

PENENTUAN JARINGAN LOGISTIK PADA TRANSPORTASI LAUT MENGUNAKAN *FUZZY C-MEANS* DAN *MINIMUM SPANNING TREE* BERBASIS *HYBRID GENETIC ALGORITHM*

SHINTA TRI KISMANTI¹, IMAM MUKHLASH²

^{1,2}Mahasiswa Pascasarjana Jurusan Matematika, FMIPA, ITS

^{1,2}Department of Mathematics, Faculty of Mathematics and Natural Science

Institut Teknologi Sepuluh Nopember

E-mail : ¹ kismanti88@gmail.com, ² imammukhlash@gmail.com

ABSTRAK

Indonesia sebagai negara kepulauan dengan lebih dari 17.000 pulau dengan wilayah perairan menjadi salah satu moda transportasinya. Dengan demikian sebagian besar aktivitas terjadi di wilayah perairan, diantaranya distribusi logistik. Pergerakan distribusi logistik tersebut akan menghasilkan pola rute suatu pergerakan logistik. Penentuan pola jaringan pergerakan logistik yang optimal dapat mendukung kelancaran dalam sistem pendistribusian. Pada penelitian ini penentuan pola jaringan logistik dilakukan dengan dua tahapan. Tahap pertama, akan dilakukan pengklasteran dengan menggunakan *Fuzzy C-means*, pengklasteran bertujuan untuk mendapatkan kelompok-kelompok pulau yang berada pada lokasi yang berdekatan. Tahap kedua setelah didapatkan hasil *cluster* yang optimal, dengan menggunakan *minimum spanning tree* berbasis *hybrid genetic algorithm* akan didapatkan pola jaringan yang optimal. Pola jaringan tersebut akan menghubungkan pulau yang terpilih sebagai titik pusat ke pulau-pulau disekitarnya. Hasil uji coba pada proses pengklasteran menggunakan FCM didapatkan jumlah *cluster* optimal sebanyak 3 *cluster*. Pada proses pembentukan MST berbasis *hybrid GA* digunakan parameter *crossover rate* 0,2 dan *mutation rate* 0,4 dan diperoleh hasil terbaik ketika iterasi minimumnya konvergen pada solusi optimal. *Cluster* 1 didapatkan hasil terbaik dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 2000 dengan nilai *fitness* yaitu 9.41, *cluster* 2 dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 1000 dengan nilai *fitness* yaitu 14.97, dan *cluster* 3 dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 1000 dengan nilai *fitness* yaitu 17.46.

Kata kunci: Logistik, *Minimum Spanning Tree*, *Fuzzy C-means*, *Hybrid Genetic Algorithm*

I. Pendahuluan

Berdasarkan kondisi geografis, Indonesia terdiri lebih dari 17.000 (tujuh belas ribu) pulau yang terbentang sepanjang 1/8 (satu per delapan) garis khatulistiwa. Salah satunya adalah

propinsi Maluku yang merupakan daerah kepulauan dengan jumlah pulau yang diperkirakan sekitar ± 559 buah. Dengan rasio perairan wilayah yang dominan dibandingkan luasan daratannya (*inland*) menjadikan propinsi Maluku merupakan wilayah dengan sebaran kepulauan yang dominan. Sehingga dapat dinyatakan jika Maluku sebagai propinsi kepulauan terbesar di Indonesia dengan kekuatan maritim dan kelautan yang khas dan dominan bagi Indonesia secara umum dan di wilayah timur Indonesia secara khusus [2].

Banyaknya aktivitas yang dilakukan di wilayah laut, akan diperoleh pola-pola rute yang dapat dilalui untuk distribusi logistik. Oleh karena itu diperlukan suatu analisa untuk menentukan pola rute yang optimal. Dalam analisa tersebut terdapat beberapa metode untuk menentukan pola rute yang optimal untuk pergerakan logistik di wilayah Maluku. Berdasarkan letak geografis kepulauan Maluku akan dilakukan pengelompokan yang bertujuan untuk mendapatkan kelompok-kelompok pulau-pulau yang berada pada lokasi yang berdekatan. Oleh karena itu, dibutuhkan suatu penelitian dengan menerapkan suatu metode untuk memudahkan pengelompokan atau *clustering* daerah tersebut, yaitu menggunakan *Fuzzy C-Means*.

MST bertujuan untuk menghubungkan seluruh simpul dalam pola jaringan sehingga total panjang cabang tersebut dapat diminimumkan. Pola jaringan yang dihasilkan menghubungkan semua titik dalam jaringan tersebut dengan total jarak minimum. Penyelesaian permasalahan *minimum spanning tree* sederhana mungkin dapat diselesaikan dengan melakukan perhitungan manual. Namun untuk kasus *spanning tree* yang besar dan kompleks, perhitungan manual akan sulit dilakukan karena akan memakan waktu yang lama. Oleh sebab itu dibutuhkan satu program aplikasi komputer yang dapat melakukan perhitungan nilai *minimum spanning tree* dengan cepat dan akurat. Salah satu algoritma yang dapat digunakan yaitu algoritma genetika.

Sejak diperkenalkan oleh Holland (1992), algoritma genetika saat ini telah dikenal luas sebagai salah satu metode *heuristic* yang banyak digunakan untuk mendapatkan solusi berbagai persoalan dunia nyata yang sulit diperoleh solusi eksaknya. Bererapa ahli yang mempopulerkan algoritma genetika diantaranya Michalewicz (1994) dan Gen & Cheng (1997, 2000). Beberapa tahun terakhir, banyak dilakukan pengembangan algoritma genetika untuk menyelesaikan berbagai persoalan logistik diantaranya: *travelling salesman*, transportasi, *supply chain*, dan sebagainya.

Beberapa hasil eksperimen berbasis algoritma genetika tersebut, diperoleh informasi bahwa algoritma genetika mampu memberikan solusi pendekatan yang optimal untuk persoalan-

persoalan tersebut dalam waktu yang relatif singkat. Dalam perkembangannya algoritma genetik dapat dikombinasikan (*hybrid*) dengan berbagai jenis metode lain. Pada prinsipnya hibridisasi diharapkan mampu memberikan solusi lain yang lebih baik. Algoritma hybrid genetika merupakan kombinasi metode-metode heuristik lain ke dalam algoritma genetika dengan harapan mampu meningkatkan kinerja algoritma genetika. Algoritma genetika dapat dikombinasikan dengan berbagai jenis metode, diantaranya dengan metode *local search*.

II. Tinjauan Pustaka

A. Sistem Logistik

Logistik adalah bagian dari rantai pasok (*supply chain*) yang menangani arus barang, arus informasi dan arus uang melalui proses pengadaan (*procurement*), penyimpanan (*warehousing*), transportasi (*transportation*), distribusi (*distribution*), dan pelayanan pengantaran (*delivery services*) sesuai dengan jenis, kualitas, jumlah, waktu dan tempat yang dikehendaki konsumen, secara aman, efektif dan efisien, mulai dari titik asal (*point of origin*) sampai dengan titik tujuan (*point of destination*).

B. Minimum Spanning Tree

Spanning tree menghubungkan semua simpul pada graf. Apabila graf tersebut adalah graf berbobot (*Weighted Graph*), kemudian dari *spanning tree* yang dimiliki oleh graf didefinisikan sebagai penjumlahan dari bobot-bobot seluruh cabang pada pohon rentang maka akan diperoleh pohon rentang yang memiliki bobot. *Spanning tree* yang memiliki bobot terkecil pada suatu graph berbobot disebut pohon rentang minimum (*minimum spanning tree*) [13, 18].

C. Fuzzy C-Means

Fuzzy C-Means adalah suatu teknik pengklusteran dimana keberadaan tiap-tiap titik data dalam *cluster* ditentukan oleh derajat keanggotaan. *Fuzzy C-Means* (FCM) merupakan salah satu algoritma *fuzzy clustering*. FCM merupakan teknik pengklusteran dimana tiap-tiap data ditentukan oleh derajat keanggotaannya. Tujuan dari algoritma FCM adalah untuk menemukan pusat *cluster* (*centroid*) dengan meminimumkan fungsi objektif [1].

D. Indeks Validitas

Indeks validitas adalah suatu ukuran yang digunakan untuk menentukan jumlah kelompok yang optimal. Beberapa indeks validitas yang dapat digunakan dalam diantaranya :

- **Partition Coefficient (PC)**

Indeks ini mengukur jumlah *overlapping* antar kelompok. Indeks ini dirumuskan oleh Bezdek sebagai berikut [19]:

$$PC(c) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik}^2 \quad (2.12)$$

dimana N adalah banyak objek penelitian, c adalah banyak kelompok, u_{ik} adalah nilai keanggotaan objek ke- k dengan pusat kelompok ke- i . Indeks ini memiliki rentang $1/c$ sampai 1. Jumlah kelompok yang optimal ditunjukkan oleh nilai PC yang paling besar.

- **Classification Entropy (CE)**

CE hanya mengukur kekaburan (*fuzziness*) dari partisi kelompok. Indeks ini dirumuskan sebagai berikut [19] :

$$CE(c) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N u_{ik} \ln(u_{ik}) \quad (2.13)$$

dimana N adalah banyak objek penelitian, c adalah banyak kelompok, dan u_{ik} adalah nilai keanggotaan objek ke- k dengan pusat kelompok ke- i . Indeks ini memiliki rentang 0 sampai $\ln(c)$. Indeks CE yang semakin kecil menunjukkan pengelompokan yang lebih baik.

- **Xie and Beni's index (XB)**

XB bertujuan untuk menghitung rasio total variasi di dalam kelompok dan pemisahan kelompok. Indeks ini dapat dirumuskan sebagai berikut [19] :

$$XB(c) = \frac{\sum_{i=1}^c \sum_{k=1}^N (u_{ik})^m \|x_k - v_i\|^2}{N \min_{i,k} \|v_k - v_i\|^2} \quad (2.14)$$

diman N adalah banyaknya objek penelitian, c banyaknya kelompok, u_{ik} adalah keanggotaan objek ke- k dengan pusat kelompok ke- i . m adalah fuzzifier, $\|x_k - v_i\|$ merupakan jarak *euclidean* titik data (x_k) dengan pusat kelompok v_i , dan $\|v_k - v_i\|$ adalah jarak *Euclidean* antara pusat kelompok. Nilai XB yang terendah mengindikasikan partisi kelompok yang lebih baik.

E. Algoritma Genetika

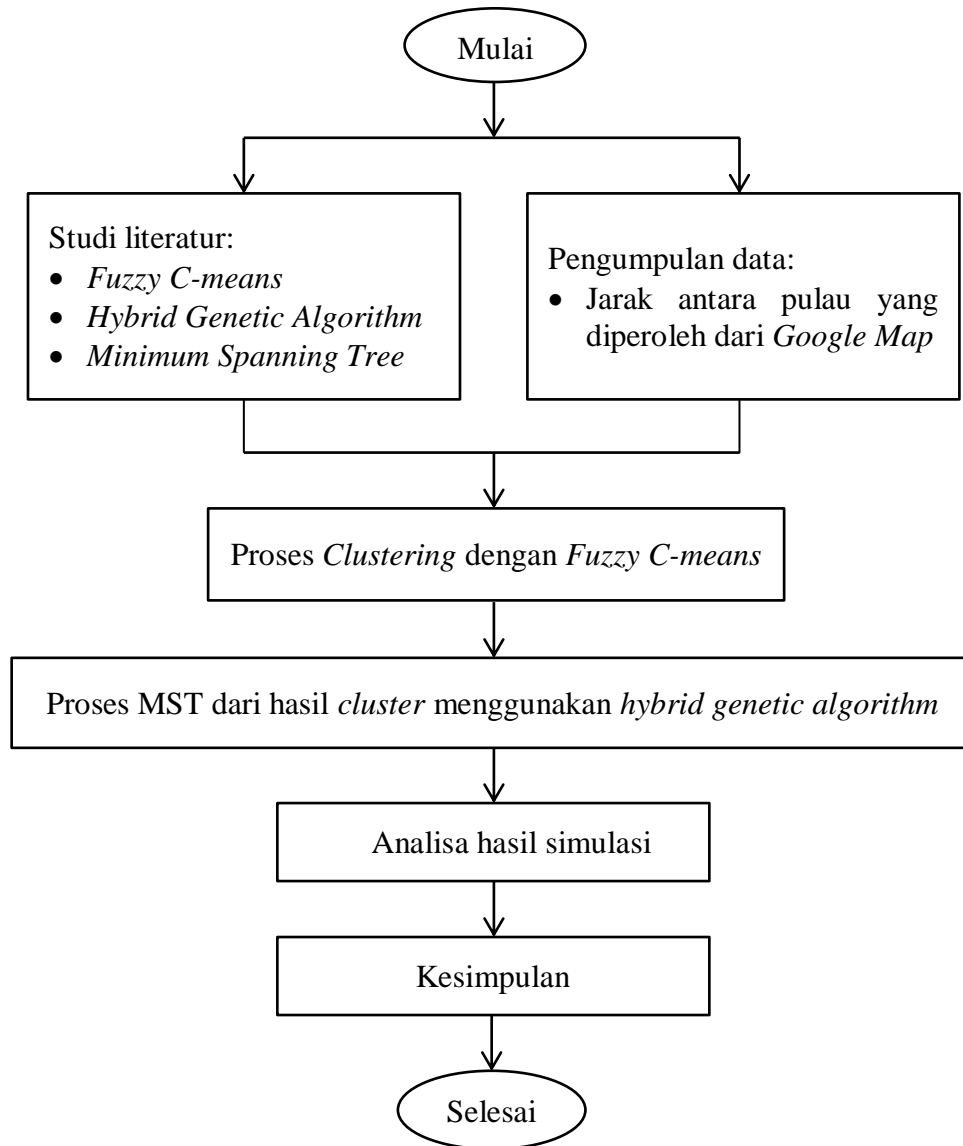
Algoritma genetika adalah teknik optimasi dan pencarian yang berdasarkan pada prinsip gen dan seleksi alam. Algoritma genetika memberikan susunan populasi dari banyak individu untuk mengembangkan aturan seleksi yang spesifik untuk sebuah pernyataan memaksimalkan “*fitness*” [17]. Pada algoritma ini, teknik pencarian dilakukan sekaligus atas sejumlah solusi yang mungkin dikenal dengan istilah populasi. Individu yang terdapat dalam satu populasi disebut dengan kromosom. Kromosom ini merupakan suatu solusi yang masih berbentuk simbol. Populasi awal dibangun secara acak, sedangkan pupulasi berikutnya merupakan evolusi kromosom-kromosom melalui iterasi yang disebut dengan generasi. Pada setiap generasi, kromosom akan melalui proses evaluasi dengan menggunakan nilai *fitnes*. Algoritma genetika dimulai dengan mendefinisikan variabel optimasi, fungsi *cost*, dan *cost*, dan diakhiri dengan uji konvergensi.

F. Algoritma Hybrid Genetika

Algoritma *hybrid* genetika merupakan kombinasi metode-metode heuristik lain ke dalam algoritma genetika dengan harapan mampu meningkatkan kinerja algoritma genetika [3]. Dalam perkembangannya algoritma genetik dapat dikombinasikan (*hybrid*) dengan berbagai jenis metode lain, diantaranya dengan metode *local search*. Pada prinsipnya hibridisasi ini diharapkan mampu memberikan solusi lain yang lebih baik disekitar lokal optimum yang diberikan oleh algoritma genetika atau dikenal dengan istilah *local search*. Algoritma *hybrid* genetika menggunakan fungsi random sehingga menyebabkan algoritma *hybrid* genetika menjadi suatu algoritma berbasis komputer untuk menghasilkan solusi yang lebih optimal dengan waktu komputasi lebih singkat. [4]

III. Metodologi Penelitian

Diagram alir tahap penelitian dapat ditunjukkan pada Gambar 3.1



Gambar 3.1 Diagram alir tahapan penelitian

IV. Pengujian dan Pembahasan

A. Proses Clustering menggunakan Fuzzy C-means

Penggunaan data set untuk proses *cluster* menghasilkan kelompok-kelompok wilayah sebanyak *cluster* yang diberikan. Uji coba *Fuzzy C-means* dilakukan untuk memilih hasil *cluster* yang memiliki total jarak kuadrat di antara setiap titik data dengan representasi *cluster* terdekat yang nilainya paling kecil.

Data inputan yang diberikan disajikan dalam bentuk *Ms. Excel*, jumlah *cluster* yang akan digunakan adalah 3, 4, dan 5. Setelah dilakukan pengujian pada masing-masing jumlah *cluster* dilakukan validasi untuk mengevaluasi hasil yang telah diperoleh. Proses evaluasi hasil *clustering* bertujuan untuk menentukan *cluster* terbaik yang dapat dilakukan dengan menggunakan indeks validitas *cluster*.

Indeks validitas yang digunakan adalah *Partition Coefficient (PC)*, *Classification Entropy (CE)*, dan *Xie and Beni's index (XB)*. Penggunaan indeks ini untuk pengelompokan, karena memiliki ketepatan dan kehandalan yang tinggi untuk digunakan sebagai kriteria dalam menentukan jumlah kelompok yang optimum. Jumlah *cluster* optimal ditentukan dengan validitas indeks *cluster* melalui perbandingan nilai indeks. Perhitungan nilai indeks dilakukan dengan parameter yang telah ditentukan, yaitu $m = 2$, $\varepsilon = 10^{-3}$, dan $c = 3, 4, \text{ dan } 5$. Proses validasi dilakukan dengan bantuan MATLAB.

B. Proses pembentukan *Minimum Spanning Tree* berbasis *Hybrid Genetic Algorithm*

Hybrid Genetic Algorithm merupakan kombinasi metode heuristik lain ke dalam algoritma genetika dengan harapan mampu meningkatkan kinerja algoritma genetika. Hibridasi ini diharapkan mampu memberikan solusi lain yang lebih baik disekitar lokal optimum yang diberikan oleh algoritma genetika yang biasa dikenal dengan istilah pencarian lokal (*local search*). *Hybrid Genetic Algorithm* menggabungkan algoritma genetika dengan *local search* untuk menghasilkan solusi yang optimal.

a. Inisialisasi Parameter

Tahap awal yang dilakukan sebelum melakukan tahapan yang lainnya adalah inisialisasi parameter. Inisialisasi parameter ini digunakan untuk menentukan besar populasi, generasi maksimum, *crossover rate*, dan *mutation rate*.

1. Besar populasi adalah banyaknya populasi yang dibuat dalam satu generasi. Semakin besar populasi yang dibuat maka semakin banyak kombinasi dari kromosom yang dibuat. Dalam Tesis ini besar populasi diinisialisasikan dengan nilai 50, 75, 100.
2. Generasi maksimum adalah banyaknya generasi yang akan dibuat. Generasi maksimum berpengaruh pada pemberhentian iterasi pada sistem. Dalam Tesis ini generasi maksimum diinisialisasikan dengan nilai 500, 1000, dan 2000.

3. *Crossover rate* adalah peluang yang digunakan untuk menentukan peluang kromosom yang dipindah silang. *Crossover rate* mempunyai range antara 0-1. Dalam Tesis ini *crossover rate* diinisialisasikan dengan nilai 0,2 [9].
4. *Mutation rate* adalah peluang yang digunakan untuk menentukan peluang gen yang dimutasi. *Mutation rate* mempunyai range antara 0-1. Dalam tesis ini *mutation rate* diinisialisasikan dengan nilai 0,4 [9].

b. Membangkitkan Kromosom (Inisialisasi Populasi)

Tahap inisialisasi populasi ini bertujuan untuk membangkitkan sejumlah kromosom (solusi awal). Setiap populasi berisi sekumpulan kromosom. Kromosom yang telah dibangkitkan pada tahap *decode* kromosom dimasukkan kedalam tahap inisialisasi populasi.

c. Evaluasi

Evaluasi adalah metode untuk menghitung nilai *fitness* pada setiap kromosom yang telah dibangkitkan secara random pada tahap inisialisasi populasi. Nilai *fitness* dari setiap kromosom dihitung berdasarkan panjang jalur linier yang dihasilkan dari jumlah jarak keseluruhan dari urutan node-node yang dilalui. Dalam masalah optimasi pada Tesis ini individu (kromosom) yang bernilai *fitness* yang tinggi yang akan bertahan hidup atau yang akan terpilih dan kromosom yang bernilai rendah akan mati atau tidak terpilih pada tahap selanjutnya. Karena solusi yang dicari adalah meminimalkan sebuah fungsi h , maka nilai *fitness* yang dicari adalah kromosom yang memiliki panjang jalur yang pendek.

d. Evaluasi

Dalam penelitian ini, metode yang digunakan adalah *roulette wheel selection*. Pada seleksi ini, orang tua dipilih berdasarkan *fitness*-nya. Lebih baik kualitas suatu kromosom, lebih besar peluangnya untuk terpilih. Sebuah bilangan random akan dibangkitkan dan individu yang memiliki segmen dalam kawasan bilangan random tersebut akan diseleksi. Proses ini diulang hingga diperoleh sejumlah individu yang diharapkan.

e. Pindah Silang (*Crossover*)

Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah *arithmetic crossover*. *Aritmatic Crossover* digunakan untuk kondisi bilangan real pada kedua *parent* tersebut. Pada proses *crossover* terdapat satu parameter yang sangat penting yaitu probabilitas *crossover* (P_c). Probabilitas *crossover* ini digunakan untuk menentukan kromosom yang akan mengalami *crossover*. *Crossover* ini bertujuan untuk memindahsilangkan bagian kromosom *parent*, sehingga dihasilkan dua buah kromosom anak.

Nilai variabel *offspring* dipilih di sekitar dan antara nilai-nilai variabel *parent*. *Crossover* dilakukan dengan menggunakan nilai *alpha* sebagai bilangan random lebih dari 0 dan kurang dari 1. Selain itu ditentukan posisi dari gen yang dilakukan menggunakan bilangan random.

f. Mutasi

Pada penelitian ini metode mutasi yang digunakan adalah *swap mutation*. Dengan skema *swap mutation* ini muatasi dilakukan dengan cara menukarkan gen-gen yang dipilih secara acak dengan gen yang dipilih secara acak juga. Jumlah kromosom yang mengalami mutasi dalam satu populasi ditentukan oleh parameter probabilitas mutasi P_m . Diperkirakan total gen yang mengalami mutasi pada seluruh generasi adalah $P_m \times PopSize \times MaxG$.

g. Pencarian Lokal (*Local Search*)

Pencarian lokal (*local search*) dapat dilakukan dengan menukar dua gen, atau permutasi beberapa gen tanpa mengurangi kualitas kromosom sebelumnya. Pada *hybrid genetic algorithm*, tahapan *local search* diterapkan pada proses evolusi, yaitu sesudah proses mutasi namun tidak diterapkan untuk semua kromosom dalam populasi.

h. Pembentukan Populasi Baru

Tahap pembentukan populasi baru merupakan tahap untuk membentuk populasi baru dengan kromosom-kromosom hasil dari operator genetika. Kromosom-kromosom tersebut akan dikumpulkan menjadi populasi baru dengan jumlah yang sesuai dengan populasi awal. Kromosom-kromosom anak yang dihasilkan oleh *crossover* dan mutasi, langsung menggantikan kromosom-kromosom terjelek dalam populasi.

C. Pengujian dan Analisa Hasil

a. Pengujian Proses *Cluster* dengan *Fuzzy C-Means*

Untuk menentukan banyaknya *cluster* yang diberikan pengujian dilakukan dengan berbagai variasi *cluster*. Pada proses ini banyaknya *cluster* yang digunakan pada data set adalah $K=3$, $K=4$ dan $K=5$. Hasil dari masing-masing jumlah *cluster* akan di validasi menggunakan *Partition Coefficient (PC)*, *Classification Entropy (CE)*, dan *Xie and Beni's index (XB)* untuk mendapatkan jumlah *cluster* terbaik. Hasil validasi jumlah *cluster* dapat disajikan pada Tabel 41 berikut.

Tabel 4.1 Nilai Validitas Jumlah *Cluster*

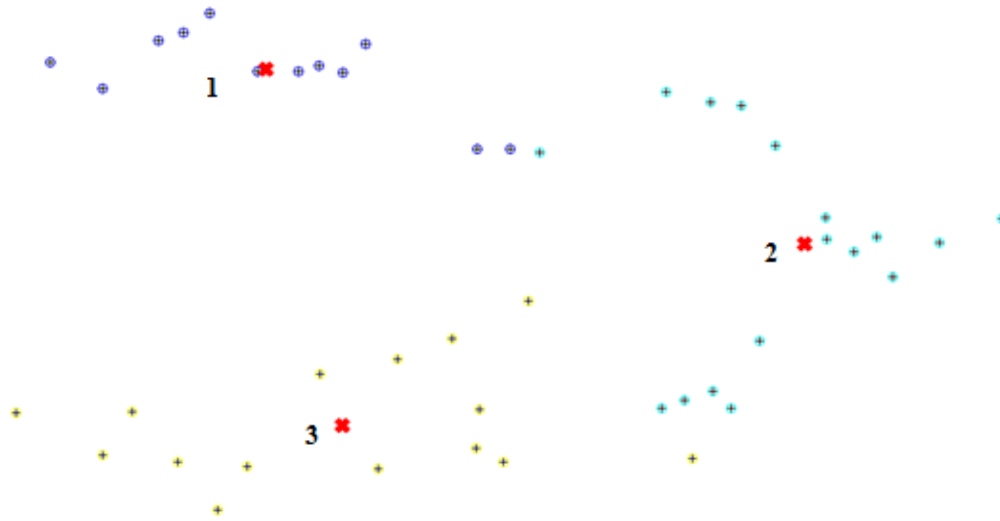
Jumlah <i>Cluster</i>	<i>XB</i>	<i>PC</i>	<i>CE</i>
3	0.0829	0.7339	0.4857
4	0.1011	0.7132	0.5696
5	0.0985	0.7095	0.6162

Berdasarkan Tabel 4.1 menunjukkan hasil indeks XB pada jumlah *cluster* 3 lebih rendah yaitu 0.0829 dibandingkan dengan jumlah *cluster* 4 dan 5 dengan nilai masing-masing 0.1011 dan 0.0985. Pada indeks validasi PC didapatkan nilai validasi untuk jumlah cluster 3 sebesar 0.7339, jumlah cluster 4 sebesar 0.7132, sedangkan jumlah cluster 5 sebesar 0.7095. Nilai validasi untuk menggunakan CE pada masing-masing jumlah cluster 3, 4, dan 5 yaitu 0.4857, 0.5696, dan 0.6162.

Dari hasil pengujian validasi jumlah *cluster* dapat dilihat bahwa jumlah *cluster* 3 mempunyai tingkat validitas yang lebih baik dibandingkan dengan kelompok lainnya. Hal ini dikarenakan nilai XB yang terendah mengindikasikan partisi kelompok yang lebih baik, nilai PC yang paling besar menunjukkan jumlah kelompok yang optimal, dan indeks CE yang semakin kecil menandakan bahwa jumlah kelompok yang diberikan lebih baik.

Berdasarkan kriteria masing-masing indeks validasi yaitu nilai *XB* yang rendah, nilai *PC* yang paling besar, dan indeks *CE* yang terkecil jumlah *cluster* 3 menunjukkan hasil yang lebih baik dari jumlah kelompok 4 dan 5. Oleh karena itu dalam penelitian ini jumlah *cluster* yang akan digunakan adalah 3 *cluster*.

Setelah didapatkan jumlah cluster yang valid, yaitu 3 *cluster* langkah selanjutnya yaitu dilakukan pengklusteran terhadap data set. Pengujian data set sebanyak 44 data dengan jumlah *cluster* 3 diperoleh pembentukan *cluster* yang ditunjukkan pada Gambar 4.8.



Gambar 4.8 *Cluster* dengan FCM

Pada *cluster* 1 terdiri dari 12 titik yaitu P Buru, P Ambelau, P. Manipa, P. Kelang, P. Boano, P. Ambon, P. Haruku, P. Saparua, Nusa Laut, Amahai, P. Banda, P. Run. *Cluster* 2 dengan 12 titik yang terdiri dari P. Rozengain, P. Panjang, P. Gorong, P. Kasiui, P. Wotab, P. Kur, P. Manggu, P. Taam, P. Tajondu, Tual, Kai Tanimbar, P. Kai Besar, P. Wolu, P. Wuliaru, P. Selu, P. Jamdena, P. Ceram Laut. *Cluster* 3 terdiri dari 15 Adaut, P. Serua, P. Nila, Lewa, P. Babar, Masela, P. Teun, P. Damar, Regola, Sera, P. Patti, Serwaru, P. Romang, Kisar, P. Wetar

Berdasarkan hasil *cluster* yang terbentuk akan dilakukan pembentukan jaringan pergerakan logistik menggunakan *minimum spanning tree* berbasis algoritma genetika. Pembentukan jaringan ini akan dilakukan dengan masing-masing *cluster*.

b. Pengujian Proses *Minimum Spanning Tree* berbasis *Hybrid Algorithm*

Proses *clustering* merupakan tahap awal dalam pembentukan jaringan pergerakan logistik di Kepulauan Maluku. Jaringan pergerakan ini akan direpresentasikan dimasing-masing *cluster* dengan menggunakan *minimum spanning tree* berbasis algoritma genetika. Penyelesaian *minimum spanning tree* diselesaikan dengan menggunakan algoritma genetika.

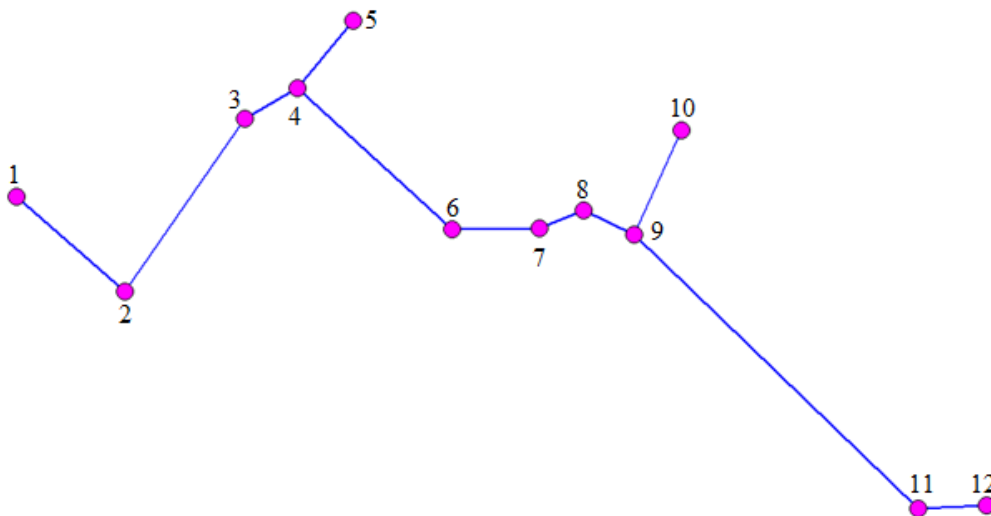
1. Cluster 1

Pengujian *cluster* pertama, terdiri dari 12 node dengan uji coba yang dilakukan sebanyak 9 kali percobaan. Data set berupa node yang akan diujikan disajikan pada Tabel 4.1 berikut.

Tabel 4.1 Data set *cluster* 1

Node	Nama Pulau	Node	Nama Pulau
1	P. Buru	7	P. Haruku
2	P. Ambelau	8	P. Saparua
3	P. Manipa	9	Nusa Laut
4	P. Kelang	10	Amahai
5	P. Boano	11	P. Banda
6	P. Ambon	12	P. Run

Pada pengujian dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 2000 dengan 12 node diperoleh jalur {P.Buru-P. Ambelau}, {Ambelau - P. Manipa}, {P. Manipa – P. Kelang}, {P. Kelang – P. Boano}, {P. Kelang - P. Ambon}, {Ambon -P. Haruku}, {P. Haruku - P. Saparua}, P. Saparua - Nusa Laut}, {Nusa Laut – Amahai}, {Nusa Laut – P. Run}, {P. Run – P. Banda}. Dari jalur yang didapatkan, dimodelkan dalam bentuk graf yang ditunjukkan pada Gambar 4.1.



Gambar 4.1 Implementasi *Minimum Spanning Tree* pada *Cluster* 1

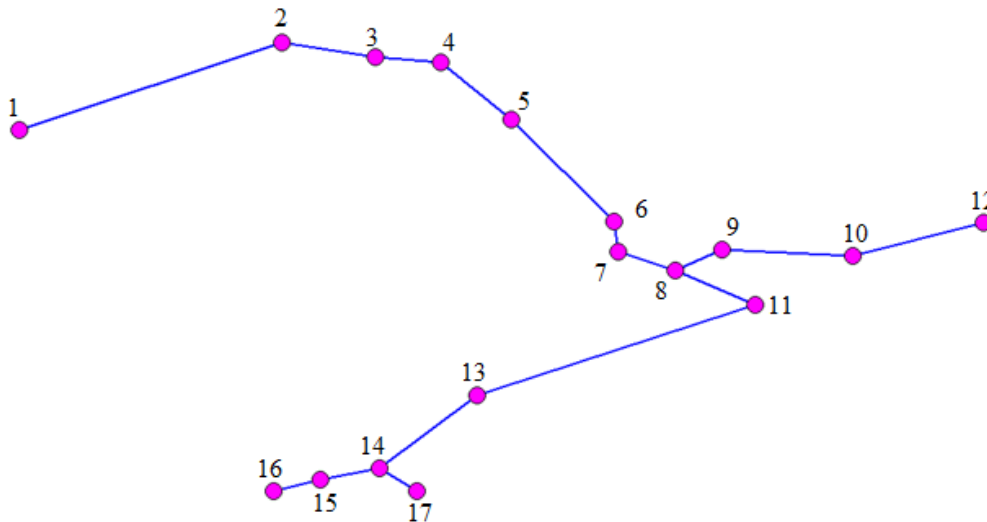
2. Cluster 2

Pengujian *cluster 2*, terdiri dari 17 node dengan uji coba yang dilakukan sebanyak 9 kali percobaan. Data set berupa node yang akan diujikan disajikan pada Tabel 4.2 berikut.

Tabel 4.7 Data set *cluster 2*

Node	Nama Pulau	Node	Nama Pulau
1	P. Rozengain	10	Tual
2	P. Panjang	11	Kai Tanimbar
3	P. Gorong	12	P. Kai Besar
4	P. Kasiui	13	P. Wolu
5	P. Wotab	14	P. Wuliaru
6	P. Kur	15	P. Selu
7	P. Manggu	16	P. Jamdena
8	P. Taam	17	P. Ceram Laut
9	P. Tajondu		

Pada pengujian dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 1000 dengan 17 node diperoleh jalur. {P. Selu – P. Wuliaru}, {P. Wuliaru – P. Wotab}, {{P. Wotab – P. Jamdena}, {P. Wotab – P. Wolu}, {P. Wolu – Kai Tanimbar}, {Kali Tanimbar – P. Tajondu}, {P. Tajondu – P. Taam}, {P. Taam – Tual}, {Tual – P. Kai Tanimbar}, {P. Tajondu – P. Manggu}, {P. Manggu – P. Kur}, {P. Kur – P. Kasiuri}, {P. Kasiuri – P. Gorong}, {P. Gorong – P. Panjang}, {P. Panjang – P. Ceram Laut}, dan {P. Ceram Laut – P. Rozengain}. Dari jalur yang didapatkan, dimodelkan dalam bentuk graf yang ditunjukkan pada Gambar 4.2.



Gambar 4.2 Implementasi *Minimum Spanning Tree* pada *Cluster 2*

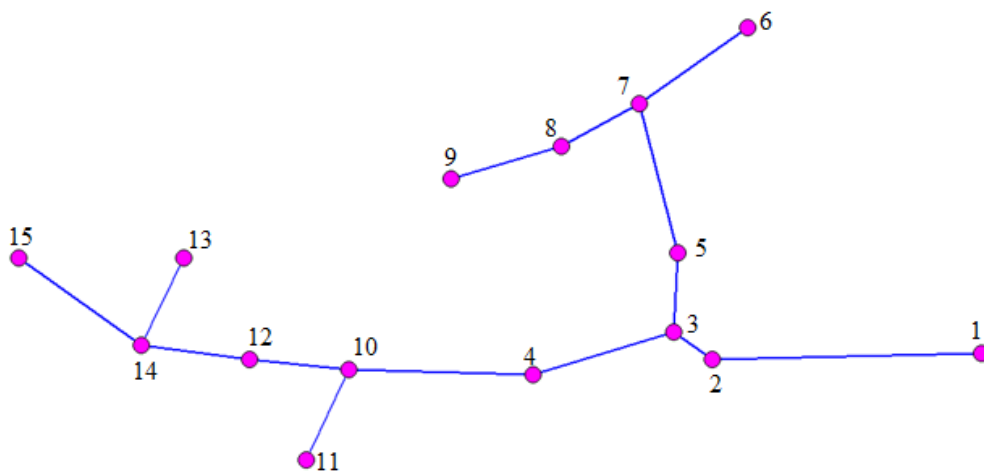
3. Cluster 3

Pengujian *cluster 3*, terdiri dari 15 node dan uji coba dilakukan sebanyak 9 kali percobaan. Data set berupa node yang akan diujikan disajikan pada Tabel 4.3 berikut.

Tabel 4.3 Data set *cluster 3*

Node	Nama Pulau	Node	Nama Pulau
1	Adaut	9	Regola
2	P. Serua	10	Sera
3	P. Nila	11	P. Patti
4	Lewa	12	Serwaru
5	P. Babar	13	P. Romang
6	Masela	14	Kisar
7	P. Teun	15	P. Wetar
8	P. Damar		

Pada pengujian dengan ukuran populasi 100 dan generasi maksimum 1000 dengan 15 node diperoleh jalur {P.Wetar – Kisar}, {Kisar – P. Romang}, {Kisar – Serwaru}, {Serwaru – Sera}, {Sera – P. Patti}, {Sera – Regola}, {Regola – P. Babar}, {P. Babar – Masela}, {Masela – Adaut}, {P. Babar – Lewa}, {Lewa – P. Teun}, {P. Teun – P. Damar}, {P. Teun – P. Nila}, {P. Nila – P. Serua}. Dari jalur yang didapatkan, dimodelkan dalam bentuk graf yang ditunjukkan pada Gambar 4.3



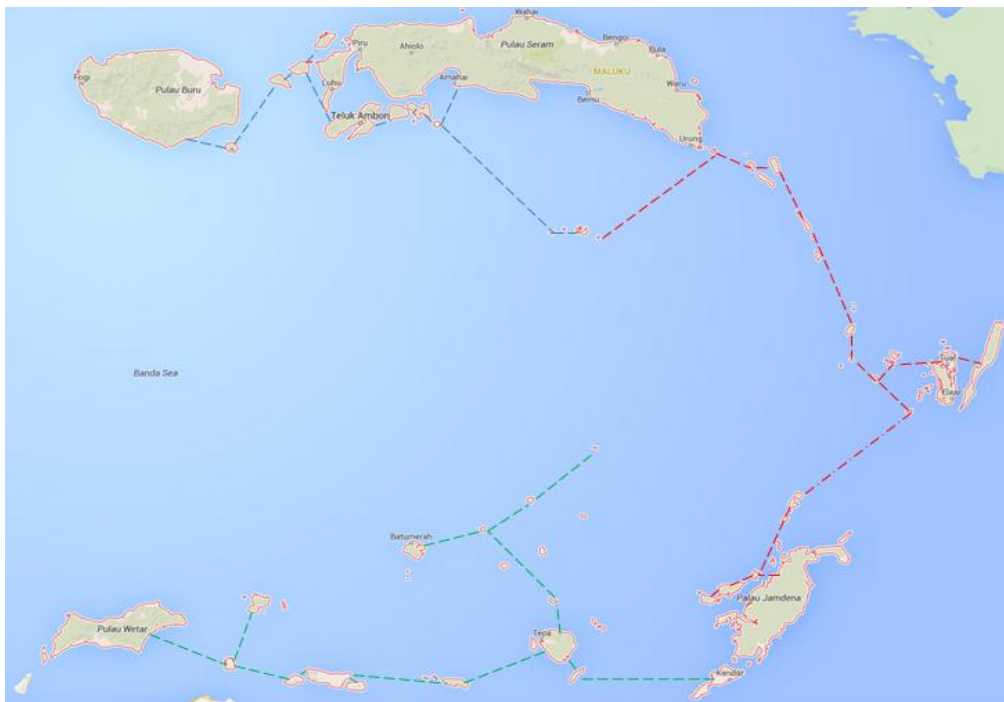
Gambar 4.3 Implementasi *Minimum Spanning Tree* pada *Cluster 3*

. Dengan menggunakan metode *hybrid* GA yang telah disesuaikan, diperoleh graf studi kasus seperti pada Gambar 4.4.



Gambar. 4.4 Graf Studi Kasus

Dari graf tersebut, rute studi kasus pada tesis ini dapat diilustrasikan oleh Gambar 4.5 berikut.



Gambar 4.19 Rute Studi Kasus

V. Kesimpulan

Berdasarkan eksperimen dan pembahasan terhadap hasil pengujian yang telah dilakukan, maka dapat diambil beberapa kesimpulan sebagai berikut :

1. Proses *clustering* menggunakan Fuzzy C-Means diperoleh bahwa jumlah *cluster* sebanyak 3 *cluster* menunjukkan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan jumlah *cluster* 4 dan 5. Dengan demikian, proses pembentukan *cluster* dengan FCM diperoleh 3 *cluster* untuk proses pembentukan pola jaringan logistik, dengan *cluster* 1 berpusat di Ambon, *cluster* 2 berpusat di Taam, dan *cluster* 3 berpusat di Regola.
2. Metode *Minimum Spanning Tree* berbasis *Hybrid Genetic Algorithm* menghasilkan pola jaringan logistik yang optimal sebanyak 3 pola jaringan dari keseluruhan data set. Pada pola jaringan pertama terdiri dari 12 pulau, pola jaringan logistik kedua terdiri dari 17 pulau, dan pola jaringan ketiga terdiri dari 15 pulau.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Bezdek, James C., Ehrlich, R., Full, W. (1984). "FCM: The Fuzzy C-Means Clustering Algorithm". *Computers & Geosciences*. Vol.10, No. 2-3, Hal. 191-203.
- [2] BPS Maluku (2013). *Maluku Dalam Angka*. Laporan Tahunan BPS Maluku, Ambon.
- [3] Diabat, A. dan Deskoores, R. (2015). "A hybrid genetic algorithm based heuristic for an integrated supply chain problem". *Journal of Manufacturing Systems*.
- [4] El-Mihoub, T. A., Hopgood, A. A., Nolle, L., dan Battersby, A. (2006). "Hybrid Genetic Algorithms: A Review". *Engineering Letters*. 13:2
- [5] Gen, M., Altiparmak, F., dan Lin, L. (2006). "A genetic algorithm for two-stage transportation problem using priority-based encoding". *OR Spectrum*. Vol. 28, Hal. 337–354.
- [6] Gurning, S. (2006). *Analisa Konsep Trans-Maluku Sebagai Pola Jaringan Transportasi Laut di Propinsi Maluku*. Jurusan Teknik Sistem Perkapalan. Fakultas Teknologi Kelautan ITS Surabaya.
- [7] Han, J., & Kamber, M. (2000). "Data Mining Concept and Techniques Second Edition". United States: Morgan Kaufman.

- [8] Izakian, H. dan Abraham, A. (2011). “Fuzzy C-means and Fuzzy Swarm for Fuzzy Clustering Problem”. *Expert Systems with Applications*, Vol 38, Hal. 1835–1838.
- [9] Jo, J. B., Li, Y. & Gen, M. (2007). “Nonlinear Fixed Charge Transportation Problem by Spanning Tree-based Genetic Algorithm”. *Science Direct Computer & Industrial Engineering*, Vol. 53, Hal. 290-298.
- [10] Kusumadewi, S., & Purnomo, H. (2010). *Aplikasi Logika Fuzzy Untuk Pendukung Keputusan*. Jakarta: Graha Ilmu.
- [11] Lampiran Peraturan Presiden Republik Indonesia. Tahun 2012. Cetak Biru Pengembangan Sistem Logistik Nasional. 5 Maret 2012.
- [12] Leski, J. M. (2016). “Fuzzy c-ordered-means clustering” *Fuzzy Sets and Systems* Vol. 286, Hal. 114–133.
- [13] Munir, R. (2012). *Matematika Diskrit*, Bandung: Penerbit Informatika.
- [14] Prahastono, I., King, D.J., Ozveren, C.S. dan Bradley, D. (2008). “Electricity load profile classification using Fuzzy C-Means method”. In: 43rd International Universities Power Engineering Conference, Padova. IEEE.
- [15] Prakash, A., Chan, T.S., Liao, H., Deshmukh, S.G. (2012). “Network optimization in supply chain: A KBGA approach”. *Decision Support Systems*, Vol. 52, Hal. 528–538
- [16] Prasetya, E. (2012). *Data Mining Konsep dan Aplikasi Menggunakan MATLAB*. Yogyakarta: Penerbit Andi.
- [17] Sivanandam, S. N. (2008). “Introduction to Genetic Algorithm”. New York : Springer Science+Business Media.
- [18] Sivanandam, S.N. Deepa, S.N. (2008). “Practical Genetic Algorithms”. New york : Springer Science+Businnes Media.
- [19] Wang, W. dan Zhang, Y., “On fuzzy cluster validity indices, *Fuzzy Sets System*”, Vol. 158, No. 19, pp.2095-2117, 2007.
- [20] Zaverdhi, S.A., Kesthehi, M.H., dan Moghaddam, R.T. (2011). “Solving Capacitated Fixed-charge Transportation Problem by Artificial Immune and Genetic Algorithm with a Prufer Number Representation”. *Expert System with Application*, Vol. 38, Hal. 10462-10474.
- [21] Zhou, J., Chen, L., dan Wang, K. (2015). “Path Optimality Conditions for Minimum Spanning Tree Problem with Uncertain Edge Weights. *International Journal of Uncertainty*”, *Fuzziness and Knowledge-Based Systems*. Vol. 23, No. 1, Hal. 49–71.

- [22] Shahab, M.L., Utomo, B.U., dan Irawan, M.I. (2016). “Decomposing and Solving Capacitated Vehicle Routing Problem (CVRP) using Two-Step Genetic Algorithm (TGSA)” *Journal of Theoretical and Applied Information Technology*. Vol. 87, No.3, Hal. 461-468.