Jurnal5_Optimisasi_SNISTEK

by Sriwindono Haris

Submission date: 17-Apr-2023 08:18PM (UTC+0700)
Submission ID: 2067184466
File name: artikel_Optimisasi_snistek_haris_sriwindono.pdf (206.33K)
Word count: 3228
Character count: 18453

 ISBN 978-623-5645-10-0

OPTIMISASI PARAMETER METODE *HOLT-WINTER* DENGAN MENGGUNAKAN ALGORITMA GENETIKA

Haris Sriwindono[a,*], Rama Eka Putranto[b]

[a,b] Informatika, Universitas Sanata Dharma, Sleman

*haris@usd.ac.id

Abstract

CV. TOM is a vegetable supplier to various Yogyakarta supermarkets. During this time, C. V. TOM was unable to meet market demand due to fluctuations in demand. CV. TOM needs time to extend the product in advance from partner farmers, so it is important that C.V. TOM in order to be able to estimate the demand for vegetables to be delivered in the future. These problems should be investigated using forcasting methods to ensure that C.V. TOM fully meets the needs of the market.

The forecasting method used here is the multiplicative Holt-Winter method, as the processed data are not stationary or fluctuating product demand data. In the Holt-Winter algorithm, the parameters α, β, ɣ must be determined first. This determination is random and therefore does not necessarily lead to an accurate forecast. In this study, the parameter values α, β, ɣ are searched using a genetic algorithm. Here we use genetic operators, namely single point crossing and reverse mutation. The fitness function used is the mean absolute percentage error (MAPE), the higher the value, the lower the fitness value. The result of this research α = 0.1119; β = 0.1884 and ɣ = 0.9186 at 5.0571% of MAPE, which means that the predictions are very accurate. This condition can be achieved using the parameters of the genetic algorithm, namely the probability of mutation / crossover = 0.013, the number of chromosomes = 10 and the number of generations is 500.

Keywords: *Forecasting; Holt-Winter; Optimization; Genetic Algorithm; crossovers; mutation.*

Abstrak

C.V. TOM adalah perusahaan pemasok sayuran ke berbagai supermarket di Yogyakarta. Selama ini C.V. TOM belum bisa memenuhi permintaan pasar karena jumlah permintaan yang fluktuatif. C.V. TOM memerlukan waktu untuk mendapatkan terlebih dahulu produk yang akan didistribusikan dari petani mitra, sehingga penting bagi C.V. TOM untuk dapat memperkirakan kebutuhan sayuran yang akan dipasok di masa yang akan datang. Dari permasalahan tersebut akan dibuat penelitian dengan menggunakan metode peramalan agar C.V. TOM dapat memenuhi permintaan pasar secara maksimal. Metode peramalan yang dipakai di sini adalah metode *Holt-Winter* multiplikatif, karena data yang diolah merupakan data permintaan produk yang tidak stasioner atau fluktuatif. Pada algoritma Holt Winter ini harus ditentukan terlebih dahulu parameter α, β, ɣ. Penentuan ini bersifat random, sehingga belum tentu menghasiklan peramalan yang akurat. Dalam penelitian ini nilai parameter α, β, ɣ akan dicari dengan menggunakan algoritma genetika. Di sini akan digunakan operator genetika yaitu *single point crossover* dan *reverse mutation*. *Fitness function* yang digunakan adalah *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) di mana makin besar nilainya maka *fitness value*-nya akan makin kecil. Dari hasil penelitian ini diperoleh nilai α = 0,1119; β = 0,1884 dan ɣ= 0,9186 dengan MAPE sebesar 5,0571 % artinya bahwa ramalan ysng dihsdilksn termasuk sangat akurat. Kondisi ini dicapai dengan menggunakan parameter algoritma genetika yaitu probabilitas mutasi/crossover=0,013, jumlah kromosom= 10 dan jumlah generasi sebanyak 500.

Kata kunci : *Peramalan; Holt-Winter; Optimisasi; Algoritma Genetika; crossover; mutasi.*

1. Pendahuluan

C.V. Tani Organik Merapi (C.V. TOM) adalah sebuah perusahaan penyedia sayuran yang memasok ke banyak supermarket di Yogyakarta. C.V. TOM ingin selalu dapat memenuhi permintaan pasar yang terus meningkat sehingga ia harus menjalin kemitraan dengan petani sayuran di Kabupaten Sleman, karena ia tidak dapat memenuhi kebutuhan pasar dari lahan milik sendiri. Kesulitan yang dihadapi C.V. TOM ini

 ISBN 978-623-5645-10-0

adalah menentukan jumlah komoditi sayuran yang harus dia pesan kepada para petani jauh hari sebelumnya. Sehinga C.V. TOM perlu memiliki kemampuan untuk memprediksi jumlah kebutuhan pasar di masa mendatang, paling tidak sebelum satu kali musim panen berlangsung. Dengan demikian C.V. TOM akan dapat memesan kepada para petani dengan jumlah dan waktu yang tepat sehingga ia akan dapat memenuhi kebutuhan pasar.

C.V. TOM memilik data yang selama ini di simpan yaitu berupa data permintaan pasar selama tiga tahun terakhir (2018-2020). Data tersebut memperlihatkan bahwa permintaan pasar tidak konstan, melainkan mengikuti deret waktu yang fluktuatif. Maka pada penelitian ini akan dibuat sistem peramalan kebutuhan pasar akan komoditi sayuran, dengan menggunakan metode Holt-Winter Multiplikatif, yang memang sesuai untuk masalah ini. Namun metode Holt Winter sendiri membutuhkan penentuan tiga parameter di awal komputasi yaitu α, β dan ɣ, di mana besarnya terletak dalam jangkauan 0 sampai dengan 1 (Rosalina, E., et.all.,2016). Dalam penelitian ini penentuan tiga parameter tersebut akan dioptimalkan dengan menggunakan Algoritma Genetika dengan tujuan agar peramalan memiliki tingkat akurasi yang tinggi. Pada penelitian ini jenis sayuran dibatasi hanya untuk satu jenis saja yaitu brokoli. Sedangkan untuk Algoritma Genetikanya, dibatasi penggunaan operator kawin-silang berupa *single point crossover* dan operator mutasi berupa *reverse mutation.*

2. Kajian Literatur

Metode Holt-Winter biasa dipakai untuk peramalan, dan merupakan metode yang dapat mengatasi faktor tren dan musiman yang muncul secara simultan pada kasus data deret waktu. Metode ini didasarkan atas tiga komponen yaitu data asli, tren dan musiman dengan memberikan tiga parameter pembobotan dalam prediksinya, yaitu α, β dan ɣ yang nilainya terletak di antara 0 dan 1 dan ditentukan secara subjektif atau dengan meminimalkan nilai kesalahan dari peramalan. Metode Holt-Winter dibagi menjadi dua model, yaitu model aditif dan multiplikatif. Perhitungan dengan model aditif dilakukan jika plot data asli menunjukkan fluktuasi musiman yang relatif stabil (konstan), sedangkan model multiplikatif digunakan jika plot data asli menunjukkan fluktuasi musiman yang bervariasi. Kasus yang akan diselesaikan dalam penelitian ini adalah peramalan permintaan akan pasokan sayuran (dalam hal ini brokoli), dari berbagai supermarket kepada CV. TOM. Data yang ada menunjukkan bahwa permintaannya fluktuatif sehingga akan dipakai metoda Hold Winter Multiplikatif, bukan yang aditif.

Holt-winter multiplikatif mempunyai persamaan dasar sebagai berikut:

a. Pemulusan Keseluruhan (*level)*

$$L_t = \alpha\frac{Y\,t}{St-s} + (1\text{-}\alpha)(L_{t\text{-}1}+b_{t\text{-}1}) \quad (2.1)$$

b. Pemulusan Kecenderungan (*trend*)

$$b_t = \beta(L_t - L_{t\text{-}1}) + (1 - \beta\,)b_{t\text{-}1} \quad (2.2)$$

c. Pemulusan Musiman (*seasonal*)

$$S_t = \gamma\frac{Yt}{\dot{c}} + (1\text{-}\gamma)S_{t\text{-}s} \quad (2.3)$$

dengan 0 ≤ α, β, γ ≤ 1, kemudian untuk mencari nilai prediksi / ramalan yaitu:

$$F_{t+m} = (L_t + b_t m)S_{t\text{-}s+m} \quad (2.4)$$

Sebelum melakukan pemulusan harus menentukan nilai awal terlebih dahulu dengan persamaan:

a. Nilai Awal Pemulusan Keseluruhan (*level)*

$$L_s = \frac{1}{s}(Y_1+Y_2+\ldots+Y_s) \quad (2.5)$$

b. Nilai Awal Pemulusan Kecenderungan (*trend*)

$$b_s = \frac{1}{s}\left(\frac{Ys+1-Y\,1}{s} + \frac{Ys+2-Y\,2}{s} + \ldots + \frac{Ys+s-Ys}{s}\right) \quad (2.6)$$

c. Nilai Awal Pemulusan Musiman (*seasonal*)

$$S_1 = \frac{Y\,1}{Ls}\,,\; S_2 = \frac{Y\,2}{Ls}\,,\ldots S_s = \frac{Ys}{Ls} \quad (2.7)$$

dengan 0 ≤ α, β, γ ≤ 1, kemudian untuk mencari nilai prediksi / ramalan yaitu:

$$F_{t+m} = L_t + b_t m + S_{t\text{-}s+m} \quad (2.8)$$

di mana :

S = Panjang musiman.
F_{t+m}= Peramalan untuk *m* periode berikut-nya.
L_t = Nilai pemulusan keseluruhan.
b_t = Komponen *trend.*
S_t = Komponen musiman.

Sementara Algoritma Genetika akan dipakai untuk menentukan nilai α, β, ɣ dari metoda Holt Winter sedemikian hingga *error* dari peramalannya minimal. Algoritma Genetika merupakan algoritma probabilistik untuk melakukan pencarian solusi di ruang pencarian yang besar dengan mengikuti

 ISBN 978-623-5645-10-0

prinsip genetika. Dalam Algoritma Genetika, populasi dari solusi yang potensial disebut sebagai kromosom dan individu berevolusi berturut-turut dari generasi ke generasi menggunakan seperangkat operator genetika yaitu seleksi, kawin silang dan mutasi (Gen M. and Cheng, 1997), (Zainudin, Z., 2013). Operator seleksi digunakan untuk memilih kromosom-kromosom yang akan dipadukan untuk menjadi individu-individu baru, baik melalui kawin silang maupun mutasi. Operator kawin silang atau *crossover*, digunakan untuk memadukan informasi genetik antar dua kromosom induk untuk menjelajahi ruang pencarian dengan membentuk individu baru (kromosm anak baru) (Holland, 1975). Sedangkan operator mutasi dikenakan pada satu kromosom induk dan digunakan untuk mempertahankan populasi keragaman kromosom yang memadai dan menghindari konvergensi prematur atau optimum lokal.

3. Metode Penelitian

Dalam penelitian ini data diperoleh dari C.V. TOM berupa data permintaan sayuran selama tiga tahun berturut-turut dari Januari 2018 hingga Desember 2020, dan data sudah diakumulasikan dalam bentuk perbulan. Komputasi dilakukan dalam dua tahap yaitu tahap pertama adalah mencari besar parameter α, β dan ɣ dengan menggunakan algoritma genetika, kemudian tahap kedua melakukan peramalan dengan menggunakan metoda Holt-Winter dengan menerapkan nilai parameter α, β, ɣ yang sudah diperoleh dari tahap pertama.

Tahap I, mencari nilai α, β, ɣ dengan Algoritma Genetika

Algoritmanya adalah sbb (Goldberg D., 1989):

a. [Start] Membangkitkan populasi awal sebanyak *n* kromosom.
b. [Fitness] Menghitung nilai *fitness f(x)* dari setiap kromosom dalam populasi
c. [New population] Membuat populasi baru dengan mengulangi langkah2 berikut hingga populasi baru lengkap.
d. [Selection] Memilih dua kromosom orangtua dari populasi sesuai nilai fitness-nya (makin baik nilai fitness-nya, maka makin besar kemungkinan terpilih).
e. [Crossover] Dengan probabilitas tertentu dilakukan perkawinan silang (crossover) terhadap orangtua terpilih untuk memperoleh keturunan. Jika tidak terjadi perkawinan silang maka keturunan baru merupakan salinan asli (duplikat) dari orangtuanya.
f. [Mutation] Dengan probabilitas mutasi tertentu dilakukan proses mutasi terhadap kromosom tertentu pada gen tertentu.
g. [Accepting] Menempatkan keturunan baru pada populasi
h. [Replace] Gunakan populasi baru ini untuk proses berikutnya.
i. [Test] Jika kondisi akhir tercapai maka stop, dan masukkan hasil terbaik pada populasi.
j. [Loop] ke langkah d.

Pembentukan Kromosom dan Populasi

Kromosom merupakan representasi solusi, maka parameter α, β dan ɣ harus dinyatakan dalam representasi data yang sesuai. Karena jangkauan nilainya berkisar antara 0 dan 1 dan dengan ketelitian 0,0001 maka ketiga parameter ini dapat dinyatakan dalam bentuk biner masing-masing sepanjang 7 bit. Sehingga bila digabung, total panjang kromosom adalah 21 bit. Populasi awal berupa kumpulan n kromosom dibangkitkan secara random.

Penentuan FItness Function

Untuk menyatakan apakah sebuah kromosom itu baik atau tidak maka perlu diukur dengan sebuah fitness function, di sini akan digunakan fungsi Mean Absolute Percentage Error (MAPE) yaitu sbb:

$$MAPE = \sum_{t=1}^{n} . \vee \frac{Yt - Ft}{Yt} \vee \frac{¿}{n} ¿ \text{ x } 100\% \quad (2.9)$$

Nilai MAPE ini akan menunjukkan akurasi dari prediksi yang akan dibangkitkan. adapun tingkat akurasinya dapat dilihat pada tabel 1 berikut ini (Fudianto, M. A., 2020).

Tabel 1. Tingkat akurasi MAPE

Jangkauan	Keterangan
MAPE ≤ 10%	Sangat Akurat
10% < MAPE≤20%	Akurat
20% < MAPE≤50%	Cukup Akurat
MAPE >50%	Tidak Akurat

Seleksi Kromosom

Setelah kromosom dalam populasi terbentuk dan masing-masing nilai fitnessnya dihitung maka tahap selanjutnya adalah melakukan pemilihan terhadap kromosom-kromosom tersebut untuk dikenai operator genetika. (Sriwindono, H., et.all., 2017). Untuk memilih kromosom yang akan dikenai operator genetika ini, yaitu kawin silang (crossover) atau mutasi, maka ada beberapa metode yang bisa dipakai misalnya *tournament selection, roulette wheel selection, rank selection* dan

 ISBN 978-623-5645-10-0

lain sebagainya. Pada penelitian ini akan digunakan metode seleksi *roulette wheel selection*, di mana probabilitias terpilihnya kromosom akan sebanding dengan besarnya nilai fitness dari kromosom tersebut. Seleksi kromosom atau individu ini merupakan tahap penyeleksian individu di dalam suatu populasi untuk setiap pembentukan generasi baru. Individu yang memiliki nilai probabillitas yang tinggi memiliki kemungkinan yang lebih besar untuk terpilih pada proses selanjutnya misalnya untuk dikawinsilangkan atau dimutasikan. Untuk mengerjakan metode ini, maka nilai fitness relatif dan nilai fitness kumulatif harus diketahui terlebih dahulu.

Berikut adalah rumus untuk mencari nilai fitness relatif dari setiap kromosom:

$$P[i] = \frac{f[i]}{\sum f} \qquad (2.10)$$

Di mana :
P = Probabilitas relatif.
I = kromosom ke-i.
F = Nilai fitness.
$\sum f$ = Jumlah fitness dari semua kromosom.

Setelah mendapatkan nilai fitness relatif maka mencari nilai fitness kumulatif dengan rumus:

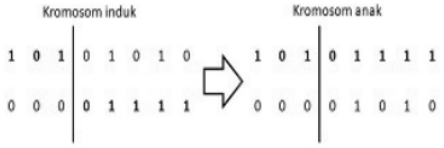
$$C[i]=C[i-1]+P[i] \quad (2.11)$$

Di mana :
C= Probabilitas kumulatif.
I = kromosom ke-i.
P = Probabilitas relatif.

Kemudian bangkitkan bilangan acak R_i dengan $\{R_i \in R \mid 0 < R_i < 1, i = 1, 2, \ldots, N\}$. Jika $R_i < C_i$ maka kromosom ke-i sebagai induk. Namun jika C[i-1] < R[i] < C[i] pilih kromosom ke-i sebagai induk.
Di mana :
R = Bilangan Acak.
I = kromosom ke-i.
C = Probabilitas kumulatif.

Kawin silang (Crossover)

Metoda kawin silang yang dipakai di sini adalah *single point crossover*, di mana pada awalnya ditentukan satu titik posisi dari deretan gen dalam kromosom terpilih. (Oliver. I.M, et.all.,1987). Kemudian titik posisi tersebut dipakai sebagai acuan untuk menukarkan posisi gen dalam kromosom induknya secara bersilang sehingga dihasilkan dua anak (dua kromosom) baru seperti terlihat pada Gambar 1..



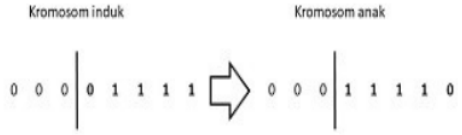
Gambar 1. Single Point Crossover

Contoh pada gambar 1, posisi atau titik batas terletak setelah gen ke tiga. Maka untuk membentuk anak yang pertama digabungkanlah gen-gen deretan sebelah kiri dari titik posisi dari induk pertama dengan gen-gen deretan sebelah kanan dari titik posisi dari induk kedua membentuk kromosom anak pertama. Demikian juga digabunkan sebelah kiri titik posisi dari induk kedua dengan gen-gen sebelah kanan dari induk pertama sehingga terbentuk kromosom anak kedua. Dengan demikian diperolah kromosom dua anak yang diharapkan akan berbeda dengan kromosom induknya sehingga nantinya bika dihitung fitnessnya diharapkan akan lebih baik daripada fitness induknya. Dengan demikian terbentuk generasi baru yang lebih baik, dan akan dimasukkan ke dalam populasi, menggantikan kromosom dengan fitness yang lebih buruk.

Mutasi

Operator Algoritma Genetika yang lain adalah mutasi. Mutasi ini dipakai untuk menjaga agar selama regenerasi berlangsung tidak terjebak pada optimum lokal, sehingga perlu dilakukan pengubahan kromosom secara radikal (Abdoun, et.all., 2011). Proses perkawinan silang menghasilkan keturunan yang masih membawa bagian kromosom induknya, artinya sifat-sfat keturunannya diperoleh dari induknya. Maka untuk membentuk generasi baru yang relatif berbeda dengan induknya diperlukanlah operator lain yaitu operator mutasi ini. Operator mutase ini tidak membutuhkan dua induk sebagaimana kawin silang, melainkan hanya 1 induk saja. Dari satu induk inilah akan dibentuk satu generasi baru (anak baru). Dalam algoritma genetika dikenal berbagai metode mutasi antara lain *reverse sequence mutation, partial shuffle mutation* dan lain-lain. Metode mutasi yang dipakai dalam penelitian ini adalah *reverse sequence mutation*. Di sini pada awalnya dilakukan pemilihan satu posisi gen. Kemudian mulai dari batas posisi gen tersebut maka posisinya dibalik urutannya seperti terlihat pada gambar 2 berikut ini.

 ISBN 978-623-5645-10-0



Gambar 2. Reverse Mutation

Tampak dalam gambar 2, bahwa setelah posisi gen ketiga maka urutan gen pada kromosom induk dibalik urutannya sehingga menghasilkan kromosom baru.

Tahap 2, menggunakan parameter α, dalam Holt Winter. Tahap kedua ini dilakukan dengan menggunakan algoritma sbb (Nindian P.D, 2020), (Putra, E. F., et.all., 2019).:

a. Melakukan pemulusan nilai awal level, trend dan seasonal dengan menerapkan rumus 2.5; 2.6 dan 2.7.
b. Melakukan proses pemulusan dengan menggunakan rumus 2.1; 2.2 dan 2.3.
c. Melakukan proses prediksi dengan rumus 2.7.

4. Hasil dan Pembahasan

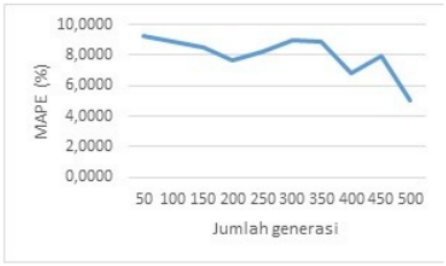
4.1 Penentuan α, β dan ɣ

Dari percobaan yang dilakukan dengan menvariasikan jumlah kromosom pada populasi awal dan jumlah generasi serta probabilitas mutasi. Tabel 2 memperlihatkan hasil terbaik yaitu diperoleh dengan menggunakan 10 kromosom awal, dan probabilitas mutasi/crossover 0,013.

Tabel 2. Hasil Percobaan dengan 10 kromosom dan Pm= 0,013

No	Jumlah Generasi	α	β	ɣ	MAPE (%)
1	50	0.0434	0.5327	0.7213	9,2259
2	100	0.0864	0.0236	0.9326	8,9008
3	150	0.1358	0.0499	0.7839	8,5022
4	200	0.1954	0.0235	0.863	7,6702
5	250	0.2329	0.0567	0.9242	8,2110
6	300	0.0609	0.2767	0.8311	8,9387
7	350	0.082	0.4484	0.8726	8,9360
8	400	0.1491	0.113	0.828	6,8266
9	450	0.0394	0.7195	0.7226	7,9725
10	**500**	**0.1119**	**0.1884**	**0.9186**	**5,0572**

Di sini tampak bahwa nilai α, β dan ɣ yang dihasilkan agar diperoleh MAPE yang minimal atau prediksi yang terbaik adalah α = 0,1119; β = 0,1884 dan ɣ= 0,9186 dengan MAPE sebesar 5,0571 %. Tampak pula dari grafik pada gambar 2 bahwa semakin besar jumlah generasi yang dibuat maka nilai MAPE juga cenderung mengecil.



Gambar 3. Grafik Jumlah Generasi vs MAPE

Bila ditinjau dari mutation rate atau kebolehjadian mutasi dibandingkan dengan kawin silang (pm), maka hasilnya dapat dilihat pada tabel 3 di bawah ini:

Tabel 3. Hasil MAPE berdasarkan pm

No	pm	α	β	ɣ	MAPE (%)
1	0,04	0.1553	0.0654	0.9482	5.7057
2	0,02	0.0675	0.3332	0.7613	7.7850
3	0,013	0.1119	0.1884	0.9186	5.0571
4	0,01	0.0560	0.3743	0.9604	8.7410

Tampak bahwa hasil MAPE terkecil dicapai ketika mutation ratenya 0,013 atau 1 dibanding 75. Artinya untuk setiap 75 kali terjadi kawin silang maka terjadi satu kali mutasi. Dalam realita genetika memang probabilitas terjadinya mutasi itu jauh lebih kecil daripada kawin silang,

4.2 Penentuan Prediksi

Dengan menggunakan nilai α, β dan ɣ yang telah diperoleh dengan menggunakan Algoritma Genetika di atas, maka dilakukan prediksi permintaan sayuran (dalam hal ini brokoli) untuk kebutuhan tahun depan (2021). Dengan menjalankan komputasi pada tahap kedua maka hasilnya akan diperoleh. Dengan nilai MAPE sebesar 5,0571% maka prediksi yang dilakukan masuk dalam kategori sangat akurat. Hasil prediksi permintaan brokoli untuk tahun 2021 dapat dilihat pada tabel 4 di bawah ini.

Tabel 4. Hasil ramalan Th. 2021

Bulan	Hasil Ramalan	Bulan	Hasil Ramalan
Januari	1297	Juli	1270
Februari	1114	Agustus	1202
Maret	1523	Seotember	1145
April	1617	Oktober	1352

Mei	1058	November	1759
Juni	1392	Desember	1795

5. Kesimpulan dan Saran

Kesimpulan

Dari hasil percobaan maka dapat disimpulkan bahwa:

1. Penentuan parameter Holt Winter dapat dilakukan dengan menggunakan Algoritma Genetika sehingga diperoleh besar parameter yang membuat prediksi lebih akurat dari pada jika penentuan parameter dilakukan secara random.
2. Pada kasus permintaan sayuran berupa brokoli untuk C.V. TOM ini diperoleh α = 0,1119; β = 0,1884 dan ɣ= 0,9186 dengan MAPE sebesar 5,0571 %. Artinya prediksi masuk dalam kategori sangat akurat. Kondisi ini diperoleh dengan menggunakan parameter Algoritma Genetika dengan jumlah kromosom=10, jumlah generasi =500 dan probabilitas mutasi/crossover = 0.013.

Saran

Pada penelitian ini metode *crossover* yang dilakukan adalah *Single Point Crossover*, maka bisa dicoba dengan metode lain misalnya *n-point crossover, ordered crossover* dan lain sebagainya. Demikian juga dengan mutasi, dapat dicoba untuk menggunakan metode mutasi lainnya yang dikenal dalam Algoritma Genetika yaitu misalnya *flip mutation, shuffle mutation* dll.

Daftar pustaka

Abdoun. O, Abouchabaka .J., and Tajani. C. (2011). *Analyzing the Performance of Mutation Operators to Solve the Travelling Salesman Problem*. Wotic.

Fudianto, M. A., Kusbianto, D., Pemenang, M. U. (2020). *Sistem Informasi Peramalan Penjualan Obat Ternak Berbasis Web. (Studi Kasus PT Otasindo Prima Satwa Cabang Surabaya)*. Seminar Informatika Aplikatif Polinema.

Gen, M., & Cheng. (1997). *Genetic Algorithms and Engineering Design*. Canada: Jhon Wiley & Sons, Inc.

Goldberg. D, (1989). *Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning*.

Holland, J. (1975). *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. University of Michigan Press.

Nindian, P. D. (2020). *Implementasi Holt-Winters Exponential Smoothing untuk Peramalan Harga Bahan Pangan di Kabupaten Pamekasan*. Digital Zone: Jurnal Teknologi *Informasi Dan Komunikasi*, *11*(2), 223–236. https://doi.org/10.31849/digitalzone.v11i2.4797

Oliver. IM, Smith. DJ, and Holland. JRC. (1987*). A study of permutation crossover operators on the traveling salesman problem*. International Conference on Genetic Algorithms (ICGA'87) Cambridge, MA.

Putra, E. F., Asdi, Y., & Maiyastri, M. (2019). *Peramalan dengan Metode Pemulusan Eksponensial Holt-Winter dan Sarima*. Jurnal Matematika UNAND, 8(1), 75. https://doi.org/10.25077/jmu.8.1.75-83.2019

Rosalina, E., Sugiarto, S., & Gamal, M. D. . (2016). *Metode Peramalan Holt-Winter Untuk Memprediksi Jumlah Pengunjung Perpustakaan Universitas Riau*. Repository *FMIPA.*

Sriwindono, H., Prima Rosa, P.H., Polina,A.M., Nugroho, R.A. (2017). *The Model of Elementary School Teachers Placement in Magelang District by Using Genetic Algorithm*. International Conference on Computer Science and Artificial Intelligent (CSAI).
Jakarta.https://doi.org/10.1145/3168390.3168414

Zainudin, Z., (2013). *Algoritma Genetika: Metode Komputasi Evolusioner untuk Menyelesaikan Masalah Optimasi*. ANDI.

Jurnal5_Optimisasi_SNISTEK

ORIGINALITY REPORT

9%	9%	1%	%
SIMILARITY INDEX	INTERNET SOURCES	PUBLICATIONS	STUDENT PAPERS

MATCH ALL SOURCES (ONLY SELECTED SOURCE PRINTED)

3%

★ jmua.fmipa.unand.ac.id

Internet Source

Exclude quotes	Off	Exclude matches	< 26 words
Exclude bibliography	On		