

# Model Stokastik Pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis

Nur Aziezh<sup>1)</sup>, Hadi Sumarno<sup>2)</sup>, Jaharuddin<sup>3)</sup>

<sup>1</sup>Sekolah Vokasi, Institut Pertanian Bogor

<sup>2</sup>Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor

email: <sup>1</sup>[nuraziezh@apps.ipb.ac.id](mailto:nuraziezh@apps.ipb.ac.id)

<sup>2</sup>[hadisumarno@apps.ipb.ac.id](mailto:hadisumarno@apps.ipb.ac.id)

<sup>3</sup>[jaharuddin@apps.ipb.ac.id](mailto:jaharuddin@apps.ipb.ac.id)

---

## Abstrak

Penyakit tuberkulosis merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis*. Penyakit ini merupakan salah satu masalah kesehatan masyarakat dunia. Oleh karena itu, dikembangkan model penyakit tuberkulosis berupa persamaan diferensial stokastik. Dalam hal ini dilakukan analisis untuk mengkaji pengaruh pengobatan tuntas terhadap sebaran populasi bebas penyakit, sebaran waktu bebas penyakit, dan peluang bebas penyakit. Hasil analisis menunjukkan bahwa dengan meningkatnya laju pengobatan tuntas, maka peluang bebas penyakit meningkat hingga pasti bebas penyakit, waktu bebas penyakit semakin pendek, dan dalam kurun waktu tertentu jumlah individu yang bebas penyakit semakin banyak.

**Kata Kunci:** Pengobatan Tuntas, Persamaan Diferensial Stokastik, Tuberkulosis, Waktu Bebas Penyakit

---

## Abstract

*Tuberculosis is an infectious disease caused by *Mycobacterium tuberculosis*. This disease represents a significant global public health challenge. Consequently, a stochastic differential equation model of tuberculosis has been developed. In this context, an analysis examines the impact of complete treatment on the disease-free population distribution, duration of disease-free status, and the probability of remaining disease-free. The analysis shows that as the rate of complete treatment increases, the probability of achieving disease-free status rises, the duration of remaining disease-free shortens, and the number of disease-free individuals grows over time.*

**Keywords:** Complete Treatment, Disease-Free Duration, Stochastic Differential Equations, Tuberculosis.

---

## 1. PENDAHULUAN

Menurut Crofton (2009) dalam (Crofton, Horne, and Miller 2009), tuberkulosis merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). Penyakit yang menyerang paru-paru ini ditularkan melalui percikan ludah dari orang yang terinfeksi oleh bakteri *Mtb* ke orang lain. Dengan demikian, media penyebaran penyakit ini adalah udara (Mathofani, P. E., and Febriyanti, R. 2020). Orang yang menghirup udara yang mengandung bakteri *Mtb* tidak akan langsung terkena tuberkulosis selama daya tahan tubuhnya baik. Bakteri yang terhirup akan masuk dan bersarang di paru-paru. Jika orang tersebut memiliki daya tahan tubuh yang tinggi, maka bakteri tidak akan aktif walaupun tetap hidup atau dikenal dengan istilah *dormant*. Tetapi, jika orang tersebut memiliki daya tahan tubuh yang rendah atau menurun, maka bakteri akan aktif sehingga bakteri mudah tumbuh dan berkembang. Akibatnya, orang tersebut rentan terinfeksi (sakit) tuberkulosis. Orang yang dinyatakan terinfeksi tuberkulosis dapat sembuh dengan perawatan medis. Akan tetapi, ada kemungkinan

bakteri yang bersarang di paru-paru tidak mati secara keseluruhan. Bakteri tersebut akan berada di paru-paru penderita dalam keadaan tidak aktif (*dormant*).

Penelitian mengenai model penyebaran penyakit tuberkulosis telah diteliti sebelumnya oleh beberapa peneliti seperti (Chandra and Roudhotillah 2021) dengan model MSEITR dan (Song, Castillo-Chavez, and Aparicio 2002) dengan model SEIS (*Susceptibles, Exposed, Infected, Susceptibles*). Model ini merupakan model penyebaran penyakit dengan individu yang sehat namun rentan (*Susceptible*) terinfeksi suatu penyakit dapat terkena (*Exposed*) bakteri/virus bila berinteraksi dengan individu yang terinfeksi. Individu yang terkena (*Exposed*) bakteri dapat menjadi sakit (*Infected*). Kemudian individu yang sakit dapat sembuh dan rentan untuk terinfeksi kembali (*Susceptibles*) dengan penanganan medis. Selain itu, (Ozcaglar et al. 2012) meneliti model SEIR. Perbedaannya terletak pada populasi yang terinfeksi dengan bakteri aktif dapat sembuh dan tidak rentan untuk terinfeksi kembali (*Recovery*). Model (Song et al. 2002) populasi yang terinfeksi didefinisikan hanya satu jenis. Sedangkan model Ozcaglar et al. (2012) dalam (Ozcaglar et al. 2012) populasi yang terinfeksi dibagi menjadi dua yaitu populasi terinfeksi menular dan populasi terinfeksi tak menular.

Model yang digunakan oleh Song et al. (2002) dalam (Song et al. 2002) dan Ozcaglar et al. (2012) dalam (Ozcaglar et al. 2012) adalah model deterministik. Menurut Mode dan Sleeman (2000) dalam (Mode and Sleeman 2000) semua model deterministik tidak lengkap yang artinya variasi dan ketidakpastian yang menjadi ciri khas dari model epidemi pada populasi tidak dapat ditampung dan dijelaskan dengan menggunakan rumus deterministik. Pengaruh acak pada model deterministik tidak dipertimbangkan, sedangkan pada model stokastik, pengaruh acak dipertimbangkan, sehingga menggunakan peluang dalam pemodelannya. Meskipun media penularan penyakit tuberkulosis sudah diketahui dan sudah dilakukan beberapa tindakan untuk pencegahan seperti imunisasi untuk anak-anak dan isolasi untuk penderita tuberkulosis, tetapi interaksi penularan individu sangat kompleks dan terjadi tanpa dapat diketahui sebelumnya. Hal ini dapat dipandang sebagai kejadian acak, sehingga penyebaran penyakit tuberkulosis merupakan proses stokastik.

Tujuan dari penelitian ini adalah memodifikasi model stokastik penyebaran penyakit tuberkulosis dari model Currie et al. (2005) dalam (Currie et al. 2005). Analisis dilakukan untuk mengkaji pengaruh pengobatan tuntas terhadap sebaran populasi bebas penyakit, sebaran waktu bebas penyakit, dan peluang bebas penyakit.

## **2. METODE PENELITIAN**

Metode penelitian ini dilakukan yakni dengan memodifikasi model yang dikembangkan oleh Currie et al. (2005). Selanjutnya, model dianalisis menggunakan pendekatan persamaan diferensial stokastik untuk mempertimbangkan ketidakpastian dan variasi yang mungkin terjadi dalam sistem. Langkah berikutnya adalah menentukan parameter-parameter yang diperlukan dalam model stokastik. Proses simulasi numerik kemudian dilakukan untuk menganalisis pengaruh perubahan parameter terhadap model penyakit tuberkulosis.

## **3. HASIL DAN PEMBAHASAN**

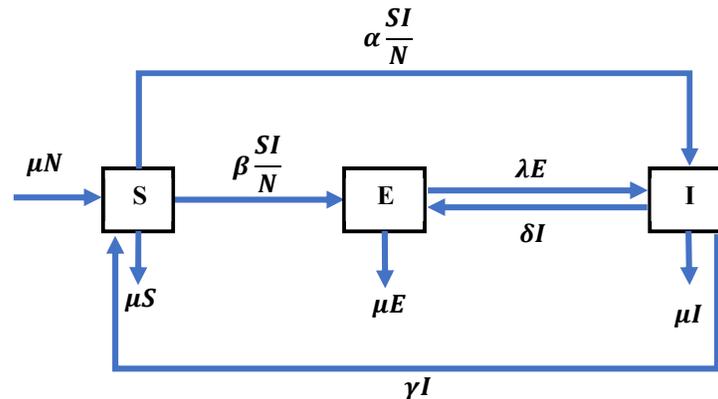
### **Formulasi Model**

Model yang akan dikaji didasarkan pada Currie et al. (2005) dalam (Currie et al. 2005). Untuk itu, didefinisikan sub populasi berdasarkan individu yang dikelompokkan oleh (Currie et al. 2005), yaitu individu yang rentan (*Susceptible*), individu yang laten (*Expose*) dan individu

yang terinfeksi (*Infected*). Individu yang tidak terinfeksi berarti individu tersebut tidak memiliki bakteri tuberkulosis pada tubuhnya, dilambangkan dengan  $S$ . Individu yang laten memiliki bakteri pada tubuhnya tetapi bakteri tersebut belum aktif (pasif), dilambangkan dengan  $E$ . Individu yang terinfeksi pada tubuhnya sudah terdapat bakteri tuberkulosis aktif, dilambangkan dengan  $I$ .

Berdasarkan kondisi bakteri tuberkulosis yang sesungguhnya, kelompok individu  $S$  dapat berpindah menjadi kelompok individu  $I$  atau  $E$  jika individu  $S$  melakukan kontak langsung dengan individu  $I$  atau terpapar udara yang mengandung bakteri *Mtb*. Perpindahan tersebut berbanding lurus dengan banyaknya individu yang tidak terinfeksi ( $S$ ) dan banyaknya individu yang terinfeksi bakteri aktif ( $I$ ). Sehingga, laju perpindahan dari  $S$  ke  $E$  adalah  $\beta \frac{SI}{N}$  dan laju perpindahan dari  $S$  ke  $I$  adalah  $\alpha \frac{SI}{N}$ . Kelompok individu  $E$  dapat berpindah menjadi kelompok individu  $I$  hanya jika individu tersebut daya tahan tubuhnya menurun. Sehingga, perpindahan tersebut berbanding lurus hanya dengan kelompok individu  $E$ , yaitu sama dengan  $\lambda E$ . Model penyakit pada (Currie et al. 2005) menyatakan bahwa individu yang terinfeksi ( $I$ ) tidak akan dapat sembuh. Kelompok individu  $I$  berpindah menjadi kelompok individu  $E$  setelah mendapatkan perawatan medis. Perpindahan ini berbanding lurus dengan banyaknya individu yang terinfeksi bakteri aktif ( $I$ ), sama dengan  $\delta I$ .

Namun demikian, tidak menutup kemungkinan kelompok individu  $I$  dapat berpindah menjadi kelompok individu  $S$ . Menurut pakar, hal ini dapat terjadi jika pengobatan yang dilakukan kelompok individu  $I$  tuntas. Perpindahan ini berbanding lurus dengan kelompok individu  $I$ , yaitu sama dengan  $\gamma I$ . Selain parameter yang telah disebutkan, ada kematian pada individu *Susceptible*, *Expose*, dan *Infected* dengan laju  $\mu$ . Sedangkan semua kelompok individu melahirkan bayi yang sehat dengan laju  $\mu$ , yaitu sama dengan  $\mu N$ . Asumsikan bahwa jumlah populasi konstan selama studi, sehingga dikatakan bahwa populasi tertutup. Diagram hubungan antara  $S$ ,  $E$  dan  $I$  dapat dilihat pada Gambar 1.



**Gambar 1.** Model Kompartemen Penyakit Tuberkulosis dengan pengobatan tuntas.

Berdasarkan Gambar 1, persamaan diferensial untuk  $S$ ,  $E$ , dan  $I$  adalah sebagai berikut

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} - \alpha \frac{SI}{N} - \mu S + \mu N + \gamma I$$

$$\frac{dE}{dt} = -\lambda E - \mu E + \beta \frac{SI}{N} + \delta I$$

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I - \delta I - \mu I + \lambda E + \alpha \frac{SI}{N} \quad (1)$$

dengan  $N = S(t) + E(t) + I(t)$  adalah total populasi yang tidak berubah sepanjang masa periode pengamatan. Keterangan mengenai parameter dan satuan yang digunakan diberikan dalam Tabel 1.

**Tabel 1.** Judul tabel diletakkan di atas tabel.

Parameter	Keterangan	Satuan
$\mu N$	Laju kelahiran	per satuan waktu
$\mu S$	Laju kematian individu sehat secara alami	per satuan waktu
$\mu E$	Laju kematian individu dengan bakteri pasif	per satuan waktu
$\mu I$	Laju kematian individu dengan bakteri aktif	per satuan waktu
$\alpha$	Laju perpindahan individu dari kelompok $S$ ke individu kelompok $I$	per satuan waktu
$\beta$	Laju perpindahan individu dari kelompok $S$ ke individu kelompok $E$	per satuan waktu
$\lambda$	Laju perpindahan individu dari kelompok $E$ ke individu kelompok $I$	per satuan waktu
$\delta$	Laju perpindahan individu dari kelompok $I$ ke individu kelompok $E$	per satuan waktu
$\gamma$	Laju perpindahan individu dari kelompok $I$ ke individu kelompok $S$	per satuan waktu

### Bilangan Reproduksi Dasar

Individu yang terinfeksi akan melahirkan satu individu baru yang terinfeksi. Cara menentukan bilangan reproduksi dasar menggunakan metode *Next Generation Matrix*, (Van Den Driessche and Watmough 2002).  $\mathcal{R}_0$  merupakan indikator yang menunjukkan seberapa besar kemungkinan kasus baru penularan penyakit dapat terjadi di dalam suatu populasi. (Nurhana 2023). Berdasarkan sistem persamaan diferensial (1), menggunakan perangkat lunak R dihasilkan  $\mathcal{R}_0$  sebagai berikut

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\alpha(\lambda + \mu)}{\gamma(\lambda + \mu) + \mu(\delta + \lambda + \mu)} \quad (2)$$

### Penurunan Persamaan Differensial Stokastik

Berdasarkan (Allen 2010) prosedur penurunan persamaan diferensial stokastik terdiri atas tiga langkah berikut.

1. Mengidentifikasi semua kemungkinan interaksi yang menyebabkan perubahan dalam satu atau lebih populasi (subpopulasi) dan hubungan peluang dengan perubahan tertentu dalam interval waktu tertentu  $\Delta t$ .
2. Menentukan nilai harapan dan kovarian untuk perubahan yang dihitung berdasarkan peluang pada langkah 1.
3. Membuat sistem Persamaan Diferensial Stokastik (PDS) Ito yang mana model ini merupakan model proses stokastik.

Berdasarkan prosedur di atas, diperoleh persamaan diferensial stokastik berikut

$$dE = \left( \frac{\beta}{N} SI + \delta I - \lambda E - \mu E \right) dt + \sqrt{\frac{\beta}{N} SI} dW_1 + \sqrt{\delta I} dW_3 - \sqrt{\lambda E} dW_4 - \sqrt{\mu E} dW_6 \quad (3)$$

dan

$$dI = \left( \alpha \frac{SI}{N} - \delta I + \lambda E - \gamma I - \mu I \right) dt + \sqrt{\frac{\alpha}{N} SI} dW_2 - \sqrt{\delta I} dW_3 + \sqrt{\lambda E} dW_4 - \sqrt{\gamma I + \mu I} dW_5 \quad (4)$$

Solusi dari persamaan diferensial stokastik (3) dan (4) sulit ditentukan secara analitik, sehingga solusi persamaan ini akan diselesaikan secara numerik dengan bantuan *software* berbasis fungsional.

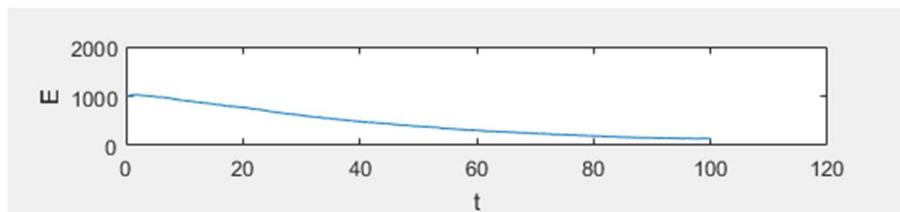
### Solusi Numerik

Solusi numerik dari persamaan diferensial stokastik (3) dan (4) diperoleh dengan menggunakan data-data nilai parameter yang diberikan dalam Tabel 2. Nilai parameter  $\mu$ ,  $\alpha$ ,  $\beta$ , dan  $\lambda$  diambil dari penelitian Ozcaglar *et al.* (2012). Sedangkan parameter  $\delta$  dan  $\gamma$  menggunakan asumsi. Berdasarkan penelitian Ozcaglar *et al.* (2012), dari 100000 individu di US (*United States*) antara tahun 1980 hingga 2009 tidak kurang dari 5000 individu terinfeksi tuberkulosis setiap tahunnya.

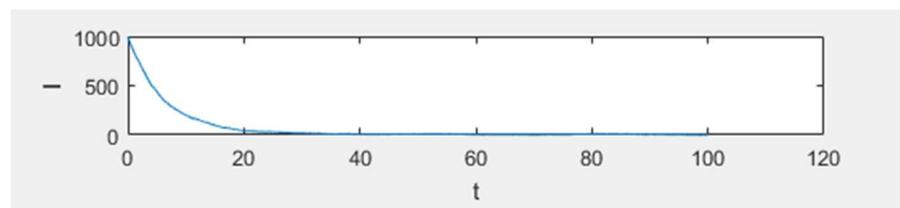
**Tabel 2.** Nilai parameter pada Penelitian Penyebaran Penyakit tuberkulosis.

Parameter	Nilai	Satuan	Sumber
$\mu$	0.0222	per tahun	Ozcaglar <i>et al.</i> (2012)
$\alpha$	0.0000025	per tahun	Ozcaglar <i>et al.</i> (2012)
$\beta$	0.0000475	per tahun	Ozcaglar <i>et al.</i> (2012)
$\lambda$	0.00256	per tahun	Ozcaglar <i>et al.</i> (2012)
$\delta$	0.03	per tahun	Asumsi
$\gamma$	0.1	per tahun	Asumsi

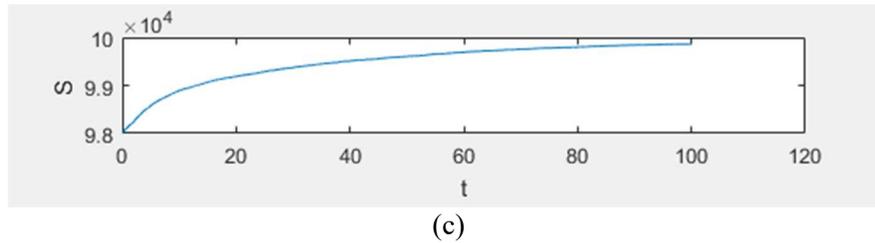
Solusi numerik untuk populasi terinfeksi  $E$  dan  $I$  diperoleh berdasarkan persamaan (3) dan (4). Sedangkan  $S$  dapat diperoleh dengan  $S = N - (E + I)$ . Berdasarkan parameter seperti pada Tabel 2, nilai  $I$ ,  $E$  dan  $S$  dari salah satu *sample path* dapat dilihat pada Gambar 2.



(a)



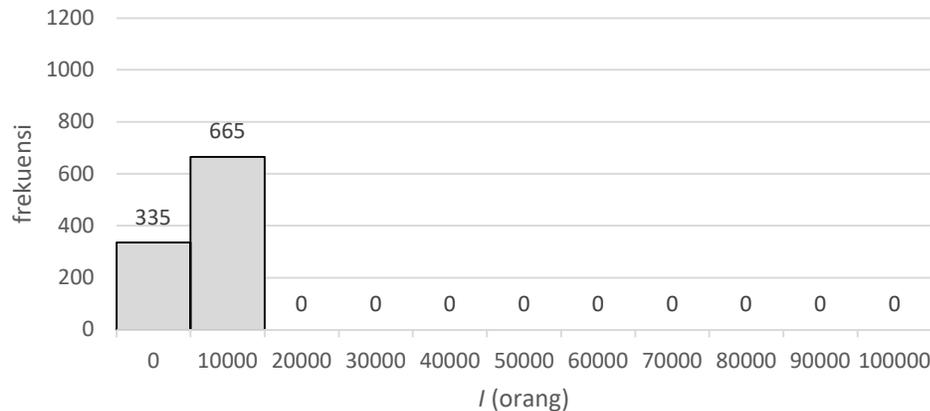
(b)



**Gambar 2.** Grafik  $E$ ,  $I$ , dan  $S$  dengan parameter pada Tabel 2.

Gambar 2a dan 2b memperlihatkan perubahan banyaknya individu yang terinfeksi bakteri tuberkulosis ( $E$  dan  $I$ ) dalam kurun waktu 100 tahun. Diberikan nilai awal 1000 pada  $I$  dan  $E$ , artinya terdapat 1000 individu yang terinfeksi bakteri aktif tuberkulosis ( $I$ ) dan 1000 individu yang terinfeksi bakteri pasif ( $E$ ) pada 100000 individu yang sehat. Dapat dilihat nilai  $E$  dan  $I$  terus menurun. Pada Gambar 2b, grafik menuju nol sekitar  $t = 40$ . Artinya, jika kondisi tidak berubah, maka dalam kurun waktu 40 tahun tidak ada individu yang terinfeksi aktif. Namun, masih ada individu yang terinfeksi bakteri pasif. Sedangkan diakhir periode, saat  $t = 100$ , diperkirakan semua individu akan dalam kondisi rentan kembali. Gambar 2c merupakan grafik  $S$  yang menyatakan jumlah populasi sehat namun rentan.

Untuk melihat pola sebaran individu bebas penyakit dalam kurun waktu 100 tahun dilakukan simulasi dengan pengulangan sebanyak 1000 kali menggunakan parameter pada Tabel 2 dan  $N = 100000$ . Hasil simulasi disajikan dalam bentuk histogram pada Gambar 3. Sumbu mendatar menyatakan jumlah individu yang terinfeksi bakteri tuberkulosis aktif dalam kurun waktu 100 tahun. Sumbu tegak menyatakan banyaknya pengulangan.

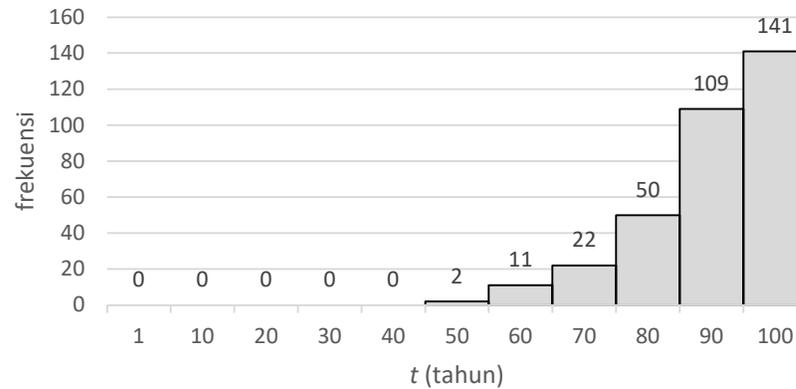


**Gambar 3.** Grafik sebaran  $I$  dalam kurun waktu 100 tahun.

Dari hasil simulasi, setiap pengulangan dari jumlah individu yang terinfeksi bakteri tuberkulosis aktif dalam kurun waktu 100 tahun tidak sama. Dari 1000 kasus, terdapat 335 kasus bebas penyakit. Sebanyak 665 kasus masih terinfeksi, artinya membutuhkan waktu lebih dari 100 tahun untuk kondisi bebas penyakit.

Dengan cara serupa, untuk melihat pola sebaran waktu kapan terjadinya bebas penyakit dilakukan simulasi dengan pengulangan sebanyak 1000 kali menggunakan parameter pada

Tabel 2 dan  $N = 100000$ . Sumbu mendatar menyatakan waktu kapan terjadi bebas penyakit. Sumbu tegak menyatakan banyaknya pengulangan.

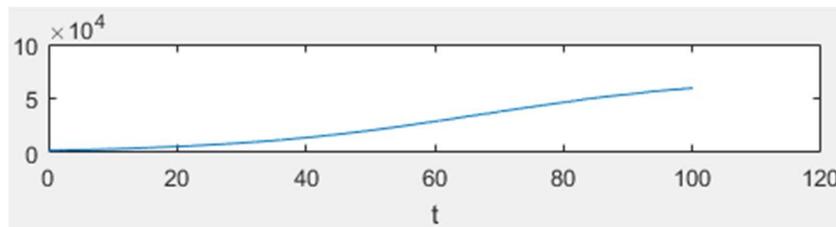


**Gambar 4.** Grafik sebaran waktu kapan terjadinya bebas penyakit.

Gambar 4 menyatakan bahwa waktu yang dibutuhkan untuk kondisi bebas penyakit adalah lebih dari 40 tahun. Jika dikaitkan dengan peluang bebas penyakit, dari hasil analisis maka dari 1000 kasus terdapat 335 kasus bebas penyakit. Angka ini didapatkan dari jumlah kasus yang terjadi pada waktu selain nol. Artinya peluang bebas penyakit adalah 0.335. Dengan kata lain, terdapat 665 kasus yang membutuhkan waktu lebih dari 100 tahun untuk bebas penyakit.

### Simulasi Numerik

Pada bagian ini akan dilakukan analisis laju pengobatan tuntas ( $\gamma$ ) terhadap sebaran individu terinfeksi dalam waktu 100 tahun dan waktu terjadinya bebas penyakit. Dengan menggunakan parameter pada Tabel 2, peluang bebas penyakit sama dengan 1. Artinya, tidak terjadi endemik. Sedangkan untuk mengkaji pengaruh pengobatan tuntas ( $\gamma$ ) diasumsikan populasi awal dalam kondisi endemik. Untuk itu, pada kondisi awal simulasi, parameter  $\alpha$  dan  $\lambda$  berturut-turut diubah menjadi 0.075 dan 7.68, serta parameter pengobatan tuntas bernilai 0. Pada kondisi ini, peluang bebas penyakit sama dengan 0.088. Dengan menggunakan *software* berbasis fungsional, nilai  $I$  dari salah satu *sample path* dapat dilihat pada Gambar 5.



**Gambar 5.** Grafik  $I$  pada kondisi endemik

Berdasarkan Gambar 5, jumlah individu yang terinfeksi bakteri tuberkulosis aktif mengalami peningkatan sejak awal hingga 100 tahun. Dengan kata lain dapat dikatakan bahwa kondisi ini merupakan kondisi yang endemik. Selanjutnya, simulasi dilakukan dengan menggunakan parameter  $\alpha = 0.075$ ,  $\lambda = 7.68$ , dan parameter  $\gamma$  sama dengan 0, 0.01, 0.04, dan 0.07. Sedangkan parameter lainnya sama seperti diberikan pada Tabel 2. Dalam kondisi nyata, perubahan  $\gamma$  dapat dimaknai bahwa jika kesadaran individu mengenai kesehatan

berkurang, maka mengakibatkan perubahan laju kelompok individu terinfeksi ke kelompok individu rentan ( $S$ ) juga berkurang. Dengan menggunakan *software* berbasis fungsional, diperoleh Tabel 3 dan Tabel 4 berikut.

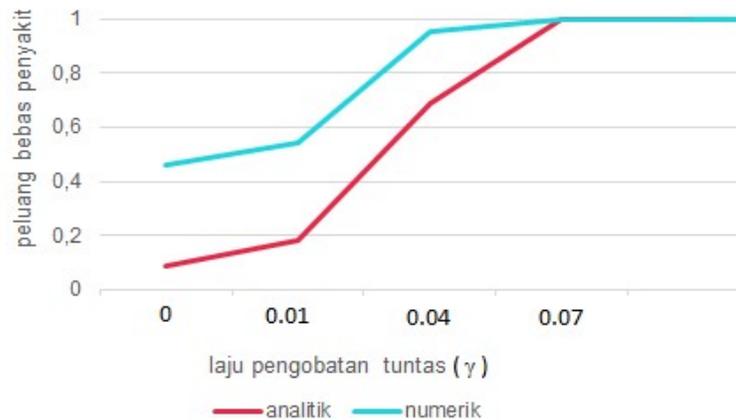
**Tabel 3.** Jumlah kasus dari jumlah individu bebas penyakit

$\gamma$	Jumlah kasus
<b>0</b>	459
<b>0.01</b>	541
<b>0.04</b>	951
<b>0.07</b>	1000

**Tabel 4.** Waktu bebas penyakit

$\gamma$	Jumlah kasus kurang dari 10 tahun
<b>0</b>	342
<b>0.01</b>	463
<b>0.04</b>	654
<b>0.07</b>	762

Tabel 3 menunjukkan peningkatan laju pengobatan tuntas berakibat pada peningkatan jumlah kasus bebas penyakit. Sedangkan Tabel 4 menunjukkan bahwa dalam kurun waktu 10 tahun, jumlah individu bebas penyakit semakin meningkat dengan meningkatnya  $\gamma$ .



**Gambar 6.** Grafik pengaruh laju pengobatan tuntas terhadap peluang bebas penyakit

Hubungan antara laju pengobatan tuntas dengan peluang bebas penyakit diberikan pada Gambar 6. Berdasarkan Gambar 6, maka peningkatan laju pengobatan tuntas mengakibatkan peluang bebas penyakit meningkat hingga pasti bebas penyakit.

#### 4. KESIMPULAN

Penelitian ini mengembangkan model penyebaran penyakit tuberkulosis yang dilakukan oleh (Currie et al. 2005) menjadi model stokastik SEIS (*Susceptible, Exposed, Infected,*

*Susceptible*) dari penyebaran penyakit tuberkulosis. Model ini mempertimbangkan bahwa individu yang terinfeksi bakteri tuberkulosis aktif dapat sembuh dengan pengobatan secara tuntas. Model yang dibangun mampu menjelaskan perilaku sebaran individu bebas penyakit dalam kurun waktu 100 tahun. Hasil analisis untuk melihat pengaruh parameter  $\gamma$  (laju pengobatan tuntas) menunjukkan bahwa dengan meningkatnya laju pengobatan tuntas, maka peluang bebas penyakit meningkat hingga pasti bebas penyakit, waktu bebas penyakit semakin pendek, dan dalam kurun waktu tertentu jumlah individu yang bebas penyakit semakin banyak.

## 5. REFERENSI

- Allen, LJS. 2010. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. Second. Crofton, John, Norman Horne, and Fred Miller. 2009. *Crofton's Clinical Tuberculosis*.
- Chandra, TD, and Roudhotillah D. 2021. Analisis Kestabilan Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan Menggunakan Mseitr. *Wahana Matematika dan Sains* 15(2): 56-74.
- Currie, Christine S. M., Katherine Floyd, Brian G. Williams, and Christopher Dye. 2005. "Cost, Affordability and Cost-Effectiveness of Strategies to Control Tuberculosis in Countries with High HIV Prevalence." *BMC Public Health* 5(March 2017). doi: 10.1186/1471-2458-5-130.
- Mathofani, P. E., and Febriyanti, R. 2020. Faktor-Faktor Yang Berhubungan Dengan Kejadian Penyakit Tuberkulosis (Tb) Paru Di Wilayah Kerja Puskesmas Serang Kota Tahun 2019. 12(1): 1-10.
- Nurhana, ID. 2023. Analisis Kestabilan Model SVIQR pada Penyebaran Penyakit Difteri dengan Pengaruh Vaksinasi dan Karantina. 11(02): 265-273.
- Van Den Driessche, P., and James Watmough. 2002. "Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission." *Mathematical Biosciences* 180(1-2):29-48. doi: 10.1016/S0025-5564(02)00108-6.
- Mode, CJ, and CK Sleeman. 2000. *Stochastic Processes in Epidemiology*.
- Ozcaglar, Cagri, Amina Shabbeer, Scott L. Vandenberg, Bülent Yener, and Kristin P. Bennett. 2012. "Epidemiological Models of Mycobacterium Tuberculosis Complex Infections." *Mathematical Biosciences* 236(2):77-96. doi: 10.1016/j.mbs.2012.02.003.
- Song, Baojun, Carlos Castillo-Chavez, and Juan Pablo Aparicio. 2002. "Tuberculosis Models with Fast and Slow Dynamics: The Role of Close and Casual Contacts." *Mathematical Biosciences* 180(1-2):187-205. doi: 10.1016/S0025-5564(02)00112-8.