

ALGORITMA GENETIK PENDUGAAN PARAMETER MODEL NONLINEAR JERAPAN FOSFOR

(*Genetic Algorithm for Parameter Estimation of Phosphorus Adsorption Nonlinear Model*)

Mohammad Masjkur
Departemen Statistika, FMIPA-IPB
E-mail : masjkur@gmail.com

Abstract

Expectation Maximization (EM) was the best method used to estimate the parameters of phosphorus adsorption in a nonlinear model. However, it is questionable whether the optimum value obtained was exactly a global optimum value. Genetic algorithm is an alternative procedure to estimate the phosphorus adsorption's parameters in a nonlinear model. The objective of this study was to have a better understanding in the use of genetic algorithm in maximum likelihood estimation of phosphorus adsorption nonlinear model parameters and compare it with the EM algorithm. This study used data of P adsorption isotherms of kaolinitic and smectitic soil in three locations. Phosphorus adsorption nonlinear models used are Freundlich and Langmuir. Results showed that the genetic algorithm and EM method produced different values of estimated phosphorus maximum adsorption and bonding energy parameters. AIC and SBC values of genetic algorithm is lower than EM algorithm, both on the Langmuir and Freundlich models. AIC and SBC values of Langmuir model is lower than Freundlich model both for genetic algorithms and EM algorithm. Hence, the best model for phosphorus adsorption is Langmuir nonlinear model with genetic algorithm.

Keywords: nonlinear model, EM, Freundlich, Langmuir, genetic algorithm

PENDAHULUAN

Beberapa model persamaan dikembangkan untuk menggambarkan hubungan nonlinear antara jumlah fosfor ditambahkan dengan jumlah fosfor yang dijerap tanah, antara lain model Freundlich dan Langmuir. Pendugaan model nonlinear lebih sulit daripada model linear. Prosedur statistika tradisional bagi model nonlinear membutuhkan nilai awal (*starting point*) untuk memulai optimisasi. Seringkali kualitas solusi akhir tergantung pada posisi nilai awal tersebut pada ruang solusi. Dengan demikian tidak ada jaminan dapat menduga model dengan baik.

Prosedur terbaik untuk menduga parameter model nonlinear jerapan fosfor adalah penduga kemungkinan maksimum EM (Masjkur, 2009). Namun demikian, prosedur kemungkinan maksimum EM masih menyisakan pertanyaan tentang jaminan konvergensi, apakah nilai optimum yang diperoleh benar-benar merupakan global optimum. Selain itu, metode iterasi tersebut sangat sulit untuk menentukan nilai awal yang mencapai konvergensi dan diperlukan *trial error*.

Penggunaan algoritma genetik merupakan pendekatan optimisasi yang belakangan ini dikembangkan sebagai alternatif analisis regresi untuk menduga model matematik. Algoritma genetik merupakan metode komputasi berdasarkan teori evolusi biologis yang dapat digunakan untuk mencari

solusi optimal. Algoritma genetik dapat digunakan untuk mencari maksimum atau minimum dari fungsi. Pada persoalan kajian, pendugaan algoritma genetik membutuhkan dugaan selang parameter dimana nilai solusi akan didapatkan. Pemilihan nilai awal memainkan peranan penting dalam mendapatkan solusi yang baik untuk persoalan dengan banyak lokal optimum. Algoritma genetik dengan beberapa pendekatan solusi potensial, dapat mencari beberapa nilai secara simultan dan dengan demikian mencegah mendapatkan lokal optimum jika global optimum didapatkan (Roush and Branton, 2005).

Dihipotesiskan bahwa pendekatan nonlinear dengan algoritma genetik untuk parameter model jerapan fosfor akan menduga model lebih baik daripada pendugaan kemungkinan maksimum EM.

TINJAUAN PUSTAKA

Model Nonlinear

Pemodelan linear berhubungan dengan fungsi-fungsi dengan linear dalam parameter-parameternya, walaupun model tersebut nonlinear dalam peubah-peubahnya. Namun demikian, beberapa fungsi dalam dunia nyata adalah nonlinear dalam parameter-parameternya. Misalnya, kurva eksponensial *decay* $y = a \cdot \text{Exp}(-b \cdot x)$, dimana b digandakan dalam fungsi eksponensial.

Beberapa fungsi nonlinear dapat dilinearkan oleh transformasi peubah-peubah bebas dan/atau takbebas. Kurva eksponensial *decay*, sebagai contoh, dapat dilinearkan dengan mengambil bentuk logaritma : $\text{Log}(y) = a' - b*x$. Parameter a' dalam persamaan baru ini adalah logaritma dari a pada persamaan asal, sehingga setelah a' telah ditentukan oleh penyuaian kurva linear sederhana, maka kita dapat mengambil antilognya untuk mendapatkan a .

Namun demikian, kita sering mendapatkan fungsi-fungsi yang tidak dapat dilinearkan oleh cara-cara tersebut, misalnya eksponensial *decay* yang mendarat pada beberapa nilai tidak diketahui: $y = a*Exp(-b*x) + c$. Penerapan transformasi logaritma pada kasus ini menghasilkan $\text{log}(y - c) = a' - b*x$. Hal ini melinearkan b , tetapi sekarang c terdapat dalam logaritma.

Model nonlinear adalah suatu model dimana nilai dugaan, $f(X, \beta)$ merupakan fungsi nonlinear pada parameternya, β . Umumnya tidak ada bentuk baku dalam pendugaan parameter terbaik seperti halnya model linear. Biasanya algoritma optimasi numerik digunakan untuk menentukan penduga parameter terbaik. Pada model nonlinear, mungkin terdapat beberapa optimum lokal dari fungsi yang akan dioptimalkan. Pada prakteknya, nilai dugaan dari parameter digunakan bersamaan dengan algoritma optimasi untuk mendapatkan optimum global.

Metode Kemungkinan Maksimum

Sebagai alternatif bagi metode kuadrat terkecil adalah memaksimalkan fungsi kemungkinan (*likelihood*) atau *log-likelihood*. Fungsi kemungkinan model nonlinear adalah,

$$L(\beta, \sigma^2) = \frac{1}{(2\pi\sigma^2)^{n/2}} \exp \left\{ -\frac{\sum_{i=1}^n [y_i - f(\beta, x_i)]^2}{2\sigma^2} \right\}$$

Metode kemungkinan maksimum menduga parameter β dan σ^2 dengan mendapatkan nilai parameter β dan σ^2 yang memaksimalkan $L(\beta, \sigma^2)$ (Samson *et al.*, 2000; Sharma and Agarwal, 2003; Makowski and Lavielle, 2006).

Algoritma Expectation-Maximization (EM)

Algoritma EM digunakan untuk mendapatkan dugaan kemungkinan maksimum parameter model-model peluang, dimana model tergantung pada peubah laten tidak teramati atau terdapat data hilang. Tiap iterasi dari algoritma EM terdiri dari dua proses : tahap-E dan tahap-M. Tahap pendugaan, tahap-E menghitung dugaan kemungkinan dengan mempertimbangkan peubah laten jika peubah tersebut diamati. Tahap maksimisasi, tahap-M menghitung dugaan kemungkinan maksimum parameter dengan maksimisasi dugaan kemungkinan pada tahap-E.

Parameter didapatkan pada tahap-M selanjutnya digunakan untuk tahap-E berikutnya, dan proses tersebut dilakukan secara berulang.

Misalkan y menunjukkan data tidak lengkap terdiri dari nilai peubah teramati, dan misalkan z menunjukkan data hilang. y dan z secara bersama membentuk data lengkap. Misalkan p adalah fungsi kepekatan peluang bersama dari data lengkap dengan parameter diberikan oleh vektor $\theta : p(y, z|\theta)$. Selanjutnya sebaran bersyarat data hilang jika diketahui data amatan dapat dinyatakan sebagai :

$$p(z|y, \theta) = \frac{p(y, z|\theta)}{p(y|\theta)} = \frac{p(y|z, \theta)p(z|\theta)}{\int p(y|\hat{z}, \theta)p(\hat{z}, \theta)d\hat{z}}$$

Algoritma EM secara iteratif meningkatkan dugaan awal θ_0 dengan mencari dugaan baru θ_1, θ_2 dan seterusnya. Tiap tahapan yang menurunkan θ_{n+1} dari θ_n mengambil bentuk berikut :

$$\theta_{n+1} = \text{arg max}_{\theta} Q(\theta)$$

dimana $Q(\theta)$ adalah nilai harapan *log-likelihood*.

Q diberikan oleh

$$Q(\theta) = \sum_z p(z|y, \theta_n) \log p(y, z|\theta)$$

atau secara umum

$$Q(\theta) = E_z [\log p(y, z|\theta)|y]$$

Dengan perkataan lain, θ_{n+1} adalah nilai yang memaksimalkan (M) dugaan bersyarat (E) dari *log-likelihood* data lengkap jika diketahui peubah teramati pada nilai parameter sebelumnya. Pendugaan $Q(\theta)$ pada kasus kontinu diberikan oleh

$$Q(\theta) = E_z [\log p(y, z|\theta)|y] = \int_{-\infty}^{\infty} p(z|y, \theta_n) \log p(y, z|\theta) dz$$

(Deylon *et al.* 1999, Makowski and Lavielle, 2006).

Algoritma Genetik (AG)

Algoritma genetik bekerja dengan ukuran tetap populasi kemungkinan solusi persoalan, disebut individu, yang berevolusi dengan waktu. AG menggunakan 3 operator genetik utama yaitu seleksi, kawin silang (*crossover*) dan mutasi. Pada setiap tahapan (disebut generasi) proses reproduksi, individu pada generasi sekarang dievaluasi dengan fungsi kesesuaian (*fitness function*), yang merupakan ukuran seberapa baik solusi individu menyelesaikan persoalan. Kemudian setiap solusi individu di reproduksi proporsional dengan *fitness*nya; semakin tinggi *fitness* berarti semakin besar peluang berpartisipasi dalam perkawinan (*crossover*) dan menghasilkan keturunan (*offspring*). Sejumlah kecil keturunan baru lahir (yaitu solusi baru) menjalani aksi dari operator mutasi. Setelah beberapa generasi

hanya individu (solusi) dengan genetik terbaik (berdasarkan fungsi *fitness*) *survive*. Individu terbaik memberikan solusi optimum atau hampir optimum bagi persoalan bersangkutan (Roush and Branton, 2005; Sanjoyo, 2006).

AG secara esensial bersifat probabilistik. Sebaliknya metode optimisasi tradisional bersifat deterministik. Sifat probabilistik dari komputasi evolusioner memungkinkan mereka mengeksplorasi area dalam ruang pencarian (*search space*). Solusi kurang baik (individu) tidak dikeluarkan dari populasi; melainkan mereka mempunyai beberapa peluang tertentu untuk perkawinan dan memberikan generasi berikutnya beberapa sifat genetik yang mungkin sangat berguna dalam menciptakan keturunan yang betul-betul baik. Dengan demikian AG mencegah lokal optimum dan dapat menemukan solusi global sesungguhnya dari persoalan.

Sifat deterministik dari teknik optimisasi tradisional merupakan penyebab utama mereka kadangkala menetap pada lokal optimum. Kadangkala individu terbaik pada populasi AG juga menetap pada lokal optimum. Namun demikian, AG selalu mempunyai kesempatan baik untuk keluar dari lokal optimum disebabkan karena mutasi, operator diversitas dan keduanya.

DATA DAN METODE

Data

Penelitian ini menggunakan data isoterm jerapan P pada tanah kaolinitik dan smektitik. Konsentrasi P ditambahkan yaitu : 0, 25, 50, 75, 100, 150, 200, 250, 300, 400, dan 500 ppm P untuk tanah kaolinitik, sedangkan pada tanah smektitik digunakan konsentrasi P : 0, 50, 100, 150, 200, 250, 300, 350, 400, 450 dan 500 ppm P. Inkubasi dilakukan selama 6 hari sambil dikocok 2x30 menit/hari (pagi dan siang). Setelah ekuilibrasi selesai, suspensi disentrifusi untuk mendapatkan cairan jernih. Kadar P dalam supernatan ditetapkan dengan spektrofotometer. Perbedaan antara jumlah P yang tinggal dalam larutan dengan jumlah P yang diberikan adalah jumlah P yang dijerap oleh tanah.

Metode

Isoterm jerapan P dimodelkan dengan persamaan nonlinear Langmuir :

$$Q = \beta\kappa C / (1 + \kappa C)$$

dengan $Q = P$ dijerap tanah (mg kg^{-1}), C = konsentrasi P dalam larutan keseimbangan (mg L^{-1}), β = parameter jerapan maksimum (mg kg^{-1}), dan κ = parameter energi ikatan (L mg^{-1}).

Adapun model nonlinear Freundlich adalah

$$Q = \beta C^\kappa$$

dengan Q , C , β , dan κ mempunyai arti yang sama dengan model Langmuir.

Secara umum model nonlinear dapat dinyatakan sebagai berikut :

$$Y = f(X, \beta) + \varepsilon$$

dimana Y adalah $n \times 1$ vektor kolom dari peubah acak, $X = n \times p$ matriks prediktor, β adalah $p \times 1$ vektor parameter, dan $\varepsilon = n \times 1$ vektor galat, masing-masing merupakan peubah acak tidak berkorelasi dengan nilai harapan 0 dan ragam σ^2 serta menyebar normal, $Y = f(X, \beta)$ merupakan fungsi nonlinear pada parameternya, β .

Pendugaan parameter β dan κ model nonlinear Langmuir dan Freundlich menggunakan metode kemungkinan maksimum algoritma EM dan genetik.

Keterandalan model dievaluasi menggunakan kriteria informasi Akaike (*Akaike Information Criterion (AIC)*) dan Bayes (*Schwarz's Bayesian Criterion (SBC)*) yaitu :

$$AIC = 2k - 2 \log(L) \text{ dan}$$

$$SBC = -2 \log(L) + k \log(n)$$

dengan L adalah nilai maksimum fungsi kemungkinan, n menyatakan banyaknya data, k menyatakan banyaknya parameter. Model dengan nilai AIC dan SBC terkecil dipilih sebagai model terbaik.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Algoritma genetik model Freundlich

Pendugaan parameter model Freundlich dengan algoritma genetik dilakukan 3 simulasi, yaitu, simulasi pertama menggunakan 5 ribu generasi dengan *mutation rate* sebesar 0,01; simulasi kedua adalah menggunakan 10 ribu generasi dengan *mutation rate* sebesar 0,03, sedangkan untuk simulasi ketiga adalah menggunakan 15 ribu generasi dengan *mutation rate* sebesar 0,02.

Hasil estimasi parameter model untuk 3 simulasi dengan fungsi objektifnya adalah maksimum *Likelihood* disajikan pada Lampiran 1 dan nilai AIC dan SBC dicantumkan pada Lampiran 2.

Pada lokasi Demangan simulasi pertama mulai konvergen pada generasi ke 3459; simulasi kedua mulai konvergen pada generasi ke 8661 dan simulasi ketiga mulai konvergen pada generasi ke 4545. Berdasarkan nilai AIC dan SBC ketiga simulasi tersebut menunjukkan nilai yang sama. Namun demikian simulasi pertama mempunyai banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi kedua dan ketiga. Dengan demikian model terbaik adalah simulasi pertama yaitu $\beta = 468,31$ dan $\kappa = 0,52$.

Pada lokasi Tirtobinangun simulasi pertama mulai konvergen pada generasi ke 508; simulasi kedua mulai konvergen pada generasi ke 3222 dan simulasi ketiga mulai konvergen pada generasi ke 2890.

Berdasarkan nilai *AIC* dan *SBC* simulasi kedua menunjukkan nilai yang lebih kecil dari simulasi pertama dan ketiga. Dengan demikian model terbaik adalah simulasi kedua yaitu $\beta = 240,41$ dan $\kappa = 0,75$. Pada lokasi Kedungrejo model terbaik adalah simulasi pertama dengan $\beta = 585,94$ dan $\kappa = 0,75$ ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* sama namun banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi kedua dan ketiga.

Pada lokasi Purworejo1 dan Purworejo2 model terbaik adalah simulasi pertama dengan β masing-masing 642,72 dan 565,23 dan κ adalah 0,32 dan 0,28 ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* sama namun banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi kedua dan ketiga. Adapun lokasi Simbarwaringin model terbaik adalah simulasi pertama dengan $\beta = 2064,73$ dan $\kappa = 0,56$ ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* lebih kecil dari simulasi kedua dan ketiga.

Hasil di atas menunjukkan bahwa pada model Freundlich parameter jerapan maksimum (β) tanah kaolinitik (pada status hara P sama) lebih tinggi daripada tanah smektitik. Adapun parameter energi ikatan (κ) tanah kaolinitik lebih rendah daripada tanah smektitik.

Algoritma genetik model Langmuir

Pendugaan parameter model Langmuir dengan algoritma genetik dilakukan 3 simulasi seperti halnya model Freundlich. Hasil estimasi parameter model untuk 3 simulasi disajikan pada Lampiran 3 dan nilai *AIC* dan *SBC* dicantumkan pada Lampiran 4.

Pada lokasi Demangan simulasi pertama mulai konvergen pada generasi ke 2411; simulasi kedua mulai konvergen pada generasi ke 2626 dan simulasi ketiga mulai konvergen pada generasi ke 13104. Berdasarkan nilai *AIC* dan *SBC* simulasi kedua dan ketiga menunjukkan nilai yang sama, namun lebih kecil dari simulasi pertama. Dengan demikian model terbaik adalah simulasi kedua yaitu $\beta = 662,89$ dan $\kappa = 2,21$.

Pada lokasi Tirtobinangun simulasi pertama mulai konvergen pada generasi ke 4504; simulasi kedua mulai konvergen pada generasi ke 7583 dan simulasi ketiga mulai konvergen pada generasi ke 6389. Berdasarkan nilai *AIC* dan *SBC* simulasi kedua dan ketiga menunjukkan nilai yang sama, namun lebih kecil dari simulasi pertama. Dengan demikian model terbaik adalah simulasi kedua yaitu $\beta = 1209,23$ dan $\kappa = 0,25$. Pada lokasi Kedungrejo model terbaik adalah simulasi pertama dengan $\beta = 659,48$ dan $\kappa = 3,87$ ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* sama namun banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi kedua dan ketiga.

Pada lokasi Purworejo1 dan Purworejo2 model terbaik adalah simulasi pertama dengan β masing-masing 530,14 dan 489,01 dan κ adalah 23,05 dan 26,71 ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* sama

namun banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi kedua dan ketiga. Adapun lokasi Simbarwaringin model terbaik adalah simulasi kedua dengan $\beta = 805,54$ dan $\kappa = 20,65$ ditunjukkan oleh nilai *AIC* dan *SBC* lebih kecil dari simulasi pertama dan banyak generasi lebih sedikit daripada simulasi ketiga.

Hasil di atas menunjukkan bahwa pada model Langmuir parameter jerapan maksimum (β) tanah kaolinitik lebih rendah daripada tanah smektitik. Adapun parameter energi ikatan (κ) tanah kaolinitik lebih tinggi daripada tanah smektitik. Kecenderungan pola parameter pada model Langmuir ini nampak berbeda dengan hasil pada model Freundlich.

Algoritma EM model Freundlich dan Langmuir

Nilai dugaan parameter model nonlinier Freundlich dan Langmuir yang dihasilkan dengan menggunakan metode kemungkinan maksimum *EM* terdapat pada Tabel 1. Besaran nilai dugaan parameter model nonlinier Freundlich dan Langmuir pada masing-masing lokasi yang dihasilkan dengan menggunakan algoritma *EM* tampak berbeda dengan algoritma genetik.

Nilai dugaan parameter jerapan maksimum model nonlinier Langmuir pada tanah smektitik relatif lebih tinggi dibanding tanah kaolinitik. Adapun nilai dugaan parameter energi ikatan model Langmuir pada tanah smektitik lebih rendah dibanding tanah kaolinitik. Sebaliknya, pada model Freundlich nilai dugaan parameter jerapan maksimum pada tanah smektitik relatif lebih rendah dibanding tanah kaolinitik, sedangkan nilai dugaan parameter energi ikatan pada masing-masing lokasi tanah smektitik relatif lebih tinggi dibanding tanah kaolinitik.

Tabel 1 Nilai dugaan parameter model nonlinier Langmuir dan Freundlich menggunakan algoritma EM

Lokasi	Langmuir		Freundlich	
	β	κ	β	κ
Smektitik				
Demangan	659,0	2,17	465,0	0,53
Tirtobinangun	1290,0	0,23	240,0	0,76
Kedungrejo	671,0	3,56	564,0	0,46
Kaolinitik				
Purworejo 1	534,0	21,4	593,0	0,30
Purworejo 2	493,0	25,3	566,0	0,29
Simbarwaringin	798,0	20,5	2050,0	0,56

Pemilihan model terbaik

Berdasarkan hasil yang didapatkan algoritma genetik dan EM menghasilkan nilai dugaan parameter jerapan maksimum (β) dan energi ikatan (κ) jerapan fosfor yang berbeda, namun pola kecenderungannya

sama. Pada model Freundlich nilai dugaan parameter jerapan maksimum pada lokasi tanah smektitik lebih rendah dibanding tanah kaolinitik, sedangkan nilai dugaan parameter energi ikatan pada lokasi tanah smektitik lebih tinggi dibanding tanah kaolinitik. Adapun pada model Langmuir nilai dugaan parameter jerapan maksimum pada lokasi tanah smektitik lebih tinggi dibanding tanah kaolinitik, sedangkan nilai dugaan parameter energi ikatan pada lokasi tanah smektitik lebih rendah dibanding tanah kaolinitik.

Nilai *AIC* dan *SBC* model Freundlich dan Langmuir dengan algoritma genetik dan *EM* dapat dilihat pada Lampiran 5. Nilai *AIC* dan *SBC* algoritma genetik lebih rendah daripada algoritma *EM*, baik pada model Langmuir maupun Freundlich. Hal ini menunjukkan bahwa algoritma genetik lebih baik daripada algoritma *EM* pada pendugaan parameter model nonlinear jerapan fosfor.

Nilai *AIC* dan *SBC* model Langmuir lebih rendah daripada model Freundlich pada algoritma genetik maupun algoritma *EM*, sehingga model Langmuir lebih baik daripada model Freundlich pada pendugaan parameter model nonlinear jerapan fosfor. Dengan demikian model terbaik adalah model nonlinear Langmuir dengan prosedur kemungkinan maksimum menggunakan algoritma genetik.

KESIMPULAN

Algoritma genetik lebih baik daripada algoritma *EM* pada pendugaan parameter model nonlinear jerapan fosfor. Model nonlinier terbaik jerapan P pada tanah smektitik dan kaolinitik adalah model Langmuir dengan algoritma genetik.

DAFTAR PUSTAKA

- Delyon, B., Lavielle, M., and Moulines, E. 1999. "Convergence of a Stochastic Approximation Version of the EM Algorithm." *Annals of Statistics* 27: 94-128.
- Makowski, D., and M.Lavielle. 2006. Using SAEM to Estimate Parameters of Models of Response to Applied Fertilizer. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*. 11: 45-60.
- Masjukur, M. 2009. Perbandingan Metode Kuadrat Terkecil Marquardt-Levenberg dan Kemungkinan Maksimum *EM* Pendugaan Model Nonlinear Jerapan Fosfor. *Prosiding Seminar Nasional Sains, FMIPA IPB*. Bogor.
- Roush, W. B. and S. L. Branton. 2005. A Comparison of Fitting Growth Models with a Genetic Algorithm and Nonlinear Regression. *Poultry Science* 84:494-502.
- Samson, A., M. Lavielle, and F. Mentre. 2000. The SAEM Algorithm for Group Comparison Tests in Longitudinal Data Analysis Based on Non-Linear Mixed-Effects Model. *Statist. Med.* 00:1-6.
- Sanjoyo. 2006. Aplikasi Algoritma Genetika. <http://sanjoyo55.files.wordpress.com/2008/11/non-linier-gen-algol.pdf>.
- Sharma, M. and R. Agarwal. 2003. Maximum Likelihood Method for Parameter Estimation in Non-Linear Models with Below Detection Data. *Environmental and Ecological Statistics* 10 : 445-454.

Lampiran 1 Hasil estimasi maksimum *likelihood* parameter model Freundlich dengan algoritma genetik

Lokasi	Simulasi 1		Simulasi 2		Simulasi 3	
	<i>generation_n</i> = 5000; <i>popuSize</i> = 50; <i>xover_rate</i> = 1,0; <i>mutate_rate</i> = 0,01; <i>bit_n</i> = 40; <i>range</i> = [0 3000; 0 30];		<i>generation_n</i> = 10000; <i>popuSize</i> = 50; <i>xover_rate</i> = 1,0; <i>mutate_rate</i> = 0,03; <i>bit_n</i> = 40; <i>range</i> = [0 3000; 0 30];		<i>generation_n</i> = 15000; <i>popuSize</i> = 50; <i>xover_rate</i> = 1,0; <i>mutate_rate</i> = 0,02; <i>bit_n</i> = 40; <i>range</i> = [0 3000; 0 30];	
	β	κ	β	κ	β	κ
Smektitik						
Demangan	<u>468,31</u>	<u>0,52</u>	468,31	0,52	468,31	0,52
Tirtobinangun	240,23	0,76	<u>240,41</u>	<u>0,75</u>	240,42	0,75
Kedungrejo	<u>585,94</u>	<u>0,48</u>	585,34	0,48	585,34	0,48
Kaolinitik						
Purworejo 1	<u>642,71</u>	<u>0,32</u>	642,71	0,32	642,71	0,32
Purworejo 2	<u>565,23</u>	<u>0,28</u>	565,35	0,28	565,35	0,28
Simbarwaringin	<u>2064,73</u>	<u>0,56</u>	2249,02	0,59	2249,02	0,59

Lampiran 2 Nilai *AIC* dan *SBC* model Freundlich dengan algoritma genetik

Lokasi	Simulasi 1		Simulasi 2		Simulasi 3	
	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>
Smektitik						
Demangan	53,76	57,14	53,76	57,14	53,76	57,14
Tirtobinangun	51,24	54,61	51,24	54,61	51,24	54,61
Kedungrejo	54,34	57,72	54,34	57,72	54,34	57,72
Kaolinitik						
Purworejo 1	54,39	57,77	54,39	57,77	54,39	57,77
Purworejo 2	53,92	57,30	53,92	57,30	53,92	57,30
Simbarwaringin	54,01	57,39	54,03	57,40	54,03	57,40

Lampiran 3 Hasil estimasi maksimum *likelihood* parameter model Langmuir dengan algoritma genetik

Lokasi	Simulasi 1		Simulasi 2		Simulasi 3	
	β	κ	β	κ	β	κ
Smektitik						
Demangan	750,00	1,72	<u>662,89</u>	<u>2,21</u>	662,90	2,21
Tirtobinangun	1199,82	0,26	<u>1209,23</u>	<u>0,25</u>	1209,15	0,25
Kedungrejo	<u>659,48</u>	<u>3,87</u>	659,48	3,87	659,48	3,87
Kaolinitik						
Purworejo 1	<u>530,14</u>	<u>23,05</u>	530,14	23,05	530,14	23,05
Purworejo 2	<u>489,01</u>	<u>26,71</u>	489,01	26,71	489,01	26,71
Simbarwaringin	750,00	23,44	<u>805,54</u>	<u>20,65</u>	805,53	20,65

Lampiran 4. Nilai *AIC* dan *SBC* model Langmuir dengan algoritma genetik

Lokasi	Simulasi 1		Simulasi 2		Simulasi 3	
	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>
Smektitik						
Demangan	53,70	57,08	53,65	57,03	53,65	57,03
Tirtobinangun	51,66	55,04	51,66	55,04	51,66	55,04
Kedungrejo	53,91	57,29	53,91	57,29	53,91	57,29
Kaolinitik						
Purworejo 1	53,56	56,94	53,56	56,94	53,56	56,94
Purworejo 2	53,06	56,44	53,06	56,44	53,06	56,44
Simbarwaringin	53,50	56,88	53,48	56,86	53,48	56,86

Lampiran 5. Nilai *AIC* dan *SBC* model Freundlich dan Langmuir dengan algoritma genetik dan *EM*

Lokasi	Genetik				<i>EM</i>			
	Langmuir		Freundlich		Langmuir		Freundlich	
	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>	<i>AIC</i>	<i>SBC</i>
Smektitik								
Demangan	53,65	57,03	53,76	57,14	432,46	426,46	436,60	430,60
Tirtobinangun	51,66	55,04	51,24	54,61	352,98	346,98	335,51	329,51
Kedungrejo	53,91	57,29	54,34	57,72	443,05	437,05	459,89	453,89
Kaolinitik								
Purworejo 1	53,56	56,94	54,39	57,77	429,28	423,28	463,13	457,13
Purworejo 2	53,06	56,44	53,92	57,29	408,67	402,67	443,06	437,06
Simbarwaringin	53,48	56,86	54,01	57,39	425,45	419,45	446,59	440,59