

K-Means Clustering dengan Optimasi Algoritma Genetika untuk mengelompokkan daerah budidaya Cabai Jawa

Imam Wahyudi ¹, Luluk Sarifah ², Moh. Sukron ³,

^{1,2} Univeritas Annuqayah, Sumenep, Indonesia

³ Univeritas Nurul Jadid, Probolinggo, Indonesia

Article Info

Article history:

Diterima 1 Oktober 2024

Revisi 10 Oktober 2024

Diterbitkan 18 Oktober 2024

Keywords:

Algoritma Genetika

K-Means

Cabai Jawa

ABSTRAK

Ada beberapa tanaman obat yang populer, salah satunya yaitu Cabai Jawa yang juga merupakan salah satu komoditas ekspor yang cukup tinggi dengan nilai jual yang fantastis, namun di Indonesia terutama di wilayah Madura pengetahuan masyarakat tentang hal tersebut masih minim karena memang tidak adanya pembudidayaan dari pemerintah sekitar. Oleh karena itu penelitian bertujuan untuk melakukan Clustering daerah yang membudidayakan tanaman ini sehingga ditemukan daerah yang masuk kategori rendah, sedang dan tinggi dipamekasan. Metode K-Means Clustering adalah metode yang cocok untuk penelitian ini dan alur kerjanya ialah mengelompokkan data n ke dalam cluster yang serupa dan berbeda dengan data cluster yang lainnya. Metode ini dikombinasikan dengan metode Algoritma Genetika sebagai optimasi pada centroid awal sehingga hasil dari clustering ini bisa optimal. Berdasarkan hasil evaluasi menggunakan Silhouette Coefficiency didapatkan nilai sebesar 0.52156 menggunakan GA dan K-Means

This is an open access article under the [CC BY-SA](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/) license.



Corresponding Author:

Imam Wahyudi,

Universitas Annuqayah, Guluku-Guluk, Sumenep Madura and 69463, Indonesia

Email: imamwahyudi@ua.ac.id

1. PENDAHULUAN

Salah satu tanaman herbal yang banyak manfaatnya ialah piper retrofractum vahl atau bisa disebut dengan cabai jawa, tanaman ini bisa dikatakan sebagai harta karun tanaman obat di Indonesia hal tersebut dikarenakan Cabai Jawa memiliki banyak khasiat yang terkandung didalamnya, tanaman ini biasanya dipakai untuk mengatasi sakit kepala, flu, demam serta masuk angin[1][2]. Penanaman cabai jawa di sentra-sentra industry di beberapa kabupaten Madura salah satunya di pamekasan dan sekitarnya menunjukkan penanaman cabai jawa hanya sekedar untuk tanaman pekarangan atau tanaman pagar. Sangat jarang yang sengaja membudidayakannya secara intensif. Pola penanaman hal tersebut umumnya tidak menggunakan perencanaan yang matang, misalkan proses pemupukan, perhitungan biaya produksi dan target produksi. Semuanya di gantungkan pada alam. Oleh karena itu kebutuhan cabai jawa hampir tidak pernah bisa terpenuhi, padahal kebutuhan komoditas ini senantiasa menunjukkan peningkatan, terutama bidang ekspor sehingga harga cabai jawa terus meningkat[3]. Nilai jualnya cukup fantastis, yakni sekitar Rp. 110.000 – 125.000 /Kg. Oleh karena itu diperlukannya cluster daerah – daerah yang masih tidak mengetahui bahwa nilai jual tanaman obat jenis ini cukup tinggi. Sehingga pembudidayaan cabai jawa menjadi peluang bisnis yang menjanjikan, mengingat kondisi geografis dan cuaca di Madura sangat cocok dan berpotensi besar dalam pengembangan pembudidayaan cabai jawa ini [4]

Clustering ialah salah satunya metode yang masuk pada data mining, Pengertian clustering dalam data mining ialah pengklasteran dari dataset atau suatu objek ke dalam sebuah kelompok atau yang disebut dengan cluster, jadi dalam setiap cluster yang telah terbentuk berisi suatu data yang serupa dan sangat berbeda dengan data dalam cluster yang lainnya.

Ada 2 metode clustering yang sudah banyak dikenal, yaitu yang pertama adalah hirachical clustering dan kedua ialah partitioning. Penggunaan metode K-Means pada penelitian ini termasuk pada metode partitioning yang mana metode ini mengelompokkan data ke dalam sebuah model cluster satu atau lebih, sampai data yang mempunyai kemiripan yang hampir sama. Beberapa penelitian yang telah dibuat menggunakan K-Means Clustering dan GA ialah dilakukan oleh Dwi, [5] Penggunaan Algoritme Genetika dan K-Means dalam mengelompokkan Data Tsunami menghasilkan nilai Silhoutte Cofficient yang lebih besar dari pada K-Means Convensional. Selanjutnya adalah Taslim [6] yang melakukan penelitian berupa penggunaan GA K-Means dalam melakukan clusterisasi target pemanfaatan air bersih di Provinsi Riau dengan menghasilkan nilai DBI yang lebih kecil.

Dalam penelitian ini, ruang lingkup yang di teliti ialah mengclusterkan daerah – daerah di pamekasan yang membudidaya tanaman cabai jawa tergolong kecil, menengah dan besar. Tujuan khusus pada penelitian ini adalah mengkolaborasikan dua metode ini yaitu KMeans dan Algoritma Genetika sebagai optimasi penentuan titik pusat cluster awal (centroid) untuk mengcluster daerah budidaya tanaman cabai jawa.

2. METODE

Metode penelitian yang digunakan adalah melakukan pengelompokan atau clustering daerah budidaya cabai jawa di pamekasan menggunakan K-Means Clustering dan penggunaan Algoritma Genetika untuk optimasi di pusat cluster awal (Centroid). Penelitian diawali dengan perolehan data. Data yang digunakan ialah data Daerah-daerah di pamekasan berdasarkan pembudidayaan Cabai Jawa tahun 2022, data awal diperoleh dari Badan Pusat Statistik Kabupaten Pamekasan. Selanjutnya dilakukan tahap pre-Processing (normalisasi) pada data yang diperoleh menggunakan normalisasi min-max. Selanjutnya dilakukan proses clustering dengan terlebih dahulu menentukan jumlah clusternya, dan dilakukan penentuan nilai pusat cluster (centroid) diawali dengan melakukan optimasi pada nilai centroid tersebut menggunakan metode Algoritma genetika pada K-Means. Setelah itu dilakukan proses clustering K-Means dan tahap terakhir ialah melakukan pengujian hasil validasi menggunakan metode Silhoutte Coefficient.

2.1. Algoritma K-Means Clustering

Penggunaan Algoritma k-Means untuk mengelompokkan data termasuk bagian dari algoritma non-hierarcial clustering[7][8]. Metode ini mempunyai proses yang sederhana, praktis dan mempunyai nilai akurat yang baik. Penelitian ini mengusulkan algoritma K-Means untuk membentuk cluster dengan optimalisasi menggunakan metode GA. Adapun tahapan-tahapan algoritma K-Means [9] sebagai berikut:

1. Menentukan jumlah cluster k.
2. Inisialisasi nilai k pusat cluster. Pada langkah ini inisialisasi dilakukan dengan cara random atau acak. Nilai awal pada pusat cluster yang diberikan merupakan angka-angka random. Setelah itu pada iterasi berikutnya titik centroid ditentukan menggunakan Persamaan :

$$V_{ij} = \frac{1}{N} \sum_{k=0}^{N_i} X_{kj} \quad (1)$$

3. Data dikelompokkan berdasarkan jarak terdekat ke pusat cluster.
4. Melakukan proses iterasi dengan cara mengulangi tahapan ke dua dan tahapan ketiga sehingga nilai centroid dan rata-rata item dalam cluster sama dan tidak terjadi perubahan pada pusat cluster (konvergen). Untuk menghitung jarak antar titik menggunakan persamaan euclidean distance, yaitu:

$$d(p, q) = \sqrt{(p_1 - q_1)^2} \sqrt{(p_1 - q_1)^2} \quad (2)$$

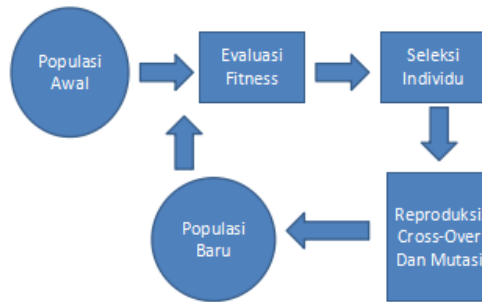
2.2. Algoritma Genetik

Algoritma genetika ialah metode heuristik yang dikembangkan dari teori Evolusi darwin dengan berlandaskan prinsip genetika dan proses seleksi alaminya, kemudian oleh John Holland pada tahun 1960 dikembangkan untuk menjadi metode optimasi[10].

Untuk menyelesaikan masalah optimasi, salah satu metode yang sering digunakan adalah algoritma genetika. Dalam algoritma genetika terdapat kromosom (individu), yang dimaksud kromosom pada metode ini adalah setiap solusi yang dihasilkan untuk menyelesaikan masalah, dimana setiap kromosom merupakan kumpulan dari beberapa gen[11].

Beberapa tahapan yang harus dilakukan untuk proses penyelesaian masalah dengan algoritma genetika[13], antara lain :

David Goldberg [12] merupakan orang yang pertama kali mengenalkan siklus algoritma genetika. Dapat dilihat pada gambar berikut ini:



Gambar 1. Siklus Algoritma Genetika

1. Inisialisasi Populasi

Inisialisasi Populasi ialah menentukan jumlah populasi pada masing –masing kromosom dengan menentukan nilai pada gen secara acak, yang akan ditentukan menggunakan batasan nilai 0-1. Seperti langkah menormalisasikan konsep data.

2. Evaluasi Kromosom

Pada tahapan ini di fungsikan untuk mencari nilai dari beberapa variabel yang memenuhi persamaan $fn1+fn2+fn3+fn4=1$. Cara untuk mencari jalan keluar ialah sebagai berikut:

$$Fungsi\ Objektiv = fn1 + fn2 + fn3 + fn4 \quad (3)$$

3. Seleksi Kromosom

Pada tahap seleksi terdapat beberapa proses, antara lain:

a. Seleksi kromosom

Dalam menghitung nilai pada seleksi kromosom menggunakan persamaan:

$$Q[i] = 1/fitness[i] \quad (4)$$

b. Menentukan nilai probalitas

Untuk menghitung nilai probalitas menggunakan persamaan:

$$P[i] = fitness(i)/total\ fitness \quad (5)$$

4. Pindah Silang (Crossover)

Crossover merupakan perpindahan silang yang dilakukan secara random pada satu posisi yang terdapat pada kromosom induk, yang dilanjutkan dengan pertukaran gen. Model ini disebut juga dengan one – cut point. Kromosom yang terpilih secara random atau tercrossover dengan pengaruh parameter crossover_rate menjadi induk kromosom untuk menghasilkan offspring (anak).

5. Mutasi

Proses crossover membuat suatu bit menghilang sehingga dibutuhkan proses mutasi untuk mengembalikan bit yang hilang. Penerapan mutasi dilakukan dengan menentukan probalitas yang sangat kecil. Apabila mutasi dilakukan berulang kali maka bisa merusak konfigurasi gen pada individu yang unggul dan dengan begitu akan menghasilkan individu yang lemah. Pencarian panjang total gen dalam satu populasi pada proses awal tahap mutasi digunakan persamaan sebagai berikut:

$$Total\ gen = (jumlah\ gen\ dan\ kromosom) \times jumlah\ populasi \quad (6)$$

Adapun persamaan yang digunakan untuk proses penentuan nilai mutation_rate agar jumlah gen yang mengalami mutasi diketahui adalah sebagai berikut :

$$jumlah\ mutasi = mutation\ rate \times total\ gen \quad (7)$$

Penggantian populasi asal dengan generasi yang sudah terpilih setelah melakukan evaluasi dalam perbaikan populasi. Dalam siklus ini dilakukan secara berulang-ulang hingga kriteria optimum dihasilkan.

2.3. Silhouette Coefficient

Tahap selanjutnya setelah melakukan analisis cluster pada daerah budidaya cabai jawa maka perlu dilakukan evaluasi dari hasil yang didapatkan. Pada penelitian ini akan digunakan metode Silhouette Coefficient sebagai bentuk evaluasi cluster yang didapatkan. Metode SC ini mengarah pada metode validasi suatu pengelompokan data seberapa bagus setiap objek terletak dalam satu kelompok[14]. Suatu nilai Silhouette Coefficient mendekati 1 menyatakan bahwa data tersebut sangat layak berada pada cluster yang ditentukan, misalkan nilai SC 0,71 – 1,00 dinyatakan kuat, tetapi apabila rentang nilainya SC nya -1,00 – 0,26 Maka Struktur Clusternya dinyatakan buruk dalam suatu kelompok data[15].

Tahap pertama dalam mendapatkan nilai Silhouette Coefficient ialah dihitung jarak rata-rata dari satu data ke- i terhadap semua data lain pada satu cluster :

$$a(i) = 1/([A] - 1) \sum_{j \in A, j \neq i} d(i, j) \quad (8)$$

Tahap selanjutnya perhitungan rata-rata jarak objek pada seluruh data di cluster lain, dan diambil nilai yang paling kecil dengan persamaan :

$$b_i = \min \frac{1}{A} \sum_{j \in i} d(i, j) \quad (9)$$

Langkah terakhir ialah perhitungan nilai Silhouette Coefficient pada data ke - i pada seluruh cluster dengan menggunakan Persamaan :

$$SC_i = \frac{b_i - a_i}{\max(a_i, b_i)} \quad (10)$$

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Penggunaan data yang dihasilkan pada penelitian ini merupakan data daerah-daerah yang membudidayakan tanaman cabe jawa berdasarkan desa yang ada di kabupaten pamekasan tahun 2022. Data awal didapatkan dari Badan Pusat Statistik pamekasan dan tambahan data diambil langsung atau survey terhadap daerah-daerah di kabupaten pamekasan. Variable yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari tiga variable. Berikut contoh sebagian data yang dipakai pada penelitian ini :

Tabel 1. Data Daerah Perdesa Budidaya Cabai Jawa

Kecamatan	Desa	lt	lbt	hpt
Kadur	Bangkes	45	59	32
Kadur	Bungbaruh	39	45	19
Kadur	Gagah	5	12	1.4
Kadur	Kadur	11	30	9
Kadur	Kertagena Dajah	22	37	11
Kadur	Kertagena Laok	11	13	18
Kadur	Kertagena Tengah	25	41	9
Kadur	Pamoroh	18	25	6
Kadur	Pamaroh	37	53	21
Kadur	Sokalelah	15	18	7
Larangan	Blumbungan	64	70	41
Larangan	Duko Timur	18	21	16
Larangan	Grujugan	4	6	3
Larangan	Kaduara Barat	11	13	18
Larangan	Lancar	7	9	9
Larangan	Larangan Dalam	19	22	17
Larangan	Larangan Luar	46	53	31
Larangan	Montok	15	17	15
Waru	Bajur	41	56	14

3.1. Pre-Processing

Suatu dataset yang digunakan pada penelitian tidak selamanya bersifat ideal untuk diproses kedalam suatu algoritma data mining. Maka perlu dilakukan suatu tahapan pre-processing menggunakan normalisasi data.

Melakukan tahap ini berguna untuk penyeimbangan suatu data saat diperoleh beberapa data yang rentangnya sangat jauh terhadap data lainnya. Penggunaan metode min-max terhadap data yang akan diolah adalah langkah normalisasi. Adapun persamaan normalisasi data dapat menggunakan persamaan :

$$dataNew = \frac{(data - min) \times (new\ max - newmin)}{(max - min) + newmin} \quad (11)$$

Tabel 2. Normalisasi Data Budidaya Cabe Jawa

No	Desa	<i>lt</i>	<i>lbt</i>	<i>Hpt</i>
1	Bangkes	0.5680	0.6296	0.7750
2	Bungbaruh	0.4240	0.4667	0.5250
3	Gagah	0.2320	0.2593	0.2000
4	Kadur	0.2960	0.3778	0.2750
5	Kertagena Dajah	0.3120	0.3778	0.4500
6	Kertagena Laok	0.1520	0.1556	0.1500
7	Kertagena Tengah	0.3760	0.4370	0.3750
8	Pamaroh	0.2640	0.3333	0.4000
9	Pamoroh	0.1040	0.1852	0.0250
10	Sokalelah	0.4080	0.4815	0.3500

3.2. Jumlah Cluster

Jumlah K yang digunakan ialah 3 cluster, Sehingga harapannya didapatkan data dengan kategori daerah yang membudidayakan cabai jawa dengan kategori daerah budidaya tinggi, sedang maupun rendah.

3.3. Penentuan Centroid Awal

Pada tahapan ini dilakukan optimasi penentuan centroid awal, nilai centroid yang optimal diperoleh dengan melakukan optimasi data dengan algoritma genetika, kemudian nilai centroid tersebut akan dijadikan sebagai nilai pusat kelompok pada algoritma k-means. Berikut tahapan proses Algoritma Genetika

1. Pembangkitan Populasi Awal

Pembangkitan populasi awal dilakukan secara random dengan ukuran populasi 12, pc (Pindah silang) 0,6 dan Pm (Probabilitas Mutasi) 0,1

Tabel 3. Proses Pembangkitan Kromosom

Kromosom	Gen		
	<i>lt</i>	<i>lbt</i>	<i>Hpt</i>
K1	0.46	0.78	0.70
K2	0.25	0.27	0.45
K3	0.01	0.00	0.00
K4	0.02	0.04	0.01
K5	0.06	0.16	0.03
K6	0.15	0.16	0.43
K7	0.28	0.29	0.35
K8	0.26	0.38	0.10
K9	0.09	0.10	0.60
K10	0.06	0.13	0.00
K11	0.22	0.29	0.30
K12	0.15	0.21	0.10

2. Perhitungan Nilai Fitness

Nilai fitness dihitung dengan persamaan sebagai berikut :

$$fitness[i] = \sum nilaiGen[i] \quad (10)$$

Tabel 4. Hasil Perhitungan Nilai Fitness

Kromosom	lt	lbt	hpt	f(x)
K1	0.46	0.78	0.70	1.93
K2	0.25	0.27	0.45	0.97
K3	0.01	0.00	0.00	0.01
K4	0.02	0.04	0.01	0.07
K5	0.06	0.16	0.03	0.24
K6	0.15	0.16	0.43	0.73
K7	0.28	0.29	0.35	0.92
K8	0.26	0.38	0.10	0.74
K9	0.09	0.10	0.60	0.78
K10	0.06	0.13	0.00	0.18
K11	0.22	0.29	0.30	0.80
K12	0.15	0.21	0.10	0.47

3. Seleksi Kromosom

Menggunakan metode roulette wheel, nilai yang terbesar yang dipilih.

4. Crossover

PC (Probabilitas Crossover) ditetapkan 0,6. Hasil dari Crossover dapat dilihat sebagai berikut :

Tabel 5. Hasil dari Crossover

K1	0.270	0.400	0.700
K2	0.248	0.274	0.450
K3	0.008	0.000	0.000
K4	0.024	0.037	0.013
K5	0.056	0.156	0.025
K6	0.330	0.500	0.425
K7	0.280	0.289	0.350
K8	0.300	0.230	0.040

5. Mutasi

Tabel 6 Hasil Mutasi

	lt	lbt	hpt	Fitness
K1	0.270	0.400	0.700	1.4451
K2	0.248	0.274	0.450	0.5258
K3	0.008	0.000	0.000	0.8865
K4	0.024	0.037	0.013	0.5524
K5	0.056	0.156	0.025	1.0518
K6	0.330	0.500	0.425	0.0988
K7	0.280	0.289	0.350	0.1636
K8	0.300	0.230	0.040	0.3247
K9	0.088	0.096	0.600	1.3315
K10	0.100	0.280	0.060	0.9992
K11	0.216	0.289	0.300	0.6543
K12	0.152	0.215	0.100	0.8662

Berdasarkan hasil proses mutasi diperoleh nilai fitness yang paling besar terdapat pada kromosom ke 1 dengan nilai fitness sebesar 1,4451. Nilai kromosom yang diperoleh digunakan untuk menentukan pusat cluster pada algoritma K-Means. Langkah-langkah diatas juga dilakukan pada populasi-populasi lainnya. Adapun hasil dari optimasi di semua populasi sebagai berikut :

Tabel 7 Hasil Optimasi Algoritma Genetika

	lt	lbt	hpt	Fitness
K1	0.270	0.400	0.700	1.4451
K23	0.136	0.259	0.050	3.0718
K34	0.712	0.748	0.750	2.2765

3.4. Proses Perhitungan Algoritma K-Means

Langkah selanjutnya ialah pengklasteran dengan Algoritma K-Means diawali dengan penentuan nilai k, nilai k yang digunakan sebanyak tiga cluster. Selanjutnya mengambil nilai centroid awal sebagai pusat cluster yang telah dioptimasi menggunakan Algoritma Genetika (GA), setelah itu dihitung jarak setiap data ke titik cluster dengan persamaan :

$$D(x_i, x_j) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - x_j)^2} \quad (12)$$

Tabel 7 Hasil Iterasi Ke 1

Iterasi ke 1					
Data ke	K1	K2	K3	cluster	Jarak
1	0.59957	1.18109	0.72804	1	0.59957
2	1.13826	1.72744	1.27194	1	1.13826
3	1.09908	1.68968	1.23407	1	1.09908
4	1.00139	1.59839	1.14330	1	1.00139
5	0.74512	1.32771	0.87772	1	0.74512
6	0.62649	1.20274	0.74669	1	0.62649
7	0.74623	1.31866	0.87200	1	0.74623
8	0.78092	1.34478	0.91476	1	0.78092
9	1.03678	1.62946	1.17473	1	1.03678
10	0.67573	1.26899	0.81206	1	0.67573
11	0.87712	1.46479	1.01022	1	0.87712
12	0.20029	0.61190	0.18817	3	0.18817
13	0.35838	0.91752	0.46130	1	0.35838
14	0.65979	0.00000	0.45703	2	0.00000
15	0.96473	1.55479	1.10101	1	0.96473

Setelah hasil perhitungan pada iterasi ke-1 didapatkan, kemudian dilakukan perhitungan kembali pada iterasi-2 dengan melakukan pembaharuan pusat klaster (centroid) terlebih dahulu. Perhitungan iterasi ke-2 sampai iterasi ke-n dilakukan hingga nilai dari titik pusat klaster tidak berubah. Adapun hasil dari iterasi ke-1 sampai ke-n sebagai berikut :

Tabel 8 Hasil Perhitungan Cluster

Iterasi Ke	C1	C2	C3
1	33	1	2
2	27	4	5
3	21	4	11
4	16	5	15
5	14	6	16
6	13	6	17
7	13	6	17

Tabel diatas menunjukkan bahwa perpindahan tidak lagi ditemukan pada iterasi ke-6 dan iterasi ke-7 pada cluster 1, cluster 2 dan cluster 3, dan juga titik centroid tidak berubah, sehingga dapat disimpulkan bahwa perhitungan clustering K-Means pada data daerah budidaya cabai jawa di pamekasan berhenti pada iterasi ke 7.

3.5. Evaluasi Hasil Cluster

Data dapat dikelompokkan ke dalam cluster dengan persamaan karakteristik yang sama merupakan cara pengelompokan yang baik, oleh karena itu dilakukan evaluasi hasil cluster dengan menggunakan metode Silhouette Coefficient (SC). Pada penelitian ini juga dilakukan clustering k-means tanpa optimasi dengan bantuan tool rapid miner sebagai perbandingan hasil clustering. Hasil SC didapatkan nilai sebesar 0.52156 dengan optimasi Algoritma Genetika, sedangkan clustering tanpa optimasi Algoritma genetika mendapatkan nilai SC sebesar 0.21490 Hasil perbandingan dengan metode Silhouette Coefficient (SC) sebagai berikut :

Tabel 9 Hasil Perhitungan Metode GA K-Means dan K-Means Convensional

No	Metode	Nilai SC
1	GA + K-Means	0.52156
2	K-Means	0.21490

Berdasarkan tabel 9 diatas menunjukkan bahwa metode Algoritma K-Means clustering dengan optimasi Algoritma Genetika lebih bagus didalam mengklasterkan data budidaya cabai jawa dipamekasan.

4. KESIMPULAN

Kesimpulan dari penelitian ini dalam mengklusterkan daerah budidaya cabai jawa di pamekasan ialah penggunaan Algoritma Genetika (GA) untuk optimasi penentuan centroid pada metode K-Means bisa memberikan cluster yang lebih optimal daripada menggunakan K-Means tanpa optimasi pusat cluster awal. Nilai hasil evaluasi cluster menunjukkan nilai Silhouette Coefficient 0.52156

REFERENSI

- [1] I. N. S. Widana, "Etnobotani Tabia bun (Piper retrofractum Vhal.) (Kajian Teoritik)," *J. Emasains J. Edukasi Mat. dan Sains*, vol. 9, no. 1, pp. 220–227, 2021.
- [2] M. I. Hanafi, B. C. Junior, and Y. D. Rosita, "Optimasi Rute Penyebaran Brosur Bimbingan Belajar Menggunakan Algoritma Genetika," *Jurnal Informatika Teknologi dan Sains (Jinteks)*, vol. 5, no. 2, pp. 265-270, 2023.
- [3] D. N. Malaka, "Dharma: Jurnal Pengabdian Masyarakat Volume: 1, Nomor: 2, Juni 2021," pp. 111–130, 2021.
- [4] Y. Istianto, "Klasifikasi Kebutuhan Jumlah Produk Makanan Customer Menggunakan K-Means Clustering dengan Optimasi Pusat Awal Cluster Algoritma Genetika," *Jurnal Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer*, vol. 8, no. 5, pp. 861-870, 2021.
- [5] B. K. Khotimah, M. Syarief, M. Miswanto, and H. Suprajitno, "Optimasi Bobot K-Means Clustering untuk Mengatasi Missing Value dengan Menggunakan Algoritma Genetika," *Jurnal Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer*, vol. 8, no. 4, pp. 745-752, 2021.
- [6] Taslim, D. Toresa, D. Jollyta, D. Suryani, and E. Sabna, "Optimasi K-Means dengan Algoritma Genetika untuk Target Pemanfaat Air Bersih Propinsi Riau," *Indones. J. Comput. Sci.*, vol. 10, no. 1, pp. 1–12, 2021, [Online]. Available: <http://ijcs.stmikindonesia.ac.id/ijcs/index.php/ijcs/article/view/3064>
- [7] Y. Afandi, I. Cholissodin, and B. Rahayudi, "Optimasi Multiple Travelling Salesmen Problem Distribusi Produk PT Indomarco Adi Prima (Stock Point Nganjuk) dengan menggunakan Algoritma K-Means dan Algoritma Genetika (GKA)," *Jurnal Pengembangan Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer*, vol. 5, no. 11, pp. 4929-4937, 2021.
- [8] Kusyanti, Annisya Safa. PENERAPAN ALGORITMA GENETIKA DAN PARTICLE SWARM OPTIMIZATION (PSO) UNTUK OPTIMASI K-MEANS PADA PENGELOMPOKAN PENGGUNA SHOPEE. Diss. Universitas Pembangunan Nasional Veteran Jakarta, 2024.
- [9] J. Teknologi, I. Jtsi, D. I. Provinsi, L. Dengan, and A. K.- Means, "ANALISIS DATA MINING UNTUK CLUSTERING KASUS COVID-19," vol. 2, no. 2, pp. 100–108, 2021.
- [10] D. Savitri, N. W. Hidajati, H. S. Panigoro, D. Savitri, N. W. Hidajati, and H. S. Panigoro, "Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi jackrabbat dan coyote Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi jackrabbat dan coyote," vol. 3, no. 1, pp. 23–28, 2022.
- [11] A. Rifa'i, "Optimasi Fuzzy Artificial Neural Network dengan Algoritma Genetika untuk Prediksi Harga Crude Palm Oil," *Jurnal Teknik Informatika dan Sistem Informasi*, vol. 6, no. 2, 2020.
- [12] MURSALIM, Mursalim; PURWANTO, Purwanto; SOELEMEN, M. Arief. Penentuan Centroid Awal Pada Algoritma K-Means Dengan Dynamic Artificial Chromosomes Genetic Algorithm Untuk Tuberculosis Dataset. *Techno. Com*, 2021, 20.1: 97-108.
- [13] D. Setiawan, R. N. Putri, and R. Suryanita, "Debi Setiawan, 2) Ramalia Noratama Putri, 3) Reni Suryanita," vol. 4, no. 1, pp. 8–19, 2019.
- [14] G. B. Kaligis and S. Yulianto, "Analisa Perbandingan Algoritma K-Means, K-Medoids, dan X-Means untuk Pengelompokan Kinerja Pegawai," *IT-EXPLORE: Jurnal Penerapan Teknologi Informasi dan Komunikasi*, vol. 1, no. 3, pp. 179-193, 2022.
- [15] AL RIVAN, Muhammad Ezar; SONARU, Randy Andreo. Perbandingan Metode K-Means Dan GA K-Means Untuk Clustering Dataset Heart Disease Patients. *JATISI (Jurnal Teknik Informatika dan Sistem Informasi)*, 2022, 9.3: 2585-2597.