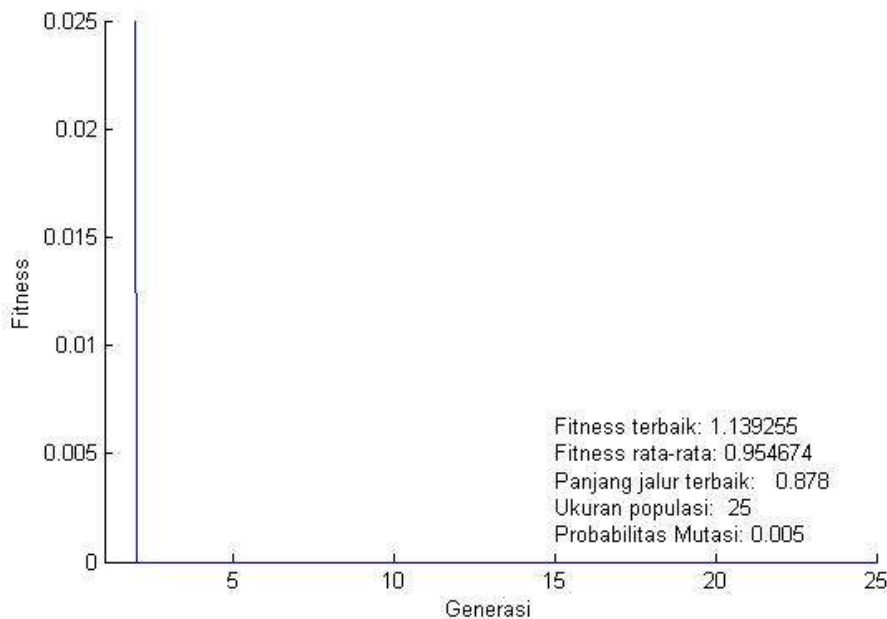
Data kordinat kartesian dari kesebelas lokasi/objek wisata yang digunakan dalam penelitian tersaji pada Tabel I.

TABEL I
DATA KORDINAT KARTESIAN SEBELAS OBYEK WISATA DI KABUPATEN BANYUMAS

No	OBYEK WISATA / LOKASI	LATITUDE (GARIS BARAT – TIMUR), LONGITUDE (GARIS UTARA-SELATAN)
1	DREAM LAND	-7.423016 , 109.075244
2	CURUG CIPENDOK	-7.339398 , 109.134321
3	BATURRADEN	-7.311462 , 109.228484
4	ALUN – ALUN PWT	-7.424477 , 109.229916
5	BALE KEMAMBANG	-7.411976 , 109.237789
6	GOA MARIA KALIORI	-7.502041 , 109.301812
7	DEPO BAY	-7.459494 , 109.281308
8	ANDANG PANGRENAN	-7.440637 , 109.243893
9	MUSEUM BRI	-7.423794 , 109.225483
10	MUSEUM JENDSUD	-7.42019 , 109.196035
11	AMIKOM PWT	-7.400691 , 109.231236

Sumber : Data kordinat kartesian lokasi obyek wisata diolah dengan menggunakan situs <http://itouchmap.com/latlong.html>

Output grafik dari program Algoritma Genetika – TSP seperti terlihat pada Gambar 2.



Gambar 2. Grafik Output Matlab Fitness - Generasi

Jalur Terbaik = 4 8 3 1 2 11 7 6 10 9 5

Berdasarkan grafik tersebut diperoleh panjang jalur terbaik adalah 0,878 unit kartesian dan jalur

paling optimal yang diperoleh adalah 4-8-3-1-2-11-7-6-10-9-5.

Berdasarkan hasil tersebut dapat dijelaskan proses untuk menentukan rute terdekat dari kesebelas lokasi tersebut adalah sebagai berikut :

1. *Skema pengkodean.* Setiap kromosom yang berisi gen-gen yang merepresentasikan nomor urut kota. Jumlah gen dalam setiap kromosom adalah sama dengan jumlah lokasi. Skema ini diimplementasikan secara sederhana menggunakan baris-baris perintah sebagai berikut :

```
Function populasi =
TSPinialisasiPopulasi(Ukpop,JumGen)
For ii = 1:UkPop,
[Xval,Ind]=sort(rand(1,JumGen));
Populasi(ii,:) = ind;
End
```

Masukan untuk fungsi ini adalah UkPop (ukuran populasi atau jumlah kromosom dalam populasi) dan JumGen (jumlah gen dalam kromosom yang juga menyatakan jumlah kota). Perintah `rand(1,JumGen)` menyatakan pembangkitan matriks berukuran 1 x JumGen yang berisi bilangan random dalam interval [0,1). Pada perintah `[Xval, Ind] = sort(rand(1,JumGen))`, Xval menyatakan bilangan –bilangan dalam interval [0,1) hasil pengurutan dari kecil ke besar (ascending). Sedangkan Ind menyatakan indeks dari bilangan –bilangan yang dibangkitkan secara random tetapi belum terurut. Jadi Ind inilah yang merupakan nomor urut kota yang dibangkitkan secara random secara tidak langsung melalui perintah `sort(rand(1,JumGen))`. `Populasi(ii,:)` menyatakan kromosom ke-ii pada populasi yang jumlah kolomnya sama dengan jumlah gen.

2. *Nilai Fitnes.* Masalah dalam TSP adalah meminimalkan total biaya (masalah minimasi). Oleh karena itu, nilai fitness yang bisa digunakan adalah 1 dibagi dengan jumlah total biaya. Dalam hal ini yang dimaksud total biaya adalah jumlah jarak kartesian antara satu obyek wisata dengan obyek wisata yang lainnya secara melingkar. Misalkan, untuk sejumlah n obyek wisata, total biayanya adalah jarak kartesian dari lokasi 1 ke lokasi 2 ditambah jarak kartesian dari lokasi 2 ke lokasi 3 dan seterusnya sampai jarak kartesian dari lokasi n ke lokasi 1. Jarak lokasi A dan B dapat dihitung dengan menggunakan rumus jarak berikut :

$$\|A - B\| = \sqrt{(X_A - X_B)^2 + (Y_A - Y_B)^2}$$

(X_A , Y_A) menyatakan posisi kordinat lokasi A dan (X_B , Y_B) adalah posisi kordinat lokasi B.

Penghitung jarak kartesian ini diimplementasikan menggunakan fungsi norm, yang sudah tersedia di MATLAB.

Penghitungan nilai fitness diimplementasikan dalam fungsi `TSPevaluasiIndividu` dibawah ini. Masukan untuk fungsi ini adalah tiga variable : kromosom, JumGen, XYkota. Variable XYlokasi berisi kordinat-kordinat dari semua lokasi. Variable TB menyatakan total biaya, dan nilai fitness suatu kromosom dinyatakan oleh $fitness = 1/TB$.

```
Function fitness =
TSPevaluasiIndividu(kromosom,JumGen,XYlokasi)
TB = 0;
For ii = 1:JumGen - 1,
TB = TB + norm(XYlokasi(kromosom(ii,:),:) -
XYlokasi(kromosom(ii+1,:),:));
End
% Jalur harus kembali ke lokasi asal
TB = TB + norm(XYlokasi(JumGen,:),:) -
XYlokasi(kromosom(1,:),:));
Fitness = 1/TB;
```

3. *Linear Fitness Ranging.* Untuk menghindari kecenderungan konvergen pada optimum local, maka dilakukan proses penskalaan nilai fitness seperti pada persamaan 1 berikut :

$$f(t) = f_{max} - (f_{max} - f_{min}) \left(\frac{R(t) - 1}{N - 1} \right) \dots (1)$$

Sehingga diperoleh nilai fitness yang berada dalam interval [MaxF, MinF]. Fungsi ini diimplementasikan dengan cara yang sama pada AG standar berikut :

```
Function LFR =
LinearFitnessRanging(UkPop,Fitness,MaxF,MinF)
[SF,IndF] = sort(Fitness);
For rr = 1:UkPop,
LFR(IndF(UkPop-rr+1)) =
MaxF - (MaxF - MinF) * ((rr-1)/(UkPop-1));
End
```

Fungsi `sort` yang tersedia di MATLAB berguna untuk mengurutkan nilai fitness dari kecil ke besar (ascending). Variable SF berisi nilai – nilai fitness hasil pengurutan, sedangkan IndF berisi indeks dari nilai-nilai fitness tersebut.

4. *Roulette-wheel.* Fungsi ini diimplementasikan dengan cara berikut :

```
Function Pindex =
```

```

RouletteWheel(UkPop,LinearFitness);
JumFitness=sum(LinearFitness);
KumulatifFitness = 0;
RN = rand;
ii=1;
while ii<=Popsiz,
kumulatifFitness
kumulatifFitness+LinearFitness(ii);
if(kumulatifFitness/JumFitness) >RN,
Pindex = ii;
Break;
End
ii = ii+1;
end

```

Sebuah perintah yang sudah tersedia dalam MATLAB, sum, digunakan untuk menjumlahkan semua nilai pada vector LinearFitness. Perintah break digunakan untuk keluar dari satu pengulangan for atau while. Keluaan dari fungsi ini adalah Pindex, yaitu index dari individu yang terpilih sebagai orang tua.

5. *Pindah Silang (cross over)*. Pindah silang untuk TSP dapat diimplementasikan dengan skema order crossover. Pada skema ini, satu bagian kromosom dipertukarkan dengan tetap menjaga urutan lokasi yang bukan bagian dar kromosom tersebut. Berikut implementasi dari pindah silang :

```

Function Anak =
TSPPindahsilang(Bapak,Ibu,JumGen)
cp1 = 1 + fix(rand*(JumGen-1));
cp2 = 1 + fix(rand*(JumGen-1));
while cp2 = cp1,
cp2 = 1+ fix(rand*(JumGen-1));
end
if cp1 < cp2,
cps = cp1;
cpd=cp2;
else
cps = cp2;
cpd = cp1;
end
Anak(1,cps+1:cpd) = ibu(cps+1:cpd);
Anak(2,cps+1:cpd) = Bapak(cps+1:cpd);
sisagenbapak = [];
sisagenIbu = [];
for ii=1:JumGen,
if ~ismember(Bapak(ii),Anak(1,:)),
SisaGenBapak = [SisaGenbapak Bapak(ii)];

```

```

End
if ~ismember(Ibu(ii),Anak(2,:)),
SisaGenIbu = [SisaGenIbu Ibu(ii)];
End
End
Anak(1,cpd+1:JumGen) =
SisaGenBapak(1:JumGen-cpd);
Anak(1,1:cps) = SisaGenBapak(1+JumGen-
cpd:length(SisaGenBapak));
Anak(2,cpd+1:JumGen) = SisaGenIbu(1:JumGen-
cpd);
Anak(2,1:cps) = SisaGenIbu(1+JumGen-
cpd:length(SisaGenIbu));

```

6. *Mutasi*. Pada TSP biasanya digunakan skema mutasi yang disebut sebagai swapping mutation. Masukan untuk fungsi ini adalah kromosom, JumGen, dan Pmutasi. Untuk semua gen dalam kromosom, jika bilangan random [0,1) yang dibangkitkan kurang dari Pmutasi, maka nilai gen tersebut akan ditukarkan dengan nilai gen lain yang dipilih secara random. Keluaran dari fungsi ini adalah MutKrom, yaitu kromosom yang telah termutasi.

```

Function MutKrom=
TSPMutasi(kromosom,JumGen,Pmutasi)
MutKrom=kromosom;
For ii = 1:JumGen,
If rand < Pmutasi,
TM2 = 1+ fix(rand*JumGen);
While TM2 = ii,
TM2 = 1 + fix(rand*JumGen);
End
Temp = MutKrom(ii);
MutKrom(ii) = MutKrom(TM2);
MutKrom(TM2) = temp;
End
End

```

7. *Program Utama*. Pada program utama ini memanggil semua fungsi di atas. Posisi – posisi kordinat lokasi disimpan pada variabel XYlokasi. Pada program utama ini ditambahkan perintah-perintah untuk menampilkan grafik dan output jalur terbaik yang menyatakan rute terpendek.

```

clc
clear all

```

```

XYlokasi = [-7.423016 109.075244; -
7.339398 109.134321; -7.311462 109.228484; -
7.424477 109.229916; -7.411976 109.237789; -
7.502041 109.301812; -7.459494 109.281308; -
7.440637 109.243893; -7.423794 109.225483; -
7.42019 109.196035; -7.400691 109.231236];

JumGen = length(XYkota(:,1));
% Jumlah gen (jumlah kota)
UkPop = 100;
% Jumlah kromosom dalam populasi
Psilang = 0.8;
% Probabilitas pindah silang
Pmutasi = 0.005;
% Probabilitas mutasi
MaxG = 100;
% Jumlah generasi

PanjJalHarp = 40;
% Panjang Jalur yang diharapkan
Fthreshold = 1/PanjJalHarp;
% Threshold untuk fitness
Bgraf = Fthreshold;
% Untuk menangani tampilan grafis

hfig = figure;
hold on
set(hfig, 'position', [50,50,600,400]);
set(hfig, 'DoubleBuffer', 'on');
axis([1 MaxG 0 Bgraf]);
hbestplot1 = plot(1:MaxG,zeros(1,MaxG));
hbestplot2 = plot(1:MaxG,zeros(1,MaxG));
htext1 = text(0.6*MaxG,0.25*Bgraf,sprintf('Fitness
terbaik: %7.6f', 0.0));
htext2 = text(0.6*MaxG,0.20*Bgraf,sprintf('Fitness
rata-rata: %7.6f', 0.0));
htext3 =
text(0.6*MaxG,0.15*Bgraf,sprintf('Panjang jalur
terbaik: %7.3f', 0.0));
htext4 = text(0.6*MaxG,0.10*Bgraf,sprintf('Ukuran
populasi: %3.0f', 0.0));
htext5 =
text(0.6*MaxG,0.05*Bgraf,sprintf('Probabilitas
Mutasi: %4.3f', 0.0));
xlabel('Generasi');
ylabel('Fitness');
hold off
drawnow;
% Inisialisasi Populasi
Populasi =
TSPInisialisasiPopulasi(UkPop,JumGen);

```

```

for generasi=1:MaxG,
    MaxF =
    TSPEvaluasiIndividu(Populasi(1,:),JumGen,XYkot
a);
    MinF = MaxF;
    IndeksIndividuTerbaik = 1;
    for ii=1:UkPop,
        Fitness(ii) =
        TSPEvaluasiIndividu(Populasi(ii,:),JumGen,XYkot
a);
        if (Fitness(ii) > MaxF),
            MaxF = Fitness(ii);
            IndeksIndividuTerbaik = ii;
            JalurTerbaik = Populasi(ii,:);
        end
        if (Fitness(ii) <= MinF),
            MinF = Fitness(ii);
        end
    end

    FitnessRataRata = mean(Fitness);

    plotvector1 = get(hbestplot1,'YData');
    plotvector1(generasi) = MaxF;
    set(hbestplot1,'YData',plotvector1);
    plotvector2 = get(hbestplot2,'YData');
    plotvector2(generasi) = FitnessRataRata;
    set(hbestplot2,'YData',plotvector2);
    set(htext1,'String',sprintf('Fitness terbaik:
%7.6f', MaxF));
    set(htext2,'String',sprintf('Fitness rata-rata:
%7.6f', FitnessRataRata));
    set(htext3,'String',sprintf('Panjang jalur terbaik:
%7.3f', 1/MaxF));
    set(htext4,'String',sprintf('Ukuran populasi:
%3.0f', UkPop));
    set(htext5,'String',sprintf('Probabilitas Mutasi:
%4.3f', Pmutasi));
    drawnow

    if MaxF > Fthreshold,
        break;
    end

    TempPopulasi = Populasi;

    % Elitisme:
    % - Buat satu kopi kromosom terbaik jika
ukuran populasi ganjil
    % - Buat dua kopi kromosom terbaik jika
ukuran populasi genap
    if mod(UkPop,2)==0,

```

```

% ukuran populasi genap
    IterasiMulai = 3;
    TempPopulasi(1,:) =
Populasi(IndeksIndividuTerbaik,:);
    TempPopulasi(2,:) =
Populasi(IndeksIndividuTerbaik,:);
    else
% ukuran populasi ganjil
    IterasiMulai = 2;
    TempPopulasi(1,:) =
Populasi(IndeksIndividuTerbaik,:);
    end
    LinearFitness =
LinearFitnessRanking(UkPop,Fitness,MaxF,MinF);

    % Roulette-wheel selection dan pindah silang
    for jj=IterasiMulai:2:UkPop,
        IP1 =
RouletteWheel(UkPop,LinearFitness);
        IP2 =
RouletteWheel(UkPop,LinearFitness);
        if (rand < Psilang),
            Anak =
TSPPindahSilang(Populasi(IP1,:),Populasi(IP2,:),Ju
mGen);
            TempPopulasi(jj,:) = Anak(1,:);
            TempPopulasi(jj+1,:) = Anak(2,:);
        else
            TempPopulasi(jj,:) = Populasi(IP1,:);
            TempPopulasi(jj+1,:) =
Populasi(IP2,:);
        end
    end
end

```

```

% Mutasi dilakukan pada semua kromosom
for kk=IterasiMulai:UkPop,
    TempPopulasi(kk,:) =
TSPMutasi(TempPopulasi(kk,:),JumGen,Pmutasi);
end
Populasi = TempPopulasi;
end

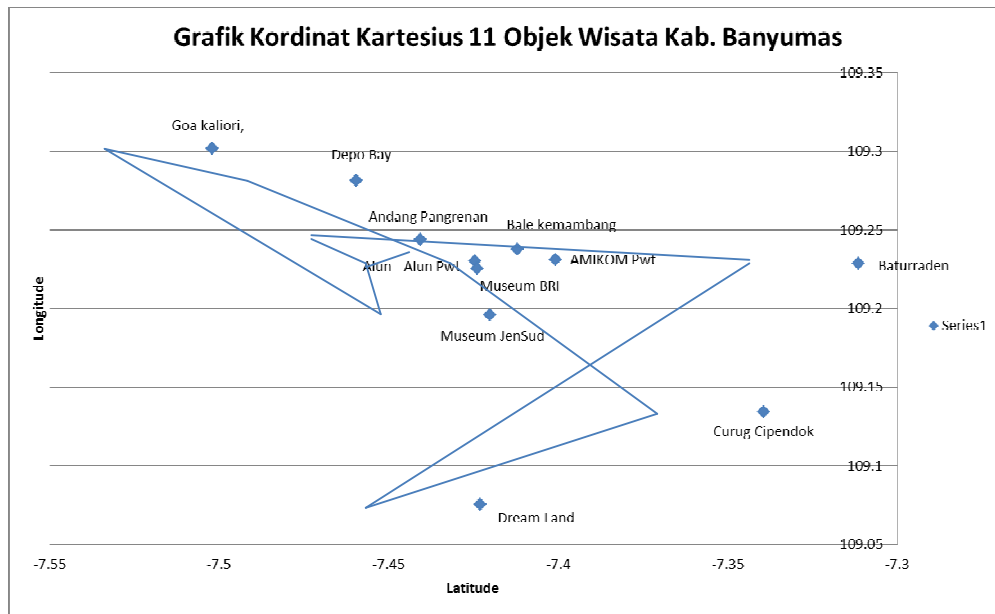
% Tanpa tanda ';' berarti menampilkan nilai dari
variabel 'JalurTerbaik'
JalurTerbaik

% Simpan variabel 'JalurTerbaik' ke dalam file
JalurTerbaik.mat
save JalurTerbaik.mat JalurTerbaik

```

Berdasarkan proses tersebut diperoleh hasil seperti pada gambar 2. dimana panjang jalur terbaik adalah 0,878 unit kartesian dengan ukuran populasi 25 dan probabilitas mutasi 0,005. Jalur paling optimal yang diperoleh adalah 4-8-3-1-2-11-7-6-10-9-5. Dengan demikian rute terdekat untuk mengunjungi sebelas obyek wisata yang ada di Kabupaten Banyumas yaitu (Gambar 3):

(4) Alun-alun Purwokerto → (8) Taman kota Andang pangrenan → (3) Lokawisata Baturraden → (1) Wisata air Dreamland Ajibarang → (2) Curug cipendok Cilongok → (11) wisata pendidikan STMIK AMIKOM Purwokerto → (7) Depo Bay Sokaraja → (6) Situs Goa Maria Kaliori → (10) Museum Pangsar Jend. Soedirman → (9) Museum BRI → (5) Bale Kemambang.



Gambar 3. Grafik kordinat kartesius 11 Obyek Wisata di Kab. Banyumas

IV. PENUTUP

Berdasarkan hasil penelitian diperoleh jalur terbaik yaitu 1-2-3-4-7-8-6-5-11-10-9 yaitu (4) Alun-alun Purwokerto → (8) Taman kota Andang pangrenan → (3) Lokawisata Baturraden → (1) Wisata air Dreamland Ajibarang → (2) Curug cipendok Cilongok → (11) wisata pendidikan STMIK AMIKOM Purwokerto → (7) Depo Bay Sokaraja → (6) Situs Goa Maria Kaliori → (10) Museum Pangsar Jend. Soedirman → (9) Museum BRI → (5) Bale Kemambang. Panjang jalur terbaik adalah 0,878 unit kartesian dengan ukuran populasi 25 dan probabilitas mutasi 0,005.

Saran dari penelitian ini adalah perlu dikembangkan jalur terdekat dengan pembobotan biaya. Selain itu perlu dibandingkan hasil yang diperoleh dengan metode yang lain seperti linear programming atau Jaringan saraf tiruan.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Anonim. (2012). Banyaknya Pengunjung Obyek Wisata/Taman Rekreasi Menurut Kabupaten/Kota di Jawa Tengah Tahun 2011. Jawa Tengah : BPS Jawa Tengah
http://jateng.bps.go.id/index.php?option=com_content&view=article&id=843:09-02-02&catid=57:hotel-2012&Itemid=93, di akses pada tanggal 19 Januari 2015, pukul 22.00 WIB.
- [2] Tahyudin, Imam., Atikah, Dewiyanti Nur., (2014). Aplikasi Obyek Wisata Augmented Reality (AR) di Kabupaten Banyumas Berbasis Android menggunakan Layar. Laporan Akhir Hibah Penelitian Amikom, *Hibah Amikom 2014*. STMIK AMIKOM Purwokerto, Purwokerto.
- [3] Tahyudin, Imam., Susanti, Ika. (2015). Penerapan Augmented Reality untuk Promosi Obyek Wisata di Kabupaten Banyumas berbasis Android menggunakan Vuforia, Laporan Akhir Hibah Penelitian Amikom, *Hibah Amikom 2015*. STMIK AMIKOM Purwokerto, Purwokerto.
- [4] Suyanto. (2011). *Artificial Intelligence*. Penerbit Informatika. Bandung
- [5] Joni. V, Nurcahyawati, Baskara J. (2010). *Penentuan Jarak Terpendek Pada Jalur Distribusi Barang di Pulau Jawa Dengan Menggunakan Algoritma Genetika*.
http://www.researchgate.net/publication/23595719_4_penentuan_jarak_terpendek_pada_jalur_distribusi_barang_di_pulau_jawa_dengan_menggunakan_algoritma_genetika. di akses pada tanggal 19 Januari 2015, pukul 22.00 WIB.
- [6] Widodo, W. F, Mahmudy, , (2010). Penerapan Algoritma Genetika Pada Sistem Rekomendasi Wisata Kuliner. *Jurnal Ilmiah KURSOR* Vol. 5, No. 4, Juli 2010 205-211
- [7] Fachrurrazi, S. (2010). Penerapan Algoritma Genetika Dalam Optimasi Pendistribusian Pupuk di PT. Pupuk Iskandar Muda Aceh Utara. *JT-FTI* Vol 2 No 1: 47 - 66.
- [8] Alamsyah (2010). Pemanfaatan Metode Heuristik Pada Pencarian Jalur Terpendek Dengan Algoritma

- Genetika. *Jurnal SMARTEK* Vol. 8 No. 4. Nopember 2010: 307 - 316.
- [9] Valli, Pushpa M, N. A. M. (2014). Performance Evaluation Of Mobile Adhoc Networks Using Genetic Algorithm. *Journal of Theoretical and Applied Information Technology* Vol. 61 No.3(31st March 2014).
- [10] Randy, L.H., Sue Ellen, H., (2004). *Practical Genetic Algorithms*. Second Edition. A John Willey & Son, Inc., Publication.