

Pendekatan Algoritma Genetika pada Peminimalan Fungsi Ackley menggunakan Representasi Biner

Jusmawati Massalesse*

Abstrak

Tulisan ini dimaksudkan untuk memperlihatkan proses kerja Algoritma Genetika pada masalah optimisasi yang menggunakan kode biner. Tujuannya adalah menemukan nilai minimum dari fungsi Ackley pada interval $[-5,5]$. Berdasarkan simulasi yang disusun dalam bentuk program komputer yang menggunakan software Matlab diperoleh bahwa nilai minimum fungsi Ackley pada interval tersebut adalah -0.005456 . Nilai ini merupakan konversi dari solusi berbentuk string biner yang merupakan representasi dari titik $(-0.000002, 0.000000)$.

Kata Kunci : Algoritma Genetika, fungsi Ackley, fungsi obyektif, fungsi fitness.

1. Pendahuluan

Formulasi dalam model atau persamaan matematika biasanya dibangun dari permasalahan optimisasi tanpa kendala berupa pemaksimalan atau peminimalan fungsi yang berbentuk:

$$\min/ \max f(x)$$

$$s.t \ x \in \Omega$$

dimana f adalah fungsi bernilai riil dan $\Omega \subseteq E^n$ adalah himpunan solusi yang mungkin (feasible solution).

Titik $x^* \in \Omega$ disebut minimum local dari f atas Ω jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian sehingga $f(x) \geq f(x^*)$ untuk setiap x yang memenuhi $|x - x^*| < \varepsilon$. Titik $x^* \in \Omega$ disebut minimum global dari f atas Ω jika $f(x) \geq f(x^*)$ untuk setiap $x \in \Omega$. Syarat cukup dari minimum global/lokal biasanya didasarkan pada kalkulus differensial dari f . Tetapi penentuan minimum global menjadi tidak mudah apabila fungsi f merupakan fungsi multidimensional yang terdiri dari beberapa minimum lokal, karena ada kemungkinan solusi yang dihasilkan bukan merupakan nilai minimum global. Untuk permasalahan seperti ini, diperlukan suatu teknik pencarian yang dapat menjangkau keseluruhan ruang solusi untuk menghindari *pencarian* terjebak pada titik minimum lokal.

2. Landasan Teori

2.1 Fungsi Ackley

Fungsi Ackley merupakan fungsi yang kontinu dan multimodal. Karakteristik dari fungsinya adalah terdapat banyak titik minimum lokal pada persekitaran yang sangat dekat (sebagaimana diperlihatkan pada Gambar 1.), sehingga proses pencarian solusi bisa terjebak pada

* Staf pengajar pada Jurusan Matematika F.MIPA Universitas Hasanuddin Makassar
mail:jusmawati2004@yahoo.com

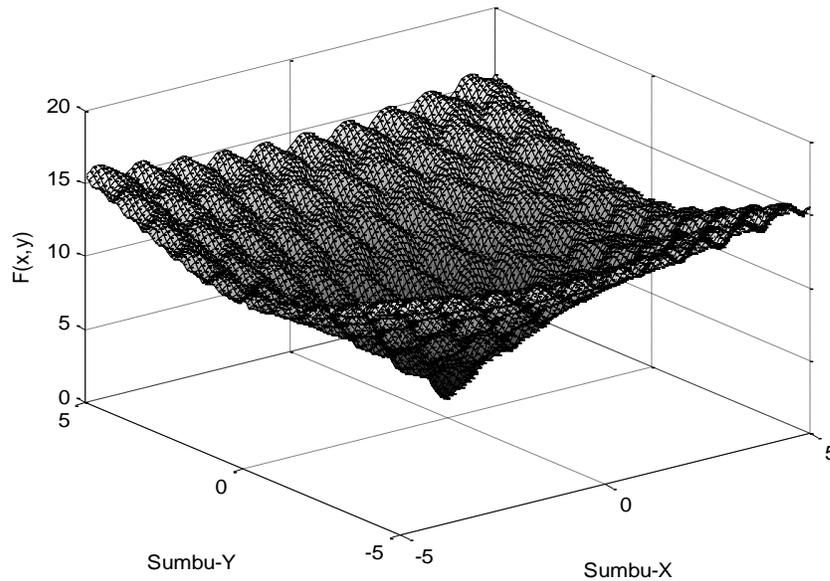
nilai minimum lokal. Fungsi tersebut merupakan kombinasi fungsi eksponensial dan fungsi kosinus, dan didefinisikan sebagai berikut:

$$\min f(x_1, x_2) = -c_1 \cdot \exp \left[-c_2 \sqrt{\frac{1}{2} \sum_{j=1}^2 x_j^2} \right] - \exp \left[\frac{1}{2} \sum_{j=1}^2 \cos(c_3 \cdot x_j) \right] + c_1 + e \quad (1)$$

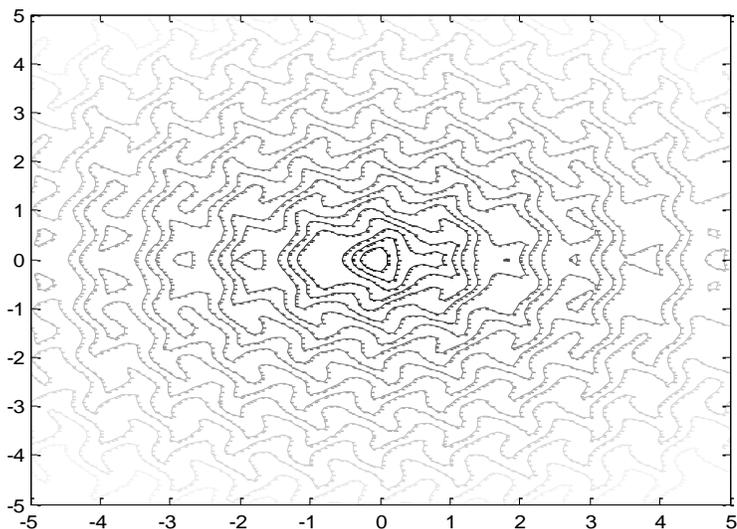
dimana: $-5 \leq x_j \leq 5$, $j = 1, 2$

$$c_1 = 20, c_2 = 0.2, c_3 = 2\pi, e = 2.71282$$

Gambar 1: Grafik Fungsi Ackley



Peta contour dari fungsi Ackley seperti diperlihatkan pada Gambar 2. memperlihatkan bahwa terdapat banyak nilai minimum lokal dari fungsi Ackley.



Gambar 2.

2.2. Algoritma Genetika

Sebagai algoritma pencarian evolusioner, Algoritma Genetika melakukan pencarian dengan meniru mekanisme evolusi yang terjadi di alam sesungguhnya. Proses diawali dengan *membangkitkan populasi* yang terdiri dari sekumpulan titik-titik atau individu yang selanjutnya disebut kromosom. Kromosom tersusun atas satuan terkecil yang disebut gen, sedangkan posisi gen dalam kromosom disebut lokus. Nilai dari gen disebut allele. Setiap kromosom memiliki nilai ukuran yang disebut *nilai fitness*.

Proses evolusi dilakukan pertama kali dengan *menyeleksi kromosom*. Seleksi dilakukan berdasarkan nilai fitness. Kromosom yang memiliki nilai fitness tinggi memiliki peluang lebih besar untuk terseleksi dibandingkan dengan kromosom yang nilai fitnessnya lebih kecil. Setelah seleksi kromosom, proses selanjutnya adalah melakukan penukaran posisi gen antara 2 individu berdasarkan titik penyilangan yang dipilih secara acak. Proses ini dikenal sebagai penyilangan atau *crossover*. Selanjutnya dilakukan *mutasi* dengan cara mengubah allele pada suatu lokus dari suatu kromosom. Seleksi kromosom, crossover dan mutasi dikenal sebagai *operator* genetika.

Terdapat banyak cara dan metode untuk melakukan reproduksi, crossover dan mutasi. Cara dan metode yang dipilih disesuaikan dengan permasalahan yang sedang dihadapi. Di dalam tulisan ini, metode yang digunakan adalah:

a. Reproduksi

Model reproduksi yang digunakan disini adalah reproduksi roulette-wheel yang prosesnya mengikuti cara kerja meja roulette, dimana kromosom yang memiliki selisih peluang kumulatif lebih besar dengan kromosom sebelumnya berpeluang lebih besar untuk terseleksi kembali sebagai kromosom pada generasi selanjutnya. Proses seleksi dilakukan dengan membangkitkan bilangan acak r sebanyak jumlah kromosom didalam populasi. Parameter-parameter yang digunakan dalam melakukan reproduksi adalah total fitness, peluang fitness dan peluang kumulatif

b. Crossover atau penyilangan

Penyilangan dilakukan untuk mendapatkan kromosom baru yang masih mewarisi sifat-sifat kromosom induk. Bentuk penyilangan yang dapat dilakukan antara lain: metode *one-cut*

point, *two-cut point*, *uniform-cut point*, *convex crossover*, *affine crossover* dan masih banyak lagi yang lain. Pemilihan metode yang digunakan disesuaikan dengan permasalahan yang sedang dihadapi. Di dalam tulisan ini digunakan metode *one-cut point*, di mana 2 kromosom dipasangkan secara acak, kemudian dipilih 1 titik penyilangan yang akan menentukan posisi pemotongan kromosom

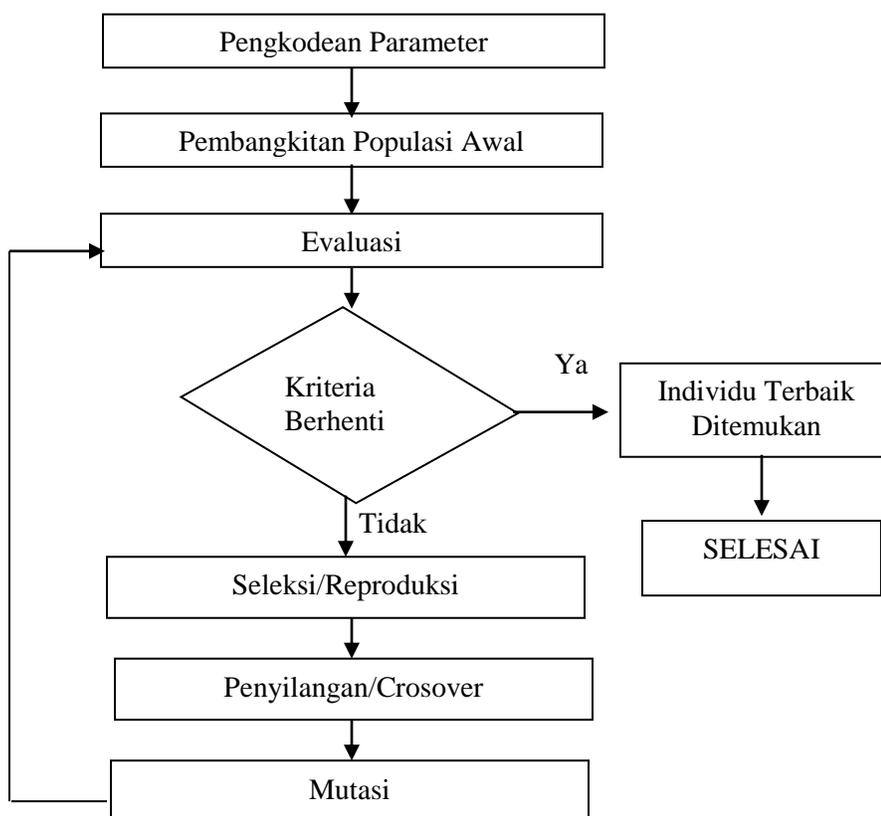
c. Mutasi

Operator mutasi diperlukan untuk menampilkan keragaman individu yang kemungkinan tidak muncul melalui operator reproduksi dan persilangan saja. Gen yang terkena mutasi akan berubah secara acak menjadi gen bernilai lain.

Populasi yang telah melewati operator mutasi adalah populasi yang telah melewati satu kali proses evolusi. Populasi ini selanjutnya disebut **Populasi Generasi Pertama**. Proses evolusi dilakukan secara terus menerus sampai nilai fitness konvergen ke satu titik.

3. Pembahasan dan Hasil

Secara umum, proses pencarian solusi yang dilakukan dengan Algoritma Genetika mengikuti alur kerja sebagai berikut:



1. Pengkodean Parameter

Pengkodean parameter menjadi string biner dimaksudkan untuk melakukan transformasi pada variabel $x \in (-5,5)$ menjadi string dengan panjang m dimana setiap bit di dalam string bernilai 1 atau 0. Dengan menggunakan presisi n angka di belakang tanda

decimal, maka domain $X=(-5,5)$ terbagi menjadi paling sedikit $(-5-5) \times 10^n$ sub interval. Variabel x_j dikonversi menjadi string biner dengan panjang m_j yang ditetapkan melalui rumus sebagai berikut:

$$2^{m_j-1} < (5+5) \cdot 10^n \leq 2^{m_j} - 1 \quad (2)$$

Selanjutnya transformasi dari string biner ke bilangan riil x_j ditetapkan melalui rumus:

$$x_j = a_j + decimal(substring) \cdot \frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1} \quad (3)$$

dimana $decimal(substring)$ merupakan nilai desimal untuk $substring_j$ yang bersesuaian dengan variabel x_j .

Penelitian ini menggunakan presisi 6 angka dibelakang tanda desimal. Berdasarkan (2), panjang bit untuk variabel x_j , $j=1,2$ adalah 20.

Karena fungsi Ackley merupakan fungsi 2 peubah, dimana setiap peubah dibatasi pada interval $(-5,5)$, maka panjang string m untuk setiap kromosom di dalam populasi adalah $m=m_1+m_2=20+20=40$.

Sebagai contoh string 011010010100011001100001101000101001 merupakan representasi dari pasangan nilai $(x,y)=(-0.887695, -1.186129)$ dengan nilai Ackley $f(x,y)= 6.161226$.

2. Pembangkitan populasi awal

Di dalam penelitian ini, populasi awal merupakan himpunan string biner dengan panjang 40. Setiap string mewakili pasangan variabel $(x,y) \in (-5,5)$ dengan presisi 6 angka dibelakang tanda desimal. String tersebut selanjutnya disebut individu atau kromosom. Sepuluh individu pertama dari populasi berukuran 50 yang dibangkitkan melalui bantuan software Matlab 7.1 ditampilkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Populasi Awal

No.	Populasi Awal
1	011010010100011001100001101000101001
2	0001001001111110111001011110000110011111
3	0110000000001101001011100111100110101011
4	0111110110100010111110110111000111010111
5	1110110101000111001011011000110001000101
6	1100111000110010001110000110001010110011
7	1011011011000011011010000100110001000111
8	0010000111010011101101100010001111110000
9	0101011110001100011010000110110011000100
10	0010000111110000101111001001111011100000

3. Proses Evaluasi

Proses evaluasi fitness setiap individu/kromosom mengikuti langkah-langkah sebagai berikut:

Langkah 1: Ubah genotif kromosom ke bentuk fenotifnya. Dalam hal ini, string biner diubah ke variabel berbentuk pasangan bilangan riil $[x,y]$. Populasi awal pada Tabel 1 berkaitan dengan variabel $[x,y]$ sebagai berikut:

Tabel 2. Nilai variabel

Jusmawati Massalesse

No.	(x , y)
1	(-0.887695 , -1.186128)
2	(-4.277514 , -1.32416)
3	(-1.247993 , 4.047049)
4	(-0.092320 , 2.152936)
5	(4.268674 , 3.467462)
6	(3.054540 , 0.240969)
7	(2.139193 , 0.186228)
8	(-3.678635 , -1.162258)
9	(-1.580139 , 0.265546)
10	(-3.674210 , 2.887885)

Langkah 2: Evaluasi fungsi obyektif $f(x,y)$.
Fungsi Obyektif dikonstruksi dari Fungsi Ackley pada persamaan (1) dan berdasarkan data pada Tabel 2 maka diperoleh Tabel 3 sebagai berikut:

Tabel 3. Nilai Obyektif

f(x,y)	Nilai Obyektif
$f(-0.887695 , -1.186128)$	6.161226
$f(-4.277514 , -1.32416)$	11.629510
$f(-1.247993 , 4.047049)$	12.465127
$f(-0.092320 , 2.152936)$	8.061329
$f(4.268674 , 3.467462)$	13.273541
$f(3.054540 , 0.240969)$	8.175169
$f(2.139193 , 0.186228)$	6.802106
$f(-3.678635 , -1.162258)$	10.735695
$f(-1.580139 , 0.265546)$	6.152318
$f(2.139193 , 0.186228)$	12.890140

Langkah 3: Ubah nilai dari fungsi obyektif menjadi fungsi fitness. Karena optimisasi fungsi obyektif berkaitan dengan masalah minimalisasi, maka pengkonstruksian fungsi fitness dilakukan terbalik. Dalam penelitian ini konstruksi fungsi fitness pada tiap generasi adalah:

$$f_{fit} = \max(obj) - \min(obj) + 1,021$$

Nilai fitness yang bersesuaian dengan setiap individu pada Tabel 1 adalah:

Tabel 4. Nilai Fitness

Kromosom	Fungsi Fitness
1	9.11231553253300
2	3.64403164726900
3	2.80841427268132
4	7.21221226051329
5	2.00000000000000
6	7.09837172520197
7	8.47143521921891
8	4.53784645465781
9	9.12122293402047
10	2.38340144902301

4. Proses Seleksi

Proses seleksi biasa juga disebut reproduksi, merupakan salah satu operator genetika yang bertujuan untuk memilih kromosom terbaik pada populasi dan mempertahankannya sampai ke generasi berikutnya. Metode yang digunakan di dalam penelitian ini adalah metode *roulette wheel* yaitu suatu metode seleksi yang meniru cara kerja roda rollet. Kromosom yang memiliki nilai fitness tinggi diposisikan pada daerah yang lebih luas pada meja rollet, sedangkan kromosom yang memiliki nilai fitness lebih kecil berada pada daerah yang lebih sempit. Dengan demikian, peluang lebih besar untuk terpilih adalah kromosom yang nilai fitnessnya besar.

Prosedur reproduksi diawali dengan menghitung nilai fitness, total fitness, peluang fitness dan peluang kumulatif untuk masing-masing kromosom di dalam populasi. Rumus-rumus diberikan sebagai berikut:

- Total fitness dihitung dengan rumus:

$$Total_fitness = \sum_{i=1}^p f_{fit}(i), \quad p = \text{ukuran populasi.}$$

Berdasarkan data pada Tabel 4, maka total nilai fitness adalah:

$$Total_fitness = \sum_{i=1}^{10} f_{fit}(i) = 56.389251$$

- Peluang fitness dihitung dengan rumus:

$$Peluang_fitness(j) = \frac{f_{fit}(j)}{\sum_{i=1}^p f_{fit}(i)}$$

Peluang fitness untuk masing-masing individu pada Tabel 1 adalah:

Tabel 5.

No.	Peluang Fitness
1	0.161596
2	0.064622
3	0.049804
4	0.127900
5	0.035467
6	0.125881
7	0.150231
8	0.080473
9	0.161754
10	0.042266

- Peluang Kumulatif dari tiap individu dihitung dengan rumus :

$$Peluang_Kumulatif(i) = \sum_{i=1}^{i=j} Peluang_fitness(j)$$

Peluang kumulatif sebagaimana diperlihatkan pada Tabel 6.

Tabel 6.

No.	Peluang kumulatif
1	0.161596
2	0.226219

Jusmawati Massalesse

3	0.276023
4	0.403924
5	0.439391
6	0.565273
7	0.715504
8	0.795978
9	0.957733
10	1.000000

Pemilihan individu yang akan terseleksi ke generasi berikutnya dilakukan dengan membangkitkan bilangan random $r \in (0,1)$. Jika $r \in (\text{peluang_kumulatif}(i-1), \text{peluang_kumulatif}(i))$ maka individu ke- i yang terpilih. Tabel berikut menampilkan populasi baru hasil seleksi.

Tabel 7. Populasi baru hasil seleksi

No.	Populasi Baru Hasil Seleksi
1	0101011110001100011010000110110011000100
2	1011011011000011011010000100110001000111
3	0010000111010011101101100010001111110000
4	1011011011000011011010000100110001000111
5	1011011011000011011010000100110001000111
6	0101011110001100011010000110110011000100
7	0101011110001100011010000110110011000100
8	0010000111010011101101100010001111110000
9	0101011110001100011010000110110011000100
10	1011011011000011011010000100110001000111

5. Penyilangan

Penyilangan dilakukan dengan metode *one-cut point* yaitu memasang kromosom secara acak, kemudian memilih 1 titik penyilangan yang akan menentukan posisi pemotongan kromosom. Misalkan kromosom ke-2 dan ke-9 terpilih sebagai pasangan pertama yang mengalami penyilangan, dan $r = 2$ adalah titik penyilangan.

2	10 11011011000011011010000100110001000111
9	01 01011110001100011010000110110011000100

Maka kromosom baru hasil penyilangan adalah:

1'	10 01011110001100011010000110110011000100
2'	01 11011011000011011010000100110001000111

Tabel 8. Populasi baru hasil penyilangan

No.	Populasi Baru Hasil Penyilangan
1	0101011110001100011010000110110011000100
2	0101011110001100011010000110110011000100
3	0010000111010011101101100010001111110000

