

Optimizing Culinary Association Rules with Genetic Algorithms Using Lift and Novelty

Larasati Romadhani Yunita Putri¹, Amri Muhaimin², Trimono³

1, 2, 3 Sains Data, Universitas Pembangunan Nasional "Veteran" Jawa Timur

22083010053@student.upnjatim.ac.id¹, amri.muhamin.stat@upnjatim.ac.id², trimono.stat@upnjatim.ac.id³

Article Info

Article history:

Received 2026-01-17

Revised 2026-02-25

Accepted 2026-04-08

Keyword:

Association Rule Mining,

FP-Growth,

Genetic Algorithm,

Novelty Measurement,

Transaction Data.

ABSTRACT

The culinary industry generates large volumes of transaction data, yet conventional Association Rule Mining often produces excessive rules due to rule explosion. This issue can be addressed using Genetic Algorithms to optimize and select the most relevant rules. While the integration of ARM and Genetic Algorithms (GA) has been widely explored, most existing studies rely on the Apriori algorithm, which is computationally expensive and memory-intensive due to repeated database scans and candidate generation. Furthermore, many GA-based models prioritize confidence and novelty, often overlooking the lift metric, which may lead to rules lacking genuine positive correlation. This study proposes an optimized framework that integrates FP-Growth with a Genetic Algorithm-driven evaluation based on lift and novelty to address these efficiency and quality gaps. The use of FP-Growth significantly enhances scalability by reducing memory consumption compared to traditional Apriori-based approaches. The main contribution of this research is a unified integration of FP-Growth and Genetic Algorithm with a multi-layered filtering mechanism enforcing minimum confidence and lift before optimization. This method effectively eliminates rule redundancy, reducing the redundancy rate from 6.06% in standard FP-Growth to 0%. Experiments on 36,164 transaction culinary records (Jan 2024–Sept 2025) demonstrate that the proposed FP-Growth+GA method achieves a 65.1% reduction in peak memory usage (50.68 MB) compared to Apriori+GA (145.54 MB). The method successfully prunes redundant patterns into 11 high-quality rules with lift values > 1 and novelty scores between 0.5 and 1.0, providing concise insights for menu bundling strategies. The implementation is available at https://bit.ly/github_ARM_with_GeneticAlgorithm.



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

I. PENDAHULUAN

Industri ekonomi kreatif memiliki peran penting dalam menopang perekonomian Indonesia, di mana berdasarkan laporan Kementerian Pariwisata dan Ekonomi Kreatif, subsektor kuliner bersama fashion dan kerajinan tangan secara konsisten menyumbang sekitar 75% terhadap total Produk Domestik Bruto ekonomi kreatif setiap tahunnya [1], dengan bidang kuliner menjadi kontributor terbesar mencapai kurang lebih 42% [2]. Besarnya kontribusi tersebut menunjukkan posisi strategis industri kuliner dalam mendorong pertumbuhan ekonomi nasional, namun sekaligus

meningkatkan intensitas persaingan antar pelaku usaha. Kondisi ini sejalan dengan data Badan Pusat Statistik tahun 2024 yang mencatat jumlah usaha makanan dan minuman mencapai 4,85 juta unit pada tahun 2023, meningkat 21,13% dibandingkan tahun 2016 [3]. Pertumbuhan tersebut menyebabkan pasar semakin padat sehingga pelaku usaha tidak dapat lagi hanya mengandalkan kualitas produk, melainkan perlu menerapkan strategi berbasis teknologi dan data untuk memahami perilaku konsumen serta merancang strategi pemasaran yang lebih efektif.

Seiring dengan meningkatnya aktivitas usaha, volume data transaksi penjualan yang dihasilkan oleh bisnis kuliner juga terus bertambah. Namun, dalam praktiknya, data

transaksi tersebut umumnya hanya digunakan sebagai catatan penjualan dan belum dimanfaatkan secara optimal untuk analisis lebih lanjut [4]. Padahal, data transaksi menyimpan informasi penting mengenai pola pembelian konsumen yang dapat dimanfaatkan untuk mendukung pengambilan keputusan bisnis, seperti penyusunan strategi promosi dan perancangan paket *bundling* produk [5] [6]. Analisis terhadap pola pembelian konsumen berbasis data transaksi telah banyak digunakan untuk membantu pelaku usaha memahami keterkaitan antar produk dan meningkatkan efektivitas strategi pemasaran [7]. Oleh karena itu, diperlukan pendekatan analisis data yang mampu mengolah data transaksi secara sistematis agar informasi yang terkandung di dalamnya dapat dimanfaatkan untuk meningkatkan penjualan dan daya saing usaha kuliner.

Salah satu teknik yang umum digunakan untuk menganalisis data transaksi adalah *Association Rule Mining* (ARM). ARM bertujuan untuk menemukan hubungan antar item berdasarkan frekuensi kemunculan bersama dalam suatu transaksi, yang dikenal sebagai *market basket analysis* [8]. Metode ini telah banyak digunakan dalam analisis data ritel, termasuk pada industri makanan, untuk mengidentifikasi pola pembelian konsumen dan mendukung keputusan bisnis seperti penataan produk dan penentuan paket promosi [9]. Namun, ARM memiliki kelemahan utama ketika diterapkan pada data berukuran besar, yaitu menghasilkan jumlah aturan asosiasi yang sangat banyak [10]. Banyak dari aturan tersebut bersifat redundan atau memiliki kemiripan tinggi, sehingga menyulitkan pengguna dalam menentukan aturan mana yang benar-benar relevan dan bernilai informasi [11]. Sejumlah penelitian terdahulu telah berupaya mengatasi permasalahan tersebut dengan memanfaatkan algoritma optimasi, salah satunya Algoritma Genetika (*Genetic Algorithm/GA*). GA merupakan metode optimasi berbasis prinsip evolusi biologis yang bekerja melalui proses seleksi, rekombinasi (*crossover*), dan mutasi untuk memperoleh solusi yang lebih optimal dari sekumpulan kandidat solusi [12]. Dalam konteks ARM, GA dimanfaatkan untuk menyeleksi dan mengoptimasi aturan asosiasi agar diperoleh aturan yang lebih kuat, relevan, serta mampu mengurangi jumlah aturan yang berlebihan dan sulit diinterpretasikan [13].

Penelitian pertama [12] menerapkan algoritma Apriori pada data transaksi penjualan obat untuk mengidentifikasi keterkaitan antar item yang dapat mendukung manajemen stok dan strategi pemasaran. Untuk mengatasi banyaknya aturan yang dihasilkan Apriori, penelitian tersebut menggabungkan Apriori dengan algoritma genetika sebagai mekanisme optimasi. Hasil eksperimen yang dilakukan sebanyak sepuluh kali percobaan menunjukkan bahwa kombinasi Apriori dan GA menghasilkan nilai *support* rata-rata sebesar 0.137309, nilai *confidence* sebesar 3.369825, serta *lift ratio* mencapai 61.49805. Hasil ini menunjukkan bahwa penerapan GA mampu menyeleksi aturan asosiasi yang lebih kuat sekaligus mengurangi jumlah aturan yang dihasilkan Apriori. Meskipun demikian, fungsi *fitness* yang digunakan dalam GA masih berfokus pada metrik statistik

seperti *support* dan *confidence*. Pendekatan ini berpotensi mempertahankan aturan-aturan yang memiliki nilai statistik tinggi tetapi berasal dari pola yang sama atau sangat mirip, terutama pada item dengan frekuensi kemunculan tinggi. Akibatnya, meskipun jumlah aturan dapat dikurangi, hasil akhir masih dapat mengandung redundansi dan kurang mencerminkan keberagaman pola transaksi yang sebenarnya. Selain itu, proses pembentukan *frequent itemset* masih menggunakan Apriori yang kurang efisien pada data berskala besar. Ketidakefisienan ini disebabkan oleh mekanisme pemindaian basis data yang dilakukan secara berulang untuk setiap level *itemset*. Selain itu, penggunaan ruang memori menjadi sangat besar karena algoritma ini harus membangkitkan dan menyimpan seluruh kandidat kombinasi item sebelum nilai frekuensinya dihitung. Berbeda dengan FP-Growth yang menerapkan struktur *FP-Tree* untuk meringkas data, Apriori cenderung mengalami penurunan kinerja dan waktu eksekusi yang lebih lama secara signifikan seiring dengan bertambahnya volume transaksi serta jumlah item yang diolah [14].

Penelitian berikutnya [15] mengembangkan pendekatan optimasi ARM menggunakan *Modified Genetic Algorithm* dengan tujuan meningkatkan kualitas aturan asosiasi, termasuk aturan positif dan negatif, pada sektor ritel. Penelitian ini menggunakan dataset FoodMart 2000 dan membandingkan kinerja Apriori, GA konvensional, serta *Modified GA*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *Modified GA* menghasilkan aturan asosiasi dengan nilai *support*, *confidence*, dan *fitness* yang lebih baik dibandingkan dua pendekatan lainnya, serta menunjukkan kestabilan hasil pada setiap iterasi optimasi. Namun, optimasi yang dilakukan masih berorientasi pada kekuatan statistik aturan, sehingga aturan yang dihasilkan masih berpotensi memiliki kemiripan yang tinggi.

Sejalan dengan upaya untuk mengurangi redundansi aturan, penelitian [13] mengintegrasikan metrik *novelty* ke dalam algoritma Genetika guna menghasilkan aturan asosiasi yang lebih informatif. Penelitian tersebut menunjukkan bahwa dari total 140 aturan asosiasi yang dihasilkan, hanya 10 aturan yang memenuhi kriteria *confidence* dan *novelty*, sementara sekitar 86% aturan lainnya dieliminasi karena bersifat berulang atau kurang menarik. Nilai derajat *novelty* aturan yang dihasilkan berada pada rentang 60% hingga 100%. Hasil ini membuktikan bahwa penerapan *novelty* efektif dalam menyaring aturan asosiasi yang benar-benar baru dan bernilai pengetahuan. Namun demikian, proses seleksi aturan pada penelitian tersebut masih hanya didasarkan pada nilai *confidence*, tanpa mempertimbangkan metrik lain seperti *lift*. Padahal, nilai *confidence* yang tinggi belum tentu menunjukkan hubungan yang benar-benar kuat antar item. Suatu aturan dapat memiliki *confidence* tinggi hanya karena item pada *consequent* memang sering muncul dalam transaksi, bukan karena dipengaruhi oleh item pada *antecedent*. Tanpa melibatkan *lift*, aturan semacam ini tetap dapat dipertahankan meskipun keterkaitan antar item sebenarnya lemah. Akibatnya, aturan yang dihasilkan

berpotensi lebih merepresentasikan popularitas item dibandingkan hubungan pembelian yang saling berkaitan. Selain itu, penelitian tersebut masih menggunakan algoritma Apriori dalam pembentukan *frequent itemset*, sehingga efisiensinya menjadi kurang optimal ketika diterapkan pada data transaksi dengan jumlah yang besar.

Berdasarkan penelitian terdahulu menunjukkan beberapa celah dalam optimasi *Association Rule Mining* (ARM). Sebagian besar studi masih mengandalkan algoritma Apriori yang kurang efisien untuk data berskala besar, serta hanya berfokus pada metrik statistik (*support* dan *confidence*) yang berisiko menghasilkan aturan kuat secara numerik namun lemah secara makna. Selain itu, penggunaan metrik *novelty* sebelumnya seringkali mengabaikan metrik *lift*, sehingga sulit memastikan apakah aturan tersebut merepresentasikan keterkaitan positif yang nyata.

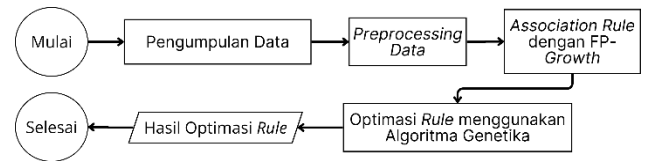
Mengatasi hal tersebut, penelitian ini mengusulkan integrasi FP-Growth dan Algoritma Genetika. FP-Growth digunakan untuk efisiensi pembentukan *frequent itemset*, sementara Algoritma Genetika mengoptimasi aturan melalui seleksi berbasis *minimum confidence* dan *minimum lift* sebelum evaluasi *novelty*. Penerapan metrik *novelty* ini berfungsi sebagai strategi *diversity optimization* untuk menjamin variasi aturan yang dihasilkan. Selain itu, mekanisme seleksi berbasis *novelty* dalam GA secara inheren berperan sebagai teknik *rule pruning*, yang secara otomatis mengeliminasi aturan redundan selama proses evolusi [16]. Pendekatan ini sejalan dengan penelitian terbaru yang menekankan efisiensi pemangkasan aturan *non-informatif* untuk meningkatkan kualitas analisis pada dataset yang dinamis dan didominasi item populer [16].

Perhitungan *novelty* dalam penelitian ini dilakukan dengan mengukur tingkat perbedaan suatu aturan asosiasi terhadap aturan lain yang telah terbentuk sebelumnya [13]. Secara umum, *novelty* dihitung berdasarkan jumlah kesamaan item antara aturan yang dievaluasi dengan aturan lain dalam kumpulan aturan, di mana semakin sedikit kesamaan yang dimiliki, maka nilai *novelty* semakin tinggi [17]. Sehingga, aturan yang memiliki kemiripan tinggi akan memperoleh nilai *novelty* yang lebih rendah, sehingga mekanisme ini secara langsung berperan dalam mengurangi redundansi dan menghasilkan aturan yang lebih unik dan bernilai informasi.

Data yang digunakan dalam penelitian ini merupakan data transaksi yang berasal dari Depot Mie Gemes, yaitu sebuah depot makanan yang menjual berbagai olahan mie, dimsum, dan minuman, yang berlokasi di Kabupaten Sidoarjo, Provinsi Jawa Timur. Dataset transaksi mencakup periode Januari 2024 hingga September 2025, sehingga merepresentasikan pola pembelian pelanggan dalam rentang waktu yang cukup panjang dan relevan untuk analisis perilaku konsumen. Dengan menggunakan data transaksi tersebut, pendekatan yang diusulkan diharapkan mampu menghasilkan aturan asosiasi yang tidak hanya kuat secara statistik, tetapi juga unik, tidak redundan, dan relevan untuk mendukung pengambilan keputusan bisnis, khususnya dalam perancangan

strategi *bundling* produk pada industri makanan untuk meningkatkan penjualan.

II. METODE



Gambar 1. Diagram Alir Penelitian

Penelitian ini terdiri dari beberapa tahapan yang diperlihatkan pada Gambar 1, meliputi pengumpulan data, *preprocessing*, *association rule* dengan FP-Growth, Optimasi *rule* dengan algoritma genetika, dan interpretasi hasil dari optimasi *rule*.

A. Pengumpulan Data

Penelitian ini menggunakan dataset histori transaksi penjualan sebuah depot yang dikumpulkan dalam rentang waktu Januari 2024 hingga September 2025. Dataset tersebut mencakup sebanyak 36.164 baris transaksi yang merepresentasikan aktivitas pembelian pelanggan selama periode pengamatan, dengan total 57 variasi menu yang tersedia. Variasi menu tersebut terdiri dari berbagai jenis produk, meliputi menu utama berupa mie, menu pendamping seperti dimsum, serta produk minuman.

Data penelitian diperoleh dari sistem *Point of Sales* (POS) Depot Mie Gemes, yaitu sebuah depot makanan yang berlokasi di Sidoarjo, Jawa Timur. Sistem POS ini digunakan untuk mencatat seluruh transaksi penjualan secara terkomputerisasi, sehingga data yang dihasilkan bersifat terstruktur dan mencerminkan kondisi transaksi yang terjadi secara nyata. Dataset histori transaksi ini kemudian digunakan sebagai sumber data utama dalam penelitian.

B. Preprocessing Data

Tahap *preprocessing* data bertujuan untuk menyiapkan data transaksi agar dapat dianalisis menggunakan algoritma FP-Growth dengan optimasi Algoritma Genetika. Pada tahap ini dilakukan serangkaian proses pengolahan data untuk memastikan data yang digunakan relevan, konsisten, dan sesuai dengan format yang dibutuhkan dalam analisis.

Proses *preprocessing* diawali dengan seleksi data, yaitu dengan mempertahankan hanya informasi yang diperlukan dalam penelitian serta menghilangkan data yang tidak digunakan. Selanjutnya, dilakukan proses normalisasi untuk memastikan konsistensi format data, seperti penghapusan spasi berlebih dan penyeragaman penulisan.

Data transaksi yang diperoleh dari sistem *Point of Sales* (POS) kemudian diperkaya melalui proses penggabungan dengan data pendukung agar informasi yang digunakan lebih informatif dan mudah diinterpretasikan. Setelah itu, struktur

data transaksi ditransformasikan dengan mengelompokkan item dalam satu transaksi, sehingga setiap transaksi direpresentasikan sebagai satu kesatuan data.

Tahap akhir *preprocessing* adalah transformasi data ke dalam format yang sesuai untuk algoritma *FP-Growth*, yaitu dengan mengubah data transaksi ke dalam representasi biner menggunakan teknik *one-hot encoding*, agar proses analisis pola dan pembentukan aturan asosiasi dapat dilakukan secara optimal.

C. Association Rule dengan FP-Growth

Setelah data melalui tahap *preprocessing*, selanjutnya adalah membentuk *frequent itemset* dengan algoritma *FP-Growth*, sebelum akhirnya dilakukan optimasi dengan algoritma genetika. Algoritma *FP-Growth* (*Frequent Pattern Growth*) merupakan metode *association rule mining* yang digunakan untuk menemukan pola keterkaitan antar item dalam data transaksi. Secara umum, setiap *association rule* dinyatakan dalam bentuk $X \rightarrow Y$, di mana X dan Y adalah dua himpunan item yang saling terpisah (*disjoint*). X disebut *antecedent* atau pendahulu, sedangkan Y disebut *consequent* atau akibat. Tujuan utama dari analisis aturan asosiasi adalah menemukan kombinasi item yang sering terjadi bersamaan, yang kemudian dapat dimanfaatkan untuk rekomendasi produk, penentuan paket promosi, atau strategi penjualan lainnya [18].

Pada penelitian ini, algoritma *FP-Growth* tidak digunakan untuk membentuk aturan asosiasi secara langsung, melainkan difokuskan hanya pada tahap pembangkitan *frequent itemset*. *FP-Growth* berperan sebagai mekanisme awal untuk mengekstraksi pola item yang sering muncul bersama berdasarkan nilai *support*, yang kemudian digunakan sebagai kandidat aturan pada tahap optimasi selanjutnya. Pemisahan peran ini dilakukan agar proses evaluasi kualitas aturan dapat diintegrasikan secara lebih fleksibel ke dalam algoritma genetika.

Dibandingkan dengan algoritma Apriori, *FP-Growth* lebih efisien karena tidak memerlukan proses pembangkitan kandidat itemset secara berulang, sehingga mampu mengurangi kompleksitas penggunaan memori pada data berskala besar [14]. Algoritma ini memanfaatkan struktur *FP-Tree* (*Frequent Pattern Tree*) untuk menyimpan transaksi dalam bentuk pohon terkompresi yang merepresentasikan frekuensi kemunculan item.

Proses *FP-Growth* diawali dengan perhitungan *support* untuk setiap item tunggal guna menentukan *frequent itemset*. 1. Metrik *support* mengukur frekuensi kemunculan itemset $X \cup Y$ dalam dataset, dan dirumuskan sebagai berikut [18]:

$$\text{Support}(X \rightarrow Y) = \frac{\text{Jumlah transaksi yang mengandung } X \cup Y}{\text{Total Transaksi}} \quad (1)$$

Nilai *support* berkisar antara 0 hingga 1, semakin besar nilai *support* suatu aturan, semakin sering aturan tersebut ditemukan dalam dataset. Item yang memenuhi ambang

minimum support kemudian digunakan untuk membentuk *FP-Tree*, di mana setiap transaksi diurutkan berdasarkan frekuensi item dan dimasukkan ke dalam pohon dengan menggabungkan jalur yang sama. Selanjutnya, *FP-Growth* membangun *Conditional Pattern Base* dan *Conditional FP-Tree* untuk setiap item guna mengekstraksi seluruh *frequent pattern* secara rekursif tanpa pembangkitan kandidat.

Frequent itemset yang dihasilkan pada tahap ini belum langsung dievaluasi sebagai aturan asosiasi. Proses pembentukan aturan $X \rightarrow Y$ serta evaluasinya dilakukan pada tahap algoritma genetika. Pada tahap tersebut, aturan asosiasi dibentuk dari *frequent itemset* hasil *FP-Growth* dan dievaluasi menggunakan metrik *confidence* dan *lift* sebagai indikator kekuatan hubungan antar item.

Metrik *confidence* menunjukkan probabilitas munculnya Y apabila terjadi X . Berikut adalah persamaan untuk menghitung *confidence* [18]:

$$\text{Confidence}(X \rightarrow Y) = \frac{\text{Support}(X \cup Y)}{\text{Support}(X)} \quad (2)$$

Nilai *confidence* berkisar antara 0 hingga 1, semakin tinggi nilainya, semakin besar probabilitas bahwa item Y akan terjadi ketika item X muncul. Selain itu, digunakan pula metrik *Lift*, Metrik ini mengukur kekuatan hubungan antara item X dan Y dengan mempertimbangkan kemunculan Y secara independen. Secara Sistematis [18]:

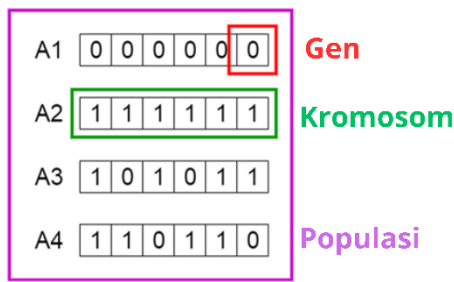
$$\text{Lift}(X \rightarrow Y) = \frac{\text{Confidence}(X \rightarrow Y)}{\text{Support}(Y)} \quad (3)$$

Metrik *Lift* dalam penelitian ini diintegrasikan sebagai instrumen evaluasi kekuatan hubungan antar item dengan mempertimbangkan kemunculan X dan Y secara independen. Secara matematis, nilai *lift* > 1 mengindikasikan hubungan positif, *lift* = 1 menunjukkan hubungan independen, sedangkan *lift* < 1 merepresentasikan hubungan negatif.

Kontribusi utama penggunaan metrik ini adalah sebagai filter reliabilitas objektif yang bekerja pada tahap seleksi awal. Berbeda dengan metrik *confidence* yang cenderung memberikan nilai tinggi pada item populer meskipun tidak terdapat hubungan kausal, nilai *lift* < 1 memberikan kepastian matematis bahwa kehadiran X memang meningkatkan probabilitas munculnya Y [19].

D. Optimasi Rule menggunakan Algoritma Genetika

Algoritma Genetika (*Genetic Algorithm/GA*) merupakan metode optimasi heuristik yang digunakan untuk menyelesaikan permasalahan kompleks dengan ruang solusi yang luas secara efisien tanpa mengevaluasi seluruh kemungkinan [12]. Algoritma ini terinspirasi dari mekanisme evolusi biologis dan prinsip seleksi alam yang dikemukakan oleh Charles Darwin, serta pertama kali diformalkan oleh John Holland melalui konsep evolusi pada sistem alami dan buatan.



Gambar 2. Istilah dalam Algoritma Genetika

Gambar 2 memperlihatkan bagaimana GA bekerja dengan merepresentasikan solusi sebagai kromosom yang tersusun dari gen, di mana sekumpulan kromosom membentuk populasi dalam satu generasi. Dalam penelitian ini, satu kromosom merupakan satu aturan yang terdiri dari *antecedent*, *consequent*, nilai *novelty*, *support*, *confidence*, dan *lift* yang ditunjukkan pada Tabel I.

TABEL I
BENTUK SATU KROMOSOM

antecedent	consequent	novelty	supp	conf	lift

Representasi kromosom menggunakan *item-set encoding*, di mana setiap gen menyimpan *string* nama menu secara langsung. Struktur kromosom bersifat dinamis, menyesuaikan dengan jumlah item pada *antecedent* dan *consequent* dengan batas maksimal panjang itemset (*max_k*) sebesar 4. Sehingga membentuk kromosom seperti contoh di Tabel I.

1) Penentuan Parameter: Pada tahap awal, dilakukan penentuan parameter GA yang digunakan dalam proses pencarian aturan asosiasi yang optimal. Parameter yang ditetapkan meliputi:

- M_c (*maximum cycle*) : jumlah maksimum iterasi atau generasi yang digunakan algoritma Genetika dalam proses pencarian aturan asosiasi optimal.
- C_r (*crossover rate*) : probabilitas terjadinya proses crossover antar individu untuk menghasilkan kombinasi aturan baru.
- M_r (*mutation rate*) : probabilitas terjadinya mutasi gen untuk menjaga keberagaman populasi dan mencegah konvergensi prematur.
- *min_conf* (*minimum confidence*) : nilai ambang batas *confidence* yang digunakan untuk menyaring aturan asosiasi yang reliabel.
- *population_size* : Total aturan awal yang akan diproses oleh algoritma Genetika
- *min_lift* (*minimum lift*) : nilai ambang batas *lift* untuk memastikan adanya hubungan positif dan tidak bersifat kebetulan antar item.

- T_v (*novelty threshold*) : Nilai ambang batas kebaruan aturan yang digunakan untuk mengeliminasi aturan yang redundan atau terlalu mirip.

Dalam penelitian ini, nilai maksimum iterasi (M_c) tidak ditentukan secara arbitrer, melainkan dihitung berdasarkan kompleksitas ruang solusi yang dipengaruhi oleh banyaknya *frequent itemset* dan panjang maksimum *frequent itemset* yang digunakan. Secara khusus, jumlah seluruh *frequent itemset* dilambangkan dengan w , yang dihitung sebagai total itemset pada setiap level *frequent itemset* hasil *FP-Growth* [20], [21]. Dengan panjang maksimum *frequent itemset* sebesar $FL = 4$, maka jumlah maksimum iterasi dirumuskan sebagai:

$$M_c = (2^{FL} - 2) \times w \tag{4}$$

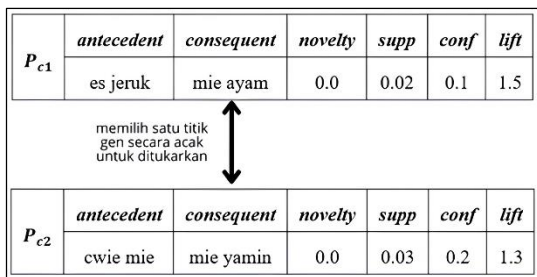
Rumus ini merepresentasikan jumlah kemungkinan aturan asosiasi *non-trivial* yang dapat dibentuk dari *frequent itemset*, sehingga GA memiliki ruang eksplorasi yang cukup untuk menemukan aturan-aturan yang berkualitas.

2) Pembentukan Populasi Awal: Populasi awal dalam penelitian ini dibentuk dari aturan asosiasi yang dihasilkan berdasarkan *frequent itemset* hasil *FP-Growth*. Pada tahap pembentukan populasi awal, nilai *support*, *confidence*, dan *lift* untuk setiap aturan sudah dihitung. Namun, tidak dilakukan proses *pruning* berdasarkan *minimum confidence* dan *minimum lift* pada tahap ini. Selain itu, nilai *novelty* belum dihitung pada populasi awal karena *novelty* baru bermakna ketika aturan dibandingkan dengan aturan-aturan lain yang telah lolos kriteria kualitas dasar. Perhitungan *novelty* dilakukan setelah aturan memenuhi batas *minimum confidence* dan *minimum lift*. Jika *novelty* dihitung sejak awal tanpa adanya seleksi kualitas dasar, maka populasi berpotensi cepat mengalami konvergensi pada aturan-aturan yang secara statistik belum cukup kuat, sehingga mengurangi efektivitas eksplorasi solusi oleh GA.

3) Proses Seleksi dengan *Tournament Selection*: Tahap seleksi bertujuan untuk memilih kromosom induk (*parent*) yang akan digunakan dalam proses rekombinasi. Metode seleksi yang digunakan adalah *tournament selection*, di mana pada setiap proses seleksi dipilih n aturan secara acak dari populasi [22]. Dari n aturan tersebut, satu aturan dengan nilai *lift* tertinggi dipilih sebagai *parent*. Proses ini dilakukan dua kali untuk memperoleh dua *parent* yang akan direkombinasikan. Pemilihan metrik *lift* sebagai dasar seleksi *parent* didasarkan pada pertimbangan bahwa *lift* mampu mengukur kekuatan korelasi antar item secara lebih informatif dibandingkan *confidence* semata. Dengan menggunakan *lift* dalam proses seleksi, aturan-aturan yang memiliki hubungan kuat dan tidak bersifat kebetulan memiliki peluang lebih besar untuk bereproduksi. Hal ini memastikan bahwa individu-individu yang terlibat dalam proses evolusi merupakan “bibit” aturan dengan kualitas korelasi yang baik, sehingga kualitas populasi secara keseluruhan dapat terjaga.

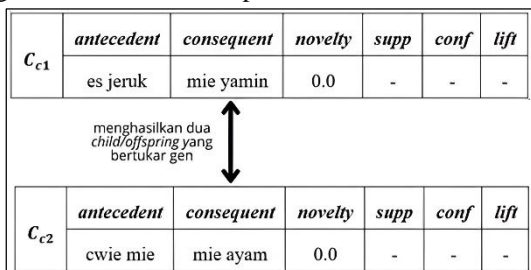
4) **Rekombinasi/Crossover:** *Crossover* merupakan proses penggabungan dua kromosom induk untuk menghasilkan kromosom anak dengan tujuan mewariskan karakteristik terbaik dari masing-masing induk [12]. Proses ini dilakukan menggunakan metode *one-point crossover*, yaitu teknik rekombinasi genetik yang menghasilkan kromosom baru dengan cara menentukan satu titik potong secara acak pada kromosom induk, kemudian menukar segmen gen setelah titik tersebut untuk mengombinasikan karakteristik dari kedua induk.

Mekanisme ini diawali dengan membangkitkan nilai acak untuk dibandingkan dengan nilai *Crossover Rate* (C_r) di mana proses rekombinasi hanya akan dieksekusi jika nilai acak tersebut berada di bawah ambang batas yang ditentukan. Secara teknis, algoritma terlebih dahulu menentukan secara acak sisi kromosom yang akan mengalami persilangan, yaitu pada bagian *antecedent* atau *consequent*. Hal ini bertujuan untuk menjaga stabilitas salah satu sisi aturan sementara sisi lainnya dieksplorasi untuk mendapatkan kombinasi item baru. Setelah sisi dipilih, satu titik potong ditentukan secara acak berdasarkan panjang rangkaian gen pada sisi tersebut. Pada kondisi di mana salah satu atau kedua induk hanya memiliki satu gen (item tunggal), sistem secara otomatis melakukan pertukaran gen secara utuh. Namun, jika panjang gen lebih dari satu, pertukaran dilakukan pada segmen setelah titik potong tersebut untuk menghasilkan dua individu baru atau *offspring*.



Gambar 3. Cara Kerja *Crossover*

Proses ini menghasilkan dua kromosom anak yang memiliki karakteristik gabungan dari kedua induknya, sebagaimana diilustrasikan pada Gambar 3.



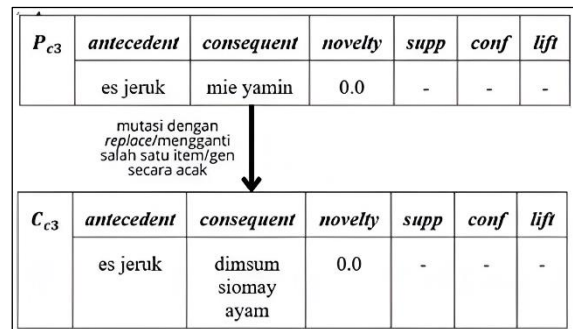
Gambar 4. Contoh Hasil *Crossover*

Hasil dua *offspring* yang ditunjukkan pada Gambar 4 tersebut nilai *supp*, *conf* dan *lift*-nya akan di-*reset* dan akan dihitung ulang berdasarkan data transaksi. Karena setiap proses *crossover* menghasilkan kombinasi item yang berbeda

dari struktur aslinya. Nilai-nilai tersebut kemudian dihitung ulang berdasarkan dataset transaksi yang sesungguhnya untuk memastikan validitas aturan baru sebelum masuk ke tahap evaluasi berikutnya.

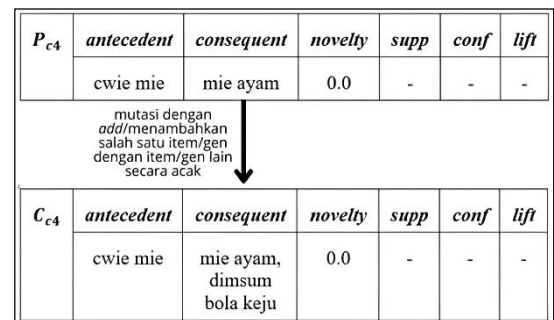
5) **Mutasi:** Setelah proses *crossover*, kedua *offspring* yang dihasilkan akan diteruskan ke tahap mutasi. Mutasi merupakan perubahan acak pada sebagian kecil gen dalam kromosom guna meningkatkan variasi solusi dan menjaga keberagaman populasi, sehingga algoritma tidak terjebak pada solusi lokal [20], [21].

Proses mutasi ini dijalankan berdasarkan nilai *Mutation Rate* (M_r), di mana setiap individu akan diberikan nilai acak, dan apabila nilai tersebut di bawah M_r , maka perubahan genetik akan dilakukan. Mekanisme mutasi diawali dengan memilih secara acak bagian kromosom yang akan dimodifikasi, baik pada sisi *antecedent* maupun *consequent*. Selanjutnya, algoritma menentukan jenis operator mutasi yang akan diterapkan secara acak, yaitu antara operator *add* atau *replace*.



Gambar 5. Cara Kerja *Mutasi* dengan operator *replace*

Pada penggunaan operator *replace*, satu item yang sudah ada dalam aturan akan dipilih secara acak untuk digantikan dengan item lain, sebagaimana diilustrasikan pada Gambar 5.



Gambar 6. Cara Kerja *Mutasi* dengan operator *add*

Sementara itu, operator *add* akan menambahkan satu item baru ke dalam rangkaian aturan yang terpilih tanpa menghapus item yang sudah ada, seperti yang ditunjukkan pada Gambar 6. Hal yang sangat krusial dalam proses ini adalah pemilihan item pengganti atau item tambahan tidak dilakukan secara arbitrer dari seluruh daftar menu, melainkan diambil secara acak dari kumpulan *frequent itemset-1* yang telah divalidasi pada tahap FP-Growth sebelumnya. Hal ini

memastikan bahwa setiap mutasi tetap menghasilkan aturan yang memiliki dukungan data (*support*) yang nyata di lapangan. Dengan mengintegrasikan logika pemilihan item dari hasil *frequent itemset*, algoritma mampu menjelajahi area solusi baru yang belum terjangkau oleh proses *crossover* namun tetap mempertahankan validitas statistik dari aturan yang terbentuk

6) Evaluasi *Novelty Measure* sebagai *Fitness*: Setelah proses mutasi, setiap *offspring* dievaluasi kembali dengan menghitung ulang nilai *support*, *confidence*, dan *lift* berdasarkan data transaksi. Aturan yang tidak memenuhi batas *minimum confidence* dan *minimum lift* akan dieliminasi, sedangkan aturan yang lolos kriteria tersebut akan dilanjutkan ke tahap evaluasi *novelty*. Sehingga, *novelty* hanya dihitung untuk aturan yang telah memenuhi kualitas dasar secara statistik.

Dalam penelitian ini, fungsi *fitness* ditentukan berdasarkan nilai *novelty* untuk mengevaluasi tingkat kebaruan aturan asosiasi yang dihasilkan. *Novelty Measure* didefinisikan secara formal sebagai fungsi disimilaritas genetik yang mengukur jarak informasi antar aturan. Pendekatan ini mengacu pada penelitian Ba-Alwi (2014) yang menekankan bahwa evaluasi *fitness* pada algoritma genetika tidak hanya mempertimbangkan *support* dan *confidence*, tetapi juga mempertahankan aturan yang unik dan tidak redundan [13]. *Novelty measure* digunakan untuk mengukur perbedaan antara aturan baru dan aturan yang telah ada melalui derajat kebaruan (Ψ), yang dihitung berdasarkan jumlah gen masing-masing aturan dan tingkat irisan antar aturan. Berikut adalah persamaan untuk menghitung *novelty*:

$$\Psi(AR_1, AR_2) = \frac{\{|AR_1| + |AR_2| - 2k\}}{|AR_1| + |AR_2|} \quad (4)$$

Keterangan:

- $\Psi(AR_1, AR_2)$: merepresentasikan derajat kebaruan (*novelty degree*) antara aturan baru dengan aturan yang sudah ada.
- AR_1 dan AR_2 : dua himpunan gen (kromosom) yang mewakili dua *association rules* (*rule* lama dan *rule* baru),
- $|AR_1|$ dan $|AR_2|$: jumlah gen dalam masing-masing *rule*,
- k : jumlah elemen atau item yang sama (beririsan) antara kedua aturan.

Nilai Ψ yang semakin mendekati satu, menunjukkan aturan yang lebih baru dan informatif. Sebaliknya, nilai Ψ yang menjauhi satu atau mendekati nol, mengindikasikan kemiripan atau redundansi. Dalam penelitian ini, hanya aturan yang memiliki nilai *novelty* memenuhi *threshold* (T_V) yang dimasukkan ke dalam himpunan aturan rekomendasi dan populasi baru.

Metodologi yang diusulkan mengintegrasikan dua metrik utama, yaitu *Lift* dan *Novelty*, dalam satu pipeline seleksi. *Lift* digunakan sebagai tahap awal untuk menjamin bahwa setiap aturan memiliki korelasi antar item yang kuat dan signifikan

secara statistik. Sehingga, hanya aturan yang memenuhi kriteria validitas (*lift* memenuhi syarat) yang akan diproses lebih lanjut. Mekanisme ini memastikan bahwa aturan yang dinilai novel tetap memiliki dasar hubungan yang nyata dan dapat dipertanggungjawabkan secara praktis.

Selanjutnya, *Novelty* berperan untuk menilai tingkat keunikan aturan terhadap himpunan aturan lainnya. Namun, karena perhitungan *novelty* dilakukan setelah penyaringan berbasis *lift*, tingkat *novelty* yang tinggi tidak serta-merta menghasilkan aturan yang tidak intuitif. Sebaliknya, *novelty* berfungsi sebagai penguat keberagaman informasi di antara aturan-aturan yang sudah terbukti valid. Secara matematis, integrasi ini menciptakan batasan (*constraints*) di mana sebuah aturan (*AR*) hanya dianggap optimal jika memenuhi kondisi:

$$AR_{final} \in \{ar \mid Lift(ar) > 1 \wedge \Psi(ar) \geq T_V\} \quad (5)$$

Secara matematis, kontribusi penelitian ini terletak pada integrasi filter kualitas dan kebaruan. Sebuah aturan (*ar*) hanya akan dinyatakan sebagai bagian dari himpunan aturan akhir (AR_{final}) jika memenuhi syarat $Lift(ar) > 1$ untuk menjamin validitas hubungan, serta memenuhi ambang batas kebaruan $\Psi(ar) \geq T_V$ untuk menjamin keberagaman informasi. Integrasi ini diterapkan untuk mengatasi masalah redundansi yang sering muncul pada algoritma FP-Growth konvensional, dengan cara memastikan setiap aturan yang dihasilkan memiliki korelasi kuat sekaligus keunikan informasi yang tinggi.

7) Pembentukan Populasi Baru dan Terminasi: Berdasarkan hasil evaluasi *fitness* menggunakan *novelty measure* pada tahap sebelumnya, aturan-aturan yang memiliki nilai *novelty* memenuhi ambang batas selanjutnya dipertahankan dan dimasukkan ke dalam populasi baru sekaligus dicatat sebagai bagian dari himpunan aturan akhir. Dengan cara ini, proses evolusi hanya dilanjutkan oleh aturan-aturan yang tidak hanya memenuhi kriteria kualitas dasar, tetapi juga memiliki tingkat kebaruan yang memadai.

Untuk menjaga agar aturan terbaik yang telah diperoleh tidak hilang selama proses evolusi, diterapkan mekanisme *elitist reproduction*. Pada mekanisme ini, satu aturan dengan nilai *novelty* tertinggi dari populasi saat ini secara langsung disalin ke populasi baru tanpa mengalami perubahan [13]. Strategi ini memastikan bahwa solusi dengan *fitness* terbaik tetap dipertahankan dan menjadi acuan kualitas bagi generasi selanjutnya.

Proses pembentukan generasi baru dilakukan secara iteratif hingga mencapai kondisi terminasi, yaitu ketika jumlah iterasi telah mencapai batas maksimum (*maximum cycle*, M_C) atau ketika populasi tidak lagi memungkinkan untuk dilanjutkan ke proses evolusi, misalnya ketika jumlah kromosom dalam populasi menjadi terlalu kecil untuk dilakukan *crossover* yang membutuhkan minimal dua kromosom dalam populasi. Selama iterasi berlangsung, apabila tidak ditemukan aturan baru yang memenuhi

threshold novelty (T_v), populasi sebelumnya akan dipertahankan melalui mekanisme *elitisme*. Setelah kondisi terminasi tercapai, proses algoritma genetika dihentikan dan menghasilkan himpunan aturan asosiasi akhir yang ditentukan berdasarkan nilai *fitness* berupa *novelty*.

Kebutuhan penggunaan algoritma genetika pada penelitian ini tidak hanya bertujuan untuk melakukan penyaringan aturan berdasarkan nilai *novelty* semata, melainkan untuk mengoptimalkan proses pencarian dan pembentukan aturan asosiasi. Apabila *novelty* hanya diterapkan sebagai proses penyaringan setelah *FP-Growth*, maka aturan yang dievaluasi terbatas pada pola-pola yang telah dihasilkan oleh *FP-Growth*, yang pada dasarnya sangat dipengaruhi oleh frekuensi kemunculan item dan cenderung menghasilkan aturan yang saling tumpang tindih. Kondisi ini menyebabkan ruang solusi yang dieksplorasi menjadi terbatas dan berpotensi mengabaikan kombinasi item lain yang sebenarnya relevan namun tidak dominan secara frekuensi.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Pengumpulan Data

Data histori transaksi diambil dari sistem *Point of Sales* Depot Mie Gemes, yang dikumpulkan dalam rentang waktu Januari 2024 hingga September 2025, dengan 10.6878 baris dengan transaksi unik sebanyak 36.164 dan total menu sebanyak 57 variasi menu. Berikut adalah data yang akan digunakan dalam penelitian ini:

TABEL II
INFORMASI VARIABEL DATA

No.	<i>nonota</i>	<i>kodebrg</i>
1	2401010001	A010
2.	2401010001	A017
...
10.6878	2509300058	B003

Data yang ditunjukkan pada Tabel II pada setiap barisnya hanya memuat informasi satu menu dalam satu transaksi. Oleh karena itu, apabila dalam satu transaksi terdapat lebih dari satu menu yang dibeli, maka nomor nota (*nonota*) yang sama akan muncul pada beberapa baris, sesuai dengan jumlah menu yang dibeli pada transaksi tersebut.

Selain itu, dilakukan analisis deskriptif untuk memahami karakteristik data transaksi berdasarkan rata-rata jumlah item per transaksi serta tingkat *density* dan *sparsity* sebagai gambaran struktur data sebelum dilakukan proses penambangan aturan asosiasi. Adapun hasilnya disajikan sebagai berikut:

TABEL III
ANALISIS STATISTIK DATA TRANSAKSI

Rata-Rata Item per Transaksi	Density	Sparsity
2.96	5.12%	94.88%

Berdasarkan hasil pada Tabel III, dataset ini memiliki rata-rata 2,92 item per transaksi yang menunjukkan bahwa pola konsumsi pelanggan cenderung berfokus pada kombinasi menu utama, minuman, dan pendamping dari total 57 variasi menu yang tersedia. Karakteristik ini menghasilkan nilai *density* sebesar 5,12%, yang berarti hanya sebagian kecil dari seluruh kemungkinan kombinasi item yang benar-benar terjadi dalam aktivitas penjualan nyata. Rendahnya tingkat kepadatan tersebut berbanding lurus dengan tingkat *sparsity* yang mencapai 94,88%, sebuah angka yang mengonfirmasi bahwa dataset transaksi ini bersifat sangat renggang atau jarang. Kondisi *sparsity* yang tinggi ini membuktikan bahwa hubungan antar item tidak bersifat seragam dan sulit ditemukan secara manual, sehingga memberikan justifikasi kuat bagi penggunaan Algoritma Genetika untuk mengeksplorasi aturan asosiasi yang unik dan tersembunyi di tengah ruang solusi yang luas.

B. Preprocessing Data

Pada tahap ini, data transaksi yang telah dikumpulkan diseleksi dengan hanya mengambil variabel yang digunakan dalam penelitian, yaitu *nonota* dan *kodebrg*. Selanjutnya, kolom *kodebrg* dinormalisasi dengan menghilangkan spasi berlebih dan menyeragamkan format huruf menjadi *uppercase*.

Data transaksi yang diperoleh dari sistem POS pada awalnya hanya memuat informasi *id menu* tanpa keterangan nama menu. Oleh karena itu, untuk memudahkan proses analisis, data transaksi digabungkan dengan data rincian menu yang berisi informasi *id menu* dan nama menu, sehingga setiap baris transaksi memiliki informasi nama menu yang jelas.

Setelah data transaksi memuat nama menu, struktur data diubah ke dalam bentuk *list*, di mana setiap elemen merepresentasikan satu transaksi yang berisi kumpulan menu yang dibeli. Pada tahap ini, satu nomor nota tidak lagi direpresentasikan oleh beberapa baris data, melainkan diringkas menjadi satu baris yang memuat seluruh menu dalam transaksi tersebut.

TABEL IV
DATA SETELAH MELALUI PREPROCESSING

No.	air mineral	mie yamin lv 1	cwie mie	...	pangsit goreng
1	<i>False</i>	<i>False</i>	<i>True</i>	...	<i>True</i>
2	<i>True</i>	<i>True</i>	<i>False</i>		<i>False</i>
...
36.146	<i>True</i>	<i>False</i>	<i>True</i>	...	<i>False</i>

Tabel IV menunjukkan hasil dari tahap lanjutan *preprocessing*, yaitu transformasi data transaksi yang semula berbentuk daftar item menjadi format *one-hot encoding*. Pada tahap ini, setiap item direpresentasikan dalam bentuk nilai biner (1 atau 0) yang menunjukkan ada atau tidaknya item tersebut dalam suatu transaksi. Representasi ini diperlukan

agar algoritma FP-Growth dapat bekerja secara optimal dalam menghitung nilai *support* setiap *itemset* berdasarkan frekuensi kemunculannya pada seluruh data transaksi. Selain itu, *one-hot encoding* memastikan bahwa seluruh item diperlakukan secara konsisten dalam proses pembentukan struktur *FP-Tree*. Data hasil transformasi ini selanjutnya digunakan sebagai input utama pada proses *FP-Growth* untuk menghasilkan *frequent itemset* yang menjadi dasar pembentukan aturan asosiasi.

C. Generating Frequent Itemset dengan FP-Growth

Selanjutnya, adalah pembentukan *frequent itemset* dengan *FP-Growth*. Pada penelitian ini, nilai *minimum support* ditetapkan sebesar 0.01 atau 1% dari total transaksi. Pemilihan nilai ini didasarkan pada hasil uji coba sensitivitas terhadap beberapa ambang batas *support*, di mana nilai 1% ditemukan sebagai titik optimal untuk menyeimbangkan cakupan informasi dan efisiensi komputasi.

TABEL V
PERBANDINGAN HASIL MINIMUM SUPPORT

<i>min_sup</i>	Persentase	Total Frequent Itemset	F1	F2	F3
0.05	5%	25	24	1	0
0.02	2%	60	38	22	0
0.01	1%	141	51	87	3
0.005	0.5%	316	53	235	28

Dengan total 36.164 transaksi, ambang batas 1% mengharuskan suatu kombinasi menu muncul setidaknya 362 kali untuk dianggap sebagai pola yang valid. Penetapan angka ini sangat krusial; sebagaimana terlihat pada Tabel V (Tabel Perbandingan), penggunaan *support* di atas 2% akan mengeliminasi seluruh kombinasi tiga item (F3), sedangkan *support* di bawah 1% akan menghasilkan jumlah itemset yang terlalu besar sehingga memperlambat proses evolusi pada algoritma genetika.

TABEL VI
HASIL FREQUENT ITEMSET DENGAN FP-GROWTH

No.	<i>itemset</i>	<i>support</i>
1	Es jeruk	0.146
2	Mie Yamin (0)	0.131
...
141	Cwie Mie, Es Teh	0.012

Tabel VI memperlihatkan hasil *frequent itemset* dengan menggunakan algoritma *FP-Growth*. Berdasarkan tabel di atas, didapat sebanyak 141 *frequent itemset*, terdiri dari 51 *frequent itemset-1*, 87 *frequent itemset-2*, dan 3 *frequent itemset-3* yang selanjutnya akan diproses oleh algoritma genetika.

D. Optimasi Rule dengan Algoritma Genetika

Parameter yang digunakan dalam algoritma Genetika pada penelitian ini ditentukan sebagai berikut.

- M_c (*maximum cycle*) = $(2^4 - 2) \times 141 = 1974$
- C_r (*crossover rate*) ≤ 0.9
- M_r (*mutation rate*) ≤ 0.9
- *Population_size* = 100
- *min_conf* (*minimum confidence*) = 0.2
- *min_lift* (*minimum lift*) = 1.0
- T_v (*novelty threshold*) ≥ 0.5

Penentuan nilai parameter di atas, *khususnya Minimum Confidence* dan *Minimum Lift*, didasarkan pada hasil uji sensitivitas parameter guna menemukan titik keseimbangan (*optimal trade-off*) antara kuantitas aturan dan kualitas korelasi. Mengingat sifat GA yang stokastik, pengujian dilakukan sebanyak 5 kali *run* untuk setiap skenario guna memastikan stabilitas hasil.

TABEL VII
RATA-RATA PERFORMA GA DARI 5 KALI ITERASI PENGUJIAN

<i>min_conf</i>	<i>min_lift</i>	Avg. Total Rules	Avg. Confidence	Avg. Lift	Avg Lift
0.1	1.0	28.2	0.202	1.582	0.617
0.2	1.0	13.0	0.271	1.443	0.664
0.3	1.0	4.4	0.369	1.978	0.784
0.5	1.0	0.2	1.110	0.467	0.200

Berdasarkan Tabel VII, penggunaan *Minimum Confidence* sebesar 0,2 dipilih karena merupakan titik optimal sebelum terjadi penurunan jumlah aturan yang drastis (*drop-off*). Peningkatan *confidence* ke angka 0,5 menyebabkan sistem gagal menghasilkan aturan (mendekati 0 *rules*). Hal ini membuktikan secara faktual bahwa dataset memiliki tingkat *sparsity* yang tinggi (94,88%), sehingga ambang batas moderat diperlukan untuk menjaga ketersediaan populasi aturan tanpa mengorbankan validitas. Nilai *Minimum Lift* 1,0 ditetapkan sebagai syarat mutlak korelasi positif, di mana secara faktual GA mampu mengoptimasi populasi hingga mencapai rata-rata *Lift* yang jauh lebih tinggi dari batas *minimum*.

Nilai maksimum siklus M_c diperoleh berdasarkan Persamaan (4) yang telah dijelaskan sebelumnya, yaitu $M_c = (2^{FL} - 2) \times w$. Dengan panjang maksimum frequent itemset $FL = 4$ dan jumlah total frequent itemset $w = 141$, maka diperoleh nilai $M_c = (2^4 - 2) \times 141 = 1974$. Nilai C_r dan M_r yang bernilai 0.9 berarti setiap kromosom akan diberikan nilai acak, apabila nilai tersebut kurang dari 0.9, maka kromosom tersebut akan di *crossover* atau mutasi. Nilai C_r dan M_r tidak ditetapkan sebesar 1, agar sebagian struktur aturan yang baik tetap dapat dipertahankan dan proses pencarian tidak bersifat acak sepenuhnya.

Selanjutnya, *population_size* sebesar 100 menunjukkan jumlah kromosom dalam setiap generasi pada algoritma Genetika. Nilai ini dipilih untuk menjaga keseimbangan antara keberagaman solusi dan efisiensi komputasi. Nilai

min_conf sebesar 0.2 menunjukkan bahwa suatu aturan asosiasi hanya akan dipertimbangkan apabila memiliki *confidence* minimal 20%. Nilai min_lift sebesar 1.0 berarti aturan yang dihasilkan harus menunjukkan hubungan antar item yang bersifat positif dan tidak terjadi secara kebetulan. Sementara itu, nilai T_V sebesar 0.5 menunjukkan bahwa kromosom dengan nilai *novelty* di bawah 0.5 tidak akan dimasukkan ke dalam populasi baru maupun ke dalam himpunan aturan akhir pada algoritma genetika.

Dari *frequent itemset* F2 dan F3 yang dihasilkan, terbentuk sebanyak 192 aturan asosiasi unik yang memungkinkan. Namun, tidak seluruh aturan tersebut digunakan sebagai populasi awal dalam algoritma Genetika. Untuk menghindari ukuran populasi yang terlalu besar serta meningkatkan efisiensi komputasi, sebanyak 100 aturan dipilih secara acak sebagai populasi awal GA.

TABEL VIII
HASIL POPULASI AWAL

No	antecedent	consequent	novelty	supp	conf	lift
1.	es jeruk	mie ayam	0.0	0.02	0.1	1.5
...
100	dimsum lumpia nori	mie yamin lv 1	0.0	0.01	0.26	1.2

Tabel VIII menampilkan contoh hasil populasi awal yang digunakan, di mana setiap baris merepresentasikan satu kromosom. Setiap kromosom merepresentasikan satu aturan asosiasi yang terdiri atas *antecedent*, *consequent*, serta nilai *support*, *confidence*, *lift*, dan *novelty*. Pada tahap populasi awal, nilai *novelty* seluruh kromosom masih bernilai 0.0 karena proses evaluasi dan optimasi *novelty* belum dilakukan.

Selanjutnya, Proses seleksi induk (*parent*) dilakukan untuk memilih individu terbaik yang akan diteruskan ke tahap reproduksi. Dalam eksperimen ini, digunakan ukuran turnamen (k) sebanyak 3. Secara teknis, sistem mengambil 3 aturan secara acak dari populasi, lalu membandingkan nilai *lift*-nya untuk memilih satu pemenang sebagai *parent*. Proses ini diulang dua kali hingga didapatkan sepasang induk.

E. Analisis Komparatif Waktu Komputasi, Memori dan Redundancy Rate

Eksperimen perbandingan ini dilakukan dengan menjalankan tiga skenario algoritma yang berbeda sebanyak lima kali pengujian guna memastikan stabilitas hasil dan menghindari bias performa sesaat. Proses pengujian dimulai dengan mencatat penggunaan memori puncak dan waktu eksekusi total yang dibutuhkan sistem sejak tahap pengolahan data transaksi hingga aturan asosiasi akhir terbentuk.

TABEL IX
EVALUASI EFISIENSI KOMPUTASI DAN TINGKAT REDUNDANSI ATURAN

Metode	Runtime (s)	Memory (MB)	Rules Count	Redundancy (%)
FP-Growth	78.77	50.68	66.0	6.06%

FP-Growth +GA	145.66	50.68	12.6	0%
Apriori +GA	61.08	145.54	14.2	0%
Closed Itemset	152.06	50.68	66.0	6.06%

Berdasarkan data pada Tabel IX, terlihat bahwa setiap metode memiliki karakteristik kinerja yang berbeda dari sisi waktu komputasi, penggunaan memori, jumlah aturan, dan tingkat redundansi. FP-Growth standar mencatat waktu eksekusi sebesar 78,77 detik dengan penggunaan memori 50,68 MB dan menghasilkan rata-rata 66 aturan dengan tingkat redundansi 6,06%. Tingkat redundansi ini dihitung dengan mengidentifikasi aturan simetris, yaitu kondisi di mana antecedent dan consequent pada suatu aturan bertukar posisi pada aturan lainnya (misal: $A \rightarrow B$ dan $B \rightarrow A$). Rasio redundansi diperoleh dengan membagi jumlah total aturan yang bersifat simetris tersebut dengan keseluruhan aturan yang dihasilkan. Hasil ini menunjukkan bahwa meskipun proses ekstraksi relatif lebih cepat, jumlah aturan yang dihasilkan masih cukup banyak dan mengandung aturan yang bersifat simetris atau berulang.

Integrasi FP-Growth dengan *Genetic Algorithm* (GA) meningkatkan waktu komputasi menjadi 145,66 detik karena adanya proses evolusi populasi dan evaluasi fitness pada setiap siklus. Namun demikian, penggunaan memorinya tetap stabil di sekitar 50,68 MB, sama dengan FP-Growth standar. Dari sisi hasil, jumlah aturan berkurang secara signifikan menjadi rata-rata 12,6 aturan dengan tingkat redundansi 0%. Hal ini menunjukkan bahwa mekanisme seleksi berbasis *confidence*, *lift*, dan *novelty* dalam GA mampu menyaring aturan sehingga lebih selektif dan tidak menghasilkan pasangan aturan simetris.

Metode Apriori + GA menunjukkan waktu eksekusi yang lebih rendah dibandingkan FP-Growth + GA, yaitu 61,08 detik, namun dengan penggunaan memori yang jauh lebih besar, yakni 145,54 MB. Jumlah aturan yang dihasilkan relatif mendekati FP-Growth + GA, yaitu 14,2 aturan, dengan tingkat redundansi 0%. Perbedaan ini mengindikasikan bahwa Apriori memerlukan sumber daya memori yang lebih besar dalam tahap pembentukan kandidat itemset, meskipun setelah dioptimasi dengan GA jumlah aturan yang dihasilkan tetap terkendali.

Sementara itu, pendekatan *Closed Itemset*, yang bekerja dengan hanya mempertahankan itemset yang tidak memiliki superset dengan nilai *support* yang sama mencatat waktu komputasi sebesar 152,06 detik dengan penggunaan memori 50,68 MB, serta menghasilkan 66 aturan dengan tingkat

redundansi 6,06%, sama seperti FP-Growth standar. Hal ini menunjukkan bahwa pada dataset yang digunakan, proses penyaringan berdasarkan kesamaan *support* tidak memberikan reduksi signifikan terhadap jumlah aturan maupun tingkat redundansi. Dengan kata lain, reduksi berbasis properti struktural itemset belum cukup untuk mengeliminasi aturan simetris atau aturan dengan kualitas yang kurang informatif.

Secara keseluruhan, hasil ini menunjukkan bahwa reduksi berbasis optimasi menggunakan GA memberikan dampak yang lebih jelas terhadap penyederhanaan aturan dibandingkan pendekatan *Closed Itemset*. Meskipun memerlukan waktu komputasi yang lebih lama, FP-Growth + GA mampu menghasilkan aturan yang lebih ringkas dan bebas redundansi, tanpa meningkatkan kebutuhan memori secara signifikan. Temuan ini mengindikasikan bahwa integrasi mekanisme seleksi berbasis multi-metrik dapat memberikan nilai tambah dalam proses penyaringan aturan asosiasi.

F. Hasil Aturan Asosiasi dengan Algoritma Genetika

1) Hasil Aturan : Berikut merupakan hasil aturan asosiasi yang diperoleh setelah dilakukan proses optimasi menggunakan Algoritma Genetika. Aturan-aturan ini telah melalui tahapan seleksi berdasarkan minimum confidence, minimum lift, serta evaluasi fitness novelty sehingga hanya aturan dengan kualitas dan relevansi terbaik yang dipertahankan. Hasil ini menunjukkan kombinasi item yang memiliki korelasi positif dan tingkat kebaruan yang memadai untuk mendukung analisis lebih lanjut. Adapun hasilnya sebagai berikut:

TABEL X
HASIL ATURAN ASOSIASI DENGAN ALGORITMA GENETIKA

No	Aturan Asosiasi	conf	lift	novelty
R1	Dimsum bola rambutan → Es teh	0.272	1.152	1.00
R2	Dimsum spring roll → Mie yamin lv 2	0.227	1.368	1.00
R3	Mie ayam ceker, Dimsum siomay crab → Es jeruk	0.423	2.879	0.66
R4	Mie yamin lv 3, Es jeruk → Mie yamin lv 2	0.285	1.696	1.0
R5	Thai tea, Dimsum bola rambutan → Mie yamin lv 1	0.296	1.385	0.6
R6	Es teh, Es kopi susu → Mie yamin lv 0	0.215	1.637	0.6

R7	Dimsum siomay keju, Teh hangat → Mie yamin lv 1	0.218	1.021	0.6
R8	Mie yamin lv 0 → Mie yamin lv 1	0.337	1.577	0.5
R9	Es teh → Mie yamin lv 1	0.242	1.130	0.5
R10	Jeruk hangat → Es teh	0.255	1.078	0.5
R11	Dimsum siomay ayam → Mie yamin lv 1	0.265	1.239	0.5

Implementasi *fitness novelty* pada Tabel X berhasil mereduksi jumlah aturan hingga 81%, menghasilkan 11 aturan yang memiliki nilai keunikan tinggi. Aturan dengan nilai *lift* tertinggi (R3) menunjukkan hubungan antar-item yang sangat kuat dan potensial untuk dijadikan paket *bundling*. Secara keseluruhan, proses ini menghasilkan kumpulan aturan yang lebih ringkas, selektif, dan informatif sehingga lebih mudah diinterpretasikan untuk mendukung analisis pola pembelian konsumen.

Kekuatan nilai *lift* yang signifikan pada aturan tersebut juga memitigasi risiko *overfitting* terhadap dataset historis tertentu. Dengan menetapkan *minimum support* sebesar 1%, aturan yang dihasilkan harus memiliki massa kritis minimal 362 transaksi. Hal ini menjamin bahwa pola yang tertangkap oleh algoritma genetika merupakan perilaku konsumen yang konsisten dan berulang dalam skala besar, bukan sekadar anomali atau kebetulan statistik (*coincidence*) yang hanya muncul pada segelintir data historis.

2) Stabilitas Algoritma : Pengujian stabilitas dilakukan untuk memvalidasi pola perilaku konsumen dengan menghitung ulang metrik pada sampel acak sebesar 30% dari total transaksi guna memastikan aturan yang dihasilkan memiliki daya generalisasi yang kuat dan bukan merupakan kebetulan statistik. Suatu aturan asosiasi secara teknis dinyatakan Stabil apabila memenuhi dua kriteria utama saat diuji pada data sampel, yaitu nilai *Validation Lift* harus tetap berada di atas ambang batas 1.0 yang menunjukkan adanya korelasi positif antar-item, serta adanya konsistensi pada nilai *Confidence*. Konsistensi *Confidence* yang dimaksud adalah tingkat kepastian aturan yang tetap terjaga dalam rentang selisih (margin) yang sangat tipis antara data asli dan data sampel, yang membuktikan bahwa probabilitas keterkaitan antar-item memiliki daya prediksi yang stabil dan tidak berubah secara drastis meskipun diuji pada volume data yang berbeda.

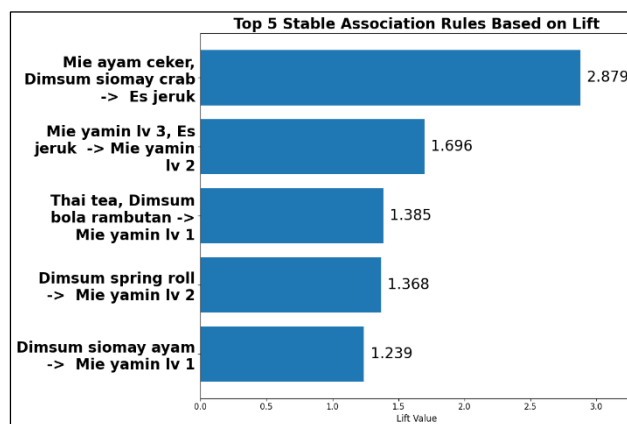
TABEL XI
EVALUASI STABILITAS ATURAN ASOSIASI MELALUI VALIDASI
SILANG

ID	Original Lift	Val. Lift	Original Conf	Val. Conf	Status
R1	1.152	1.16	0.272	0.26	Stabil
R2	1.368	1.37	0.227	0.23	Stabil
R3	2.879	3.28	0.423	0.50	Stabil
R4	1.696	1.51	0.285	0.25	Stabil
R5	1.385	1.45	0.296	0.31	Stabil
R6	1.637	0.00	0.215	0.00	Tidak Stabil
R7	1.021	0.35	0.218	0.07	Tidak Stabil
R8	1.577	0.00	0.337	0.00	Tidak Stabil
R9	1.130	1.07	0.242	0.21	Stabil
R10	1.078	1.05	0.255	0.24	Stabil
R11	1.239	1.11	0.265	0.23	Stabil

Berdasarkan hasil pengujian pada Tabel XI, terlihat bahwa mayoritas aturan utama memiliki tingkat stabilitas yang sangat baik karena mampu mempertahankan nilai metrik yang konsisten. Sebagai contoh, pada aturan R1 dan R2, nilai *confidence* hanya mengalami pergeseran marginal (dari 0.272 menjadi 0.268 dan 0.227 menjadi 0.230), yang membuktikan bahwa probabilitas pelanggan membeli produk *consequent* setelah membeli *antecedent* tetap berada di kisaran angka yang sama di berbagai subset data. Hal ini menandakan bahwa aturan tersebut bersifat *robust* atau satabil terhadap perubahan volume transaksi. Sebaliknya, aturan R6, R7, dan R8 menunjukkan ketidakkonsistenan yang ekstrem di mana nilai tingkat kepastiannya merosot tajam hingga menyentuh angka 0.000. Penurunan drastis ini mengonfirmasi bahwa pola tersebut sangat rapuh dan hanya muncul karena adanya segelintir transaksi spesifik pada data penuh yang tidak tersebar merata, sehingga statusnya dinyatakan tidak stabil. Melalui validasi ini, manajemen dapat membedakan dengan jelas mana pola yang benar-benar mencerminkan perilaku belanja permanen pelanggan dan mana pola yang hanya bersifat semu atau kebetulan statistik.

3) Interpretasi Aturan untuk Strategi Bisnis: Berdasarkan visualisasi Gambar 7, secara jelas menampilkan hubungan antar item dalam bentuk aturan asosiasi (*antecedent* → *consequent*) beserta kekuatan hubungannya melalui nilai *lift*. Visualisasi ini menunjukkan bahwa aturan dengan nilai

lift tertinggi adalah kombinasi *Mie ayam ceker* dan *Dimsum siomay crab* yang mengarah pada pembelian *Es jeruk* dengan nilai *lift* sebesar 2,879. Nilai tersebut mengindikasikan bahwa pelanggan yang membeli kedua menu tersebut hampir tiga kali lebih berpeluang untuk membeli *Es jeruk* dibandingkan dengan pelanggan secara umum. Secara praktis, temuan ini dapat dimanfaatkan dalam penyusunan strategi *bundling* produk, promosi paket hemat, maupun rekomendasi otomatis pada sistem kasir atau aplikasi pemesanan.



Gambar 7. Top 5 Stable Association Rules Based on Lift

Aturan lainnya seperti *Mie yamin level 3* dan *Es jeruk* yang mengarah pada *Mie yamin level 2* (*lift* 1,696) menunjukkan adanya kecenderungan pembelian variasi level kepedasan dalam satu transaksi. Hal ini mengindikasikan bahwa pelanggan kemungkinan melakukan pembelian untuk lebih dari satu orang atau mencoba variasi level berbeda. Selain itu, kombinasi *Thai tea* dan *Dimsum bola rambutan* yang mengarah pada *Mie yamin level 1* (*lift* 1,385), serta *Dimsum spring roll* menuju *Mie yamin level 2* (*lift* 1,368), memperlihatkan pola pembelian antara menu camilan atau minuman dengan menu utama. Sementara itu, aturan *Dimsum siomay ayam* menuju *Mie yamin level 1* (*lift* 1,239) meskipun memiliki nilai *lift* lebih rendah dibandingkan aturan lainnya, tetap menunjukkan hubungan asosiasi yang positif.

Secara keseluruhan, visualisasi ini tidak hanya memperlihatkan kekuatan hubungan antar produk, tetapi juga memberikan gambaran konkret mengenai pola pembelian pelanggan yang dapat langsung diimplementasikan dalam strategi bisnis. Informasi ini bermanfaat untuk optimalisasi penempatan produk, penyusunan paket promosi, strategi *cross-selling*, serta pengembangan sistem rekomendasi berbasis pola transaksi aktual.

G. Gap Analysis

Penelitian ini secara empiris mampu menjawab celah penelitian (*research gap*) yang telah diidentifikasi sebelumnya melalui perbandingan performa teknis dan kualitas informasi yang dihasilkan. Pada penelitian terdahulu, penerapan *Association Rule Mining* (ARM) umumnya masih bergantung pada algoritma Apriori atau FP-Growth tanpa

mekanisme optimasi lanjutan, sehingga menghasilkan jumlah aturan yang besar dan redundan. Kondisi ini terkonfirmasi melalui hasil FP-Growth standar pada penelitian ini yang mencatat waktu eksekusi 78,77 detik dengan penggunaan memori 50,68 MB, namun menghasilkan 66 aturan asosiasi dengan tingkat redundansi sebesar 6,06%. Tingginya angka redundansi ini disebabkan oleh munculnya aturan simetris yang tidak memberikan nilai tambah bagi interpretasi bisnis.

Lebih lanjut, penelitian terdahulu [12], [15] yang mengintegrasikan algoritma genetika (GA) umumnya masih berfokus pada optimasi metrik statistik konvensional seperti *support* dan *confidence*. Pendekatan tersebut berisiko mempertahankan aturan yang kuat secara numerik namun minim informasi baru. Gap ini diisi melalui integrasi fungsi *fitness novelty* dalam GA yang terbukti mampu mereduksi jumlah aturan secara drastis dari 66 menjadi hanya 11 aturan asosiasi yang lebih ringkas. Meskipun proses evolusi GA memerlukan waktu eksekusi lebih lama (176,34 detik) dibandingkan FP-Growth standar, penggunaan memorinya tetap efisien pada angka 50,68 MB, yang menunjukkan bahwa peningkatan kualitas informasi tidak mengorbankan kapasitas penyimpanan sistem secara signifikan.

Selain itu, meskipun penelitian terdahulu [13] yang memanfaatkan *novelty* namun belum mengintegrasikan metrik *lift* sebagai filter awal. Tanpa filter *lift*, aturan yang dihasilkan berisiko hanya merupakan kebetulan statistik akibat frekuensi item yang tinggi. Dengan menerapkan *minimum lift* > 1 sebelum evaluasi *novelty*, penelitian ini menjamin bahwa seluruh 11 aturan akhir merepresentasikan hubungan positif antar-item. Efektivitas pendekatan ini juga divalidasi melalui pengujian stabilitas pada sampel data 30%. Hasil validasi menunjukkan konsistensi nilai *lift* dan *confidence* yang stabil, sehingga menjawab kekhawatiran terkait *overfitting* yang sering ditemukan pada penelitian sebelumnya.

Secara keseluruhan, integrasi FP-Growth dan GA berbasis *novelty* ini berhasil menekan *redundancy rate* hingga 0% pada hasil akhir, sebuah peningkatan signifikan dibandingkan metode *Closed Itemset* yang pada dataset ini tetap menghasilkan 66 aturan dengan tingkat redundansi 6,06%. Dengan waktu eksekusi yang terkendali dan stabilitas hasil yang teruji, penelitian ini memberikan solusi atas kebutuhan ARM yang efisien, berkualitas, dan memiliki daya generalisasi yang kuat untuk mendukung pengambilan keputusan strategis pada data transaksi bisnis.

Lebih lanjut, integrasi metrik *lift* dan *support* yang terukur dalam proses evolusi GA berfungsi sebagai filter terhadap potensi *overfitting*. Jika penelitian terdahulu seringkali terjebak pada aturan yang terlalu spesifik namun lemah secara generalisasi, pendekatan ini memastikan bahwa setiap aturan yang dihasilkan memiliki validitas statistik yang kuat sehingga tetap relevan untuk digunakan pada data transaksi di periode mendatang (generalisasi).

IV. KESIMPULAN

Penelitian ini menyimpulkan bahwa integrasi algoritma FP-Growth dengan Algoritma Genetika (GA) berbasis *fitness novelty* berhasil mengoptimalkan kualitas aturan asosiasi secara signifikan dibandingkan metode konvensional. Hasil eksperimen menunjukkan bahwa meskipun FP-Growth standar memiliki waktu eksekusi cepat (78,77 detik), aturan yang dihasilkan mencapai 66 aturan dengan tingkat redundansi 6,06%. Sebaliknya, metode yang diusulkan mampu mereduksi jumlah aturan secara drastis menjadi hanya 11 aturan asosiasi dengan tingkat redundansi 0% dan stabilitas yang teruji pada sampel 30%. Kontribusi teknis utama penelitian ini terletak pada penggunaan arsitektur FP-Growth-GA yang jauh lebih efisien dalam penggunaan memori (50,68 MB) dibandingkan skema Apriori-GA (145,54 MB), karena kemampuan struktur *FP-Tree* dalam mengompresi data tanpa perlu membangkitkan jutaan kandidat *itemset*.

Secara praktis, penelitian ini memberikan kontribusi nyata bagi strategi bisnis melalui identifikasi pola pembelian yang stabil dan bernilai *lift* tinggi (hingga 2,879), yang dapat langsung diimplementasikan dalam perancangan paket *bundling* produk komplis, pengaturan tata letak menu untuk memicu pembelian impulsif, serta optimalisasi stok bahan baku yang lebih akurat. Meskipun demikian, penelitian ini masih memiliki keterbatasan karena hanya berfokus pada data satu gerai (*single-outlet*) secara *offline*. Oleh karena itu, pengembangan selanjutnya perlu diarahkan pada penerapan metode ini pada skala *multi-outlet* untuk menangkap keberagaman perilaku konsumen antar wilayah, serta integrasi ke dalam sistem rekomendasi *real-time* yang lebih personal dan adaptif.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] "Infografis Data Statistik Indikator Makro Pariwisata & Ekonomi Kreatif Kementerian Pariwisata dan Ekonomi Kreatif / Badan Pariwisata dan Ekonomi Kreatif."
- [2] A. Rachman Putra, T. Seno Anjanarko, and E. Retnowati, "Creative Economy Development Efforts in Culinary Business," 2022.
- [3] M. dan Minuman, "Statistik Penyediaan Badan Pusat Statistik Bps-Statistics Indonesia," 2023.
- [4] A. N. Fuadi, M. H. Bhakti, and A. Premana, "Analisis Pola Pembelian Konsumen Di Toko Ritel Dmart Menggunakan Algoritma Apriori Berbasis Website," *Jurnal Informatika dan Teknik Elektro Terapan*, vol. 12, no. 3, Aug. 2024, doi: 10.23960/jitet.v12i3.4963.
- [5] R. Eko Saputro, "Penerapan Algoritma FP-Growth Untuk Menentukan Pola Penjualan Najah Mart," *CSRID Journal*, vol. 17, no. 1, pp. 1–19, Feb. 2025, doi: 10.22303/csrj.
- [6] D. A. Kuswardana, D. A. Prasetya, T. Trimono, I. G. S. M. Diyasa, and W. S. W. Awang, "Customer Transaction Clustering with K-Prototype Algorithm Using Euclidean-Hamming Distance and Elbow Method," *International Journal of Advances in Data and Information Systems*, vol. 6, no. 2, pp. 259–275, Jun. 2025, doi: 10.59395/ijadis.v6i2.1381.
- [7] M. Pusparisti and A. Paradhita, "Algoritma Apriori Untuk Memberikan Rekomendasi Menu Makanan Berdasarkan Tren Belanja Konsumen," *Jutisi: Jurnal Ilmiah Teknik Informatika dan Sistem Informasi*, vol. 14, pp. 666–678, Apr. 2025.

- [8] L. A. Triana, N. I. Khoerida, N. T. Widiawati, and I. Tahyudin, "Implementation of the FP-Growth Algorithm in Sales Transactions for Menu Package Recommendations at Warung Oemah Tani," *Internet of Things and Artificial Intelligence Journal*, vol. 2, no. 2, pp. 111–121, May 2022, doi: 10.31763/iota.v2i2.563.
- [9] E. Bambang, R. A. Setia Priadi, and H. -, "Perancangan Dan Pembuatan Sistem Informasi Persetujuan Perbaikan Dan Pergantian Alat Komputer Berbasis Web (Studi Kasus pada PT. Lautan Teduh Interniaga)," *Jurnal Informatika dan Teknik Elektro Terapan*, vol. 2, no. 1, Jan. 2014, doi: 10.23960/jitet.
- [10] E. Karabulut, P. Groth, and V. Degeler, "Neurosymbolic Association Rule Mining from Tabular Data," Oct. 2025, [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/2504.19354>
- [11] G. F. Elhady, H. Elwahsh, M. Alsabaan, M. I. Ibrahim, and E. Shemis, "A Formal Fuzzy Concept-Based Approach for Association Rule Discovery with Optimized Time and Storage," *Mathematics*, vol. 12, no. 22, Nov. 2024, doi: 10.3390/math12223590.
- [12] R. Febiyan and H. Yuliansyah, "Optimasi Aturan Asosiasi Transaksi Penjualan Obat Menggunakan Kombinasi Apriori dan Algoritma Genetika," *Jurnal Pendidikan dan Teknologi Indonesia*, vol. 5, no. 7, pp. 2087–2099, Jul. 2025, doi: 10.52436/1.jpti.902.
- [13] F. Ba-Alwi, "Discovery of Novel Association Rules Based on Genetic Algorithms," *British Journal of Mathematics & Computer Science*, vol. 4, no. 23, pp. 3294–3311, Jan. 2014, doi: 10.9734/bjmcs/2014/12256.
- [14] I. D. Hunyadi, N. Constantinescu, and O. A. Țicleanu, "Efficient Discovery of Association Rules in E-Commerce: Comparing Candidate Generation and Pattern Growth Techniques," *Applied Sciences (Switzerland)*, vol. 15, no. 10, May 2025, doi: 10.3390/app15105498.
- [15] P. Vyas and A. Nagdiya, "Modified Genetic Algorithm and Association Rule Mining for the Retail Sector," *Journal of Information Systems and Informatics*, vol. 5, no. 3, pp. 1099–1110, Sep. 2023, doi: 10.51519/journalisi.v5i3.561.
- [16] K. McGarry, "A survey of interestingness measures for knowledge discovery," *Knowledge Engineering Review*, vol. 20, no. 1, pp. 39–61, Mar. 2005, doi: 10.1017/S0269888905000408.
- [17] A. Maulidah and F. A. Bachtiar, "Penerapan Metode Association Rule Mining Untuk Asosiasi Ulasan Terhadap Aspek Tempat Wisata Jawa Timur Park 3", doi: 10.25126/jtiik.202184417.
- [18] I. Riadi, H. Herman, F. Fitriah, and S. Suprihatin, "Optimizing Inventory with Frequent Pattern Growth Algorithm for Small and Medium Enterprises," *MATRIK: Jurnal Manajemen, Teknik Informatika dan Rekayasa Komputer*, vol. 23, no. 1, pp. 169–182, Nov. 2023, doi: 10.30812/matrik.v23i1.3363.
- [19] F. Ba-Alwi, "Discovery of Novel Association Rules Based on Genetic Algorithms," *British Journal of Mathematics & Computer Science*, vol. 4, no. 23, pp. 3294–3311, Jan. 2014, doi: 10.9734/bjmcs/2014/12256.
- [20] D. Waysi, B. T. Ahmed, and Ibrahim Mahmood Ibrahim, "Optimization by Nature: A Review of Genetic Algorithm Techniques," *The Indonesian Journal of Computer Science*, vol. 14, no. 1, Feb. 2025, doi: 10.33022/ijcs.v14i1.4596.
- [21] F. Murtadho *et al.*, "Implementation of Genetic Algorithm with Tournament Selection for Course Schedules (Faisal M) |24 Implementation Of Genetic Algorithm With Tournament Selection For Course Schedules."