

## ALGORITMA GENETIKA: STUDI KASUS MASALAH *MULTI-CRITERIA DECISION ANALYSIS* (MCDA) DALAM HAL ADA DATA KOSONG

Septian Rahardiantoro\*, Totong Martono\*, Bagus Sartono\*

\*Departemen Statistika Institut Pertanian Bogor

**Ringkasan**—Many methods on Multi-Criteria Decision Analysis (MCDA) are used to rank the  $m$  alternatives  $A_1, A_2, \dots, A_m$  based on the  $n$  criteria  $C_1, C_2, \dots, C_n$ . MCDA data can be presented in a decision matrix  $[A_{m \times n}]$  containing  $a_{ij}$ , the value in the  $i$ -th alternative and  $j$ -th criterion. The solution on MCDA methods is obtained by giving  $w_j$ , weighted value on the  $j$ -th criterion which is suitable with its role. The optimization concept of Spearman's correlation in every pairs of solution candidate with all of criterias as a measure of goodness of the solution using genetic algorithm seems to be an alternative solution method for MCDA, even though, it is assumed that each criterion vector on matrix  $A$  should be positively correlated. It is indicated from the results of the simulation against 30 alternatives with 15 criterias, genetic algorithm provides a solution that is high correlated with a result using the AHP method, the correlation of 0.94. Besides the treatment of missing value will be much simpler to use genetic algorithms and the result will be a high correlation between the ranking of alternative simulation from the complete data with alternative rankings contained missing value as much as 10% to 40%; all correlations were worth more than 0.85. A case study of 29 automobile brands with 11 criteria and contains 20% of missing value resulting Model-Y, Model-1, and Model-3 as the best sequence of three consumer preferred brands.

**Keywords**-correlation; genetic algorithm; MCDA; missing value;

### I. PENDAHULUAN

Berbagai masalah dalam bidang sains, teknik, ilmu komputer, ekonomi, bisnis, dan manajemen seringkali dihadapkan pada pengambilan keputusan untuk menentukan satu atau beberapa pilihan terbaik di antara  $m$  pilihan berdasarkan  $n$  parameter. Hal ini dapat diselesaikan dengan berbagai metode pada *Multi-Criteria Decision Analysis* (MCDA) yang menggunakan konsep pembobotan pada setiap parameter berdasarkan peranannya.

Adakalanya data kosong dijumpai pada gugus data MCDA. Metode yang biasa digunakan untuk menangani kondisi tersebut melalui *hot-deck imputation*, *substitution*, *cold deck imputation*, *unconditional mean/ median/ mode imputation* dan *multiple imputation*. Pilihan metode apa yang tepat ketika ada data kosong disesuaikan dengan karakteristik parameternya agar terhindar dari bias ([1]).

Algoritma genetika merupakan metode pengoptimuman berdasarkan pada prinsip-prinsip genetika dan seleksi alam. Kaidah dalam algoritma ini merefleksikan sebuah populasi yang dibentuk dari banyak individu yang berkembang di

bawah aturan seleksi tertentu ([2]). Individu dalam populasi dipilih secara acak dan banyaknya terbatas. Pengacakan ini memberikan peluang yang sama terhadap setiap individu untuk masuk ke dalam populasi. Selain itu, konsep pengacakan juga dilakukan pada proses pindah silang (*crossover*) dan mutasi terhadap populasi untuk membentuk generasi baru. Individu terbaik pada generasi terakhir inilah yang nantinya menjadi solusi dalam algoritma genetika.

Pada implementasi algoritma genetika, individu dapat direpresentasikan oleh bilangan biner atau pun bilangan real ([2]). Penelitian ini akan menelaah representasi individu dalam bentuk peringkat pada algoritma genetika dan memanfaatkan koefisien korelasi Spearman untuk kriteria optimumnya sebagai alternatif pilihan dalam mencari solusi pada data MCDA baik data lengkap maupun ada data kosong. Implementasi algoritma tersebut dilakukan pada *software R* dengan ilustrasinya menggunakan data simulasi dan aplikasinya dalam menentukan pilihan terbaik merek mobil berdasarkan berbagai kriteria selera konsumen.

### II. TINJAUAN PUSTAKA

#### A. Multi-Criteria Decision Analysis (MCDA)

Misalkan  $A_1, A_2, \dots, A_m$  adalah himpunan  $m$  buah alternatif yang akan ditentukan peringkatnya atau urutannya berdasarkan pada penilaian terhadap himpunan buah kriteria  $C_1, C_2, \dots, C_n$ . Hasil penilaian terhadap  $n$  kriteria tersebut dapat direpresentasikan dalam matriks  $[A = [a_{ij}]_{m \times n}]$  berordo  $m \times n$  dengan  $a_{ij}$  menyatakan nilai alternatif ke- $i$ ,  $A_i$ , untuk kriteria ke- $j$ ,  $C_j$ ; matriks ini dikenal sebagai matriks keputusan ([3]).

Menurut Triantaphyllou et al. ([4]), ada 6 metode yang dapat digunakan pada MCDA, yaitu *Weighted Sum Model* (WSM), *Weighted Product Model* (WPM), *Analytic Hierarchy Process* (AHP), *Revised Analytic Hierarchy Process* (RAHP), *ELECTRE Method*, dan *TOPSIS Method*. Keenam metode tersebut memanfaatkan  $w_i$  sebagai bobot kriteria ke- $i$ ,  $i = 1, \dots, n$ , dalam penyelesaiannya. Bobot ini mencerminkan tingkat kepentingan kriteria dalam menentukan peringkat alternatif dan didefinisikan oleh pembuat keputusan dengan batasan  $w_i > 0$  dan  $\sum w_i = 1$ ;  $i = 1, 2, \dots, n$ .

#### B. Algoritma Genetika

Algoritma genetika mengikuti perilaku dalam proses evolusi yang dialami makhluk hidup dari generasi ke generasi,

hanya individu yang mampu bertahan yang dapat hidup. Konsep dasar algoritma ini melibatkan pengertian gen, individu, populasi, nilai *fitness*, pindah silang (*crossover*), mutasi, dan kriteria konvergensi.

Pada awalnya populasi terdiri dari individu-individu dengan karakteristik yang heterogen. Individu ini merupakan kumpulan dari  $m$  buah gen yang membentuk suatu kesatuan berupa  ${}_m\mathbf{i} = (i_1, i_2, \dots, i_m)$  dengan  $i_j$  merupakan gen ke- $j$ . Populasi tersebut merupakan himpunan sebanyak  $N$  individu,  $G_1 = \{{}_m\mathbf{i}_1, {}_m\mathbf{i}_2, \dots, {}_m\mathbf{i}_N\}$  dan dianggap sebagai generasi pertama yang terbentuk pada algoritma genetika. Kondisi lingkungan menyebabkan hanya individu terbaik yang mampu bertahan. Kriteria penentuan individu yang dapat bertahan dilihat dari nilai *fitness* yang dihasilkan. Misalkan  $R = \{\}$ , maka selanjutnya  $k$  individu terbaik pada populasi tersebut satu per satu masuk ke dalam himpunan  $R$ . Hal ini menyebabkan himpunan  $R$  menjadi  $R = \{{}_m\mathbf{i}_{j_1}, {}_m\mathbf{i}_{j_2}, \dots, {}_m\mathbf{i}_{j_k}\}$  dengan  ${}_m\mathbf{i}_{j_h}$  merupakan individu terbaik ke- $h$ . Kemudian pada  $R$  terjadi proses perkawinan untuk menghasilkan generasi baru  $G_2$  melalui pindah silang (*crossover*) dengan menurunkan sifat baik yang ada pada induknya,  $ps [{}_m\mathbf{i}_{j_y}, {}_m\mathbf{i}_{j_z}]$  merupakan pindah silang antara individu terbaik ke- $y$  dengan ke- $z$ . Generasi baru yang terbentuk,

$$G_2 = ps_l [{}_m\mathbf{i}_{j_y}, {}_m\mathbf{i}_{j_z}] \left| \begin{array}{l} y, z = 1, 2, \dots, k; ; y \neq z; \\ l = 1, 2, \dots, s \end{array} \right.$$

sebanyak  $s$  individu baru tergantung pada pendefinisian pindah silang. Pembangkitan generasi baru  $G_p$ ,  $p > 2$ , sebagai pengganti generasi sebelumnya, terjadi melalui proses yang sama dengan sebelumnya dan mungkin terjadi proses mutasi yang berupa perubahan gen karena pengaruh eksternal dengan tingkat kejadian sangat rendah. Pembangkitan generasi selesai ketika nilai *fitness* individu-individu pada generasi  $G_p$ ,  $p = 1, 2, 3, \dots$  konvergen ke suatu nilai tertentu atau banyaknya generasi yang dibangkitkan,  $p$  mencapai nilai tertentu. Pada akhirnya solusi algoritma genetika merupakan individu dengan nilai *fitness* terbaik pada generasi terakhir yang dibangkitkan.

Oleh karena itu pada praktiknya algoritma genetika dapat dirangkum dalam bentuk langkah-langkah sebagai berikut ([5]).

- 1) Definisikan individu/kromosom, nilai *fitness*, peluang mutasi  $p_m$ , dan kriteria konvergensi yang sesuai dengan permasalahan.
- 2) Bangkitkan satu atau beberapa generasi  $G$ , dengan langkah :  
 $t = 0$   
 Ulangi :
  - a) Jika  $t = 0$ , maka
    - Bangkitkan secara acak sebuah populasi sebagai generasi awal  $G$  yang berisi  $N$  individu
  - b) dalam hal lainnya

- mulai
    - Pilih  $k$  individu induk dari populasi  $G$  yang memiliki nilai *fitness* terbaik;
    - Lakukan pindah silang;
    - Lakukan mutasi dengan peluang  $p_m$ , hasilnya berupa keturunan baru;
    - Tempatkan keturunan baru ke populasi baru  $G$ ;
  - selesai
- c) Hitung nilai *fitness* masing-masing individu dari populasi  $G$
  - d)  $t = 1$

Sampai diperoleh generasi yang memenuhi kriteria konvergensi yang diinginkan.

Solusi algoritma genetika merupakan individu dengan nilai *fitness* terbaik pada generasi terakhir apabila nilai *fitness*-nya konvergen ataukah generasi terakhir  $G_p$  yang telah ditetapkan pada awal iterasi.

### III. HASIL DAN PEMBAHASAN

#### A. Algoritma Genetika Suatu Pilihan Solusi MCDA

Pada algoritma ini alternatif terbaik dinyatakan dengan peringkat terakhir,  $m$ , dan tentunya alternatif terburuk oleh peringkat pertama. Semua data numerik pada setiap kriteria matriks  $\mathbf{A}$  ditransformasi menjadi data peringkat dan ditempatkan pada matriks  ${}^p\mathbf{A} = [{}^p\mathbf{a}_{.1} \ {}^p\mathbf{a}_{.2} \ \dots \ {}^p\mathbf{a}_{.n}]$ ; selanjutnya notasi indeks  ${}^p$  digunakan untuk menyatakan objek yang bersesuaian berisi peringkat. Oleh karena itu digunakan koefisien korelasi peringkat Spearman. Nilai *fitness* didefinisikan sebagai nilai korelasi terkecil antara masing-masing individu dengan setiap kriteria. Kemudian penentuan solusinya memanfaatkan operator *maximin* untuk mencari sebanyak  $k$  individu dengan nilai *fitness* dalam urutan terbesar. Konsep *maximin* digunakan dengan tujuan untuk menghindari pengambilan solusi terburuk yang terjadi ([6]). Berdasarkan hal ini, algoritma genetika dalam mencari solusi masalah MCDA akan valid apabila korelasi Spearman dari setiap pasangan kriteria  $r({}^p\mathbf{a}_{.u}, {}^p\mathbf{a}_{.v}) > 0$  untuk  $u, v = 1, 2, \dots, n; u \neq v$ . Karena adanya nilai korelasi negatif akan berakibat nilai *fitness* yang dihasilkan berupa nilai korelasi negatif tersebut. Kriteria konvergensi algoritma ini ialah jangkauan nilai *fitness* setiap generasi kurang dari  $\alpha$ . Tahapan algoritma genetika untuk mencari solusi dalam permasalahan MCDA ialah :

Misalkan  $A_m = 1, 2, \dots, m$  dan vektor individu berordo  $m$ ,  ${}_m\mathbf{i} = (i_1, i_2, \dots, i_m)$  dengan  $i_h \neq i_j, h \neq j, i_h \in m$ ; berarti  ${}_m\mathbf{i}$  berisi hasil permutasi  $m$  bilangan asli pertama.

- 1) Pembangkitan populasi awal Definisikan vektor rata-rata alternatif sebagai  $\bar{\mathbf{a}} = \mathbf{A} \mathbf{D}^{-\frac{1}{n}} \mathbf{1}$  dan vektor peringkat padanannya sebagai  ${}^p\bar{\mathbf{a}}$ . Berdasarkan asumsi unsur-unsur vektor rata-rata alternatif  ${}^p\bar{\mathbf{a}}$  diperkirakan lebih dekat dengan solusi optimum daripada pilihan pada unsur-unsur alternatif dari vektor  $\mathbf{a}_1$  yang lainnya,

maka populasi awal  $G_1$  sebanyak  $N$  individu dibangkitkan secara acak dengan persamaan

$$m.g_j = {}^p \bar{a} + \epsilon_j; j = 1, 2, \dots, N$$

dengan  $\epsilon_j$  menyatakan vektor bilangan acak ke- $j$ . Namakan individu hasil pemeringkatan dari  $m.g_j$  dengan  $m.i_j$ , sehingga populasi generasi pertama sebanyak  $N$  individu dengan  $m$  alternatif diekspresikan sebagai matriks

$$Y_{m \times N} = [m.i_1 | m.i_2 | \dots | m.i_N]; G_1 = Y$$

- 2) Periksa asumsi validitas algoritma pada setiap generasi  
Misalkan

$$R_h = \{r_{hj} (m.i_h, {}^p a_j) | j = 1, 2, \dots, n\}$$

untuk  $h = 1, 2, \dots, N$  merupakan himpunan korelasi Spearman antara individu ke- $h$  dengan vektor kriteria. Berdasarkan data empiris terungkap bahwa 30% atau  $0.3N$  dari himpunan  $R_h$  ini harus himpunan bagian dari himpunan bilangan positif ( $R_h \subseteq R^+$ ). Apabila kriteria ini belum terpenuhi maka ulangi pembangkitan populasi awal pada butir (1).

- 3) Evaluasi generasi

Evaluasi dilakukan dengan menggunakan konsep *maximin* korelasi Spearman yang dihasilkan antara setiap individu pada  $Y$  dengan semua kriteria,  ${}^p j, j = 1, 2, \dots, n$ . Misalkan matriks  $B = [b_{ij}]_{n \times N}$  dengan  $n$  menyatakan banyaknya kriteria,  $N$  menyatakan jumlah individu, serta  $b_{ij}$  menyatakan nilai korelasi pada kriteria ke- $i$  dan individu ke- $j$ . Selanjutnya dari matriks  $B$  dicari minimum korelasi pada setiap kolom,  $r_j^{min} = \min_{1 \leq i \leq n} b_{ij}$ ,  $j = 1, 2, \dots, N$ , yang menyatakan nilai *fitness* setiap individu. Misalkan  $r_N$  vektor yang berisi  $r_j^{min}, j = 1, 2, \dots, N$ . Apabila selisih nilai terbesar dengan terkecil unsur vektor  $r_N$  kurang dari  $\alpha$  maka solusinya berupa individu dengan nilai  $r_j^{min}$  terbesar. Pembentukan generasi baru  $G_p, p \geq 2$ , dilakukan sampai kriteria konvergensi di atas terpenuhi dengan langkah sebagai berikut.

- a) Pembentukan populasi induk individu

Sebanyak  $k$  induk individu dipilih berdasarkan  $k$  urutan tertinggi pada  $r_j^{min}$  melalui  $r_{j_l}^{maximin} = \max_{1 \leq j \leq N-(l-1)} r_j^{min}, l = 1, \dots, k$ .

Hasilnya berupa matriks induk individu, namakanlah

$$E_{m \times k} = [m.i_{j_1} | m.i_{j_2} | \dots | m.i_{j_k}]$$

berisi sebanyak  $k$  induk individu dengan  $m$  alternatif.

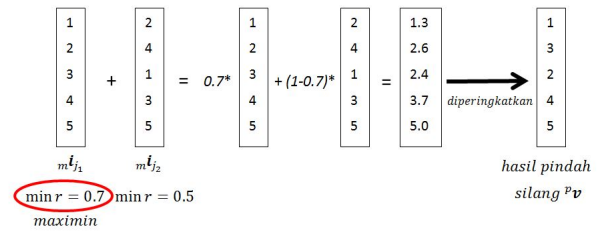
- b) Pindah silang (*crossover*)

Operasi pindah silang dilakukan kepada setiap kombinasi pasangan  $k$  induk sbanyak  $s = \binom{k}{2}$

yang didefinisikan sebagai peringkat rata-rata terboboti pada setiap gen di dalam individunya. Bobot yang digunakan ialah nilai *maximin* korelasi Spearman antara sepasang induk yang akan dilakukan pindah silang. Induk yang memiliki nilai *maximin* ini diberi bobot dengan nilai tersebut, sedangkan induk pasangannya diberi bobot  $1 - \text{maximin}$ . Misalkan  $m.i_{j_1}$  dan  $m.i_{j_2}$  menyatakan  $m \times 1$  vektor induk individu pertama dan kedua dengan nilai *maximin* korelasi di antara keduanya  $r_{12}$  yang dimiliki oleh  $m.i_{j_1}$ , maka pindah silang antara  $m.i_{j_1}$  dengan  $m.i_{j_2}$ ,

$${}^p \mathbf{v} = [(r_{12} m.i_{j_1}) + ((1 - r_{12}) m.i_{j_2})]$$

Selanjutnya, agar sifat dari induk tidak hilang, maka hasil dari pindah silang digabungkan dengan matriks induk sebelumnya,  $E_{m \times k}$ , sehingga hasilnya dinamakan sebagai  $Y1_{m \times (s+k)} = [{}^p \mathbf{v}_1 | {}^p \mathbf{v}_2 | \dots | {}^p \mathbf{v}_s | E]$ . Ilustrasi mengenai pindah silang ini dapat dilihat pada Gambar 1.

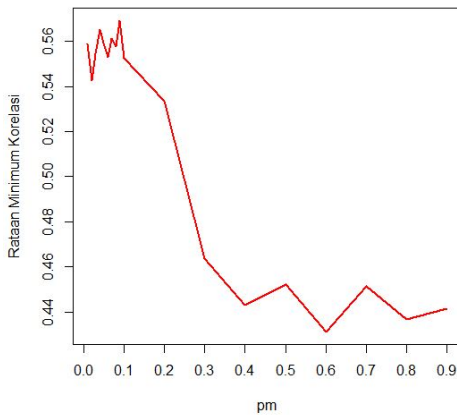


Gambar 1. Ilustrasi pindah silang

- c) Mutasi

Mutasi dilakukan dengan peluang  $p_m \leq 0.1$  pada  $Y1_{m \times (s+k)}$  untuk menjadi  $G_p, p \geq 2$ . Hal ini berdasarkan data empiris hubungan minimum korelasi dengan peluang mutasi (Gambar 2) ketika  $p_m \leq 0.1$  diperoleh minimum korelasinya relatif tinggi dan cenderung stabil.

Misalkan  $y_{ij}$  merupakan unsur (gen) dari matriks  $Y1$ , operasi mutasi dilakukan dengan mengganti  $y_{ij}$  pada  $i$  dan  $j$  tertentu dengan bilangan acak, yang kemudian diperingkatkan kembali berdasarkan kolomnya. Banyaknya gen yang akan dilakukan mutasi dicari melalui perkalian antara peluang mutasi dengan jumlah kolom dan baris matriks  $Y1$  yang telah dibulatkan hasilnya,  $ngen = \text{int}(p_m \times m \times (s+k))$ ,  $ngen \in N$  dengan  $N$  menyatakan himpunan bilangan asli. Setelah itu didefinisikan bilangan bulat acak yang mewakili baris dan kolom sebanyak hasil  $mrow = (g_1, \dots, g_{ngen})$  untuk baris, dan  $mcol = (h_1, \dots, h_{ngen})$  untuk kolom;  $mrow, mcol \in N$ ,

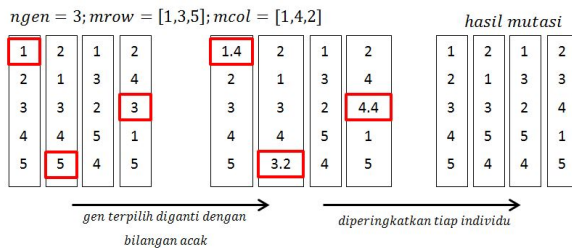


Gambar 2. Kurva rata-rata minimum korelasi Spearman solusi urutan alternatif terhadap  $p_m$

sehingga gen pada matriks  $\mathbf{Y1}$  yang diganti dengan bilangan acak yaitu

$$\{y_{g1,h1}, \dots, y_{g_{ngen},h_{ngen}}\}$$

menjadi matriks  $\mathbf{Y1}^{mutasi}$ . Hasil akhir pada tahap mutasi ini diperoleh matriks  $\mathbf{Y1}_{baru} = p\mathbf{Y1}^{mutasi}$  dengan ukuran  $m \times (s + k)$  sebagai generasi selanjutnya  $\mathbf{G}_p = \mathbf{Y1}_{baru}, p \geq 2$ . Ilustrasi mengenai mutasi dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3. Ilustrasi Mutasi

**B. Deskripsi Algoritma Genetika pada Software R**

Implementasi algoritma genetika berupa fungsi GENMCDA yang melibatkan 5 buah fungsi lain dalam mencari solusi MCDA dengan software R. Ekspresi pernyataan fungsi GENMCDA memiliki batasan seperti tercantum di bawah ini.

- 1) Nilai masukan fungsi GENMCDA
  - a) data : matriks keputusan  ${}^p\mathbf{A}_{m \times n}$ , dengan setiap pasang  ${}^p\mathbf{a}_j$  berkorelasi positif.
  - b)  $N$  : banyaknya anggota populasi yang dibangkitkan ( $N \geq 5$ ).
  - c)  $k$  : banyaknya induk yang diambil dari populasi ( $3 \leq k < N$ ).

- d) *pmutation* : peluang untuk melakukan mutasi ( $\leq 0.1$ ).
  - e) *alpha* : batasan terbesar jangkauan dari nilai fitness (korelasi minimum) ( $< 0.2$ ).
- 2) Deskripsi fungsi-fungsi bagian dari fungsi GENMCDA

a) Fungsi *rperm* dan fungsi *nselect* berperan sebagai pembangkit populasi awal  $\mathbf{G}_1$  berukuran  $N$ . Populasi dengan  $N$  individu dan  $m$  alternatif ini telah memenuhi kriteria 30% korelasi bernilai positif antara individu dengan kriteria. Hasilnya ditempatkan pada matriks

$$\mathbf{Y}_{m \times N} = [{}^m\mathbf{i}_1 | {}^m\mathbf{i}_2 | \dots | {}^m\mathbf{i}_N], \mathbf{G}_1 = \mathbf{Y}$$

- b) Fungsi eval berperan menghasilkan  $k$  induk individu terbaik berdasarkan konsep *maximin* terhadap korelasi Spearman antara setiap individu dengan masing-masing kriteria. Hasilnya berupa matriks  $\mathbf{E}_{m \times k} = [{}^m\mathbf{i}_{j_1} | {}^m\mathbf{i}_{j_2} | \dots | {}^m\mathbf{i}_{j_k}]$  yang berisi  $k$  induk individu dengan  $m$  alternatif, dan vektor  $\mathbf{r}_N$  yang berisi  $r_j^{min}, j = 1, 2, \dots, N$ .
- c) Fungsi *crossover* melakukan proses pindah silang di antara  $k$  induk individu dalam matriks  $\mathbf{E}_{m \times k}$ . Hasilnya digabungkan dengan  $k$  induk individu dan ditempatkan pada matriks

$$\mathbf{Y}_{1_{m \times (s+k)}} = [{}^p\mathbf{v}_1 | {}^p\mathbf{v}_2 | \dots | {}^p\mathbf{v}_s | \mathbf{E}], s = C_2^k$$

d) Fungsi *mutation* melakukan proses mutasi secara acak pada unsur matriks  $\mathbf{Y1}$  dan pemeringkatan ulang untuk menghasilkan generasi baru  $\mathbf{G}_p, p \geq 2$ , yang ditempatkan pada matriks  $\mathbf{Y1}_{baru} = p\mathbf{Y1}^{mutasi}$ , berordo  $m \times (s + k)$  dengan  $\mathbf{G}_p = \mathbf{Y1}_{baru}, p \geq 2$ .

- 3) Iterasi  
 Proses iterasi pembangkitan generasi  $\mathbf{G}_p, p \geq 1$ , akan berhenti ketika jangkauan vektor  $\mathbf{r}_N$  kurang dari *alpha*,  $\max_{1 \leq j \leq N} r_j^{min} - \min_{1 \leq j \leq N} r_j^{min} < alpha$ . Jika kriteria ini tidak terpenuhi, maka akan ditampilkan pesan untuk melakukan eksekusi ulang fungsi GENMCDA dengan masukan yang sama ataukah mengubah  $N, k, p_m$ , atau *alpha*.
- 4) Keluaran fungsi GENMCDA  
 Keluaran fungsi ini berupa populasi awal yang digunakan ( $\mathbf{Y}$ ), generasi terakhir ( $\mathbf{G}_z$ ), nilai korelasi minimumnya ( $r_N$ ), banyaknya iterasi yang dilakukan ( $z$ ), serta solusinya.

**C. IMPLEMENTASI FUNGSI GENMCDA**

Pada bagian ini akan diulas seberapa dekat solusi simulasi masalah MCDA dengan algoritma genetika dan metode pembobotan AHP, serta solusinya ketika ada data kosong dengan acuan korelasi antar solusinya dan menggunakan fungsi GENMCDA.

1) *Simulasi Masalah MCDA*: Simulasi diulangi sebanyak 50 kali terhadap matriks  $\mathbf{A} = [a_{ij}]_{30 \times 15}$  dengan  $a_{ij}$  ditentukan secara acak dan  $0 \leq a_{ij} \leq 1$ , serta  $r[\mathbf{a}_j, \mathbf{a}_k] > 0, j \neq k$ . Masukan fungsi GENMCDA berupa  $N = 10, k = 5, p_m = 0.07$ , dan  $\alpha = 0.19$ . Hasilnya menyatakan bahwa alternatif terbaik adalah A15 dan alternatif terburuk adalah A2.

Berdasarkan AHP, peringkat alternatif digambarkan melalui hubungan sebagai berikut  $\mathbf{A}_{AHP}^* = (\mathbf{A}\mathbf{D}^{-1}\mathbf{W})\mathbf{1}$  dengan  $\mathbf{D} = [\mathbf{a}'_j\mathbf{1}\delta_{ij}]_{n \times n} = \text{diag}[\mathbf{a}'_1\mathbf{1}, \dots, \mathbf{a}'_n\mathbf{1}]$ ,  $\mathbf{W} = [w_j\delta_{ij}]_{n \times n'}$ , dan  $\delta_{ij}$  adalah delta kronecker. Unsur tertinggi pada  $\mathbf{A}_{AHP}^*$  menyatakan alternatif padanannya berada pada peringkat pertama yang tentunya sebagai alternatif terbaik.

Tabel I  
BOBOT ACAK PADA METODE AHP

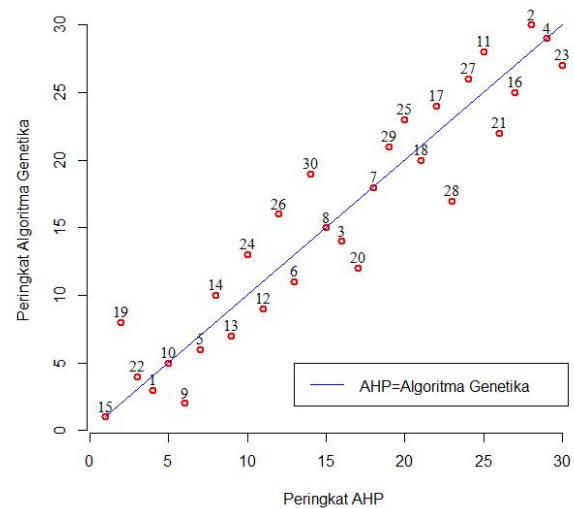
Kode	Bobot	Kode	Bobot	Kode	Bobot
w1	0.012198	w6	0.036500	w11	0.017605
w2	0.086352	w7	0.063599	w12	0.007474
w3	0.029784	w8	0.061639	w13	0.184089
w4	0.16224	w9	0.134595	w14	0.056377
w5	0.014493	w10	0.041678	w15	0.091374

Besaran bobot ( $w_i$ ) yang digunakan merupakan bilangan acak yang dibangkitkan melalui *softwareR* (Tabel I), dengan  $w_i > 0$  dan  $\mathbf{1}'\mathbf{W}\mathbf{1} = 1$ . Pada Tabel II terlihat bahwa ada 25 alternatif yang berbeda peringkatnya tetapi tidak menyimpang terlalu jauh. Hal tersebut diindikasikan pula oleh koefisien korelasi antara kedua solusi tersebut sebesar 0.944 yang bermakna hubungannya hampir linear seperti tampilan pada Gambar 4. Hal ini berarti ada konsistensi antara solusi dengan algoritma genetika dan solusi dengan metode AHP. Dengan perkataan lain masalah MCDA dapat pula diselesaikan dengan algoritma genetika.

Tabel II  
PERINGKAT ALTERNATIF DENGAN ALGORITMA GENETIKA (AG) DAN METODE AHP

Alt.	AG	AHP	Alt.	AG	AHP
A1	3	4	A16	25	27
A2	30	28	A17	24	22
A3	14	16	A18	20	21
A4	29	29	A19	8	2
A5	6	7	A20	12	17
A6	11	13	A21	22	26
A7	18	18	A22	4	3
A8	15	15	A23	27	30
A9	2	6	A24	13	10
A10	5	5	A25	23	20
A11	28	25	A26	16	12
A12	9	11	A27	26	24
A13	7	9	A28	17	23
A14	10	8	A29	21	19
A15	1	1	A30	19	14

2) *Simulasi Data Kosong*: Matriks keputusan  $\mathbf{A} = [a_{ij}]_{30 \times 15}$  pada simulasi sebelumnya disisihkan isinya secara



Gambar 4. Plot hubungan peringkat alternatif dengan algoritma genetika dan metode AHP

acak sebanyak 10, 15, 20, 25, 30, 35, dan 40%. Pada masing-masing persentase data kosong dilakukan simulasi sebanyak lima kondisi letak data kosong yang berbeda dengan ulangan sebanyak 50 kali, agar diperoleh solusi terbaiknya. Data yang terbentuk ini selanjutnya digunakan pada fungsi GENMCDA untuk memperoleh urutan alternatif optimum.

Gambaran keterandalan fungsi GENMCDA diukur dari korelasi Spearman solusi urutan alternatif pada setiap persentase data kosong dengan urutan alternatif data lengkap. Selain itu juga korelasi Spearman antar solusi urutan alternatif pada persentase data kosong yang sama. Rataan korelasi tersebut disajikan pada Tabel III.

Tabel III  
RATAAN KORELASI SPEARMAN SOLUSI DATA LENGKAP DENGAN SOLUSI ADA DATA KOSONG, DAN ANTAR SOLUSI DENGAN ADA DATA KOSONG

Data Kosong (%)	Rataan Korelasi Solusi Data Lengkap dengan Data Kosong	Rataan Korelasi Solusi Antar Data Kosong
10	0.8914	0.8930
15	0.8988	0.9074
20	0.8866	0.8939
25	0.8812	0.8925
30	0.8922	0.8930
35	0.8752	0.8824
40	0.8702	0.8519

Rataan korelasi Spearman antara solusi data lengkap dengan solusi ada data kosong diperoleh nilai yang cenderung stabil dalam kisaran 0.8702 hingga 0.8988. Selain itu nilai yang cenderung stabil dalam kisaran 0.8519 hingga 0.9074 pada rata-rata korelasi Spearman antara sesama solusi yang ada data kosong. Kestabilan nilai rata-rata korelasi ini menandakan

an bahwa algoritma genetika dengan menggunakan konsep korelasi terandalkan sebagai solusi masalah MCDA dengan data lengkap maupun ada data kosong tak lebih dari 40%.

#### D. Pilihan Mobil Berdasarkan Selera Konsumen

Data primer penilaian 7654 konsumen terhadap 29 merek mobil berdasarkan pada 11 kriteria diolah dengan algoritma genetika untuk memperoleh peringkat mobil dari yang paling disukai sampai yang paling tidak disukai. Data ini bersifat kategorik dengan 3 jenis skala penilaian, dari 1-5, 1-7, dan 1-10. Nilai tertinggi dari ketiga jenis skala penilaian tersebut menyatakan bahwa mobil paling disukai. Persepsi tingkat selera konsumen terhadap merek mobil yang paling disukai terwakili pada matriks keputusan  $A=[a_{ij}]_{29 \times 11}$ , yang ditetapkan dengan  $a_{ij}$  merupakan persentase responden yang memilih 0.4 sampai 0.5 bagian tertinggi dari setiap jenis skala kriteria seperti tercantum pada Tabel IV. Matriks keputusan ini memiliki sekitar 20% data kosong, serta memiliki nilai korelasi positif untuk setiap pasang kriteria.

Tabel IV  
SKALA KRITERIA MOBIL

No.	Jangkauan Kriteria	Nilai Skala untuk	Persentase Skala Terpilih (%)
1	1-5	4 dan 5	40
2	1-7	5, 6, dan 7	43
3	1-10	7, 8, 9, dan 10	40

Pada matriks keputusan A, dapat dilihat Model-Y, Model-1 dan Model-3 memiliki nilai yang cenderung besar di semua kriteria, sedangkan Model-A memiliki nilai yang cenderung kecil di semua kriteria. Dugaan sementara bahwa Model-Y, Model-1 dan Model-3 berada peringkat teratas, sedangkan Model-A berada pada peringkat terbawah. Pengolahan data tersebut dengan fungsi GENMCDA diperoleh hasil urutan alternatifnya yang dapat dilihat pada Tabel V. Hasilnya sesuai dengan dugaan awal bahwa Model-Y, Model-1 dan Model-3 berada pada tiga peringkat teratas, dan Model-A berada pada peringkat terbawah.

#### IV. SIMPULAN

Melalui simulasi terungkap adanya konsistensi solusi masalah MCDA dengan metode AHP dan solusinya dengan algoritma genetika. Indikatornya ialah koefisien korelasi Spearman kedua solusi ini sebesar 0.94 atau plotnya hampir linear. Selain itu tampak pula algoritma genetika juga terandalkan untuk mengatasi adanya data kosong hingga 40% dalam masalah MCDA, sebagaimana diindikasikan oleh tingginya rataan korelasi Spearman solusi data lengkap dengan solusi ada data kosong maupun di antara solusi yang ada data kosongnya; nilainya lebih dari 0.85. Algoritma genetika dapat digunakan sebagai metode alternatif untuk solusi MCDA melalui pengoptimasian korelasi Spearman setiap pasangan kandidat solusi dengan semua kriteria sebagai

Tabel V  
HASIL PERINGKAT MEREK MOBIL BERDASARKAN PENILAIAN KONSUMEN

Peringkat	Merek Mobil	Peringkat	Merek Mobil
1	Model-Y	16	Model-Q
2	Model-1	17	Model-B
3	Model-3	18	Model-6
4	Model-T	19	Model-U
5	Model-S	20	Model-X
6	Model-4	21	Model-7
7	Model-5	22	Model-L
8	Model-J	23	Model-V
9	Model-M	24	Model-W
10	Model-C	25	Model-R
11	Model-P	26	Model-H
12	Model-O	27	Model-N
13	Model-G	28	Model-Z
14	Model-K	29	Model-A
15	Model-2		

ukuran kebaikan solusinya, tentunya dengan asumsi bahwa semua korelasi tersebut positif atau tidak ada kriteria yang saling bertolak belakang. Model-Y, Model-1, dan Model-3 adalah tiga urutan mobil terbaik pilihan konsumen di antara 29 merek yang dinilai berdasarkan 11 kriteria dengan data kosong sekitar 20%.

#### PUSTAKA

- [1] Nardo M, Saisana M, Saltelli A, Tarantola S, Hoffman A, Giovannini E. 2005. Handbook on Constructing Composite Indicators: Methodology and User Guide. *OECD Statistics Working Paper*. STD/DOC(2005)3:12-30
- [2] Haupt RL, Haupt SE. 2004. *Practical Genetic Algorithms Second Edition*. New Jersey(US) : John Wiley and Sons, Inc
- [3] Steele K, Carmel Y, Cross J, Wilcox C. 2008. Uses and Misuses of Multi-Criteria Decision Analysis (MCDA) in Environmental Decision-Making. *Australian Centre of Excellence for Risk Analysis*.1-19
- [4] Triantaphyllou E, Shu B, Sanchez SN, Ray T. 1998. Multi-Criteria Decision Making: An Operations Research Approach. *Encyclopedia of Electrical and Electronics Engineering*.15:175-186
- [5] Sivanandam SN, Deepa SN. 2008. *Introductions to Genetic Algorithms*. New York(US) : Springer
- [6] Linkov I, Varghese A, Jamil S, Seager TP, Kiker G, Bridges T. 2004. Multi-Criteria Decision Analysis: A Framework for Structuring Remedial Decisions at Contaminated Sites. *Comparative Risk Assessment and Environmental Decision Making*. 15-54