

# **Algoritma Genetika**

*Teori Dasar Kuliah*

Panduan komprehensif tentang Algoritma Genetika

Nugroho Adi Susanto : 23/520312/PA/22367

1 Desember 2025



# Daftar Isi

<b>1</b>	<b>Pengantar Optimasi dan Komputasi Evolusioner</b>	<b>1</b>
1.1	Pengantar Komputasi Evolusioner . . . . .	4
1.2	Variasi Algoritma Genetika . . . . .	6
1.2.1	Tinjauan . . . . .	6
1.3	Bacaan Lebih Lanjut . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Apa itu Algoritma Genetika?</b>	<b>7</b>
2.1	Pendahuluan . . . . .	7
2.2	Inspirasi Biologis . . . . .	7
2.3	Terminologi Dasar . . . . .	8
2.3.1	Istilah Algoritma Genetika . . . . .	8
2.4	Struktur Dasar Algoritma Genetika . . . . .	8
2.5	Keunggulan Algoritma Genetika . . . . .	11
2.6	Kerugian Algoritma Genetika . . . . .	12
2.7	Kapan Menggunakan Algoritma Genetika . . . . .	13
<b>3</b>	<b>Teori Skema Holland</b>	<b>15</b>
3.1	Apa itu Skema? . . . . .	15
3.1.1	Properti Skema . . . . .	15
3.1.2	Teorema Skema (Teorema Fundamental) . . . . .	16
3.1.3	Hipotesis Blok-Bangunan . . . . .	16
3.2	Paralelisme Implisit . . . . .	17
3.3	Implikasi Praktis . . . . .	17
3.3.1	Pemilihan Operator dan Parameter . . . . .	17
3.3.2	Pemantauan dan Diagnostik Praktis . . . . .	17
3.4	Keterbatasan Teori Skema . . . . .	18
3.4.1	Ekspektasi vs dinamika populasi terbatas . . . . .	18
3.4.2	Penanganan epistasis dan interaksi kompleks terbatas . . . . .	18
3.4.3	Pembatasan pada alfabet sederhana dan encoding panjang tetap . . . . .	18
3.4.4	Protokol empiris yang direkomendasikan . . . . .	18
3.5	Teorema No Free Lunch . . . . .	18
<b>4</b>	<b>Encoding pada Algoritma Genetika</b>	<b>19</b>
4.1	Pendahuluan terhadap Encoding . . . . .	19
4.2	Persyaratan untuk Encoding yang Baik . . . . .	19
4.2.1	Kelengkapan . . . . .	19
4.2.2	Kebenaran (Soundness) . . . . .	20
4.2.3	Non-redundansi . . . . .	20
4.2.4	Lokalitas . . . . .	20
4.2.5	Persyaratan Praktis Tambahan . . . . .	20
4.3	Encoding Biner . . . . .	21
4.4	Ikhtisar Jenis Encoding . . . . .	22
4.5	Encoding Bernilai Riil . . . . .	23
4.6	Encoding Integer . . . . .	23

4.7	Encoding Permutasi	23
4.8	Tree Encoding	24
<b>5</b>	<b>Metode Seleksi dalam Algoritma Genetika</b>	<b>27</b>
5.1	Pendahuluan tentang Seleksi	27
5.2	Tekanan Seleksi	28
5.3	Seleksi Proporsional terhadap Kebugaran (FPS)	28
5.3.1	Seleksi Roulette Wheel	28
5.3.2	Stochastic Universal Sampling (SUS)	29
5.4	Seleksi Berbasis Peringkat	30
5.4.1	Perankingan Linear	30
5.5	Seleksi Turnamen	30
5.5.1	Mekanisme	30
5.6	Truncation Selection	31
5.7	Boltzmann Selection	31
5.8	Elitist Selection	31
5.9	Seleksi yang Mempertahankan Keragaman	31
5.10	Seleksi Multi-objektif	32
5.11	Perbandingan Metode Seleksi	32
<b>6</b>	<b>Crossover (Rekombinasi) dalam Algoritma Genetika</b>	<b>33</b>
6.1	Pendahuluan Crossover	33
6.2	Operator Crossover untuk Kromosom Biner	34
6.2.1	Definisi dan Fungsi Operator Crossover	34
6.2.2	Crossover Satu Titik	34
6.2.3	Crossover Satu Titik	34
6.2.4	Crossover Dua Titik	35
6.2.5	Crossover Uniform	35
6.2.6	Crossover Multi-Titik	36
6.3	Crossover untuk Kromosom Bilangan Bulat	37
6.3.1	Crossover Satu Titik untuk Bilangan Bulat	37
6.3.2	Crossover Multi-Titik untuk Bilangan Bulat	37
6.3.3	Crossover Uniform untuk Bilangan Bulat	37
6.4	Operator Crossover untuk Kromosom Bernilai Riil	37
6.4.1	Crossover Aritmetika	38
6.4.2	BLX- $\alpha$ Crossover (Blend Crossover)	40
6.4.3	SBX (Simulated Binary Crossover)	40
6.5	Operator Crossover untuk Permutasi	40
6.5.1	Order Crossover (OX)	40
6.5.2	Partially Mapped Crossover (PMX)	41
6.5.3	Cycle Crossover (CX)	42
6.5.4	Edge Recombination Crossover	42
6.6	Analisis Crossover	42
6.6.1	Disrupsi Skema	42
6.6.2	Pelestarian Blok Penyusun	43
6.7	Teknik Crossover Lanjutan	43
6.7.1	Crossover Adaptif	43
6.7.2	Crossover Multi-Induk	43
6.7.3	Crossover Khusus Masalah	43

6.8	Panduan Crossover . . . . .	43
6.8.1	Memilih Jenis Crossover . . . . .	43
6.8.2	Penetapan Parameter . . . . .	44
6.8.3	Pengujian Empiris . . . . .	44
<b>7</b>	<b>Mutasi dan Pembaruan Generasi</b>	<b>45</b>
7.1	Pengantar Mutasi . . . . .	45
7.1.1	Apa itu Mutasi? . . . . .	45
7.1.2	Mutasi dalam Algoritma Evolusioner vs. Evolusi Biologis . . . . .	45
7.2	Mutasi untuk Representasi Berbeda . . . . .	46
7.2.1	Mutasi untuk Representasi Biner . . . . .	46
7.2.2	Mutasi untuk Representasi Integer . . . . .	46
7.2.3	Mutasi untuk Representasi Bernilai Riil . . . . .	47
7.2.4	Mutasi untuk Representasi Permutasi . . . . .	48
7.3	Mekanisme Pembaruan Generasi . . . . .	49
7.3.1	Model Asli Holland (Penggantian Generasional) . . . . .	49
7.3.2	Model Generasional dengan Elitisme . . . . .	49
7.3.3	Pembaruan Steady-State . . . . .	50
7.3.4	Pembaruan Kontinu . . . . .	50
7.4	Parameter AG . . . . .	51
7.4.1	Probabilitas Pindah Silang ( $P_c$ ) . . . . .	51
7.4.2	Probabilitas Mutasi ( $P_m$ ) . . . . .	51
7.4.3	Ukuran Populasi ( $N$ ) . . . . .	52
7.4.4	Jumlah Generasi ( $G$ ) . . . . .	52
7.4.5	Pedoman Umum Pengaturan Parameter . . . . .	52
7.5	Studi Observasi Parameter . . . . .	52
7.5.1	Masalah Uji . . . . .	52
7.5.2	Pengaturan Eksperimental . . . . .	53
7.5.3	Hasil Sampel . . . . .	53
7.6	Latihan . . . . .	53
<b>8</b>	<b>Aplikasi Algoritma Genetika</b>	<b>55</b>
<b>A</b>	<b>Implementasi Algoritma</b>	<b>57</b>
A.1	Implementasi Algoritma Genetika Dasar . . . . .	57
A.1.1	Implementasi Python . . . . .	57
A.2	Algoritma Genetika Bernilai Riil . . . . .	61
A.3	Algoritma Genetika untuk Traveling Salesman Problem . . . . .	64
A.4	NSGA-II untuk Optimisasi Multi-Objektif . . . . .	69
<b>B</b>	<b>Contoh Praktis dan Studi Kasus</b>	<b>77</b>
B.1	Masalah Optimasi Fungsi . . . . .	77
B.1.1	OneMax . . . . .	77
B.1.2	Beberapa Fungsi Benchmark . . . . .	77
B.2	Masalah Optimasi Kombinatorial . . . . .	77
B.2.1	TSP . . . . .	77
B.2.2	Knapsack 0/1 . . . . .	77
B.3	Aplikasi Dunia Nyata . . . . .	77
B.3.1	Pelatihan Jaringan Syaraf . . . . .	77

---

B.3.2	Seleksi Fitur . . . . .	78
B.3.3	Penjadwalan . . . . .	78
B.4	Panduan Penyetelan Singkat . . . . .	78
B.5	Analisis Performa . . . . .	78
B.6	Kendala Umum dan Solusi . . . . .	78
B.7	Teknik Lanjutan . . . . .	78
B.8	Ringkasan . . . . .	78
B.8.1	Masalah Penanganan Kendala . . . . .	79
B.9	Teknik Lanjutan . . . . .	79
B.9.1	Genetic Algorithms Hibrida . . . . .	79
B.9.2	Kontrol Parameter Adaptif . . . . .	79
B.9.3	Parallel Genetic Algorithms . . . . .	80
B.10	Praktik Terbaik Implementasi . . . . .	80
B.10.1	Organisasi Kode . . . . .	80
B.10.2	Pengujian dan Validasi . . . . .	80
B.10.3	Dokumentasi . . . . .	80
B.11	Ringkasan Bab . . . . .	80
B.12	Poin Penting . . . . .	81

# Daftar Gambar

1.1	Metode berbasis gradien tradisional mengikuti gradien lokal dan menjadi terjebak dalam optimum lokal, tidak mampu melarikan diri untuk menemukan optimum global. . . . .	2
1.2	Fungsi dengan diskontinuitas, sudut tajam, atau lompatan diskrit tidak dapat dioptimalkan menggunakan metode berbasis gradien. . . . .	3
1.3	Metode optimasi tradisional sering menunjukkan pertumbuhan eksponensial atau polinomial tinggi dalam waktu komputasi seiring dimensi masalah meningkat, membuat mereka tidak praktis untuk masalah skala besar. . . .	3
1.4	Perbandingan komprehensif menunjukkan bagaimana GA mengatasi keterbatasan fundamental metode optimasi tradisional. . . . .	4
1.5	Ilustrasi siklus GA dan variasinya . . . . .	5
2.1	Genetic Algorithm Cycle . . . . .	10
5.1	Proses seleksi dasar dalam Algoritma Genetika . . . . .	27
5.2	Proses seleksi roulette-wheel dengan contoh pengundian . . . . .	29
5.3	Stochastic universal sampling dengan penunjuk berjarak sama . . . . .	30
6.1	Crossover Uniform untuk kromosom biner . . . . .	36
6.2	Crossover Aritmetika Sederhana untuk kromosom riil . . . . .	39
6.3	Crossover Aritmetika Seluruhnya untuk kromosom riil . . . . .	39





# Daftar Tabel

2.1	Contoh Populasi Awal . . . . .	7
5.1	Probabilitas seleksi dan nilai kebugaran (dari Buku Ajar) . . . . .	29
5.2	Perbandingan Metode Seleksi . . . . .	32
7.1	Hasil Observasi Parameter AG . . . . .	53



# Bab 1

## Pengantar Optimasi dan Komputasi Evolusioner

Algoritma genetika (GA) adalah metode pencarian berbasis populasi yang terinspirasi dari seleksi alam dan genetika. Mereka mempertahankan populasi solusi kandidat yang dikodekan sebagai string, secara iteratif menghasilkan generasi baru dengan memilih individu terbaik, menggabungkan informasi mereka, dan terkadang memperkenalkan variasi acak. Meskipun stokastik dalam operatornya, GA bukan random walk buta: mereka mempertahankan dan mengeksplorasi informasi historis tentang solusi yang baik untuk menghasilkan titik pencarian baru yang menjanjikan dan dengan demikian mendorong eksplorasi dan eksploitasi ruang kompleks yang efisien.

Keluarga metode ini dikembangkan dari karya fundamental Holland dan rekan-rekannya untuk memodelkan proses adaptif yang diamati di alam dan merancang sistem buatan yang mewujudkan mekanisme tersebut. Tujuan utamanya adalah ketahanan—kemampuan untuk menyeimbangkan efisiensi dengan keandalan di berbagai lingkungan masalah—yang membuat GA menarik ketika biaya perancangan ulang tinggi atau ketika struktur masalah melanggar asumsi umum (misalnya, kontinuitas, diferensiabilitas, atau unimodalitas). Karena mereka secara konseptual sederhana, dapat diterapkan secara luas, dan efektif secara empiris dalam optimasi dan kontrol, algoritma genetika telah menjadi alat praktis di berbagai domain teknik, sains, dan bisnis [20].

Untuk menempatkan algoritma genetika dalam konteks, pertama-tama kami memberikan definisi ringkas tentang optimasi — kelas masalah yang biasanya diselesaikan menggunakan GA. Kami mendefinisikan optimasi sebagai proses menemukan solusi terbaik dari sekumpulan alternatif yang tersedia. Dalam istilah matematis, masalah optimasi dapat diformulasikan sebagai:

$$\begin{aligned} &\text{minimumkan (atau maksimumkan)} && f(x) \\ &\text{dengan batasan} && g_i(x) \leq 0, \quad i = 1, 2, \dots, m \\ & && h_j(x) = 0, \quad j = 1, 2, \dots, p \\ & && x \in X \end{aligned} \tag{1.1}$$

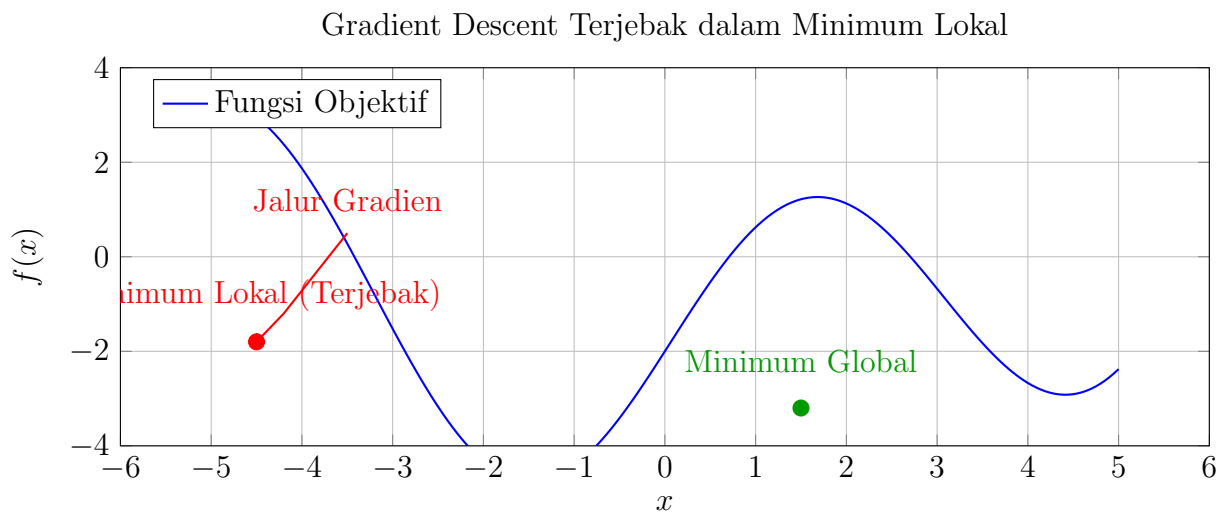
di mana:

- $f(x)$  adalah fungsi objektif yang akan dioptimasi
- $g_i(x)$  adalah batasan ketidaksetaraan
- $h_j(x)$  adalah batasan persamaan
- $X$  adalah wilayah yang layak

Masalah optimasi berbeda berdasarkan jenis variabel (diskrit, kontinu, atau mixed-integer) dan berdasarkan properti struktural seperti linearitas, konveksitas, dan jumlah objektif. Metode solusi tradisional mencakup teknik berbasis gradien (misalnya, metode Newton dan quasi-Newton) untuk masalah kontinu halus, pemrograman linear (metode

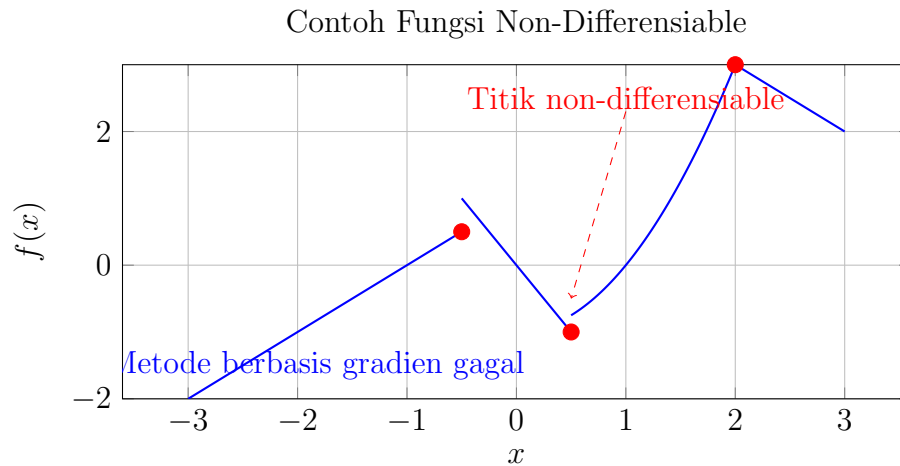
Simplex dan interior-point) untuk model linear, dan metode diskrit (branch-and-bound, pemrograman dinamis) untuk masalah kombinatorial. Namun, metode tradisional ini memiliki keterbatasan ketika diterapkan pada banyak masalah dunia nyata yang kompleks. Dalam bagian berikut kami menyoroti tiga tantangan utama di mana pendekatan konvensional sering mengalami kesulitan, dan menjelaskan bagaimana algoritma genetika dapat membantu mengatasinya.

Masalah pertama dengan metode optimasi tradisional adalah kecenderungan mereka untuk terjebak dalam optimum lokal. Dalam lanskap multi-modal dengan banyak puncak dan lembah, pencarian berbasis gradien dapat konvergen ke optimum lokal daripada optimum global. Ini terjadi karena metode-metode ini bergantung pada informasi gradien lokal untuk memandu proses pencarian. Ketika pencarian mencapai optimum lokal, gradien menjadi nol, menyebabkan algoritma berhenti berkembang. Keterbatasan ini terutama bermasalah dalam ruang berdimensi tinggi di mana jumlah optimum lokal dapat tumbuh secara eksponensial.



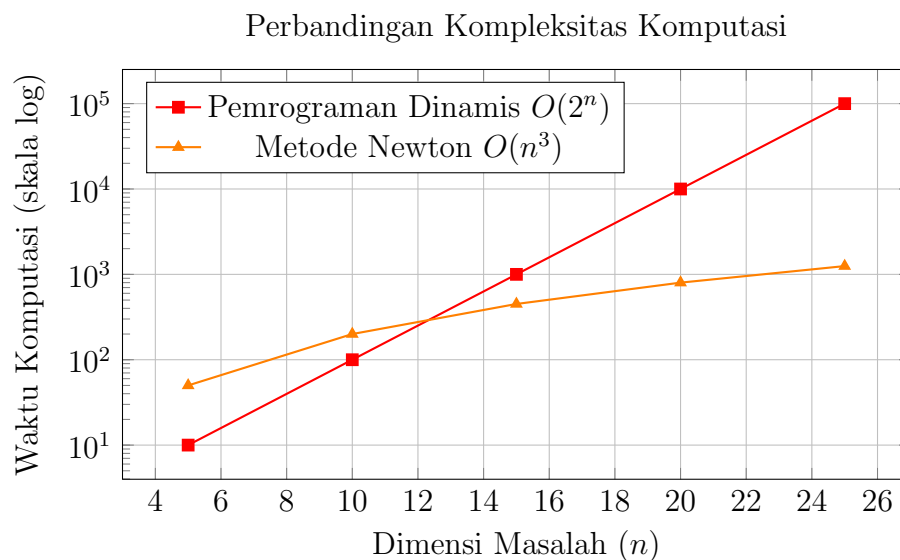
Gambar 1.1: Metode berbasis gradien tradisional mengikuti gradien lokal dan menjadi terjebak dalam optimum lokal, tidak mampu melarikan diri untuk menemukan optimum global.

Masalah kedua dengan metode berbasis gradien adalah bahwa mereka memerlukan fungsi objektif yang dapat didiferensiasikan. Ini menjadi keterbatasan signifikan ketika menangani masalah dunia nyata yang melibatkan diskontinuitas, sudut tajam, atau lompatan diskrit. Masalah seperti itu umum dalam desain teknik, penjadwalan, dan optimasi kombinatorial.



Gambar 1.2: Fungsi dengan diskontinuitas, sudut tajam, atau lompatan diskrit tidak dapat dioptimalkan menggunakan metode berbasis gradien.

Sementara metode diskrit seperti pemrograman dinamis dapat menangani diskontinuitas dan struktur kombinatorial, baik algoritma berbasis gradien maupun algoritma diskrit eksak mengalami kutukan dimensionalitas: komputasi biasanya menjadi tidak dapat dilacak seiring dimensi masalah tumbuh.



Gambar 1.3: Metode optimasi tradisional sering menunjukkan pertumbuhan eksponensial atau polinomial tinggi dalam waktu komputasi seiring dimensi masalah meningkat, membuat mereka tidak praktis untuk masalah skala besar.

Oleh karena itu, kita dapat merangkum bagaimana algoritma genetika secara efektif mengatasi keterbatasan fundamental metode optimasi tradisional dalam tabel berikut:

Fitur	Tradisional	GA
Strategi Pencarian	Lokal	Global
Paralelisasi	Sulit	Alami
Multi-objektif	Kompleks	Bawaan
Penanganan Batasan	Sedang	Fleksibel

Gambar 1.4: Perbandingan komprehensif menunjukkan bagaimana GA mengatasi keterbatasan fundamental metode optimasi tradisional.

## 1.1 Pengantar Komputasi Evolusioner

Komputasi evolusioner adalah keluarga algoritma pencarian stokastik berbasis populasi yang terinspirasi oleh prinsip-prinsip evolusi biologis [24, 12]. Anggota keluarga ini beroperasi pada populasi solusi kandidat dan berulang kali menerapkan seleksi (prinsip survival of the fittest), rekombinasi atau crossover (untuk bertukar informasi antar solusi), dan mutasi (untuk memperkenalkan variasi baru). Mekanisme ini memungkinkan algoritma evolusioner untuk mempertahankan dan menggabungkan kembali komponen solusi yang berguna sambil terus mengeksplorasi wilayah baru dari ruang pencarian.

Properti ini memberikan pendekatan evolusioner sejumlah keuntungan praktis untuk masalah optimasi yang sulit. Karena mereka bebas turunan dan hanya memerlukan evaluasi fungsi, metode evolusioner secara alami cocok untuk masalah optimasi black-box, termasuk fungsi objektif yang diskontinu, bising, tidak dapat didiferensiasikan, atau mengalami lompatan diskrit. Pencarian berbasis populasi mereka memberikan ketahanan terhadap optimum lokal dan memungkinkan evaluasi paralel kandidat solusi secara langsung, yang berharga untuk evaluasi fitness yang mahal. Sementara algoritma evolusioner umumnya tidak memberikan jaminan optimalitas formal, dengan representasi dan operator yang tepat mereka menawarkan kinerja heuristik yang andal di berbagai domain variabel kontinu, diskrit, dan campuran.

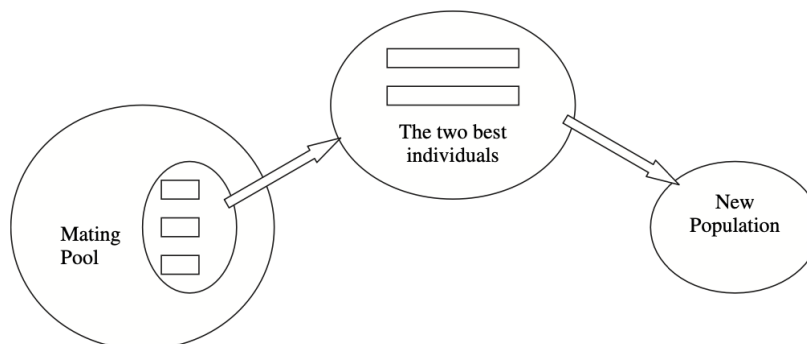
Bidang komputasi evolusioner mencakup beberapa keluarga yang mapan, masing-masing menekankan pilihan desain yang berbeda. Algoritma Genetika (GA) adalah salah satu formulasi paling awal dan paling berpengaruh, menekankan pengkodean panjang tetap dan operator crossover dan mutasi yang terinspirasi secara biologis [24, 20]. Strategi Evolusi (ES) berkonsentrasi pada strategi mutasi yang dapat beradaptasi sendiri dan sangat efektif untuk optimasi kontinu bernilai nyata [6]. Pemrograman Evolusioner (EP) secara historis fokus pada evolusi model perilaku dan skema mutasi stokastik daripada rekombinasi eksplisit [16, 17]. Pemrograman Genetika (GP) memperluas kerangka kerja ke struktur panjang variabel seperti program komputer dan pohon ekspresi, memungkinkan sintesis program otomatis [26].

Algoritma evolusioner telah berhasil diterapkan di berbagai bidang teknik, sains, dan bisnis. Dalam desain teknik mereka digunakan untuk mengoptimalkan konfigurasi sistem kompleks di mana evaluasi objektif mungkin mahal atau tidak dapat didiferensiasikan [46]. Dalam pembelajaran mesin, metode evolusioner telah digunakan baik untuk mengembangkan arsitektur jaringan saraf dan untuk mengoptimalkan bobot ketika informasi gradien tidak tersedia atau tidak dapat diandalkan [31, 32]. Penjadwalan, pembuatan jadwal waktu, perutean (termasuk Travelling Salesman Problem), dan masalah kombinatorial la-

innya adalah aplikasi alami karena pengkodean yang fleksibel dan operator rekombinasi khusus yang menghormati struktur masalah [22, 15]. Di luar domain ini, komputasi evolusioner telah menemukan peran dalam bioinformatika, pemodelan keuangan, dan desain strategi permainan otomatis, menunjukkan utilitas praktis yang luas [19, 37, 12].

Untuk membuat ide-ide ini konkret, pertimbangkan dua contoh ringkas yang biasa digunakan untuk ilustrasi pedagogis. Masalah mainan sederhana adalah memaksimalkan fungsi kuadrat  $f(x) = x^2$  pada domain diskrit  $0 \leq x \leq 31$ . Dengan pengkodean biner (kromosom 5-bit), siklus berulang seleksi, crossover, dan mutasi mengkonsentrasikan blok bangunan yang mewakili nilai  $x$  yang lebih tinggi sampai, biasanya dalam beberapa generasi, individu yang mengkodekan optimum ( $x = 31$ ) mendominasi populasi. Contoh ini menyoroti bagaimana rekombinasi mengakumulasi solusi parsial yang berguna (blok bangunan) bahkan ketika populasi awal acak.

Dalam contoh kombinatorial yang lebih menantang, Travelling Salesman Problem (TSP) meminta tur terpendek yang mengunjungi sekumpulan kota. Algoritma Genetika untuk TSP menggunakan representasi dan operator crossover yang mempertahankan properti urutan kota (misalnya, crossover berbasis urutan atau posisi) dan operator mutasi yang melakukan gangguan lokal tur. Sementara GA tidak menjamin optimalitas untuk masalah NP-hard seperti TSP, mereka sering menghasilkan solusi perkiraan berkualitas tinggi dengan cepat dan dapat dikombinasikan dengan pencarian lokal (pendekatan hibrid) untuk peningkatan lebih lanjut.



Gambar 1.5: Ilustrasi siklus GA dan variasinya

Meskipun Algoritma Genetika Generasi Sederhana berfungsi sebagai kerangka dasar, berbagai modifikasi telah dikembangkan untuk meningkatkan kinerja dalam menangani kompleksitas masalah. Beberapa modifikasi ini termasuk varian yang telah dipelajari dengan baik berikut.

Algoritma Genetika Hibrid menggabungkan pencarian evolusioner global dengan prosedur peningkatan lokal yang ditargetkan untuk mengeksplorasi kekuatan komplementer dari kedua paradigma. Desain hibrid tipikal menggunakan GA untuk eksplorasi luas sambil menerapkan pencarian lokal deterministik atau stokastik (misalnya, hill-climbing, pencarian tabu, atau heuristik khusus masalah) untuk menyempurnakan individu terpilih atau solusi terbaik yang ditemukan sejauh ini. Dengan menggabungkan diversifikasi dan intensifikasi, metode hibrid sering mencapai konvergensi lebih cepat dan hasil berkualitas lebih tinggi pada tugas optimasi praktis [28, 32].

Algoritma Genetika Adaptif memodifikasi parameter kontrol secara online menggunakan umpan balik dari statistik populasi seperti tingkat peningkatan fitness, keberhasilan operator, atau ukuran keragaman genetik. Adaptasi dapat diimplementasikan secara eksternal melalui aturan kontrol atau secara internal dengan mengkodekan parameter

dalam individu sehingga evolusi itu sendiri memilih pengaturan yang efektif. Mekanisme ini mengurangi penyetelan manual dan membantu mempertahankan keseimbangan eksplorasi-eksploitasi yang produktif di berbagai fase pencarian [36, 40].

Algoritma Genetika Paralel mengeksplorasi perangkat keras paralel modern dengan mendistribusikan komputasi dan/atau struktur populasi. Model berbutir kasar (pulau) memegang sub-populasi pada prosesor yang berbeda dengan migrasi sesekali untuk berbagi informasi; model berbutir halus atau master-slave memparalelkan evaluasi fitness untuk mengurangi waktu wall-clock. Paralelisme tidak hanya mempercepat komputasi tetapi juga dapat meningkatkan ketahanan pencarian dengan melestarikan banyak relung dan mengurangi konvergensi prematur [12].

## 1.2 Variasi Algoritma Genetika

Meskipun Algoritma Genetika generasi sederhana berfungsi sebagai kerangka dasar, berbagai modifikasi telah dikembangkan untuk meningkatkan kinerja pada masalah kompleks. Variasi umum meliputi:

### 1.2.1 Tinjauan

- **GA Hibrid:** Menggabungkan Algoritma Genetika dengan pencarian lokal atau metode optimasi lain untuk menyempurnakan solusi yang menjanjikan setelah eksplorasi global [28, 32].
- **GA Adaptif:** Secara dinamis menyesuaikan parameter seperti probabilitas crossover dan mutasi berdasarkan umpan balik populasi untuk menyeimbangkan eksplorasi dan eksploitasi [36, 40].
- **GA Paralel:** Membagi populasi menjadi sub-populasi di seluruh prosesor (model pulau, master-slave, dll.) dan secara berkala bertukar individu untuk mempercepat pencarian dan mempertahankan keragaman.

## 1.3 Bacaan Lebih Lanjut

- Deb, K. (2001). Multi-objective optimization using evolutionary algorithms.
- Eiben, A. E., & Smith, J. E. (2015). Introduction to evolutionary computing.
- Goldberg, D. E. (1989). Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning.



## Bab 2

# Apa itu Algoritma Genetika?

### 2.1 Pendahuluan

Algoritma Genetika (GA) adalah metode pencarian dan optimasi acak yang mengambil inspirasi dari evolusi alami [24, 20]. Daripada meningkatkan satu solusi kandidat, GA mempertahankan populasi solusi potensial dan menerapkan operator yang terinspirasi secara biologis—seleksi, rekombinasi (crossover), dan mutasi—untuk menciptakan generasi solusi berturut-turut. Pendekatan berbasis populasi ini memungkinkan eksplorasi beberapa wilayah ruang pencarian secara paralel dan, bersama dengan variasi stokastik, sering membantu algoritma menghindari terjebak dalam optimum lokal.

GA sangat berguna untuk masalah dengan ruang pencarian yang besar, kompleks, atau kurang dipahami di mana informasi gradien tidak tersedia atau tidak dapat diandalkan. Fleksibilitas mereka dalam representasi dan operator membuat mereka dapat diterapkan pada berbagai domain, dari optimasi kombinatorial hingga penyetelan parameter kontinu dan regresi simbolik.

Individu	Biner	Desimal	Fitness
1	01101	13	169
2	11000	24	576
3	01000	8	64
4	10011	19	361

Tabel 2.1: Contoh Populasi Awal

Tabel di atas menunjukkan populasi awal kecil yang dikodekan dalam biner, bersama dengan nilai desimal masing-masing individu yang didekodekan dan fitnessnya. Contoh sederhana ini menggambarkan bagaimana solusi kandidat direpresentasikan dan dievaluasi, yang merupakan langkah pertama dalam implementasi algoritma genetika apa pun.

Setelah inisialisasi, GA secara iteratif mengevaluasi individu, memilih orang tua berdasarkan fitness, menerapkan crossover dan mutasi untuk menghasilkan keturunan, dan kemudian membentuk generasi berikutnya. Melalui siklus berulang ini, populasi cenderung membaik dan algoritma konvergen ke solusi berkualitas tinggi, tunduk pada pengkodean yang dipilih, fungsi fitness, dan pengaturan operator.

### 2.2 Inspirasi Biologis

Algoritma genetika meminjam ide-ide inti mereka dari teori seleksi alam dan adaptasi. Dalam populasi biologis, variasi muncul melalui rekombinasi dan mutasi, individu bersaing untuk sumber daya yang terbatas, dan mereka yang memiliki sifat turun-temurun yang memberikan keberhasilan reproduktif yang lebih tinggi cenderung meninggalkan lebih banyak keturunan. Selama banyak generasi proses ini mengarah pada populasi yang

lebih beradaptasi dengan lingkungan mereka; kerangka GA mengabstraksi mekanisme ini untuk mendorong peningkatan solusi kandidat dalam proses pencarian [24, 30].

Dalam metafora GA, seleksi mendukung individu dengan fitness lebih tinggi sebagai orang tua untuk generasi berikutnya, crossover menggabungkan materi genetik dari orang tua untuk mengeksplorasi wilayah baru dari ruang pencarian, dan mutasi memperkenalkan perubahan acak yang mempertahankan keragaman genetik dan memungkinkan solusi yang belum pernah terlihat sebelumnya muncul. Mekanisme ini—seleksi, rekombinasi, dan mutasi—bekerja bersama untuk menyeimbangkan eksplorasi dan eksploitasi selama pencarian, memungkinkan adaptasi bertahap populasi menuju solusi berkualitas lebih tinggi [12].

## 2.3 Terminologi Dasar

### 2.3.1 Istilah Algoritma Genetika

Memahami terminologi umum membantu menjembatani metafora biologis dan implementasi algoritmiknya [30, 20]. Seorang **individu** atau **kromosom** menunjukkan solusi kandidat tunggal; itu terdiri dari satu atau lebih **gen**, di mana setiap gen mewakili komponen solusi dan **alel** adalah nilai spesifik yang dipegang oleh gen. **Populasi** adalah kumpulan individu yang dipertahankan algoritma pada waktu tertentu, dan **generasi** mengacu pada satu iterasi siklus evolusi di mana seleksi, rekombinasi, dan mutasi menghasilkan populasi berikutnya. **Fitness** dari seorang individu mengukur kualitasnya sehubungan dengan tujuan optimasi dan digunakan untuk membiaskan seleksi ke arah solusi yang lebih baik. **Genotipe** menggambarkan representasi yang dikodekan yang digunakan oleh algoritma (misalnya, string biner atau vektor nilai nyata), sementara **fenotipe** adalah bentuk yang didekodekan atau ditafsirkan dari genotipe tersebut (instance solusi sebenarnya yang dievaluasi oleh fungsi fitness). Mengklarifikasi istilah-istilah ini berguna ketika merancang representasi dan operator, karena pilihan implementasi pada tingkat genotipe menentukan fenotipe apa yang dapat diekspresikan dan oleh karena itu mempengaruhi perilaku pencarian dan efektivitas GA [12].

## 2.4 Struktur Dasar Algoritma Genetika

Algoritma genetika (GA) adalah prosedur pencarian stokastik berbasis populasi yang mengubah seperangkat solusi kandidat melalui aplikasi berulang operator variasi dan seleksi. Secara formal, GA dapat digambarkan oleh tuple  $(X, \Phi, f, S, C, M, R)$  di mana  $X$  adalah ruang pencarian (fenotipe),  $\Phi$  adalah pengkodean yang memetakan genotipe ke fenotipe,  $f: X \rightarrow \mathbb{R}$  adalah fungsi fitness,  $S$  adalah operator seleksi,  $C$  operator rekombinasi (crossover),  $M$  operator mutasi, dan  $R$  operator penggantian (seleksi survivor). Pada generasi  $t$  algoritma mempertahankan populasi  $P_t \subseteq \Gamma$  dari genotipe (di mana  $\Gamma$  menunjukkan set pengkodean); operator bertindak untuk menghasilkan populasi baru  $P_{t+1}$  sesuai dengan skema

$$P_{t+1} = R(P_t, \{C \circ M(\pi) : \pi \in \Pi(S(P_t))\}),$$

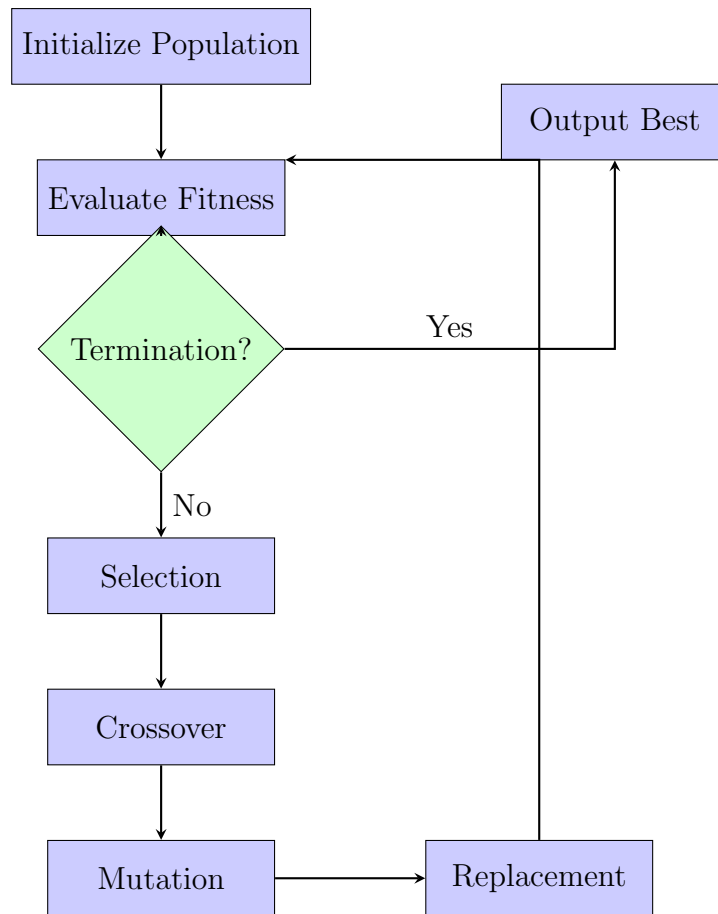
di mana  $S(P_t)$  menunjukkan multiset seleksi orang tua yang ditarik dari  $P_t$ ,  $C \circ M$  menunjukkan bahwa keturunan diproduksi dengan menerapkan mutasi dan crossover pada orang tua yang dipilih, dan  $R$  menentukan individu mana yang bertahan ke generasi berikutnya.

Deskripsi abstrak ini menangkap loop kanonik dari inisialisasi, evaluasi, seleksi, variasi, dan penggantian yang berulang sampai kondisi terminasi (misalnya, anggaran komputasi tetap, fitness target, atau kurangnya peningkatan) terpenuhi [24, 30, 12].

Dalam praktiknya desain setiap komponen sangat mempengaruhi perilaku pencarian. Pengkodean  $\Phi$  menentukan solusi apa yang dapat direpresentasikan dan bagaimana operator variasi mengeksplorasi ruang fenotipe; fungsi fitness  $f$  mendefinisikan tujuan optimasi dan memberikan sinyal seleksi; operator seleksi  $S$  mengontrol tekanan selektif terhadap individu dengan fitness lebih tinggi (contoh termasuk skema proporsional fitness, turnamen, dan berbasis peringkat); rekombinasi  $C$  mencampur informasi antara orang tua untuk mengeksplorasi wilayah baru dari ruang pencarian; mutasi  $M$  memperkenalkan gangguan acak untuk melestarikan keragaman dan memungkinkan eksplorasi lokal; dan kebijakan penggantian  $R$  menyeimbangkan retensi solusi yang baik dengan pengenalan keturunan segar. Pilihan desain ini mewujudkan trade-off eksplorasi-eksploitasi yang dibahas dalam Bagian ?? dan merupakan tuas utama untuk mengadaptasi GA ke domain masalah tertentu [20, 12].

Dilihat secara algoritmik, GA melakukan langkah-langkah tingkat tinggi berikut setiap generasi: evaluasi  $f$  pada  $P_t$ , pilih orang tua menggunakan  $S$ , produksi keturunan melalui  $C$  dan  $M$ , dan bentuk  $P_{t+1}$  melalui  $R$ . Meskipun banyak varian ada (pembaruan steady-state, model pulau, skema hibrid yang menggabungkan pencarian lokal), struktur kanonik ini menjelaskan baik fleksibilitas empiris GA dan alasan untuk biaya komputasi mereka: evaluasi fitness berulang atas populasi dapat mahal, tetapi pendekatan berbasis populasi memungkinkan eksplorasi paralel dan ketahanan terhadap multimodalitas dan kebisingan [30, 20].

Berikut penjelasan mengenai siklus operasi tipikal sebuah algoritma genetika, disusun dalam paragraf-paragraf naratif yang mengikuti grafik siklik di bawah ini.



Gambar 2.1: Genetic Algorithm Cycle

Langkah pertama dalam siklus ini adalah inisialisasi populasi: sekumpulan genotipe dibentuk menurut pengkodean yang dipilih, biasanya melalui sampling acak dari ruang genotipe yang layak, namun terkadang dengan seeding heuristik untuk memanfaatkan pengetahuan domain. Pilihan distribusi inisialisasi dan ukuran populasi memiliki implikasi langsung terhadap kemampuan eksplorasi awal dan stabilitas statistik estimasi fitness populasi; populasi yang sangat kecil membatasi keragaman dan meningkatkan risiko konvergensi prematur, sementara populasi yang sangat besar meningkatkan biaya evaluasi namun memperluas cakupan representasi solusi potensial.

Setelah populasi diinisialisasi, setiap individu didekodekan (genotipe ke fenotipe) dan dievaluasi menggunakan fungsi fitness yang relevan untuk masalah. Tahap evaluasi adalah sumber utama biaya komputasi dalam banyak implementasi GA dan membutuhkan perhatian terhadap aspek-aspek praktis seperti normalisasi nilai fitness, penanganan kebisingan dan ketidakpastian dalam pengukuran, serta kemungkinan penggunaan model surrogate atau evaluasi bertingkat untuk mengurangi beban komputasi. Evaluasi yang benar harus mempertimbangkan apakah fitness diekspresikan sebagai nilai yang harus diminimalkan atau dimaksimalkan dan menyesuaikan skema seleksi sesuai kebutuhan.

Kriteria terminasi adalah aspek strategis berikutnya: algoritma dapat dihentikan berdasarkan jumlah generasi tetap, batas waktu komputasi, tercapainya nilai fitness target, tidak adanya perbaikan signifikan, atau uji konvergensi statistik yang menilai kehilangan keragaman populasi. Pemilihan kriteria terminasi mempengaruhi trade-off antara kualitas solusi akhir dan sumber daya yang dikonsumsi; kriteria yang terlalu lunak dapat menghabiskan sumber daya tanpa perbaikan berarti, sementara kriteria yang terlalu ketat

dapat memotong proses sebelum solusi berkualitas muncul.

Operator seleksi memilih individu-individu yang akan berpartisipasi sebagai orang tua berdasarkan sinyal fitness dengan tujuan menekan populasi ke arah solusi yang lebih baik sambil mempertahankan variasi yang cukup untuk eksplorasi. Mekanisme umum meliputi seleksi proporsional terhadap fitness, seleksi berbasis peringkat, turnamen stokastik, dan teknik sampling seperti stochastic universal sampling; masing-masing memberikan kombinasi tekanan seleksi (selection pressure) dan varians sampling yang berbeda. Desain seleksi yang hati-hati menghindari tekanan seleksi yang berlebihan yang bisa menyebabkan kehilangan keragaman dan konvergensi prematur, sedangkan tekanan yang kurang dapat memperlambat evolusi menuju solusi berkualitas.

Rekombinasi (crossover) bertujuan menggabungkan informasi dari dua atau lebih orang tua untuk membentuk keturunan yang mungkin mewarisi blok bangunan (building blocks) berguna dari masing-masing orang tua. Teknik rekombinasi harus disesuaikan dengan pengkodean: misalnya, crossover titik-tunggal atau multi-titik cocok untuk representasi berurutan, sementara crossover yang menjaga struktur seperti PMX atau operator khusus graf diperlukan untuk masalah permutasi. Tingkat crossover dan mekanisme pemilihan pasangan menentukan seberapa cepat kombinasi baru dari gen dieksplorasi dan seberapa besar peran eksploitasi pola struktural yang sudah ada.

Mutasi berfungsi sebagai sumber variasi acak yang kontinu; ia kecil kemungkinan mengubah gen individual tetapi penting untuk mengembalikan variasi yang hilang dan memungkinkan penemuan solusi yang tidak dapat dihasilkan hanya melalui rekombinasi. Bentuk mutasi bergantung pada representasi—bit-flip untuk pengkodean biner, perturbasi Gaussian untuk nilai nyata, atau swap untuk permutasi—dan tingkat mutasi biasanya disetel agar seimbang antara stabilitas pembelajaran dan kemampuan menemukan wilayah baru dalam ruang pencarian. Strategi adaptif yang mengubah tingkat mutasi selama eksekusi dapat membantu mengatasi fase eksplorasi versus eksploitasi.

Penggantian (replacement) menentukan bagaimana keturunan yang dihasilkan bergabung dengan populasi yang ada untuk membentuk generasi berikutnya; skema generasional menggantikan seluruh populasi sekaligus, sedangkan skema steady-state mengganti sebagian kecil individu dan dapat mempertahankan elitisme secara implisit. Praktik umum adalah mempertahankan elitisme eksplisit yang menjamin bahwa individu terbaik tetap ada di populasi berikutnya, sehingga mencegah kehilangan solusi terbaik yang ditemukan sejauh ini. Mekanisme penggantian juga dapat mengintegrasikan teknik niching atau crowding untuk melestarikan subpopulasi yang berbeda dan mencegah dominasi satu satuan fenotipik.

Siklus ini diulang sampai kriteria terminasi dipenuhi, dan ketika terminar, algoritma biasanya mengembalikan individu terbaik yang diamati selama seluruh proses atau sekumpulan solusi unggul. Secara keseluruhan, siklus GA memadukan eksploitasi sinyal fitness melalui seleksi dan rekombinasi dengan eksplorasi acak melalui mutasi dan inisialisasi, dan prestasi praktisnya bergantung pada desain representasi, ketepatan fungsi fitness, pemilihan operator, dan penyetelan parameter yang menyeimbangkan eksplorasi-eksploitasi untuk masalah tertentu.

## 2.5 Keunggulan Algoritma Genetika

Karena GA memanipulasi populasi solusi kandidat menggunakan seleksi, rekombinasi, dan mutasi, ia membawa beberapa keunggulan praktis yang mengikuti langsung dari desain berbasis populasi yang didorong variasi tersebut.

Pertama, algoritma genetika menyediakan mekanisme pencarian global yang efektif: dengan mengeksplorasi banyak titik di ruang pencarian secara bersamaan dan menggabungkan informasi dari banyak orang tua, GA dapat melarikan diri dari optimum lokal dan menemukan beragam cekungan atraksi dalam lanskap multimodal [20]. Rekombinasi memungkinkan pencampuran blok bangunan yang berguna dari individu yang berbeda, sementara mutasi menyuntikkan variasi baru yang dapat mengarahkan pencarian ke wilayah yang sebelumnya belum dijelajahi.

Kedua, sifat berbasis populasi dari GA membuat mereka secara alami dapat diparalelkan. Evaluasi fitness untuk individu yang berbeda independen dan dapat didistribusikan di seluruh prosesor atau mesin, yang mengurangi biaya komputasi evaluasi populasi besar dan memungkinkan penggunaan efisien perangkat keras paralel modern [12].

Ketiga, GA fleksibel dalam desain representasi dan operator. Pengkodean (genotipe) dapat dipilih untuk sesuai dengan ruang pencarian kombinatorial, kontinu, atau terstruktur, dan operator dapat disesuaikan untuk melestarikan batasan khusus masalah atau mengeksploitasi pengetahuan domain. Fleksibilitas representasi ini berarti GA dapat diterapkan pada berbagai jenis masalah di mana pengoptimal yang lebih khusus akan memerlukan pengerjaan ulang yang substansial [37].

Keempat, karena GA tidak bergantung pada informasi gradien, mereka bekerja dengan baik dengan fungsi objektif yang diskontinu, bising, atau tidak dapat didiferensiasikan. Ini membuat mereka pilihan yang baik ketika metode berbasis turunan tidak dapat diterapkan atau tidak dapat diandalkan [30].

Akhirnya, GA cenderung kuat dalam menghadapi kebisingan dan ketidakpastian: keragaman populasi dan variasi stokastik membantu mencegah konvergensi prematur ke solusi palsu ketika evaluasi fitness bising atau tidak tepat [23]. Secara bersama-sama, keunggulan ini menjelaskan mengapa algoritma genetika banyak digunakan sebagai alat optimasi tujuan umum, sambil juga menyoroti bahwa kesesuaian mereka tergantung pada struktur masalah dan sumber daya komputasi yang tersedia.

## 2.6 Kerugian Algoritma Genetika

Terlepas dari kekuatan mereka, algoritma genetika juga memiliki keterbatasan praktis yang mengikuti dari fitur desain yang sama yang disorot di bagian sebelumnya. Yang paling menonjol, ketergantungan pada populasi dan evaluasi fitness berulang membuat GA mahal secara komputasi untuk masalah di mana evaluasi fitness tunggal mahal. Menjalankan populasi besar selama banyak generasi dapat memerlukan waktu CPU atau waktu wall-clock yang substansial kecuali evaluasi diparalelkan atau dipercepat dengan cara lain [30].

Kerugian penting lainnya adalah sensitivitas terhadap pengaturan parameter. GA mengekspos banyak parameter yang dapat disetel—ukuran populasi, tingkat crossover dan mutasi, tekanan seleksi, strategi penggantian, dan kriteria terminasi—dan pilihan parameter ini sangat mempengaruhi kinerja. Menemukan konfigurasi parameter yang baik sering memerlukan eksperimen, penyetelan otomatis, atau keahlian domain; pengaturan yang buruk dapat menyebabkan pencarian yang tidak efisien atau kegagalan untuk konvergen ke solusi yang memuaskan [12].

Selain itu, tidak ada jaminan formal bahwa GA akan menemukan optimum global dalam waktu terbatas. Seperti kebanyakan metode pencarian heuristik, GA adalah stokastik dan memberikan jaminan probabilistik daripada deterministik; mereka paling baik dipandang sebagai heuristik pencarian yang kuat daripada pengoptimal eksak. Keterbatasan

ini terutama relevan ketika sertifikat optimalitas diperlukan oleh aplikasi atau ketika ruang pencarian memiliki fitur patologis yang menyedihkan eksplorasi berbasis populasi [20].

Masalah terkait erat adalah konvergensi prematur: populasi dapat kehilangan keragaman dan menjadi didominasi oleh individu yang mirip, yang mengurangi kemampuan algoritma untuk mengeksplorasi wilayah baru dari ruang pencarian. Konvergensi prematur sering disebabkan oleh tekanan seleksi yang berlebihan, rekombinasi yang terlalu mengganggu, atau populasi yang terlalu kecil, dan dapat dikurangi melalui strategi seperti mempertahankan keragaman (niching, crowding), kontrol parameter adaptif, hibridisasi dengan pencarian lokal, atau menggunakan model pulau yang melestarikan sub-populasi terpisah [12, 23].

Mengenali kerugian ini mengklarifikasi trade-off yang dibahas dalam Bagian 2.5: mekanisme yang sama yang memberikan GA ketahanan dan fleksibilitas mereka juga menciptakan biaya yang harus dikelola melalui desain algoritma yang hati-hati, penyetelan parameter, dan sumber daya komputasi. Untuk banyak masalah praktis, manfaatnya melebihi biayanya, tetapi mengevaluasi keseimbangan itu adalah langkah penting ketika memilih apakah akan menerapkan algoritma genetika pada tugas yang diberikan.

## 2.7 Kapan Menggunakan Algoritma Genetika

Memilih untuk menggunakan algoritma genetika tergantung pada penilaian struktur masalah, sumber daya komputasi yang tersedia, dan tujuan pencarian. GA paling menarik ketika ruang pencarian besar, kompleks, atau kurang dipahami: eksplorasi berbasis populasi mereka dan fleksibilitas representasi memungkinkan mereka menemukan solusi di mana informasi turunan tidak tersedia atau pengoptimal konvensional kesulitan.

Ketika sedikit yang diketahui tentang struktur masalah atau ketika fungsi objektif diskontinu, bising, atau multimodal, GA memberikan alternatif praktis untuk metode berbasis gradien atau khusus masalah. Tidak adanya persyaratan untuk diferensiabilitas dan kemampuan untuk beroperasi pada pengkodean kombinatorial dan terstruktur membuat GA berguna dalam desain teknik, penjadwalan, regresi simbolik, dan domain serupa di mana pengoptimal klasik tidak dapat diterapkan [30, 37].

GA juga merupakan pilihan alami ketika beberapa tujuan yang sering bertentangan harus dieksplorasi secara bersamaan. Varian multi-objektif menghasilkan set solusi perkiraan Pareto yang beragam, memungkinkan pembuat keputusan untuk memeriksa trade-off daripada memaksa tujuan yang diskalarisasi tunggal [11, 12].

Namun, keunggulan yang tercantum dalam Bagian 2.5 harus ditimbang terhadap kerugian yang dibahas dalam Bagian 2.6. Jika evaluasi fitness sangat mahal dan sumber daya paralel tidak tersedia, beban komputasi mempertahankan dan mengembangkan populasi dapat melebihi manfaatnya. Demikian pula, jika jaminan optimalitas yang ketat diperlukan, sifat heuristik dan stokastik GA mungkin tidak tepat. Dalam kasus seperti itu, pendekatan hibrid (menggabungkan GA dengan pencarian lokal atau model surrogate), penyetelan parameter yang hati-hati, atau penggunaan pengoptimal khusus dapat menawarkan trade-off yang lebih baik.

Dalam praktiknya, aturan keputusan yang berguna adalah lebih memilih algoritma genetika ketika ketahanan, fleksibilitas, dan kemampuan untuk menangani ruang pencarian yang kompleks atau berperilaku buruk lebih penting daripada efisiensi mentah atau jaminan optimalitas formal. Di mana kondisi ini berlaku, menerapkan variasi dan strategi mitigasi yang dijelaskan sebelumnya (evaluasi paralel, model pulau, hibrid, dan kontrol adaptif) sering menghasilkan solusi praktis berkualitas tinggi.





# Bab 3

## Teori Skema Holland

### 3.1 Apa itu Skema?

Skema adalah template formal yang didefinisikan di atas alfabet  $\{0, 1, *\}$ . Untuk panjang string tetap  $l$ , sebuah skema

$$H \in \{0, 1, *\}^l$$

menentukan nilai yang dibutuhkan pada beberapa lokus dan membiarkan lokus lain tidak ditentukan (simbol "don't care"). Misalkan  $\Sigma = \{0, 1\}$  dan  $\Sigma^l$  himpunan semua string biner panjang- $l$ . Kita mengatakan sebuah string konkret  $s \in \Sigma^l$  memenuhi skema  $H$  (tuliskan  $s \in [H]$ ) jika setiap posisi yang terdefinisi pada  $H$  cocok dengan  $s$ :

$$s \in [H] \quad \Leftrightarrow \quad \forall i \in \{1, \dots, l\}, H_i \neq * \Rightarrow s_i = H_i. \quad (3.1)$$

Himpunan  $[H] = \{s \in \Sigma^l : s \text{ matches } H\}$  adalah kelas ekivalen genom konkret yang direpresentasikan oleh  $H$ . Jika  $k(H)$  menyatakan jumlah simbol don't-care pada  $H$  (jadi  $k(H) = |\{i : H_i = *\}|$ ), maka kardinalitas kelas ini adalah

$$|[H]| = 2^{k(H)}. \quad (3.2)$$

Dua kuantitas lain yang sering dipakai adalah orde dan panjang pendefinisian. Orde  $o(H)$  sama dengan jumlah posisi yang tetap (simbol bukan-\*), jadi  $o(H) = l - k(H)$ . Jika  $i_{\min}$  dan  $i_{\max}$  adalah indeks posisi tetap pertama dan terakhir pada  $H$ , panjang pendefinisian didefinisikan sebagai

$$\delta(H) = i_{\max} - i_{\min}. \quad (3.3)$$

Contoh: untuk  $H = 1 * 0 * 1$  dengan  $l = 5$  kita memiliki posisi tetap di indeks 1, 3, 5,  $k(H) = 2$ ,  $o(H) = 3$ , dan

$$|[H]| = 2^2 = 4, \quad \delta(H) = 5 - 1 = 4,$$

dengan string yang cocok  $\{10001, 10011, 11001, 11011\}$ .

#### 3.1.1 Properti Skema

##### Orde Skema

Orde  $o(H)$  adalah jumlah posisi tetap (simbol bukan-\*):

$$o(H) = \text{jumlah bit terdefinisi pada } H \quad (3.4)$$

Untuk  $H = 1 * 0 * 1$ :  $o(H) = 3$

### Panjang Pendefinisian

Panjang pendefinisian  $\delta(H)$  mengukur rentang antara posisi tetap pertama dan terakhir pada pola. Secara formal dihitung sebagai selisih indeks antara posisi tetap terakhir dan pertama:

$$\delta(H) = \text{posisi tetap terakhir} - \text{posisi tetap pertama} \quad (3.5)$$

Panjang pendefinisian kecil berarti bit tetap skema berkumpul rapat. Signifikansi praktis panjang pendefinisian terkait erat dengan pandangan blok-bangunan dalam GA: blok gen pendek yang saling terhubung yang memberi fitness di atas rata-rata.

Untuk  $H = 1 * 0 * 1$ :  $\delta(H) = 5 - 1 = 4$

**Contoh dari Buku Ajar:**

- $S_1 = (** * 001 * 110)$ :  $\delta(S_1) = 10 - 4 = 6$
- $S_2 = (**** 00 * 0*)$ :  $\delta(S_2) = 9 - 5 = 4$
- $S_3 = (11101 * * 001)$ :  $\delta(S_3) = 10 - 1 = 9$

### 3.1.2 Teorema Skema (Teorema Fundamental)

Teorema skema menjelaskan bagaimana jumlah harapan string yang memenuhi sebuah skema berubah dari satu generasi ke generasi berikutnya.

#### Teorema Skema Gabungan

Menggabungkan semua pengaruh:

$$E[m(H, t + 1)] \geq m(H, t) \cdot \frac{f(H)}{\bar{f}} \cdot \left(1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l - 1}\right) \cdot (1 - p_m)^{o(H)} \quad (3.6)$$

### 3.1.3 Hipotesis Blok-Bangunan

Hipotesis blok-bangunan dapat dinyatakan secara tepat menggunakan formalismo skema Holland: sebuah blok-bangunan adalah skema  $H$  dengan panjang pendefinisian kecil  $\delta(H)$ , orde rendah  $o(H)$ , dan fitness di atas rata-rata  $f(H) > \bar{f}$ . Teorema skema memberi kriteria kuantitatif agar skema tersebut tumbuh dalam ekspektasi dari generasi  $t$  ke  $t + 1$ :

$$E[m(H, t + 1)] \geq m(H, t) \cdot \frac{f(H)}{\bar{f}} \cdot \left(1 - p_c \frac{\delta(H)}{l - 1}\right) \cdot (1 - p_m)^{o(H)}. \quad (3.7)$$

Dengan demikian, kondisi yang diperlukan (tetapi tidak cukup) agar  $H$  tumbuh secara harapan adalah faktor multiplikatif di ruas kanan melebihi satu. Menyusun ulang memberi kondisi ambang informal

$$\frac{f(H)}{\bar{f}} > \frac{1}{\left(1 - p_c \frac{\delta(H)}{l - 1}\right) (1 - p_m)^{o(H)}}. \quad (3.8)$$

Ketidaksamaan ini memperjelas trade-off: fitness relatif lebih tinggi, panjang pendefinisian lebih kecil, dan orde lebih rendah meningkatkan peluang sebuah skema berkembang.

## 3.2 Paralelisme Implisit

GA bekerja pada populasi genom konkret, tetapi setiap genom konkret secara simultan menginstansiasi keluarga skema yang jumlahnya eksponensial. Secara konkret, untuk string biner panjang  $l$  ada  $3^l$  skema yang mungkin (setiap posisi bisa 0, 1, atau "don't care"). Satu string panjang- $l$  cocok dengan tepat  $2^l$  skema berbeda karena setiap lokus bisa dibiarkan tetap atau diganti simbol don't-care. Akibatnya, populasi berukuran  $n$  menyediakan contoh langsung paling banyak  $n2^l$  skema (menghitung multiplikitas), dan—mengabaikan tumpang tindih antar individu—angka ini bisa eksponensial besar terhadap  $l$ . Fakta kombinatorial ini mendasari gagasan intuitif bahwa GA mengevaluasi banyak skema secara paralel.

Perhitungan yang lebih rinci mengelompokkan skema menurut orde mereka (jumlah lokus tetap). Jumlah skema orde  $r$  adalah

$$\binom{l}{r} 2^r, \quad (3.9)$$

karena dipilih  $r$  lokus yang tetap lalu diberi bit (0 atau 1) pada setiap lokus tetap. Jumlah skema yang orde-nya tidak melebihi  $k$  adalah

$$S_k = \sum_{r=0}^k \binom{l}{r} 2^r, \quad (3.10)$$

yang, untuk  $k$  kecil tetap, tumbuh secara polinomial terhadap  $l$  (derajat  $k$ ) bukan eksponensial.

## 3.3 Implikasi Praktis

### 3.3.1 Pemilihan Operator dan Parameter

Pertimbangan berdasarkan skema menunjukkan trade-off tertentu saat memilih operator dan parameternya:

- **Ukuran populasi ( $n$ ):** Populasi lebih besar mengurangi noise sampling dan meningkatkan probabilitas keberadaan skema orde-rendah yang berguna dalam multiplicity yang cukup. Gunakan aturan ukuran populasi atau eksperimen untuk memastikan sampling andal.

### 3.3.2 Pemantauan dan Diagnostik Praktis

Untuk menerapkan desain yang diinformasikan skema dalam praktik, pantau statistik populasi secara berkala:

- Lacak keberagaman genotip (mis. frekuensi alel per-lokus) dan varians fenotip untuk mendeteksi konvergensi prematur.
- Hitung hitungan skema sederhana atau sampling skema kandidat untuk memverifikasi apakah blok-bangunan yang diharapkan ditemukan dan dipertahankan.

## 3.4 Keterbatasan Teori Skema

Teori skema memberikan kerangka konseptual dan analitik yang bernilai, tetapi asumsi dan cakupannya menimbulkan keterbatasan penting yang harus dikenali praktisi.

### 3.4.1 Ekspektasi vs dinamika populasi terbatas

Pernyataan aljabar inti dari teori skema adalah pernyataan tentang ekspektasi. Pada populasi terbatas, noise sampling stokastik, genetic drift, dan galat sampling dapat menyebabkan dinamika realisasi menyimpang jauh dari ekspektasi. Oleh karena itu prediksi berbasis skema harus ditafsirkan sebagai kecenderungan, bukan hasil deterministik.

### 3.4.2 Penanganan epistasis dan interaksi kompleks terbatas

Teori skema paling informatif untuk pola orde-rendah dan panjang-pendefinisian pendek. Ketika fitness muncul dari interaksi orde-tinggi (epistasis kuat) atau dari dependensi terdistribusi yang kompleks antar lokus, hitungan skema mengaburkan struktur relevan dan menawarkan daya prediksi yang terbatas.

### 3.4.3 Pembatasan pada alfabet sederhana dan enkoding panjang tetap

Analisis skema klasik mengasumsikan alfabet biner dan string panjang tetap. Perlu reformulasi hati-hati untuk alfabet yang lebih kaya, genom ber- panjang variabel, atau enkoding tidak langsung; penerapan intuisi berbasis biner secara naif dapat menyesatkan.

### 3.4.4 Protokol empiris yang direkomendasikan

Saat menggunakan penalaran berbasis skema untuk membimbing desain algoritma, ikuti protokol empiris yang mengurangi risiko kesimpulan yang keliru:

- Jalankan beberapa percobaan independen dan laporkan varians, bukan hanya rata-rata performa.
- Jika memungkinkan, visualisasikan lintasan frekuensi alel dan plot unitation per-blok untuk mendiagnosis kapan dan di mana skema berguna hilang atau dipertahankan.

## 3.5 Teorema No Free Lunch

Menyatakan bahwa tidak ada algoritma yang unggul di seluruh kemungkinan masalah.

## Bab 4

# Encoding pada Algoritma Genetika

### 4.1 Pendahuluan terhadap Encoding

Encoding (atau representasi) merumuskan bagaimana solusi calon dinyatakan untuk sebuah algoritma genetik (AG). Misalkan  $G$  adalah himpunan diskrit genotipe (ruang representasi) dan  $P$  adalah himpunan fenotipe (ruang solusi). Encoding didefinisikan oleh pemetaan

$$\phi : G \rightarrow P,$$

yang menetapkan untuk setiap genotipe sebuah fenotipe yang dapat dievaluasi oleh fungsi kecocokan (fitness). Dalam praktiknya  $G$  biasanya merupakan ruang kombinatorial hingga atau terhitung (misalnya rangkaian bit, vektor bilangan bulat, permutasi, tree, atau vektor bernilai riil) dan  $P$  adalah domain solusi masalah (misalnya vektor riil, jadwal, tur, atau program).

Ada dua aspek encoding yang perlu dibedakan: (i) bahasa representasi yang dipakai untuk membentuk genotipe (bit, integer, bilangan riil, node pada tree, dll.), dan (ii) pemetaan genotipe–fenotipe  $\phi$ . Pencarian yang dilakukan AG berlangsung pada ruang  $G$ , sedangkan fungsi kecocokan dan kendala masalah didefinisikan pada  $P$ ; dengan demikian sifat–sifat  $\phi$  sangat menentukan bagaimana variasi pada ruang genotipe diterjemahkan menjadi perubahan bermakna pada kualitas solusi.

Encoding yang dipilih dengan baik memperlihatkan struktur yang dapat dimanfaatkan prosedur pencarian, mengurangi kemunculan solusi tak layak, serta mengendalikan redundansi representasi dan epistasis. Encoding yang buruk dapat membuat perbaikan lokal tidak terlihat oleh variasi, menghasilkan lanskap kecocokan patologis, atau mengharuskan prosedur perbaikan yang mahal. Pada bagian selanjutnya kita akan membahas keluarga encoding konkret (biner, Gray, bernilai riil, permutasi, tree) serta implikasi praktisnya terhadap desain representasi dan performa algoritma.

### 4.2 Persyaratan untuk Encoding yang Baik

Saat merancang encoding dan pemetaan  $\phi : G \rightarrow P$ , berguna untuk merumuskan kriteria secara tegas. Properti–properti berikut menangkap kebutuhan representasional inti dan trade-off; mereka membantu memilih atau menyusun encoding untuk suatu masalah tertentu.

#### 4.2.1 Kelengkapan

Kelengkapan mensyaratkan agar encoding mampu menyatakan setiap fenotipe layak yang relevan: secara formal citra  $\phi$  harus mencakup daerah layak  $F \subseteq P$ , yakni  $\phi(G) \supseteq F$ . Jika kelengkapan gagal maka beberapa solusi valid tidak dapat dijangkau oleh AG, yang memperkenalkan bias representasional dan dapat mencegah algoritma menemukan solusi optimal di luar  $\phi(G)$ .

Dalam praktiknya kelengkapan diseimbangkan dengan kepadatan representasi: encoding yang sepenuhnya lengkap mungkin besar atau tidak efisien, sedangkan encoding terbatas dapat menyederhanakan pencarian jika mengecualikan bagian-bagian  $P$  yang tidak menarik. Perancang harus menyatakan secara eksplisit subset  $P$  mana yang harus dapat dicapai dan memastikan  $\phi(G)$  memuatnya.

### 4.2.2 Kebenaran (Soundness)

Kebenaran atau validitas menyatakan bahwa setiap genotipe harus dipetakan ke fenotipe yang terdefinisi dengan baik dan memenuhi kendala:  $\forall g \in G, \phi(g) \in P_{\text{valid}}$ . Encoding yang benar menghindari atau meminimalkan produksi solusi tak layak sehingga evaluasi kecocokan bermakna tanpa perbaikan mahal. Jika kebenaran ketat tidak mungkin, perancang boleh mengizinkan genotipe tak layak tetapi harus menyediakan dekoding dan strategi perbaikan yang efisien dan terdokumentasi sehingga pencarian tetap dapat berlangsung.

Kebenaran dan kelengkapan bersifat ortogonal: sebuah encoding bisa benar tetapi tidak lengkap (setiap genotipe valid, tetapi tidak semua fenotipe dapat direpresentasikan), atau lengkap tetapi tidak benar (semua fenotipe representable tetapi banyak genotipe tidak valid), tergantung pada  $G$  dan  $\phi$ .

### 4.2.3 Non-redundansi

Non-redundansi berarti mengurangi (atau menghilangkan) banyak genotipe berbeda yang dipetakan pada fenotipe yang sama. Secara formal, diinginkan agar  $\phi$  bersifat injektif pada himpunan genotipe yang relevan. Redundansi (pemetaan many-to-one) meningkatkan volume pencarian efektif dan dapat mem-bias sampling: beberapa fenotipe mungkin over-represented di  $G$ , sehingga lebih sering terjadi sampling meskipun tidak superior.

Namun, redundansi kadang sengaja diperkenalkan demi robustitas (misalnya jaringan netral yang memungkinkan drift netral) atau untuk menyederhanakan representasi. Jika redundansi ada, kuantifikasilah derajatnya dan pertimbangkan interaksinya dengan dinamika pencarian dan operator variasi.

### 4.2.4 Lokalitas

Lokalitas merumuskan intuisi bahwa perubahan genotipe kecil seharusnya menghasilkan perubahan fenotipe kecil. Misalkan  $d_G$  dan  $d_P$  adalah ukuran jarak pada  $G$  dan  $P$  masing-masing (mis. jarak Hamming pada bit-string, jarak Euclidean pada vektor riil). Lokalitas tinggi berarti

$$d_G(g_1, g_2) \text{ kecil} \Rightarrow d_P(\phi(g_1), \phi(g_2)) \text{ juga kecil.}$$

Lokalitas tidak selalu bisa dicapai bersamaan dengan properti lain yang diinginkan; misalnya encoding injektif dan padat dengan lokalitas sempurna mungkin tidak ada untuk beberapa domain kombinatorial. Perancang harus memprioritaskan properti yang paling penting untuk masalah dan prosedur yang akan dipakai.

### 4.2.5 Persyaratan Praktis Tambahan

Selain empat properti formal di atas, encoding yang berguna juga harus memenuhi beberapa kendala pragmatis:

- **Operator Closure:** Prosedur variasi sedapat mungkin menghasilkan genotipe di kawasan  $G$  yang didekode menjadi fenotipe layak atau mudah diperbaiki.
- **Efisiensi Komputasi:** Dekoding  $\phi$  dan prosedur perbaikan harus murah secara komputasi relatif terhadap evaluasi kecocokan.
- **Skalabilitas:** Encoding harus skala secara wajar dengan ukuran masalah; panjang representasi tidak boleh tumbuh supra-linear tanpa alasan.
- **Interpretabilitas dan Pengetahuan Awal:** Bila tersedia, masukkan struktur spesifik domain (simetri, invarian, kendala) untuk menyederhanakan pencarian dan mengurangi derajat kebebasan yang tidak perlu.

Merancang encoding adalah soal memenuhi persyaratan formal, kompatibilitas prosedur, dan validasi empiris. Pada bagian berikut akan dibahas keluarga encoding umum dan trade-off praktis yang harus dipertimbangkan.

### 4.3 Encoding Biner

Encoding biner merepresentasikan genotipe sebagai vektor berdimensi tetap atas alfabet biner:  $G = \{0, 1\}^l$ . Genotipe  $g = (b_{l-1}, \dots, b_0)$  sering diinterpretasikan sebagai bilangan unsigned

$$\text{bin}(g) = \sum_{i=0}^{l-1} b_i 2^i,$$

yang kemudian dipetakan ke fenotipe melalui dekoding affine bila fenotipe berskala numerik. Untuk variabel bernilai riil  $x \in [x_{\min}, x_{\max}]$  dekoding yang umum adalah

$$x = x_{\min} + \frac{\text{bin}(g)}{2^l - 1} (x_{\max} - x_{\min}). \quad (4.1)$$

Rumus ini menjelaskan resolusi representasi: langkah kuantisasi adalah

$$\Delta = \frac{x_{\max} - x_{\min}}{2^l - 1},$$

sehingga memilih  $l$  mempertukarkan presisi dengan dimensionalitas pencarian dan perilaku prosedur variasi.

Encoding biner menarik karena ringkas dan mudah dimanipulasi dengan operasi bitwise. Schema theory dan banyak hasil teoretis awal dikembangkan untuk representasi biner, yang membantu penalaran teoretis tentang konvergensi dan propagasi building-block [24, 20].

Rekomendasi praktis untuk encoding biner:

- Pilih panjang  $l$  dari resolusi yang diinginkan  $\Delta$  dan rentang  $[x_{\min}, x_{\max}]$  menggunakan aturan  $2^l - 1 \geq (x_{\max} - x_{\min})/\Delta$ .
- Jika kedekatan nilai penting, pertimbangkan Gray coding untuk variabel integer dan konversi ke biner hanya untuk prosedur yang memang bekerja pada bitstring.
- Gunakan prosedur yang menghormati batas gen saat menggabungkan beberapa variabel.

## 4.4 Ikhtisar Jenis Encoding

Encoding dapat dikelompokkan menurut struktur  $G$  dan domain fenotipe yang dimaksud  $P$ . Di bawah ini kami merangkum keluarga utama dan kasus penggunaan kanoniknya, disertai panduan praktis dan jebakan umum.

### Taksonomi dan pemetaan ke kelas masalah

- **Biner (bit-string):**  $G = \{0, 1\}^l$ . Baik untuk pilihan kombinatorial dan bila analisis schema diinginkan. Gunakan Gray code atau penyusunan bit spesifik masalah untuk meningkatkan lokalitas pada fenotipe numerik.
- **Permutasi:** Merepresentasikan pengurutan (TSP, penjadwalan). Memerlukan prosedur variasi khusus yang mempertahankan validitas permutasi.
- **Pohon dan graf:** Struktur berukuran variabel untuk pemrograman genetik, evolusi ekspresi, atau topologi rangkaian. Gunakan pertukaran subtree dan kontrol pertumbuhan untuk menghindari bloat.
- **Indirek / perkembangan (developmental):** Genotipe menetapkan aturan konstruksi atau tata bahasa yang menghasilkan fenotipe; berguna bila genotipe ringkas harus menghasilkan fenotipe terstruktur (mis. arsitektur neural, L-systems).

### Memilih encoding

Pilih encoding dengan mencocokkan struktur kombinatorial masalah, himpunan kendala, dan toolkit prosedur yang diinginkan. Pertanyaan kunci:

- Apakah masalah membutuhkan pengurutan, multiset, atau parameter bernilai riil? Pilih permutasi, integer/multiset, atau encoding riil secara berturut-turut.
- Apakah kendala kelayakan bersifat keras (harus dipenuhi) atau lunak (pelanggaran diberi penalti)? Untuk kendala keras, utamakan encoding benar atau decoder konstruktif; untuk kendala lunak penalti mungkin dapat diterima.
- Apakah prosedur akan kustom atau standar? Gunakan encoding yang menyederhanakan implementasi prosedur kecuali struktur domain mengharuskan sebaliknya.

### Kompatibilitas operator dan validasi empiris

Sebuah encoding berguna hanya jika dipasangkan dengan prosedur yang mempertahankan struktur yang berguna. Setelah memilih encoding, rancang atau pilih prosedur variasi yang menjaga kelayakan, membatasi epistasis destruktif, dan menghormati batas gen yang bermakna. Akhirnya, validasi pilihan encoding secara empiris: bandingkan performa pada benchmark kecil (berbagai encoding, set prosedur, dan laju variasi) dan pilih kombinasi yang menunjukkan kemajuan robust pada instance representatif.

Bagian berikut memberikan contoh representasional konkret dan referensi untuk keluarga encoding utama yang dibahas di sini.



## 4.5 Encoding Bernilai Riil

Encoding bernilai riil merepresentasikan individu sebagai vektor di  $\mathbb{R}^n$ , yaitu  $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$  dengan setiap koordinat mengambil nilai pada domain kontinu. Representasi langsung ini merupakan pilihan alami untuk masalah optimisasi kontinu dan tugas penyetelan parameter dimana fenotipe secara inheren numerik. Dengan beroperasi dalam ruang kontinu, encoding riil menghindari artefak kuantisasi dari encoding biner berdimensi tetap dan memungkinkan operator variasi mengekspresikan penyesuaian yang sangat kecil pada solusi kandidat (tergantung batas presisi floating-point) [6, 29].

## 4.6 Encoding Integer

Encoding integer merepresentasikan solusi yang variabelnya mengambil nilai bilangan bulat diskrit. Secara formal individu adalah vektor  $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_n)$  dengan setiap koordinat  $x_i \in \mathbb{Z}$  dan, dalam praktik, dibatasi ke domain hingga  $[a_i, b_i] \cap \mathbb{Z}$ . Representasi ini sesuai untuk masalah alokasi, jumlah, dan banyak substruktur kombinatorial (mis. kuantitas pada knapsack, alokasi sumber daya, dan parameter kontrol yang didiskretisasi). Sifat diskrit variabel mengubah karakter pencarian: lingkungan (neighbourhood) didefinisikan oleh langkah-integer, dan lanskap pencarian bersifat tidak kontinu dan sering non-konveks.

Encoding integer memiliki trade-off dibandingkan representasi riil. Karena domain diskrit, banyak asumsi analitik (mis. gradien mulus atau konveksitas kontinu) tidak berlaku, dan mekanisme adaptasi ukuran langkah kontinu perlu disesuaikan ke skala langkah diskrit. Di sisi lain, representasi integer dapat menyandikan kelayakan secara langsung, menghindari prosedur perbaikan mahal: mis. merepresentasikan kuantitas dengan integritas memastikan kendala alami.

Dari perspektif desain algoritma dan implementasi, beberapa rekomendasi pragmatis meningkatkan robustitas. Pertama, manfaatkan struktur masalah: bila variabel memiliki rentang integer kecil gunakan gerakan neighbourhood enumeratif dan hibrida pencarian lokal langkah-kecil; bila rentang besar, pilih operator yang mengeksplor luas (random-reset, proposal langkah besar) dikombinasikan dengan pengurangan adaptif magnitudo langkah. Kedua, tegakkan batas dan invarian dalam decoder atau melalui proyeksi setelah variasi daripada mengandalkan pemangkasan implisit; operator sadar-kendala eksplisit biasanya lebih jelas dan kurang rawan kesalahan. Ketiga, saat mencampur variabel integer dan kontinu gunakan operator campuran-integer atau jadwal terpisah sehingga setiap tipe variabel menerima variasi dengan skala yang sesuai.

## 4.7 Encoding Permutasi

Encoding permutasi merepresentasikan solusi calon sebagai permutasi dari himpunan hingga elemen, yaitu ruang genotipe adalah himpunan bijeksi pada  $\{1, \dots, n\}$ . Pemetaan genotipe-fenotipe  $\phi$  biasanya merupakan peta identitas: sebuah permutasi langsung menentukan pengurutan yang diinterpretasikan oleh evaluator spesifik masalah (mis. tur pada travelling salesman problem, urutan job pada penjadwalan satu mesin, atau daftar tugas terurut untuk lini aliran). Karena permutasi secara inheren menegakkan kendala pengurutan, encoding permutasi bersifat benar (sound) untuk masalah pengurutan dan menghindari banyak perbaikan kelayakan yang diperlukan oleh encoding naif.

Jarak dan lokalitas di ruang permutasi sangat berbeda dari ruang vektor. Jarak Hamming atau metrik posisi sederhana tidak menangkap struktur neighbourhood yang bermakna untuk masalah berbasis urutan. Jarak seperti Kendall tau (jumlah ketidaksepakatan berpasangan), inversi, atau metrik berbasis edge (jumlah perbedaan hubungan kedekatan) lebih mencerminkan perubahan kecil yang dapat diinterpretasikan dan mempertahankan struktur masalah. Desain operator harus dipandu oleh aspek permutasi mana yang merupakan building-block berguna untuk masalah — blok berbasis posisi, blok adjacency/edge, atau relasi precedence — karena operator berbeda melestarikan struktur yang berbeda.

Operator variasi untuk encoding permutasi harus menjaga kelayakan (menghasilkan permutasi valid) dan idealnya menghormati notion lokalitas yang dipilih. Mutasi tipikal meliputi swap, insert (mengambil satu elemen dan memasukkannya ke posisi lain), dan inversi/ reversal subsekuens; ini memiliki interpretasi jelas sebagai reorder lokal kecil.

Alternatifnya adalah menggunakan encoding tidak langsung dan decoder konstruktif bila kendala atau heuristik konstruktif penting. Encoding prioritas atau random-key memetakan kunci bernilai riil ke permutasi melalui decoder sorting stabil; decoder konstruktif membangun jadwal atau tur layak secara greedy dari genotipe yang menyandikan preferensi. Encoding tidak langsung dapat sangat mengurangi kompleksitas desain dengan memisahkan pencarian genetik dari penegakan kelayakan dan dapat memasukkan heuristik domain ke dalam decoder, tetapi mereka memindahkan beban desain ke decoder dan dapat mengaburkan sifat lokalitas operator genetik.

Rekomendasi praktis: inisialisasi populasi menggunakan campuran permutasi acak dan heuristik spesifik masalah untuk menabur struktur berguna; ukur keberagaman dengan metrik yang menyadari permutasi (Kendall tau atau overlap edge) daripada jarak Hamming; utamakan operator yang melestarikan notion building-block relevan; dan gabungkan pencarian global berbasis permutasi dengan optimisasi lokal (mis. 2-opt atau 3-opt untuk TSP, atau pencarian neighbourhood khusus untuk penjadwalan) untuk memanfaatkan perbaikan halus. Saat simetri ada, gunakan kanonisasi atau evaluasi yang menyadari ekuivalensi untuk menghindari bias. Akhirnya, validasi pilihan secara empiris pada instance representatif karena efektivitas operator sangat bergantung pada masalah di ruang permutasi.

## 4.8 Tree Encoding

Tree Encoding merepresentasikan genotipe sebagai tree berakar berlabel dimana node membawa simbol yang diambil dari satu atau lebih alfabet (mis. simbol fungsi/operator untuk node internal dan simbol terminal untuk daun). Fenotipe diperoleh dengan menginterpretasikan tree sesuai semantik masalah: dalam pemrograman genetik tree menyatakan ekspresi atau program, dalam optimisasi sintaksis ia merepresentasikan tree parse, dan dalam desain hierarkis ia merepresentasikan komposisi komponen. Secara formal ruang genotipe adalah himpunan tree terurut hingga atas alfabet berperingkat, dan decoder  $\phi$  adalah fungsi evaluasi atau instansiasi yang memetakan tree ke objek spesifik masalah di  $P$ .

Tree Encoding memperkenalkan pilihan representasional yang sangat mempengaruhi perilaku operator dan dinamika pencarian. Perancang harus menentukan alfabet node (bertipe atau tidak), kendala aritas (tetap atau variabel), dan linearisation untuk penyimpanan (struktur pointer, string berpagar, notasi prefix/postfix, atau daftar anak eksplisit). Pohon bertipe (strongly-typed) menegaskan kendala sintaksis pada tingkat

representasi, mencegah banyak keturunan tidak valid dan mengurangi kebutuhan perbaikan; tree tidak bertipe lebih fleksibel tetapi sering memerlukan pemeriksaan kelayakan tambahan atau decoder. Representasi memengaruhi lokalitas: penggantian subtree kecil dapat menimbulkan perubahan semantik besar ketika semantik node bersifat non-linier atau konteks-sensitif.

Encoding tidak langsung dan berbasis tata bahasa sangat berguna bila fenotipe harus memenuhi kendala sintaksis atau semantik yang kaya. Dalam *grammatical evolution* dan *grammar-guided GP*, genotipe biasanya menyandikan derivasi atau urutan pilihan produksi, dan decoder deterministik memetakannya ke tree yang dijamin valid secara sintaksis. Encoding tidak langsung ini dapat menghasilkan genotipe ringkas dan memungkinkan memasukkan pengetahuan domain, tetapi dapat mengaburkan sifat lokalitas operator dan membutuhkan desain decoder yang hati-hati untuk menghindari sampling fenotipe yang bias.

Rekomendasi praktis: tegakkan kelayakan sejak dini menggunakan pengetipan atau kendala tata bahasa bila domain memerlukan kebenaran sintaksis; gabungkan pencarian tree global dengan lintasan penyederhanaan lokal (*constant folding*, reduksi aljabar) untuk meningkatkan efisiensi evaluasi; gunakan strategi inisialisasi campuran (*ramped half-and-half*, *grow/full*) untuk menabur variasi ukuran dan bentuk tree; dan terapkan kontrol kompleksitas eksplisit (tekanan parsimoni, batas kedalaman, atau bias operator adaptif) untuk mengelola bloat. Akhirnya, validasi operator secara empiris pada instance representatif dan pantau ukuran tree, kedalaman, dan biaya evaluasi selama eksperimen untuk mendeteksi bloat atau perilaku patologis.



## Bab 5

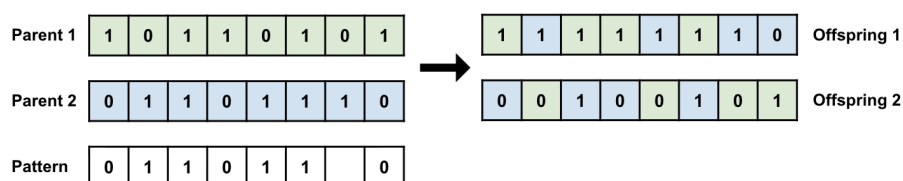
# Metode Seleksi dalam Algoritma Genetika

### 5.1 Pendahuluan tentang Seleksi

Seleksi adalah mekanisme dalam algoritma genetika yang menentukan individu mana dari populasi yang dipilih untuk menyumbangkan materi genetik ke generasi berikutnya. Pada inti operasinya, seleksi mengubah informasi kebugaran (fitness) menjadi peluang reproduksi: individu dengan nilai kebugaran relatif lebih tinggi diberi peluang lebih besar untuk menghasilkan keturunan, sehingga memfokuskan pencarian ke wilayah solusi yang menjanjikan. Bias ini harus dikelola dengan hati-hati agar algoritma dapat mengeksplorasi solusi berkualitas tinggi sekaligus tetap mengeksplorasi alternatif yang beragam.

Konsep penting yang terkait dengan seleksi adalah tekanan seleksi (selection pressure), yang mengukur seberapa kuat mekanisme seleksi memfavoritkan individu yang lebih baik. Tekanan seleksi tinggi mempercepat konvergensi dengan memperbesar keuntungan reproduktif individu terbaik, namun meningkatkan risiko konvergensi prematur saat populasi kehilangan keragaman dan terjebak pada solusi suboptimal. Tekanan seleksi rendah mempertahankan keragaman dan mendorong eksplorasi, tetapi dapat memperlambat kemajuan menuju solusi berkualitas. Oleh karena itu, desain praktis algoritma membutuhkan penyeimbangan efek-efek ini, misalnya dengan pengaturan parameter seleksi atau dengan menggabungkan skema seleksi bersama mekanisme yang mempertahankan keragaman.

Operator seleksi terbagi ke dalam beberapa keluarga yang memberikan kompromi berbeda antara kesederhanaan, kontrol tekanan seleksi, dan sensitivitas terhadap skala kebugaran. Pendekatan umum meliputi metode proporsional terhadap kebugaran (mis. roulette wheel dan stochastic universal sampling), skema berbasis peringkat yang memberikan tekanan terkontrol dan independen skala, seleksi turnamen yang efisien dan dapat diatur tekanannya, serta strategi tronkasi atau elitisme yang secara deterministik mempertahankan individu terbaik. Bagian-bagian selanjutnya menguraikan metode tersebut secara detail, termasuk algoritma, sifat statistik, serta kelebihan dan kekurangan praktisnya.



Gambar 5.1: Proses seleksi dasar dalam Algoritma Genetika

## 5.2 Tekanan Seleksi

Tekanan seleksi mengkuantifikasi seberapa kuat suatu mekanisme seleksi memfavoritkan individu dengan kebugaran lebih tinggi saat menghasilkan generasi berikutnya. Secara intuitif, ia mengukur keuntungan reproduktif yang diharapkan dari solusi baik relatif terhadap rata-rata populasi. Tekanan seleksi dapat diformalkan dengan berbagai cara; ukuran operasional yang umum antara lain intensitas seleksi (perbedaan terstandarisasi antara rata-rata orang tua dan populasi) dan waktu takeover (jumlah generasi yang dibutuhkan agar individu terbaik mendominasi populasi bila seleksi diulang). Ukuran-ukuran ini memungkinkan perbandingan terukur antara operator seleksi dan parametrisasinya.

Pengendalian praktis terhadap tekanan seleksi meliputi pilihan algoritmik (mis. ukuran turnamen, kemiringan peringkat, fraksi tronkasi), teknik penskalaan kebugaran (mis. linear atau sigma scaling, seleksi Boltzmann), serta strategi hibrida yang menyesuaikan tekanan selama run (mis. mulai dengan tekanan rendah untuk eksplorasi lalu tingkatkan untuk eksploitasi). Memantau statistik terkait seleksi — seperti rata-rata dan varians kebugaran, ukuran keragaman (mis. jarak Hamming rata-rata pada encoding biner), dan perkiraan takeover time — memberi umpan balik berguna untuk tuning.

## 5.3 Seleksi Proporsional terhadap Kebugaran (FPS)

Algoritma Genetika yang dikembangkan oleh Holland menggunakan Fitness Proportionate Selection (FPS) [24, 20], dimana nilai harapan suatu individu dihitung sebagai rasio kebugaran individu terhadap kebugaran rata-rata populasi.

Dalam metode ini, setiap individu dipilih sebagai orang tua dengan probabilitas proporsional terhadap nilai kebugarannya. Dengan demikian, individu yang lebih fit memiliki peluang lebih besar untuk mereproduksi dan menyebarkan sifatnya ke generasi berikutnya.

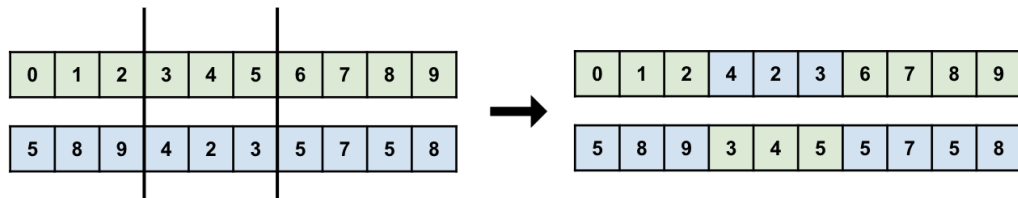
### 5.3.1 Seleksi Roulette Wheel

Dikenal juga sebagai seleksi proporsional kebugaran, di mana individu dipilih dengan probabilitas proporsional terhadap kebugarannya [20, 3, 4].

Skema seleksi paling sederhana adalah roulette wheel, atau pengambilan sampel stokastik dengan penggantian. Individu dipetakan ke segmen-segmen pada garis sesuai nilai kebugaran; bilangan acak kemudian menentukan segmen (individu) yang terpilih. Proses diulang hingga jumlah individu yang diinginkan terpenuhi.

Nomor Individu	Nilai Kebugaran	Probabilitas Seleksi	Interval
1	2.0	0.18	[0.00, 0.18]
2	1.8	0.16	[0.18, 0.34]
3	1.6	0.15	[0.34, 0.49]
4	1.4	0.13	[0.49, 0.62]
5	1.2	0.11	[0.62, 0.73]
6	1.0	0.09	[0.73, 0.82]
7	0.8	0.07	[0.82, 0.89]
8	0.6	0.06	[0.89, 0.95]
9	0.4	0.03	[0.95, 0.98]
10	0.2	0.02	[0.98, 1.00]
11	0.0	0.0	—

Tabel 5.1: Probabilitas seleksi dan nilai kebugaran (dari Buku Ajar)



Gambar 5.2: Proses seleksi roulette-wheel dengan contoh pengundian

## Algoritma

---

### Algorithm 1 Roulette Wheel Selection

---

```

Hitung total kebugaran:  $F = \sum_{i=1}^N f_i$ 
Hasilkan bilangan acak:  $r \sim U[0, F]$ 
Set kumulatif kebugaran:  $sum = 0$ 
for  $i = 1$  to  $N$  do
     $sum = sum + f_i$ 
    if  $sum \geq r$  then
        Pilih individu  $i$ 
        break
    end if
end for

```

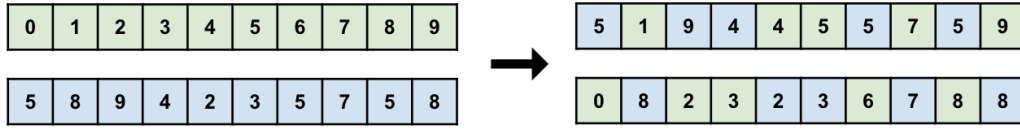
---

## Probabilitas Seleksi

$$P_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N f_j} \quad (5.1)$$

### 5.3.2 Stochastic Universal Sampling (SUS)

Versi yang ditingkatkan dari roulette-wheel yang mengurangi variansi sampling [7].



Gambar 5.3: Stochastic universal sampling dengan penunjuk berjarak sama

## Algoritma

---

### Algorithm 2 Stochastic Universal Sampling

---

Hitung total kebugaran:  $F = \sum_{i=1}^N f_i$   
 Hitung jarak pointer:  $distance = F/N$   
 Hasilkan start acak:  $start \sim U[0, distance]$   
 Buat pointer:  $pointer_i = start + i \times distance$  untuk  $i = 0, 1, \dots, N - 1$   
**for** setiap pointer **do**  
     Pilih individu menggunakan logika roulette wheel  
**end for**

---

## 5.4 Seleksi Berbasis Peringkat

Seleksi berbasis peringkat menetapkan probabilitas seleksi berdasarkan peringkat kebugaran, bukan nilai kebugaran mentah [21, 5].

### 5.4.1 Perankingan Linear

$$P_i = \frac{1}{N} \left[ \eta^- + (\eta^+ - \eta^-) \frac{rank_i - 1}{N - 1} \right] \quad (5.2)$$

di mana  $rank_i$  adalah peringkat individu  $i$  ( $1 =$  terburuk,  $N =$  terbaik) dan  $\eta^+ + \eta^- = 2$ .

## 5.5 Seleksi Turnamen

Seleksi turnamen memilih secara acak  $k$  individu dan memilih yang terbaik di antara mereka [20].

### 5.5.1 Mekanisme

1. Tentukan ukuran turnamen ( $k$ ).
2. Pilih secara acak  $k$  individu.
3. Pilih individu dengan kebugaran tertinggi di antara mereka.
4. Tambahkan pemenang ke mating pool.



5. Ulangi hingga jumlah yang diinginkan tercapai.

---

**Algorithm 3** Binary Tournament Selection
 

---

```

Pilih acak individu  $i$ 
Pilih acak individu  $j$  (dengan  $j \neq i$ )
if  $f_i > f_j$  then
    Pilih individu  $i$ 
else
    Pilih individu  $j$ 
end if
  
```

---

## 5.6 Truncation Selection

Truncation selection mempertahankan hanya fraksi teratas populasi untuk reproduksi. Parameter utama adalah rasio seleksi

$$\rho = \frac{\mu}{\lambda}, \quad (5.3)$$

yang mengontrol tekanan seleksi:  $\rho$  kecil berarti tekanan kuat.

## 5.7 Boltzmann Selection

Seleksi Boltzmann memetakan kebugaran ke probabilitas menggunakan distribusi Gibbs:

$$P_i = \frac{e^{f_i/T}}{\sum_{j=1}^N e^{f_j/T}}, \quad (5.4)$$

di mana  $T$  adalah parameter temperatur yang dapat dijadwalkan selama run.

## 5.8 Elitist Selection

Elitisme menjamin kelangsungan hidup sejumlah kecil individu terbaik antar generasi (mis.  $e = 1$ ).

## 5.9 Seleksi yang Mempertahankan Keragaman

Teknik seperti fitness sharing, crowding, spesiasi, dan model pulau bertujuan mempertahankan variasi genetik. Contoh rumus fitness sharing:

$$f'_i = \frac{f_i}{\sum_{j=1}^N sh(d_{ij})}, \quad (5.5)$$

dengan fungsi sharing tipikal:

$$sh(d) = \begin{cases} 1 - \left( \frac{d}{\sigma_{share}} \right)^\alpha & \text{jika } d < \sigma_{share}, \\ 0 & \text{lainnya.} \end{cases} \quad (5.6)$$

## 5.10 Seleksi Multi-objektif

Untuk masalah multi-objektif, dominasi Pareto dan non-dominated sorting (mis. NSGA-II) digunakan untuk menyeimbangkan konvergensi dan penyebaran solusi.

## 5.11 Perbandingan Metode Seleksi

Metode	Tekanan	Keragaman	Kompleksitas	Skalabilitas	Parameter
Roulette Wheel	Variabel	Lemah	$O(N)$	Lemah	—
SUS	Variabel	Baik	$O(N)$	Lemah	—
Rank Linear	Konstan	Baik	$O(N \log N)$	Baik	$\eta^+, \eta^-$
Tournament	Dapat Diatur	Baik	$O(1)$	Sangat Baik	$k$
Truncation	Tinggi	Lemah	$O(N \log N)$	Baik	$\mu/\lambda$
Boltzmann	Adaptif	Sangat Baik	$O(N)$	Baik	$T(t)$

Tabel 5.2: Perbandingan Metode Seleksi

## Bab 6

# Crossover (Rekombinasi) dalam Algoritma Genetika

### 6.1 Pendahuluan Crossover

Secara biologis, crossover terinspirasi oleh reproduksi seksual di mana kromosom saling bertukar segmen selama meiosis dan gen-gen tersebar secara independen ke dalam gamet. Mekanisme alami ini menghasilkan variasi: keturunan berbeda dari induknya, yang meningkatkan keanekaragaman dan menyediakan bahan mentah bagi seleksi. Analogi ini menekankan dua gagasan berguna untuk algoritma: mencampurkan materi induk untuk mempertahankan dan menggabungkan substruktur yang menguntungkan, serta memperkenalkan variasi untuk menghindari konvergensi prematur.

Fenomena utama dari biologi dapat dipetakan langsung ke desain algoritma. Crossing over menukar segmen-segmen genetik bersebelahan (mempertahankan struktur lokal), independent assortment merandomisasi kombinasi kromosom (mendorong campuran baru), dan keanekaragaman genetik yang dihasilkan membantu populasi keluar dari optimal lokal. Gagasan "blok penyusun" (building blocks) menunjukkan bahwa kombinasi gen yang kompak dan berkualitas tinggi harus dilindungi dan dikombinasikan kembali, bukan dihancurkan oleh operator yang terlalu merusak.

Secara konseptual, proses crossover biasanya melalui tiga langkah: memilih pasangan induk untuk kawin (biasanya dipengaruhi oleh fitness), memilih satu atau lebih titik crossover atau skema rekombinasi, dan menukar materi genetik untuk membentuk keturunan. Detail implementasi (di mana titik pemisah ditempatkan atau apakah gen digabung secara aritmetika) menentukan seberapa banyak struktur yang dipertahankan dibandingkan seberapa banyak kebaruan yang diperkenalkan; pilihan-pilihan ini secara kritis membentuk dinamika pencarian.

Crossover memediasi trade-off antara eksplorasi dan eksploitasi. Eksploitasi muncul ketika operator berhasil menggabungkan dan mempertahankan substruktur yang baik dari induk, mempercepat kemajuan menuju solusi berkualitas tinggi. Eksplorasi terjadi ketika rekombinasi menghasilkan konfigurasi baru yang tidak ada pada kedua induk, sehingga meningkatkan peluang menemukan wilayah ruang pencarian yang lebih baik. Desain algoritma yang efektif mengatur operator sehingga kedua perilaku ini terjadi secara seimbang.

Risiko disrupti skema—memecah kombinasi gen yang berguna—tergantung pada bagaimana crossover diimplementasikan dan di mana potongan terjadi. Skema yang kurang merusak mempertahankan hubungan bersebelahan dan skema pendek, sementara skema yang lebih merusak (atau banyak titik pemotongan) dapat menghancurkan pola gen panjang yang terkoadaptasi meskipun meningkatkan keanekaragaman. Kesadaran akan efek-efek ini memandu pemilihan gaya crossover dan parameternya untuk domain masalah tertentu.

## 6.2 Operator Crossover untuk Kromosom Biner

### 6.2.1 Definisi dan Fungsi Operator Crossover

Crossover adalah operator genetik yang digunakan untuk memvariasikan susunan kromosom dari satu generasi ke generasi berikutnya [18, 41, 1]. Metode crossover yang digunakan tergantung pada metode pengkodean yang dipakai.

Dalam praktiknya, crossover terjadi dalam tiga tahapan: operator reproduksi memilih sepasang individu untuk kawin, sebuah titik crossover dipilih sepanjang panjang string, dan nilai-nilai setelah titik tersebut ditukar antara dua induk untuk membentuk keturunan baru.

Dalam representasi kromosom biner, setiap individu dalam populasi direpresentasikan sebagai urutan bit (0 dan 1) yang mengekspresikan solusi potensial untuk suatu masalah.

### 6.2.2 Crossover Satu Titik

Crossover satu titik adalah bentuk paling sederhana dari crossover. Satu posisi crossover dipilih secara acak, kemudian bagian dari kedua induk setelah posisi tersebut ditukar untuk membentuk dua keturunan baru. String hasil dari proses ini memiliki karakteristik bias posisi (positional bias).

### 6.2.3 Crossover Satu Titik

Crossover satu titik membagi kromosom menjadi dua segmen.

#### Algoritma

---

#### Algorithm 4 Crossover Satu Titik

---

```

 $k \leftarrow \text{RandomInteger}(1, l - 1)$ 
 $child1 \leftarrow parent1[1:k] + parent2[k + 1:l]$ 
 $child2 \leftarrow parent2[1:k] + parent1[k + 1:l]$ 

```

---

#### Contoh

Parent 1: 1|1010011 (6.1)

Parent 2: 0|0111100 (6.2)

Child 1: 1|0111100 (6.3)

Child 2: 0|1010011 (6.4)

Titik crossover di posisi 1.

#### Karakteristik

Crossover satu titik sederhana dan efisien; ia cenderung mempertahankan blok penyusun panjang di dekat ujung kromosom tetapi dapat mengganggu blok yang melintasi titik crossover, menghasilkan bias posisi di mana posisi ujung kurang mungkin terpisah.

### 6.2.4 Crossover Dua Titik

Dua titik crossover menghasilkan tiga segmen.

Crossover multi-titik memiliki mekanisme serupa dengan crossover satu titik; perbedaannya adalah jumlah posisi yang dipilih secara acak. Dalam crossover multi-titik, sejumlah  $N$  posisi dipilih secara acak sepanjang kromosom. Posisi-posisi tersebut ditukar untuk membentuk dua keturunan baru.

Tujuan dari crossover multi-titik antara lain meningkatkan keanekaragaman genetik dalam populasi, mengurangi bias posisi, dan meningkatkan peluang rekombinasi dari berbagai skema atau blok solusi yang berbeda. Namun, penggunaan terlalu banyak titik potong bisa menjadi terlalu merusak, karena dapat merusak kombinasi gen yang sudah baik (alel terkoadaptasi).

#### Algoritma

---

##### Algorithm 5 Crossover Dua Titik

---

$(k_1, k_2) \leftarrow$  Two distinct random integers with  $1 \leq k_1 < k_2 \leq l - 1$   
 $child1 \leftarrow parent1[1:k_1] + parent2[k_1 + 1:k_2] + parent1[k_2 + 1:l]$   
 $child2 \leftarrow parent2[1:k_1] + parent1[k_1 + 1:k_2] + parent2[k_2 + 1:l]$

---

#### Contoh

Parent 1: 11|010|011 (6.5)

Parent 2: 00|111|100 (6.6)

Child 1: 11|111|011 (6.7)

Child 2: 00|010|100 (6.8)

Titik crossover di posisi 2 dan 5.

#### Keuntungan

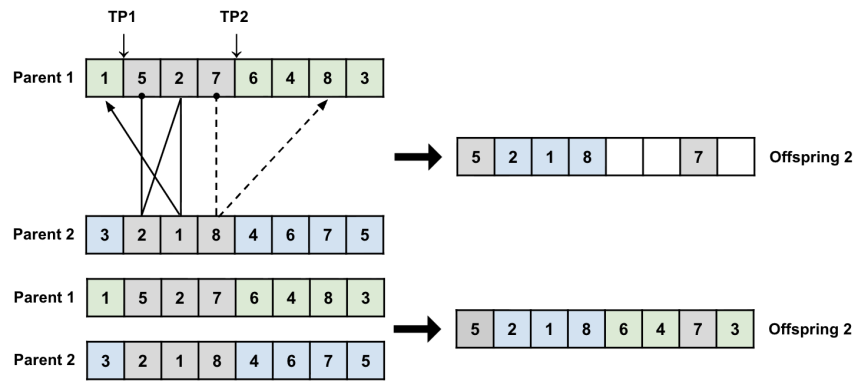
Crossover dua titik mengurangi bias posisi dan dapat mempertahankan blok penyusun di ujung kromosom, meskipun secara umum lebih merusak dibandingkan crossover satu titik.

### 6.2.5 Crossover Uniform

Setiap gen dipilih secara independen dari salah satu induk [39, 14].

Dalam crossover uniform, setiap gen (bit) dipilih secara acak dari salah satu gen yang sesuai pada kromosom induk. Proses pemilihan ini dilakukan secara independen untuk setiap posisi gen. Metode ini dapat dianalogikan seperti melempar koin: jika hasilnya "kepala", gen diambil dari Induk 1; jika hasilnya "ekor", gen diambil dari Induk 2.

Metode ini memberikan kesempatan yang sama bagi setiap gen untuk diwariskan dari salah satu induk, sehingga meningkatkan keanekaragaman genetik dan menghilangkan bias posisi yang biasanya muncul pada crossover satu titik atau multi-titik.



Gambar 6.1: Crossover Uniform untuk kromosom biner

## Algoritma

---

### Algorithm 6 Crossover Uniform

---

```

for  $i = 1$  to  $l$  do
   $r \leftarrow \text{UniformRandom}(0,1)$ 
  if  $r < 0.5$  then
     $child1[i] \leftarrow parent1[i]; child2[i] \leftarrow parent2[i]$ 
  else
     $child1[i] \leftarrow parent2[i]; child2[i] \leftarrow parent1[i]$ 
  end if
end for

```

---

## Contoh dengan Masker

$$\text{Parent 1: } 11010011 \quad (6.9)$$

$$\text{Parent 2: } 00111100 \quad (6.10)$$

$$\text{Mask: } 10110100 \quad (6.11)$$

$$\text{Child 1: } 10111011 \quad (6.12)$$

$$\text{Child 2: } 01010100 \quad (6.13)$$

Bit masker 1: ambil dari Induk 1, bit masker 0: ambil dari Induk 2.

## Sifat

Crossover uniform memiliki potensi disrupsi yang tinggi dan menghilangkan bias posisi; metode ini berguna ketika posisi gen bersifat independen namun dapat menghancurkan blok penyusun panjang.

### 6.2.6 Crossover Multi-Titik

Generalisasi dengan  $k$  titik crossover.

### Karakteristik

Crossover multi-titik merupakan generalisasi dari tanpa crossover ( $k = 0$ , menyalin induk) melalui satu titik ( $k = 1$ ) hingga batas  $k = l - 1$  yang mendekati crossover uniform dalam harapan; peningkatan  $k$  membuat operator mendekati rekombinasi uniform.

## 6.3 Crossover untuk Kromosom Bilangan Bulat

Berbeda dengan kromosom biner yang menggunakan bit 0 dan 1, representasi bilangan bulat lebih cocok untuk masalah yang melibatkan parameter diskret atau nilai numerik yang memiliki makna kuantitatif, seperti penjadwalan, pengurutan, atau optimasi kombinatorial.

### 6.3.1 Crossover Satu Titik untuk Bilangan Bulat

Crossover satu titik adalah bentuk paling sederhana dari crossover. Satu posisi crossover dipilih secara acak, lalu bagian dari dua induk setelah posisi tersebut ditukar untuk membentuk dua keturunan baru. String yang dihasilkan dari proses ini memiliki karakteristik bias posisi.

### 6.3.2 Crossover Multi-Titik untuk Bilangan Bulat

Crossover multi-titik memiliki mekanisme yang mirip dengan crossover satu titik; perbedaannya adalah jumlah posisi yang dipilih secara acak. Dalam crossover multi-titik, sejumlah  $N$  posisi dipilih secara acak sepanjang kromosom. Posisi-posisi ini ditukar untuk membentuk dua keturunan baru.

Tujuan dari crossover multi-titik termasuk meningkatkan keanekaragaman genetik dalam populasi, mengurangi bias posisi, dan meningkatkan peluang rekombinasi dari berbagai skema atau blok solusi yang berbeda. Namun, penggunaan terlalu banyak titik potong dapat merusak kombinasi gen yang sudah baik (alel terkoadaptasi).

### 6.3.3 Crossover Uniform untuk Bilangan Bulat

Dalam crossover uniform, setiap gen dipilih secara acak dari salah satu gen yang sesuai pada kromosom induk. Proses pemilihan ini dilakukan secara independen untuk setiap posisi gen. Metode ini bisa dianalogikan seperti melempar koin: jika hasilnya "kepala", gen diambil dari induk 1; jika hasilnya "ekor", gen diambil dari induk 2.

Metode ini memberikan kesempatan yang sama bagi setiap gen untuk diwariskan dari salah satu induk, sehingga meningkatkan keanekaragaman genetik dan menghilangkan bias posisi yang biasanya muncul pada crossover satu titik atau multi-titik.

## 6.4 Operator Crossover untuk Kromosom Bernilai Riil

Crossover pada kromosom bernilai riil adalah proses rekombinasi genetik dalam Algoritma Genetika yang diterapkan pada kromosom yang direpresentasikan dalam bentuk bilangan riil (floating point). Representasi ini umum digunakan untuk menyelesaikan masalah

optimasi kontinu, di mana variabel keputusan memiliki nilai dalam rentang tertentu dan tidak dibatasi pada bilangan bulat atau biner.

Berbeda dari crossover pada kromosom biner atau bilangan bulat, mekanisme crossover untuk kromosom riil melibatkan operasi aritmatika pada nilai gen antara induk. Metode ini memungkinkan penciptaan keturunan dengan nilai gen yang berada di antara atau di sekitar nilai gen induk, sehingga mempertahankan kontinuitas dan stabilitas proses evolusi.

### 6.4.1 Crossover Aritmetika

Kombinasi linier vektor induk.

#### Crossover Aritmetika Satu Titik

1. Dua induk direpresentasikan sebagai:
  - Parent 1:  $\langle x_1, \dots, x_n \rangle$
  - Parent 2:  $\langle y_1, \dots, y_n \rangle$
2. Pilih secara acak satu gen ( $k$ ) yang akan mengalami operasi crossover
3. Hasilnya adalah dua keturunan yang dibentuk berdasarkan kombinasi linier pada gen ke- $k$  dari induk dengan parameter kontrol  $\alpha$ , di mana  $0 \leq \alpha \leq 1$ :
  - Offspring 1:  $\langle x_1, \dots, x_{k-1}, \alpha \cdot y_k + (1 - \alpha) \cdot x_k, x_{k+1}, \dots, x_n \rangle$
  - Offspring 2:  $\langle y_1, \dots, y_{k-1}, \alpha \cdot x_k + (1 - \alpha) \cdot y_k, y_{k+1}, \dots, y_n \rangle$

#### Crossover Aritmetika Sederhana

1. Dua induk direpresentasikan sebagai:
  - Parent 1:  $\langle x_1, \dots, x_n \rangle$
  - Parent 2:  $\langle y_1, \dots, y_n \rangle$
2. Pilih secara acak satu gen ( $k$ ) sebagai titik batas crossover
3. Hasilnya adalah dua keturunan yang dibentuk berdasarkan kombinasi linier dari gen  $k + 1$  sampai gen  $n$  dengan parameter kontrol  $\alpha$ , di mana  $0 \leq \alpha \leq 1$ :
  - Offspring 1:  $\langle x_1, \dots, x_k, \alpha \cdot y_{k+1} + (1 - \alpha) \cdot x_{k+1}, \dots, \alpha \cdot y_n + (1 - \alpha) \cdot x_n \rangle$
  - Offspring 2:  $\langle y_1, \dots, y_k, \alpha \cdot x_{k+1} + (1 - \alpha) \cdot y_{k+1}, \dots, \alpha \cdot x_n + (1 - \alpha) \cdot y_n \rangle$

#### Crossover Aritmetika Seluruhnya

1. Dua induk direpresentasikan sebagai:
  - Parent 1:  $\langle x_1, \dots, x_n \rangle$
  - Parent 2:  $\langle y_1, \dots, y_n \rangle$



Parent1	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3
Parent2	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6
Parent3	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9
Parent4	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0
Parent5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5
Child	4										4	7									4	7	1								4	7	1	5						

Parent1	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3
Parent2	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6
Parent3	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9
Parent4	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0
Parent5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5
Child	4	7	1	5	6	9					4	7	1	5	6	9	0	3			4	7	1	5	6	9	0	3	2			4	7	1	5	6	9	0	3	2

Gambar 6.2: Crossover Aritmetika Sederhana untuk kromosom riil

2. Untuk setiap gen  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, n$ ), keturunan dibentuk dengan kombinasi linier gen dari kedua induk dengan parameter kontrol  $\alpha$ , di mana  $0 \leq \alpha \leq 1$ :

- Offspring 1:  $z_i^1 = \alpha \cdot y_i + (1 - \alpha) \cdot x_i$
- Offspring 2:  $z_i^2 = \alpha \cdot x_i + (1 - \alpha) \cdot y_i$

Parent1	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3
Parent2	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6
Parent3	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9
Parent4	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0
Parent5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5
Child	4										4	7									4	7	1	5							4	7	1	5						

Parent1	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3	4	7	1	5	6	9	0	2	8	3
Parent2	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6	3	5	1	8	9	2	7	0	4	6
Parent3	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9	6	1	2	4	8	0	3	5	7	9
Parent4	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0	5	9	6	1	2	4	8	7	3	0
Parent5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5	7	9	0	3	1	8	6	4	2	5
Child	4	7	1	5	6	9					4	7	1	5	6	9	0	3			4	7	1	5	6	9	0	3	2			4	7	1	5	6	9	0	3	2

Gambar 6.3: Crossover Aritmetika Seluruhnya untuk kromosom riil

### Crossover Aritmetika Seluruhnya

$$\text{child}_1 = \alpha \text{parent}_1 + (1 - \alpha) \text{parent}_2 \quad (6.14)$$

$$\text{child}_2 = (1 - \alpha) \text{parent}_1 + \alpha \text{parent}_2 \quad (6.15)$$

di mana  $\alpha \in [0, 1]$  adalah bobot acak.

### Crossover Aritmetika Sederhana

Terapkan crossover aritmetika pada subset gen yang dipilih secara acak.

### Crossover Aritmetika Satu Titik

Terapkan crossover aritmetika pada satu gen yang dipilih secara acak.

### Contoh

$$\text{Parent 1: } (2.1, 5.7, 1.3, 8.9) \quad (6.16)$$

$$\text{Parent 2: } (4.2, 3.1, 6.8, 2.4) \quad (6.17)$$

$$\text{Child 1 } (\alpha = 0.3): (3.57, 4.49, 4.98, 4.17) \quad (6.18)$$

$$\text{Child 2 } (\alpha = 0.3): (2.73, 4.32, 2.98, 6.17) \quad (6.19)$$

### 6.4.2 BLX- $\alpha$ Crossover (Blend Crossover)

Menciptakan keturunan dalam interval di sekitar nilai induk.

#### Algoritma

---

**Algorithm 7** BLX- $\alpha$  Crossover

---

```

for  $i = 1$  to  $n$  do
   $c_{min} \leftarrow \min(\text{parent1}[i], \text{parent2}[i])$ 
   $c_{max} \leftarrow \max(\text{parent1}[i], \text{parent2}[i])$ 
   $I \leftarrow c_{max} - c_{min}$ 
  Sample  $\text{child}[i]$  uniformly from  $[c_{min} - \alpha I, c_{max} + \alpha I]$ 
end for

```

---

#### Parameter

- $\alpha = 0$ : Offspring between parents
- $\alpha = 0.5$ : Standard BLX-0.5
- Larger  $\alpha$ : More exploration beyond parents

### 6.4.3 SBX (Simulated Binary Crossover)

Mensimulasikan perilaku crossover satu titik untuk gen bernilai riil.

#### Rumus

$$\text{child}_{1i} = 0.5[(1 + \beta_i)\text{parent}_{1i} + (1 - \beta_i)\text{parent}_{2i}] \quad (6.20)$$

$$\text{child}_{2i} = 0.5[(1 - \beta_i)\text{parent}_{1i} + (1 + \beta_i)\text{parent}_{2i}] \quad (6.21)$$

di mana  $\beta_i$  dihitung dari:

$$\beta_i = \begin{cases} (2u_i)^{1/(\eta_c+1)} & \text{if } u_i \leq 0.5 \\ \left(\frac{1}{2(1-u_i)}\right)^{1/(\eta_c+1)} & \text{if } u_i > 0.5 \end{cases} \quad (6.22)$$

$u_i \sim U[0, 1]$  dan  $\eta_c$  adalah indeks distribusi.

## 6.5 Operator Crossover untuk Permutasi

### 6.5.1 Order Crossover (OX)

Mempertahankan urutan relatif elemen dari satu induk [33, 27].

**Algoritma****Algorithm 8** Order Crossover (OX)

---

```

Choose two crossover points  $a, b$  with  $1 \leq a < b \leq n$ 
Copy segment  $parent1[a:b]$  into  $child[a:b]$ 
 $pos \leftarrow b + 1$  (wrap to 1 if  $> n$ )
for each element  $x$  in  $parent2$  in order do
  if  $x$  not in  $child$  then
     $child[pos] \leftarrow x$ 
     $pos \leftarrow pos + 1$  (wrap to 1 if  $> n$ )
  end if
end for

```

---

**Contoh**

Parent 1: (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9) (6.23)

Parent 2: (9, 3, 7, 8, 2, 6, 5, 1, 4) (6.24)

Copy segment: (–, –, 3, 4, 5, 6, –, –) (6.25)

Fill from P2: (7, 8, 3, 4, 5, 6, 2, 1, 9) (6.26)

**6.5.2 Partially Mapped Crossover (PMX)**

Menciptakan pemetaan antar elemen di dalam segmen crossover [20, 27].

**Algoritma****Algorithm 9** Partially Mapped Crossover (PMX)

---

```

Choose two crossover points  $a, b$  with  $1 \leq a < b \leq n$ 
Copy  $parent1[a:b]$  into  $child1[a:b]$  and  $parent2[a:b]$  into  $child2[a:b]$ 
Create mapping pairs from exchanged segments
for each position  $i$  outside  $[a, b]$  do
   $val \leftarrow parent1[i]$ 
  while  $val$  is already in  $child1[a:b]$  do
     $val \leftarrow$  mapping of  $val$  (follow mapping until an unused value found)
  end while
   $child1[i] \leftarrow val$  {Repeat symmetrically for  $child2$ }
end for

```

---

**Contoh**

Parent 1: (1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9) (6.27)

Parent 2: (5, 4, 6, 9, 2, 3, 7, 1, 8) (6.28)

Mapping:  $3 \leftrightarrow 6, 4 \leftrightarrow 9, 5 \leftrightarrow 2, 6 \leftrightarrow 3$  (6.29)

Child 1: (1, 5, 6, 9, 2, 3, 7, 8, 4) (6.30)

### 6.5.3 Cycle Crossover (CX)

Mempertahankan posisi absolut elemen dari kedua induk [33, 34].

#### Algoritma

---

**Algorithm 10** Cycle Crossover (CX)

---

```
Initialize all positions as unassigned
cycleStart  $\leftarrow$  1
while there are unassigned positions do
  i  $\leftarrow$  cycleStart
  Build cycle: add i to cycle; set i  $\leftarrow$  position of parent1[i] in parent2; repeat until
  returning to cycleStart
  For indices in cycle assign values from parent1 to child1 and from parent2 to child2
  Choose next unassigned position as new cycleStart
end while
```

---

### 6.5.4 Edge Recombination Crossover

Mempertahankan informasi tepi dari kedua induk (berguna untuk TSP).

#### Algoritma

---

**Algorithm 11** Edge Recombination Crossover

---

```
Build edge table: for each element list its neighbors from both parents (no duplicates)
current  $\leftarrow$  element with fewest edges (break ties randomly)
for pos = 1 to n do
  child[pos]  $\leftarrow$  current
  Remove current from all edge lists
  if edge table of current has any neighbors then
    next  $\leftarrow$  neighbor of current with fewest edges (break ties randomly)
  else
    next  $\leftarrow$  random unused element
  end if
  current  $\leftarrow$  next
end for
```

---

## 6.6 Analisis Crossover

### 6.6.1 Disrupsi Skema

Probabilitas bahwa sebuah skema  $H$  terganggu oleh crossover:

#### One-Point Crossover

$$P_{disruption} = p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} \quad (6.31)$$

**Two-Point Crossover**

$$P_{disruption} = p_c \cdot \left( \frac{2\delta(H)}{l-1} - \frac{\delta(H)(\delta(H)-1)}{(l-1)(l-2)} \right) \quad (6.32)$$

**Uniform Crossover**

$$P_{disruption} = p_c \cdot \left( 1 - \left( \frac{1}{2} \right)^{o(H)-1} \right) \quad (6.33)$$

**6.6.2 Pelestarian Blok Penyusun**

Skema pendek umumnya lebih baik dilestarikan oleh operator crossover, sedangkan skema panjang lebih rentan terganggu (khususnya oleh crossover uniform); gen yang terikat erat mendapat manfaat dari operator permutasi seperti order crossover yang mempertahankan hubungan kedekatan.

**6.7 Teknik Crossover Lanjutan****6.7.1 Crossover Adaptif**

Crossover adaptif menyesuaikan parameter secara dinamis berdasarkan sinyal seperti keanekaragaman populasi, laju peningkatan fitness, jumlah generasi, dan tingkat fitness individu.

**6.7.2 Crossover Multi-Induk**

Crossover multi-induk menggabungkan materi dari lebih dari dua induk (lihat [13, 45, 15, 8]); contoh-contohnya termasuk scanning crossovers yang menjelajah induk secara berurutan, voting crossovers yang menggunakan aturan mayoritas, dan averaging crossovers yang menghitung rata-rata nilai gen induk.

**6.7.3 Crossover Khusus Masalah**

Operator crossover khusus masalah dirancang untuk mempertahankan batasan domain dan struktur berguna: untuk masalah graf mempertahankan properti graf, untuk penjadwalan mempertahankan batasan temporal, dan untuk jaringan saraf mempertahankan topologi jaringan.

**6.8 Panduan Crossover****6.8.1 Memilih Jenis Crossover**

Pilih jenis crossover sesuai representasi: untuk biner gunakan satu titik, dua titik, atau uniform; untuk bernilai riil gunakan aritmetika, BLX- $\alpha$ , atau SBX; untuk permutasi gunakan OX, PMX, atau CX tergantung struktur masalah; representasi dengan panjang variabel membutuhkan operator khusus.

### 6.8.2 Penetapan Parameter

Saran parameter tipikal: mulai dengan laju crossover  $p_c \approx 0.8\text{--}0.9$ ; populasi yang lebih besar dapat mentolerir laju crossover lebih tinggi; masalah yang lebih sulit mungkin mendapat manfaat dari laju yang lebih rendah dan rekombinasi yang lebih konservatif.

### 6.8.3 Pengujian Empiris

Pengujian empiris harus membandingkan beberapa operator crossover, memvariasikan parameter, mengukur keragaman dan konvergensi, serta memasukkan metrik khusus masalah untuk memvalidasi pilihan.

## Bab 7

# Mutasi dan Pembaruan Generasi

Pada bab-bab sebelumnya, kita telah membahas operasi-operasi fundamental Algoritma Genetika (AG) termasuk pengkodean, evaluasi kebugaran, seleksi, dan pindah silang. Bab ini melengkapi pembahasan operator AG dengan mengkaji **mutasi** dan **mekanisme pembaruan generasi** [2, 42]. Operasi-operasi ini sangat penting untuk mempertahankan keragaman genetik dan memastikan kemampuan algoritma untuk mengeksplorasi ruang pencarian secara efektif.

## 7.1 Pengantar Mutasi

Setelah tahap rekombinasi (pindah silang) diterapkan pada semua pasangan kromosom dalam kumpulan kawin, menghasilkan  $N$  kromosom (dengan  $N$  adalah ukuran populasi), AG mengeksekusi operator mutasi pada setiap kromosom tersebut. Mutasi adalah operator kritis yang mencegah konvergensi prematur ke optima lokal, mempertahankan keragaman genetik dalam populasi, memperkenalkan materi genetik baru yang mungkin tidak ada dalam populasi awal, dan menyediakan mekanisme untuk meloloskan diri dari optima lokal.

### 7.1.1 Apa itu Mutasi?

Mutasi adalah proses mengubah nilai satu atau lebih gen dalam genom [20, 30, 6]. Lebih spesifik, mutasi dapat mengubah alel dari gen pada lokus tertentu ke alel lain, membantu menghindari konvergensi prematur (yaitu mencapai hasil suboptimal yang bukan maksimum global), dan menciptakan keturunan yang belum tentu lebih baik dari induknya.

Secara konkret, mutasi mengubah satu atau lebih nilai gen (alel) pada lokus yang dipilih. Perubahan ini bisa acak atau mengikuti aturan stokastik sederhana; tujuan utamanya adalah mempertahankan variasi dalam populasi sehingga proses pencarian dapat terus mengeksplorasi wilayah-wilayah menjanjikan dan baru dari lanskap kebugaran. Mutasi kadang-kadang menghasilkan keturunan yang lebih rendah, tetapi sering kali merupakan satu-satunya mekanisme yang mampu memperkenalkan blok bangunan baru yang mengarah pada perbaikan di masa depan.

**Catatan Penting:** Populasi baru yang dihasilkan dari mutasi tidak dijamin lebih baik dari populasi sebelumnya. Namun, mutasi menyediakan mekanisme esensial untuk mempertahankan keragaman dan mengeksplorasi wilayah baru dari ruang pencarian.

### 7.1.2 Mutasi dalam Algoritma Evolusioner vs. Evolusi Biologis

Dalam evolusi biologis, mutasi biasanya dianggap berbahaya karena organisme kompleks memiliki sistem yang sangat saling bergantung. Namun, dalam Algoritma Evolusioner (AE):

Meskipun mutasi biologis sering merusak pada organisme kompleks, situasinya berbeda dalam Algoritma Evolusioner. Representasi yang digunakan dalam AE biasanya jauh

lebih sederhana dan lebih modular daripada genom biologis, sehingga perubahan kecil dan terlokalisasi dapat menghasilkan variasi konstruktif. Sebagai hasilnya, mutasi dalam AE sering dapat menghasilkan keragaman yang bermanfaat: memutasikan subset kecil dari gen dapat menghasilkan keturunan yang lebih baik tanpa mengganggu komponen fungsional lain dari solusi.

## 7.2 Mutasi untuk Representasi Berbeda

Banyak metode mutasi telah diusulkan dalam literatur [29, 6, 23]. Setiap metode memiliki karakteristik khusus dan mungkin hanya dapat diterapkan pada jenis representasi tertentu. Pemilihan operator mutasi harus kompatibel dengan skema pengkodean kromosom.

### 7.2.1 Mutasi untuk Representasi Biner

Representasi biner menggunakan bentuk mutasi paling sederhana: **mutasi pembalikan bit**.

#### Mutasi Pembalikan Bit

Dalam mutasi pembalikan bit, setiap bit dalam kromosom memiliki probabilitas  $P_m$  (probabilitas mutasi) untuk dibalik: bit dengan nilai 1 menjadi 0, dan bit dengan nilai 0 menjadi 1.

Dalam pengkodean biner, mutasi paling sederhana adalah pembalikan bit: setiap bit secara independen dibalik dengan probabilitas  $P_m$ , sehingga 1 menjadi 0 dan sebaliknya. Operator ini minimal dan tidak bias, dan ketika  $P_m$  kecil, operator ini memberikan perturbasi langka tetapi bermakna pada string bit yang stabil.

**Contoh:**

```
Induk:      1 0 1 1 0 1 0 0
            ^      ^
Keturunan: 1 0 0 1 0 0 0 0
```

Dalam contoh ini, bit pada posisi 3 dan 6 dipilih untuk mutasi dan dibalik.

**Algoritma:**

---

#### Algorithm 12 Mutasi Pembalikan Bit

---

```
for setiap gen  $g_i$  dalam kromosom do
   $r \leftarrow$  bilangan acak dalam  $[0, 1]$ 
  if  $r < P_m$  then
    Balik  $g_i$ : jika  $g_i = 1$  maka  $g_i \leftarrow 0$ , sebaliknya  $g_i \leftarrow 1$ 
  end if
end for
```

---

### 7.2.2 Mutasi untuk Representasi Integer

Representasi integer memerlukan strategi mutasi yang berbeda. Pendekatan umum meliputi pembalikan nilai integer, pemilihan nilai acak, dan mutasi creep.



### Pembalikan Nilai Integer

Menggunakan operasi matematika (+, −, ×, ÷) untuk mengubah nilai gen yang dipilih.

**Contoh:**

Induk:        8   3   7   5   2   1   9   4   6  
                                ^                         ^  
 Keturunan: 8   3   2   5   2   8   9   4   6

Nilai pada posisi 3 dan 6 diubah menggunakan operasi matematika.

### Pemilihan Nilai Acak

Gen yang dipilih diganti dengan nilai yang dipilih secara acak dari rentang yang valid.

**Contoh:** Jika rentang yang valid adalah  $[1, 9]$ :

Induk:        8   3   7   5   2   1   9   4   6  
                                ^  
 Keturunan: 8   3   7   9   2   1   9   4   6

### Mutasi Creep

Menambahkan atau mengurangi nilai integer acak kecil (biasanya  $\pm 1$  atau  $\pm 2$ ) pada gen yang dipilih.

**Contoh:**

Induk:        8   3   7   5   2   1   9   4   6  
                                ^                         ^  
 Keturunan: 8   4   7   5   2   2   9   4   6

Metode ini membuat perubahan kecil dan bertahap serta sangat berguna untuk penyetelan halus solusi.

## 7.2.3 Mutasi untuk Representasi Bernilai Riil

Representasi bernilai riil memiliki karakteristik berbeda dari representasi biner dan integer. Nilai gen dalam representasi riil bersifat kontinu, sedangkan representasi biner dan integer bersifat diskrit. Oleh karena itu, representasi riil memerlukan operator mutasi khusus.

### Mutasi Seragam

Dalam mutasi seragam, gen yang dipilih diganti dengan nilai yang diambil dari distribusi acak seragam dalam rentang valid  $[a, b]$ :

$$x'_i = a + \text{rand}(0, 1) \times (b - a) \quad (7.1)$$

dengan:

- $x'_i$  adalah nilai gen baru
- $a$  dan  $b$  adalah batas bawah dan atas
- $\text{rand}(0, 1)$  menghasilkan bilangan acak dalam  $[0, 1]$

Mutasi ini mirip dengan metode creep untuk representasi integer tetapi menggunakan penambahan bernilai riil. Nilai yang bermutasi dihitung sebagai:

dengan:

- $x_i$  adalah nilai gen asli
- $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$  adalah nilai acak dari distribusi normal (Gaussian) dengan mean 0 dan variansi  $\sigma^2$
- $\sigma$  mengontrol ukuran langkah mutasi

Induk:	2.45	7.89	3.12	9.01	5.67
			^		
Keturunan:	2.45	7.89	3.45	9.01	5.67

Mutasi pada representasi permutasi harus memastikan bahwa kromosom yang dihasilkan tetap valid (semua elemen muncul tepat sekali). Metode khusus telah dikembangkan untuk menjaga validitas sambil memperkenalkan variasi.

Dua posisi gen dipilih secara acak, dan nilainya ditukar.

Induk:        3   1   5   2   7   6   8   4   9  
                       ^                         ^  
Keturunan: 3   1   8   2   7   6   5   4   9

Posisi 3 dan 7 dipilih, sehingga nilai 5 dan 8 ditukar.

---

**Algorithm 13** Mutasi Tukar

$i \leftarrow$ posisi acak dalam kromosom $j \leftarrow$ posisi acak dalam kromosom (berbeda dari $i$ ) Tukar nilai pada posisi $i$ dan $j$
---

Gen pada satu posisi dihapus dan disisipkan pada posisi lain, menggeser gen-gen di antara keduanya.

Induk:        3   1   5   2   7   6   8   4   9  
                   ^                          ^  
Keturunan: 3   1   5   2   7   8   6   4   9

Gen pada posisi 7 (nilai 8) dihapus dan disisipkan setelah posisi 2 (nilai 5).

### Mutasi Acak

Segmen kromosom dipilih, dan gen-gen dalam segmen tersebut diacak secara acak.

**Contoh:**

Induk:        3   1   5   2   7   6   8   4   9  
                       \\_\_\_\_\_/

Keturunan: 3   1   2   6   5   7   8   4   9

Segmen {5, 2, 7, 6} dipilih dan diacak secara acak menjadi {2, 6, 5, 7}.

### Mutasi Inversi

Segmen kromosom dipilih, dan urutan gen dalam segmen tersebut dibalik.

**Contoh:**

Induk:        3   1   5   2   7   6   8   4   9  
                       \\_\_\_\_\_/

Keturunan: 3   1   6   7   2   5   8   4   9

Segmen {5, 2, 7, 6} dibalik menjadi {6, 7, 2, 5}.

## 7.3 Mekanisme Pembaruan Generasi

Setelah operasi seleksi, pindah silang, dan mutasi diterapkan pada populasi, mekanisme pembaruan generasi menentukan individu mana yang bertahan ke generasi berikutnya. Proses ini juga disebut **seleksi penyintas** atau **strategi penggantian**.

### 7.3.1 Model Asli Holland (Penggantian Generasional)

Dalam AG asli Holland [24, 20], semua keturunan menggantikan seluruh populasi induk. Induk dianggap "mati" dan dihapus, sehingga populasi baru sepenuhnya terdiri dari keturunan dan generasi bersifat berbeda dan tidak tumpang tindih.

Dalam model penggantian generasional asli Holland, populasi keturunan sepenuhnya menggantikan induk, menghasilkan generasi yang berbeda dan tidak tumpang tindih. Model ini sederhana dan mudah diimplementasikan serta memberikan pemisahan yang jelas antar generasi. Kelemahan praktis adalah potensi kehilangan induk berkualitas tinggi kecuali mekanisme seperti elitisme digunakan untuk melestarikannya.

### 7.3.2 Model Generasional dengan Elitisme

Dalam model generasional dengan elitisme, populasi berukuran  $N$  kromosom dalam satu generasi digantikan oleh  $N$  individu baru di generasi berikutnya [9, 43]. Namun, untuk melestarikan solusi terbaik,  $k$  kromosom terbaik (elit) dari generasi induk disalin langsung ke generasi berikutnya sementara  $N - k$  posisi yang tersisa diisi dengan keturunan; ini memastikan bahwa solusi terbaik tidak pernah menjadi lebih buruk lintas generasi.

Dalam model generasional dengan elitisme,  $k$  individu teratas dari generasi induk dibawa maju tanpa perubahan dan  $N - k$  posisi yang tersisa diisi oleh keturunan yang baru dihasilkan. Modifikasi sederhana ini menjamin bahwa solusi terbaik-sejauh-ini tidak

hilang, yang menstabilkan pencarian dan sering mempercepat konvergensi. Pilihan  $k$  yang khas adalah kecil (misalnya 1 atau 2), menyeimbangkan pelestarian dan eksplorasi.

**Algoritma:**

---

**Algorithm 14** Model Generasional dengan Elitisme

---

Urutkan populasi induk berdasarkan kebugaran  
 Salin  $k$  individu teratas ke generasi berikutnya (elit)  
 Hasilkan  $N - k$  keturunan melalui seleksi, pindah silang, dan mutasi  
 Tambahkan keturunan ke generasi berikutnya  
 Generasi berikutnya menjadi generasi saat ini

---

**Nilai khas:**  $k = 1$  atau  $k = 2$  (melestarikan 1-2 individu terbaik)

### 7.3.3 Pembaruan Steady-State

Dalam model steady-state [43, 38], tidak semua kromosom digantikan dalam setiap generasi; hanya  $M$  kromosom yang digantikan dengan  $M < N$  (sering  $M = 2$ , ketika satu perkawinan menghasilkan dua keturunan yang menggantikan dua individu). Strategi penggantian meliputi: **ganti induk** (dua keturunan menggantikan dua induknya), **ganti terburuk** (dua keturunan menggantikan dua individu terburuk), dan **ganti tertua** (dua keturunan menggantikan dua individu tertua). Model ini memungkinkan individu baik untuk berpartisipasi dalam beberapa perkawinan, menghasilkan evolusi yang lebih bertahap, memungkinkan induk dan keturunan hidup berdampingan dalam populasi yang sama, dan dapat lebih efisien secara komputasional.

Dalam skema pembaruan steady-state, hanya sejumlah kecil  $M$  individu (dengan  $M < N$ ) yang digantikan pada setiap langkah, yang memungkinkan induk dan keturunan hidup berdampingan dan memungkinkan individu berkualitas tinggi digunakan kembali dalam beberapa perkawinan. Strategi penggantian umum adalah menggantikan induk dari keturunan, menggantikan individu terburuk yang ditemukan dalam populasi, atau menggantikan individu tertua; setiap strategi menekankan trade-off berbeda antara melestarikan keragaman dan mengintensifkan seleksi. Pendekatan steady-state biasanya menghasilkan evolusi yang lebih bertahap dan dapat efisien secara komputasional ketika  $M$  kecil.

### 7.3.4 Pembaruan Kontinu

Dalam pembaruan kontinu, keturunan dan induk dapat hidup berdampingan dalam generasi yang sama; individu dipilih secara acak dari kedua kelompok untuk generasi berikutnya, memberikan tumpang tindih maksimum antar generasi. Metode ini kurang umum digunakan dibandingkan metode pembaruan lainnya.

Skema pembaruan kontinu memungkinkan koeksistensi penuh antara induk dan keturunan dan biasanya memilih individu untuk bertahan dari set gabungan. Ini menghasilkan tumpang tindih generasional maksimum dan populasi yang sangat bercampur, meskipun dalam praktiknya skema seperti itu kurang umum digunakan dibandingkan dengan penggantian generasional atau steady-state.

## 7.4 Parameter AG

Kinerja Algoritma Genetika sangat bergantung pada pengaturan parameter yang tepat [21, 35, 9]. Parameter utama yang perlu dikonfigurasi adalah:

### 7.4.1 Probabilitas Pindah Silang ( $P_c$ )

$P_c$  adalah probabilitas bahwa dua induk akan mengalami pindah silang. Jika  $P_c = 100\%$ , semua keturunan dihasilkan melalui pindah silang; jika  $P_c = 0\%$ , tidak ada pindah silang yang terjadi dan keturunan adalah salinan persis dari induk. Nilai khas berada dalam rentang  $P_c \in [0.65, 0.90]$ . Nilai yang lebih tinggi (0.8–0.9) mendorong eksplorasi, sedangkan nilai yang lebih rendah melestarikan solusi baik tetapi mengurangi keragaman; pengaturan awal standar adalah  $P_c = 0.8$ .

Probabilitas pindah silang  $P_c$  mengontrol seberapa sering rekombinasi terjadi. Nilai mendekati 1 (misalnya 0.8–0.9) mendorong pencampuran agresif materi parental dan oleh karena itu eksplorasi ruang pencarian, sedangkan nilai yang lebih rendah mengkonservasi struktur parental dan memperlambat penciptaan kombinasi baru. Default yang umum digunakan adalah  $P_c \approx 0.8$ , tetapi pilihan akhir tergantung pada karakteristik masalah dan penyetelan empiris.

### 7.4.2 Probabilitas Mutasi ( $P_m$ )

$P_m$  adalah probabilitas bahwa gen dalam kromosom keturunan akan mengalami mutasi. Ketika  $P_m = 100\%$ , semua gen bermutasi (menyebabkan kekacauan), dan ketika  $P_m = 0\%$ , tidak ada mutasi yang terjadi dan tidak ada materi genetik baru yang diperkenalkan. Nilai khas adalah kecil, misalnya  $P_m \in [0.005, 0.01]$  (0.5

Probabilitas mutasi khas sangat kecil sehingga mutasi terjadi jarang; nilai dalam rentang 0.5% hingga 1% per gen adalah titik awal yang umum. Dua heuristik yang umum digunakan adalah  $P_m = 1/L$  (satu mutasi per kromosom rata-rata) atau  $P_m = 1/(N \times L)$  ketika menskalakan mutasi relatif terhadap total evaluasi. Mengatur  $P_m$  terlalu tinggi merusak struktur yang berguna, sedangkan mengaturnya terlalu rendah dapat memungkinkan konvergensi prematur melalui hilangnya keragaman.

$$P_m = \frac{1}{L} \tag{7.3}$$

atau

$$P_m = \frac{1}{N \times L} \tag{7.4}$$

dengan:

- $L$  adalah panjang kromosom (jumlah gen)
- $N$  adalah ukuran populasi

**Alasan:** Probabilitas mutasi sering diatur sehingga, rata-rata, satu mutasi terjadi per kromosom.

### 7.4.3 Ukuran Populasi ( $N$ )

Ukuran populasi harus proporsional dengan volume ruang pencarian. Jika populasi terlalu kecil, mungkin sulit mencapai optimum global dan pencarian dapat konvergen ke optima lokal; jika populasi terlalu besar, ini memberlakukan biaya komputasi yang berat dan dapat tidak perlu. Rentang khas adalah  $N \in [50, 100]$ , tetapi nilai yang tepat harus ditentukan melalui eksperimen dan dipilih sesuai dengan kompleksitas masalah dan sumber daya komputasi yang tersedia.

Ukuran populasi  $N$  memediasi trade-off antara cakupan eksplorasi ruang pencarian dan biaya komputasi. Populasi kecil dapat gagal mewakili keragaman yang cukup dan dapat konvergen ke optima lokal, sedangkan populasi yang terlalu besar meningkatkan waktu eksekusi tanpa keuntungan proporsional. Sebagai panduan praktis, banyak masalah dimulai dengan  $N$  antara 50 dan 100 dan kemudian menyesuaikan berdasarkan kinerja empiris dan sumber daya komputasi yang tersedia.

### 7.4.4 Jumlah Generasi ( $G$ )

Jumlah generasi harus proporsional dengan ukuran populasi dan ukuran ruang pencarian.

Jumlah generasi  $G$  harus dipilih dalam kaitannya dengan  $N$  dan kompleksitas ruang pencarian: masalah yang lebih besar atau lebih kompleks biasanya memerlukan lebih banyak generasi untuk konvergen. Kriteria penghentian umum meliputi jumlah generasi tetap, jumlah evaluasi kebugaran maksimum, tidak ada perbaikan selama  $k$  generasi berturut-turut, mencapai kebugaran target, atau kombinasi yang sesuai dari kondisi-kondisi ini.

### 7.4.5 Pedoman Umum Pengaturan Parameter

**Catatan Penting:** Tidak ada aturan universal untuk memilih parameter AG [44, 21]. Pengaturan yang baik biasanya ditemukan melalui kombinasi heuristik teoritis, pengalaman sebelumnya, dan eksperimen sistematis. Konfigurasi awal yang masuk akal adalah memilih representasi yang sesuai dengan masalah (biner, integer, riil atau permutasi), mengatur ukuran populasi  $N$  dalam puluhan hingga ratusan rendah (misalnya 50–100), menggunakan  $P_c \approx 0.8$ , dan mengatur heuristik mutasi seperti  $P_m \approx 1/L$  (atau varian berskala seperti  $1/(N \times L)$ ) dengan penyetelan selanjutnya berdasarkan hasil.

## 7.5 Studi Observasi Parameter

Untuk memahami efek dari parameter yang berbeda, kami menyajikan studi observasi sistematis.

### 7.5.1 Masalah Uji

**Tujuan:** Meminimalkan fungsi:

$$h(x_1, x_2) = x_1^2 + x_2^2 \quad (7.5)$$

dengan  $x_1, x_2 \in [-10, 10]$

**Fungsi kebugaran:**

$$\text{Kebugaran} = \frac{1}{x_1^2 + x_2^2 + 0.001} \quad (7.6)$$

Konstanta 0.001 ditambahkan untuk menghindari pembagian dengan nol pada titik optimal  $(0, 0)$ .

## 7.5.2 Pengaturan Eksperimental

**Pengaturan eksperimental:** Studi memvariasikan ukuran populasi (50, 100, 200), presisi bit per variabel (10, 50, 90), probabilitas pindah silang ( $P_c \in \{0.5, 0.7, 0.9\}$ ), dan probabilitas mutasi relatif terhadap panjang kromosom (misalnya  $0.5/L$ ,  $1/L$ ,  $2/L$ ). Untuk memastikan perbandingan yang adil, setiap konfigurasi dibatasi oleh maksimum 20.000 individu yang dievaluasi dan diulang 30 kali untuk mendapatkan statistik yang andal.

## 7.5.3 Hasil Sampel

Tabel 7.1 menunjukkan hasil yang dipilih dari studi parameter:

Tabel 7.1: Hasil Observasi Parameter AG

Ukuran Pop	Bit	$P_c$	$P_m$	Rata-rata Kebugaran Terbaik	Rata-rata Evaluasi
50	10	0.5	0.0250	839.55	20000
50	50	0.5	0.0050	1000.00	8301.67
50	50	0.7	0.0100	1000.00	20000
50	90	0.7	0.0056	1000.00	8780.00
100	50	0.7	0.0050	1000.00	14416.67
100	90	0.5	0.0111	1000.00	20000
200	50	0.5	0.0050	1000.00	20000
200	90	0.7	0.0056	1000.00	20000
200	90	0.9	0.0028	1000.00	19866.67

**Pengamatan kunci:** Konfigurasi paling efisien dalam eksperimen ini adalah ukuran populasi 50 dengan 90 bit per variabel,  $P_c = 0.7$  dan  $P_m \approx 0.0056$ , yang secara konsisten mencapai optimum (fitness 1000.00) sambil hanya memerlukan sekitar 8780 evaluasi rata-rata. Mengenai presisi, 10 bit sering kali tidak cukup untuk mencapai optimum, sedangkan 50–90 bit memberikan granularitas yang diperlukan untuk konvergensi yang andal. Populasi yang lebih kecil (misalnya 50) terbukti efisien dalam masalah uji ini, sedangkan populasi yang lebih besar (misalnya 200) menawarkan lebih banyak ketahanan dengan biaya komputasi yang lebih besar — sebuah trade-off klasik antara kecepatan dan keandalan. Probabilitas pindah silang sekitar 0.7 cenderung menyeimbangkan eksplorasi dan eksploitasi secara efektif. Akhirnya, tingkat mutasi rendah pada orde  $1/L$  bekerja paling baik: tingkat yang terlalu tinggi memperkenalkan keacakan yang mengganggu, sementara tingkat yang terlalu rendah mengurangi keragaman dan meningkatkan risiko konvergensi prematur.

## 7.6 Latihan

1. Diberikan dua kromosom induk untuk masalah permutasi:

- Induk 1:  $[1, 2, 7, 3, 4, 9, 8, 6, 5]$

- Induk 2: [5, 4, 3, 9, 1, 2, 6, 8, 7]
- (a) Lakukan Partial-Mapped Crossover (PMX) dengan titik potong pada posisi 2 dan 5
  - (b) Terapkan mutasi inversi pada keturunan dengan segmen mutasi dari lokus 2 hingga 5
2. Untuk GA dengan pengkodean biner dengan panjang kromosom  $L = 50$  dan ukuran populasi  $N = 100$ :
- (a) Hitung probabilitas mutasi yang sesuai menggunakan  $P_m = 1/L$
  - (b) Hitung probabilitas mutasi alternatif menggunakan  $P_m = 1/(N \times L)$
  - (c) Diskusikan mana yang mungkin lebih sesuai dan mengapa
3. Rancang operator mutasi untuk kromosom bernilai riil yang mewakili koordinat  $(x, y)$  di mana  $x, y \in [-100, 100]$ :
- (a) Implementasikan mutasi seragam
  - (b) Implementasikan mutasi Gaussian dengan  $\sigma = 5$
  - (c) Bandingkan perilaku yang diharapkan dari kedua operator
4. Implementasikan dan bandingkan tiga strategi pembaruan generasi:
- (a) Penggantian generasional dengan elitisme ( $k = 2$ )
  - (b) Steady-state dengan penggantian individu terburuk
  - (c) Steady-state dengan penggantian individu tertua
- Diskusikan skenario di mana masing-masing mungkin lebih disukai.
5. Untuk fungsi uji  $f(x_1, x_2) = x_1^2 + x_2^2$  dengan  $x_1, x_2 \in [-10, 10]$ :
- (a) Rancang GA lengkap termasuk semua parameter
  - (b) Jalankan eksperimen dengan kombinasi parameter yang berbeda
  - (c) Analisis parameter mana yang memiliki dampak paling signifikan
  - (d) Usulkan konfigurasi parameter optimal berdasarkan hasil Anda



## Bab 8

# Aplikasi Algoritma Genetika

Bab ini menampilkan aplikasi dunia nyata dari algoritma genetika yang diambil dari materi perkuliahan dan mendemonstrasikan bagaimana konsep GA diterapkan dalam praktik [19, 37, 12].

Salah satu demonstrasi yang paling menarik adalah penerapan algoritma genetika pada AI game. Perkuliahan ini memuat contoh agen berbasis GA yang mengalahkan level pertama Super Mario Bros. dengan kecepatan  $4\times$  [31, 26].

Proyek "Towers of Reus" mendemonstrasikan bagaimana GA dapat digunakan untuk penyeimbangan gameplay. Pengguna membuat peta dengan parameter yang dapat disesuaikan sementara GA mencari konfigurasi yang menghasilkan karakteristik menang/kalah yang diinginkan. Sistem kemudian dapat melaporkan apakah menara terlalu kuat atau terlalu lemah dan menyajikan level yang dapat dikalahkan untuk diuji oleh pemain.

Contoh lain dalam perkuliahan adalah pencarian jalur: masalahnya adalah menemukan jalur terpendek melalui labirin yang kompleks. Pengkodean berupa urutan arah gerakan (atas, bawah, kiri, kanan) [27]. Fungsi fitness yang sesuai adalah kebalikan dari panjang jalur dengan penalti untuk menabrak dinding. Crossover digunakan untuk menggabungkan segmen jalur yang berhasil dan mutasi mengeksplorasi gerakan baru.

Navigasi robot fisik menunjukkan bagaimana GA ditransfer ke aplikasi perangkat keras. Kasus penggunaan meliputi perencanaan jalur real-time dalam lingkungan dinamis, mengintegrasikan data sensor untuk penghindaran rintangan, dan mengevolusi perilaku adaptif berdasarkan umpan balik lingkungan.

Perkuliahan ini juga merujuk contoh-contoh evolusi tersimulasi yang tersedia online di <http://www.wreck.devisland.net/ga/>. Contoh-contoh ini mengilustrasikan fitur seperti evolusi morfologi (perubahan pada struktur tubuh), optimasi pola pergerakan, adaptasi lingkungan, dan kriteria fitness multi-objektif seperti kecepatan, stabilitas, dan efisiensi [10, 11, 25].

Analogi intuitif yang digunakan dalam materi membandingkan populasi individu dengan kemampuan fisik yang bervariasi: seleksi menguntungkan mereka yang melompat lebih tinggi, pewarisan menurunkan sifat ke generasi berikutnya, dan mutasi memperkenalkan variasi teknik acak.

Contoh optimasi praktis adalah perencanaan perjalanan harian. Dalam analogi ini, pilihan rute bertindak sebagai gen, kondisi lalu lintas bertindak sebagai faktor lingkungan, dan waktu serta konsumsi bahan bakar berfungsi sebagai kriteria fitness. Selama generasi berulang sistem dapat belajar untuk memilih rute yang lebih efisien.

Bab ini juga menyoroti hubungan GA dengan paradigma lain: pembelajaran mesin (metode kernel, SVM, model Hidden Markov, metode Bayesian), komputasi lunak (jaringan saraf dan sistem fuzzy), dan pendekatan hibrid seperti pembelajaran penguatan.

Dari sudut pandang konseptual, perkuliahan ini mengontraskan gagasan Lamarck tentang karakteristik yang diperoleh dengan pandangan Darwin-Wallace tentang seleksi. Algoritma genetika mengikuti prinsip Darwin dengan menerapkan variasi acak dan seleksi untuk mencari solusi yang baik. Contoh-contoh visual ini mendemonstrasikan penerapan GA yang luas di berbagai bidang hiburan (AI game dan pembuatan konten prosedural), robotika (perencanaan jalur dan perilaku adaptif), simulasi (kehidupan buatan dan studi

evolusi), optimasi (perencanaan rute dan alokasi sumber daya), dan penelitian (memelajari proses evolusioner). Wawasan kuncinya adalah bahwa GA menyediakan kerangka kerja terpadu untuk menyelesaikan masalah optimasi kompleks di berbagai domain, menjadikannya alat yang serbaguna dalam kecerdasan komputasional.

# Lampiran A

## Implementasi Algoritma

### A.1 Implementasi Algoritma Genetika Dasar

#### A.1.1 Implementasi Python

Listing A.1: Algoritma Genetika Dasar dalam Python

```
1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from typing import List, Tuple, Callable
4
5 class GeneticAlgorithm:
6     def __init__(self,
7                 fitness_func: Callable,
8                 chromosome_length: int,
9                 population_size: int = 100,
10                crossover_rate: float = 0.8,
11                mutation_rate: float = 0.01,
12                elitism: bool = True):
13
14         self.fitness_func = fitness_func
15         self.chromosome_length = chromosome_length
16         self.population_size = population_size
17         self.crossover_rate = crossover_rate
18         self.mutation_rate = mutation_rate
19         self.elitism = elitism
20
21         # Initialize population
22         self.population = self._initialize_population()
23         self.fitness_history = []
24         self.best_individual = None
25         self.best_fitness = float('-inf')
26
27     def _initialize_population(self) -> np.ndarray:
28         """Inisialisasi populasi biner acak"""
29         return np.random.randint(0, 2,
30                                 (self.population_size, self.
31                                  chromosome_length))
32
33     def _evaluate_fitness(self, population: np.ndarray) -> np.
34                           ndarray:
35         """Evaluasi fungsi kesesuaian untuk semua individu"""
36         fitness_values = np.array([self.fitness_func(individual)
37                                   for individual in population])
38         return fitness_values
```

```

37
38     def _tournament_selection(self, population: np.ndarray,
39                               fitness_values: np.ndarray,
40                               tournament_size: int = 3) -> np.
41                                   ndarray:
42         """Seleksi turnamen"""
43         selected = []
44         for _ in range(len(population)):
45             # Pilih individu acak untuk turnamen
46             tournament_indices = np.random.choice(len(population)
47                                                     ,
48                                                     tournament_size,
49                                                     replace=False)
50             tournament_fitness = fitness_values[
51                 tournament_indices]
52             # Pilih pemenang
53             winner_index = tournament_indices[np.argmax(
54                 tournament_fitness)]
55             selected.append(population[winner_index])
56
57         return np.array(selected)
58
59     def _one_point_crossover(self, parent1: np.ndarray,
60                               parent2: np.ndarray) -> Tuple[np.
61                                   ndarray, np.ndarray]:
62         """Persilangan satu titik (one-point crossover)"""
63         if np.random.random() > self.crossover_rate:
64             return parent1.copy(), parent2.copy()
65
66         crossover_point = np.random.randint(1, len(parent1))
67
68         child1 = np.concatenate([parent1[:crossover_point],
69                                   parent2[crossover_point:]])
70         child2 = np.concatenate([parent2[:crossover_point],
71                                   parent1[crossover_point:]])
72
73         return child1, child2
74
75     def _bit_flip_mutation(self, individual: np.ndarray) -> np.
76         ndarray:
77         """Mutasi bit-flip"""
78         mutated = individual.copy()
79         for i in range(len(mutated)):
80             if np.random.random() < self.mutation_rate:
81                 mutated[i] = 1 - mutated[i] # Membalik bit
82
83         return mutated
84
85     def _apply_elitism(self, old_population: np.ndarray,
86                        old_fitness: np.ndarray,
87                        new_population: np.ndarray) -> np.ndarray:

```

```

82         """Terapkan elitisme dengan mempertahankan individu
           terbaik"""
83         if not self.elitism:
84             return new_population
85
86         best_index = np.argmax(old_fitness)
87         best_individual = old_population[best_index]
88
89         # Gantikan individu terburuk di populasi baru dengan yang
           terbaik dari lama
90         new_fitness = self._evaluate_fitness(new_population)
91         worst_index = np.argmin(new_fitness)
92         new_population[worst_index] = best_individual
93
94         return new_population
95
96     def evolve(self, generations: int) -> dict:
97         """Loop evolusi utama"""
98         for generation in range(generations):
99             # Evaluasi kesesuaian
100             fitness_values = self._evaluate_fitness(self.
                population)
101
102             # Lacak individu terbaik
103             max_fitness_idx = np.argmax(fitness_values)
104             if fitness_values[max_fitness_idx] > self.
                best_fitness:
105                 self.best_fitness = fitness_values[
                    max_fitness_idx]
106                 self.best_individual = self.population[
                    max_fitness_idx].copy()
107
108             # Catat statistik
109             self.fitness_history.append({
110                 'generation': generation,
111                 'best_fitness': np.max(fitness_values),
112                 'avg_fitness': np.mean(fitness_values),
113                 'worst_fitness': np.min(fitness_values)
114             })
115
116             # Seleksi
117             selected = self._tournament_selection(self.population
                , fitness_values)
118
119             # Persilangan dan mutasi
120             new_population = []
121             for i in range(0, len(selected), 2):
122                 parent1 = selected[i]
123                 parent2 = selected[(i + 1) % len(selected)]
124
125                 # Persilangan

```

```

126         child1, child2 = self._one_point_crossover(
127             parent1, parent2)
128
129         # Mutasi
130         child1 = self._bit_flip_mutation(child1)
131         child2 = self._bit_flip_mutation(child2)
132
133         new_population.extend([child1, child2])
134
135         new_population = np.array(new_population[:self.
136             population_size])
137
138         # Terapkan elitisme
139         self.population = self._apply_elitism(self.population
140             ,
141             fitness_values,
142             new_population)
143
144         return {
145             'best_individual': self.best_individual,
146             'best_fitness': self.best_fitness,
147             'fitness_history': self.fitness_history
148         }
149
150     def plot_fitness_history(self):
151         """Plot evolusi kesesuaian sepanjang generasi"""
152         generations = [entry['generation'] for entry in self.
153             fitness_history]
154         best_fitness = [entry['best_fitness'] for entry in self.
155             fitness_history]
156         avg_fitness = [entry['avg_fitness'] for entry in self.
157             fitness_history]
158
159         plt.figure(figsize=(10, 6))
160         plt.plot(generations, best_fitness, label='Kesesuaian_
161             Terbaik', linewidth=2)
162         plt.plot(generations, avg_fitness, label='Kesesuaian_Rata
163             -rata', linewidth=2)
164         plt.xlabel('Generasi')
165         plt.ylabel('Kesesuaian')
166         plt.title('Evolusi_Kesesuaian')
167         plt.legend()
168         plt.grid(True, alpha=0.3)
169         plt.show()
170
171     # Example usage
172     def onemax_fitness(individual):
173         """Masalah OneMax: maksimalkan jumlah bit bernilai 1"""
174         return np.sum(individual)
175
176     def sphere_function_binary(individual, bounds=(-5.12, 5.12)):

```

```

169     """Fungsi Sphere dengan encoding biner"""
170     # Dekode biner ke nilai riil
171     x = bounds[0] + (bounds[1] - bounds[0]) * np.sum(individual *
        2*np.arange(len(individual))[:, -1]) / (2*len(individual)
        - 1)
172     return -(x**2) # Negatif karena kita ingin meminimalkan
173
174 # Run GA on OneMax problem
175 if __name__ == "__main__":
176     ga = GeneticAlgorithm(
177         fitness_func=onemax_fitness,
178         chromosome_length=20,
179         population_size=50,
180         crossover_rate=0.8,
181         mutation_rate=0.01
182     )
183
184     result = ga.evolve(generations=100)
185
186     print(f"Individu terbaik: {result['best_individual']}")
187     print(f"Kesesuaian terbaik: {result['best_fitness']}")
188
189     ga.plot_fitness_history()

```

## A.2 Algoritma Genetika Bernilai Riil

Listing A.2: Implementasi GA Bernilai Riil

```

1 import numpy as np
2 from typing import List, Tuple, Callable
3
4 class RealValuedGA:
5     def __init__(self,
6         fitness_func: Callable,
7         dimensions: int,
8         bounds: List[Tuple[float, float]],
9         population_size: int = 100,
10        crossover_rate: float = 0.8,
11        mutation_rate: float = 0.1,
12        mutation_strength: float = 0.1):
13
14        self.fitness_func = fitness_func
15        self.dimensions = dimensions
16        self.bounds = bounds
17        self.population_size = population_size
18        self.crossover_rate = crossover_rate
19        self.mutation_rate = mutation_rate
20        self.mutation_strength = mutation_strength
21
22        self.population = self._initialize_population()

```

```

23         self.fitness_history = []
24
25     def _initialize_population(self) -> np.ndarray:
26         """Inisialisasi populasi bernilai riil acak"""
27         population = np.zeros((self.population_size, self.
28             dimensions))
29         for i in range(self.dimensions):
30             low, high = self.bounds[i]
31             population[:, i] = np.random.uniform(low, high, self.
32                 population_size)
33         return population
34
35     def _blx_alpha_crossover(self, parent1: np.ndarray,
36                             parent2: np.ndarray,
37                             alpha: float = 0.5) -> Tuple[np.
38                                 ndarray, np.ndarray]:
39         """Persilangan BLX-alpha"""
40         if np.random.random() > self.crossover_rate:
41             return parent1.copy(), parent2.copy()
42
43         child1 = np.zeros_like(parent1)
44         child2 = np.zeros_like(parent2)
45
46         for i in range(len(parent1)):
47             min_val = min(parent1[i], parent2[i])
48             max_val = max(parent1[i], parent2[i])
49             interval = max_val - min_val
50
51             low_bound = max(min_val - alpha * interval, self.
52                 bounds[i][0])
53             high_bound = min(max_val + alpha * interval, self.
54                 bounds[i][1])
55
56             child1[i] = np.random.uniform(low_bound, high_bound)
57             child2[i] = np.random.uniform(low_bound, high_bound)
58
59         return child1, child2
60
61     def _gaussian_mutation(self, individual: np.ndarray) -> np.
62         ndarray:
63         """Mutasi Gaussian"""
64         mutated = individual.copy()
65         for i in range(len(mutated)):
66             if np.random.random() < self.mutation_rate:
67                 noise = np.random.normal(0, self.
68                     mutation_strength)
69                 mutated[i] += noise
70
71                 # Pastikan tetap dalam batas
72                 low, high = self.bounds[i]
73                 mutated[i] = np.clip(mutated[i], low, high)

```



```

67         return mutated
68
69
70     def evolve(self, generations: int) -> dict:
71         """Loop evolusi utama"""
72         for generation in range(generations):
73             # Evaluasi kesesuaian
74             fitness_values = np.array([self.fitness_func(ind)
75                                         for ind in self.population])
76
77             # Catat statistik
78             self.fitness_history.append({
79                 'generation': generation,
80                 'best_fitness': np.max(fitness_values),
81                 'avg_fitness': np.mean(fitness_values),
82                 'worst_fitness': np.min(fitness_values)
83             })
84
85             # Seleksi turnamen
86             new_population = []
87             for _ in range(self.population_size // 2):
88                 # Pilih orangtua
89                 parent1_idx = self._tournament_selection(
90                     fitness_values)
91                 parent2_idx = self._tournament_selection(
92                     fitness_values)
93
94                 parent1 = self.population[parent1_idx]
95                 parent2 = self.population[parent2_idx]
96
97                 # Persilangan
98                 child1, child2 = self._blx_alpha_crossover(
99                     parent1, parent2)
100
101                 # Mutasi
102                 child1 = self._gaussian_mutation(child1)
103                 child2 = self._gaussian_mutation(child2)
104
105                 new_population.extend([child1, child2])
106
107             self.population = np.array(new_population)
108
109             # Evaluasi akhir
110             final_fitness = np.array([self.fitness_func(ind)
111                                       for ind in self.population])
112             best_idx = np.argmax(final_fitness)
113
114             return {
115                 'best_individual': self.population[best_idx],
116                 'best_fitness': final_fitness[best_idx],
117                 'fitness_history': self.fitness_history

```

```

115     }
116
117     def _tournament_selection(self, fitness_values: np.ndarray,
118                             tournament_size: int = 3) -> int:
119         """Tournament selection returning index"""
120         tournament_indices = np.random.choice(len(fitness_values)
121                                             ,
122                                             tournament_size,
123                                             replace=False)
124         tournament_fitness = fitness_values[tournament_indices]
125         winner_idx = tournament_indices[np.argmax(
126             tournament_fitness)]
127         return winner_idx
128
129 # Example: Optimize Rastrigin function
130 def rastrigin_function(x):
131     """Fungsi Rastrigin (masalah minimisasi)"""
132     A = 10
133     n = len(x)
134     return -(A * n + np.sum(x**2 - A * np.cos(2 * np.pi * x)))
135
136 # Usage
137 bounds = [(-5.12, 5.12)] * 2 # 2D Rastrigin
138 ga = RealValuedGA(
139     fitness_func=rastrigin_function,
140     dimensions=2,
141     bounds=bounds,
142     population_size=100,
143     mutation_strength=0.1
144 )
145
146 result = ga.evolve(generations=200)
147 print(f"Best solution: {result['best_individual']}")
148 print(f"Best fitness: {result['best_fitness']}")

```

### A.3 Algoritma Genetika untuk Traveling Salesman Problem

Listing A.3: TSP dengan Algoritma Genetika

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from typing import List, Tuple
4
5 class TSP_GA:
6     def __init__(self,
7                 cities: np.ndarray,
8                 population_size: int = 100,
9                 crossover_rate: float = 0.8,

```

```

10         mutation_rate: float = 0.02):
11
12     self.cities = cities
13     self.num_cities = len(cities)
14     self.population_size = population_size
15     self.crossover_rate = crossover_rate
16     self.mutation_rate = mutation_rate
17
18     # Create distance matrix
19     self.distance_matrix = self._calculate_distance_matrix()
20
21     # Initialize population
22     self.population = self._initialize_population()
23
24     def _calculate_distance_matrix(self) -> np.ndarray:
25         """Hitung matriks jarak antar semua kota"""
26         n = self.num_cities
27         distances = np.zeros((n, n))
28
29         for i in range(n):
30             for j in range(n):
31                 if i != j:
32                     distances[i][j] = np.sqrt(
33                         (self.cities[i][0] - self.cities[j][0])
34                         **2 +
35                         (self.cities[i][1] - self.cities[j][1])
36                         **2
37                     )
38         return distances
39
40     def _initialize_population(self) -> List[List[int]]:
41         """Inisialisasi populasi dengan permutasi acak"""
42         population = []
43         for _ in range(self.population_size):
44             tour = list(range(self.num_cities))
45             np.random.shuffle(tour)
46             population.append(tour)
47         return population
48
49     def _calculate_tour_distance(self, tour: List[int]) -> float:
50         """Hitung total jarak sebuah rute (tour)"""
51         total_distance = 0
52         for i in range(len(tour)):
53             from_city = tour[i]
54             to_city = tour[(i + 1) % len(tour)]
55             total_distance += self.distance_matrix[from_city][
56                 to_city]
57         return total_distance
58
59     def _fitness(self, tour: List[int]) -> float:
60         """Fungsi kesesuaian (invers jarak)"""

```

```

58         distance = self._calculate_tour_distance(tour)
59         return 1.0 / (1.0 + distance)
60
61     def _order_crossover(self, parent1: List[int],
62                          parent2: List[int]) -> Tuple[List[int],
63                                                         List[int]]:
64         """Order crossover (OX)"""
65         if np.random.random() > self.crossover_rate:
66             return parent1.copy(), parent2.copy()
67
68         size = len(parent1)
69         start, end = sorted(np.random.choice(size, 2, replace=
70                               False))
71
72         # Buat anak
73         child1 = [None] * size
74         child2 = [None] * size
75
76         # Salin segmen
77         child1[start:end] = parent1[start:end]
78         child2[start:end] = parent2[start:end]
79
80         # Isi posisi yang tersisa
81         self._fill_remaining_ox(child1, parent2, start, end)
82         self._fill_remaining_ox(child2, parent1, start, end)
83
84         return child1, child2
85
86     def _fill_remaining_ox(self, child: List[int], parent: List[
87         int],
88                           start: int, end: int):
89         """Fungsi bantu untuk order crossover"""
90         child_set = set(child[start:end])
91         parent_filtered = [city for city in parent if city not in
92                           child_set]
93
94         # Isi posisi sebelum start
95         for i in range(start):
96             child[i] = parent_filtered.pop(0)
97
98         # Isi posisi setelah end
99         for i in range(end, len(child)):
100             child[i] = parent_filtered.pop(0)
101
102     def _swap_mutation(self, tour: List[int]) -> List[int]:
103         """Mutasi swap"""
104         mutated = tour.copy()
105         if np.random.random() < self.mutation_rate:
106             i, j = np.random.choice(len(tour), 2, replace=False)
107             mutated[i], mutated[j] = mutated[j], mutated[i]
108         return mutated

```

```

105
106     def _tournament_selection(self, fitness_values: List[float],
107                               tournament_size: int = 3) -> int:
108         """Seleksi turnamen"""
109         tournament_indices = np.random.choice(len(fitness_values)
110         ,
111                                               tournament_size,
112                                               replace=False)
113         tournament_fitness = [fitness_values[i] for i in
114                               tournament_indices]
115         winner_idx = tournament_indices[np.argmax(
116             tournament_fitness)]
117         return winner_idx
118
119     def evolve(self, generations: int) -> dict:
120         """Loop evolusi utama"""
121         fitness_history = []
122         best_tour = None
123         best_distance = float('inf')
124
125         for generation in range(generations):
126             # Evaluasi kesesuaian
127             fitness_values = [self._fitness(tour) for tour in
128                               self.population]
129             distances = [self._calculate_tour_distance(tour)
130                           for tour in self.population]
131
132             # Lacak solusi terbaik
133             min_distance_idx = np.argmin(distances)
134             if distances[min_distance_idx] < best_distance:
135                 best_distance = distances[min_distance_idx]
136                 best_tour = self.population[min_distance_idx].
137                     copy()
138
139             # Catat statistik
140             fitness_history.append({
141                 'generation': generation,
142                 'best_distance': np.min(distances),
143                 'avg_distance': np.mean(distances),
144                 'worst_distance': np.max(distances)
145             })
146
147             # Buat populasi baru
148             new_population = []
149
150             # Elitisme: simpan individu terbaik
151             new_population.append(best_tour.copy())
152
153             # Hasilkan sisa populasi
154             while len(new_population) < self.population_size:
155                 # Seleksi

```

```

150         parent1_idx = self._tournament_selection(
151             fitness_values)
152         parent2_idx = self._tournament_selection(
153             fitness_values)
154
155         parent1 = self.population[parent1_idx]
156         parent2 = self.population[parent2_idx]
157
158         # Persilangan
159         child1, child2 = self._order_crossover(parent1,
160             parent2)
161
162         # Mutasi
163         child1 = self._swap_mutation(child1)
164         child2 = self._swap_mutation(child2)
165
166         new_population.extend([child1, child2])
167
168         # Pangkas sesuai ukuran populasi
169         self.population = new_population[:self.
170             population_size]
171
172     return {
173         'best_tour': best_tour,
174         'best_distance': best_distance,
175         'fitness_history': fitness_history
176     }
177
178 def plot_tour(self, tour: List[int], title: str = "Rute
179 Terbaik"):
180     """Plot rute (tour)"""
181     plt.figure(figsize=(10, 8))
182
183     # Plot kota-kota
184     plt.scatter(self.cities[:, 0], self.cities[:, 1],
185                 c='red', s=100, zorder=2)
186
187     # Plot rute
188     tour_cities = self.cities[tour + [tour[0]]] # Tutup loop
189     plt.plot(tour_cities[:, 0], tour_cities[:, 1],
190             'b-', linewidth=2, zorder=1)
191
192     # Tambahkan label kota
193     for i, city in enumerate(self.cities):
194         plt.annotate(str(i), (city[0], city[1]),
195                     xytext=(5, 5), textcoords='offsetpoints',
196                     )
197
198     plt.title(f"{title}\nJarak: {self.
199         _calculate_tour_distance(tour):.2f}")
200     plt.xlabel("Koordinat X")

```

```

194         plt.ylabel("Koordinat_Y")
195         plt.grid(True, alpha=0.3)
196         plt.show()
197
198     # Example usage
199     if __name__ == "__main__":
200         # Buat kota acak
201         np.random.seed(42)
202         num_cities = 20
203         cities = np.random.rand(num_cities, 2) * 100
204
205         # Inisialisasi dan jalankan GA
206         tsp_ga = TSP_GA(cities, population_size=100, mutation_rate
207                          =0.02)
208         result = tsp_ga.evolve(generations=500)
209
210         print(f"Jarak_terbaik: {result['best_distance']:.2f}")
211         print(f"Rute_terbaik: {result['best_tour']}")
212
213         # Plot rute terbaik
214         tsp_ga.plot_tour(result['best_tour'])

```

## A.4 NSGA-II untuk Optimisasi Multi-Objektif

Listing A.4: Implementasi NSGA-II

```

1  import numpy as np
2  from typing import List, Tuple
3
4  class NSGA2:
5      def __init__(self,
6                  objective_functions: List,
7                  num_variables: int,
8                  bounds: List[Tuple[float, float]],
9                  population_size: int = 100,
10                 crossover_rate: float = 0.9,
11                 mutation_rate: float = 0.1):
12
13         self.objective_functions = objective_functions
14         self.num_objectives = len(objective_functions)
15         self.num_variables = num_variables
16         self.bounds = bounds
17         self.population_size = population_size
18         self.crossover_rate = crossover_rate
19         self.mutation_rate = mutation_rate
20
21         # Ensure even population size
22         if self.population_size % 2 != 0:
23             self.population_size += 1
24

```

```

25     def _initialize_population(self) -> np.ndarray:
26         """Inisialisasi populasi acak"""
27         population = np.zeros((self.population_size, self.
28                                 num_variables))
29         for i in range(self.num_variables):
30             low, high = self.bounds[i]
31             population[:, i] = np.random.uniform(low, high, self.
32                                                     population_size)
33         return population
34
35     def _evaluate_objectives(self, population: np.ndarray) -> np.
36         ndarray:
37         """Evaluasi semua fungsi objektif untuk populasi"""
38         objectives = np.zeros((len(population), self.
39                                 num_objectives))
40         for i, individual in enumerate(population):
41             for j, obj_func in enumerate(self.objective_functions
42                                         ):
43                 objectives[i, j] = obj_func(individual)
44         return objectives
45
46     def _dominates(self, obj1: np.ndarray, obj2: np.ndarray) ->
47         bool:
48         """Periksa apakah obj1 mendominasi obj2 (mengasumsikan
49             minimisasi)"""
50         return np.all(obj1 <= obj2) and np.any(obj1 < obj2)
51
52     def _fast_non_dominated_sort(self, objectives: np.ndarray) ->
53         Tuple[List[List[int]], np.ndarray]:
54         """Penyortiran non-dominated cepat"""
55         population_size = len(objectives)
56         domination_count = np.zeros(population_size)
57         dominated_solutions = [[] for _ in range(population_size)
58                                     ]
59         fronts = [[]]
60
61         # Find domination relationships
62         for i in range(population_size):
63             for j in range(population_size):
64                 if i != j:
65                     if self._dominates(objectives[i], objectives[
66                                         j]):
67                         dominated_solutions[i].append(j)
68                     elif self._dominates(objectives[j],
69                                         objectives[i]):
70                         domination_count[i] += 1
71
72                 if domination_count[i] == 0:
73                     fronts[0].append(i)
74
75         # Build subsequent fronts

```



```

65     current_front = 0
66     while len(fronts[current_front]) > 0:
67         next_front = []
68         for i in fronts[current_front]:
69             for j in dominated_solutions[i]:
70                 domination_count[j] -= 1
71                 if domination_count[j] == 0:
72                     next_front.append(j)
73         current_front += 1
74         fronts.append(next_front)
75
76     # Remove empty last front
77     fronts.pop()
78
79     # Assign ranks
80     ranks = np.zeros(population_size)
81     for rank, front in enumerate(fronts):
82         for individual in front:
83             ranks[individual] = rank
84
85     return fronts, ranks
86
87 def _calculate_crowding_distance(self, objectives: np.ndarray
88     ,
89                                     front: List[int]) -> np.
90                                     ndarray:
91     """Hitung crowding distance untuk individu dalam sebuah
92     front"""
93     if len(front) <= 2:
94         return np.full(len(front), float('inf'))
95
96     distances = np.zeros(len(front))
97
98     for obj_idx in range(self.num_objectives):
99         # Sort by objective value
100         sorted_indices = sorted(range(len(front)),
101                                 key=lambda x: objectives[front[
102                                     x], obj_idx])
103
104         # Set boundary points to infinity
105         distances[sorted_indices[0]] = float('inf')
106         distances[sorted_indices[-1]] = float('inf')
107
108         # Calculate distances for middle points
109         obj_range = (objectives[front[sorted_indices[-1]],
110                                 obj_idx] -
111                     objectives[front[sorted_indices[0]],
112                                 obj_idx])
113
114         if obj_range > 0:
115             for i in range(1, len(sorted_indices) - 1):

```

```

110         distance = (objectives[front[sorted_indices[i
111                     + 1]], obj_idx] -
112                     objectives[front[sorted_indices[i -
113                         1]], obj_idx])
114         distances[sorted_indices[i]] += distance /
115         obj_range
116
117     return distances
118
119 def _tournament_selection(self, ranks: np.ndarray,
120                           crowding_distances: np.ndarray,
121                           population_size: int) -> List[int]:
122     """Seleksi turnamen biner berdasarkan rank dan crowding
123     distance"""
124     selected = []
125
126     for _ in range(population_size):
127         # Select two random individuals
128         candidates = np.random.choice(len(ranks), 2, replace=
129             False)
130         i, j = candidates[0], candidates[1]
131
132         # Compare based on rank first, then crowding distance
133         if ranks[i] < ranks[j]:
134             selected.append(i)
135         elif ranks[i] > ranks[j]:
136             selected.append(j)
137         else: # Same rank, compare crowding distance
138             if crowding_distances[i] > crowding_distances[j]:
139                 selected.append(i)
140             else:
141                 selected.append(j)
142
143     return selected
144
145 def _sbx_crossover(self, parent1: np.ndarray, parent2: np.
146     ndarray,
147     eta: float = 20.0) -> Tuple[np.ndarray, np.
148     ndarray]:
149     """Simulated Binary Crossover (SBX)"""
150     if np.random.random() > self.crossover_rate:
151         return parent1.copy(), parent2.copy()
152
153     child1 = np.zeros_like(parent1)
154     child2 = np.zeros_like(parent2)
155
156     for i in range(len(parent1)):
157         if np.random.random() <= 0.5:
158             if abs(parent1[i] - parent2[i]) > 1e-14:
159                 y1, y2 = min(parent1[i], parent2[i]), max(
160                     parent1[i], parent2[i])

```

```

153         # Calculate beta
154         rand = np.random.random()
155         if rand <= 0.5:
156             beta = (2 * rand) ** (1.0 / (eta + 1))
157         else:
158             beta = (1.0 / (2 * (1 - rand))) ** (1.0 /
159                 (eta + 1))
160
161         child1[i] = 0.5 * ((y1 + y2) - beta * (y2 -
162             y1))
163         child2[i] = 0.5 * ((y1 + y2) + beta * (y2 -
164             y1))
165
166         # Ensure bounds
167         low, high = self.bounds[i]
168         child1[i] = np.clip(child1[i], low, high)
169         child2[i] = np.clip(child2[i], low, high)
170     else:
171         child1[i] = parent1[i]
172         child2[i] = parent2[i]
173     else:
174         child1[i] = parent1[i]
175         child2[i] = parent2[i]
176
177     return child1, child2
178
179 def _polynomial_mutation(self, individual: np.ndarray,
180     eta: float = 20.0) -> np.ndarray:
181     """Mutasi polinomial"""
182     mutated = individual.copy()
183
184     for i in range(len(mutated)):
185         if np.random.random() < self.mutation_rate:
186             low, high = self.bounds[i]
187             delta1 = (mutated[i] - low) / (high - low)
188             delta2 = (high - mutated[i]) / (high - low)
189
190             rand = np.random.random()
191             mut_pow = 1.0 / (eta + 1.0)
192
193             if rand <= 0.5:
194                 xy = 1.0 - delta1
195                 val = 2.0 * rand + (1.0 - 2.0 * rand) * (xy
196                     ** (eta + 1.0))
197                 deltaq = val ** mut_pow - 1.0
198             else:
199                 xy = 1.0 - delta2
200                 val = 2.0 * (1.0 - rand) + 2.0 * (rand - 0.5)
201                     * (xy ** (eta + 1.0))
202                 deltaq = 1.0 - val ** mut_pow

```

```

199         mutated[i] += deltaq * (high - low)
200         mutated[i] = np.clip(mutated[i], low, high)
201
202     return mutated
203
204
205 def evolve(self, generations: int) -> dict:
206     """Loop evolusi NSGA-II utama"""
207     # Inisialisasi populasi
208     population = self._initialize_population()
209
210     for generation in range(generations):
211         # Evaluasi objektif
212         objectives = self._evaluate_objectives(population)
213
214         # Penyortiran non-dominated
215         fronts, ranks = self._fast_non_dominated_sort(
216             objectives)
217
218         # Hitung crowding distances
219         crowding_distances = np.zeros(len(population))
220         for front in fronts:
221             if len(front) > 0:
222                 distances = self._calculate_crowding_distance
223                     (objectives, front)
224                 for i, individual_idx in enumerate(front):
225                     crowding_distances[individual_idx] =
226                         distances[i]
227
228         # Seleksi untuk mating pool
229         mating_pool_indices = self._tournament_selection(
230             ranks, crowding_distances,
231             self.
232                 population_size
233             )
234
235         mating_pool = population[mating_pool_indices]
236
237         # Buat keturunan melalui persilangan dan mutasi
238         offspring = []
239         for i in range(0, self.population_size, 2):
240             parent1 = mating_pool[i]
241             parent2 = mating_pool[i + 1]
242
243             child1, child2 = self._sbx_crossover(parent1,
244                 parent2)
245             child1 = self._polynomial_mutation(child1)
246             child2 = self._polynomial_mutation(child2)
247
248             offspring.extend([child1, child2])
249
250         offspring = np.array(offspring)

```

```

243     # Gabungkan populasi orangtua dan keturunan
244     combined_population = np.vstack([population,
245                                     offspring])
246     combined_objectives = self._evaluate_objectives(
247         combined_population)
248
249     # Seleksi lingkungan
250     combined_fronts, combined_ranks = self.
251         _fast_non_dominated_sort(combined_objectives)
252
253     new_population = []
254     front_idx = 0
255
256     # Tambah front lengkap
257     while (len(new_population) + len(combined_fronts[
258         front_idx]) <= self.population_size):
259         for individual_idx in combined_fronts[front_idx]:
260             new_population.append(individual_idx)
261             front_idx += 1
262
263         if front_idx >= len(combined_fronts):
264             break
265
266     # Tambah front parsial jika diperlukan
267     if len(new_population) < self.population_size and
268         front_idx < len(combined_fronts):
269         last_front = combined_fronts[front_idx]
270         crowding_distances = self.
271             _calculate_crowding_distance(
272                 combined_objectives, last_front)
273
274         # Urutkan berdasarkan crowding distance (menurun)
275         sorted_indices = sorted(range(len(last_front)),
276                                key=lambda x:
277                                    crowding_distances[x],
278                                reverse=True)
279
280         remaining_slots = self.population_size - len(
281             new_population)
282         for i in range(remaining_slots):
283             new_population.append(last_front[
284                 sorted_indices[i]])
285
286     # Perbarui populasi
287     population = combined_population[new_population]
288
289     # Evaluasi akhir dan kembalikan front Pareto
290     final_objectives = self._evaluate_objectives(population)
291     fronts, _ = self._fast_non_dominated_sort(
292         final_objectives)

```

```

282         pareto_front_indices = fronts[0]
283         pareto_front_solutions = population[pareto_front_indices]
284         pareto_front_objectives = final_objectives[
285             pareto_front_indices]
286
287         return {
288             'pareto_front_solutions': pareto_front_solutions,
289             'pareto_front_objectives': pareto_front_objectives,
290             'final_population': population,
291             'final_objectives': final_objectives
292         }
293
294 # Example: Minimize two objectives (ZDT1 problem)
295 def objective1(x):
296     return x[0]
297
298 def objective2(x):
299     g = 1 + 9 * np.sum(x[1:]) / (len(x) - 1)
300     h = 1 - np.sqrt(x[0] / g)
301     return g * h
302
303 # Usage
304 if __name__ == "__main__":
305     objectives = [objective1, objective2]
306     bounds = [(0, 1)] * 10 # 10-dimensi
307
308     nsga2 = NSGA2(objectives, 10, bounds, population_size=100)
309     result = nsga2.evolve(generations=250)
310
311     # Plot front Pareto
312     pareto_objectives = result['pareto_front_objectives']
313     plt.figure(figsize=(10, 6))
314     plt.scatter(pareto_objectives[:, 0], pareto_objectives[:, 1],
315                 c='red', alpha=0.7)
316     plt.xlabel('Objektif_1')
317     plt.ylabel('Objektif_2')
318     plt.title('Front_Pareto')
319     plt.grid(True, alpha=0.3)
320     plt.show()

```

# Lampiran B

## Contoh Praktis dan Studi Kasus

### B.1 Masalah Optimasi Fungsi

#### B.1.1 OneMax

OneMax adalah contoh sederhana untuk algoritma genetika biner. Tujuan: maksimalkan jumlah bit 1 dalam kromosom.

$$f(x) = \sum_{i=1}^n x_i \quad (\text{B.1})$$

#### B.1.2 Beberapa Fungsi Benchmark

- **Sphere:**  $f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n x_i^2$ , domain  $[-5.12, 5.12]^n$ , minimum global di  $\mathbf{0}$ .
- **Rastrigin:** multimodal,  $f(\mathbf{x}) = An + \sum [x_i^2 - A \cos(2\pi x_i)]$ ,  $A = 10$ .
- **Rosenbrock:** lembah sempit,  $f(\mathbf{x}) = \sum [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (1 - x_i)^2]$ .

### B.2 Masalah Optimasi Kombinatorial

#### B.2.1 TSP

Traveling Salesman Problem: temukan rute terpendek yang melewati semua kota sekali dan kembali ke awal. Pada GA digunakan encoding permutasi dan operator khusus (PMX, OX), serta langkah perbaikan lokal.

#### B.2.2 Knapsack 0/1

Pilih item untuk memaksimalkan nilai dengan batas bobot  $W$ :

$$\max \sum_{i=1}^n v_i x_i \quad (\text{B.2})$$

$$\text{exts.t.} \sum_{i=1}^n w_i x_i \leq W, \quad x_i \in \{0, 1\}. \quad (\text{B.3})$$

### B.3 Aplikasi Dunia Nyata

#### B.3.1 Pelatihan Jaringan Syaraf

GA dapat mengoptimalkan bobot atau arsitektur jaringan dengan encoding vektor real; contoh metrik:  $fitness = 1/(1 + MSE)$ .

### B.3.2 Seleksi Fitur

Encoding biner memungkinkan GA memilih subset fitur. Tujuan sering kali multi-objektif: maksimalkan performa sambil minimalkan jumlah fitur.

### B.3.3 Penjadwalan

Job shop scheduling dapat direpresentasikan dengan permutasi atau prioritas; GA sering digabungkan dengan pencarian lokal (2-opt, 3-opt).

## B.4 Panduan Penyetelan Singkat

- Ukuran populasi: sederhana 50–100, sedang 100–500, kompleks 500–2000.
- Crossover: umum 0.7–0.9.
- Mutasi: binary  $1/L$ , real 0.01–0.1.
- Seleksi: turnamen (size 2–7) untuk mengatur tekanan seleksi.

## B.5 Analisis Performa

Gunakan metrik: best/average fitness, keberagaman, success rate. Jalankan 20–30 trial independen, laporkan mean, std, best, worst, dan lakukan uji statistik bila perlu.

## B.6 Kendala Umum dan Solusi

- Konvergensi dini: tingkatkan populasi, kurangi tekanan seleksi, tingkatkan mutasi, gunakan mekanisme pelestarian keberagaman.
- Konvergensi lambat: tingkatkan tekanan seleksi, tambahkan pencarian lokal.
- Kendala: gunakan penalti adaptif, repair, atau pendekatan multi-objektif.

## B.7 Teknik Lanjutan

Hibridisasi (memetic algorithms), kontrol parameter adaptif/self-adaptive, dan paralelisasi (master-slave, island model, cellular GA) sering meningkatkan performa.

## B.8 Ringkasan

Ringkasan singkat: desain representasi, tuning parameter, validasi statistik, dan penggunaan teknik hibrida adalah kunci keberhasilan penerapan GA.

- Sedikit perbaikan selama banyak generasi
- Keberagaman populasi tetap tinggi



- Perilaku seperti random walk

extbfSolusi:

- Tingkatkan tekanan seleksi
- Kurangi laju mutasi
- Terapkan pencarian lokal (GA hibrida)
- Gunakan inisialisasi yang lebih baik
- Sesuaikan operator crossover

### B.8.1 Masalah Penanganan Kendala

extbfMasalah Umum:

- Semua individu melanggar kendala
- Wilayah feasibel terlalu kecil
- Koefisien penalti disetel buruk

extbfSolusi:

- Gunakan mekanisme perbaikan
- Terapkan operator khusus
- Implementasikan pelestarian feasibilitas
- Gunakan pendekatan multi-objektif
- Sesuaikan bobot penalti secara dinamis

## B.9 Teknik Lanjutan

### B.9.1 Genetic Algorithms Hibrida

Gabungkan GA dengan metode pencarian lokal:

- **Memetic algorithms:** GA + pencarian lokal
- **Evolusi Lamarckian:** Mewariskan solusi yang telah diperbaiki
- **Evolusi Baldwinian:** Gunakan pencarian lokal hanya untuk evaluasi fitness

### B.9.2 Kontrol Parameter Adaptif

Sesuaikan parameter GA secara otomatis selama evolusi:

- **Deterministik:** Jadwal pra-definisi
- **Adaptif:** Berdasarkan keadaan populasi
- **Self-adaptive:** Parameter berevolusi bersama populasi

### B.9.3 Parallel Genetic Algorithms

Distribusikan komputasi ke beberapa prosesor:

- **Master-slave:** Evaluasi fitness paralel
- **Island model:** Beberapa populasi dengan migrasi
- **Cellular GA:** Struktur populasi spasial

## B.10 Praktik Terbaik Implementasi

### B.10.1 Organisasi Kode

- Pisahkan representasi dari operator
- Gunakan desain modular untuk kemudahan pengujian
- Implementasikan generator bilangan acak yang baik
- Tambahkan logging dan kemampuan visualisasi

### B.10.2 Pengujian dan Validasi

- Uji pada masalah benchmark yang dikenal
- Verifikasi operator menjaga validitas solusi
- Periksa kualitas generator bilangan acak
- Profil dulu hambatan performa

### B.10.3 Dokumentasi

- Dokumentasikan pilihan parameter dan alasannya
- Catat detail pengaturan eksperimen
- Pertahankan kontrol versi
- Bagikan hasil yang dapat direproduksi

## B.11 Ringkasan Bab

Bab ini menyajikan contoh praktis dan studi kasus yang menunjukkan penerapan algoritma genetika pada berbagai domain masalah. Pelajaran penting meliputi pentingnya desain representasi yang tepat, penyetelan parameter, dan analisis performa. Memahami kendala umum dan solusinya sangat krusial untuk implementasi GA yang berhasil.

## B.12 Poin Penting

- Representasi masalah sangat menentukan keberhasilan GA
- Pengaturan parameter harus sesuai karakteristik masalah
- Validasi statistik memastikan hasil yang dapat dipercaya
- Pendekatan hibrida seringkali mengungguli GA murni
- Pengetahuan domain harus memandu desain operator
- Pengujian dan dokumentasi yang baik adalah esensial



# Bibliografi

- [1] Course material week 4 - crossover. Course material.
- [2] Course material week 9 - mutation and update generation. Course material.
- [3] Selection - introduction to genetic algorithms - tutorial with interactive java applets. <https://www.obitko.com/tutorials/genetic-algorithms/selection.php>. Retrieved September 30, 2025.
- [4] Algorithm Afternoon. Chapter 4 - selection strategies. [https://algorithmafternoon.com/books/genetic\\_algorithm/chapter04/](https://algorithmafternoon.com/books/genetic_algorithm/chapter04/). Retrieved September 30, 2025.
- [5] Algorithm Afternoon. Ranked selection genetic algorithm. [https://algorithmafternoon.com/genetic/ranked\\_selection\\_genetic\\_algorithm/](https://algorithmafternoon.com/genetic/ranked_selection_genetic_algorithm/). Retrieved September 30, 2025.
- [6] Thomas Bäck. *Evolutionary algorithms in theory and practice: evolution strategies, evolutionary programming, genetic algorithms*. Oxford University Press, Oxford, UK, 1996.
- [7] James E Baker. Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm. *Proceedings of the second international conference on genetic algorithms*, pages 14–21, 1987.
- [8] Shih-Hsin Chen, Min-Chih Chen, Pei-Chann Chang, and V. Mani. Multiple parents crossover operators: A new approach removes the overlapping solutions for sequencing problems. *Applied Mathematical Modelling*, 37(5):2737–2746, 2013.
- [9] Kenneth A De Jong. An analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems. 1975. PhD thesis.
- [10] Kalyanmoy Deb. *Multi-objective optimization using evolutionary algorithms*. John Wiley & Sons, Chichester, UK, 2001.
- [11] Kalyanmoy Deb, Amrit Pratap, Sameer Agarwal, and TAMT Meyarivan. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: Nsga-ii. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 6(2):182–197, 2002.
- [12] Agoston E Eiben and James E Smith. *Introduction to evolutionary computing*. Springer, 2nd edition, 2015.
- [13] S. M. Elsayed, R. A. Sarker, and D. L. Essam. GA with a new multi-parent crossover for constrained optimization. In *2011 IEEE Congress of Evolutionary Computation (CEC)*, pages 857–864, New Orleans, LA, USA, 2011.
- [14] Larry J Eshelman. The chc adaptive search algorithm: How to have safe search when engaging in nontraditional genetic recombination. *Foundations of genetic algorithms*, 1:265–283, 1991.

- [15] A. M. Fajrin and C. Fatichah. Multi-parent order crossover mechanism of genetic algorithm for minimizing violation of soft constraint on course timetabling problem. *Register: Jurnal Ilmiah Teknologi Sistem Informasi*, 6(1):43–51, 2020.
- [16] David B Fogel. Evolutionary programming: an introduction and some current directions. *Statistics and computing*, 5(2):103–109, 1995.
- [17] David B Fogel. *Evolutionary computation: toward a new philosophy of machine intelligence*. John Wiley & Sons, 3rd edition, 2006.
- [18] GeeksforGeeks. Crossover in genetic algorithm. <https://www.geeksforgeeks.org/machine-learning/crossover-in-genetic-algorithm/>. Retrieved November 3, 2025.
- [19] Mitsuo Gen and Runwei Cheng. *Genetic algorithms and engineering optimization*. Wiley-Interscience, 2007.
- [20] David E Goldberg. *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*. Addison-Wesley, Reading, MA, 1989.
- [21] John J Grefenstette. Optimization of control parameters for genetic algorithms. *IEEE Transactions on systems, man, and cybernetics*, 16(1):122–128, 1986.
- [22] H. Gu, H. C. Lam, and Y. Zinder. A hybrid genetic algorithm for scheduling jobs sharing multiple resources under uncertainty. *EURO Journal on Computational Optimization*, 10:100050, 2022.
- [23] Randy L Haupt and Sue Ellen Haupt. *Practical genetic algorithms*. 2004.
- [24] John H Holland. *Adaptation in natural and artificial systems*. University of Michigan Press, Ann Arbor, MI, 1975.
- [25] Jeffrey Horn, Nicholas Nafpliotis, and David E Goldberg. A niched pareto genetic algorithm for multiobjective optimization. *Proceedings of the first IEEE conference on evolutionary computation*, pages 82–87, 1994.
- [26] John R Koza. *Genetic programming: on the programming of computers by means of natural selection*. MIT Press, Cambridge, MA, 1992.
- [27] Pedro Larrañaga, Cindy MH Kuijpers, Roberto H Murga, Iñaki Inza, and Sejla Dizdarevic. Genetic algorithms for the travelling salesman problem: a review of representations and operators. *Artificial intelligence review*, 13(2):129–170, 1999.
- [28] N. Majhi and R. Mishra. A novel hybrid genetic algorithm and nelder-mead approach and it’s application for parameter estimation. *F1000Research*, 13:1073, 2025.
- [29] Zbigniew Michalewicz. *Genetic algorithms+ data structures= evolution programs*. 1996.
- [30] Melanie Mitchell. *An introduction to genetic algorithms*. MIT Press, Cambridge, MA, 1996.

- [31] David J Montana and Lawrence Davis. Training feedforward neural networks using genetic algorithms. *Proceedings of the Eleventh international joint conference on Artificial intelligence*, 1:762–767, 1989.
- [32] S. H. Murad, N. B. Tayfor, N. H. Mahmood, and L. Arman. Hybrid genetic algorithms-driven optimization of machine learning models for heart disease prediction. *MethodsX*, 15:103510, 2025.
- [33] IM Oliver, DJ Smith, and John RC Holland. A study of permutation crossover operators on the traveling salesman problem. *Proceedings of the Second International Conference on Genetic Algorithms*, pages 224–230, 1987.
- [34] Colin R Reeves. *Modern heuristic techniques for combinatorial problems*. John Wiley & Sons, New York, 1993.
- [35] J David Schaffer, Rich A Caruana, Larry J Eshelman, and Rajarshi Das. A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimization. *Proceedings of the third international conference on genetic algorithms*, pages 51–60, 1989.
- [36] E. Shams. Resolving the exploration-exploitation dilemma in evolutionary algorithms: A novel human-centered framework. *arXiv preprint*, 2025.
- [37] S. N. Sivanandam and S. N. Deepa. *Introduction to genetic algorithms*. Springer, 2008.
- [38] J. Smith and F. Vavak. Replacement strategies in steady state genetic algorithms: Static environments. pages 219–234, 1998.
- [39] William M Spears. Crossover or mutation? *Foundations of genetic algorithms*, 2:221–237, 1993.
- [40] Mandavilli Srinivas and Lalit M Patnaik. Genetic algorithms: a survey. *Computer*, 27(6):17–26, 1994.
- [41] Tutorialspoint. Genetic algorithms - crossover. [https://www.tutorialspoint.com/genetic\\_algorithms/genetic\\_algorithms\\_crossover.htm](https://www.tutorialspoint.com/genetic_algorithms/genetic_algorithms_crossover.htm). Retrieved November 3, 2025.
- [42] Tutorialspoint. Genetic algorithms - mutation. [https://www.tutorialspoint.com/genetic\\_algorithms/genetic\\_algorithms\\_mutation.htm](https://www.tutorialspoint.com/genetic_algorithms/genetic_algorithms_mutation.htm). Retrieved November 22, 2025.
- [43] Darrell Whitley. A genetic algorithm tutorial. *Statistics and computing*, 4(2):65–85, 1994.
- [44] David H Wolpert and William G Macready. No free lunch theorems for optimization. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 1(1):67–82, 1997.
- [45] E. T. Yassen, M. Ayob, M. Z. A. Nazri, and N. R. Sabar. Multi-parent insertion crossover for vehicle routing problem with time windows. In *2012 4th Conference on Data Mining and Optimization (DMO)*, pages 103–108, Langkawi, Malaysia, 2012.

- [46] Betul Sultan Yıldız, S. Kumar, Natee Panagant, P. Mehta, S. M. Sait, Ali Riza Yıldız, Nantiwat Pholdee, Sujin Bureerat, and Seyedali Mirjalili. A novel hybrid arithmetic optimization algorithm for solving constrained optimization problems. *Knowledge-Based Systems*, 271:110554, 2023.