



## IMPLEMENTASI ALGORITMA GENETIKA UNTUK ESTIMASI PARAMETER MODEL MATEMATIKA SEIR

Aminatus Sa'adah<sup>1</sup>, Prihantini<sup>2</sup>

Corresponding author: Aminatus Sa'adah

<sup>1</sup>Institut Teknologi Telkom Purwokerto, aminatus@ittelkom-pwt.ac.id

<sup>2</sup>Institut Teknologi Bandung, titinprihantini4@gmail.com

Received : 28 Juli 2023, Revised : 11 April 2024, Accepted : 11 April 2024

### Abstract

The most commonly used mathematical model of the spread of disease is the SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered) model. The dynamics of the SEIR model depend on many factors, one of which is the model parameter values. This study explains the steps for estimating parameters in the SEIR mathematical model using a genetic algorithm. The genetic algorithm is an optimization and search technique based on genetics and natural selection principles. The cumulative dataset of positive cases of COVID-19 in DKI Jakarta province, Indonesia, is used to implement the method. Four parameters are estimated, namely infection rate  $\beta$ , transition rate  $\alpha$ , recovery rate  $\varepsilon$ , and death rate due to disease  $\mu_1$ . Based on the estimation results, the genetic algorithm can obtain parameter values with an error of 8.90%. The estimation parameter results are  $\beta = 0.1908$ ,  $\alpha = 0.5028$ ,  $\varepsilon = 0.0268$ , and  $\mu_1 = 0.1431$ .

*Keywords: Genetic Algorithm, SEIR Model, COVID-19, Parameter Estimation.*

### Abstrak

Model matematika penyebaran penyakit yang paling umum digunakan adalah model SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered). Dinamika model SEIR bergantung pada banyak faktor, salah satunya adalah pada nilai parameter model. Pada penelitian ini, dijelaskan langkah-langkah mengestimasi parameter pada model matematika SEIR menggunakan algoritma genetika. Algoritma genetika adalah teknik optimisasi dan pencarian berbasis prinsip genetika dan seleksi alam. Dataset kumulatif kasus positif COVID-19 di provinsi DKI Jakarta, Indonesia, digunakan sebagai bentuk pengimplementasian metode. Terdapat empat parameter yang diestimasi yaitu laju infeksi  $\beta$ , laju transisi  $\alpha$ , laju kesembuhan  $\varepsilon$ , dan laju kematian akibat penyakit  $\mu_1$ . Berdasarkan hasil estimasi, algoritma genetika mampu mendapatkan nilai-nilai parameter terbaik dengan error sebesar 8.90%. nilai parameter yang diperoleh adalah  $\beta = 0.1908$ ,  $\alpha = 0.5028$ ,  $\varepsilon = 0.0268$ , dan  $\mu_1 = 0.1431$ .

*Kata kunci: Algoritma Genetika, Model SEIR, COVID-19, Estimasi Parameter.*

### 1. Pendahuluan

Model matematika dapat menjadi salah satu alat untuk mempelajari dinamika permasalahan riil, contohnya adalah penyebaran penyakit. Model matematika penyebaran penyakit yang paling umum digunakan adalah model SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) yang pertama kali dikembangkan oleh Kermarck dan McKendrick pada tahun 1927. Model SEIR

terus berkembang untuk menggambarkan dinamika berbagai penyakit seperti COVID-19 [1], dengue [2], kanker [3], tuberculosis [4] [4], diabetes [5] dan lain sebagainya. Dinamika model SEIR bergantung pada banyak faktor, salah satunya adalah pada nilai parameter-parameter model. Banyak model penyakit yang nilai parameternya tidak diketahui secara pasti [6]. Data menjadi salah satu hal penting agar diperoleh model yang

dapat menggambarkan dinamika penyakit dengan tepat. Ketersediaan data dapat digunakan untuk mengestimasi nilai-nilai parameter pada model SEIR. Salah satu metode yang dapat digunakan adalah algoritma genetika. Algoritma genetika adalah teknik optimisasi dan pencarian berbasis prinsip genetika dan seleksi alam [7]. Metode ini pertama kali dikembangkan oleh John Holland (1975). Beberapa peneliti telah menggunakan algoritma genetika untuk mengestimasi parameter pada model matematika SEIR. Algoritma genetika digunakan untuk mencari parameter yang tepat sehingga model dapat menggambarkan dinamika yang paling sesuai berdasarkan data kasus *coronavirus-disease-19* (COVID-19) yang tersedia di negara masing-masing [7], [8], [9], [10], [11]. Namun, penelitian tersebut tidak menjelaskan langkah-langkah penggunaan algoritma genetika secara detail.

Pada penelitian ini, dijelaskan langkah-langkah mengestimasi parameter pada model matematika SEIR menggunakan algoritma genetika. Dataset kumulatif kasus positif COVID-19 di provinsi DKI Jakarta, Indonesia, digunakan sebagai bentuk pengimplementasian metode. Terdapat tiga parameter yang diestimasi yaitu laju infeksi  $\beta$ , laju transisi  $\alpha$ , laju kesembuhan  $\varepsilon$ , dan laju kematian akibat penyakit  $\mu_1$ . Nilai parameter yang diperoleh akan divalidasi berdasarkan model SEIR yang telah disusun. Artikel ini disusun atas empat bab. Bab Satu menjelaskan latar belakang permasalahan. Bab Dua memberikan penjelasan tentang model matematika SEIR, algoritma genetika, serta dataset yang digunakan. Hasil dari penelitian ini diberikan pada Bab Tiga. Terakhir, Bab Empat memberikan kesimpulan dan saran atas keseluruhan penelitian.

## 2. Metode

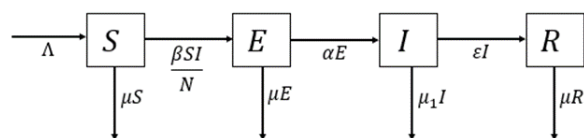
Pada bab ini dijelaskan pembentukan model matematika SEIR, langkah detail algoritma genetika untuk mengestimasi nilai parameter pada model SEIR yang telah disusun, serta dataset yang digunakan dalam penelitian.

## 2.1 Model Matematika SEIR

Model matematika SEIR pertama kali dikembangkan oleh Kermarck dan McKendrick pada tahun 1927. Model SEIR membagi total populasi manusia kedalam empat kompartemen, yaitu individu rentan  $S$ , individu eksposed  $E$ , individu terinfeksi  $I$ , dan individu sembuh  $R$  [12]. Kompartemen individu rentan akan bertambah dengan laju rekrutmen sebesar  $\Lambda$  dan berkurang karena kematian alami  $\mu S$ . Kompartemen rentan yang terinfeksi dengan laju infeksi sebesar  $\beta SI/N$  akan masuk ke kompartemen eksposed. Kompartemen eksposed dapat sembuh dengan laju kesembuhan  $\varepsilon I$  dan masuk ke kompartemen  $R$ . Kompartemen eksposed dan sembuh berkurang karena kematian alami dengan laju berturut-turut sebesar  $\mu E$  dan  $\mu R$ . Sedangkan kompartemen terinfeksi dapat berkurang akibat kematian karena penyakit dengan laju  $\mu_1 I$  [12]. Berdasarkan pemaparan tersebut, diperoleh model matematika SEIR sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Lambda - \frac{\beta SI}{N} - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \alpha E - \mu E, \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha E - \varepsilon I - \mu_1 I, \\ \frac{dR}{dt} &= \varepsilon I - \mu R. \end{aligned} \quad (1)$$

dengan  $S(t), E(t), I(t), R(t) \geq 0$ , untuk setiap  $t \geq 0$ . Deskripsi kompartemen dan parameter diberikan pada Tabel 1 dan Tabel 2.



Gambar 1. Diagram transmisi model SEIR

Tabel 1. Deskripsi kompartemen model

Notasi	Deskripsi	Satuan
$S(t)$	Jumlah individu rentan pada saat $t$	Orang
$E(t)$	Jumlah individu exposed pada saat $t$	Orang
$I(t)$	Jumlah individu terinfeksi pada saat $t$	Orang
$R(t)$	Jumlah individu sembuh pada saat $t$	Orang

Tabel 2. Deskripsi parameter model

Notasi	Deskripsi	Nilai	Satuan
$\Lambda$	Laju rekrutmen	$\frac{N}{365 \times 74.8}$ [13]	Orang $\times$ hari <sup>-1</sup>
$\beta$	Laju infeksi	Diestimasi	Hari <sup>-1</sup>
$\alpha$	Laju transisi kompartemen rentan ke kompartemen eksposed	Diestimasi	Hari <sup>-1</sup>
$\varepsilon$	Laju kesembuhan	Diestimasi	Hari <sup>-1</sup>
$\mu$	Laju kematian alami	$\frac{1}{365 \times 74.8}$ [13]	Hari <sup>-1</sup>
$\mu_1$	Laju kematian karena penyakit	Diestimasi	Hari <sup>-1</sup>

## 2.2 Algoritma Genetika

Penjelasan algoritma genetika pada subbab ini mengacu pada [8] dan [14]. Beberapa keunggulan Algoritma Genetika diantaranya adalah: dapat mengoptimasi variabel diskrit maupun kontinu; tidak memerlukan informasi turunan fungsinya; mencari sampel dari domain luas secara bersamaan; mengoptimasi variabel dengan permukaan biaya (*fitness*) yang sangat kompleks (dapat melompati lokal minima); mendapatkan sekelompok variabel optimal, tidak hanya satu solusi tunggal; dapat bekerja pada data bangkitan, data eksperimental, ataupun fungsi analitik.

Algoritma genetika terdiri atas empat komponen inti yaitu populasi kromosom (individu), seleksi induk berdasarkan nilai *fitness*, pindah silang (*cross over*) untuk menghasilkan individu anak, dan mutasi secara acak. Seleksi pasangan (*selection*) adalah memilih dua kromosom dari kumpulan calon individu induk untuk menghasilkan dua individu baru (*offspring*). Pindah silang (*cross over*) merupakan pembentukan satu atau dua individu baru (*offspring*) dari individu induk yang terpilih dari proses seleksi. Mutasi (*mutation*) yaitu mengubah satu atau beberapa individu pada populasi dengan individu baru.

Pada penelitian ini, estimasi parameter diterapkan pada data kumulatif kasus COVID-19 di provinsi DKI Jakarta, Indonesia, berdasarkan model matematika SEIR pada sistem (1). Flowchart estimasi parameter model SEIR diberikan pada Gambar 2. Tahapan implementasi algoritma genetika untuk estimasi parameter model SEIR penyebaran COVID-19 secara detail diberikan sebagai berikut [9], [10]:

- 1) Menentukan nilai parameter skema AG yaitu ukuran populasi (*npop*), jumlah gen/individu/kromosom (*nvar*), jumlah

generasi yang menyatakan jumlah iterasi (*nngen*), probabilitas pindah silang (*xrate*), dan probabilitas mutasi (*mutrate*).

- 2) Membangkitkan populasi kromosom secara random berdistribusi Normal dengan rata-rata nol dan variansi satu,  $N(0,1)$ , berorde ( $npop \times nvar$ ) kemudian mentransformasikannya kedalam interval batas bawah dan batas atas (*a, b*) dengan formula:

$$pop_{baru} = a + (b - a) \times rand(0,1) \quad (2)$$

Kromosom yang terbentuk pada tahap ini dijadikan sebagai populasi awal.

- 3) Menghitung solusi numerik model SEIR menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 dengan package *ode45 solver* pada software MATLAB.
- 4) Melakukan seleksi sejumlah kromosom pada populasi menjadi subpopulasi individu induk. Banyaknya individu induk yang masih bertahan menjadi subpopulasi individu induk ditentukan oleh formula:

$$nbertahan = round(npop \times xrate) \quad (3)$$

- 5) Membuat urutan peringkat dari *nbertahan* sampai satu.
- 6) Menghitung *peringkat kumulatif* =  $\frac{nbertahan \times (nbertahan + 1)}{2}$ .

- 7) Membuat matriks probabilitas kumulatif berorde ( $nbertahan \times 1$ ) dengan elemen ke-*k* adalah:

$$prob_{kum}(k) = \frac{\sum_{x=1}^k peringkat(x)}{peringkat\ kumulatif}, \quad (4)$$

dengan  $peringkat(x) = nbertahan + 1 - x$ .

Besaran  $\frac{peringkat(x)}{peringkat\ kumulatif}$  menyatakan probabilitas individu rangking *x* terpilih menjadi individu induk.

- 8) Melakukan evaluasi nilai *fitness* (fungsi objektif) untuk setiap kromosom pada

populasi. Nilai *fitness* pada estimasi parameter ini dihitung menggunakan *Root Mean Square Error* (RMSE). Sehingga nilai *fitness* dihitung seperti pada persamaan berikut:

$$e = \sqrt{\sum_{i=1}^n \frac{(y_i^* - y_i)^2}{n}}, \quad (5)$$

dengan  $y_i$  menyatakan data riil kumulatif kasus positif COVID-19 pada hari ke- $i$  dan  $y_i^*$  menyatakan data numerik hasil ode45 kumulatif kasus positif COVID-19 pada hari ke- $i$ . Pada model SEIR sistem (1), kumulatif kasus positif COVID-19 merupakan jumlahan dari individu terinfeksi dan individu sembuh, sehingga

$$y(t) = I(t) + R(t). \quad (6)$$

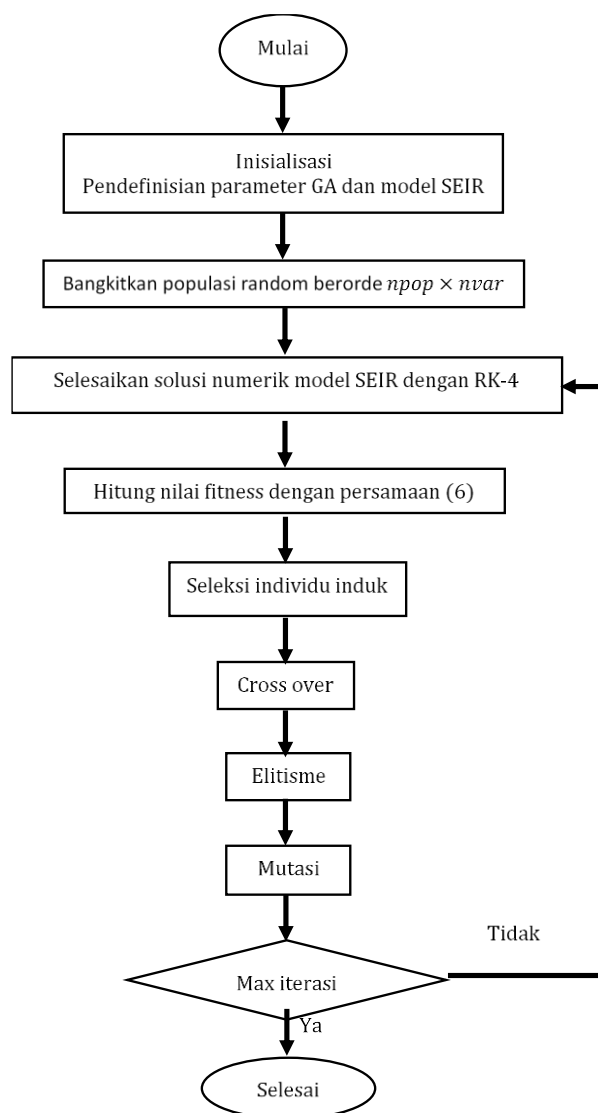
Nilai  $I(t)$  dan  $R(t)$  merupakan solusi numerik model SEIR yang diperoleh dari langkah (4).

- 9) Memilih sejumlah pasangan pada subpopulasi individu induk.
- 10) Melakukan proses pindah silang (*cross over*) pada dua individu induk untuk menghasilkan dua individu baru (individu anak atau *offspring*). Lalu tempatkan individu anak ke populasi kromosom. Metode pindah silang yang digunakan pada penelitian ini adalah kombinasi linier. Untuk merapkan metode kombinasi linier, diperlukan suatu bilangan acak  $\gamma$  dengan  $0 < \gamma < 1$ . Dua individu anak  $c$  dan  $d$  dapat diperoleh dari kombinasi linier individu induk  $a$  dan  $b$  dengan formula:

$$c = \gamma a + (1 - \gamma)b, \quad (7)$$

$$d = (1 - \gamma)a + \gamma b. \quad (8)$$

- 11) Melakukan elitisme agar kromosom dengan nilai *fitness* terbaik tidak mengalami mutasi.
- 12) Melakukan proses mutasi secara acak pada sejumlah kromosom dengan cara mengganti gen terpilih dengan nilai acak.
- 13) Bentuk populasi baru dengan menggabungkan kromosom hasil elitisme pada langkah 12) dan kromosom hasil mutasi pada langkah 13).
- 14) Pilih kromosom dengan nilai *fitness* terkecil. Mengecek apakah kondisi akhir sudah terpenuhi yaitu iterasi ke- $n$ . Jika tidak, kembali ke langkah 8). Jika terpenuhi maka tampilkan hasil pada langkah 15) sebagai solusi permasalahan.



**Gambar 2. Flowchart algoritma genetika estimasi parameter model SEIR**

### 2.3 Dataset

Penelitian ini menggunakan dataset jumlah kumulatif kasus positif COVID-19 yang bersumber dari website <https://corona.jakarta.go.id/id>. Terdapat dua dataset yang digunakan, yaitu Dataset 1 adalah interval kasus tanggal 1 April – 31 Agustus 2020 sedangkan Dataset 2 adalah interval kasus tanggal 23 Maret – 31 Juli 2021. Dataset 1 dan 2 secara ringkas dapat dilihat pada Tabel 3 dan Tabel 4. Data kumulatif kasus positif dipilih dibandingkan data kasus aktif dikarenakan data kumulatif memiliki trend data yang tidak se-fluktuatif data kasus aktif. Sehingga lebih mudah untuk ditemukan pola trend data dan lebih cocok untuk metode estimasi AG.

**Tabel 3. Dataset 1**

Tanggal	Jumlah kumulatif kasus COVID-19 (Orang)
01/04/2020	816
02/04/2020	909
03/04/2020	990
04/04/2020	1071
05/04/2020	1151
⋮	⋮
31/08/2020	40.309

**Tabel 3. Dataset 2**

Tanggal	Jumlah kumulatif kasus COVID-19 (Orang)
23/03/2021	372871
24/03/2021	373761
25/03/2021	375487
26/03/2021	376868
27/03/2021	378222
⋮	⋮
31/07/2021	814635

### 3. Pembahasan

Pada bab ini dijelaskan hasil penelitian yaitu estimasi nilai parameter model SEIR yang telah diperoleh. Terdapat empat parameter model sistem (1) yang diestimasi yaitu  $\beta$ ,  $\alpha$ ,  $\varepsilon$ , dan  $\mu_1$ . Sedangkan nilai parameter lainnya menggunakan nilai pada Tabel 2. Solusi model SEIR pada sistem (1) didapatkan menggunakan algoritma Runge-Kutta orde 4 dengan bantuan *ode45 solver* pada MATLAB. Kestabilan dan kekonvergenan algoritma Runge-Kutta orde 4 dapat dilihat pada [15].

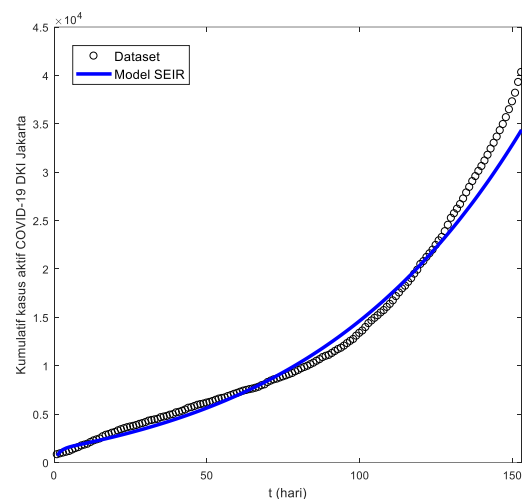
Salah satu tahapan dalam algoritma genetika adalah mutasi gen (individu). Tahapan mutasi merupakan tahap eksplorasi ruang solusi untuk mendapatkan solusi yang paling optimal. Sehingga penelitian ini dilakukan dengan mengambil enam variasi nilai laju mutasi (*mutrate*) yaitu 0.05, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, dan 0.5 [8]. Selanjutnya dilakukan tujuh kali percobaan untuk masing-masing nilai *mutrate* dan dipilih nilai parameter dengan error terkecil untuk masing-masing *mutrate*.

Estimasi parameter Dataset 1 dari keenam nilai *mutrate* diberikan pada Tabel 5. Berdasarkan Tabel 5, diperoleh bahwa error terkecil yaitu 8.90% terjadi saat nilai *mutrate* = 0.1. Nilai parameter terbaik hasil estimasi Dataset 1 diberikan pada Tabel 6, yaitu  $\beta = 0.1908$ ,  $\alpha = 0.5028$ ,  $\varepsilon = 0.0268$ ,

dan  $\mu_1 = 0.1431$ . Selanjutnya dilakukan validasi nilai parameter yang telah diperoleh terhadap model SEIR pada sistem (1). Grafik validasi dataset dan model SEIR diberikan pada Gambar 3. Berdasarkan Gambar 3, terlihat bahwa model dapat mengikuti dataset dengan cukup baik.

**Tabel 5. Nilai parameter terbaik Dataset 1 untuk masing-masing *mutrate***

Mutation rate	$\beta$	$\alpha$	$\varepsilon$	$\mu_1$	Error (%)
0.05	0.3447	0.5366	0.0571	0.2706	10.11
0.1	0.1908	0.5028	0.0268	0.1431	8.90
0.2	0.3490	0.9482	0.0397	0.2936	10.74
0.3	0.3690	0.3157	0.0686	0.2742	9.88
0.4	0.4857	0.3573	0.0822	0.3766	10.31
0.5	0.4042	0.6919	0.0351	0.3444	9.75



**Gambar 3. Validasi model dan dataset 1**

**Tabel 6. Nilai parameter hasil estimasi Dataset 1**

Parameter	Nilai
$\beta$	0.1908
$\alpha$	0.5028
$\varepsilon$	0.0268
$\mu_1$	0.1431

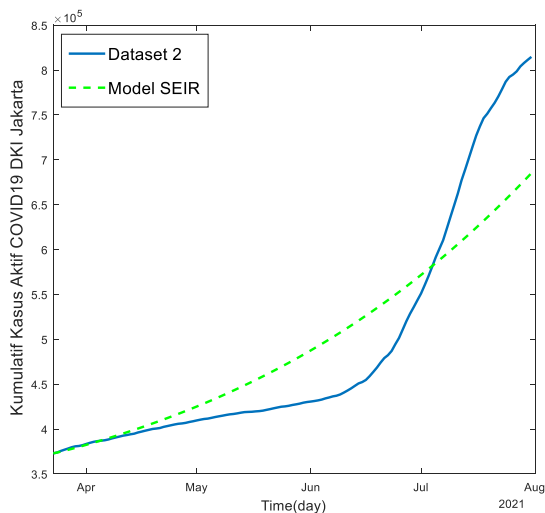
Hasil estimasi parameter Dataset 2 dari keenam nilai *mutrate* diberikan pada Tabel 7. Berdasarkan Tabel 7, diperoleh bahwa error terkecil yaitu 31.21% terjadi saat nilai *mutrate* = 0.5. Nilai parameter terbaik hasil estimasi Dataset 2 diberikan pada Tabel 8, yaitu  $\beta = 0.1929$ ,  $\alpha = 0.1209$ ,  $\varepsilon = 0.0485$ , dan  $\mu_1 = 0.1095$ . Selanjutnya dilakukan validasi nilai parameter yang telah diperoleh terhadap model SEIR pada sistem (1). Grafik validasi dataset dan model SEIR diberikan pada Gambar 4.

**Tabel 7. Nilai parameter terbaik Dataset 2 untuk masing-masing *mutrate***

Mutation rate	$\beta$	$\alpha$	$\varepsilon$	$\mu_1$	Error (%)
0.05	0.3215	0.2008	0.1123	0.1672	31.79
0.1	0.3534	0.2125	0.0967	0.2112	31.92
0.2	0.1868	0.0623	0.0485	0.0764	31.58
0.3	0.2980	0.1960	0.1359	0.1232	31.77
0.4	0.1630	0.1052	0.0567	0.0747	31.27
0.5	0.1929	0.1209	0.0485	0.1095	31.21

**Tabel 8. Nilai parameter hasil estimasi Dataset 2**

Parameter	Nilai
$\beta$	0.1929
$\alpha$	0.1209
$\varepsilon$	0.0485
$\mu_1$	0.1095



**Gambar 4. Validasi model dan dataset 2**

Berdasarkan Gambar 4, jika dibandingkan nilai error antara Dataset 1 dan Dataset 2, terdapat perbedaan yang signifikan. Nilai error dari hasil estimasi mode dengan Dataset 2 dapat dikatakan cukup tinggi. Hal tersebut menunjukkan bahwa AG belum mampu melakukan *fitting* data dengan baik terhadap Dataset 2. Dengan kata lain perlu dilakukan upgrade terhadap metode estimasi yang digunakan ataupun membagi dataset kedalam interval tertentu dengan pola data yang lebih mendekati pola eksponensial.

#### 4. Penutup

Nilai parameter pada model SEIR telah diestimasi menggunakan algoritma genetika. Dataset kumulatif kasus positif COVID-19 di DKI Jakarta, Indonesia, digunakan untuk

pengimplementasian metode. Nilai parameter terbaik hasil estimasi Dataset 1 dengan error numerik 8.90% yaitu  $\beta = 0.1908$ ,  $\alpha = 0.5028$ ,  $\varepsilon = 0.0268$ , dan  $\mu_1 = 0.1431$ . Nilai parameter terbaik hasil estimasi Dataset 2 dengan error numerik sebesar 31.21% yaitu  $\beta = 0.1929$ ,  $\alpha = 0.1209$ ,  $\varepsilon = 0.0485$ , dan  $\mu_1 = 0.1095$ . terdapat perbedaan yang signifikan pada error numerik Dataset 1 dan Dataset 2. Untuk penelitian berikutnya, dapat ditambahkan dataset yang mewakili kompartemen *susceptible*, *exposed*, maupun *recovered* maupun upgrade metode estimasi agar diperoleh nilai parameter yang lebih menggambarkan kondisi riil.

#### Referensi

- [1] N. Nuraini, K. K. Sukandar, P. Hadisoemarto, H. Susanto, A. I. Hasan, and N. Sumarti, "Mathematical models for assessing vaccination scenarios in several provinces in Indonesia," *Infect. Dis. Model.*, vol. 6, pp. 1236–1258, 2021, doi: 10.1016/j.idm.2021.09.002.
- [2] X. Li, L. Cai, M. Murshed, and J. Wang, "Dynamical analysis of an age-structured dengue model with asymptomatic infection," *J. Math. Anal. Appl.*, vol. 524, no. 2, p. 127127, 2023, doi: 10.1016/j.jmaa.2023.127127.
- [3] A. Sa'adah, D. A. Kamil, and G. E. Setyowisnu, "Modeling The Viral Dynamics of SARS-CoV-2 Infection On Tumor-Immune System Treated By Chemotherapy," *AIP Conf. Proc.*, vol. 2498, no. August, 2022, doi: 10.1063/5.0091002.
- [4] K. Das, B. S. N. Murthy, S. A. Samad, and M. H. A. Biswas, "Mathematical transmission analysis of SEIR tuberculosis disease model," *Sensors Int.*, vol. 2, no. July, p. 100120, 2021, doi: 10.1016/j.sintl.2021.100120.
- [5] D. Acharya and D. K. Das, "An efficient nonlinear explicit model predictive control to regulate blood glucose in type-1 diabetic patient under parametric uncertainties," *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 71, no. PA, p. 103166, 2022, doi: 10.1016/j.bspc.2021.103166.
- [6] F. Assegaf, R. Saragih, and D. Handayani, "Adaptive Sliding Mode

- Control for Cholera Epidemic Model,” *IFAC-PapersOnLine*, vol. 53, no. 2, pp. 16092–16099, 2020, doi: 10.1016/j.ifacol.2020.12.428.
- [7] Y. Zelenkov and I. Reshetsov, “Analysis of the COVID-19 pandemic using a compartmental model with time-varying parameters fitted by a genetic algorithm,” *Expert Syst. Appl.*, vol. 224, no. December 2022, p. 120034, 2023, doi: 10.1016/j.eswa.2023.120034.
- [8] Windarto, S. W. Indratno, N. Nuraini, and E. Soewono, “A comparison of binary and continuous genetic algorithm in parameter estimation of a logistic growth model,” *AIP Conf. Proc.*, vol. 1587, no. Symomath 2013, pp. 139–142, 2014, doi: 10.1063/1.4866550.
- [9] E. A. D. Kurniawan, F. Fatmawati, and A. Dianpermatasari, “Model Matematika SEAR dengan Memperhatikan Faktor Migrasi Terinfeksi untuk Kasus COVID-19 di Indonesia,” *Limits J. Math. Its Appl.*, vol. 18, no. 2, p. 142, 2021, doi: 10.12962/limits.v18i2.7774.
- [10] P. Yarsky, “Using a genetic algorithm to fit parameters of a COVID-19 SEIR model for US states,” *Math. Comput. Simul.*, vol. 185, pp. 687–695, 2021, doi: 10.1016/j.matcom.2021.01.022.
- [11] D. Okuonghae and A. Omame, “Analysis of a mathematical model for COVID-19 population dynamics in Lagos, Nigeria,” *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 139, p. 110032, 2020, doi: 10.1016/j.chaos.2020.110032.
- [12] Q. Sun, T. Miyoshi, and S. Richard, “Analysis of COVID-19 in Japan with extended SEIR model and ensemble Kalman filter,” *J. Comput. Appl. Math.*, vol. 419, p. 114772, 2023, doi: 10.1016/j.cam.2022.114772.
- [13] Badan pusat statistik, “Angka harapan hidup (AHH) menurut provinsi dan jenis kelamin (Tahun) 2018-2020.” <https://www.bps.go.id/indicator/40/501/1/angka-harapan-hidup-ahh-menurut-provinsi-dan-jenis-kelamin.html> (accessed Jan. 31, 2024).
- [14] T. A. Prasetyo, R. Saragih, and D. Handayani, “Genetic algorithm to optimization mobility-based dengue mathematical model,” *Int. J. Electr. Comput. Eng.*, vol. 13, no. 4, pp. 4535–4546, 2023, doi: 10.11591/ijece.v13i4.pp4535-4546.
- [15] A. I. Abdel Karim, “The stability of the fourth order Runge-Kutta method for the solution of systems of differential equations,” *Commun. ACM*, vol. 9, no. 2, pp. 113–116, 1966, doi: 10.1145/365170.365213.