

# Perbandingan Antara Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm-II Parallel Computing dan MPI dengan Non Dominated Sorting Genetic Algorithm-II Non Parallel Computing

1<sup>st</sup> Hauzan Jiyad Dhoifullah Komara

*Fakultas Informatika  
Universitas Telkom  
Bandung, Indonesia*

hauzanjiyad@student.telkomuniversity.ac.id

2<sup>nd</sup> Siti Amatullah Karimah

*Fakultas Informatika  
Universitas Telkom  
Bandung, Indonesia*

karimahsiti@telkomuniversity.ac.id

3<sup>rd</sup> Satria Akbar Mugitama

*Fakultas Informatika  
Universitas Telkom  
Bandung, Indonesia*

satriamugitama@telkomuniversity.ac.id

**Abstrak**—Penelitian ini bertujuan untuk membandingkan dari suatu model NSGA yang menentukan suatu jumlah kecocokan kromosom yang dimiliki orangtua yang diturunkan kepada anaknya pada sebuah proses paralel computing yang menggunakan mpi dengan metode NSGA pada non parallel computing. Perhitungan dilakukan dengan menggunakan metode NSGA. NSGA mengikuti garis besar umum dari algoritme genetika dengan modifikasi perkawinan dan seleksi kelangsungan hidup. Dalam NSGA-II, pertama, individu dipilih dari depan atau orang tuanya. Dengan demikian, akan ada situasi di mana sebuah front perlu dipecah karena tidak semua individu diizinkan untuk bertahan hidup atau tereliminasi. Sehingga hasil yang akan didapatkan berupa sample grafik untuk orang tuanya namun berbeda jika hasil yang dikeluarkan itu tidak cocok. Jika sesuai maka hasilnya akan sama dengan orang tua itu tersebut. Dengan membandingkan metode NSGA yang diparalelkan dan sebaliknya, hal tersebut akan terlihat dari perbedaan grafik yang ditampilkan jika penggunaan parallel computing dan MPI itu lancar dan benar.

**Kata kunci**—kromosom, NSGA, parallel, dan MPI

## I. PENDAHULUAN

Dalam sel tubuh manusia, kromosom terbagi menjadi dua kelompok. Yaitu Pertama, autosom atau sel tubuh manusia, jumlahnya ialah 22 pasang. Kedua, gonosom atau jenis kelamin, dengan jumlahnya satu pasang. Perempuan mempunyai dua kromosom X atau kromosom XX. Rumus kromosomnya adalah 22AAXX. Sedangkan pria mempunyai kromosom X dan Y, atau disebut kromosom XY. Rumus kromosomnya adalah 22AAXY. Algoritma Genetika Multi-objective pada metode NSGA-II ini merupakan salah satu evolutionary algorithm yang populer digunakan pada permasalahan optimisasi multi-objective, yaitu dengan mencari solusi terbaik yang mendekati Pareto optimal.

Untuk mengecek apakah kromosom orangtua diturunkan pada kromosom anak, dilakukan penelitian

yang menggunakan sampel dan populasi secara acak sehingga dapat mengetahui apakah gen mutasi dan kromosom orangtua sesuai dengan kromosom anak.

Pada penggunaan metode NSGA-II ini peneliti akan membandingkan dengan cara menggunakan parallel computing dengan MPI dan metode NSGA-II menggunakan non-parallel computing, dalam penggunaan MPI dimaksudkan untuk menyediakan topologi virtual penting, sinkronisasi, dan fungsionalitas komunikasi antara serangkaian suatu proses (yang telah dipetakan ke node/server/instance komputer) dengan cara yang tidak bergantung pada bahasa. Program MPI selalu bekerja dengan proses, tetapi biasanya menyebut proses sebagai prosesor, untuk kinerja maksimum, setiap CPU (atau inti dalam mesin multi-inti) akan diberikan hanya satu proses. Penugasan ini terjadi pada saat runtime melalui programmer yang memulai program MPI, biasanya disebut mpirun atau mpiexec. MPI sering dibandingkan dengan Parallel Virtual Machine (PVM), yang merupakan lingkungan terdistribusi populer atau sistem pengiriman pesan, dan yang merupakan salah satu sistem yang mendorong kebutuhan untuk pengiriman pesan paralel standar. Model pemrograman memori bersama (seperti Pthreads dan OpenMP) dan pemrograman lewat pesan (MPI/PVM) dapat disebut sebagai pendekatan pemrograman pelengkap, dan seperti yang dapat dilihat bersama dalam aplikasi, seperti pada server dengan beberapa node memori bersama yang besar.

## A. Latar Belakang

Kromosom adalah molekul seperti benang yang membawa informasi herediter untuk segala hal mulai dari tinggi badan, warna kulit hingga warna mata. Kromosom dibuat dari protein dan satu molekul DNA yang berisi instruksi genetik suatu organisme yang diturunkan dari orang tua seperti pada manusia, hewan, dan tumbuhan,

sebagian besar kromosom diatur berpasangan di dalam inti sel. Manusia memiliki 22 pasang kromosom ini, yang disebut autosom. Fungsi kromosom salah satunya adalah berperan penting dalam proses sel membelah diri. Tujuannya untuk mengganti sel lama yang rusak dengan yang baru. Selama proses pembelahan sel ini, penting agar DNA tetap utuh dan merata di antara sel-sel. Di sinilah peran penting dalam kromosom.

Non-dominated Sorting Genetic Algorithm II (NSGA-II) merupakan salah satu Multiobjective Evolutionary Algorithm yang mampu menemukan solusi Pareto-optimal sebanyak mungkin. NSGA-II merupakan algoritma genetika dengan pendekatan dominasi terbaik. NSGA-II memiliki algoritma pengurutan yang lebih baik, menyertakan elitism, dan Metode NSGA-II digunakan untuk menyelesaikan masalah optimal multi-tujuan, tanpa pengaturan berat masing-masing target di muka, dan mekanisme Pareto diadopsi. Perbatasan Pareto dan himpunan solusi optimal dapat diperoleh dengan algoritma genetika pengurutan non-dominasi dengan elite strategi (NSGA-II), dan solusi optimal (1) dapat diperoleh di bawah preferensi apa pun untuk tujuan yang optimal. Karena algoritma multi-tujuan memiliki akurasi yang lebih rendah untuk memecahkan masalah dengan lebih dari empat tujuan desain ke atas, kecepatan solusi lambat, dan sulit untuk memproses hasil optimasi, Algoritma genetika (GA) adalah metaheuristik yang terinspirasi oleh proses seleksi alam yang termasuk dalam kelas algoritma evolusioner (EA) yang lebih besar. Menggabungkan Algoritma genetika tersebut dengan parameter adaptif (algoritma genetika adaptif, AGA) adalah varian lain dari algoritma genetika yang signifikan dan menjanjikan. Probabilitas crossover (pc) dan mutasi (pm) sangat menentukan tingkat akurasi solusi dan kecepatan konvergensi yang dapat diperoleh algoritma genetika. Alih perkembangan teknologi yang begitu pesat, pengecekan DNA dan kromosom anak dengan orangtua memiliki kemajuan yang pesat. Kecepatan dalam mengetahui dan mengetes apakah anak tersebut memiliki hubungan dengan orangtuanya atau tidak sudah bisa diketahui di era saat ini.

MPI atau kepanjangan dari Message Passing Interface adalah protokol komunikasi untuk pemrograman paralel. MPI secara khusus digunakan untuk memungkinkan aplikasi berjalan secara paralel di sejumlah komputer terpisah yang terhubung oleh jaringan. Dalam komputasi paralel, beberapa komputer atau bahkan beberapa inti prosesor dalam komputer yang sama disebut node. Setiap node dalam pengaturan paralel biasanya bekerja pada sebagian dari masalah komputasi secara keseluruhan. Tantangannya kemudian adalah untuk menyesuaikan tindakan setiap node paralel, pertukaran data antara node, dan memberikan perintah dan kontrol atas seluruh cluster paralel. Antarmuka penyampaian pesan mendefinisikan rangkaian fungsi standar untuk tugas-tugas ini. Istilah message passing itu sendiri

biasanya mengacu pada pengiriman pesan ke suatu objek, proses paralel, subrutin, fungsi atau, yang kemudian digunakan untuk memulai proses lain.

MPI menyediakan berbagai macam kemampuan. MPI ini sendiri terbilang memiliki beberapa Konsep untuk memahami dan menyediakan konteks untuk semua kemampuan tersebut dan membantu pemrogram untuk memutuskan fungsionalitas apa yang akan digunakan dalam program aplikasi mereka. Ada beberapa konsep MPI tersebut ialah terdiri dari communicator yang menghubungkan grup proses dalam sesi MPI. Setiap komunikator memberikan setiap proses yang termuat dalam pengidentifikasi independen dan mengatur proses yang terkandung dalam topologi yang dipesan, point to point basic yaitu sejumlah fungsi penting MPI melibatkan komunikasi antara dua proses tertentu. Contoh populer adalah MPI\_Send, yang memungkinkan satu proses tertentu untuk mengirim pesan ke proses tertentu kedua, collective basics berfungsi untuk mengumpulkan komunikasi di antara semua proses dalam kelompok proses (yang dapat berarti seluruh kumpulan proses atau subset yang ditentukan program). Fungsi khususnya adalah panggilan MPI\_Bcast (kependekan dari "broadcast"), derived datatypes merupakan sebuah fungsi MPI yang mengharuskan programmer menentukan jenis data yang dikirim antar prosesor. Ini karena fungsi-fungsi ini melewati variabel, bukan tipe yang ditentukan. Jika tipe datanya standar, seperti int, char, double, dapat diganti dengan menggunakan tipe data MPI yang telah ditentukan sebelumnya seperti MPI\_INT, MPI\_CHAR, MPI\_DOUBLE.

## B. Topik dan Batasannya

Dalam dunia kedokteran, melakukan penelitian dalam mengetahui kesamaan DNA dan kromosom dibutuhkan sebuah algoritma. Sedangkan di dunia teknologi, algoritma dibutuhkan untuk merancang sebuah system/aplikasi yang dapat membantu di berbagai bidang. sehingga jika terjadi hamil di luar nikah dan tidak mengetahui siapa ayah kandung dari anak yang dikandungnya. maka dibutuhkan untuk pengecekan DNA. Dalam jurnal ini, menjelaskan bahwa dengan pengacakan antara sampel anak dengan orangtua acak dapat memberikan hasil dengan bantuan algoritma NSGA-II. Dalam topik tersebut terdapat beberapa Batasan masalah pada topik ini, ialah menentukan perhitungan kromosom NSGA-II tersebut, melakukan parallel computing dengan server 1 dan server lainnya, dan menjalankan code yang berada pada server-server tersebut, dikarenakan terbilang kendala atau keterbatasan spesifikasi laptop sendiri dan lebih banyaknya penggunaan parallel yang dilakukan antar server, dan penggunaan algoritma perhitungan pencarian kromosom tersebut,

## II. METODE

Metode penelitian yang digunakan adalah dengan membuat perhitungan dengan menggunakan algoritma NSGA dengan bahasa pemrograman Python.

Tahapan penyelesaian permasalahan optimasi menggunakan NSGA-II adalah sebagai berikut :

1. **Pembangkitan populasi awal.**  
**Prosedur NSGA-II dimulai dengan** membangkitkan populasi awal/induk (P0) secara acak sejumlah N.
2. **Evaluasi fungsi tujuan.**  
**Mengevaluasi nilai fungsi tujuan (dan fungsi kendala** jika ada) setiap individu dalam populasi awal.
3. **Reproduksi.**  
*Menerapkan proses seleksi induk, simulated binary crossover, dan polynomial mutation hingga diperoleh N offspring.*
4. **Evaluasi fungsi tujuan.**  
**Mengevaluasi nilai fungsi tujuan (dan fungsi kendala** jika ada) setiap individu dalam populasi offspring
5. **Kombinasi populasi.**  
*Menggabungkan populasi generasi saat ini/induk (Pt) dengan populasi offspring (Qt). Populasi gabungan ini bisa juga disebut populasi intermediate (Rt)*
6. **Non-domination sorting.**  
**Setiap individu dalam populasi intermediate diurut** berdasarkan *non-domination*.
7. **Crowding distance assignment.**  
*Menghitung jarak antara individu dengan individu tetangga.*
8. **Penggantian populasi.**  
*Memilih N individu terbaik dari populasi intermediate untuk menggantikan populasi induk*
9. **Pemeriksaan kondisi berhenti.**  
**Melanjutkan iterasi ke tahap reproduksi** selama tidak memenuhi kondisi berhenti.
10. **Solusi Pareto-optimal.**  
*Himpunan individu dalam front 1 merupakan himpunan solusi terbaik yang bisa digunakan dalam proses selanjutnya untuk memilih satu solusi terbaik.*

NSGA-II menggunakan pendekatan fast (elitist) non-domination sort untuk mengurutkan solusi (individu) ke dalam front (Deb et al., 2002). Gambar 2.7 merupakan pseudocode fast non-domination sort.

## III. SISTEM YANG DIBANGUN

Tujuan program ini dibuat adalah untuk suatu pendekatan yang unik dalam membangun suatu software dalam domain fungsi tertentu, yang dalam hal ini pada

lingkungan sistem paralel, sehingga memberikan kemampuan pada produk software yang dibangun diatas middleware tersebut untuk dapat mengeksploitasi kemampuan jaringan komputer dan komputasi secara paralel. Dalam jurnal ini, yang dimaksud dengan pendekatan unik yaitu dengan menggunakan algoritma NSGA dalam MPI pararell dalam jumlah kromosom awal, jumlah generasi, probabilitas mutasi.

Pertama yang akan dibutuhkan terlebih dahulu ialah Linux dengan versi ubuntu, untuk melakukan proses parallel computing dan kemudian melakukan instalasi MPI dan menginstal ssh dan lainnya yang dibutuhkan untuk menjalankan code tersebut.

Dalam bagian ini penulis menjelaskan mengenai perbandingan algoritma NSGA genetika dengan pengguna algoritma NSGA dengan menggunakan MPI Pararell.

## IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

### A. Hasil Pengujian

Hasil yang didapat dengan menggunakan programan Python dengan menggunakan algoritma NSGA adalah diketahui ketika sampel dan populasi yang digunakan secara random atau acak, dan hasil yang didapat juga memiliki tujuan, jika tidak sesuai maka akan menampilkan "Tidak cocok" atau di masukkan pada pareto optimal. Kalau sesuai, maka akan menghasilkan tampilan "Cocok" atau tampil pada tampilan pareto optimal setelah melakukan perhitungan fungsi kursawe tersebut, dan berkemungkinan grafik hasil pengujian akan berbeda para parallel computing menggunakan mpi dan tidak.

### B. Analisis Hasil Pengujian

Algoritma NSGA Algoritme garis besar umum dari algoritme genetika dengan modifikasi perkawinan dan seleksi kelangsungan hidup. Dalam NSGA-II, pertama, individu dipilih dari depan. Dengan demikian, akan ada situasi di mana sebuah front perlu dipecah karena tidak semua individu diizinkan untuk bertahan hidup. Pada splitting front ini, solusi dipilih berdasarkan jarak crowding.

Selanjutnya, dalam meningkatkan beberapa tekanan, NSGA menggunakan seleksi kawin turnamen biner. Selain itu, menggunakan hitung nilai kebugaran (fungsi obj) untuk setiap kromosom / solusi. Dan juga menggunakan Fungsi Kursawe, apabila 2 nilai untuk setiap kromosom / solusi.

## V. KESIMPULAN

Dalam penelitian ini dapat disimpulkan bahwa dengan algoritma NSGA dapat mengetahui apakah sampel

anak tersebut berhubungan dengan sampel orangtua. Sehingga walaupun acak, dengan menggunakan algoritma NSGA dapat membantu mengetahui kromosom anak dan orangtua dan dengan perbandingan parallel computing tersebut dapat dilihat perbedaan suatu waktu process nya dengan yang tidak menggunakan parallel computing tersebut..

## REFERENSI

- [1] P. L. Y. & F. Y. Song, "Multi-objective optimization and matching of power source for PHEV based on genetic algorithm.," *Energies*, p. 1127, 2020.
- [2] Z. A. A. D. N. S. A. B. & O. H. K. Aziz, " Python parallel processing and multiprocessing: A rivew," *Academic Journal of Nawroz University*, pp. 345-354, 2021.
- [3] J. J. S. K. & K. L. Galvez, "Charmpy: A python parallel programming model. In 2018 IEEE International Conference on Cluster Computing (CLUSTER) (pp)," *IEEE*, pp. . 423-433, 2018, September.