

# Komentar untuk artikel Savitri *et al.*: Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*

Mohamad Khoirun Najib and Sri Nurdianti



Volume 3, Issue 2, Pages 73–74, December 2022

Received 29 Oktober 2022, Accepted 24 December 2022, Published Online 31 December 2022

To Cite this Article : M. K. Najib and S. Nurdianti, “Komentar untuk artikel Savitri *et al.*: Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*”, *Jambura J. Biomath*, vol. 3, no. 2, pp. 73–74, 2022, <https://doi.org/10.34312/jjbm.v3i2.16857>

© 2022 by author(s)

## JOURNAL INFO • JAMBURA JOURNAL OF BIOMATHEMATICS



	Homepage	:	<a href="http://ejournal.ung.ac.id/index.php/JJBM/index">http://ejournal.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://ejournal.ung.ac.id/index.php/jjbm/oai">http://ejournal.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>

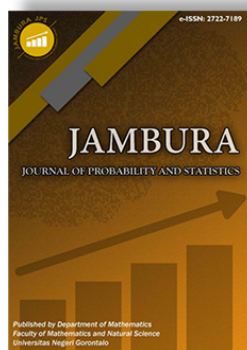
## JAMBURA JOURNAL • FIND OUR OTHER JOURNALS



Jambura Journal of Mathematics



Jambura Journal of Mathematics Education



Jambura Journal of Probability and Statistics



EULER : Jurnal Ilmiah Matematika, Sains, dan Teknologi

# Komentar untuk artikel Savitri *et al.*: Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*

Mohamad Khoirun Najib<sup>1,\*</sup> dan Sri Nurdiati<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Departemen Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, IPB University, Bogor 18660, Indonesia

## ARTICLE HISTORY

Received 29 Oktober 2022  
Accepted 24 December 2022  
Published 31 December 2022

## KEYWORDS

Correction  
Jackrabbit  
Coyote  
MAPE  
Lotka-Volterra

**ABSTRAK.** Artikel ini merupakan komentar untuk penelitian yang dilakukan oleh Savitri dkk yang telah dipublikasikan pada Jambura Journal of Biomathematics volume 3 nomor 1 tahun 2022. Diperoleh bahwa terjadi kesalahan dalam perhitungan MAPE untuk solusi aproksimasi kepadatan populasi coyote. Diperoleh MAPE untuk coyote sebesar 66.05% sehingga terjadi perbedaan yang cukup signifikan dengan yang telah diberikan sebelumnya. Dengan adanya hasil ini, maka terbuka peluang untuk melakukan estimasi parameter dengan akurasi yang lebih baik.

**ABSTRACT.** This article is a commentary on research conducted by Savitri *et al* which was published in Jambura Journal of Biomathematics volume 3 number 1 in 2022. It was found that there was an error in the MAPE calculation for the approximation of population density of coyote. The MAPE obtained for coyotes was 66.05% so there was a significant difference from what had been given before. With these results, there is an opportunity to estimate parameters with better accuracy.



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 96554, Indonesia.

Dalam artikelnya, Savitri dkk. [1] telah membagikan hasil penelitian yang sangat menarik terkait implementasi algoritma genetika untuk mengestimasi parameter dari suatu model dinamik, yaitu model *prey-predator* Lotka-Volterra, pada data kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*. Banyak penelitian, khususnya di Indonesia, melakukan simulasi numerik pada suatu model dinamik dengan memberikan nilai parameter berdasarkan asumsi. Terdapat pula yang memodifikasi model dinamik dengan menambahkan kompartemen, tetapi nilai parameter model diambil berdasarkan penelitian lain yang tidak memiliki kompartemen tersebut. Padahal, terdapat kemungkinan bahwa nilai parameter tidak lagi sesuai dengan data yang nyata, karena adanya penambahan kompartemen tersebut. Penelitian ini memberikan alternatif untuk mengestimasi parameter dari suatu model dinamik, sesuai dengan data aktual yang ada.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa algoritma genetika mampu mengestimasi parameter model *prey-predator* Lotka-Volterra dengan baik dengan fungsi tujuan yaitu meminimumkan

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

dengan variabel  $y_{1i}$  dan  $y_{2i}$  masing-masing merepresentasikan data nyata *predator* dan *prey*. Sementara itu, variabel  $\hat{y}_{1i}$  dan  $\hat{y}_{2i}$  masing-masing merepresentasikan populasi *predator* dan *prey*,

yang merupakan solusi dari model Lotka-Volterra dengan parameter yang diestimasi menggunakan algoritma genetika. Akan tetapi, terdapat miscalculasi ketika menghitung kesalahan dari solusi model untuk populasi *coyote*. Koreksi untuk kesalahan berdasarkan *mean absolute percentage error* (MAPE) tersebut tersebut disajikan pada **Tabel 1**.

Dengan demikian, nilai MAPE yang benar adalah sebagai berikut.

$$\begin{aligned} MAPE(jackrabbits) &= \frac{1}{11} \sum_{i=1}^{11} \left| \frac{x(t) - \hat{x}(t)}{x(t)} \right| \times 100\% \\ &= 7.75\% \end{aligned} \quad (2)$$

$$\begin{aligned} MAPE(coyote) &= \frac{1}{11} \sum_{i=1}^{11} \left| \frac{y(t) - \hat{y}(t)}{y(t)} \right| \times 100\% \\ &= 66.05\% \end{aligned} \quad (3)$$

Nilai MAPE yang benar untuk estimasi populasi *coyote* ini cukup jauh dari kalkulasi yang dilakukan [1], yaitu 7.95%. Dengan adanya kesalahan yang cukup besar ini, peluang penelitian lebih lanjut menjadi terbuka untuk menghasilkan akurasi yang lebih baik. Dengan digunakannya **persamaan (1)** sebagai fungsi tujuan yang akan diminimumkan oleh algoritma genetika untuk mengestimasi parameter model, kesalahan untuk populasi *predator* dan *prey* memiliki bobot yang sama, tetapi tidak proporsional. Perhatikan jumlah populasi aktual *jackrabbits* dan *coyotes* pada **Tabel 1**. Populasi *jackrabbits* jauh lebih tinggi daripada popu-

\*Corresponding Author.

**Tabel 1.** Koreksi untuk kesalahan estimasi parameter dengan algoritma genetika

Tahun	Populasi <i>jackrabbits</i>		populasi <i>coyote</i>		relative error <i>jackrabbits</i>	relative error <i>coyote</i> *
	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	0.0089	0.2214
1983	79	85.7348	22	16.2753	0.0853	0.2602
1984	72	71.3504	18	16.6539	0.0090	0.0748
1985	53	57.6929	8	16.5189	0.0885	1.0649
1986	45	50.5558	4	16.0242	0.1235	3.0061
1987	57	50.7253	6	15.4315	0.1101	1.5719
1988	65	57.9457	8	14.9773	0.1085	0.8722
1989	87	71.1474	15	14.8578	0.1822	0.0095
1990	90	85.2294	16	15.1899	0.0530	0.0506
1991	83	89.9672	14	15.8687	0.0839	0.1335
				MAPE	0.0775	0.6605

\*Koreksi untuk [1]

lasi *coyotes*. Dengan demikian, jika estimasi lebih tinggi dengan jumlah yang sama, maka kesalahan relatif untuk populasi *coyotes* akan lebih tinggi daripada *jackrabbits*. Akan tetapi, persamaan (1) memberikan bobot yang sama terhadap *jackrabbits* dan *coyotes*, sehingga kesalahan relatif dari *jackrabbits* menjadi lebih diperhatikan daripada *coyotes*. Akibatnya, nilai MAPE untuk estimasi populasi *coyotes* menjadi jauh lebih tinggi daripada *jackrabbits*.

Dengan adanya fakta tersebut, penggunaan fungsi tujuan lain, seperti rata-rata dari kesalahan relatif data *predator* dan *prey*, bisa dipertimbangkan untuk penelitian selanjutnya. Selain itu, implementasi pengoptimuman multi objektif menggunakan algoritma genetika juga dapat dipertimbangkan [2, 3], sehingga ke-

salahan data *predator* dan *prey* dapat diterima.

## References

- [1] D. Savitri, N. W. Hidajati, and H. S. Panigoro, "Implementasi algoritma genetika dalam mengestimasi kepadatan populasi *jackrabbit* dan *coyote*," *Jambura Journal of Biomathematics*, vol. 3, no. 1, pp. 23–28, 2022. DOI: 10.34312/jjbm.v3i1.11935
- [2] A. Konak, D. W. Coit, and A. E. Smith, "Multi-objective optimization using genetic algorithms: A tutorial," *Reliability engineering & system safety*, vol. 91, no. 9, pp. 992–1007, 2006. DOI: 10.1016/j.res.2005.11.018
- [3] C.-H. Wang and S.-W. Tsai, "Multi-objective optimization using genetic algorithm: Applications to imperfect preventive maintenance model," in *2011 6th International Conference on Computer Science & Education (ICCSE)*. IEEE, pp. 1355–1360, 2011. DOI: 10.1109/ICCSE.2011.6028884