



PENENTUAN KOMPOSISI *CRUDE OIL* PADA PROSES *BLENDING* DENGAN PENDEKATAN ALGORITMA GENETIKA

Miftahol Arifin^a, Grahan Rizka Pradita^b

^a Teknik Logistik, arifin@ittelkom-pwt.ac.id, Institut Teknologi Telkom Purwokerto

^b Teknik Industri, grahan_06@yahoo.co.id, UPN Veteran Yogyakarta

ABSTRACT

PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV is a natural distillation *oil* company. The process of *blending crude oil* done in PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV often produces *feed* imperfectly. The product's fraction produced from this *blending* process can not get maximum output. What is needed is optimizing the determination of *crude oil* composition during the process of *blending crude*. The aim of this process is to separate the contain of LPG, Light Naphtha, Heavy Naphtha, kero, Light Gas Oil (LGO), Heavy Gas Oil (HGO), LSWR (Low Sulfur Wax Residue) with other composition in order to suit with colom capacity in *Crude Destilation Unit II* (CDU II).

The aim of this research is determining the composition of *crude oil* from every *oil* tank to be *feed* in CDU II. With optimal percentage, the expectation is to increase the number of product fraction from *blending* process. The solving of this problem is using simplex method the approach of genetic algorithm. The advantage of genetic algorithm in the development of chromosome, it can be done randomly based on the number of determined popsize. Besides, the alternative of chromosome will have bigger probability than using the simplex method.

The result of calculation using the genetic algorithm method produces the total percentage of *crude oil*'s composition 99,91% and the composition of volume *feed* 229.774 MB. With composition volume *feed* for CDU II 41.285 MB pulled back from *oil* tank 71T-4, 55.384 MB from *oil* tank 71T-12, 71.852 MB from *oil* tank 71T-16 and the last 61.249 MB from *oil* tank 71T-105. The estimation of result not be different away by the solution produced simplex method.

Keywords: the volume composition of *feed* , simplex method and genetic algorithm.

Abstrak

PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV merupakan perusahaan yang bergerak di bidang pengolahan minyak bumi. Proses *blending crude* yang terjadi di PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV sering menghasilkan *feed* yang tidak optimal. Hal ini mengakibatkan tidak maksimalnya fraksi produk yang dihasilkan dari proses *blending* ini. Dalam hal ini diperlukan penentuan komposisi *crude* yang optimal pada proses *blending crude*. Proses ini digunakan untuk memisahkan kandungan LPG, Light Naphtha, Heavy Naphtha, kero, Light Gas Oil (LGO), Heavy Gas Oil (HGO), LSWR (Low Sulfur Wax Residue) dengan berbagai komposisi agar sesuai dengan kapasitas kolom di *Crude Destilation Unit II* (CDU II).

Penelitian ini bertujuan untuk menentukan komposisi *crude oil* dari tiap tangki untuk dijadikan *feed* di CDU II. Dengan prosentase yang optimal maka diharapkan dapat meningkatkan jumlah fraksi produk yang dihasilkan dari proses *blending* . Penyelesaian masalah ini menggunakan pendekatan algoritma genetika setelah sebelumnya dilakukan dengan menggunakan metode simpleks. Kelebihan dari algoritma genetika pada pembangkitan kromosom, dibangkitkan secara random sesuai dengan jumlah popsize yang ditentukan, dan alternatif kromosom yang dibangkitkan mempunyai urutan yang variatif sehingga pencapaian solusi optimal mempunyai probabilitas yang lebih besar daripada menggunakan metode simpleks.

Hasil perhitungan menggunakan metode algoritma genetika menghasilkan total prosentase komposisi *crude oil* sebesar 99.91%, yang berarti total komposisi volume *feed* sebesar 229.774 MB. Dengan komposisi volume *feed* untuk CDU II sebesar 41.285 MB ditarik dari tangki 71T-4, 55.384 MB dari tangki 71T-12, 71.852 MB dari tangki 71T-16, dan 61.249 MB dari tangki 71T-105. Hasil yang dicapai tidak berbeda jauh dengan solusi yang dihasilkan metode simpleks.

Kata Kunci: Komposisi volume *feed* , metode simpleks, algoritma genetika.

1. PENDAHULUAN

PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV merupakan perusahaan yang bergerak di bidang pengolahan minyak bumi yang mempunyai beberapa kriteria permasalahan yang sangat kompleks. Proses *blending crude* yang terjadi di PT PERTAMINA (Persero) Refinery Unit IV sering menghasilkan *feed* yang tidak optimal. Hal ini mengakibatkan tidak maksimalnya fraksi produk yang dihasilkan dari proses *blending* ini. Proses *blending crude* yaitu suatu proses penarikan *crude* dari beberapa tangki untuk dijadikan *feed* (umpan) dengan spesifikasi kandungan produk tertentu yang akan dipompakan ke suatu unit destilasi yang nantinya akan diolah menjadi suatu produk atau *feed* yang diteruskan ke unit selanjutnya.

Crude oil dalam beberapa tangki yang berbeda akan melalui proses *blending* untuk dijadikan *feed* pada CDU II (*Crude Destillation Unit II*) [1]. Proses ini digunakan untuk memisahkan kandungan LPG, *Light Naphtha*, *Heavy Naphtha*, *kero*, *Light Gas Oil* (LGO), *Heavy Gas Oil* (HGO), LSWR (*Low Sulfur Wax Residue*) dengan berbagai komposisi agar sesuai dengan kapasitas kolom di CDU II. Dari hasil *blending* ini akan diperoleh *feed* dengan komposisi kandungan produk yang maksimal. Apabila *feed* dengan kandungan produk yang maksimal, maka akan dihasilkan produk akhir sesuai dengan kualitas yang diinginkan. Dari rangkaian proses *blending crude* ini mempunyai tujuan untuk mengoptimalkan komposisi *crude* dari tiap tangki untuk dijadikan *feed* di CDU II.

Untuk menyelesaikan persoalan tersebut, maka Secara umum penyelesaian masalah optimasi dapat diselesaikan menggunakan teknik optimalisasi konvensional (*classical optimization*) diantaranya dengan menggunakan metode simpleks. Pada [2] melakukan penelitian dengan metode simpleks dalam penentuan prosentase komposisi *crude oil* yang optimal. Penelitian ini menghasilkan solusi untuk nilai fungsi tujuan sebesar 99.85 %. Dari penelitian menggunakan linier program seperti metode simpleks, solusi yang dihasilkan belum bisa dikatakan optimal karena itu diperlukan sebuah pendekatan baru dalam menyelesaikan permasalahan ini. Metode heuristik memberikan sebuah cara alternatif baru dalam penyelesaian optimasi, diantaranya adalah algoritma genetika. Metode GA dalam menyelesaikan suatu permasalahan dengan membentuk serangkaian populasi sebagai solusi, dan GA merupakan metode probabilistik [3]. Sehingga nantinya bisa ditemukan solusi terbaik dalam menentukan komposisi *crude oil* pada proses *blending* ini [4]

2. TINJAUAN PUSTAKA

2.1. Proses *Blending Crude*

Proses *blending crude* merupakan proses pencampuran minyak mentah dengan minyak mentah lain dengan *grade* lebih tinggi yang mempunyai harga lebih mahal yang dilakukan untuk meningkatkan nilai jual dari campuran minyak mentah tersebut. Tujuannya adalah untuk menghasilkan minyak mentah campuran dengan kandungan atau spesifikasi produk yang sesuai dengan desain kebutuhan produksi untuk kemudian dijadikan *feed* atau umpan di kolom destilasi. Di kolom destilasi tersebut, *feed* diolah sehingga menghasilkan fraksi-fraksi produk yang mempunyai nilai jual lebih tinggi.

Beberapa minyak mentah yang digunakan untuk campuran sering kali berbeda kualitasnya masing-masing, oleh karena itu dalam proses *blending crude* ini menggunakan standar viskositas dan kepadatan (*density trim*) tertentu. Minyak mentah itu sendiri diklasifikasikan menjadi tiga jenis, yaitu minyak mentah jenis *light*, *medium*, dan *heavy* [5]. Ketiga jenis *crude* ini pada [1], [6] diklasifikasikan berdasarkan berbagai kandungan fraksi (*yield*) yang terdapat di dalamnya. Untuk minyak mentah golongan paling atas dan mempunyai nilai jual paling tinggi adalah minyak jenis *light*, minyak jenis ini mempunyai fraksi kandungan LPG, *light naphtha*, dan *heavy naphtha* dengan jumlah prosentase diatas 33% dari total volume minyak tersebut. Minyak mentah golongan kedua adalah minyak jenis *medium*, mempunyai prosentase kandungan LSWR (*Low Sulfur Wax Residue*) sebesar 20% - 33% dari total volume minyak tersebut. Untuk minyak mentah jenis *heavy* mempunyai prosentase kandungan LSWR lebih dari 33% dari total volume minyak tersebut.

2.2. Algoritma Genetika

Algoritma Genetika ditemukan oleh John H. Holland dari *University of Michigan*. [7]. Algoritma Genetika (GA) merupakan sebuah teknik pencarian yang berusaha menyamai operasi-operasi genetika alami. GA secara simultan dapat mengevaluasi banyak titik yang ada dalam ruang lingkup parameter penelitian secara sekaligus dan kemudian mengarahkannya menuju optimum solution.

Evaluasi ini dapat digunakan untuk persoalan yang menggunakan banyak fungsi tujuan (*multi objective*). GA tidak memerlukan asumsi tentang jenis ruang lingkup parameternya, apakah *differentiable* atau *continous*. Disamping itu GA dapat mereduksi waktu siklus yang diperlukan dalam simulasi [8],[9], [10].

2.2.1 Operator dan Fungsi pada Operasi GA

Algoritma genetika dimulai dengan melakukan pemecahan persoalan dengan kode sebagai solusi persoalan kedalam bentuk *string*. *String* algoritma genetika memiliki fungsi yang sama dengan kromosom pada pendekatan evolusi. Ada 3 operator sering digunakan dalam pengolahan algoritma genetik yaitu:

1. Reproduksi
2. *Crossover* (persilangan)
3. Mutasi

Fungsi *eval* pada persoalan GA umumnya merupakan pendekatan fungsi tujuan. Sehingga fungsi eval merupakan alat untuk menilai tingkat *string* terhadap solusi sudah baik atau perlu dilakukan perubahan

2.2.2 Step-by-step penyelesaian dengan pendekatan GA

Untuk menyelesaikan GA maka step-by step yang perlu dilakukan adalah sebagai berikut :

1. Lakukan solusi awal pada populasi kromosom.
2. Pada tiap kromosom populasi lakukan evaluasi.
3. Terhadap kromosom baru dapat dilakukan langkah mutasi atau rekombinasi pada kromosom berpasangan.
4. Hapus pada kromosom yang tidak terpilih, untuk memberi space pada kromosom baru.
5. Lakukan evaluasi terhadap kromosom baru dan lalu *insert* kedalam populasi.
6. Jika langkah-langkah ini terpenuhi, pilih kromosom terbaik. Jika belum ada, kembali ke langkah 3.

2.2.3 Pengkodean

Agar algoritma genetika dapat dijelaskan berdasarkan teori evolusi diatas, maka setiap solusi harus direpresentasikan dalam sebuah kode yang sesuai dengan persoalan. Kode yang digunakan harus dapat mewakili seluruh ruang penyelesaian. Bila panjang kode bit untuk variabel *x* adalah *m*, maka panjang kromosom (*chromosome size*) adalah *m*, dimana [11] :

$$2^{m-1} < (b_x - a_x) \times 10^p \leq 2^m \tag{1}$$

dimana :

- m* = panjang kode bit (panjang kromosom)
- b_x* = nilai batas maksimal dari variabel *x*
- a_x* = nilai batas minimal dari variabel *x*
- p* = jumlah angka dibelakang koma (akurasi)

Untuk mendapatkan nilai *x* dari sebuah kromosom adalah sebagai berikut :

$$x = a_x + c_x \frac{b_x - a_x}{2^m - 1} \tag{2}$$

dimana :

c_x = nilai desimal dari *m* bit kromosom

2.2.3 Proses Algoritma Genetik

Untuk menyelesaikan permasalahan diatas menggunakan proses algoritma genetika melalui beberapa tahapan sebagai berikut:

a. Inisialisasi Populasi

Representasi kromosom individual dengan menggunakan bilangan biner dapat digambarkan sebagai berikut :

Kolom (gen) bil. string

1	2	3	4	5	n-1	n
1	0	1	1	0		1	0

Gambar 1. Representasi kromosom individual dengan bilangan biner

Langkah awal dalam tahap ini adalah menentukan ukuran populasi (*pop size*) yang akan digunakan. Dan pembentukan kromosom-kromosom populasi awal dilakukan secara acak.

b. Penentuan Nilai Suaian Setiap Kromosom

Model fungsi nilai suaian (*fitness*) yang digunakan adalah :

$$eval(Vk) = \frac{1}{mk}, \quad (3)$$

dengan $mk = completion\ time$

c. Fungsi Evaluasi

Dengan menggunakan representasi biner, *fitness value* untuk individu i (f_i) dapat dihitung dengan menggunakan rumus :

$$f_i = \sum_{j=1}^n c_j s_{ij} \quad (4)$$

dimana:

S_{ij} adalah nilai bit (kolom) ke - j yang berkoresponden dengan individu ke- i

C_j adalah biaya dari bit (kolom) ke- j .

Metode seleksi proporsional (*proportionate selection*) menghitung probabilitas individu i (P_i) untuk terpilih dengan rumus :

$$P_i = \frac{eval(v_i)}{f_i} \quad (5)$$

Dimana f_i adalah *fitness value* individu ke- i , dan n adalah ukuran populasi.

d. Reproduksi

Metode pemilihan kromosom induk pada penelitian ini adalah dengan menggunakan seleksi roda rolet dengan melakukan perhitungan probabilitas relatif setiap kromosom, yang dapat dihitung dengan rumus sebagai berikut :

$$Pk = \frac{eval(Vk)}{\sum_{k=1}^{pop_size} eval(Vk)}, \text{ untuk } k = 1,2,3,\dots,\dots,\dots, pop\ size \quad (6)$$

Setelah melakukan perhitungan probabilitas relatif kemudian menghitung probabilitas kumulatifnya dengan menggunakan rumus :

$$qk = pk + pk-1, \text{ untuk } k = 1,2,3,\dots,\dots,\dots, pop\ size. \quad (7)$$

Langkah selanjutnya adalah pembentukan bilangan acak (0,1) sejumlah *pop size*, apabila bilangan acak ini terletak antara batas bawah dan batas atas suatu kromosom (batas atas adalah nilai kumulatif kromosom tersebut sedangkan batas bawahnya adalah nilai kumulatif kromosom sebelumnya), maka kromosom tersebut terpilih sebagai kromosom induk pada generasi berikutnya.

e. Proses Seleksi

Proses seleksi diawali dengan rolet yang di putar sepanjang populasi pada rentang populasi. Hal ini bertujuan untuk mendapatkan satu kromosom. Langkah proses seleksi adalah sebagai berikut :

Langkah 1

Dibuat suatu angka random r pada kisar (0,1)

Langkah 2

Jika $r < q$, kemudian pilih kromosom pertama v_t ; sebaliknya, pilih kromosom ke- k , v_k ($2 < k < k$ populasi) sedemikian sehingga $q_{k-1} < r < q_k$.

- f. Proses Evaluasi
 Proses eval *fitness* kromosom dilakukan untuk menguji ketahan kromosom yang terdiri atas tiga langkah seperti berikut:
 Langkah 1 : konversi kromosom genotipe ke phenotipe. Disini berarti konversi barisan biner menjadi Harga nyata relatif

$$x^k = (x_1^k, x_2^k), k = 1, 2 \dots \text{populasi} \quad (8)$$

 Langkah 2 : evaluasi fungsi obyektif $f(x^k)$
 Langkah 3 : konversi harga fungsi obyektif menjadi ketahanan, untuk maksimal soal.
 Ketahanan = harga fungsi obyektif eka $(V_k) = f(x^k), k=1, 2 \dots \text{populasi}$
- g. *Crossover*
 Penentuan nilai kromosom pada induk dengan dengan persilangan melalui probabilitas persilangan *pop size* kedalam kromosom awal (P_c). *Generate* bilangan acak antara (0,1) sejumlah *pop size* untuk memilih kromosom induk yang akan melakukan persilangan, apabila bilangan acak yang dihasilkan adalah lebih kecil dari probabilitas persilangan yang telah ditentukan sebelumnya, maka kromosom induk tersebut terpilih untuk melakukan persilangan.
- h. Mutasi
 Penentuan jumlah kromosom induk yang diharapkan akan mengalami mutasi pada *gen* dilakukan dengan cara menentukan probabilitas mutasi dari *pop size* kromosom induk (P_m).

3. METODOLOGI PENELITIAN

3.1 Pengumpulan data

Penelitian dilakukan di PT PERTAMINA (PERSERO) *Refinery Unit IV* Cilacap pada bagian *Supply Chain & Distribution*. Data yang diperoleh berupa data primer yang diambil langsung pada bagian *Supply Chain & Distribution* dan kemudian diamati langsung di lapangan. Data yang didapat, yaitu data prosentase komposisi fraksi produk *crude oil* dari tiap tangki, data desain kebutuhan produksi.

3.2 Pengolahan data

Tahapan dalam pengolahan data yang akan dilakukan adalah sebagai berikut:

1. Menyelesaikan masalah menggunakan metode simpleks [2].
2. Menyelesaikan masalah menggunakan algoritma genetika melalui beberapa tahapan, yaitu:
 - a. Pembangkitan populasi kromosom awal
 Tahapan ini disebut juga dengan tahapan inisialisasi. Pembangkitan kromosom awal dilakukan secara acak sehingga dapat dimungkinkan adanya kromosom kembar.
 - b. Evaluasi tiap kromosom pada populasi.
 Konsep dasar evaluasi algoritma genetik identik dengan maksimasi, karena mempertahankan kromosom yang kuat sampai dengan generasi akhir. Sehingga fungsi evaluasi yang digunakan untuk menghitung nilai *fitness* setiap kromosom dengan menggunakan rumus (2.12).
 - c. Reproduksi Kromosom Induk
 Pada tahap seleksi kromosom induk akan memilih kromosom-kromosom yang akan mengalami operasi-operasi genetika dalam tahap selanjutnya. Metode penyeleksian kromosom induk yang digunakan dalam penelitian ini adalah seleksi roda rolet (*Roulette Wheel Parents Selection*).
 - d. Melakukan persilangan antara kromosom yang terpilih.
 Sebelum melakukan persilangan (*crossover*), dibangkitkan bilangan random dengan *range* antara [0,1] sebanyak jumlah kromosom dalam populasi. Probabilitas *crossover* yang digunakan adalah $pc = 0,50$. Jadi, kromosom yang mengalami persilangan adalah yang mempunyai bilangan random lebih kecil atau sama dengan probabilitas *crossover*.
 - e. Melakukan mutasi pada kromosom terpilih
 Seperti halnya operasi persilangan, langkah pertama operasi mutasi adalah menentukan jumlah kromosom induk yang akan mengalami mutasi dengan cara menentukan probabilitas mutasi dari populasi kromosom induk. Probabilitas mutasi pm yang digunakan dalam penelitian ini adalah sebesar 0,01.
 - f. Evaluasi tiap kromosom pada populasi baru.
 Evaluasi tiap kromosom yang telah mengalami operasi genetika dengan menghitung kembali nilai sesuaian (*fitness value*). Urutkan berdasarkan nilai sesuaian dan pilih induk baru sebesar *pop size*.

PENENTUAN KOMPOSISI CRUDE OIL PADA PROSES BLENDING DENGAN PENDEKATAN ALGORITMA GENETIKA

- g. Jika aturan pemberhentian terpenuhi, berhenti.
3. Melakukan verifikasi hasil penyelesaian masalah menggunakan metode simpleks dan hasil menggunakan metode algoritma genetika terhadap desain kebutuhan produksi di CDU II.

4. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Pengolahan data

a. Menyelesaikan masalah dengan menggunakan metode algoritma genetika

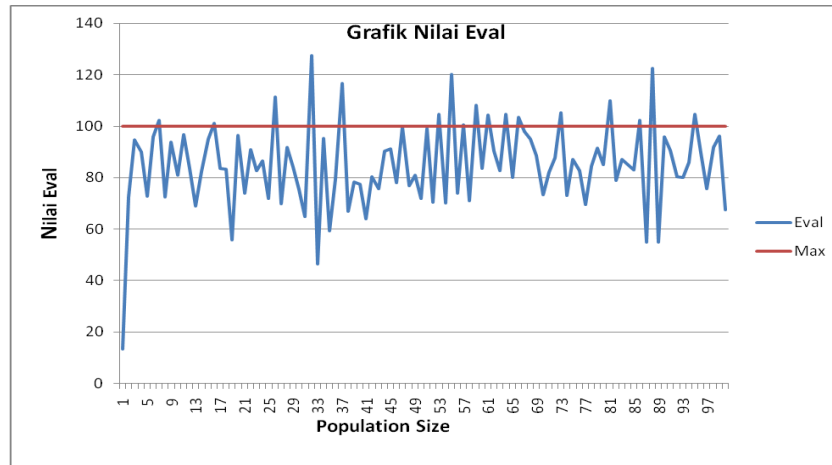
1. Pembangkitan populasi kromosom awal
Tahap ini merupakan tahap inisialisasi, pada tahap ini akan dibangkitkan bilangan *random* yang merupakan bilangan *bit string* (0 dan 1) yang tidak berulang untuk setiap kromosomnya. Pada proses inisialisasi dibentuk kromosom dengan ukuran populasi sejumlah 100 buah.
2. Evaluasi tiap kromosom pada populasi
Dari perhitungan evaluasi ini dihasilkan nilai suaian (eval) pada kromosom 1 sebesar 13.21543 dengan nilai variabel $X_1 = 5.81823$, $X_2 = 0.548001$, $X_3 = 4.787351$, $X_4 = 2.06185$. Dari tahap inisialisasi ini dapat diidentifikasi bahwa kromosom terbaik dihasilkan pada kromosom ke-26 dengan nilai suaian terbesar, yaitu 126.44. Dan fungsi tujuan yang kita cari adalah nilai suaian yang mendekati 100%, dari tahap inisialisasi nilai suaian yang paling mendekati 100% adalah 99.6934911.
3. Reproduksi kromosom induk
Menghitung probabilitas kumulatif terhadap nilai suaian yaitu dengan menggunakan *roulette wheel*. Proses ini untuk membangkitkan bilangan acak pada *range* 0-1. Jika hasil pembangkitan $random < kromosom$ maka dipilih kromosom awal sebagai induk, lalu pilih kromosom ke-k sebagai induk dengan syarat $C [k-1] < R < C [k]$. Angka $R_1 = 0.001251$ kurang dari Q_1 , artinya populasi V_1 terpilih sebagai populasi baru. Kemudian $R_2 = 0.563585$ lebih besar dari Q_{58} dan kurang dari Q_{59} , artinya V_{59} terpilih sebagai populasi baru. Dan seterusnya seperti untuk semua populasi.
4. Melakukan persilangan antara kromosom terpilih
Untuk menentukan parameter peluang *crossover* (*pc*) adalah dengan melakukan pencarian pada setiap nilai *Pc*, mulai dari $Pc = 10\%$ sampai $Pc = 100\%$. Dari pencarian tersebut di dapatkan nilai parameter peluang *crossover* yang memberikan nilai suaian tertinggi adalah $Pc = 30\%$. Data proses pencarian nilai probabilitas *crossover* ditunjukkan pada tabel berikut:

Tabel 1. Pencarian nilai probabilitas *crossover*

Probabilitas <i>Crossover</i>	Fungsi Tujuan
0.1	99.693491
0.2	99.693491
0.3	99.905828
0.4	99.135124
0.5	99.715773
0.6	99.452319
0.7	99.595187
0.8	98.418161
0.9	99.439211
1	99.38285

5. Melakukan mutasi pada kromosom terpilih
Dalam penelitian ini probabilitas mutasi yang digunakan adalah $P_m = 1 = 0,01$, artinya akan terdapat $1\% \times \text{popsize}$ kromosom induk yang akan mengalami mutasi gen. Proses mutasi berlangsung dengan mengganti salah satu gen terpilih secara acak dengan nilai baru pada proses acak. Total gen = $m_j \times \text{populasi} = 75 \times 100 = 7500$. Gen yang mengalami mutasi = $0.01 \times 7500 = 75$. Jadi ada 75 gen per generasi yang mengalami mutasi. Diambil bilangan acak antara 0-1 sebanyak total gen $R_k = 7500$.

Setelah proses mutasi, maka dihasilkan populasi dengan nilai eval seperti pada grafik berikut:



Gambar 2. Grafik nilai eval pada hasil akhir

b. **Verifikasi hasil pengolahan data dengan desain kebutuhan produksi di CDU II.**

1. Untuk tahap awal, mengkonversikan prosentase kapasitas produksi CDU II dengan total kapasitas harian dalam CDU II sebesar 230 MB seperti dapat dilihat pada tabel berikut:

Tabel 2. Desain komposisi fraksi produk pada *feed* di CDU II

Fraksi Produk	Nilai Kandungan	Volume feed (MB)
<i>LPG</i>	0.0205	4.715
<i>Light Naphtha</i>	0.0767	17.641
<i>Heavy Naphtha</i>	0.2092	48.116
<i>Kerosene</i>	0.1979	45.517
<i>Light Gas Oil</i>	0.1263	29.049
<i>Heavy Gas Oil</i>	0.0978	22.494
<i>LSWR</i>	0.2714	62.422
Jumlah	0.9998	229.954

2. Selanjutnya mengubah hasil prosentase volume *feed* yang dihasilkan dari metode algoritma genetika dan metode simpleks, dapat dilihat pada tabel 3 sebagai berikut:

Tabel 3. Komposisi volume *feed* tiap tangki hasil dari metode algoritma genetika dan metode simpleks

Tangki	Metode Algoritma Genetika		Metode Simpleks	
	Nilai Kandungan	Volume Feed (MB)	Nilai Kandungan	Volume Feed (MB)
71T-4	0.1795	41.285	0.4088	94.024
71T-12	0.2408	55.384	0.2584	59.432
71T-16	0.3124	71.852	0.1428	32.844
71T-105	0.2663	61.249	0.1885	43.355
Jumlah	0.999	229.77	0.9985	229.655

3. Dari solusi yang dihasilkan algoritma genetik, maka dapat diketahui komposisi volume fraksi produk dalam *feed* pada tabel 4 berikut ini:

Tabel 4. Komposisi fraksi produk dalam *feed* menggunakan algoritma genetika

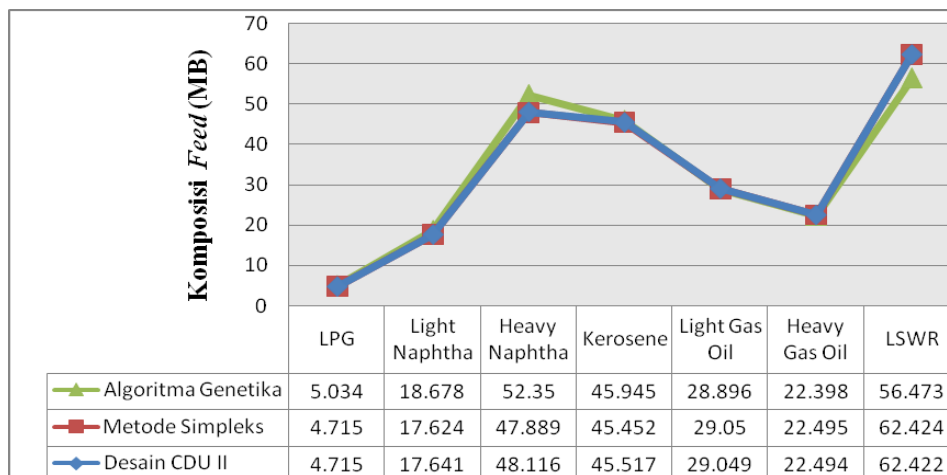
Fraksi Produk	Tangki				Total Feed (MB)
	71T-4	71T-12	71T-16	71T-105	
LPG	0.9619405	0.6978384	2.442968	0.9309848	5.0337317
Light Naphtha	3.360599	3.710728	8.8809072	2.7255805	18.6778147
Heavy Naphtha	7.934977	10.9328016	22.3962684	11.086069	52.350116
Kero	7.6748815	11.9684824	13.9105472	12.3906727	45.9445838
Light Gas Oil	4.9583285	7.8866816	8.2414244	7.8092475	28.895682
Heavy Gas Oil	3.558767	6.6405416	5.4679372	6.7312651	22.3985109
LSWR	12.831378	13.5469264	10.5191328	19.5751804	56.4726176
Total Feed					229.7730567

4. Dari solusi yang dihasilkan metode simpleks, maka dapat diketahui komposisi volume fraksi produk dalam *feed* pada tabel 5 berikut ini:

Tabel 5. Komposisi fraksi produk dalam *feed* menggunakan metode simpleks

Fraksi Produk	Tangki				Total Feed (MB)
	71T-4	71T-12	71T-16	71T-105	
LPG	2.1907592	0.7488432	1.116696	0.658996	4.7152944
Light Naphtha	7.6535536	3.981944	4.0595184	1.9292975	17.6243135
Heavy Naphtha	18.0714128	11.7318768	10.2374748	7.847255	47.8880194
Kerosene	17.4790616	12.8432552	6.3585984	8.7707165	45.4516317
Light Gas Oil	11.2922824	8.4631168	3.7672068	5.5277625	29.0503685
Heavy Gas Oil	8.1048688	7.1258968	2.4994284	4.7647145	22.4949085
LSWR	29.2226592	14.5370672	4.8083616	13.856258	62.424346
Total Feed					229.648882

5. Dari hasil komposisi volume fraksi yang telah diketahui menggunakan algoritma genetika dan metode simpleks, maka dapat digambarkan grafik komposisi volume fraksi produk dengan komposisi volume fraksi produk sesuai desain CDU II seperti pada gambar 3 berikut ini:

Gambar 4. Grafik komposisi volume fraksi produk dalam *feed*

c. **Analisis Hasil**

Pengolahan data yang dilakukan dengan menggunakan algoritma genetik mempunyai hasil yang berbeda dengan penelitian awal dalam penentuan komposisi *crude oil* dalam proses *blending* pada PT PERTAMINA (PERSERO) *Refinery Unit IV*. Berdasarkan hasil penelitian awal menggunakan metode simpleks diperoleh nilai $X_1 = 40.88\%$, $X_2 = 25.84\%$, $X_3 = 14.28\%$, $X_4 = 18.85\%$, dengan total nilai fungsi tujuan adalah 99.85% artinya masih tersisa 0.15 % dari total kapasitas kolom pada *Crude Destilation Unit II* (CDU II) yang tersedia.

Pada hasil penyelesaian menggunakan metode algoritma genetica dihasilkan nilai Eval (V) = f (17.9569, 24.08582, 31.23712, 26.62599) = 99.90583. Artinya didapatkan nilai suaian (eval) sebesar 99.91%. Berdasarkan perhitungan ini dihasilkan nilai $X_1 = 17.9569$; $X_2 = 24.08582$; $X_3 = 31.23712$; $X_4 = 26.62599$.

Dengan melihat hasil penyelesaian dari metode algoritma genetica dan metode simpleks kemudian dibandingkan dengan desain komposisi volume *feed* di CDU II, maka dapat dilihat perbedaan seperti pada tabel 6 berikut ini:

Tabel 6. Perbedaan hasil penyelesaian masalah dari kedua metode dan dengan desain komposisi volume *feed* di CDU II

Fraksi Produk	Desain Produksi CDU II		Metode Simpleks	Metode Algoritma Genetika
	% kapasitas	Volume (MB)	Volume (MB)	Volume (MB)
LPG	2.05	4.715	4.715	5.034
Light Naphtha	7.67	17.641	17.624	18.678
Heavy Naphtha	20.92	48.116	47.889	52.35
Kerosene	19.79	45.517	45.452	45.945
Light Gas Oil	12.63	29.049	29.05	28.896
Heavy Gas Oil	9.78	22.494	22.495	22.398
LSWR	27.14	62.422	62.424	56.473
Total	99.98	229.954	229.649	229.774

Dari tabel diatas dapat dilihat bahwa desain total komposisi volume *feed* di CDU II sebesar 229.954 MB. Hasil pengolahan data menggunakan algoritma genetica menghasilkan total volume *feed* sebesar 229.774 MB dan dengan metode simpleks menghasilkan total volume *feed* sebesar 229.649 MB. Meskipun total volume *feed* dengan menggunakan metode simpleks lebih kecil dibandingkan dengan total volume *feed* hasil dari algoritma genetica, tetapi jika dilihat dari komposisi volume fraksi produk yang dihasilkan metode simpleks menunjukkan hasil yang paling mendekati dengan desain komposisi volume *feed* di CDU II. Karena tidak ada yang melebihi batas maksimal dari desain komposisi volume *feed* yang telah ditentukan di CDU II. Sedangkan hasil pengolahan data menggunakan algoritma genetica menunjukkan beberapa komposisi volume *feed* yang melebihi batas maksimal, seperti kandungan produk *LPG*, *Light Naphtha*, *Heavy Naphtha* dan *kerosene*.

5. KESIMPULAN

Dari hasil pengujian dan analisis hasil yang telah dilakukan dalm penelitian diatas, maka dapat ditarik beberapa kesimpulan sebagai berikut:

- Total nilai fungsi tujuan yang dihasilkan metode algoritma genetica mempunyai nilai sebesar 99.91 %, dan metode simpleks sebesar 99.85%. Berarti total volume *feed* yang dihasilkan jika menggunakan algoritma genetica menghasilkan total volume *feed* sebesar 229.774 MB dan total volume *feed* yang dihasilkan menggunakan metode simpleks sebesar 229.649 MB.
- Komposisi *crude oil* yang akan digunakan untuk proses *blending* yaitu 40.88% dari kapasitas kolom CDU II berasal dari tangki 71T-4 atau sebesar 94.024 MB, 25.84% berasal dari tangki 71T-12 atau sebesar 59.432 MB, 14.28 % berasal dari tangki 71T-16 atau sebesar 32.84 MB, 18.85 %

PENENTUAN KOMPOSISI CRUDE OIL PADA PROSES BLENDING DENGAN PENDEKATAN ALGORITMA GENETIKA

berasal tangki 71T-105 atau sebesar 43.35 MB. *Crude* yang ditarik untuk *feed* belum 100% dapat memenuhi kolom di CDU II, yang berarti belum dapat menghasilkan fraksi kandungan produk yang maksimal sesuai dengan desain produksi yang ditentukan.

- c. Perlu diadakan evaluasi kembali terhadap *blending crude* ini, perusahaan hendaknya mempertimbangkan hasil dari penelitian menggunakan metode simpleks (linier program) dan metode algoritma genetika (heuristik), sehingga nantinya dapat diterapkan kebijakan mengenai perbaikan proses *blending* yang lebih baik.
- d. Perlu dikembangkan lagi penelitian lebih lanjut sehingga nantinya dapat diciptakan suatu *software* yang menggunakan aplikasi algoritma genetika. Hal ini supaya metode algoritma genetika dapat digunakan untuk menyelesaikan permasalahan optimasi *blending* yang lain.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] J. Peng, Z. Li, and B. M. Drakeford, "Dynamic characteristics of crude oil price fluctuation-from the perspective of crude oil price influence mechanism," *Energies*, vol. 13, no. 17, 2020, doi: 10.3390/en13174465.
- [2] C. Jaroenkhasemmesuk, P. Prasertpong, Y. Thanmongkhon, and N. Tippayawong, "Simplex Lattice Approach to Optimize Yields of Light Oil Products from Catalytic Cracking of Bio-Oil with Mixed Catalysts," *Chem. Eng. Commun.*, vol. 204, no. 6, 2017, doi: 10.1080/00986445.2017.1302942.
- [3] X. Yu and M. Gen, "Introduction to Evolutionary Algorithms," *Ind. Eng. Manag. Syst.*, vol. 9, no. 4, 2010, doi: 10.7232/iems.2010.9.4.348.
- [4] D. Whitley, "A genetic algorithm tutorial," *Stat. Comput.*, vol. 4, no. 2, 1994, doi: 10.1007/BF00175354.
- [5] Pertamina, "Sekilas Pertamina," *Situs Resmi Pertamina*. 2020.
- [6] Y. Fei *et al.*, "Crude oil maritime transportation: Market fluctuation characteristics and the impact of critical events," *Energy Reports*, vol. 6, 2020, doi: 10.1016/j.egy.2020.02.017.
- [7] A. S. Tasan and M. Gen, "A genetic algorithm based approach to vehicle routing problem with simultaneous pick-up and deliveries," *Comput. Ind. Eng.*, vol. 62, no. 3, 2012, doi: 10.1016/j.cie.2011.11.025.
- [8] D. W. Cho, Y. H. Lee, T. Y. Lee, and M. Gen, "An adaptive genetic algorithm for the time dependent inventory routing problem," in *Journal of Intelligent Manufacturing*, 2014, vol. 25, no. 5, doi: 10.1007/s10845-012-0727-5.
- [9] A. Bajaj and O. P. Sangwan, "A Systematic Literature Review of Test Case Prioritization Using Genetic Algorithms," *IEEE Access*, vol. 7, 2019, doi: 10.1109/ACCESS.2019.2938260.
- [10] S. Katoch, S. S. Chauhan, and V. Kumar, "A review on genetic algorithm: past, present, and future," *Multimed. Tools Appl.*, vol. 80, no. 5, 2021, doi: 10.1007/s11042-020-10139-6.
- [11] W. Zhang, Z. Xing, D. Yang, W. Hou, C. Wang, and M. Gen, "Multiobjective Particle Swarm Optimization with Improved Selection Strategy for Route Optimization," in *Proceedings - 2019 IEEE International Conference on Smart Manufacturing, Industrial and Logistics Engineering, SMILE 2019*, Apr. 2019, pp. 205–209, doi: 10.1109/SMILE45626.2019.8965307.