

## **Analisis Kestabilan Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis Dengan Menggunakan Mseitr**

**Tjang Daniel Chandra<sup>1,\*</sup>, Dwi Roudhotillah<sup>1,\*</sup>**

<sup>1</sup>Jurusan Matematika, Universitas Negeri Malang, Jalan Semarang No 5 Malang

\*Corresponding author: [tjang.daniel.fmipa@um.ac.id](mailto:tjang.daniel.fmipa@um.ac.id), [dwi.roudhotillah.1703126@students.um.ac.id](mailto:dwi.roudhotillah.1703126@students.um.ac.id)

---

### **Abstrak**

Penyakit Tuberkulosis adalah penyakit yang disebabkan oleh infeksi bakteri yang bernama *Mycobacterium tuberculosis* dengan media penularan melalui udara. Hal ini terjadi ketika seorang individu tengah menghirup bakteri dari penderita yang sedang batuk, bersin, berbicara atau meludah. Kasus Tuberkulosis di Indonesia per 17 Mei 2018 sebanyak 420.994 kasus. Tiga provinsi yang menjadi penyumbang terbanyak kasus Tuberkulosis adalah Jawa Barat, Jawa Timur, dan Jawa tengah sebesar 44% dari seluruh kasus. Tujuan dari penelitian ini yaitu menganalisis kasus penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur dengan menggunakan model MSEITR dan mensimulasikan model yang dihasilkan dengan menggunakan data yang didapatkan dari Data Profil Kesehatan Indonesia tahun 2018 di Provinsi Jawa Timur. Langkah-langkah yang dilakukan yaitu mencari

titik equilibrium, menganalisa kestabilan dari titik equilibrium, menghitung bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ), dan mendapatkan hasil simulasi model MSEITR dengan Maple17. Menurut hasil analisa yang telah dilakukan, terdapat dua titik equilibrium berupa titik equilibrium bebas penyakit, dan titik equilibrium endemik. Apabila

bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ) kurang dari 1 maka disimpulkan bahwa titik equilibrium bebas penyakit dalam

keadaan stabil asimtotik lokal, apabila ( $R_0$ ) lebih dari 1 maka disimpulkan bahwa titik equilibrium endemik dalam keadaan stabil asimtotik lokal. Berdasarkan data kasus penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur

diperoleh bilangan reproduksi dasar  $R_0 = 0,00001 < 1$ . Oleh karena itu, dapat disimpulkan bahwa penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur tidak akan menjadai endemik dengan menggunakan model MSEITR.

**Kata-kata kunci:** MSEITR; Tuberkulosis; Bilangan Reproduksi Dasar

### **Abstract**

*Tuberculosis is a disease caused by a bacterial infection called *Mycobacterium tuberculosis* with airborne transmission media. This occurs when an individual is inhaling bacteria from a patient who is coughing, sneezing, talking or spitting. Tuberculosis cases in Indonesia as of May 17, 2018 were 420,994 cases. The three provinces that contributed the most to Tuberculosis cases were West Java, East Java and Central Java, accounting for 44% of all cases. The purpose of this study is to analyze cases of the spread of Tuberculosis in East Java using the MSEITR model and to simulate the resulting model using data obtained from the 2018 Indonesian Health Profile Data in East Java Province. The steps had been taken were find the equilibrium*

*points, analyzing the stability of the equilibrium points, calculating the basic reproduction number ( $R_0$ ), and getting the simulation results of the MSEITR model with Maple17. According to the results of the analysis that has been done, there are two equilibrium points in the form of a disease-free equilibrium point and an endemic equilibrium point. If the basic reproduction number ( $R_0$ ) less than 1, it is concluded that the disease-free equilibrium point is in a local asymptotically stable state, if ( $R_0$ ) more than it is concluded that the endemic equilibrium point is in a local asymptotically stable. Based on data on cases the spread of Tuberculosis in East Java, the basic reproduction numbers have been obtained  $R_0 = 0,00001 < 1$ . So it can be concluded that Tuberculosis in East Java will not be endemic using the MSEITR model.*

**Keywords:** MSEITR, Tuberculosis, Basic Reproduction Number

---

## **Pendahuluan**

Penyakit Tuberkulosis (TBC) merupakan penyakit yang menular berbahaya dan menginfeksi tubuh manusia di bagian saluran pernafasan. Penyakit ini disebabkan oleh bakteri *Mycrobacterium tuberculosis* (Mtb) yang ditularkan melalui udara (Mathofani & Febriyanti, 2020). Penularan bakteri ini terjadi ketika seorang individu menghirup Mtb dari penderita yang sedang batuk, bersin, berbicara atau meludah (Shaikh dkk., 2019). Gejala penyakit yang dialami oleh penderita TBC yaitu demam, merasa kedinginan dan kelelahan, sakit pada bagian dada, batuk, nafas yang pendek, dan kehilangan nafsu makan yang menyebabkan penurunan berat badan yang berlangsung sekitar 3 bulan (Rafflesia, 2014).

Tahun 2016, penyakit Tuberkulosis menjadi perhatian khusus dunia, karena telah menduduki peringkat kesepuluh pada kategori penyebab kematian tertinggi di dunia. Terdapat 10,4 juta kasus TBC dunia yang setara dengan 120 kasus dalam 100.000 penduduk. Oleh karena itu, TBC masuk menjadi tujuan *Sustainability Development Goals* (SDG). Di Indonesia, data kasus Tuberkulosis per 17 Mei 2018 sejumlah 420.994 kasus. Tiga provinsi yang menjadi penyumbang terbanyak kasus tuberkulosis di Indonesia adalah Jawa Barat, Jawa Timur, dan Jawa tengah sebesar 44% dari seluruh kasus (Primadi, 2019).

Dalam penelitian ini, menggunakan rujukan utama pada jurnal dengan judul *Stability Analysis of a Deterministic Mathematical Model for Transmission Dynamics of Tuberculosis* mengenai analisa penyebaran penyakit Tuberkulosis dengan membagi populasi ke dalam 6 subpopulasi yaitu MSEIXR, namun pada penelitian tersebut tidak memperhatikan adanya individu yang melakukan pengobatan hingga sembuh yang disebut subpopulasi *treatment* (T) (Dago dkk., 2015). Selanjutnya digunakan juga artikel dengan judul Analisis dan Simulasi Model SITR pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis di Kota Makassar yang membahas penyebaran Tuberkulosis dengan membagi kedalam 4 subpopulasi dengan disertai populasi *treatment* (T) (Side dkk., 2016). Namun pada penelitian tersebut mengasumsikan populasi dalam keadaan tertutup. Dengan adanya penelitian penyebaran Tuberkulosis dengan model MSEIXR tersebut, penulis akan melakukan analisa penyebaran penyakit Tuberkulosis baru dengan menggunakan model MSEITR. Model ini akan membagi populasi ke dalam enam subpopulasi yang terdiri atas subpopulasi *passive immune infants* (M), subpopulasi rentan atau *susceptible* (S), subpopulasi terpapar atau *expose* (E), subpopulasi terinfeksi atau *infected* (I), subpopulasi yang melakukan pengobatan atau *treatment* (T), dan subpopulasi sembuh atau *recovered* (R). Model MSEITR ini digunakan karena tingginya kasus Tuberkulosis Jawa Timur dan adanya salah satu program penanggulangan Tuberkulosis yaitu pemberian pengobatan (*treatment*) hingga sembuh (Hari Santoso, 2019). Selain itu model ini menganggap bahwa individu dalam populasi hanya menderita penyakit Tuberkulosis dan terdapat

kelompok individu yang melakukan migrasi masuk ke dalam populasi. Sehingga, dengan adanya pengobatan dan modifikasi dari subpopulasi *susceptibel*, dan *infected* pada model akan mampu mengurangi penderita Tuberkulosis di Jawa Timur.

### **Tuberkulosis**

Tuberkulosis (TB) merupakan penyakit yang disebabkan oleh infeksi *Mycobacterium tuberculosis* yaitu penyakit infeksi kuno dan kronis (Liu dkk., 2010). Ciri dari bakteri TB yaitu berbentuk batang, tahan asam, dan aerob (Ramadhan dkk., 2017). Penyakit ini menyebar melalui udara ketika penderita batuk, bersin, atau berbicara (Kristini & Hamidah, 2020). Biasanya menyerang paru-paru (tuberkulosis paru-paru), atau dapat mempengaruhi bagian tubuh lain seperti pusat system saraf, sistem limfatik, otak, tulang belakang atau ginjal. Setelah terjadi infeksi bakteri TB akan dikontrol oleh sistem kekebalan tubuh, dan infeksi akan lepas kendali ketika bakteri menjadi aktif (Ma dkk., 2018). Gejala-gejala yang dialami oleh individu pengidap TB paru yaitu: mengalami batuk akut selama lebih dari atau sama dengan tiga minggu, tidak memiliki selera makan, berkeringat di malam hari dan mengalami demam. Namun untuk individu yang mengidap TB ekstra paru akan mengalami gejala penyakit sesuai dengan organ tubuh yang terinfeksi (Indah, 2018). Segala usia yang memiliki kondisi klinis berbeda-beda atau tanpa memiliki gejala dapat terserang TB paru (Kenedyanti & Sulistyorini, 2017). Apabila tidak ditangani dengan segera maka penyakit ini dapat menjadi dangat mematikan (Dalle & Pashar, 2019).

### **Model Mseitr**

Strategi dalam menentukan tingkat keefektifan pencegahan penyakit dan analisis dinamika penyebarannya dapat diselesaikan dengan pemodelan matematika (Malorung dkk., 2018). Salah satunya yaitu model persamaan differensial. Model Persamaan differensial terdiri dari persamaan-persamaan yang mengandung beberapa turunan dari fungsi yang tidak diketahui (Nagle dkk., 2012).

Definisi 2.1 Sistem Persamaan Differensial (G. Zill & Michael R, 2009)

Misalkan ada suatu himpunan dengan variabel  $x_1, x_2, \dots, x_n$  memiliki variabel bebas  $t$  sehingga  $x_1 = x_1(t), x_2 = x_2(t), \dots, x_n = x_n(t)$ . Asumsikan bahwa variabel tersebut saling dihubungkan dengan persamaan differensial dengan model sebagai berikut:

$$\frac{dx_1}{dt} = g_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

$$\frac{dx_2}{dt} = g_2(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

(1)

.

.

$$\frac{dx_n}{dt} = g_n(t, x_1, x_2, \dots, x_n)$$

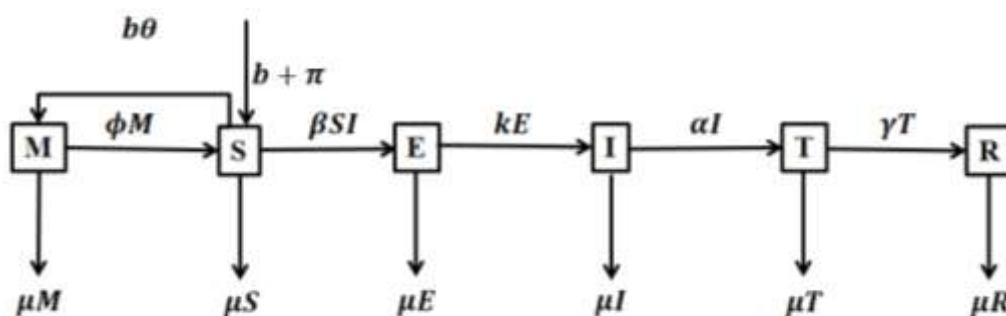
Himpunan dengan elemen berupa persamaan (1) disebut sebagai sistem persamaan differensial. Ruas kiri menyatakan turunan dari  $x_i(t)$  terhadap  $t$  dan ruas kanan yang berupa fungsi  $g_i$  dengan  $x_1, x_2, \dots, x_n$  dan  $t$  sebagai variabel bergantung.

Definisi 2.2 Titik kesetimbangan (G. Zill & Michael R, 2009)

$$\frac{dy}{dx} = f(y) \tag{2}$$

Titik  $c$  akan disebut sebagai titik kesetimbangan dari persamaan differensial autonomous ketika  $f(c) = 0$ . Persamaan differensial autonomous adalah persamaan differensial biasa yang variabel bebasnya tidak ditulis secara eksplisit. Dalam menganalisis penyebaran Tuberkulosis terdapat model matematika yang berupa persamaan differensial autonomous.

Awalnya, model suatu penyebaran penyakit menular diusulkan oleh Kermack dan McKendrick, kemudian mengalami perkembangan oleh ahli matematika lainnya (Djafri, 2015). Untuk merumuskan penyebaran penyakit Tuberkulosis dilakukan dengan membagi populasi berupa penduduk Jawa Timur ke dalam enam subpopulasi yaitu *passive immune infants* (M) yaitu laju perubahan pada jumlah individu yang telah dilindungi oleh imun pasif, *susceptible* (S) yaitu laju perubahan jumlah individu yang rentan, laju perubahan individu yang terpapar *exposed* (E), terinfeksi atau *infected* (I) yaitu kelompok individu yang terinfeksi TBC, *treatment* (T) yaitu individu yang melakukan pengobatan, dan kelompok individu sembuh atau *recovered* (R) atau disebut dengan MSEITR. Diagram yang menyatakan aliran populasi antar bagian-bagian populasi yang diadopsi dari (Dago dkk., 2015) adalah sebagai berikut:



**Gambar 2.1 Diagram Alir Model MSEITR pada Penyakit Tuberkulosis**

Keterangan:

- $\mu$  : laju kematian alami
- $b^{\prime}$  : laju kelahiran
- $\phi$  : laju penurunan pemberian vaksin
- $\theta$  : laju peningkatan pemberian vaksin untuk bayi
- $\beta$  : laju perpindahan populasi *susceptible* menuju populasi *expose*
- $k$  : laju perpindahan populasi *expose* menuju populasi *infected*
- $\pi$  : laju perpindahan populasi *susceptible*
- $\alpha$  : laju perpindahan populasi *infected* menuju populasi *treatment*
- $\gamma$  : laju perpindahan populasi *treatment* menuju populasi *recovered*
- $M$  : individu dengan *passive immune infants* (M)
- $S$  : individu yang rentan *susceptible* (S)
- $E$  : individu yang terpapar *expose* (E)
- $I$  : individu yang terinfeksi *infected* (I)
- $T$  : individu yang mendapat *treatment* (T)
- $R$  : individu yang sembuh *recovered* (R)

Berdasarkan Gambar 2.1 akan didapat sistem persamaan differensial berikut:

$$\frac{dM}{dt} = b\theta - (\phi + \mu)M \quad (1)$$

$$\frac{dS}{dt} = b(1 - \theta) + \pi + \phi M - \beta SI - \mu S \quad (2)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + k)E \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = kE - (\mu + \alpha)I \quad (4)$$

$$\frac{dT}{dt} = \alpha I - (\gamma + \mu)T \quad (5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma T - \mu R \quad (6)$$

### **Bilangan Reproduksi Dasar**

Suatu parameter yang digunakan untuk mengetahui tingkat penyebaran penyakit disebut sebagai bilangan reproduksi dasar. Bilangan reproduksi dasar adalah suatu bilangan yang menyatakan nilai rata-rata pada banyaknya individu rentan yang terinfeksi secara langsung oleh individu yang terinfeksi. Notasi yang digunakan dalam menyatakan bilangan reproduksi dasar adalah  $R_0$ . Apabila

nilai  $R_0 < 1$  maka akan terjadi bebas penyakit, namun jika  $R_0 > 1$  maka penyakit akan menjadi endemi di wilayah tersebut. Hal ini dikarenakan pada satu orang yang menderita Tuberkulosis akan menularkan penyakit lebih dari satu orang, sehingga menjadi individu terinfeksi baru. Pencarian nilai  $R_0$  dilakukan dengan linierisasi pada sistem persamaan differensial di titik equilibrium yang bebas penyakit (Rahayu & Nusantara, 2019). Salah satu metode untuk menentukan bilangan reproduksi dasar adalah Metode *Next Generation Matrix*. Pada model MSEITR dilakukan pencarian titik kesetimbangan bebas penyakit, setelah itu dilakukan pembagian subpopulasi yang hanya memuat individu dalam fase terinfeksi, yaitu subpopulasi pada persamaan E dan I yang ditulis dalam bentuk

$$\frac{dx}{dt} = \mathcal{F}(x) - \mathcal{V}(x) \quad (7)$$

Dimana  $x$  adalah vektor dari kompartmen penyakit  $j$ , dengan  $j = 2$  pada model MSEITR, yaitu E dan I.  $\mathcal{F}$  merepresentasikan adanya infeksi baru. Kemudian  $\mathcal{V}$  dapat dijabarkan menjadi  $\mathcal{V} = \mathcal{V}^- - \mathcal{V}^+$  dimana  $\mathcal{V}^-$  dan  $\mathcal{V}^+$  memuat segala output dan input dari setiap subpopulasi penyakit sehingga

$$\frac{dx}{dt} = \begin{pmatrix} \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = \mathcal{F}(x) - (\mathcal{V}^-(x) - \mathcal{V}^+(x)) \quad (8)$$

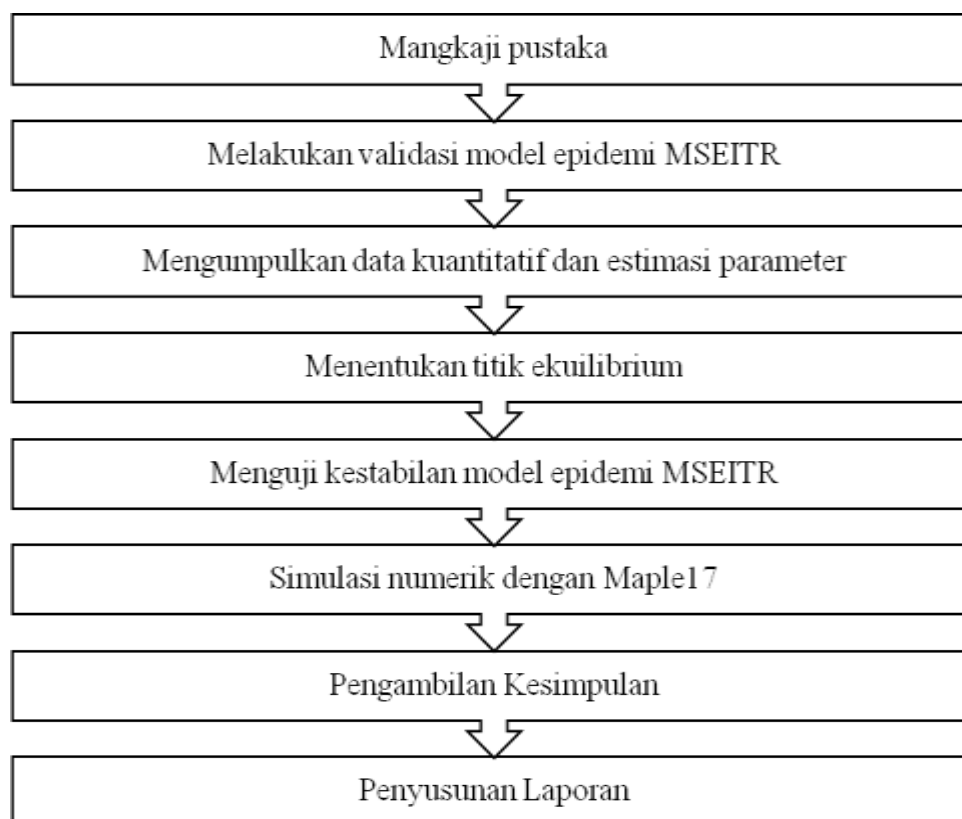
Selanjutnya, persamaan diatas dapat dituliskan kembali menjadi  $\frac{dx}{dt} = (\mathcal{F} - \mathcal{V})x$ . Kemudian dengan persamaan ini dapat dibangun *next generation matrix*s

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} \quad (9)$$

Di sini, penganalogian (ke nilai eigen matriks Jacobian) saat titik kesetimbangan bebas penyakit diberikan oleh radius spektral dari *Next Generation Matrix* yang dilambangkan dengan  $R_0 = \rho(\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1}) < 1$  dengan  $\rho$  adalah radius spektral dari *Next Generation Matrix*s yaitu nilai eigen dengan besaran terbesar (Blackwood & Childs, 2018).

### Metode Penelitian

Jenis penelitian yang digunakan penulis adalah jenis penelitian kajian teori dan terapan. Ini dilakukan dengan cara mengkaji literatur yang membahas mengenai pemodelan matematika berupa penyebaran penyakit sehingga dapat digunakan untuk memecahkan masalah sejenis. Rancangan penelitian yang akan dilakukan adalah sebagai berikut:



**Gambar 3.1 Skema Prosedur Penelitian**

- a) Mangkaji pustaka untuk model epidemi MSEITR dilakukan dengan memahami secara teoritis model tersebut dari berbagai jurnal atau buku-buku yang membahas model epidemi. Sehingga dapat memahami secara keseluruhan mengenai teori-teori yang berhubungan.
- b) Melakukan validasi model epidemi MSEITR  
Model penyebaran penyakit Tuberkulosis dengan MSEITR diperoleh dengan melakukan modifikasi model yang sudah pernah ada yaitu MSEIXR dan SITR dengan cara memadukan model tersebut menjadi MSEITR dengan gabungan kompartemen *passive immune infants*, *expose*, dan adanya *treatment* terhadap penyakit Tuberkulosis. Data parameter pada jurnal utama digunakan untuk melakukan validasi pada model epidemi MSEITR.
- c) Mengumpulkan data kuantitatif dan estimasi parameter  
Setelah melakukan analisa kestabilan pada model MSEITR maka dilanjutkan dengan melakukan pencarian estimasi parameter berdasarkan data penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur. Data ini diperoleh dari buku Profil Kesehatan Indonesia tahun 2018, buku Profil Kesehatan Provinsi Jawa Timur Tahun 2018, Profil Penduduk Indonesia Hasil Supas 2015. Parameter pada model MSEITR ini meliputi jumlah populasi, laju kematian alami, laju kelahiran, laju penurunan vaksin, laju peningkatan vaksin, laju perpindahan individu *susceptible* menuju *expose*, laju perpindahan individu *expose* menuju *infected*, laju perpindahan individu *infected* menuju *treatment*, laju perpindahan populasi *susceptible*.

d) Menentukan titik ekuilibrium

Dalam melakukan pencarian titik kesetimbangan bebas penyakit (*disease free equilibrium*) menggunakan asumsi persamaan  $E = 0$  dan  $I = 0$ , selanjutnya untuk menentukan nilai kesetimbangan epidemi (*epidemic equilibrium*) dengan menggunakan asumsi  $E > 0$  dan  $I > 0$ . Jika nilai dua jenis kesetimbangan tersebut telah diperoleh maka dilakukan evaluasi menggunakan matriks jacobian.

e) Menguji kestabilan model epidemi MSEITR

Cara yang digunakan untuk mengetahui kestabilan pada model MSEITR dilakukan dengan menentukan akar-akar polinomial karakteristik dari Matriks Jacobian yang telah dievaluasi pada titik kesetimbangan.

f) Simulasi numerik dengan Maple17

Analisis hasil dari model epidemi MSEITR menggunakan bantuan aplikasi *Maple17*. Hal ini dilakukan dengan cara mengamati kestabilan titik equilibrium bebas penyakit, apabila kondisi  $R_0 < 1$  yang mengartikan bahwa penyakit akan hilang seiring berjalannya waktu dan pada saat  $R_0 > 1$  menunjukkan bahwa penyakit Tuberkulosis akan menjadi epidemi di daerah tersebut

g) Pengambilan Kesimpulan

Setelah melakukan simulasi numerik dari penyakit Tuberkulosis di masing-masing subpopulasi, dipaparkan kesimpulan dari perilaku grafik yang dihasilkan, yaitu stabil ketika grafik menuju titik equilibrium atau tidak stabil ketika grafik menjauhi titik equilibrium.

h) Penyusunan Laporan

Setelah menyelesaikan seluruh langkah di atas, selanjutnya dilakukan penyusunan laporan yang sesuai dengan hasil analisa yang telah dilakukan.

### Hasil dan Pembahasan

Model epidemi MSEITR untuk penyebaran penyakit Tuberkulosis membagi populasi ke dalam enam subpopulasi, perumusan model epidemi MSEITR, dinyatakan pada Persamaan (1),(2),(3),(4),(5) dan(6) diatas. Selanjutnya dengan menambahkan (1) – (6) kita mempunyai

$$\frac{dN}{dt} \leq b + \pi - \mu N \tag{10}$$

$$M(t) \geq 0, S(t) \geq 0, E(t) \geq 0, I(t) \geq 0, T(t) \geq 0, R(t) \geq 0$$

Nilai parameter yang digunakan dalam penelitian ini berupa data kasus penyebaran penyakit tuberkulosis di Jawa Timur dengan nilai-nilai berikut

**Tabel 4.1 Data Penyebaran Penyakit Tuberkulosis Jawa Timur**

No	Data	Nilai	Satuan
1	Jumlah populasi	39.500.851	Jiwa
2	Durasi rata-rata treatment	0,5	Tahun



3	Jumlah terinfeksi(i)	54.863	Jiwa
4	Suspek(s)	229.921	Jiwa
5	Diobati(t)	27.945	Jiwa
6	Bayi dimunisasi(m)	558.179	Jiwa
7	Sembuh(r)	26.918	Jiwa
8	Terpapar(e)	38.603.025	Jiwa
9	Harapan hidup	70,97	Tahun
10	Jumlah kelahiran	570.819	Jiwa
11	Masa inkubasi	0,25	Tahun
12	Masa sembuh tb mdr	0,75	Tahun
13	Jumlah migrasi masuk	315543	Jiwa

Data Tabel 4.1 ini diperoleh dari buku Profil Kesehatan Indonesia tahun 2018, buku Profil Kesehatan Provinsi Jawa Timur Tahun 2018, Profil Penduduk Indonesia Hasil Supas 2015.

Selanjutnya, akan dilakukan perhitungan estimasi parameter berikut:

**Tabel 4.2 Nilai Estimasi Parameter**

Parameter	Keterangan	Estimas	Nilai
$\mu$	laju kematian alami	1/angka harapan hidup	0,014090461
$b$	laju kelahiran	Jumlah kelahiran/jumlah populasi	0,014450803
$\phi$	laju penurunan pemberian vaksin	-	(0-1)
$\theta$	laju peningkatan pemberian vaksin untuk bayi	-	(0-1)
$\beta$	laju perpindahan populasi <i>susceptible</i> menuju populasi <i>expose</i>	1/(jumlah individu rentan x masa pemulihan)	0,0000087
$k$	laju perpindahan populasi <i>expose</i> menuju populasi <i>infected</i>	1/masa inkubasi	4

$\alpha$	laju perpindahan populasi <i>infected</i> menuju populasi <i>treatment</i>	Jumlah populasi T/jumlah populasi	0,000707453
$\gamma$	laju perpindahan populasi <i>treatment</i> menuju populasi <i>recovered</i>	1/durasi treatment	2
$\pi$	laju perpindahan populasi <i>susceptible</i>	Jumlah migran masuk/jumlah penduduk	0,007988258

Berdasarkan data pada Table 4.1 akan didapat Tabel 4.2 yang menunjukkan estimasi paramater model penyebaran penyakit Tuberkulosis dengan Mseitr dengan menggunakan rumus estimasi yang diperoleh dari penelitian-penelitian sebelumnya. Selanjutnya akan dianalisa mengenai pengaruh parameter

$\phi$ , dan  $\theta$  terhadap bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ). Jika nilai  $R_0 < 1$  maka penyakit tuberkulosis tidak akan menyebar di wilayah tersebut, jika nilai  $R_0 > 0$  maka penyakit tuberkulosis akan menyebar di wilayah tersebut.

**Tabel 4.3 Percobaan Parameter  $\phi$ , dan  $\theta$  Terhadap Bilangan Reproduksi Dasar ( $R_0$ )**

$\theta$	$\phi$	$R_0$	Keterangan
0,8	0,4	0,00001	Tidak terjadi penyebaran
0,4	0,6	0,00001	Tidak terjadi penyebaran
0,2	0,8	0,00001	Tidak terjadi penyebaran

Estimasi paramater  $\phi$  dan  $\theta$  di atas diadopsi dari (Dago dkk., 2015). Berdasarkan Tabel 4.3 nilai dari bilangan reproduksi dasar tidak dipengaruhi oleh laju peningkatan atau pemberian vaksin, selanjutnya menentukan nilai awal dari data populasi penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur,

$$M(0) = 0,0141 ; S(0) = 0,0058 ; E(0) = 0,9773 ; I(0) = 0,0014 ; T(0) = 0,0007 ; R(0) = 0,0007$$

Setelah menghitung nilai-nilai paramater, akan di tentukan dua nilai titik equilibrium, yaitu titik equilibrium bebas penyakit dan titik equilibrium endemik Titik kesetimbangan bebas penyakit dapat ditinjau dengan melihat sistem (1), (2), (3), (4), (5), dan (6) dalam keadaan yang tidak ada perubahan atau stagnan, yaitu

$$\frac{dM}{dt} = 0, \quad \frac{dS}{dt} = 0, \quad \frac{dE}{dt} = 0, \quad \frac{dI}{dt} = 0, \quad \frac{dT}{dt} = 0, \quad \frac{dR}{dt} = 0$$

Selanjutnya dengan mengasumsikan  $E(0) = 0, I(0) = 0$  yang berarti bahwa tidak ada individu yang terinfeksi maka didapatkan titik equilibrium bebas penyakit

$$P^0 = (M^0, S^0, E^0, I^0, T^0, R^0) = \left( \frac{b\theta}{(\phi + \mu)}, \frac{b(1 - \theta) + \pi + \phi \frac{b\theta}{(\phi + \mu)}}{\mu}, 0, 0, 0, 0 \right)$$

Dengan  $P^0$  adalah titik equilibrium bebas penyakit. Selanjutnya, untuk nilai kesetimbangan endemik akan didapat dengan memisalkan  $E(t) > 0, I(t) > 0$  yang artinya terdapat individu terinfeksi dalam populasi, maka didapat titik equilibrium endemik

$$P^* = (M^*, S^*, E^*, I^*, T^*, R^*) = \left( \frac{b\theta}{x}, \frac{vz}{k\beta}, \frac{j}{zk\beta x}, \frac{j}{vz\beta x}, \frac{\alpha j}{wvz\beta x}, \frac{\gamma \alpha j}{\mu wvz\beta x} \right) \quad \text{dengan}$$

$$x = \phi + \mu; j = kb\theta\beta(1 - \theta) + \pi k\beta + \phi k\theta b\beta - \mu v z x; v = \mu + \alpha; z = \mu + k; w = \gamma + \mu$$

Setelah didapatkan dua nilai titik equilibrium, selanjutnya akan ditentukan nilai bilangan reproduksi dasar. Bilangan reproduksi dasar merupakan bilangan yang menyatakan nilai rata-rata dari individu pada kelompok rentan yang terinfeksi secara langsung oleh individu pada kelompok terinfeksi. Oleh karena itu akan ada dua kelompok, yaitu kelompok *expose* dan kelompok *infected* yang dapat menyebabkan infeksi. Dalam menentukan bilangan reproduksi dasar akan dibangun terlebih dahulu *Next Generation Matrix* dari dua kelompok tersebut, yaitu:

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + k)E$$

$$\frac{dI}{dt} = kE - (\mu + \alpha)I$$

Selanjutnya, definisikan  $\mathcal{F}_i = \begin{bmatrix} \beta SI \\ 0 \end{bmatrix}$  dan  $\mathcal{V}_i = \begin{bmatrix} (\mu + k)E \\ (\mu + \alpha)I - kE \end{bmatrix}$ , kemudian menghitung bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ) dengan melinierisasi  $\mathcal{F}_i$  dan  $\mathcal{V}_i$  pada titik kesetimbangan bebas penyakit

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_{i1}}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{F}_{i1}}{\partial I} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_{i2}}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{F}_{i2}}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \beta S \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V} = \begin{bmatrix} \frac{\partial V_{i1}}{\partial E} & \frac{\partial V_{i1}}{\partial I} \\ \frac{\partial V_{i2}}{\partial E} & \frac{\partial V_{i2}}{\partial I} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\mu + k) & 0 \\ -k & (\mu + \alpha) \end{bmatrix}$$

$$\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta S k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)} & \frac{\beta S}{(\mu + \alpha)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Selanjutnya adalah mencari nilai eigen dari persamaan karakteristik dari

$$|\mathcal{F}\mathcal{V}^{-1} - \lambda I| = 0$$

$$\det \begin{bmatrix} \frac{\beta S k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)} - \lambda & \frac{\beta S}{(\mu + \alpha)} \\ 0 & -\lambda \end{bmatrix} = 0$$

$$-\lambda \left( \frac{\beta S k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)} - \lambda \right) = 0$$

$$\lambda_1 = 0, \lambda_2 = \frac{\beta S k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)}$$

maka akan diperoleh

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{\beta S^0 k}{(\mu + k)(\mu + \alpha)} \\ &= \frac{\beta k \left( b(1 - \theta) + \pi + \phi \frac{b\theta}{(\phi + \mu)} \right)}{\mu(\mu + k)(\mu + \alpha)} \\ &= \frac{\beta k}{\mu z v} \left( b(1 - \theta) + \pi + \frac{\phi b \theta}{x} \right) \end{aligned}$$

Sistem persamaan pada model MSEITR merupakan sistem persamaan differensial nonlinier, maka perlu dilakukan pelinieran menggunakan matriks jacobian dengan mendefinisikan persamaan

(11) – (16) sebagai berikut:

$$f(\text{MSEITR}) = b\theta - (\phi + \mu)M = 0 \tag{11}$$

$$g(\text{MSEITR}) = b(1 - \theta) + \pi + \phi M - \beta SI - \mu S = 0 \tag{12}$$

$$h(\text{MSEITR}) = \beta SI - (\mu + k)E \tag{13}$$

$$i(\text{MSEITR}) = kE - (\mu + \alpha)I = 0 \tag{14}$$

$$j(\text{MSEITR}) = \alpha I - (\gamma + \mu)T = 0 \tag{15}$$

$$k(\text{MSEITR}) = \gamma T - \mu R = 0 \tag{16}$$

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f}{\partial M} & \frac{\partial f}{\partial S} & \frac{\partial f}{\partial E} & \frac{\partial f}{\partial I} & \frac{\partial f}{\partial T} & \frac{\partial f}{\partial R} \\ \frac{\partial g}{\partial g} & \frac{\partial g}{\partial g} & \frac{\partial g}{\partial g} & \frac{\partial g}{\partial g} & \frac{\partial g}{\partial g} & \frac{\partial g}{\partial g} \\ \frac{\partial M}{\partial h} & \frac{\partial S}{\partial h} & \frac{\partial E}{\partial h} & \frac{\partial I}{\partial h} & \frac{\partial T}{\partial h} & \frac{\partial R}{\partial h} \\ \frac{\partial M}{\partial i} & \frac{\partial S}{\partial i} & \frac{\partial E}{\partial i} & \frac{\partial I}{\partial i} & \frac{\partial T}{\partial i} & \frac{\partial R}{\partial i} \\ \frac{\partial M}{\partial j} & \frac{\partial S}{\partial j} & \frac{\partial E}{\partial j} & \frac{\partial I}{\partial j} & \frac{\partial T}{\partial j} & \frac{\partial R}{\partial j} \\ \frac{\partial M}{\partial k} & \frac{\partial S}{\partial k} & \frac{\partial E}{\partial k} & \frac{\partial I}{\partial k} & \frac{\partial T}{\partial k} & \frac{\partial R}{\partial k} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} -(\phi + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \phi & -\beta I - \mu & 0 & -\beta S & 0 & 0 \\ 0 & \beta I & -(\mu + k) & \beta S & 0 & 0 \\ 0 & 0 & k & -(\mu + \alpha) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha & -(\gamma + \mu) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

$$J(P^0) = \begin{bmatrix} -(\phi + \mu) & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \phi & -\mu & 0 & -\beta \frac{b(1-\theta) + \pi + \phi \frac{b\theta}{(\phi + \mu)}}{\mu} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -(\mu + k) & \beta \frac{b(1-\theta) + \pi + \phi \frac{b\theta}{(\phi + \mu)}}{\mu} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & k & -(\mu + \alpha) & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha & -(\gamma + \mu) & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Misalkan  $v = (\mu + \alpha)$ ;  $w = (\gamma + \mu)$ ;  $x = (\phi + \mu)$ ;

$$y = \beta \frac{b(1-\theta) + \pi + \phi \frac{b\theta}{(\phi + \mu)}}{\mu}; z = (\mu + k)$$

$$J(P^0) = \begin{bmatrix} -x & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \phi & -\mu & 0 & -y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -z & y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & k & -v & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha & -w & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu \end{bmatrix}$$

maka  $|J(P^0) - \lambda I| = 0$

$$\begin{vmatrix} -x - \lambda & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \phi & -\mu - \lambda & 0 & -y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -z - \lambda & y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & k & -v - \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha & -w - \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \gamma & -\mu - \lambda \end{vmatrix} = 0$$

Sehingga diperoleh

$$\begin{aligned} &(-x - \lambda)(-\mu - \lambda)(\lambda^4 + (\mu + v + w + z)\lambda^3 + (-ky + \mu v + \mu w + \mu z + v w + v z + w z)\lambda^2 \\ &+ (-k\mu y - k w y + \mu v w + \mu v z + \mu w z + v w z)\lambda - (k\mu w y + \mu v w z) = 0 \\ &(-x - \lambda)(-\mu - \lambda)(-\mu - \lambda)(-w - \lambda)(\lambda^2 + (v + z)\lambda + v z - ky) = 0 \end{aligned}$$

Maka  $\lambda_1 = -x, \lambda_2 = -\mu, \lambda_3 = -\mu, \lambda_4 = -w$  untuk mencari  $\lambda_5$  dan  $\lambda_6$  akan dihitung lebih lanjut sebagai berikut

$$\begin{aligned} \lambda_{5,6} &= \frac{-(v + z) \pm \sqrt{(v + z)^2 - 4(1)(vz - ky)}}{2(1)} \\ &= \frac{-(v + z) \pm \sqrt{v^2 + 2vz + z^2 - 4vz + 4ky}}{2} \\ &= \frac{-(v + z) \pm \sqrt{v^2 - 2vz + z^2 + 4ky}}{2} \end{aligned}$$

Selanjutnya, dengan mensubstitusikan nilai parameter ke dalam nilai eigen yang telah diperoleh maka akan di dapat

$$\lambda_1 = -0,414090461 ; \lambda_2 = -0,014090461 ; \lambda_3 = -0,014090461 ; \lambda_4 = -2,14090461 ; \lambda_5 = -0,0147843 ; \lambda_6 = -4,014104073$$

Karena eigen dari  $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5, \lambda_6 < 0$  maka dapat disimpulkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit adalah stabil asimtotik lokal. Selanjutnya, akan dilakukan simulasi model MSEITR dengan menggunakan alat bantu aplikasi Maple17

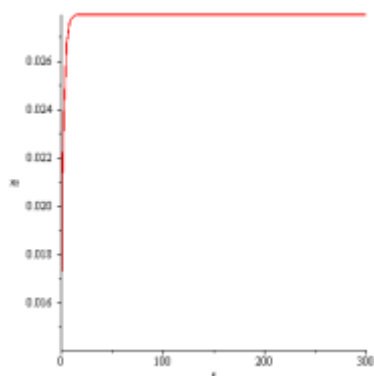
Dengan menggunakan estimasi parameter yang telah dihitung sebelumnya, akan diperoleh bilangan reproduksi dasar  $R_0 = 0,00001 < 1$  sehingga kondisi ini menunjukkan keadaan sistem yang stabil asimtotik menuju titik kesetimbangan

$$P^0 = (M^0, S^0, E^0, I^0, T^0, R^0) = (0,02791815675 ; 1,564581975 ; 0 ; 0 ; 0 ; 0)$$

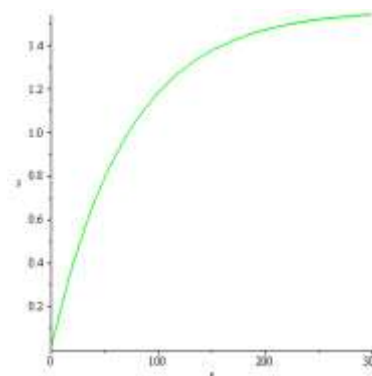
hal ini berarti bahwa untuk masa yang lama ( $t \rightarrow \infty$ ) subpopulasi M menuju 0,02791815675 , subpopulasi S menuju

1,564581975, subpopulasi E menuju 0, subpopulasi I menuju 0, subpopulasi T menuju 0, dan subpopulasi R menuju 0. Selanjutnya, dengan nilai  $R_0 < 1$  maka dapat disimpulkan bahwa penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur tidak akan menjadi endemi dan akan menghilang dari populasi.

Simulasi numerik penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur pada tahun 2018 dengan mengambil data dari laman resmi Dinas Kesehatan Jawa Timur, dan Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. Nilai awal yang digunakan untuk subpopulasi M yaitu 0,0141, subpopulasi S bernilai 0,0058, subpopulasi E bernilai 0,9773, subpopulasi I bernilai 0,0014, subpopulasi T bernilai 0,0007, dan subpopulasi R bernilai 0,0007. Simulasi numerik yang dilakukan akan menggunakan bantuan aplikasi Maple17 dan memperoleh plot grafik di bawah ini

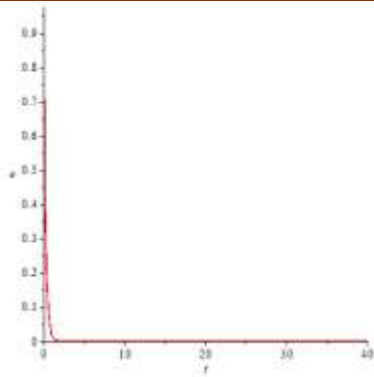


**Gambar 4.1 Subpopulasi Passive Immune Infants (M)**

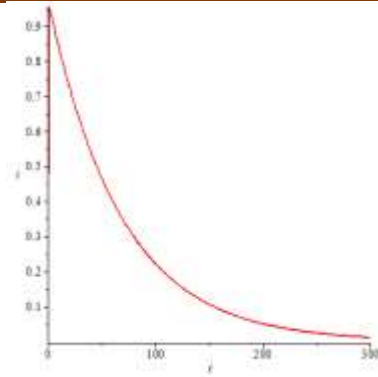


**Gambar 4.2 Subpopulasi Susceptible (S)**

Grafik pada Gambar 4.1 terlihat bahwa subpopulasi M mengalami kenaikan dari nilai awalnya, yaitu dari nilai 0,0141 menuju nilai 0,027918157. Hal ini setara dengan 1.102.791 jiwa. Hal ini dikarenakan adanya individu dipopulasi M yang mengalami perpindahan menuju subpopulasi *susceptibel* atau mengalami kematian alami. Grafik menuju titik kesetimbangan di  $M^0 = 0,027918157$  sehingga grafik menunjukkan kestabilan. Selanjutnya, melihat plot grafik pada Gambar 4.2 dapat diketahui bahwa subpopulasi S mengalami peningkatan dari nilai awal sebesar 0,0058 menuju nilai 1,564581975. Nilai ini akan setara dengan 61.802.319 jiwa. Grafik *susceptible* ini menuju titik kesetimbangan dan tidak mengalami kenaikan yang melebihi nilai  $S^0 = 1,564581975$ .

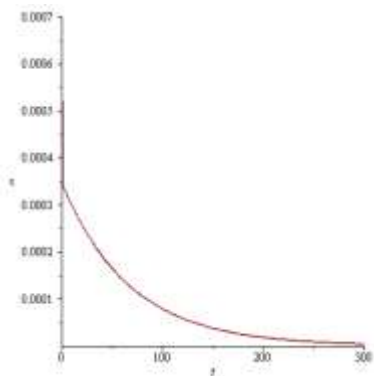


**Gambar 4.3** Subpopulasi Expose (E)

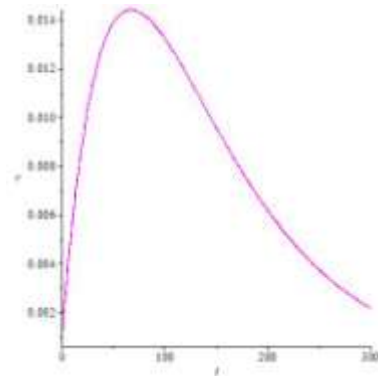


**Gambar 4.4** Subpopulasi Infected (I)

Grafik pada Gambar 4.3 menunjukkan bahwa plot grafik subpopulasi *expose* mengalami penurunan yang menuju titik kesetimbangan, yaitu mulai dari **0,7773** menuju nilai **0**. Sehingga seiring berjalannya waktu, kelompok *expose* pada penyakit tuberkulosis di Jawa Timur akan menghilang dari populasi. Selanjutnya, dengan melihat hasil simulasi untuk grafik subpopulasi *infected* dapat disimpulkan bahwa grafik mengalami penurunan dari waktu ke waktu. Dengan nilai awal sebesar **0,0014** menuju titik kesetimbangan yang bernilai **0**. Ini menunjukkan bahwa subpopulasi orang yang terinfeksi penyakit tuberkulosis akan menghilang dari populasi



**Gambar 4.5** Subpopulasi Treatment (T)



**Gambar 4.6** Subpopulasi Recovered (R)

Melalui plot grafik yang dihasilkan oleh Gambar 4.5 dapat diketahui bahwa subpopulasi *treatment* akan mengalami penurunan dan semakin lama akan semakin menghilang dari populasi. Nilai subpopulasi yang awalnya sebesar **0,0007** akan menuju titik kesetimbangan yang bernilai **0**. Sehingga subpopulasi ini dapat dikatakan stabil. Pada plot grafik yang di tunjukkan oleh Gambar 4.6 dapat disimpulkan bahwa grafik mengalami penurunan dari nilai awalnya, yaitu dari **0,0007** menuju titik kesetimbangan yang bernilai **0**. Hal ini berarti bahwa subpopulasi sembuh akan menghilang seiring dengan hilangnya subpopulasi sebelum-sebelumnya. Sehingga sistem ini akan stabil menuju titik kesetimbangan.



Akibat dari simulasi numerik yang dilakukan, untuk waktu yang menuju tak hingga, jumlah proporsi pada kelompok *passive immune infants* akan menuju **0,02791815675**, setara dengan 1.102.791 jiwa, kelompok *susceptibel* menuju nilai **1,564581975**, setara dengan 61.802.319 jiwa, kemudian tidak ada individu yang terpapar Tuberkulosis, tidak ada individu yang terinfeksi, tidak ada individu yang diobati, dan tidak ada individu yang sembuh karena nilai titik equilibrium bebas penyakit yang sama dengan nol.

## Penutup

Berdasarkan pemaparan pada bab sebelumnya mengenai penyebaran penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur maka dapat ditarik kesimpulan bahwa model penyebaran penyakit Tuberkulosis dilakukan dengan membagi populasi menjadi enam subpopulasi, yaitu *passive immune infants* (M) kelompok individu yang dilindungi imun pasif, *susceptible* (S) kelompok individu rentan, *exposed* (E) kelompok individu terpapar, *infected* (I) kelompok individu terinfeksi, *treatment* (T) kelompok individu yang melakukan pengobatan, *recovered* (R) kelompok individu yang sembuh. Berikut ini perumusan model yang digunakan:

$$\frac{dM}{dt} = b\theta - (\phi + \mu)M$$

$$\frac{dS}{dt} = b(1 - \theta) + \pi + \phi M - \beta SI - \mu S$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + k)E$$

$$\frac{dI}{dt} = kE - (\mu + \alpha)I$$

$$\frac{dT}{dt} = \alpha I - (\gamma + \mu)T$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma T - \mu R$$

Cara yang digunakan untuk menganalisis penyebaran Tuberkulosis diawali dengan mengumpulkan data kuantitatif, mengestimasi parameter yang diperoleh dari Data penyebaran Tuberkulosis Jawa Timur tahun 2018, kemudian pencarian titik equilibrium, pemodelan penyebaran Tuberkulosis ini mendapatkan dua titik equilibrium, yaitu titik equilibrium bebas penyakit, dan titik equilibrium endemik. Setelah itu, menguji kestabilan model MSEITR dengan mencari bilangan reproduksi dasar  $R_0 = \frac{\beta k}{\mu z v} \left( b(1 - \theta) + \pi + \frac{\phi b \theta}{x} \right)$ , selanjutnya dengan mensubstitusikan nilai parameter yang telah

diperoleh, akan didapat nilai  $R_0 = 0,00001 < 1$ . Kemudian dilakukan proses pelinieran pada enam persamaan di atas yang mendapat nilai eigen yaitu

$$\lambda_1 = -0,414090461; \lambda_2 = -0,014090461; \lambda_3 = -0,014090461; \lambda_4 = -2,14090461; \lambda_5 = -0,0147843; \lambda_6 = -4,014104073$$

bernilai negatif, kondisi ini menyimpulkan bahwa titik equilibrium bebas penyakit Tuberkulosis yang stabil asimtotik lokal. Selanjutnya pada simulasi numerik model MSEITR menunjukkan bahwa pada waktu yang menuju tak hingga, grafik cenderung menuju pada titik equilibrium bebas penyakit. Sehingga dapat disimpulkan bahwa penyakit Tuberkulosis di Jawa Timur tidak mengalami penyebaran.

#### **Daftar Pustaka**

- Blackwood, J. C., & Childs, L. M. (2018). An Introduction To Compartmental Modeling For The Budding Infectious Disease Modeler. *Letters In Biomathematics*, 27. <https://doi.org/10.1080/23737867.2018.1509026>
- Dago, M. M., Ibrahim, M. O., & Tosin, A. S. (2015). *Stability Analysis Of A Deterministic Mathematical Model For Transmission Dynamics Of Tuberculosis*. 5.
- Dalle, A., & Pashar, I. (2019). *Gambaran Motivasi Keluarga Dalam Pencegahan Penularan Tuberkulosis Paru Di Rumah Sakit Umum Daerah Sinjai*. 10(01), 7.
- Djafri, D. (2015). Pemodelan Epidemiologi Penyakit Menular. *Jurnal Kesehatan Masyarakat Andalas*, 2.
- G. Zill, D., & Michael R, C. (2009). *Differential Equations With Boundary Value Problem*. Brooks/Cole Cengage Learning.
- Hari Santoso, K. (2019). *Profil Kesehatan Provinsi Jawa Timur*. Dinas Kesehatan Jawa Timur.
- Indah, M. (2018). *Infodatin Tuberkulosis*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kenedyanti, E., & Sulistyorini, L. (2017). Analisis Mycobacterium Tuberculosis Dan Kondisi Fisik Rumah Dengan Kejadian Tuberkulosis Paru. *Jurnal Berkala Epidemiologi*, 5, 152–162. <https://doi.org/10.20473/Jbe.V5i2.2017.152-162>
- Kristini, T., & Hamidah, R. (2020). Potensi Penularan Tuberculosis Paru Pada Anggota Keluarga Penderita. *Jurnal Kesehatan Masyarakat Indonesia*, 15(1), 24. <https://doi.org/10.26714/Jkmi.15.1.2020.24-28>
- Liu, L., Zhao, X.-Q., & Zhou, Y. (2010). A Tuberculosis Model With Seasonality. *Bulletin Of Mathematical Biology*, 72(4), 931–952. <https://doi.org/10.1007/S11538-009-9477-8>
- Ma, Y., Horsburgh, C. R., White, L. F., & Jenkins, H. E. (2018). Quantifying Tb Transmission: A Systematic Review Of Reproduction Number And Serial Interval Estimates For Tuberculosis. *Epidemiology And Infection*, 146(12), 1478–1494. <https://doi.org/10.1017/S0950268818001760>

- Malorong, F., Blegur, M., Pangaribuan, R. M., & Ndi, M. Z. (2018). Analisis Sensitivitas Model Matematika Penyebaran Penyakit Dengan Vaksinasi. *Jurnal Matematika Integratif*, 14(1), 9. <https://doi.org/10.24198/Jmi.V14.N1.16000.9-15>
- Mathofani, P. E., & Febriyanti, R. (2020). *Faktor-Faktor Yang Berhubungan Dengan Kejadian Penyakit Tuberkulosis (Tb) Paru Di Wilayah Kerja Puskesmas Serang Kota Tahun 2019*. 12, 10.
- Nagle, R. K., Saff, E. B., & Snider, A. D. (2012). *Fundamentals Of Differential Equations* (8th Ed). Pearson Education.
- Primadi, O. (2019). *Profil Kesehatan Indonesia*. Kementerian Kesehatan Republik Indonesia.
- Rafflesia, U. (2014). *Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis (Tbc)*. 10.
- Rahayu, A. P., & Nusantara, T. (2019). *Analisis Kestabilan Model Epidemi Mseivr Pada Penyebaran Penyakit Difteri Di Provinsi Jawa Timur*. 16.
- Ramadhan, R., Fitria, E., & Rosdiana, R. (2017). Deteksi Mycobacterium Tuberculosis Dengan Pemeriksaan Mikroskopis Dan Teknik Pcr Pada Penderita Tuberculosis Paru Di Puskesmas Darul Imarah. *Sel Jurnal Penelitian Kesehatan*, 4(2), 73–80. <https://doi.org/10.22435/Sel.V4i2.1463>
- Shaikh, A., Sriraman, K., Vaswani, S., Oswal, V., & Mistry, N. (2019). Detection Of Mycobacterium Tuberculosis Rna In Bioaerosols From Pulmonary Tuberculosis Patients. *International Journal Of Infectious Diseases*, 86, 5–11. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.06.006>
- Side, S., Sanusi, W., & Setiawan, N. F. (2016). *Analisis Dan Simulasi Model Sitr Pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis Di Kota Makassar*. 14.