

## **BAB III**

### **METODOLOGI PENELITIAN**

#### **1.1 Pengumpulan Dan Analisis Data**

##### **3.1.1 Pengumpulan Data**

Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data sekunder yaitu data mahasiswa TPB Institut Teknologi Sumatera Tahun Ajaran 2019/2020 yang diperoleh dari Lembaga Tahap Persiapan Bersama Institut Teknologi Sumatera. Contoh data yang akan diolah dapat dilihat pada Tabel 3.1

**Tabel 3.1** Data Praktikum Matakuliah Fisika

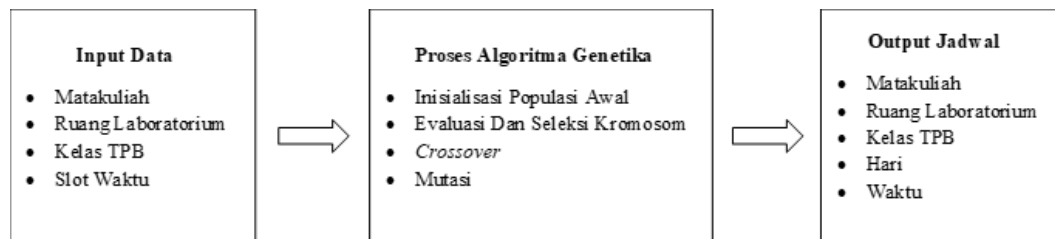
No	Kelas	Ruang Laboratorium	Waktu
1	TPB 1 A/C	Laboratorium Fisika 1	Senin 07.00-09.00
2	TPB 1 B/D		Senin 09.00-11.00
3	TPB 2 A/C		Senin 11.00-13.00
4	TPB 2 B/D		Senin 13.00-15.00
5	TPB 3 A/C		Senin 15.00-17.00
6	TPB 3 B/D		Selasa 07.00-09.00
7	TPB 4 A/C		Selasa 09.00-11.00
8	TPB 4 B/D		Selasa 11.00-13.00
9	TPB 5 A/C		Selasa 13.00-15.00
10	TPB 5 B/D		Selasa 15.00-17.00

##### **3.1.2 Analisis Data**

Tahap selanjutnya adalah analisis data, analisis data dilakukan dengan cara membuat matrik-matrik dengan memperhatikan hubungan antar variabel yang akan diteliti. Terdapat tiga variabel yang dikombinasikan yaitu ruang laboratorium, kelas TPB, dan slot waktu. Kemudian matrik-matrik tersebut digunakan untuk *input* dalam membuat model penjadwalan.

#### **3.2 Perancangan Sistem Penjadwalan Praktikum**

Pada tahap perancangan system penjadwalan praktikum adalah melakukan perancangan kebutuhan penjadwalan praktikum secara keseluruhan meliputi *input* data, proses, dan *output*. Rancangan proses yang terjadi pada sistem penjadwalan praktikum dapat dilihat pada Gambar 3.1

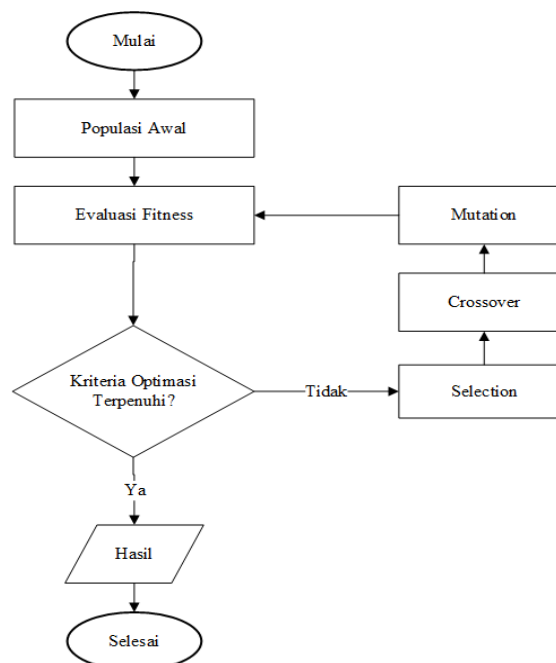


**Gambar 3.1** Rancangan proses sistem penjadwalan praktikum

*Input* data digunakan sebagai bahan untuk menyusun jadwal, terdiri dari matakuliah, ruang laboratorium, kelas, dan slot waktu. Sedangkan dalam proses algoritma genetika terdiri dari inisialisasi populai awal, evaluasi dan seleksi kromosom, *crossover*, dan mutasi. *Output* dari proses algoritma genetika adalah jadwal pratikum yaitu matakuliah, ruang laboratorium, hari, waktu, dan kelas TPB.

### 3.2.1 Desain Algoritma Genetika

Pada tahap desain algoritma genetika, data yang telah diperoleh akan digunakan untuk pemodelan data sehingga dapat memenuhi kebutuhan pada proses algoritma genetika. Struktur umum algoritma genetika dapat dilihat pada Gambar 3.2



**Gambar 3.2** Flowchart algoritma genetika [21]

Terdapat 6 fase dalam algoritma genetika, yaitu

1. Teknik pengkodean

Pada tahap teknik pengkodean, individu atau kromosom direpresentasikan oleh solusi, gen direpresentasikan oleh kelas TPB, dan banyaknya gen dalam kromosom direpresentasikan oleh slot waktu. Hasil dari teknik pengkodean dapat dilihat pada Tabel 3.2

**Tabel 3.2** teknik pengkodean.

Solusi	Laboratorium				Laboratorium			
	Hari		Hari		Hari		Hari	
	Waktu	Waktu	Waktu	Waktu	Waktu	Waktu	Waktu	Waktu
Kromosom 1	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen
Kromosom 2	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen
Kromosom 3	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen
Kromosom 4	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen	Gen

Berdasarkan tabel tersebut menjelaskan bahwa setiap baris pada tabel menyatakan satu individu, dimana individu tersebut menyatakan satu solusi jadwal praktikum yang terdiri dari laboratorium dan slot waktu. Setiap kolom pada tabel menyatakan slot waktu, dan setiap *cell* pada tabel terdapat satu gen, dimana gen tersebut menyatakan kelas TPB.

2. Inisialisasi populasi

Proses pertama adalah menginisialisasi populasi. Di dalam populasi terdiri dari empat individu atau kromosom. Berdasarkan Tabel 3.1 maka dalam satu kromosom terdiri dari 10 gen. Populasi awal di *generate* menggunakan aplikasi *microsoft excel* dengan fungsi *randbetween* dengan batasan nilai yang digunakan adalah 1 sampai 10. Hasil dari populasi awal dapat dilihat pada Tabel 3.3

**Tabel 3.3** Populasi Awal.

solusi	Laboratorium Fisika 1									
	Senin					Selasa				
	07.00 -	09.00 -	11.00 -	13.00 -	15.00 -	07.00 -	09.00 -	11.00 -	13.00 -	15.00 -
	09.00	11.00	13.00	15.00	17.00	09.00	11.00	13.00	15.00	17.00
kromosom 1	3	10	10	3	6	7	10	2	1	7
kromosom 2	7	6	3	3	3	9	5	6	3	5
kromosom 3	5	1	9	5	6	10	8	1	7	4
kromosom 4	3	7	5	4	4	6	5	7	7	6

### 3. *Fitness Function*

Fungsi *fitness* digunakan untuk menentukan seberapa bagus nilai dari suatu individu. Nilai *fitness* ditentukan oleh penalti *constraint*. Penalti *constraint* dapat dilihat pada Tabel 3.4

**Tabel 3.4** Penalti *Constraint*

No	<i>Constraint</i>	Bobot
1	Kelas yang sama di matakuliah yang sama	1

Berdasarkan Tabel 3.4 kendala penalti *constraint* harus terpenuhi dan tidak boleh dilanggar, sehingga tingkat *urgensi* bobot nilainya adalah 1. Penalti *constraint* tersebut adalah penalti *constraint* “kelas yang sama di matakuliah yang sama” artinya tidak diperbolehkan kelas TPB melakukan praktikum lebih dari satu kali dalam waktu satu minggu meski di waktu yang berbeda atau dengan ruang laboratorium yang berbeda. Sehingga perhitungan *fitness*:

$$f = \frac{1}{1 + (F_1B_1 + F_2B_2 + \dots + F_nB_n)}$$

*Fitness* terbaik adalah *fitness* yang bernilai paling besar (tidak ada bentrok) sehingga nilainya harus 1. Hasil dari penalti *Constraint* dapat dilihat pada Tabel 3.5

**Tabel 3.5** Hasil Penalti *Constraint* populasi awal

No	Kromosom	Penalti <i>Constraint</i>
1	kromosom1	5
2	kromosom2	8
3	kromosom3	2
4	kromosom4	6
Jumlah		21

$$K1 : \quad f = \frac{1}{1+(5)} = \frac{1}{6} = 0,166667$$

$$K2 : \quad f = \frac{1}{1+(8)} = \frac{1}{9} = 0,111111$$

$$K3 : \quad f = \frac{1}{1+(2)} = \frac{1}{3} = 0,333333$$

$$K3 : \quad f = \frac{1}{1+(5)} = \frac{1}{6} = 0,142857$$

$$\text{Total fitness : } f = \frac{1}{1+(5+8+2+6)} = \frac{1}{22} = 0,045455$$

#### 4. *Selection*

Pada tahap seleksi, akan dilakukan pemilihan individu yang akan dijadikan *parent* pada generasi berikutnya. Metode yang digunakan untuk seleksi adalah *Roulette Wheel*. Cara kerjanya adalah sebagai berikut:

1. Hitung nilai *fitness* dari masing-masing individu. Nilai *fitness* masing-masing idividu dapat dilihat pada Tabel 3.6

**Tabel 3.6** Nilai *fitness*

Kromosom	<i>Fitness value</i>
Kromosom 1	0,166667
Kromosom 2	0,111111
Kromosom 3	0,333333
Kromosom 4	0,142857

2. Hitung total *fitness* dari semua individu

Total *fitness* adalah  $0,166667 + 0,111111 + 0,333333 + 0,142857 = 0,753968$

3. Hitung probabilitas masing-masing individu. Probabilitas didapat dari nilai *fitness* dibagi total *fitness*

$$P1 = 0,166667 / 0,753968 = 0,221053$$

$$P2 = 0,111111 / 0,753968 = 0,147368$$

$$P3 = 0,333333 / 0,753968 = 0,442105$$

$$P4 = 0,166667 / 0,753968 = 0,189474$$

4. Dari probabilitas tersebut, hitung jatah masing-masing individu pada angka 1 sampai 100. Penentuan jatah dilakukan dengan mencari komulatif dari probabilitas:

$$PK1 = 0 + 0,221053 = 0,221053$$

$$PK2 = 0,221053 + 0,147368 = 0,368421$$

$$PK3 = 0,368421 + 0,442105 = 0,810526$$

$$PK4 = 0,810526 + 0,189474 = 1$$

5. Bangkitkan bilangan acak antara 0 sampai 1 sejumlah kromosom
6. Dari bilangan acak yang dihasilkan, tentukan individu mana yang terpilih dalam proses seleksi. Seleksi dilakukan secara random. Hasil nilai *random* dapat dilihat pada Tabel 3.7

**Tabel 3.7** Nilai *random* seleksi

<b>Kromosom</b>	<b><i>Parent 1</i></b>	<b><i>Parent 2</i></b>
kromosom 1 & 4	0,219561809	0,982981
kromosom 3 & 2	0,524204261	0,310341

5. *Crossover*

Pada proses *crossover*, setiap pasangan individu yang telah dijadikan *parent*, akan disilangkan untuk membentuk individu baru. Berdasarkan hasil seleksi maka *crossover* yang dihasilkan dapat dilihat pada Tabel 3.8

**Tabel 3.8 Hasil Crossover**

<b>Kromosom Baru (Child)</b>	<b>Parent</b>
Kromosom <i>Child</i> 1	Kromosom 1 - Kromosom 4
Kromosom <i>Child</i> 2	
Kromosom <i>Child</i> 3	Kromosom 3 - Kromosom 2
Kromosom <i>Child</i> 4	

Metode pindah silang yang digunakan adalah *uniform crossover* dimana penukaran gen-gen dari *parent* 1 dengan *parent* 2 melalui tiap *index* berdasarkan probabilitas, dimana nilai probabilitas di bangkitkan secara *random* menggunakan fungsi *randbetween* dengan nilai 0 dan 1 sebanyak gen yang ada di dalam individu. Jika nilai probabilitas yang muncul adalah angka 1 maka gen dari kromosom induk satu akan diwariskan ke kromosom anak satu dan gen dari kromosom induk dua akan diwariskan ke kromosom anak dua. Jika nilai probabilitas yang muncul adalah angka 0 maka gen dari kromosom induk satu akan diwariskan pada kromosom induk dua dan gen dari kromosom induk dua akan diwariskan pada kromosom induk satu. Nilai hasil dari *crossover* dapat dilihat pada Tabel 3.9

**Tabel 3.9 Nilai hasil Crossover**

<b>Solusi</b>	<b>Slot Waktu (Senin)</b>					<b>Slot Waktu (Selasa)</b>				
Kromosom 1	3	10	10	3	6	7	10	2	1	7
Kromosom 4	3	7	5	4	4	6	5	7	7	6
Probabilitas <i>uniform</i>	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1
Kromosom <i>Child</i> 1	3	10	5	4	4	7	5	2	1	7
Kromosom <i>Child</i> 2	3	7	10	3	6	6	10	7	7	6
Kromosom 3	5	1	9	5	6	10	8	1	7	4
Kromosom 2	7	6	3	3	3	9	5	6	3	5
Probabilitas <i>uniform</i>	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0
Kromosom <i>Child</i> 3	7	1	3	5	3	10	8	1	3	5
Kromosom <i>Child</i> 4	5	6	9	3	6	9	5	6	7	4

## 6. Mutasi

Pada tahap mutasi, beberapa gen dalam individu akan mengalami perubahan. Gen yang dimutasi hanya diganti kelasnya saja, untuk ruang dan waktunya tetap. Jumlah gen yang akan mengalami perubahan tergantung pada

probabilitas mutasi. Ada 4 kromosom dengan 10 gen pada masing-masing kromosom, Probabilitas mutasi yang akan digunakan adalah 0,2 maka :

$$\begin{aligned} \text{Jumlah mutasi} &= 0,2 \times 10 \text{ (probabilitas mutasi} \times \text{jumlah gen perkromosom)} \\ &= 2 \end{aligned}$$

Cara mutasi adalah membangkitkan bilangan acak, dimana bilangan acak terdiri dari bilangan acak *index* ke n yang akan dimutasi dan bilangan acak untuk menentukan nilai gen pengganti. Cara untuk membangkitkan bilangan acak untuk menentukan *index* ke n yang akan dimutasi yaitu dengan fungsi *randbetween* dengan rentang nilai 0 sampai jumlah gen dikurang 1. Untuk menentukan bilangan acak nilai gen pengganti menggunakan fungsi *randbetween* dengan rentang nilai 1 sampai jumlah kelas tpb yang mengikuti matakuliah tersebut. bilangan acak nilai gen pengganti dibangkitkan tidak boleh sama dengan nilai gen yang sudah ada dalam individu. Bilangan acak dibangkitkan sebanyak jumlah mutasi, maka bilangan acak akan dibangkitkan sebanyak dua kali. Bilangan acak untuk menentukan *index* ke n dan nilai pengganti dapat dilihat pada Tabel 3.10 dan hasil dari mutasi dapat dilihat pada Tabel 3.11

**Tabel 3.10** Bilangan Acak

Solusi	Index ke n	Gen pengganti	Index ke n	Gen pengganti
kromosom1	6	6	4	9
kromosom2	9	9	7	6
kromosom3	2	6	7	2
kromosom4	4	8	6	3

**Tabel 3.11** Mutasi

Solusi	Slot waktu (Senin)					Slot waktu (Selasa)				
kromosom1	3	10	5	4	9	7	6	2	1	7
kromosom2	3	7	10	3	6	6	10	7	7	9
kromosom3	7	1	6	5	3	10	8	2	3	5
kromosom4	5	6	9	3	8	9	5	6	7	4

Gen yang berwarna merah menyatakan bahwa gen tidak mengalami mutasi karena nilai gen pengganti yang dibangkitkan sudah ada di dalam kromosom. Gen yang berwarna kuning menyatakan bahwa gen mengalami mutasi, gen lama digantikan dengan gen baru sesuai dengan yang telah dibangkitkan secara



acak sebelumnya. Setelah mutasi, jika populasi tersebut belum konvergen maka akan dilakukan iterasi kembali. Proses tersebut akan dilakukan sampai populasi konvergen. Penalti *constraint* setelah mutasi dapat dilihat pada Tabel 3.12

**Tabel 3.12** Penalti *Constraint* populasi setelah mutasi

No	Kromosom	Penalti <i>Constraint</i>
1	kromosom1	1
2	kromosom2	5
3	kromosom3	2
4	kromosom4	3
Jumlah		11

$$K1 : \quad f = \frac{1}{1+(1)} = \frac{1}{2} = 0,5$$

$$K2 : \quad f = \frac{1}{1+(5)} = \frac{1}{6} = 0,166667$$

$$K3 : \quad f = \frac{1}{1+(2)} = \frac{1}{3} = 0,333333$$

$$K3 : \quad f = \frac{1}{1+(3)} = \frac{1}{4} = 0,25$$

$$\text{Total fitness : } f = \frac{1}{1+(1+5+2+3)} = \frac{1}{12} = 0,083333$$

1. Hitung nilai *fitness* dari masing-masing individu. Nilai *fitness* masing-masing idividu dapat dilihat pada Tabel 3.13

**Tabel 3.13** Nilai *fitness* setelah mutasi

Kromosom	<i>Fitness value</i>
Kromosom 1	0,5
Kromosom 2	0,166667
Kromosom 3	0,333333
Kromosom 4	0,25

2. Hitung total *fitness* dari semua individu.

Total *fitness* adalah  $0,5 + 0,166667 + 0,333333 + 0,25 = 1,25$

3. Hitung probabilitas masing-masing individu. Probabilitas didapat dari nilai *fitness* dibagi total *fitness*.

$$P1 = 0,5 / 1,25 = 0,4$$

$$P2 = 0,166667 / 1,25 = 0,133333$$

$$P3 = 0,333333 / 1,25 = 0,266667$$

$$P4 = 0,25 / 1,25 = 0,2$$

4. Dari probabilitas tersebut, hitung jatah masing-masing individu pada angka 1 sampai 100. Penentuan jatah dilakukan dengan mencari kumulatif dari probabilitas:

$$PK1 = 0 + 0,4 = 0,4$$

$$PK2 = 0,4 + 0,133333 = 0,533333$$

$$PK3 = 0,533333 + 0,266667 = 0,8$$

$$PK4 = 0,8 + 0,2 = 1$$

5. Bangkitkan bilangan acak antara 0 sampai 1 sejumlah kromosom
6. Dari bilangan acak yang dihasilkan, tentukan individu mana yang terpilih dalam proses seleksi. Seleksi dilakukan secara random. Hasil nilai random dapat dilihat pada Tabel 3.14

**Tabel 3.14** nilai random seleksi

<b>Kromosom</b>	<b>Parent 1</b>	<b>Parent 2</b>
kromosom 3 & 1	0,6111890927	0,335927
kromosom 1 & 3	0,174442426	0,539073

Berdasarkan hasil seleksi maka *crossover* yang dihasilkan dapat dilihat pada Tabel 3.15 dan nilai hasil *crossover* dapat dilihat pada Tabel 3.16

**Tabel 3.15** Hasil *Crossover*

<b>Kromosom Baru (Child)</b>	<b>Parent</b>
Kromosom <i>Child</i> 1	Kromosom 3 - Kromosom 1
Kromosom <i>Child</i> 2	
Kromosom <i>Child</i> 3	Kromosom 1 - Kromosom 3
Kromosom <i>Child</i> 4	

**Tabel 3.16** Nilai dari hasil *crossover*.

Solusi	Slot waktu (Senin)					Slot waktu (Selasa)				
Kromosom 1	7	1	6	5	3	10	8	2	3	5
Kromosom 4	3	10	5	4	9	7	6	2	1	7
Probabilitas <i>uniform</i>	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1
Kromosom <i>Child</i> 1	7	1	6	4	9	10	8	2	3	5
Kromosom <i>Child</i> 2	3	10	5	5	3	7	6	2	1	7
Kromosom 3	3	10	5	4	9	7	6	2	1	7
Kromosom 2	7	1	6	5	3	10	8	2	3	5
Probabilitas <i>uniform</i>	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
Kromosom <i>Child</i> 3	7	1	5	4	3	7	8	2	3	7
Kromosom <i>Child</i> 4	3	10	6	5	9	10	6	2	1	5

Untuk menentukan mutasi maka akan dibangkitkan bilangan acak secara *random*. Bilangan acak untuk menentukan *index* ke n dan nilai pengganti dapat di lihat pada Tabel 3.17 dan hasil dari mutasi dapat dilihat pada Tabel 3.18

**Tabel 3.17** Bilangan Acak

Solusi	<i>Index</i> ke n	Gen pengganti	<i>Index</i> ke n	Gen pengganti
kromosom1	4	3	7	4
kromosom2	8	7	9	1
kromosom3	7	8	0	10
kromosom4	8	2	7	7

**Tabel 3.18** Hasil dari mutasi setelah iterasi pertama

Solusi	Slot waktu (Senin)					Slot waktu (Selasa)				
kromosom1	7	1	6	4	9	10	8	2	3	5
kromosom2	3	10	5	5	3	7	6	2	1	7
kromosom3	10	1	5	4	3	7	8	2	3	7
kromosom4	3	10	6	5	9	10	6	7	1	5

Dari hasil mutasi maka akan dilakukan iterasi kembali. Yaitu dengan menghitung nilai *fitness*nya. Dengan cara menentukan nilai penalti *constraint* terlebih dahulu. Nilai penalti *constraint* dapat dilihat pada Tabel 3.19

**Tabel 3.19** Nilai penalti *constraint* setelah mutasi

No	Kromosom	Penalti <i>Constraint</i>
1	kromosom1	0
2	kromosom2	3
3	kromosom3	2
4	kromosom4	3
Jumlah		8

$$K1 : f = \frac{1}{1+(0)} = \frac{1}{1} = 1$$

$$K2 : f = \frac{1}{1+(3)} = \frac{1}{4} = 0,25$$

$$K3 : f = \frac{1}{1+(2)} = \frac{1}{3} = 0,333333$$

$$K3 : f = \frac{1}{1+(3)} = \frac{1}{4} = 0,25$$

$$\text{Total fitness : } f = \frac{1}{1+(0+3+2+3)} = \frac{1}{8} = 0,111111$$

1. Hitung nilai *fitness* dari masing-masing individu. Nilai *fitness* masing-masing individu dapat dilihat pada Tabel 3.20

**Tabel 3.20** Nilai *fitness*

Kromosom	<i>Fitness value</i>
Kromosom 1	1
Kromosom 2	0,25
Kromosom 3	0,333333
Kromosom 4	0,25

2. Hitung total *fitness* dari semua individu.

$$\text{Total fitness adalah } 1 + 0,25 + 0,333333 + 0,25 = 1,833333$$

Jika populasi belum konvergen maka akan dilakukan iterasi kembali. Algoritma akan berhenti ketika populasi telah konvergen, tidak lagi memproduksi keturunan yang signifikan dari generasi sebelumnya. Kriteria pemberhentian adalah ketika

*fitness* bernilai 1. Dengan kata lain pada tahap ini algoritma genetika telah memberikan solusi dari masalah yang didefinisikan.

### **3.2.2 Implementasi Algoritma Genetika**

Pada tahap implementasi, data yang telah dimodelkan akan diimplementasikan dengan Algoritma Genetika menggunakan bahasa pemrograman *Python* 3.8. *Output* dari proses algoritma genetika yaitu berupa hasil penjadwalan yang disimpan dalam format *Excel File (xlsx)* agar mudah didistribusikan.

### **3.3 Menghitung Tingkat Akurasi**

Keakuratan dari suatu hasil dapat dihitung dengan menghitung persen kesalahan. Persentase kesalahan hanya bisa ditemukan jika nilai sebenarnya diketahui. Tingkat akurasi pada populasi yaitu jika nilai *fitness* pada suatu kromosom adalah 100% dengan artian nilai *fitness* yang dihasilkan adalah sebesar 1 maka tidak ada penalti *constrain* yang dilanggar, apabila nilai *fitness* nya kurang dari 1 maka masih ada penalti *constrain* yang dilanggar. Nilai *fitness* dari suatu individu akan menunjukkan kualitas sebuah individu di dalam populasi.