

# Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*

Dian Savitri, Ninik Wahyu Hidajati, and Hasan S. Panigoro



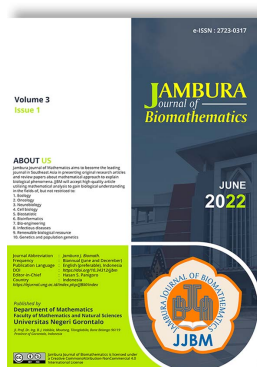
Volume 3, Issue 1, Pages 23–28, June 2022

Received 6 November 2021, Accepted 13 June 2022, Published Online 29 June 2022

To Cite this Article : Savitri dkk., "Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*", *Jambura J. Biomath*, vol. 3, no. 1, pp. 23–28, 2022, <https://doi.org/10.34312/jjbm.v3i1.11935>

© 2022 by author(s)

## JOURNAL INFO • JAMBURA JOURNAL OF BIOMATHEMATICS



	Homepage	:	<a href="http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/JJBM/index">http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/JJBM/index</a>
	Journal Abbreviation	:	Jambura J. Biomath.
	Frequency	:	Biannual (June and December)
	Publication Language	:	English (preferable), Indonesia
	DOI	:	<a href="https://doi.org/10.34312/jjbm">https://doi.org/10.34312/jjbm</a>
	Online ISSN	:	2723-0317
	Editor-in-Chief	:	Hasan S. Panigoro
	Publisher	:	Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo
	Country	:	Indonesia
	OAI Address	:	<a href="http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/jjbm/oai">http://ejurnal.ung.ac.id/index.php/jjbm/oai</a>
	Google Scholar ID	:	XzYgeKQAAAAJ
	Email	:	<a href="mailto:editorial.jjbm@ung.ac.id">editorial.jjbm@ung.ac.id</a>

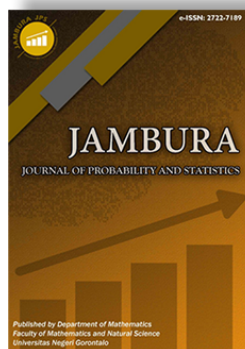
## JAMBURA JOURNAL • FIND OUR OTHER JOURNALS



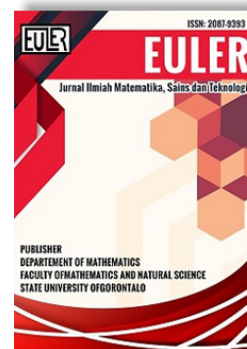
Jambura Journal of Mathematics



Jambura Journal of Mathematics Education



Jambura Journal of Probability and Statistics



EULER : Jurnal Ilmiah Matematika, Sains, dan Teknologi

# Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*

Dian Savitri<sup>1,\*</sup> , Ninik Wahyu Hidajati<sup>2</sup> , dan Hasan S. Panigoro<sup>3</sup> 

<sup>1</sup>Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

<sup>2</sup>Jurusan Teknik Sipil, Fakultas Teknik, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya, Indonesia

<sup>3</sup>Jurusan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Gorontalo, Bone Bolango 96119 Indonesia

## ARTICLE HISTORY

Received 6 November 2021

Accepted 13 June 2022

Published 29 June 2022

## KEYWORDS

Genetic algorithm  
Prey-predator Model  
Parameter estimation  
Simulation

**ABSTRAK.** Artikel ini mempelajari estimasi parameter dengan menerapkan algoritma genetika pada model *prey-predator* tipe Lotka-Volterra. Data yang digunakan berupa data sekunder tentang jumlah populasi kelinci besar (*jackrabbit*) sebagai *prey* dan populasi anjing hutan (*coyote*) sebagai *predator* di Southwest Prescott–Arizona. Hasil estimasi parameter dibandingkan dengan data real dengan menghitung MAPE (Mean Absolute Percentage Error). Diperoleh MAPE masing-masing untuk *jackrabbit* dan *coyote* sebesar 7.75424% dan 7.95283%. Hal ini menunjukkan bahwa hasil estimasi parameter dengan menggunakan algoritma genetika yang diterapkan pada model Lotka-Volterra cukup baik. Selanjutnya diberikan simulasi numerik untuk menunjukkan kepadatan masing-masing populasi sampai dengan 100 tahun akan datang.

**ABSTRACT.** This article studies about the parameter estimation using genetic algorithm for a Lotka-Volterra *prey-predator* model. The secondary data consist of the density of *jackrabbit* as *prey* and *coyote* as *predator* in Southwest Prescott–Arizona are used. As results, the Mean Absolute Percentage Error (MAPE) are computed to compare the results of parameter estimation and the real data. We have shown that MAPE for *jackrabbit* and *coyote* respectively given by 7.75424% and 7.95283%. This results show that the parameter estimation with genetic algorithm using Lotka-Volterra model is passably. Furthermore, some numerical simulations are portrayed to show each population density for the next 100 years.



This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License. **Editorial of JJBM:** Department of Mathematics, Universitas Negeri Gorontalo, Jln. Prof. Dr. Ing. B. J. Habibie, Bone Bolango 96119, Indonesia.

## 1. Introduction

Algoritma genetika (AG) merupakan metode pencarian yang didasarkan pada prinsip genetika dan seleksi alam pada organisme hidup. Proses evolusi genetika melalui proses seleksi alam yang terjadi secara alami akan memilih keturunan dengan kemampuan lebih baik untuk mempertahankan diri dalam populasi. Kualitas solusi sebuah masalah ditentukan dari yang kuat yang mampu bertahan. Nilai optimum yang didapat dari algoritma genetika disamakan dengan keturunan yang mempunyai kemampuan mempertahankan diri paling tinggi yang dicari dalam seluruh populasi dari awal hingga akhir [1–3]. Terbentuknya populasi awal secara acak yang terdiri dari individu-individu dengan sifat yang tergantung pada gen kromosomnya, dengan sifat baru muncul dalam kondisi tertentu karena adanya mutasi genetik [4].

Implementasi algoritma genetika dalam melakukan estimasi parameter telah diberikan oleh beberapa penelitian terdahulu baik untuk populasi tunggal ataupun interaksi antara dua atau lebih populasi. Rayungsari dkk. menggunakan algoritma genetika dalam mengestimasi laju pertumbuhan populasi di Indonesia [5]. Windarto dkk. membandingkan estimasi parameter menggunakan algoritma genetika kontinu dan binary pada model

pertumbuhan logistik [6]. Pada tahun 2020, Rayungsari dkk juga berhasil menerapkan algoritma genetika dalam memberikan prediksi terhadap jumlah penduduk yang terpapar COVID-19 di Indonesia [7].

Untuk model interaksi dua populasi, model *prey-predator* merupakan model yang paling banyak dikenal dan dipelajari saat ini. Model ini diperkenalkan pertama kali pada tahun 1925–1927 oleh Alfred Lotka [8] dan Vito Volterra [9] yang dikenal dengan model Lotka-Volterra dan mengalami beberapa perkembangan dengan mengasumsikan adanya daya dukung lingkungan ataupun perubahan fungsi respon. Sejarah awal tentang model *prey-predator* dapat dilihat pada Berryman dkk [10]. Beberapa penelitian yang menerapkan algoritma genetika dalam melakukan estimasi parameter untuk model *prey-predator* dapat dilihat di [11–13]. Di artikel ini akan dipelajari estimasi parameter dengan menggunakan data anjing hutan (*coyote*) dan kelinci besar (*jackrabbit*) yang masing-masing adalah *predator* dan *prey* di Southwest Prescott, Arizona [14].

Artikel ini disusun sebagai berikut: Di **pokok bahasan 2** dijelaskan tentang algoritma genetika, tahapan, dan kajian teoritisnya. Hasil estimasi parameter dan pembahasannya diberikan pada **pokok bahasan 3**. Pada **pokok bahasan 4** diberikan kesimpulan terhadap hasil yang diperoleh.

\*Corresponding Author.

## 2. Metode

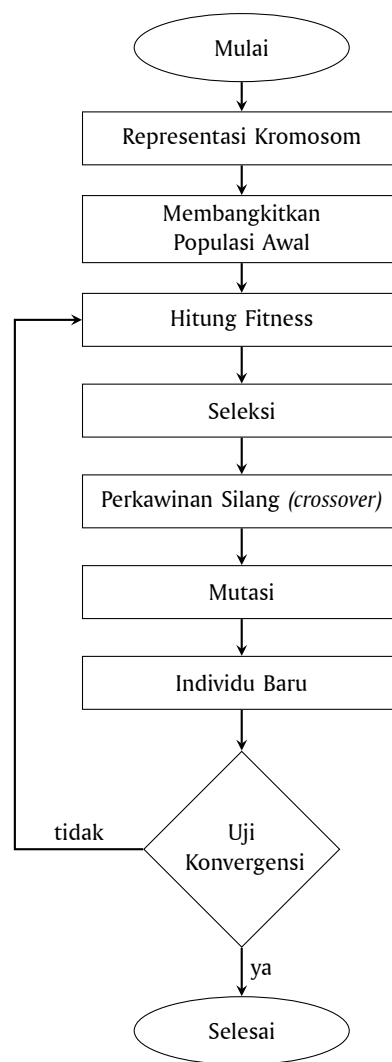
Model matematika adalah alat efektif untuk menggambarkan masalah nyata. Ada empat tahapan dalam pemodelan matematika, yaitu identifikasi masalah nyata, membangun model matematika, menentukan solusi matematika dari model, dan menafsirkan solusi matematika [15]. Model Matematika dapat berupa model optimasi, model deterministik, model stokastik, atau model hybrid. Validasi model matematika dapat dilakukan untuk setiap data yang relevan dari fenomena nyata yang tersedia. Jika hasil simulasi model matematika sesuai dengan data nyata, maka model dikatakan model yang baik. Di sisi lain, jika hasil prediksi model berbeda secara signifikan dengan data nyata, maka model harus dikonstruksi ulang. Beberapa model matematika memiliki lebih dari satu parameter, sehingga diperlukan estimasi parameter dalam melakukan simulasi numerik. Dalam artikel ini akan dipelajari model deterministik dengan estimasi parameter yang keseluruhannya dijabarkan dalam langkah-langkah berikut.

1. Studi awal berupa studi literatur mempelajari algoritma genetik.
2. Membuat software algoritma genetika menggunakan Python.
3. Validasi program.
4. Mengambil data sekunder.
5. Menggunakan model *prey-predator* Lotka-Volterra untuk menerapkan software algoritma genetika berdasarkan data dengan parameter dengan error terkecil.
6. Simulasi numerik berdasarkan hasil estimasi yang dilakukan.
7. Interpretasi terhadap hasil yang diperoleh.

Adapun algoritma genetika yang akan digunakan dapat diuraikan dalam beberapa tahapan seperti pada Gambar 1 dengan penjelasan sebagai berikut.

1. Populasi, istilah teknik pencarian yang dilakukan sekaligus atas sejumlah kemungkinan solusi.
2. Kromosom, individu yang terdapat dalam satu populasi dan merupakan suatu solusi yang mungkin serta berbentuk simbol atau kumpulan gen bersifat biner, float, dan kombinatorial.
3. Generasi, populasi awal dibangun secara acak sedangkan populasi selanjutnya merupakan hasil evolusi kromosom melalui iterasi.
4. Fungsi fitness, alat ukur yang digunakan untuk proses evaluasi kromosom. Nilai fitness dari kromosom menunjukkan kualitas kromosom dalam populasi. Nilai fitness dijadikan acuan mencapai nilai optimal dan bertujuan mencari individu.
5. Generasi berikutnya dikenal dengan anak (*offspring*) terbentuk dari gabungan dua kromosom generasi sekarang yang bertindak sebagai induk (*parent*) dengan menggunakan operator perkawinan silang (*crossover*).
6. Mutasi, operator untuk memodifikasi kromosom.

Algoritma genetika adalah metode untuk menemukan solusi terbaik suatu masalah dengan mempertahankan bagian terbaik dari satu solusi atau menggabungkan dengan bagian terbaik solusi lain [16]. Komponen utama dari algoritma genetika memiliki 3 operator, yaitu seleksi induk, *crossover* untuk menghasilkan keturunan baru, dan mutasi. Algoritma genetika bekerja dengan ukuran populasi tetap dari solusi suatu masalah yang disebut



Gambar 1. Tahapan algoritma genetika

individu. Tahapan (generasi) dalam algoritma genetika merupakan populasi solusi untuk suatu masalah yang menyatakan satu siklus proses evolusi (iterasi). Setiap generasi dievaluasi dengan fungsi fitness, yang merupakan ukuran seberapa baik solusi individu menyelesaikan masalah. Semakin tinggi fitness semakin besar peluang berpartisipasi dalam perkawinan silang (*crossover*). Karakteristik perilaku dikodekan ke dalam kromosom untuk mempertahankan sifat baik dan membuang yang buruk melalui *crossover* tersebut sehingga menghasilkan populasi generasi berikutnya atau keturunan (*offspring*). Keturunan memiliki karakteristik dari kedua orang tuanya. Jika anggota populasi adalah solusi baik untuk masalah tersebut, berarti memiliki fitness yang tinggi. Kondisi seperti ini ada kemungkinan lebih tinggi dipilih menjadi orang tua. Operator mutasi dioperasikan sebagai upaya mengembalikan genetik yang hilang, dihasilkan individu baru dengan modifikasi satu atau lebih gen apada individu yang sama [17]. Hanya individu (solusi) dengan generasi terbaik dari fitness yang akan survive. Individu terbaik tersebut yang memberikan solusi optimum. Solusi yang diharapkan tidak harus paling optimal, tetapi cukup atau bisa diterima.

### 3. Hasil dan Pembahasan

Pada model Lotka-Volterra mempertimbangkan hanya dua populasi hidup berdampingan, yaitu mangsa (*prey*) dan pemangsa (*predator*). Asumsi yang mendasari model *prey-predator* Lotka-Volterra, yaitu predator hanya bisa memakan populasi mangsa, jumlah mangsa yang dimakan dalam satuan waktu sebanding dengan jumlah pertemuan yang terjadi antara mangsa dan pemangsa, jumlah pertemuan mangsa dan pemangsa sebanding dengan ukuran kedua populasi, setiap pemangsa membutuhkan makanan dalam jumlah minimum untuk bertahan dan berkembang biak, dan setiap mangsa memiliki sumber makanan yang tidak ada habisnya tanpa adanya pemangsa.

#### 3.1. Penerapan Algoritma Genetika

Pada algoritma genetika, ditentukan fungsi fitness yang merepresentasikan perhitungan error yang diminimumkan untuk memilih solusi terbaik dari model *prey-predator* Lotka-Volterra.

$$V = \frac{1}{n} \sqrt{\sum_{i=1}^n [(y_{2i} - \hat{y}_{2i})^2 + (y_{1i} - \hat{y}_{1i})^2]} \quad (1)$$

dengan variabel  $y_{1i}$  dan  $y_{2i}$  masing-masing merepresentasikan data nyata *predator* dan *prey*, untuk  $\hat{y}_{1i}$  dan  $\hat{y}_{2i}$  masing-masing merepresentasikan output *predator* dan *prey*, yang merupakan solusi dari algoritma genetika. Pada pembentukan kromosom, parameter sistem (2) yaitu  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\delta$ ,  $\mu$  merupakan nilai yang dicari. Parameter tersebut dijadikan sebagai gen-gen pembentuk kromosom. Parameter  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\delta$ ,  $\mu$  diestimasi dari data yang memenuhi nilai estimasi untuk populasi *prey* dan populasi predator dengan Python. Langkah berikutnya adalah melakukan estimasi parameter penerapan algoritma genetika pada model *prey-predator* Lotka-Volterra.

#### 3.2. Model Matematika

Model pertumbuhan dua populasi dapat dinyatakan sebagai model *prey-predator* [18]. Model Lotka-Volterra merupakan model dimana tingkat pertumbuhan *predator* sebanding dengan tingkat predasi. Laju pertumbuhan *prey* diberikan oleh pertumbuhan *prey* dikurangi tingkat predasi dimana *prey* dimangsa *predator*. Perubahan populasi predator karena pertumbuhan didorong suplai makanan, dikurangi kematian alami predator. Model tersebut menggambarkan tingkat pertumbuhan populasi suatu spesies dengan kepadatan terhadap waktu, antara *prey* dengan *predator*, dapat dituliskan menjadi:

$$\begin{aligned} \frac{dx}{dt} &= \alpha x - \beta xy, \\ \frac{dy}{dt} &= \delta xy - \mu y. \end{aligned} \quad (2)$$

Variabel  $x, y$  menyatakan kepadatan populasi *prey* dan kepadatan populasi *predator*. Semua parameter  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\delta$ , dan  $\mu$  dari interaksi dua spesies bernilai positif. Parameter  $\alpha > 0$  menyatakan tingkat pertumbuhan alami populasi *prey*,  $\beta > 0$  menyatakan nilai maksimum laju penurunan perkapita *prey* karena ada interaksi dengan predator. Parameter  $\delta > 0$  menyatakan tingkat pertumbuhan alami dari *predator* karena proses predasi atau konversi pertumbuhan predator setelah memangsa *prey*, dan  $\mu > 0$  adalah kematian alami populasi predator. Diasumsikan untuk penerapan

estimasi parameter menggunakan algoritma genetika hanya pada Model *prey-predator* Lotka-Volterra.

#### 3.3. Data

Predator perlu memangsa untuk mempertahankan kehidupannya. Sebagai contoh dua hewan yang hidup di Arizona, populasi mangsa adalah *Jackrabbit* dan populasi predator adalah *Coyote*. Sebuah penelitian yang telah dilakukan selama periode sebelas tahun untuk melacak keberadaan kedua populasi di area lima kilometer persegi di selatan Prescott.

Ciri-ciri kedua populasi tersebut, *Jackrabbit* memiliki telinga panjang dengan ujung hitam di permukaan luar, ekor hitam, dan kaki belakang yang panjang dan kuat. Panjang 61 cm, dan berat 1,4 – 2,7 kg. *Coyote* memiliki telinga besar dan kepala runcing. Berat rata-rata 11,5 kg. Panjang tubuhnya antara 1 – 1,35 m, dan panjang ekor 400 mm. Data interaksi kedua populasi disajikan pada Tabel 1 berikut.

Tabel 1. Data jumlah populasi *Jackrabbit* dan populasi *coyote*

Tahun	<i>Jackrabbits</i> per square kilometer	<i>coyote</i> per 5 square kilometer
1981	80	15
1982	89	20
1983	79	22
1984	72	18
1985	53	8
1986	45	4
1987	57	6
1988	65	8
1989	87	15
1990	90	16
1991	83	14

Source: [14]

#### 3.4. Simulasi Numerik

Estimasi parameter yang menerapkan algoritma genetika berdasarkan data nyata seperti ditunjukkan pada Tabel 1. Parameter model diestimasi menggunakan algoritma genetik, kemudian memberikan kombinasi parameter yang digunakan dalam simulasi. Simulasi numerik menggunakan Python digunakan untuk membandingkan output estimasi dengan data nyata.

Dalam menjalankan algoritma genetika untuk estimasi parameter menggunakan model (2), terlebih dahulu diberikan batasan nilai-nilai parameternya. Menurut Mcadoo dkk. [19], laju kelahiran per *jackrabbit* adalah 3–4 anak per tahun sehingga ditetapkan  $3 \leq \alpha \leq 4$ . Untuk *coyote*, berdasarkan [20] maka ditetapkan batasan  $0 \leq \delta \leq 0.389$ . Untuk laju kematian masing-masing dipilih  $0 \leq \beta \leq 1$  dan  $0 \leq \mu \leq 1$ . Berdasarkan estimasi parameter dengan algoritma genetika, diperoleh nilai-nilai parameter sebagai berikut:

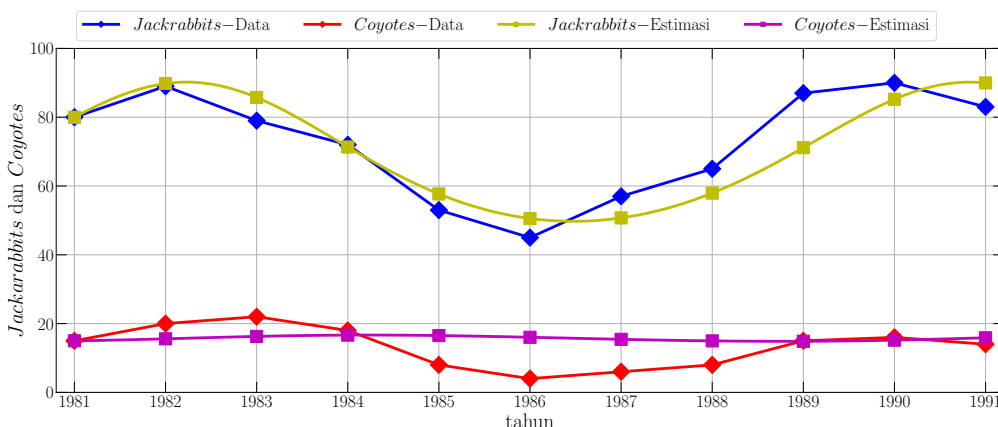
$$\begin{aligned} \alpha &= 3.77113045, \quad \beta = 0.23959659, \\ \delta &= 0.00210117, \quad \mu = 0.14283726. \end{aligned}$$

Dengan nilai-nilai parameter yang diperoleh, selanjutnya dilakukan simulasi numerik untuk membandingkan hasil estimasi dengan data rill. Diperoleh simulasi berupa time series yang ditunjukkan oleh Gambar 2. Untuk melihat akurasi hasil estimasi, diberikan Tabel 2. Hasil perhitungan galat menggunakan MAPE

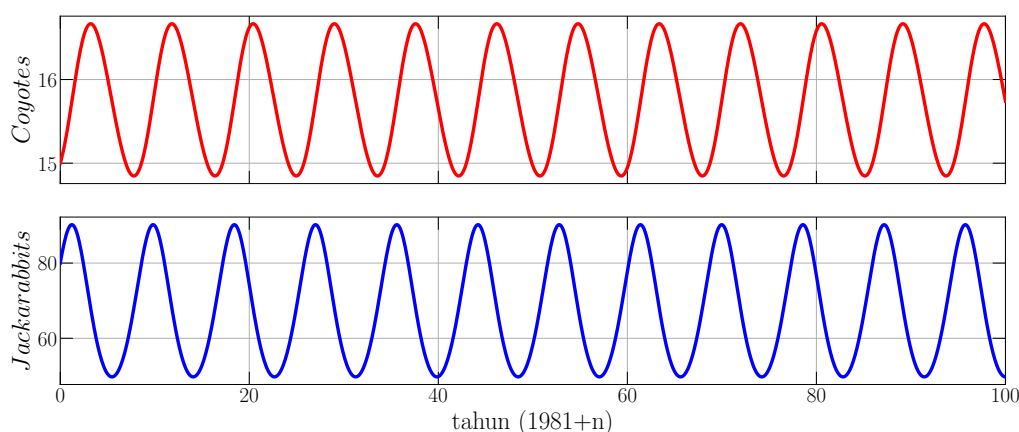
**Tabel 2.** Akurasi estimasi parameter dengan algoritma genetika

Tahun	Jackrabbits per square kilometer		coyote per 5 square kilometer		$\left  \frac{x(t) - \hat{x}(t)}{x(t)} \right $	$\left  \frac{y(t) - \hat{y}(t)}{y(t)} \right $
	data $x(t)$	estimasi $\hat{x}(t)$	data $y(t)$	estimasi $\hat{y}(t)$		
1981	80	80	15	15	0	0
1982	89	89.7934	20	15.5719	0.00891495	0.0497542
1983	79	85.7348	22	16.2753	0.0852508	0.0724647
1984	72	71.3504	18	16.6539	0.00902281	0.0186959
1985	53	57.6929	8	16.5189	0.0885447	0.160733
1986	45	50.5558	4	16.0242	0.123461	0.267205
1987	57	50.7253	6	15.4315	0.110083	0.165465
1988	65	57.9457	8	14.9773	0.108527	0.107344
1989	87	71.1474	15	14.8578	0.182214	0.00163421
1990	90	85.2294	16	15.1899	0.0530063	0.0090011
1991	83	89.9672	14	15.8687	0.0839422	0.0225148

$$MAPE = \frac{1}{11} \sum_{i=1}^{11} \left| \frac{x(t) - \hat{x}(t)}{x(t)} \right| \times 100\% \quad 7.75424\% \quad 7.95283\%$$


**Gambar 2.** Perbandingan kepadatan populasi Jackrabbit dan coyote berdasarkan estimasi dengan algoritma genetika dan data real



**Gambar 3.** Time-series untuk estimasi kepadatan populasi Jackrabbit dan coyote selama 100 tahun berikutnya

diperoleh:

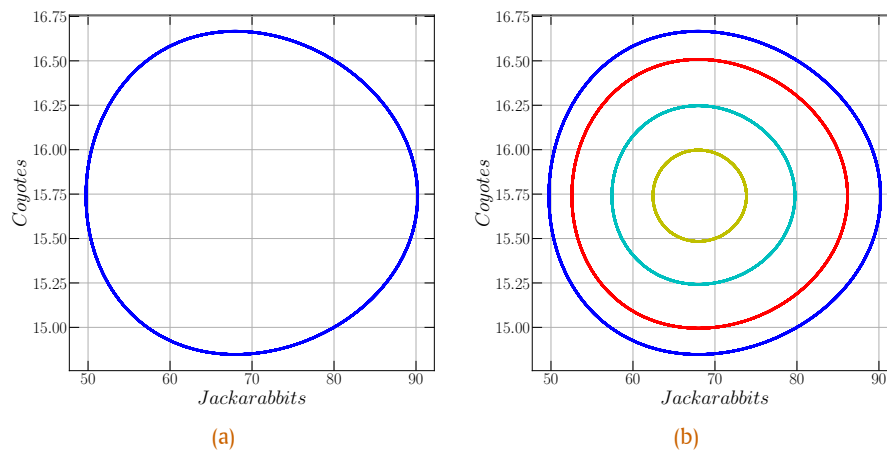
$$MAPE (jackrabbit) = \frac{1}{11} \sum_{i=1}^{11} \left| \frac{x(t) - \hat{x}(t)}{x(t)} \right| \times 100\% = 7.75424\%$$

$$MAPE (coyote) = \frac{1}{11} \sum_{i=1}^{11} \left| \frac{y(t) - \hat{y}(t)}{y(t)} \right| \times 100\% = 7.95283\%$$

Hal ini berarti penerapan algoritma genetika dalam estimasi pa-

rameter menggunakan model Lotka-Volterra berhasil dilakukan dengan galat 7.75424% untuk estimasi jackrabbit dan 7.95283% untuk coyote. Selanjutnya dilakukan simulasi numerik untuk melihat pergerakan solusi selama 100 tahun kedepan. Diperoleh time-series yang ditunjukkan oleh Gambar 3. Kepadatan populasi jackrabbit dan coyote beresilasi dan tidak terjadi kepunahan untuk 100 tahun berikutnya. Untuk mengkonfirmasi apakah tidak akan terjadi kepunahan untuk tahun-tahun selanjutnya, diberikan





Gambar 4. Potret fase *Jackrabbit* dan populasi *coyote* dengan (a) nilai awal sebenarnya dan (b) beberapa asumsi nilai awal

simulasi numerik berupa potret fase seperti pada Gambar 4(a). Hasil simulasi menunjukkan bahwa dengan nilai awal dan kondisi parameter yang diberikan maka solusi akan membentuk orbit tertutup berupa kurva periodik. Hal ini berarti bahwa tidak mungkin kedua populasi akan punah, namun hanya berubah secara periodik. Untuk mengkonfirmasi hal ini maka dilakukan simulasi dengan nilai-nilai parameter yang sama namun menggunakan beberapa nilai awal yang berbeda yang ditunjukkan pada Gambar 4(b). Hasil simulasi menunjukkan bahwa setiap solusi dengan nilai awal yang berbeda selalu memberikan orbit tertutup berupa kurva periodik.

Model *prey-predator* yang digunakan dalam artikel ini belum mempertimbangkan daya dukung lingkungan maupun variasi fungsi respon yang telah dibahas pada beberapa modifikasi seperti pada [21–25] dan beberapa referensi di dalamnya. Oleh karena itu, apabila dikaji lebih lanjut tentang kondisi biologis *jackrabbit* dan *coyote* sehingga diperoleh model yang lebih tepat menggambarkan interaksi antara keduanya, maka estimasi parameter yang diperoleh akan lebih baik lagi.

#### 4. Kesimpulan

Algoritma genetika merupakan algoritma pencarian berdasarkan proses teori genetika yang memperhatikan pemikiran memperoleh individu yang lebih baik, sehingga dalam proses evolusi dapat diharapkan diperoleh individu yang terbaik. Penerapan algoritma genetika untuk estimasi parameter dengan data nyata antara populasi *jackrabbit* dan *coyote* diterapkan pada model *prey-predator* Lotka-Volterra. Parameter model diestimasi menggunakan algoritma genetika, dan memberikan kombinasi parameter untuk digunakan dalam simulasi. Hasil simulasi numerik memberikan kesesuaian hasil estimasi dengan data real. Untuk mengembangkan dan membandingkan kecocokan lebih tinggi, algoritma generik dapat diterapkan pada model pertumbuhan lebih yang mewakili sistem biologi dengan mempertimbangkan beberapa aspek lebih sesuai kondisi sebenarnya.

#### References

- [1] S. Anam, "Parameters Estimation of Enzymatic Reaction Model for Biodiesel Synthesis by Using Real Coded Genetic Algorithm with Some Crossover Operations," *IOP Conference Series: Materials Science and Engineering*, vol. 546, no. 5, p. 052006, 2019. DOI: 10.1088/1757-899X/546/5/052006
- [2] Z. Zuhri, *Algoritma Genetika: Metode Komputasi Evolusioner untuk Menyele-*
- [3] N. Tutkun, "Parameter estimation in mathematical models using the real coded genetic algorithms," *Expert Systems with Applications*, vol. 36, no. 2, pp. 3342–3345, 2009. DOI: 10.1016/j.eswa.2008.01.060
- [4] E. Turban, J. Aronson, and T. Liang, *Decision Support Systems and Intelligent Systems*. Pearson/Prentice Hall, 2005. ISBN 9780130461063.
- [5] M. Rayungsari, A. In'am, and M. Aufin, "Genetic Algorithm to Estimate Parameters of Indonesian Population Growth Model," in *Proceedings of the International Conference on Community Development (ICCD 2020)*, vol. 477, no. Icccd. Paris, France: Atlantis Press, 2020. ISBN 978-94-6239-253-3 pp. 426–430. DOI: 10.2991/assehr.k.201017.094
- [6] W. Windarto, S. W. Indratno, N. Nuraini, and E. Soewono, "A comparison of binary and continuous genetic algorithm in parameter estimation of a logistic growth model," in *AIP Conference Proceedings, Symposium on BioMathematics (SYMOMATH) 2013*, 2014, p. 1587. DOI: 10.1063/1.4866550
- [7] M. Rayungsari, M. Aufin, and N. Imamah, "Parameters Estimation of Generalized Richards Model for COVID-19 Cases in Indonesia Using Genetic Algorithm," *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 1, no. 1, pp. 25–30, 2020. DOI: 10.34312/jjbm.v1i1.6910
- [8] A. Lotka, *Elements of Physical Biology*. Williams & Wilkins, 1925. ISBN 9780598812681.
- [9] V. Volterra, "Variations and Fluctuations in the Numbers of Coexisting Animal Species," in *Lecture Notes in Biomathematics*. Heidelberg: Springer, 1978, pp. 65–236. DOI: 10.1007/978-3-642-50151-7\_9
- [10] A. A. Berryman, "The origins and evolution of predator-prey theory," *Ecology*, vol. 73, no. 5, pp. 1530–1535, 1992. DOI: 10.2307/1940005
- [11] J. G. Restrepo and C. M. V. Sanchez, "Parameter estimation of a predator-prey model using a genetic algorithm," in *2010 IEEE ANDESCON*. IEEE, 2010. ISBN 978-1-4244-6740-2 pp. 1–4. DOI: 10.1109/ANDESCON.2010.5633365
- [12] M. Rayungsari, N. Imamah, A. Imaniyah, and V. B. Kusuma, "Estimasi parameter model predator-prey menggunakan algoritma genetika," *Jurnal Gammath*, vol. 4, no. 2, pp. 103–112, 2019. DOI: 10.32528/gammath.v4i2.3185
- [13] Windarto, "An implementation of continuous genetic algorithm in parameter estimation of predator-prey model," in *5th International Conference And Workshop On Basic And Applied Sciences (ICOWOBAS 2015)*. AIP Conference Proceedings, 2016, p. 1718. DOI: 10.1063/1.4943352
- [14] NS (Anonymous), "Jackrabbit and Coyotes two common mammals of the Southwest Prescott, Arizona," 2013. [Online]. Available: <https://drnsharma.wordpress.com/2013/03/14/predator-prey-data/> (Accessed 2022-11-12).
- [15] W. Widowati and S. Sutimin, *Buku Ajar: Pemodelan Matematika*. Semarang: Jurusan Matematika, FMIPA, UNDIP, 2007.
- [16] D. Goldberg, G. David Edward, D. Goldberg, and V. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, ser. Artificial Intelligence. Addison-Wesley Publishing Company, 1989. ISBN 9780201157673.
- [17] R. L. Haupt and S. E. Haupt, *Practical Genetic Algorithms*, 2nd ed. Pennsylvania: John Wiley & Sons, 2004. ISBN 978-0-471-45565-3
- [18] W. E. Boyce, R. C. DiPrima, and R. C. Prima, *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*, 10th ed. United State of America: John Wiley & Sons, Inc, 2012.
- [19] J. K. Mcadoo and J. A. Young, "Jackrabbits," *Rangelands*, vol. 2, no. 4, pp.

- 135–138, 1980.
- [20] J. C. Kilgo, C. E. Shaw, M. Vukovich, M. J. Conroy, and C. Ruth, "Reproductive characteristics of a coyote population before and during exploitation," *The Journal of Wildlife Management*, vol. 81, no. 8, pp. 1386–1393, 2017.
- [21] H. S. Panigoro and E. Rahmi, "Modifikasi sistem predator-prey: dinamika model Leslie-Gower dengan daya dukung yang tumbuh logistik," in *SEMI-RATA MIPAnet*, 2017, pp. 94–103.
- [22] P. K. Santra, "Fear effect in discrete prey-predator model incorporating square root functional response," *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 2, no. 2, pp. 51–57, 2021. DOI: 10.34312/jjbm.v2i2.10444
- [23] P. K. Santra, H. S. Panigoro, and G. S. Mahapatra, "Complexity of a Discrete-Time Predator-Prey Model Involving Prey Refuge Proportional to Predator," *Jambura Journal of Mathematics*, vol. 4, no. 1, pp. 50–63, 2022. DOI: 10.34312/jjom.v4i1.11918
- [24] H. S. Panigoro, E. Rahmi, N. Achmad, S. L. Mahmud, R. Resmawan, and A. R. Nuha, "A discrete-time fractional-order Rosenzweig-MacArthur predator-prey model involving prey refuge," *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience*, no. 1925, pp. 1–19, 2021. DOI: 10.28919/cmbn/6586
- [25] H. S. Panigoro and D. Savitri, "Bifurkasi Hopf pada model Lotka-Volterra orde-fraksional dengan efek Allee aditif pada predator," *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 1, no. 1, pp. 16–24, 2020. DOI: 10.34312/jjbm.v1i1.6908