



PEMODELAN MATEMATIKA PADA PENYEBARAN PENYAKIT *TUBERCULOSIS* DI PROVINSI JAWA TIMUR

Firda Yunita Sari¹, Rahmania Maulidya², Moh. Aditya Sirojul Hilmi³, Sharenada Norisdita Wahyudi⁴, Velicia Fransisca⁵, Anindya Maya Putri⁶, Ahmad Hanif Asyhar⁷, Nurissaidah Ulinnuha⁸

Corresponding author: Firda Yunita Sari

¹Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, firdasari465@gmail.com

²Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, rahmania.maulidya4503@gmail.com

³Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, madityasrjh01@gmail.com

⁴Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, sharenadaw@gmail.com

⁵Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, fvelicia9@gmail.com

⁶Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, anindyamp05@gmail.com

⁷Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, hanif@uinsa.ac.id

⁸Universitas Islam Negeri Sunan Ampel Surabaya, nuris.ulinnuha@uinsa.ac.id

Received : 26 Februari 2024, Revised : 12 Agustus 2024, Accepted : 18 Agustus 2024

Abstract

Tuberculosis (TBC) is a contagious respiratory disease triggered by *Mycobacterium Harituberculosis*. TBC ranks second only to COVID-19 as the infectious disease with the highest mortality rate worldwide. In 2020, Indonesia ranks 3rd in the highest case of TBC under India and China. In 2021, East Java Province ranked third highest with 466,297 TBC cases. This research aims to determine the results of the stability analysis of the mathematical model and simulation of the dynamics of the spread of tuberculosis disease in 2021 in East Java with an update, namely the comparison of trial parameters using the 4th-order runge-kutta method and the SITR mathematical model. The model is a development of the SIR model by adding the T (treatment) compartment. In the study, the results of the SITR mathematical model of tuberculosis disease obtained the stability of the endemic equilibrium point and the instability of the disease-free equilibrium point. This is due to the primary reproduction number of the two parameters $R_0 > 1$, which indicates that tuberculosis in East Java Province can potentially cause an outbreak. Therefore, efforts are needed to prevent and control the spread of this disease to reduce its impact on public health.

Keywords : East Java, Mathematical Model, Runge-Kutta, SITR, TBC

Abstrak

Tuberculosis yang banyak dikenal dengan sebutan TBC ialah suatu penyakit pernapasan yang menular, dipicu karena adanya *Mycobacterium Harituberculosis*. TBC menempati peringkat ke-2 setelah COVID-19 sebagai penyakit menular dengan tingkat kematian tertinggi di seluruh dunia. Pada tahun 2020 Indonesia menempati urutan ke-3 dalam kasus TBC tertinggi dibawah India dan Tiongkok. Pada tahun 2021 Provinsi Jawa Timur menjadi peringkat tertinggi ketiga dengan kasus TBC sebesar 466.297 jiwa. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hasil analisis kestabilan model matematis dan simulasi dari dinamika penyebaran penyakit TBC pada tahun 2021 di Jawa Timur dengan keterbaruan yaitu perbandingan parameter uji coba menggunakan metode runge-kutta orde 4 dan model matematis SITR. Model tersebut merupakan pengembangan dari model SIR dengan menambahkan kompartemen T (*treatment*). Dalam penelitian didapatkan hasil dari model matematika SITR pada penyakit *tuberculosis* memperoleh kestabilan titik kesetimbangan endemik dan ketidakstabilan titik kesetimbangan bebas penyakit, hal ini disebabkan bilangan reproduksi dasar kedua parameter $R_0 > 1$, yang menunjukkan bahwasanya *Tuberculosis* di Provinsi Jawa Timur berpotensi mewabah. Maka diperlukan upaya dalam mencegah dan mengendalikan penyebaran penyakit ini supaya mengurangi dampaknya terhadap kesehatan masyarakat.

1. Pendahuluan

Tuberculosis paru (TBC) disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium harituberculosis* (*M. tuberculosis*). Bakteri ini adalah jenis mikroorganisme aerob yang dapat bertahan hidup di dalam organ tubuh dengan tingkat oksigen yang tinggi, terutama di paru-paru [1]. *M. tuberculosis* tahan terhadap keasaman dan sensitif terhadap sinar ultraviolet. Oleh karena itu, bakteri ini memiliki perkembangan yang cepat dan termasuk dalam kategori penyakit menular [2].

Menurut *Global Burden of Disease* TBC menempati peringkat ke-2 setelah COVID-19 sebagai penyakit menular dengan tingkat kematian tertinggi di seluruh dunia [3]. Dari data WHO tahun 2019, penyakit TBC menginfeksi setiap bagian di dunia dengan 43% pada penduduk wilayah Asia Tenggara yang diperkirakan sekitar 4,3 juta orang menderita TBC dengan 632.000 di antaranya yang meninggal akibat penyakit tersebut [4]. Di tahun 2020 Indonesia menjadi peringkat ke-3 di bawah India dan Tiongkok dengan kasus TBC tertinggi dan memberikan kontribusi $\frac{2}{3}$ dari total kasus TBC, dengan 842.000 kasus dan hanya sekitar $\frac{1}{3}$ orang dengan TBC resistan obat (TBC-RO) yang mengakses pengobatan [5].

Jawa timur adalah satu diantara provinsi padat penduduk di Indonesia yang berhasil menemukan 43.268 jiwa penderita TBC yang merupakan kasus terbanyak ketiga setelah Jawa Barat dan Jawa Tengah [6]. Berdasarkan tingginya jumlah kasus TBC di Provinsi Jawa Timur penting untuk memahami dinamika penyebaran penyakit epidemik ini melalui penggunaan pemodelan matematika dengan satu diantaranya yaitu SITR (*Susceptible - Infected - Treatment - Recovered*) yang kemudian disimulasikan menggunakan metode Runge-Kutta orde 4 [7].

Penelitian mengenai model SITR TBC di Provinsi Aceh yang dilakukan oleh Zahwa dkk memperoleh hasil yaitu memperoleh $R_0 = 0,1240$. Hasil tersebut dalam sebaran penyakit TBC ini berpotensi menjadi landasan bagi Dinas Kesehatan atau Pemerintah Aceh dalam mengantisipasi penularannya [8]. Penelitian oleh Puspitasari dkk tentang model

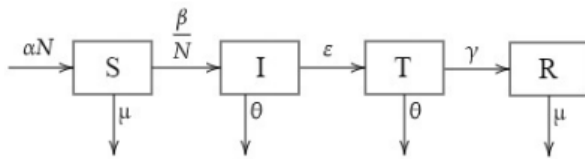
SITR fraksional untuk dinamika penyebaran TBC mendapatkan hasil nilai $R_0 = 3,75$, ini menunjukkan bahwa subpopulasi yang terinfeksi meningkat jika tidak ada dari perlakuan khusus [9]. Penelitian tentang model SITR pada sebaran penyakit TBC tahun 2015 di Kota Makassar yang dilakukan oleh Nur Fajri, diperoleh 3 bilangan reproduksi dasar dari perbandingan parameter yaitu $R_0 = 0,8823$; $R_0 = 0,9595$; dan $R_0 = 1,0433$. Hasil bilangan reproduksi dasar tertinggi yaitu $R_0 > 1$ ini mengindikasikan bahwa penyakit TBC berstatus endemik [10]. Di sisi lain terdapat penelitian mengenai model penyebaran TBC di Jawa Timur memperoleh hasil $R_0 = 0,00001$ yang mengindikasikan bahwa penyakit TBC di Jawa Timur tidak mewabah [11]. Namun, mengingat tingginya angka TBC di Jawa Timur sebagaimana disebutkan di atas, diperlukan pemodelan dan simulasi kembali dengan menggunakan data terbaru dan beberapa parameter uji coba yang lebih merepresentasikan kondisi sebenarnya.

Berlandaskan permasalahan yang terjadi dan didukung dengan penelitian terdahulu, tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui hasil analisis kestabilan model matematis dan simulasi dari dinamika penyebaran penyakit TBC pada tahun 2021 di Jawa Timur dengan keterbaruan yaitu perbandingan parameter uji coba. Dengan demikian, diharapkan supaya dapat disusun strategi intervensi yang lebih optimal dalam penanggulangan penyakit TBC di Jawa Timur pada masa mendatang.

2. Metode

Model yang digunakan dalam penelitian ini adalah model SITR. Model ini menggunakan asumsi bahwa jumlah tingkat kelahiran dan jumlah tingkat kematian alami memiliki nilai yang sama; terdapat orang yang meninggal secara alami karena faktor penyakit lain dan faktor usia; penyakit tuberculosis kompartemen *I* (*infected*), tingkat penyebaran atau penularan, dan hubungan antara rentan dan terinfeksi. Akibatnya diperoleh diagram kompartemen model

penyebaran *tuberculosis* dengan kendali sebagai berikut [12].



Gambar 1. Kompartemen SITR

Model matematika epidemiologi penyebaran penyakit tuberculosis SITR dapat dimodelkan sebagai sistem persamaan differensial non-linear yang dimensional atau memiliki satuan untuk banyak individu sebagai berikut:

$$\dot{S}(t) = \frac{dS(t)}{dt} = \alpha N - S(t) \left(\frac{\beta I(t)}{N} + \mu \right) \quad (1)$$

$$\dot{I}(t) = \frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta S(t)I(t)}{N} - I(t)(\epsilon + \theta) \quad (2)$$

$$\dot{T}(t) = \frac{dT(t)}{dt} = \epsilon I(t) - T(t)(\gamma + \theta) \quad (3)$$

$$\dot{R}(t) = \frac{dR(t)}{dt} = \gamma T(t) - R(t) \mu \quad (4)$$

Dimana jumlah total populasi penduduk $N = S(t) + I(t) + T(t) + R(t)$ (5)

Keterangan:

- N : Total populasi
- $S(t)$: Banyak individu rentan dalam waktu tertentu
- $I(t)$: Banyak individu terinfeksi dalam waktu tertentu
- $T(t)$: Banyak individu penderita yang terobati dalam waktu tertentu
- $R(t)$: Banyak individu sembuh dalam waktu tertentu
- α : Laju populasi penduduk
- μ : Laju kematian alami
- β : Laju individu terinfeksi
- θ : Laju kematian akibat *tuberculosis*
- ϵ : Laju individu terinfeksi diberi *treatment*
- γ : Laju individu berhasil *treatment*

2.1. Titik Kesetimbangan

Sistem persamaan model penyebaran penyakit merupakan sistem persamaan differensial non-linear [13]. Titik kesetimbangan adalah titik di mana sistem tidak berubah secara historis (t). Sebagaimana dimisalkan suatu sistem persamaan differensial

$\dot{x} = \frac{dx}{dt}$. Dimana titik $\bar{x} \in R^n$ merupakan titik kesetimbangan dari suatu persamaan differensial $\dot{x} = f(x)$, apabila memenuhi kondisi stasioner $f(x) = 0$ [14].

2.2. Analisis Kesetabilan Nilai Eigen dan Vektor Eigen.

Analisis kestabilan diperlukan untuk menentukan apakah suatu penyakit menyebar atau hilang dari suatu populasi. Dengan menggunakan metode Linearisasi, kestabilan sistem dapat diukur pada titik kesetimbangan. Matriks Jacobian berikut diperoleh dari persamaan differensial dengan deret Taylor di sekitar titik kesetimbangan [15]:

$$A = \frac{\partial f(\bar{x})}{\partial x} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1(\bar{x})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1(\bar{x})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_1(\bar{x})}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2(\bar{x})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2(\bar{x})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_2(\bar{x})}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n(\bar{x})}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n(\bar{x})}{\partial x_2} & \dots & \frac{\partial f_n(\bar{x})}{\partial x_n} \end{bmatrix} \quad (6)$$

Jika terdapat matriks persegi A berukuran $n \times n$ dengan elemen bilangan real dan S dinyatakan sebagai himpunan semua vektor kolom $n \times 1$, persamaannya dapat ditulis $Ax = \lambda x$. Selanjutnya adalah menentukan vektor eigen dari matriks A berukuran $n \times n$ dengan cara menuliskan persamaan $(A - \lambda I)x = 0$, dengan keterangan I merupakan matriks identitas. Kemudian untuk mencari nilai eigen persamaan akan memiliki solusi tak nol jika dan hanya jika $\det(A - \lambda I)x = 0$ [16].

2.3. Routh-Hurwitz

Kriteria kesetabilan Routh-Hurwitz dapat digunakan untuk menunjukkan kestabilan suatu sistem dengan menggunakan koefisien persamaan karakteristik tanpa menghitung akar-akarnya secara langsung [17].

2.4. Bilangan Reproduksi Dasar

Parameter batasan yang biasanya digunakan dalam model epidemiologi penyakit menular adalah bilangan reproduksi dasar (R_0) [14]. Bilangan reproduksi dasar (R_0) didapat dengan mencari nilai eigen pada matriks Jacobian dari nilai titik ekuilibrium

bebas penyakit. Sehingga didapatkan kondisi jika $R_0 < 1$, maka titik kesetimbangan bebas penyakit dikategorikan stabil secara asimtotik lokal yang berarti penyakit ini tidak akan mewabah. Sedangkan, apabila didapati $R_0 > 1$ maka titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil dan memiliki kemungkinan akan mewabah dan meluas. Yang terakhir apabila $(R_0) = 0$, yang menandakan penyakit tersebut akan bersifat tetap dan tidak menular ke siapapun [18].

2.5. Runge-Kutta Orde Empat

Metode Runge-Kutta orde empat digunakan untuk menyelesaikan permasalahan nilai awal dan interval agar mendapatkan hasil akurat pada persamaan differensial linear maupun nonlinear [19]. Bentuk metode Runge-Kutta secara umum:

$$y_{i+1} = y_i + h(a_1k_1 + a_2k_2 + \dots + a_nk_n) \quad (7)$$

Dengan nilai k adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} k_1 &= f(x_i, y_i) \\ k_2 &= f(x_i + c_1h, y_i + d_1k_1h) \\ k_3 &= f(x_i + c_2h, y_i + d_2k_1h + d_3k_2h) \\ k_4 &= f(x_i + c_3h, y_i + d_4k_1h + d_5k_2h + d_6k_3h) \\ &\vdots \\ k_n &= f(x_i + c_{n-1}h, y_i + d_{n-1}k_1h + d_{n-2}k_2h + \dots + d_{n-i}k_{n-i}h) \end{aligned}$$

Maka dapat dikembangkan menjadi bentuk Runge-Kutta orde empat secara umum dituliskan sebagai berikut:

$$y_{i+1} = y_i + \frac{1}{6}(1k_1 + 2k_2 + 2k_3 + 1k_4) \quad (8)$$

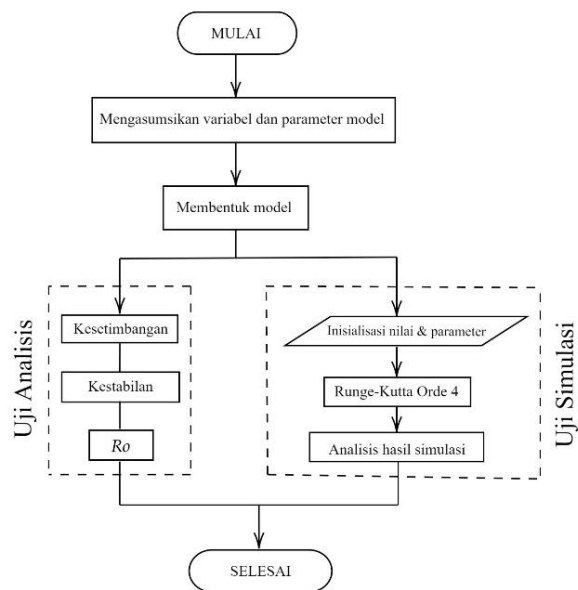
Dengan nilai k adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} k_1 &= f(x_i, y_i) \\ k_2 &= f(x_i + \frac{1}{2}h, y_i + \frac{1}{2}k_1h) \\ k_3 &= f(x_i + \frac{1}{2}h, y_i + \frac{1}{2}k_2h) \\ k_4 &= f(x_i + h, y_i + k_3h) \end{aligned}$$

Nilai k saling berhubungan dimana k_1 muncul pada persamaan k_2 , lalu k_1, k_2 muncul pada persamaan k_3 , dan begitu seterusnya. Rekursasi tersebut menjadikan metode Runge-Kutta efektif dalam perhitungan komputer [19].

Penelitian yang dilakukan termasuk dalam jenis penelitian kuantitatif [20]. Penelitian menggunakan data sekunder yang meliputi jumlah kasus *tuberculosis*, kasus terpapar, terinfeksi, dan kasus sembuh

penyakit *tuberculosis*. Data diambil dari Kementerian Kesehatan Republik Indonesia berupa data kasus *tuberculosis* pada tahun 2021 [21].



Gambar 2. Flowchart Alur Penelitian

Dari ke 34 provinsi yang ada, kami mengambil salah satu daerah yang menjadi rujukan penelitian ialah Provinsi Jawa Timur, berikut ditunjukkan pada Tabel 1. Tahapan penelitian direpresentasikan melalui diagram alir pada Gambar 2.

Tabel 1. Sampel Data Penyakit TBC di Jawa Timur tahun 2021

Provinsi	Jawa Timur
S	39.978.776
I	23.628
T	18.565
R	39.265

Berdasarkan diagram alir (*flowchart*) pada gambar 2, dapat dijelaskan tahapan penelitian sebagai berikut:

1. Menemukan data berdasarkan pencarian yang dilakukan, dimana data tersebut dijelaskan dalam bentuk Tabel 1. Dengan Tabel 1 maka dapat selanjutnya ditetapkan variabel dan parameter model sesuai dengan penelitian yang dilakukan.
2. Melatih model epidemi SITR berdasarkan studi kasus, hal ini dilakukan dengan mengembangkan model yang sudah ada pada penelitian sebelumnya yakni model epidemik SIR

3. Melakukan uji analisis. Dimana dalam tahapan uji analisis terdapat tiga hal pokok, diantaranya melakukan uji kesetimbangan, yang kedua yakni uji kestabilan dan yang terakhir mengolah bilangan reproduksi atau R_0 guna menganalisis data yang dimiliki.
4. Bersamaan dengan dilakukannya uji analisis, dilakukan juga simulasi dalam bentuk model yang telah terbentuk. Dalam hal ini terdapat tiga tahapan penting diantaranya:
 - a) Menginisiasikan atau memasukkan nilai dan parameter dari model yang sudah terbentuk.
 - b) Melakukan simulasi melalui metode numerik Runge-Kutta orde empat.
 - c) Melakukan analisis terhadap hasil simulai numerik yang telah dilakukan.
5. Setelah semua tahapan dilakukan, maka dapat ditarik kesimpulan dari masalah yang ada.

3. Pembahasan

3.1 Nilai Parameter Model

Model matematika pada gambar 1, memiliki nilai awal (initial condition) pada masing-masing variabel subpopulasi (kompartemen) model penyebaran penyakit Tuberculosis di Jawa Timur tahun 2021 seperti dalam Tabel 2.

Tabel 2. Nilai Awal (Initial Condition)

Subpopulasi	Nilai Awal
$S(0)$	39.978.776
$I(0)$	23.628
$T(0)$	18.565
$R(0)$	39.265
N	40.060.234

Nilai-nilai parameter model yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3. Nilai Parameter Tuberculosis

Simbol	Parameter	Nilai Parameter 1	Nilai Parameter 2	Satuan
μ	Laju Kematian Alami	0,95 [22]	0,232 [23]	Per tahun

α	Laju Populasi Penduduk	0,985 [24]	0,45 [22]	Per tahun
	Laju Kematian akibat Tuberculosis	0,0209 [25]	0,0209 [25]	Per tahun
θ	Laju Individu berhasil Treatment	0,85 [9]	0,85 [9]	Jiwa
	Laju Individu Terinfeksi	0,5 [9]	0,34383 [25]	Jiwa
γ	Laju Individu Terinfeksi diberi Treatment	0,5 [9]	0,3 [9]	Per tahun

3.2 Analisis Titik Ekuilibrium

Model epidemi pada umumnya memiliki dua titik ekuilibrium yang akan dianalisis, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik.

a. Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Pada keadaan ini terjadi saat suatu populasi yang menetap di suatu daerah tidak ada yang terinfeksi penyakit atau dengan kata lain $I = 0$ akibatnya $T = 0$ dan $R = 0$. Maka didapatkan titik kesetimbangan dalam keadaan ini adalah $(S, I, T, R) = (S^*, 0, 0, 0) = \left(\frac{\alpha N}{\mu}, 0, 0, 0\right)$ (3.2.1)

1. Parameter 1

Dilakukan substitusi nilai parameter 1 pada Tabel 3 ke dalam titik ekuilibrium bebas penyakit, maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$B^* = (S^*, I^*, T^*, R^*) = (41.536.137,36; 0; 0; 0)$$

2. Parameter 2

Dilakukan substitusi nilai parameter 2 pada Tabel 3 ke dalam titik ekuilibrium bebas penyakit, maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$B^* = (S^*, I^*, T^*, R^*) = (77.703.040,09; 0; 0; 0)$$

b. Titik Ekuilibrium Endemik

Pada keadaan ini terjadi saat terdapat suatu populasi yang menetap di suatu daerah yang terinfeksi penyakit atau dengan kata lain $I > 0$. Maka didapatkan titik kesetimbangan dalam keadaan ini adalah

$$(S, I, T, R) = (S^*, I^*, T^*, R^*) = \left(\frac{N(\epsilon+\theta)}{\beta}, \frac{N(\beta\alpha-\mu(\epsilon+\theta))}{\beta(\epsilon+\theta)}, \frac{\epsilon N(\beta\alpha-\mu(\epsilon+\theta))}{\beta(\epsilon+\theta)(\gamma+\theta)}, \frac{\gamma\epsilon N(\beta\alpha-\mu(\epsilon+\theta))}{\beta\mu(\epsilon+\theta)(\gamma+\theta)} \right) \quad (9)$$

1. Parameter 1

Dilakukan substitusi nilai parameter 1 pada Tabel 3 ke dalam titik ekuilibrium bebas penyakit, maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$E^* = (S^*, I^*, T^*, R^*) \\ = (25.710.058, 18; 46.850.125, 32; 16.138.520, 6; 14.439.728, 97)$$

2. Parameter 2

Dilakukan substitusi nilai parameter 2 pada Tabel 3 ke dalam titik ekuilibrium bebas penyakit, maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$E^* = (S^*, I^*, T^*, R^*) \\ = (37.388.619, 64; 29.145.981, 75; 10.039.952, 38; 36.784.308, 28)$$

3.3 Analisis Stabilitas Titik Ekuilibrium

Analisis kestabilan dari setiap titik koordinat kesetimbangan endemik dan bebas penyakit memungkinkan untuk mengidentifikasi pola penyebaran sistem persamaan differensial non linear model SITR. Dimisalkan setiap sistem persamaan sesuai bentuk persamaan berikut:

$$a_1 = \dot{S} = \frac{dS(t)}{dt} = \alpha N - S(t) \left(\frac{\beta I(t)}{N} + \mu \right) \\ a_2 = \dot{I} = \frac{dI(t)}{dt} = \left(\frac{\beta S(t) I(t)}{N} \right) - I(t)(\epsilon + \theta) \\ a_3 = \dot{T} = \frac{dT(t)}{dt} = \epsilon I(t) - T(t)(\gamma + \theta) \\ a_4 = \dot{R} = \frac{dR(t)}{dt} = \gamma T(t) - R(t)\mu \quad (3.3.1)$$

Selanjutnya, disusun matriks Jacobian sehingga diperoleh bentuk:

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I(t)}{N} - \mu & -\frac{\beta S(t)}{n} & 0 & 0 \\ \frac{\beta I(t)}{N} & \frac{\beta S(t)}{n} - \epsilon - \theta & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon & -\gamma - \theta & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix} \quad (10)$$

Melakukan analisis stabilitas pada titik koordinat kesetimbangan bebas penyakit dan endemik model SITR akan digunakan untuk mengevaluasi kestabilan pada masing-masing titik koordinat kesetimbangan.

a. Analisis Stabilitas Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Pada analisis kesetimbangan sebelumnya didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit. Selanjutnya

mensubstitusikan titik kesetimbangan bebas penyakit tersebut ke dalam matriks Jacobian sehingga diperoleh:

$$JB^* = \begin{bmatrix} a & -b & 0 & 0 \\ 0 & c & 0 & 0 \\ 0 & f & -d & 0 \\ 0 & 0 & e & -a \end{bmatrix} \quad (11)$$

Misalkan:

$$a = \mu \quad c = \frac{\beta\alpha}{\mu} - \epsilon - \theta \quad e = \gamma \\ b = \frac{\beta\alpha}{\mu} \quad d = \gamma + \theta \quad f = \epsilon \quad (12)$$

Selanjutnya menentukan nilai eigen matriks JB^* yaitu $|JB^* - \lambda I| = 0$ sehingga didapatkan:

$$\lambda^4 + \lambda^3(d + 2a - c) + \lambda^2 \begin{pmatrix} a^2 + 2ad \\ -cd - 2ac \end{pmatrix} \\ + \lambda(a^2d - a^2c - 2acd) + a^2cd = 0 \quad (13)$$

Pada persamaan (13) dilakukan pemisalan sehingga didapatkan:

$$a_0 = 1 \\ a_1 = d + 2a - c \\ a_2 = a^2 + 2ad - cd - 2ac \\ a_3 = a^2d - a^2c - 2acd \\ a_4 = a^2cd \quad (14)$$

1. Parameter 1

Dilakukan substitusi nilai parameter 1 pada Tabel 3 ke nilai a_0, a_1, a_2, d, μ , maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$a_0 = 1 \\ a_1 = 2,573378947 \\ a_2 = 2,009898915 \\ a_3 = 0,280884439 \\ a_4 = -0,155249029 \\ b_1 = 1,900748866 \\ b_2 = -0,155249029 \\ c_1 = 0,491072429 \\ d_1 = -0,155249029 \quad (14)$$

Dengan memasukkan nilai-nilai tersebut ke dalam tabel Routh-Hurwitz diperoleh:

Tabel 4. Routh-Hurwitz Bebas Penyakit Parameter 1

$\lambda^4 $	1	2,009	-0,155
$\lambda^3 $	2,573	0,281	0
$\lambda^2 $	1,901	-0,155	0
$\lambda $	0,491	0	0
$\lambda^0 $	-0,155	0	0

Diperhatikan bahwa pada kolom pertama tabel 4 terdapat suatu perubahan dari nilai Eigen yang bernilai positif ke nilai Eigen bernilai negatif, maka dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit merupakan titik yang tidak stabil.

2. Parameter 2

Dilakukan substitusi nilai parameter 2 pada Tabel 3 ke nilai a_0, a_1, a_2, dst , maka diperoleh nilai sebagai berikut:

$$\begin{aligned} a_0 &= 1 \\ a_1 &= 0,988888 \\ a_2 &= 0,066613 \\ a_3 &= -0,11157 \\ a_4 &= -0,01622 \\ b_1 &= 0,179438 \\ b_2 &= -0,01622 \\ c_1 &= -0,02219 \\ d_1 &= -0,01622 \end{aligned} \quad (15)$$

Dengan memasukkan nilai-nilai tersebut ke dalam tabel Routh-Hurwitz diperoleh:

Tabel 5. Routh-Hurwitz Bebas Penyakit Parameter 2

λ^4	1	0,066	-0,016
λ^3	0,988	-0,111	0
λ^2	0,179	-0,016	0
λ	-0,022	0	0
λ^0	-0,016	0	0

Diperhatikan bahwa pada kolom pertama Tabel 5 terdapat suatu perubahan dari nilai Eigen yang bernilai positif ke nilai Eigen bernilai negatif, maka dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit merupakan titik yang tidak stabil.

b. Analisis Stabilitas Titik Kesetimbangan Endemik

Pada analisis kesetimbangan sebelumnya didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit. Selanjutnya mensubstitusikan titik kesetimbangan Endemik tersebut ke dalam matriks Jacobian sehingga diperoleh:

$$JE^* = \begin{bmatrix} -\frac{N(\alpha\beta N - \epsilon\mu N - \theta\mu N)}{(\epsilon + \theta)N} & -\epsilon - \theta & 0 & 0 \\ \frac{\alpha\beta - \mu(\epsilon + \theta)}{(\epsilon + \theta)} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon & -\gamma - \theta & 0 \\ 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix} \quad (16)$$

Misalkan:

$$\begin{aligned} a &= -\frac{N(\alpha\beta N - \epsilon\mu N - \theta\mu N)}{(\epsilon + \theta)N} & e &= \gamma + \theta \\ b &= \frac{\alpha\beta - \mu(\epsilon + \theta)}{(\epsilon + \theta)} & f &= \gamma \\ c &= \epsilon + \theta & g &= \mu \\ d &= \epsilon \end{aligned} \quad (17)$$

Selanjutnya menentukan nilai eigen matriks JE^* yaitu $|JE^* - \lambda I| = 0$ sehingga didapatkan:

$$\lambda^4 + \lambda^3(a + e + g) + \lambda^2 \begin{pmatrix} ae + ag \\ +bc + eg \end{pmatrix} + \lambda(aeg + bcg + bce) + bceg = 0 \quad (18)$$

Pada persamaan (18) dilakukan pemisalan sehingga didapatkan:

$$\begin{aligned} a_0 &= 1 \\ a_1 &= a + e + g \\ a_2 &= ae + ag + bc + eg \\ a_3 &= aeg + bcg + bce \\ a_4 &= bceg \end{aligned}$$

1. Parameter 1

Dilakukan substitusi nilai parameter 1 pada Tabel 3 ke nilai a_0, a_1, a_2, dst , maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$\begin{aligned} a_0 &= 1 \\ a_1 &= 23.435.101,8209 \\ a_2 &= 42.654.765,6049 \\ a_3 &= 19.380.873,9522 \\ a_4 &= 0,155249 \\ b_1 &= 42.654.764,78 \\ b_2 &= 0,155249 \\ c_1 &= 19.380.873,87 \\ d_1 &= 0,155249 \end{aligned}$$

Dengan memasukkan nilai-nilai tersebut ke dalam tabel Routh-Hurwitz diperoleh:

Tabel 6. Routh-Hurwitz Endemik Parameter 1

λ^4	1	42×10^6	0,155
λ^3	22×10^6	19×10^6	0
λ^2	42×10^6	0,155	0
λ	19×10^6	0	0
λ^0	0,155	0	0

Diperhatikan bahwa pada kolom pertama tabel 6 tidak terdapat suatu perubahan tanda dan koefisien persamaan karakteristik memiliki tanda yang sama. Maka dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan endemik merupakan titik yang stabil.

2. Parameter 2

Dilakukan substitusi nilai parameter 2 pada Tabel 3 ke nilai a_0, a_1, a_2, dst , maka diperoleh nilai sebagai berikut:

$$\begin{aligned} a_0 &= 1 \\ a_1 &= 1.031.958,789 \\ a_2 &= 1.138.146,414 \\ a_3 &= 208.505,901 \\ a_4 &= 0,016219407 \\ b_1 &= 1.138.146,212 \\ b_2 &= 0,016219407 \\ c_1 &= 208.505,886 \\ d_1 &= 0,016219407 \end{aligned}$$

Dengan memasukkan nilai-nilai tersebut ke dalam tabel Routh-Hurwitz diperoleh:

Tabel 7. Routh-Hurwitz Endemik Parameter 2

λ^4	1	1×10^6	0,016
λ^3	1×10^6	2×10^5	0
λ^2	1×10^6	0,016	0
λ	2×10^5	0	0
λ^0	0,016	0	0

Diperhatikan bahwa pada kolom pertama tabel 7 tidak terdapat suatu perubahan tanda dan koefisien persamaan karakteristik memiliki tanda yang sama. Maka dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan endemik merupakan titik yang stabil.

3.4 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan Reproduksi Dasar diperoleh menggunakan metode NGM (*Next Generation Matrix*). Bilangan Reproduksi Dasar ditentukan menggunakan titik ekuilibrium bebas penyakit, yaitu variabel terinfeksi $I(t)$ dimana:

$$dI(t) = \frac{\beta S(t)}{N} I(t) - (\epsilon + \theta) I(t) \quad (19)$$

Hasil pelinearan persamaan tersebut adalah:

$$\begin{aligned} J &= \frac{\partial}{\partial I} \left(\frac{\beta S(t)}{N} I(t) - (\epsilon + \theta) I(t) \right) \\ &= \frac{\beta S(t)}{N} - (\epsilon + \theta) \end{aligned} \quad (20)$$

Dengan mensubstitusikan titik koordinat kesetimbangan bebas penyakit pada model SITR yaitu $\left(\frac{\alpha N}{\mu}, 0, 0, 0\right)$ kedalam persamaan, sehingga diperoleh

$$\begin{aligned} J &= \frac{\beta \left(\frac{\alpha N}{\mu}\right)}{N} - (\epsilon + \theta) \\ &= \frac{\beta \alpha}{\mu} - (\epsilon + \theta) \end{aligned} \quad (21)$$

selanjutnya dekomposisi matriks Jacobian

$$J = F - V \quad (22)$$

Sehingga didapatkan $F = \frac{\beta \alpha}{\mu}$ dan $V = (\epsilon + \theta)$ yang mengakibatkan $V^{-1} = \frac{1}{(\epsilon + \theta)}$ maka

$$FV^{-1} = \frac{\beta \alpha}{\mu} \times \frac{1}{(\epsilon + \theta)} = \frac{\beta \alpha}{\mu(\epsilon + \theta)} \quad (23)$$

Hasil dari FV^{-1} tidak berupa matriks, sehingga didapatkan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari model SITR tersebut sebesar:

$$\begin{aligned} R_0 &= \max \left\{ \frac{\beta \alpha}{\mu(\epsilon + \theta)} \right\} \\ R_0 &= \left\{ \frac{\beta \alpha}{\mu(\epsilon + \theta)} \right\} \end{aligned} \quad (24)$$

1. Parameter 1

Mensubstitusi nilai parameter 1 pada Tabel 3 ke dalam persamaan (24), maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$\begin{aligned} R_0 &= \left\{ \frac{\beta \alpha}{\mu(\epsilon + \theta)} \right\} \\ &= \frac{0,5(0,985)}{0,95(0,3 + 0,02090)} \\ &= 1,161552 \end{aligned}$$

Maka nilai bilangan reproduksi dasarnya sebesar $R_0 = 1,161552$. Hal ini menunjukkan $R_0 > 1$ artinya penyakit Tuberculosis di Provinsi Jawa Timur pada tahun 2021 merupakan penyakit yang mewabah di dalam penduduk tersebut.

2. Parameter 2

Mensubstitusi nilai parameter 2 pada Tabel 3 ke dalam persamaan (24), maka diperoleh nilai sebagai berikut :

$$\begin{aligned} R_0 &= \left\{ \frac{\beta \alpha}{\mu(\epsilon + \theta)} \right\} \\ &= \frac{0,34383(0,45)}{0,232(0,3 + 0,02090)} \\ &= 2,07825 \end{aligned}$$

Maka nilai bilangan reproduksi dasarnya sebesar $R_0 = 2,07825$. Hal ini menunjukkan $R_0 > 1$ artinya penyakit Tuberculosis di Provinsi Jawa Timur pada tahun 2021 merupakan penyakit

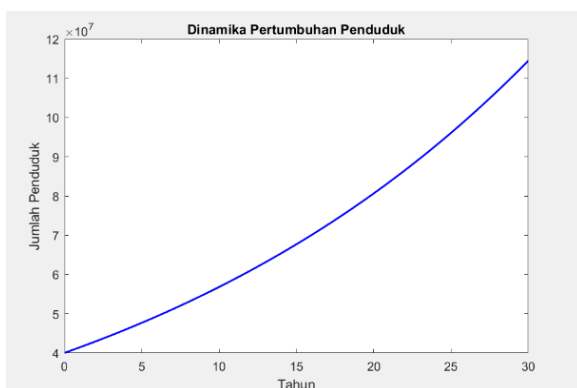
yang mewabah di dalam penduduk tersebut.

3.5 Simulasi Dinamika Pertumbuhan Penduduk dan Model SITR

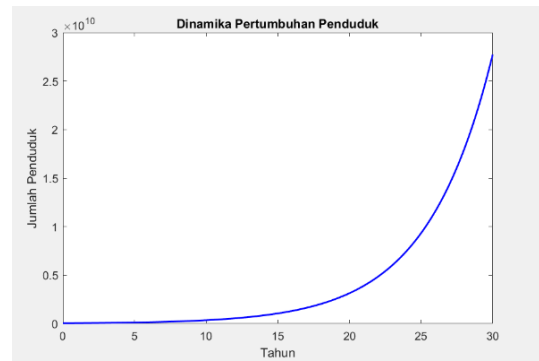
Data yang digunakan dalam analisis adalah data tahunan. Mengingat bahwa asumsi jumlah penduduk selalu tetap setiap tahun tidak berlaku, maka dinamika pertumbuhan penduduk dinyatakan dengan persamaan (25) di bawah ini.

$$\begin{aligned}
 N &= S + I + T + R \\
 \frac{dN}{dt} &= \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dT}{dt} + \frac{dR}{dt} \\
 \frac{dN}{dt} &= \alpha N - \mu S + \mu I + \mu T + \mu R \\
 \frac{dN}{dt} &= \alpha N - \mu(S + I + T + R) \\
 \frac{dN}{dt} &= \alpha N - \mu N \\
 \frac{dN}{dt} &= (\alpha - \mu)N \\
 \int \frac{1}{N} dN &= \int (\alpha - \mu) dt \\
 \ln N &= (\alpha - \mu)t + C_0 \\
 e^{\ln N} &= e^{(\alpha - \mu)t + C_0} \\
 e^{\ln N} &= e^{C_0} e^{(\alpha - \mu)t} \\
 N(t) &= N_0 e^{(\alpha - \mu)t} \quad (25)
 \end{aligned}$$

Adapun hasil grafik visualisasi dinamika pertumbuhan penduduk menggunakan parameter 1 seperti pada Gambar 3. Sedangkan menggunakan parameter 2 seperti pada Gambar 4.



Gambar 3. Grafik Dinamika Pertumbuhan Penduduk Jawa Timur Parameter 1

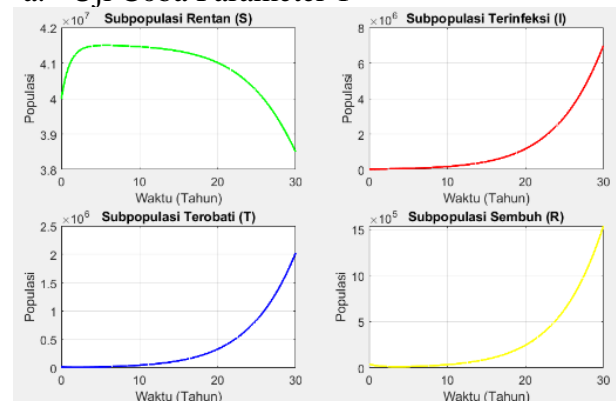


Gambar 4. Grafik Dinamika Pertumbuhan Penduduk Jawa Timur Parameter 2

Berdasarkan grafik pada Gambar 3 dan 4 dengan disubstitusikan kedua parameter didapatkan laju dinamika pertumbuhan penduduk selalu meningkat dalam masa 30 tahun yang akan datang. Hal ini menunjukkan adanya tren pertumbuhan yang kuat dan berkelanjutan dalam populasi. Dapat diketahui bahwa nilai N atau jumlah penduduk cenderung terus meningkat seiring dengan berjalannya waktu.

Simulasi dilakukan dengan menggunakan bantuan *software Matlab* untuk mengetahui persebaran TBC menggunakan metode Runge-Kutta orde 4. Simulasi dilakukan berulang karena terdapat 2 sumber berbeda untuk kemudian dilakukan uji coba.

a. Uji Coba Parameter 1

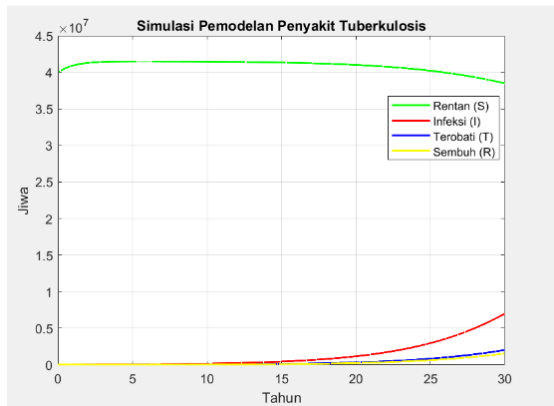


Gambar 5. Grafik Simulasi Model SITR TBC Parameter 1

Berdasarkan Gambar 5 bahwa angka subpopulasi rentang (S) mengalami penurunan setelah 10 tahun, subpopulasi terinfeksi (I), subpopulasi terobati (T), dan subpopulasi sembuh (R) menunjukkan kenaikan setelah 10 tahun kedepan. Hal tersebut sesuai dengan angka reproduksi dasar dimana penyakit TBC di Provinsi Jawa

Timur merupakan penyakit yang akan mewabah atau endemik.

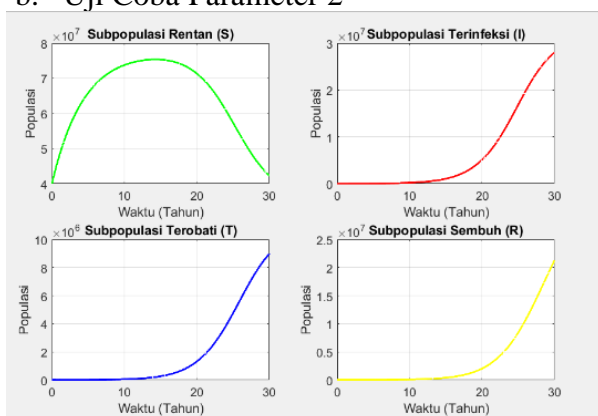
Adapun grafik visualisasi simulasi numerik model penyakit SITR dalam satu figure adalah seperti pada Gambar 6 berikut.



Gambar 6. Grafik Simulasi Model SITR TBC Parameter 1 Dalam Satu Figure

Berdasarkan Gambar 6, dapat dilihat bahwa solusi numerik dari model simulasi parameter 1 menuju dan stabil pada titik kesetimbangan endemik. Hasil ini sejalan dengan analisis matematis yang menunjukkan bahwa $R_0 = 1,61552 > 1$ artinya penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur pada tahun 2021 berada dalam kondisi endemik. Stabilitas asimtotik dari titik kesetimbangan ini mengindikasikan bahwa jika terjadi sedikit gangguan pada sistem, populasi infeksi akan kembali ke keadaan endemik.

b. Uji Coba Parameter 2

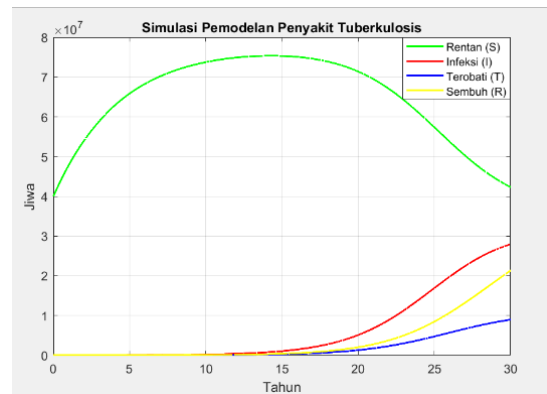


Gambar 7. Grafik Simulasi Model SITR TBC Parameter 2

Berdasarkan Gambar 7 bahwa angka subpopulasi rentang (S) mengalami penurunan setelah 10 tahun, subpopulasi terinfeksi (I), subpopulasi terobati (T), dan subpopulasi sembuh (R) menunjukkan

kenaikan setelah 10 tahun kedepan. Hal tersebut sesuai dengan angka reproduksi dasar dimana penyakit TBC di Provinsi Jawa Timur merupakan penyakit yang akan mewabah atau endemik.

Adapun grafik visualisasi simulasi numerik model penyakit SITR dalam satu figure adalah seperti pada Gambar 8 berikut.



Gambar 8. Grafik Simulasi Model SITR TBC Parameter 2 Dalam Satu Figure

Berdasarkan Gambar 8, dapat dilihat bahwa solusi numerik dari model simulasi parameter 2 menuju dan stabil pada titik kesetimbangan endemik. Hasil ini sejalan dengan analisis matematis yang menunjukkan bahwa $R_0 = 2,07825 > 1$ artinya penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur pada tahun 2021 berada dalam kondisi endemik. Stabilitas asimtotik dari titik kesetimbangan ini mengindikasikan bahwa jika terjadi sedikit gangguan pada sistem, populasi infeksi akan kembali ke keadaan endemik.

4. Penutup

Berdasarkan dari hasil dan pembahasan, didapatkan hasil analisis kestabilan bebas penyakit model SITR terhadap penyebaran *tuberculosis* menunjukkan tidak stabil di kedua parameter, ini terjadi karena terdapat perubahan tanda dan koefisien dalam persamaan, sedangkan pada analisis kestabilan titik kesetimbangan endemik dari kedua parameter menunjukkan hasil yang stabil karena tidak terjadi perubahan tanda dan koefisien dalam persamaan karakteristik. Hasil simulasi model SITR terhadap *tuberculosis* dengan kedua parameter menunjukkan bahwa nilai R_0 adalah 1,61552 pada parameter pertama dan parameter kedua sebesar 2,07825. Kedua hasil tersebut

menunjukkan nilai $R_0 > 1$ yang merupakan bilangan reproduksi dasar, ini mengindikasikan bahwa *tuberculosis* di Jawa Timur termasuk dalam kategori penyakit endemik yang memiliki potensi untuk menyebar dengan mudah dan berpotensi menjadi wabah dalam cakupan yang lebih luas. Oleh karenanya, penulis menambahkan saran sebagai upaya pengembangan untuk penelitian berikutnya, yaitu mengubah formulasi menjadi S-I-T-R-S, yang memungkinkan kembali kerentanan pada individu yang sembuh dari *Tuberculosis*. Hal ini diharapkan dapat menghasilkan simulasi yang lebih mendekati kondisi dan situasi sebenarnya. Pendekatan metode numerik dalam model penyebaran *Tuberculosis* yang dapat digunakan adalah metode numerik Runge-Kutta dengan orde yang lebih tinggi.

Referensi

- [1] Wahyu Widodo and S. D. Pusporatri, "Literatur Review: Penerapan Batuk Efektif Dan Fisioterapi Dada Untuk Mengatasi Ketidakefektifan Bersihan Jalan Nafas Pada Klien Yang Mengalami Tuberculosis (Tbc)," *Nurs. Sci. J.*, vol. 1, no. 2, pp. 1–5, 2020, doi: 10.53510/nsj.v1i2.24.
- [2] T. Kristini and R. Hamidah, "Potensi Penularan Tuberculosis Paru pada Anggota Keluarga Penderita," *J. Kesehat. Masy. Indones.*, vol. 15, no. 1, pp. 24–28, 2020, doi: 10.26714/jkmi.15.1.2020.24-28.
- [3] Mardiatun, A. D. Sentana, and I. Haqiqi, "Efektivitas Pendidikan Kesehatan Dengan Video Tentang Pencegahan Penularan Penyakit Terhadap Pengetahuan Pasien Tuberculosis Di Wilayah Kerja Puskesmas Sedau Tahun 2019," *J. Keperawatan Terpadu (Integrated Nurs. Journal)*, vol. 1, no. 2, pp. 76–86, 2019, doi: 10.32807/jkt.v1i2.40.
- [4] W. H. Organization, "Fakta-Fakta Utama Tuberculosis.," *World Health Organization*, 2019.
- [5] N. N. Widyastuti, W. P. Nugraheni, T. Y. Miko Wahyono, and Yovsyah, "Hubungan Status Gizi Dan Kejadian Tuberculosis Paru Pada Anak Usia 1-5 Tahun Di Indonesia," *Bul. Penelit. Sist. Kesehat.*, vol. 24, no. 2, pp. 89–96, 2021, doi: 10.22435/hsr.v24i2.3793.
- [6] D. K. P. J. Timur, "Demi Wujudkan Eliminasi TBC 2030, Pemprov Jatim Optimalkan Peran Multi Sektor," *DINKES JATIMPROV*, 2022. https://dinkes.jatimprov.go.id/index.php?r=site/berita_detail&id=899
- [7] M. Jannah, M. Ahsar Karim, and Y. Yulida, "Analisis Kestabilan Model Seir Untuk Penyebaran Covid-19 Dengan Parameter Vaksinasi," *BAREKENG J. Ilmu Mat. dan Terap.*, vol. 15, no. 3, pp. 535–542, 2021, doi: 10.30598/barekengvol15iss3pp535-542.
- [8] N. Zahwa, U. Nabilla, and Nurviana, "Model Matematika Sitr pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis di Provinsi Aceh," *J. Pendidik. Mat. dan Sains*, vol. 10, no. 1, pp. 8–14, 2022, doi: 10.21831/jpms.v10i1.50683.
- [9] Muhafzan, Zulakmal, Narwen, A. I. Baqi, A. G. Lestari, and M. Oktaviani, "a Fractional Sitr Model for Dynamic of Tuberculosis Spread," *Commun. Math. Biol. Neurosci.*, vol. 14, pp. 1–9, 2023, doi: 10.28919/cmbn/7864.
- [10] S. Side, W. Sanusi, and N. F. Setiawan, "Analisis dan Simulasi Model SITR pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis di Kota Makassar Analysis and Simulation Of SITR Model on Tuberculosis in Makassar City," *J. Sainsmat*, vol. V, no. 2, pp. 191–204, 2016, [Online]. Available: <https://ojs.unm.ac.id/sainsmat/article/download/6448/3681>
- [11] D. Roudhotillah and T. D. Chandra, "Analisis kestabilan model penyebaran penyakit tuberkulosis dengan menggunakan mseitr," *Wahana Mat. dan Sains J. Mat. Sains, dan Pembelajarannya*, vol. 15, no. 2, pp. 56–74, 2021, [Online]. Available: <https://ejournal.undiksha.ac.id/index.php/JPM/article/view/34503>
- [12] C. Anderson Luiz Pena da, P. Marcelo Amanajas, R. Rafael Lima, and A. Sheylla Susan Moreira da Silva de, "Mathematical Modeling of the

- Infectious Diseases: Key Concepts and Applications,” *J. Infect. Dis. Epidemiol.*, vol. 7, no. 5, pp. 1–18, 2021, doi: 10.23937/2474-3658/1510209.
- [13] F. N. Aisyah, “Pemodelan Matematika dan Studi Keseimbangan Pada Penyebaran Pengaruh Perilaku Merokok Menggunakan Tipe SEIR,” Universitas Lampung, 2018.
- [14] Musarifa, Hikmah, and Fardinah, “Analisis Model Matematika Seitr Pada Penyakit Cacar Air,” *J. Math. Theory Appl.*, vol. 3, no. 2, pp. 45–52, 2021, doi: 10.31605/jomta.v3i2.1372.
- [15] Z. Asyabah, “Pemodelan SIR untuk penyebaran Penyakit Pertusis dengan Vaksinasi pada populasi Manusia Konstan,” *Unnes J. Math.*, vol. 7, no. 1, pp. 96–107, 2018.
- [16] H. Amaludin, A. Faruk, and E. S. Cahyono, “Analisis Kestabilan Model Epidemik SIR untuk Penyakit Tuberculosis,” *SEMIRATA Bid. MIPA 2016*, no. 1, pp. 207–213, 2016.
- [17] Z. A. Leleury, F. Y. Rumlawang, and A. G. Naraha, “Analisis Stabilitas dan Simulasi Model Penyebaran Penyakit HIV/AIDS Tipe SIA (Susceptible, Infected, Abstained),” *Tensor Pure Appl. Math. J.*, vol. 1, no. 1, pp. 31–40, 2020, doi: 10.30598/tensorvoll1iss1pp31-40.
- [18] H. Ihsan, S. Side, and M. Pagga, “Pemodelan Matematika SEIRS Pada Penyebaran Penyakit Malaria di Kabupaten Mimika,” *J. Math. Comput. Stat.*, vol. 4, no. 1, pp. 21–29, 2021, doi: 10.35580/jmathcos.v4i1.20446.
- [19] Y. B. Enkekes and L. Mardianto, “Metode Runge-Kutta Orde 4 Dalam Penyelesaian Persamaan Gelombang 1D Syarat Batas Dirichlet,” *Indones. J. Appl. Math.*, vol. 2, no. 1, pp. 1–8, 2022, doi: 10.35472/indojam.v2i1.489.
- [20] S. K. Donatus, “Pendekatan Kuantitatif dan Kualitatif Dalam Penelitian Ilmu Sosial: Titik Kesamaan dan Perbedaan,” *Stud. Philos. Theol.*, vol. 16, no. 2, pp. 197–210, 2016.
- [21] Kemenkes RI, *Profil Kesehatan Indonesia 2021*. 2022.
- [22] N. F. Setiawan, “Analisis dan Simulasi Model SITR pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis di Kota Makassar,” Universitas Negeri Makassar, 2017.
- [23] N. A. Khaerunnisa, Y. N. Nasution, and M. N. Huda, “Analisis Kestabilan Model Epidemik SEI Pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis,” *BASIS J. Ilm. Mat.*, vol. 1, no. 1, pp. 16–29, 2022, [Online]. Available: <http://jurnal.fmipa.unmul.ac.id/index.php/basis>
- [24] R. Syam, S. Side, and C. S. Said, “Model SEIRS Penyebaran Penyakit Tuberculosis di Kota Makassar,” *J. Math. Comput. Stat.*, vol. 3, no. 1, pp. 11–19, 2021, doi: 10.35580/jmathcos.v3i1.19180.
- [25] A. A. Nugroho, M. Azhar Aziz, A. Yasser, and A. Tanjung, “Analisis dan Simulasi Parameter Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR) pada Penyebaran Tuberculosis di Indonesia,” *J. Integr. SAINS DAN QUR’AN*, vol. 2, no. 1, pp. 114–120, 2023.