

ESTIMASI PARAMETER MODEL TUBERKULOSIS DI INDONESIA DENGAN PERBANDINGAN ALGORITMA GENETIKA DAN PARTICLE SWARM OPTIMIZATION

Muna Afdi Muniroh^{1*}, Kresna Oktafianto², Eriska Fitri Kurniawati³, Maya Muaziza⁴

^{1,2,3,4}Program Studi Matematika, Universitas PGRI Ronggolawe

*Email: munaafdimuniroh@gmail.com

ABSTRAK

Tuberkulosis (TB) adalah penyakit infeksi menular yang disebabkan oleh *Mycobacterium tuberculosis* dan menjadi masalah kesehatan global yang signifikan, dengan peningkatan kasus di Indonesia mencapai 821.200 pada tahun 2023. Penularan TB dipengaruhi oleh berbagai faktor, sehingga pemodelan matematika penting untuk memahami dinamika penyebarannya. Penelitian ini bertujuan untuk melakukan estimasi parameter pada model SEIL dengan menerapkan dua metode optimasi, yaitu algoritma genetika (AG) dan *particle swarm optimization* (PSO). Setelah dilakukan 50 percobaan, diperoleh parameter terbaik (*best*) dan terburuk (*worst*) untuk setiap metode. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa PSO menghasilkan nilai *fitness* dan angka reproduksi dasar (R_0) yang lebih rendah dibandingkan AG, sehingga lebih optimal menentukan nilai parameter terbaik.

Kata Kunci: tuberkulosis, algoritma genetika, *particle swarm optimization*

PENDAHULUAN

Tuberkulosis (TB) merupakan penyakit infeksi menular yang disebabkan oleh *Mycobacterium tuberculosis* dan masih menjadi salah satu masalah kesehatan global yang signifikan (CDC, 2025). Berdasarkan data Kementerian Kesehatan RI, terjadi peningkatan jumlah kasus TB di Indonesia hingga mencapai 821.200 kasus pada tahun 2023. TB umumnya menyerang paru-paru, namun juga dapat mempengaruhi organ tubuh lainnya, dengan penularan yang terjadi melalui inhalasi *droplet* yang mengandung bakteri dari penderita TB aktif (WHO, 2024).

Penularan TB dipengaruhi oleh berbagai faktor, baik biologis, lingkungan, maupun sosial (Tamunu, *et al.*, 2022). Oleh karena itu, pendekatan matematis melalui pemodelan sangat penting untuk memahami dinamika penyebaran penyakit ini secara lebih sistematis. Model SEIR (*Susceptible, Exposed, Infectious, Recovered*) merupakan kerangka dasar yang banyak digunakan karena membagi populasi ke dalam empat subpopulasi berdasarkan status infeksi. Model ini dapat dimodifikasi sesuai dengan karakteristik penyakit dan data epidemiologis setempat. Berbagai studi telah memodifikasi model SEIR untuk kasus penyebaran TB. Jamil *et al.* (2023) memodelkan dinamika penyebaran TB dengan model matematika tipe SEIR. Raming *et al.* (2024) menambahkan parameter vaksinasi dalam model SEIR untuk Kota Samarinda dan membuktikan efektivitas vaksinasi melalui simulasi numerik. Muniroh, (2024) mengembangkan model SEIR untuk penyebaran TB dengan menambahkan kelompok pengobatan. Namun, karena tuberkulosis memiliki fase laten yang panjang (CDC, 2025), model SEIR saja tidak cukup merepresentasikan kondisi tersebut. Oleh sebab itu, Kim *et al.* (2018) mengembangkan model SEIL (*Susceptible, high-risk Latent, Infectious, low-risk Latent*) yang lebih sesuai dengan karakteristik TB dalam studi kasus di Filipina.

Estimasi parameter dalam model matematika digunakan untuk mengetahui hasil yang terbaik. Dalam hal ini, metode optimasi seperti Algoritma Genetika (AG) dan *Particle Swarm Optimization* (PSO) telah banyak digunakan karena kemampuannya dalam menyelesaikan masalah kompleks. Putra *et al.* (2019) menggunakan PSO untuk estimasi parameter pada model epidemi SIR dan menunjukkan bahwa PSO mampu memperoleh parameter yang stabil dengan error yang lebih kecil dibandingkan metode konvensional. Fatmawati *et al.* (2022) melakukan estimasi parameter dengan AG pada model TB tipe SIS dan SEIS di Jawa Timur, dan hasilnya menunjukkan bahwa AG

efektif dalam merepresentasikan dinamika kasus TB berdasarkan data riil. Mutiara *et al.* (2022) membandingkan metode ANN-PSO dan ANN-AG dalam prediksi penyakit TB, dan menemukan bahwa ANN-PSO memberikan akurasi prediksi yang lebih tinggi. Sa'adah *et al.* (2024) membandingkan metode AG dan PSO untuk estimasi parameter model SEIR dengan data Covid-19 di DKI Jakarta, dan hasil estimasi menunjukkan PSO memberikan hasil *fitting data* yang lebih baik dibandingkan AG, dengan *error* yang lebih kecil dan waktu komputasi yang minimum.

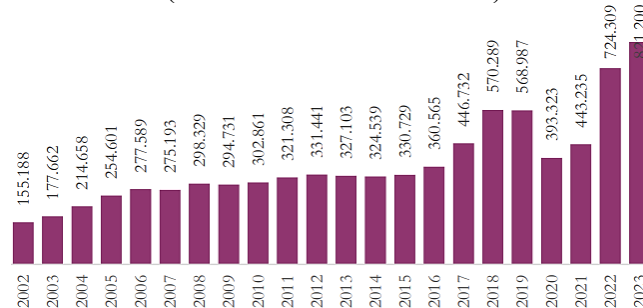
Penelitian ini menggunakan model TB tipe SEIL yang dibahas dan dianalisis oleh Kim *et al.* (2018) dalam studi kasus di Filipina. Model tersebut dijadikan acuan karena kelompok laten terbagi menjadi laten berisiko tinggi dan rendah, sehingga lebih sesuai dengan karakteristik epidemiologi TB dibandingkan model SEIR. Selain itu, negara Filipina relevan dengan Indonesia, karena keduanya termasuk negara dengan beban TB tertinggi di dunia. Menurut laporan WHO (2024), Indonesia menyumbang 10% dan Filipina 6,8% dari total kasus TB global. Dalam penelitian ini diterapkan dua metode optimasi untuk estimasi parameter model TB dalam studi kasus di Indonesia, yaitu Algoritma Genetika (AG) dan *Particle Swarm Optimization* (PSO). Tujuan dari penelitian ini untuk membandingkan kinerja kedua metode optimasi, sehingga dapat ditentukan metode terbaik untuk menentukan parameter yang optimal pada model SEIL TB di Indonesia.

METODE PENELITIAN

Langkah pertama dalam penelitian ini adalah pengumpulan data dan pemilihan model TB. Selanjutnya, dilakukan optimasi parameter model menggunakan AG dan PSO. Tujuannya adalah menemukan nilai parameter terbaik yang menghasilkan nilai *fitness* paling rendah, sebagai metrik evaluasi model.

Data

Data yang diambil adalah kasus TB Indonesia tahun 2000-2023 dari laporan program penanggulangan tuberkulosis 2023 (Kementerian Kesehatan RI).



Gambar 1. Data kasus TB Indonesia tahun 2000-2023
(Sumber: Kementerian Kesehatan RI, 2024)

Model

Penelitian ini melakukan estimasi parameter untuk *fitting* data model yang dibahas oleh Kim *et al.* (2018) menggunakan data kasus TB di Indonesia. Model TB tipe SEIL dinyatakan dalam bentuk sistem persamaan diferensial biasa sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= bN - \beta \frac{SI}{N} - \mu S, \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - (\delta + \gamma + \mu)E + prI, \\
 \frac{dI}{dt} &= \delta E - (\mu + r + \alpha)I, \\
 \frac{dL}{dt} &= (1 - p)rI + \gamma E - \mu L,
 \end{aligned}
 \tag{1}$$

dengan $N = S + E + I + L$. S adalah subpopulasi individu rentan, E adalah subpopulasi individu TB laten berisiko tinggi, I adalah subpopulasi individu TB aktif, dan L adalah subpopulasi individu TB laten berisiko rendah. Diasumsikan nilai laju kematian alami $\mu = \frac{1}{72.39}$ dan proporsi kegagalan pengobatan $p = 0.2$. Laju kelahiran (b), laju penularan (β), laju progress dari E ke L (γ), laju

progress dari E ke I (δ), laju pengobatan (r), dan laju kematian akibat TB (α) adalah parameter-parameter model yang diestimasi. Angka reproduksi dasar ($\mathcal{R}_0$), menggambarkan rata-rata jumlah orang yang terinfeksi dari kasus TB dalam populasi rentan. Jika $\mathcal{R}_0$ lebih besar dari 1, jumlah individu yang terinfeksi akan meningkat dan wabah terjadi (Van Den Driessche, 2017). Dengan menggunakan metode *next generation*, angka reproduksi dasar diperoleh (Kim *et al.* 2018)

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta\delta}{(\delta + \gamma + \mu)(\mu + r + \alpha) - \delta pr} \quad (2)$$

Fungsi Fitness

Fungsi *fitness* dalam estimasi parameter model SEIL TB dihitung dengan menggabungkan metrik *Root Mean Square Error* (RMSE). Fungsi *fitness* didefinisikan sebagai:

$$Fitness = RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{k=1}^n (Y_k - \hat{Y}_k)^2} \quad (3)$$

dengan Y_k = data kasus TB aktual ke-k, $\hat{Y}_k$ = hasil model ke-k, dan n = jumlah total data.

Algoritma Genetika (AG)

Algoritma genetika (AG) bekerja berdasarkan proses seleksi alam yang terjadi pada kromosom. Metode ini meniru proses evolusi biologis, yang mana kromosom (individu) dalam populasi dievaluasi berdasarkan kemampuannya untuk menyelesaikan masalah tertentu. Dengan iterasi berulang, algoritma ini berusaha menemukan solusi optimal atau mendekati optimal untuk masalah yang kompleks, seperti pengoptimalan parameter dalam model matematika. Beberapa proses dalam AG meliputi inisialisasi, seleksi, *crossover*, dan mutasi (Rahmalia *et al.*, 2019). Berikut proses AG yang digunakan sampai mencapai jumlah generasi maksimal (*max_gen*):

a. Inisialisasi

Inisialisasi banyaknya percobaan (n_{trials}), ukuran populasi (pop_{size}), jumlah generasi maksimal (max_{gen}), nilai awal kompartemen model $S(0), E(0), I(0), L(0)$ serta batas bawah (lb) dan batas atas (ub) parameter yang akan diestimasi sebagai individu $\theta = (b, \beta, \delta, \gamma, r, \alpha)$, $\theta \in [lb, ub]$. Populasi awal dibentuk secara acak untuk setiap individu dengan distribusi uniform

$$\theta_i = lb + rand(0,1)(ub - lb), \quad i = 1, 2 \dots pop_{size}, \quad (4)$$

b. Seleksi

Seleksi dilakukan dengan metode turnamen. Tiga kandidat individu dipilih secara acak dari populasi, kemudian individu dengan *fitness* terbaik (nilai minimum) dipilih sebagai *parent*. Proses ini diulang untuk mendapatkan dua *parent* P_1 dan P_2 .

c. Crossover

Proses *crossover* pembentukan dua individu baru (*offspring*) dari *parent* yang telah diseleksi (P_1, P_2). Pada penelitian ini, metode crossover yang digunakan adalah kombinasi linear, yang memerlukan bilangan acak $\alpha = rand(0,1)$. Dua *offspring* dapat diperoleh melalui kombinasi linear dari *parent* (P_1, P_2) dengan persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} C_1 &= \alpha P_1 + (1 - \alpha) P_2 \\ C_2 &= \alpha P_2 + (1 - \alpha) P_1 \end{aligned} \quad (5)$$

d. Mutasi

Proses perubahan acak pada satu atau lebih gen (parameter) dari *offspring* dilakukan dengan menambahkan noise Gaussian. Mutasi ini dirumuskan sebagai berikut:

$$\theta_{baru} = \max(\min(\theta_{lama} + \sigma \mathcal{N}(0,1), ub), lb), \quad (6)$$

dengan $\sigma = 0.1(ub - lb)$ dan $\mathcal{N}(0,1)$ adalah bilangan acak dari distribusi normal standar.

e. Elitisme

Dua individu terbaik dari generasi sebelumnya dipertahankan ke generasi berikutnya agar solusi terbaik tidak hilang akibat *crossover* atau mutasi.

f. Update Populasi

Populasi θ lama diganti dengan *offspring* baru.

Particle Swarm Optimization (PSO)

Particle Swarm Optimization (PSO) adalah metode optimasi yang meniru perilaku kawanan burung atau ikan. Setiap partikel dalam swarm merepresentasikan solusi kandidat (parameter model). Ketika sebuah partikel menemukan sumber makanan, partikel-partikel lain akan mengikutinya berdasarkan kecepatan partikel tersebut (Freitas *et al*, 2020). Partikel bergerak dalam ruang pencarian dengan memperbarui posisi dan kecepatannya berdasarkan pengalaman terbaik individu (*personal best*) dan pengalaman terbaik seluruh swarm (*global best*). Langkah-langkah PSO yang digunakan dalam penelitian ini adalah:

1. Inisialisasi

Nilai awal kompartemen model $S(0), E(0), I(0), L(0)$, jumlah percobaan (n_{trials}), jumlah partikel dalam swarm ($n_{particles}$), jumlah iterasi maksimum (max_{iter}), bobot inersia (w), koefisien kognitif (c_1) dan sosial (c_2), serta batas bawah (lb) dan batas atas (ub) parameter yang akan diestimasi sebagai partikel $\theta = (b, \beta, \delta, \gamma, r, \alpha)$, $\theta \in [lb, ub]$. Setiap partikel θ_i diinisialisasi secara acak dalam ruang parameter:

$$x_i = lb + rand(0,1)(ub - lb), \quad i = 1, 2, \dots, n_{particles} \quad (7)$$

dengan kecepatan awal $v_i = 0$.

2. Perbarui p_{best} dan g_{best}

Personal best (p_{best}) adalah posisi terbaik yang pernah dicapai partikel ke- i dan global best (g_{best}) adalah posisi terbaik yang pernah dicapai seluruh partikel dalam swarm. Jika *fitness* partikel lebih baik daripada sebelumnya, maka p_{best} diperbarui. Jika *fitness* partikel tersebut juga lebih baik dari seluruh swarm, maka g_{best} diperbarui.

3. Update Kecepatan dan Posisi

Kecepatan dan posisi partikel diperbarui menggunakan persamaan:

$$\begin{aligned} v_i(t+1) &= w \cdot v_i(t) + c_1 r_1 \cdot (p_{best_i} - x_i(t)) + c_2 r_2 \cdot (g_{best} - x_i(t)) \\ x_i(t+1) &= x_i(t) + v_i(t+1) \end{aligned} \quad (8)$$

dengan $r_1, r_2 = rand(0,1)$. Setelah diperbarui, posisi dibatasi agar tetap dalam interval $[lb, ub]$.

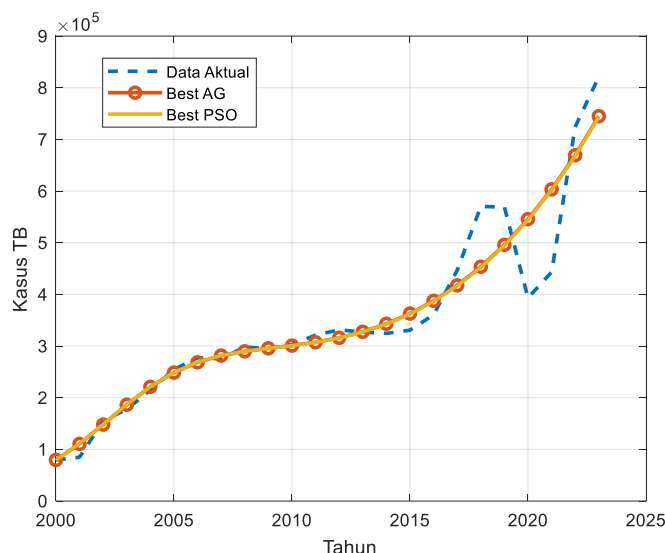
HASIL DAN PEMBAHASAN

Simulasi estimasi parameter dilakukan sebanyak 50 kali percobaan, menghasilkan nilai parameter terbaik (*best*) dan terburuk (*worst*) untuk setiap metode, yang ditunjukkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Hasil Estimasi Parameter AG dan PSO

Metode		b	β	δ	γ	r	α	<i>Fitness</i>	$\mathcal{R}_0$	Waktu (detik)
AG	<i>Best</i>	0.1143	2.6286	0.4075	0.1447	0.5711	0.0083	58131.8978	3.7027	73.7948
	<i>Worst</i>	0.1127	3.8346	0.3006	0.1983	0.4851	0.0067	59088.4673	5.0101	39.4553
PSO	<i>Best</i>	0.1142	2.4918	0.4662	0.0694	0.6889	0.01	58118.6078	3.5493	31.7042
	<i>Worst</i>	0.1138	2.7915	0.3643	0.1995	0.4937	0.005	58168.0247	3.9104	30.9555

Berdasarkan penelitian Sa'adah *et al.* (2024), estimasi parameter model SEIL TB menggunakan PSO menghasilkan *fitting* data yang lebih baik dibandingkan dengan AG karena PSO memiliki nilai *fitness* yang lebih rendah. Hal ini sesuai dengan Tabel 1, yang menunjukkan bahwa *Best* PSO menghasilkan nilai *fitness* dan $\mathcal{R}_0$ terendah untuk model SEIL TB. Nilai *fitness* yang lebih rendah mengindikasikan bahwa PSO mampu menentukan parameter yang lebih optimal untuk meminimalkan kesalahan model, sementara nilai $\mathcal{R}_0$ yang lebih rendah menunjukkan bahwa model PSO memberikan representasi yang lebih realistis dalam mengestimasi kemampuan penyebaran TB. Selain itu, waktu komputasi yang dibutuhkan PSO lebih singkat dibandingkan AG, menunjukkan efisiensi PSO dalam mencapai solusi optimal dengan cepat. Hal ini menjadikan PSO sebagai pilihan yang efektif untuk studi kasus epidemiologi TB.



Gambar 2. *Fitting Data dengan Best AG dan Best PSO*

Gambar 2 menunjukkan bahwa kedua model, *Best AG* dan *Best PSO*, mampu mengikuti pola data aktual dengan cukup baik. Meskipun terjadi penurunan signifikan pada tahun 2020, deviasi relatif PSO (38.4082) pada tahun tersebut lebih kecil dibandingkan deviasi relatif AG (38.7503). Standar deviasi *Best PSO* (11.0828%) juga lebih rendah daripada standar deviasi *Best AG* (11.0864%). Dengan demikian, dapat disimpulkan bahwa PSO merupakan metode yang lebih unggul dalam menentukan nilai parameter optimal untuk model SEIL TB di Indonesia.

KESIMPULAN

Penelitian ini melakukan estimasi parameter model SEIL tuberkulosis di Indonesia menggunakan AG dan PSO. Kedua metode mampu merepresentasikan data kasus TB tahun 2000–2023 dengan baik, namun PSO menunjukkan kinerja lebih optimal dibandingkan AG. Hal ini ditunjukkan oleh nilai fitness dan angka reproduksi dasar ($\mathcal{R}_0$) yang lebih rendah serta standar deviasi yang lebih kecil. Dengan demikian, PSO dapat direkomendasikan sebagai metode terbaik untuk estimasi parameter model tuberkulosis di Indonesia.

DAFTAR PUSTAKA

- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2025). "About Tuberculosis". <https://www.cdc.gov/tb/about/index.html>. Diunduh pada tanggal 4 Juli 2025.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2025). "Clinical Overview of Latent Tuberculosis Infection". <https://www.cdc.gov/tb/hcp/clinical-overview/>. Diunduh pada tanggal 24 Agustus 2025.
- Fatmawati, D. C. Maulana, Windarto, Moh I. Utoyo, U. D. Purwati, & C. W. Chukwu. (2022). Parameter Estimation and Analysis on SIS-SEIS Types Model of Tuberculosis Transmission in East Java Indonesia. *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience* 2022. doi: 10.28919/cmbn/7739.
- Freitas, D., Lopes, L.G., and Morgado-Dias, F. (2020). Particle Swarm Optimisation: A Historical Review Up to the Current Developments. *Entropy*, 22:362. doi:10.3390/e22030362.
- Jamil, A.K., Yulida, Y., & Karim, M.A. (2023). Analisis Kestabilan dan Solusi Numerik pada Model SEIR Penyakit Tuberkulosis. *Epsilon: Jurnal Matematika Murni dan Terapan*, 17(1), 14-29.
- Kementerian Kesehatan RI. (2024). *Laporan Program Penanggulangan Tuberkulosis 2023*. Jakarta: Kementerian Kesehatan RI. www.tbindonesia.or.id/wp-content/uploads/2024/12/Laporan-Program-Penanggulangan-TBC-2023_Final.pdf.
- Kim, S., Aurelio A. de los Reyes, and Eunok Jung. (2018). Mathematical Model and Intervention Strategies for Mitigating Tuberculosis in the Philippines. *Journal of Theoretical Biology*, 443,

- 100–112. doi: 10.1016/j.jtbi.2018.01.026.
- Muniroh, M.A. (2024). Simulation Modeling Incomplete Treatment Impact on Tuberculosis Transmission. *Jurnal Matematika, Statistika, dan Komputasi*, 21(2), 456-466.
- Mutiara, E., Nurlalah, Elah. Ermawati, E., & Firdaus, M.R. (2022). Komparasi Metode ANN-PSO dan ANN-GA dalam Prediksi Penyakit Tuberkulosis. *Kumpulan Jurnal Ilmu Komputer (KLIK)*, 9(2), 2406-7857.
- Putra, S., Mu'tamar, K., & Zulkarnain. (2019). Estimation of Parameters in the SIR Epidemic Model using Particle Swarm Optimization. *American Journal of Mathematical and Computer Modelling*, 4(4), 83-93.
- Rahmalia, D., Herlambang, T., & Saputro, T. E. (2019). Fertilizer Production Planning Optimization using Particle Swarm Optimization-Genetic Algorithm. *Journal of Information Systems Engineering and Business Intelligence*, 5(2), 120. doi: 10.20473/jisebi.5.2.120-130.
- Raming, I. Nurfadillah, A.N., Aulia, E.N., Rafiq, M., & Julia. (2024). SEIR Epidemic Model of the Spread of Tuberculosis in Samarinda City with the Addition of Vaccination Parameters. *Jurnal Inotera*, 9(1), 152–63. doi: 10.31572/inotera.vol9.iss1.2024.id323.
- Sa'adah, A., Sasmito, A., and Pasaribu, A.A. (2024). Comparison of Genetic Algorithm (GA) and Particle Swarm Optimization (PSO) for Estimating the Susceptible-Exposed- Infected-Recovered (SEIR) Model Parameter Values. *Journal of Information Systems Engineering and Business Intelligence*, 10(2), 290-301. doi: <http://dx.doi.org/10.20473/jisebi.10.2.290-301>.
- Tamunu, Monica., Douglas N. P., Hariyadi, & Karauwan, F. A. (2022). Skrining Fitokimia dan Uji Aktivitas Antioksidan Ekstrak Daun Benalu pada Kersen *Dendrophloe Pentandra* (L.) dengan Metode 2,2- Diphenyl -1- Picrylhydrazyl (DPPH). *Biofarmasetikal Tropis*, 5(1), 79–82. doi: 10.55724/jbiofartrop.v5i1.378.
- Van Den Driessche, P. (2017). Reproduction Numbers of Infectious Disease Models. *In- fect. Dis. Modell*, 2(3), 288–303.
- World Health Organization (WHO). (2024). “Global Tuberculosis Report”. www.who.int/teams/global-programme-on-tuberculosis-and-lung-health/tb-reports/global-tuberculosis-report-2024. Diunduh pada tanggal 4 Juli 2025.