

## ANALISIS MODEL EPIDEMI STOKASTIK SEIR PADA PENYAKIT TUBERCULOSIS DI KOTA MAKASSAR DENGAN ABSEIR

Muhammad Kasim Aidid<sup>1</sup>, Muhammad Arif Tiro<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>FMIPA, Universitas Negeri Makassar

1) [kasimaidid@unm.ac.id](mailto:kasimaidid@unm.ac.id) 2) [arif\\_tiro@yahoo.com](mailto:arif_tiro@yahoo.com)

**Abstrak.** Tuberkulosis (TBC) merupakan penyakit menular paru-paru akibat dari infeksi *Mycobacterium tuberculosis*. Indonesia masuk dalam lima negara dengan insiden kasus tertinggi bersama India, Cina, Filipina, dan Pakistan. Sulawesi Selatan (Sulsel) menjadi Provinsi dengan angka kasus penyakit tuberkulosis yang terbilang tinggi. Kasus terbanyak tercatat di Kota Makassar yaitu 271 orang pada 2014. Telah dikenal berbagai model epidemi dengan karakteristik yang berbeda-beda, diantaranya adalah SI, SIS, SIR dan SEIR. Untuk mengetahui masalah prevalensi penyakit tuberkulosis yang terjadi, maka dilakukan pendekatan stokastik dengan melihat lokasi (spasial) pada model epidemi SEIR dengan paket ABSEIR. Hasil analisis menunjukkan bahwa peluang terjadinya tuberkulosis di Kota Makassar lebih tinggi dari waktu ke waktu.

**Kata Kunci:** TBC SEIR, spasial, Stokastik.

### 1. Pendahuluan

Tuberkulosis (TBC) merupakan penyakit menular paru-paru akibat dari infeksi kuman *Mycobacterium tuberculosis*. Secara global pada tahun 2016 terdapat 10,4 juta kasus insiden TBC (8,8 juta – 12, juta) yang setara dengan 120 kasus per 100.000 penduduk. Indonesia masuk dalam lima negara dengan insiden kasus tertinggi bersama India, Cina, Filipina, dan Pakistan. Sebagian besar estimasi insiden TBC pada tahun 2016 terjadi di Kawasan Asia Tenggara (45%), di mana Indonesia merupakan salah satu di dalamnya, dan sebesar 25% terjadi di kawasan Afrika. WHO mendefinisikan negara dengan *high burden countries* (HBC) untuk TBC berdasarkan 3 indikator yaitu TBC, TBC/HIV, dan MDR-TBC. Terdapat 48 negara yang masuk dalam daftar tersebut. Satu negara dapat masuk dalam salah satu daftar tersebut, atau keduanya, bahkan bisa masuk dalam ketiganya. Indonesia bersama 13 negara lain juga masuk dalam daftar HBC untuk ke 3 indikator tersebut. Artinya, Indonesia memiliki permasalahan besar dalam menghadapi penyakit TBC (Ika, 2018). Sulawesi Selatan (Sulsel) menjadi provinsi dengan angka kasus penyakit tuberkulosis (TB) yang terbilang tinggi. Kasus terbanyak tercatat di Kota Makassar yaitu 271 orang pada 2014. Kedua adalah Wajo dengan 241 orang. Dari 24 kabupaten/kota, di Sulsel, Kabupaten Enrekang menjadi daerah terkecil

penyebaran TBC dengan jumlah kasus 61 orang. (Republika, 2015). Prevalensi penderita TBC usia remaja pada tahun 2009-2013 sebesar 66,5% atau 91 orang dari 100 ribu penduduk, dan umumnya menyerang remaja aktif (Tempo, 2014).

Kejadian penyakit merupakan fenomena spasial yang pada dasarnya adalah proses yang terjadi di atas muka bumi sejak ribuan tahun lalu. Kejadian penyakit merupakan fenomena yang bersandar pada basis wilayah yang mencakup ekosistem dalam dimensi ruang dan waktu, di dalamnya termasuk variabel lingkungan, kependudukan dan wilayah administratif (Achmadi, 2009). Masalah penyakit lingkungan berbasis wilayah meliputi penyakit *New Emerging Infectious Disease* (NEID) dan *Re Emerging Infectious Disease* (REID) merupakan ancaman kesehatan masyarakat yang harus diantisipasi, untuk itu dibutuhkan kolaborasi lintas sektor, lintas program maupun lintas negara dalam manajemen penanggulangannya, termasuk keterlibatan aktif lembaga pendidikan kesehatan (Hasyim, 2008).

Diketahui beberapa model epidemi dengan karakteristik yang berbeda-beda, diantaranya adalah SI, SIS, SIR dan SEIR. Penyakit menular seperti tuberkulosis dapat dimodelkan dengan menggunakan pendekatan yang bersifat deterministik atau dengan pendekatan yang bersifat stokastik. Model stokastik menjelaskan apa yang disebut stokastik demografis (Nåsell, 2002). Untuk mengetahui masalah prevalensi penyakit tuberkulosis yang terjadi, maka dilakukan pendekatan stokastik dengan melihat lokasi (spasial) pada model epidemi SEIR dengan paket ABSEIR.

## 2. Metode Penelitian

Penelitian ini adalah penelitian yang bersifat kuantitatif dengan menggunakan konsep proses stokastik. Proses stokastik itu sendiri adalah kumpulan variabel acak  $\{X(\tau), \tau \in T\}$ , diindeks oleh parameter  $\tau$  yang mengambil nilai dalam himpunan parameter  $T$ . Variabel acak mengambil nilai dalam himpunan  $S$ , disebut *state-space* dari proses stokastik. Dalam banyak aplikasi, parameter  $\tau$  mewakili waktu, tetapi dapat mewakili indeks apa pun (Kulkarni, 2016). Dalam penelitian ini, *state* (keadaan) dari system dinyatakan dengan S, E, I, dan R. Data pengamatan yang digunakan memiliki lokasi tunggal yaitu Kota Makassar. Untuk melakukan analisis, maka lokasi tunggal didefinisikan berdasarkan titik waktu  $\{t_i: i = 1, \dots, T\}$ , dan

membagi individu dalam populasi menjadi empat kategori: (1). Rentan (*Susceptible*): individu yang mampu tertular penyakit tuberculosis; (2). Terpapar (*Exposed*): individu yang telah menunjukkan gejala tertular patogen, tetapi belum bias menular ke individu lain; (3). Tertular (*Infected*): individu yang mampu menyebarkan patogen ke individu lain; (4) Sembuh/wafat (*Recovered/removed*): individu yang tidak lagi menular, baik karena pemulihan dengan kekebalan atau karena wafat.

Jumlah individu dinyatakan dalam vektor kolom  $T \times 1$  yaitu S, E, I, dan R. Dalam analisis spasialnya menjadi matriks  $T \times n$ , di mana n sama dengan jumlah lokasi spasial. Dalam analisis ini digunakan paket ABSEIR yang telah tersedia pada *software R*.

### 3. Hasil dan Pembahasan

#### 3.1 Persiapan dan Eksplorasi Data

Makassar adalah ibukota Propinsi Sulawesi Selatan dengan populasi sebanyak 1.671.001 jiwa pada tahun 2018. Data yang digunakan dalam penelitian ini, adalah data kasus kejadian harian yang tercatat pada Rumah Sakit Umum Daerah (RSUD) Kota Makassar dari Januari 2018 hingga Oktober 2018. Sebagai persiapan awal dalam analisis data maka langkah yang dilakukan adalah mengaktifkan paket R yang digunakan. Paket tersebut sebagai berikut:

```
>library(ABSEIR)
Loading required package: Rcpp
Loading required package: parallel
Loading required package: compiler
> library(readxl)
>
> # Membaca data
> PNBP<-read.csv("E:/SPASIALSEIR/PNBP2019.csv",header=T)
```

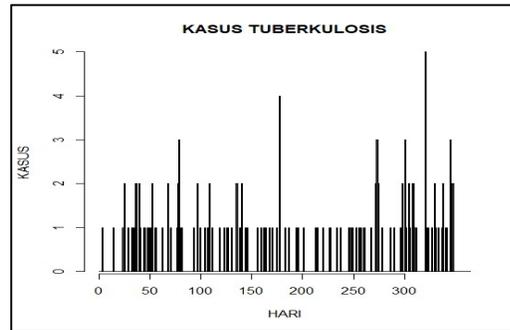
**Gambar 1.** sintax untuk mengaktifkan paket analisis

Setelah proses pengaktifan paket yang digunakan dalam analisis, selanjutnya dilakukan eksplorasi data dengan menggunakan diagram batang/ bar plot. Gambar 2 adalah sintaks yang digunakan untuk membuat diagram batang.

```
> # BARPLOT PADA JUMLAH KASUS
> barplot(t(PNBP$Count),data=PNBP, main = "KASUS
TUBERKULOSIS", xlab = "HARI", ylab = "KASUS")
> # MEMBERIKAN REFERENSI WAKTU PADA SUMBU X
> axis(side = 1, at = seq(0, nrow(PNBP), 50))
```

**Gambar 2.** sintax untuk diagram batang

Hasil run dari sintaks pada Gambar 2 diperoleh diagram batang (Gambar 3).



**Gambar 3.** Diagram Batang Kasus Tuberkulosis di RSUD Kota Makassar

Gambar 3 menyajikan informasi jumlah kasus tuberkulosis di Makassar yang tercatat pada RSUD Kota Makassar dari periode Januari 2018 hingga Oktober 2018 atau selama 304 hari. Diagram batang menunjukkan bahwa hampir setiap hari selama pengamatan terdapat pasien baru yang masuk dalam rumah sakit yang didiagnosa sebagai penderita tuberculosis dan jumlahnya cenderung meningkat hingga bulan oktober.

### 3.2 Penentuan Model

#### *Model Data*

Model data digunakan untuk mengidentifikasi transisi dari suatu kompartemen ke kompartemen lainnya dalam model SEIR. Transisi Individu dalam model ditandai dengan tanda \* (bintang), sehingga memunculkan persamaan transisi berikut (Gibson & Renshaw, 1998; Lekone & Finkenstädt, 2006; Brown, Oleson, & Porter, 2006):

$$\begin{aligned}
 S_{i+1} &= S_i + S_i^* - E_i^* \\
 E_{i+1} &= E_i + E_i^* - I_i^* \\
 I_{i+1} &= I_i + I_i^* - R_i^* \\
 R_{i+1} &= R_i + R_i^* - S_i^* \quad (1)
 \end{aligned}$$

Penggunaan notasi sesuai persamaan (1) guna menjelaskan cara mengonfigurasi model data. notasi " $I^*$ ", menyatakan jumlah infeksi baru dari " $I$ ", atau ukuran infeksi saat ini ( $t_i$ ), dan notasi " $R^*$ ", menyatakan individu baru yang pindah kedalam kompartemen sehat/wafat. Sintaks untuk menyatakan model data adalah sebagai berikut:

```

> # membuat model menghubungkan data observasi dengan
    proses epidemik
> data_model = DataModel(PNBP$Count,
+                         type = "identity",
+                         compartment="I_star",
+                         cumulative=FALSE)

```

**Gambar 4.** Model menghubungkan data observasi dengan proses epidemic

### **Model Exposure**

Komponen model selanjutnya yang perlu ditentukan adalah model *Exposure* (model paparan), yang menggambarkan faktor-faktor yang berkaitan dengan perubahan intensitas epidemi. Komponen model paparan secara khusus berkaitan dengan probabilitas paparan, atau probabilitas transisi dari kategori rentan (S) ke paparan (E). Spesifikasi pada model ini membutuhkan "matriks desain" kovariat. Oleh karena lokasinya tunggal yaitu Makassar, maka dilakukan penyederhanaan matriks desain lokasi tunggal menjadi  $T \times p$ , di mana  $p$  adalah jumlah kovariat dan  $T$  adalah jumlah titik waktu (hari). Selain kebutuhan untuk menentukan struktur temporal dan spasial dari intensitas epidemi, perlu juga ditentukan distribusi prior untuk parameter linier terkait yang dimodelkan sebagai variabel acak normal dengan vektor rata-rata "beta Prior Mean" dan vektor presisi "beta Prior Precision".

```

> # Model menggambarkan hubungan dari setiap covariate ke intensitas epidemik
> exposure_model_1 = ExposureModel(matrix(1, nrow = nrow(PNBP)),
+                                  nTpt = nrow(PNBP),
+                                  nLoc = 1,
+                                  betaPriorPrecision = 0.5,
+                                  betaPriorMean = 0)
> # membuat model yang lebih realistik untuk menggambarkan hubungan dari setiap
    kovariate ke intensitas epidemik
> # dalam analisis ini, diketahui kapan waktu intervensi dimulai, sehingga dapat
    mengikutkan bentuk linear mulai dari waktu intervensi tersebut
> intervention_term = cumsum(PNBP$Date > as.Date("05-09-1995", "%m-%d-%Y"))
Warning message:
Incompatible methods ("Ops.factor", "Ops.Date") for ">"
> exposure_model_2 =
    ExposureModel(cbind(1, intervention_term),
+                nTpt = nrow(PNBP),
+                nLoc = 1,
+                betaPriorPrecision = 0.5,
+                betaPriorMean = 0)

```

**Gambar 5.** Sintaks model Exposure (paparan)

### **3.3 Infeksi Ulang, Jarak dan Nilai Awal**

Infeksi ulang mengacu pada proses kehilangan kekebalan, dan individu menjadi kembali ke dalam populasi yang rentan (*Susceptible*). Dalam penelitian ini diasumsikan bahwa orang yang telah sembuh dari penyakit tuberculosis mempunyai kekebalan sehingga tidak kembali lagi sebagai individu yang rentan, hal ini karena orang-orang yang telah sembuh akan lebih memproteksi diri dengan

pola hidup sehat. Untuk sederhananya dalam hal ini hanya menggunakan model SEIR.

Model jarak adalah mekanisme dimana ketergantungan spasial diperhitungkan dalam analisis. Dalam analisis ini hanya memiliki satu lokasi spasial yaitu kota Makassar, sehingga "model jarak" hanyalah *placeholder*. Untuk mengatasi analisisnya, Matriks jarak diinisiasi dengan matriks kosong. Untuk analisis yang lebih lanjut, Model memerlukan spesifikasi nilai awal untuk proses estimasi selanjutnya: sebagai nilai awal dalam perhitungan, diperlukan nilai berapa jumlah individu yang rentan (S0), terpapar (E0), menular (I0), dan sembuh/wafat (R0) pada awal analisis. Dalam analisis ini diberikan nilai awal  $S_0=5,36 \times 10^6$ ,  $E_0=2$ ,  $I_0=2$ , dan  $R_0=0$ .

```
> reinfection_model = ReinfectionModel("SEIR")
> distance_model = DistanceModel(list(matrix(0)))
> # Menentukan ukuran awal dari populasi
> initial_value_container=
  InitialValueContainer(S0=5.36e6,
+   E0=2,
+   I0=2,
+   R0=0)
>
```

**Gambar 6.** Sintaks penentuan infeksi ulang, jarak dan nilai awal dalam model

Proses transisi antara kompartemen S, E, I dan R ditentukan dengan "model transisi". Model transisi diimplementasikan dalam beberapa bentuk. Bentuk paling sederhana disediakan oleh fungsi "Exponential Transition Priors" yang tersedia dalam paket *software* R. kata "exponensial" dalam "Exponential Transition Priors" mengacu pada asumsi bahwa waktu yang dihabiskan individu dalam keadaan laten (E) dan menular (I) berdistribusi eksponensial. Asumsi distribusi eksponensial adalah merupakan asumsi umum dalam model kompartemen, dan memberikan kemudahan dalam proses komputasi. Model transisi eksponensial ditentukan dengan memasukkan probabilitas transisi E ke I dan I ke R, dan ukuran sampel efektif yang terkait pada masing-masing kategori.

```
> transition_priors = ExponentialTransitionPriors(p_ei
= 1-exp(-1/5),
+   p_ix= 1-exp(-1/7),
+   p_ei_ess = 100,
+   p_ix_ess = 100)
>
```

**Gambar 7.** Sintaks Transisi Prior

### 3.4 Kontrol Sampel

Dalam melakukan inferensi, perlu ditentukan dan dilakukan penyetelan algoritma yang harus digunakan pada *package ABSEIR* yang ada pada *software R*. Algoritma *rejection* (penolakan) mensimulasikan epidemi dari distribusi sebelumnya, dan memilih nilai parameter yang menghasilkan epidemi yang paling mirip dengan data yang disediakan. Untuk kasus penyebaran tuberculosis ini menggunakan algoritma Monte Carlo berurutan, meskipun kedua algoritma tersebut diimplementasikan oleh ABSEIR. Pendekatan Monte Carlo membutuhkan spesifikasi beberapa penyetelan parameter: (1) *n\_cores*: Jumlah inti CPU yang digunakan untuk simulasi; (2) *batch\_size*: Jumlah epidemi yang disimulasikan secara paralel sebelum mengevaluasi kembali konvergensi; (3) *epochs*: Jumlah maksimum update (pembaruan) lengkap untuk dilakukan sebelum menyatakan konvergensi; (4) *max\_batches*: Jumlah maksimum batch sampel yang tidak lengkap untuk dilakukan sebelum menyatakan konvergensi; (5) *shrinkage*: Penurunan multiplikasi dalam jarak maksimum antara epidemi yang disimulasikan dan diamati antara iterasi; (6) *multivariate\_perturbation*: Indikator logis yang menentukan apakah nilai parameter yang diajukan baru dibuat dari distribusi normal univariat atau multivarian.

Berikut sintaks dari fungsi pengontrolan sampel:

```
# pengaturan algoritma
> sampling_control = SamplingControl(seed = 123123,
+                                   n_cores = 14,
+                                   algorithm="Beaumont2009",
+                                   list(batch_size = 2000,
+                                       epochs = 1e6,
+                                       max_batches = 100,
+                                       shrinkage = 0.99,
+                                       multivariate_perturbation=TRUE
+                                   )
+ )
```

**Gambar 8.** Set algorithm configuration

### 3.5 Running Model

Sebagai tahapan akhir adalah menjalankan (*running*) model yang telah disusun dalam sintaks (lihat Gambar 1 – 8). Untuk mendapatkan hasil estimasi maka dapat menggabungkan komponen-komponen sintaks dan menyesuaikan dengan model.

```
> # Underspecified intensity
> runtime1 =
system.time(result1 <- SpatialSEIRModel(data_model,
+                                     exposure_model_1,
+                                     reinfection_model,
+                                     distance_model,
+                                     transition_priors,
+                                     initial_value_container,
+                                     sampling_control,
+                                     samples = 100,
+                                     verbose = FALSE))
```

**Gambar 9.** *Underspecified intensity* (Model 1)

```
> # Reasonable intensity
> runtime2 =
system.time(result2 <- SpatialSEIRModel(data_model,
+                                     exposure_model_2,
+                                     reinfection_model,
+                                     distance_model,
+                                     transition_priors,
+                                     initial_value_container,
+                                     sampling_control,
+                                     samples = 100,
+                                     verbose = FALSE))
```

**Gambar 10.** *Reasonable intensity* (Model 2)

hasil eksekusi program memberikan ringkasan estimasi parameter pada Gambar 11 dan 12 masing – masing untuk *eksposure* model 1 dan *eksposure* model 2.

```
> summary(result1)
Summary: SEIR Model
Locations: 1
Time Points: 304
Data Model Parameters: 0
Exposure Process Parameters: 1
Reinfection Model Parameters: 0
Spatial Parameters: 0
Transition Parameters: 2

Parameter Estimates:
      Mean  SD  95%LB  95%UB
Beta_SE_1 -2.279 0.280 -2.843 -1.790
gamma_EI   0.196 0.024  0.154  0.246
gamma_IR   0.140 0.022  0.101  0.184
```

**Gambar 11.** estimasi parameter dengan model exposure 1 (Model 1)

```
> summary(result2)
Summary: SEIR Model
Locations: 1
Time Points: 304
Data Model Parameters: 0
Exposure Process Parameters: 2
Reinfection Model Parameters: 0
Spatial Parameters: 0
Transition Parameters: 2

Parameter Estimates:
      Mean  SD  95% LB  95% UB
Beta_SE_1 -2.266 0.248 -2.794 -1.859
Beta_SE_2  0.601 2.808 -3.668  6.280
gamma_EI   0.195 0.029  0.137  0.249
gamma_IR   0.140 0.019  0.101  0.177
```

**Gambar 12.** estimasi parameter dengan model exposure 2 (Model 2)

### 3.6 Perbandingan Model

Model dapat dibandingkan secara formal menggunakan Bayes Factors, dan dengan membuat plot prediksi posterior. Sintaks yang diperlukan untuk membuat plot distribusi prediktif posterior dapat dilihat dalam Gambar 12 sebagai berikut:

```

># Mensimulasikan epidemi baru berdasarkan parameter yang diterima untuk model 1 dan 2
>simulations1 =
  epidemic.simulations(result1, replicates = 50)
>simulations2 =
  epidemic.simulations(result2, replicates = 50)

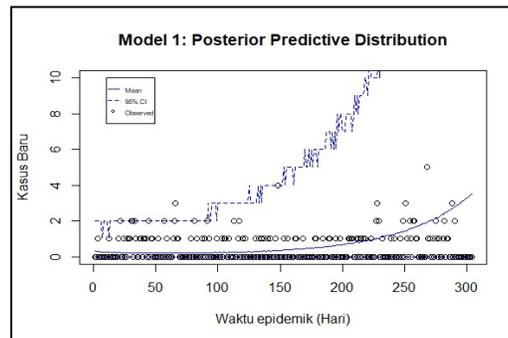
>plotPosteriorPredictive = function(simulations, main)
{
  allSimulatedI_star =
  sapply(simulations$simulationResults, function(x){x$I_star})
  lowerQuantile = apply(allSimulatedI_star, 1, quantile, probs = c(0.025))
  posteriorMean = apply(allSimulatedI_star, 1, mean)
  upperQuantile = apply(allSimulatedI_star, 1, quantile, probs = c(0.975))
  plot(PNBP$Count, ylim = c(0, max(PNBP$Count)*2),
       xlab = "Epidemic Day", ylab = "New Cases", main = main)
  lines(upperQuantile, lty = 2, col = "blue")
  lines(lowerQuantile, lty = 2, col = "blue")
  lines(posteriorMean, lty = 1, col = "blue")

  legend(x = 100, y = 12, legend = c("Mean", "95% CI", "Observed"), lty = c(1,2,0),
        pch = c(NA,NA,1), col = c("blue", "blue", "black"), cex = 1)
}
> plotPosteriorPredictive(simulations1, "Model 1: Posterior Predictive Distribution")
> plotPosteriorPredictive(simulations2, "Model 2: Posterior Predictive Distribution")

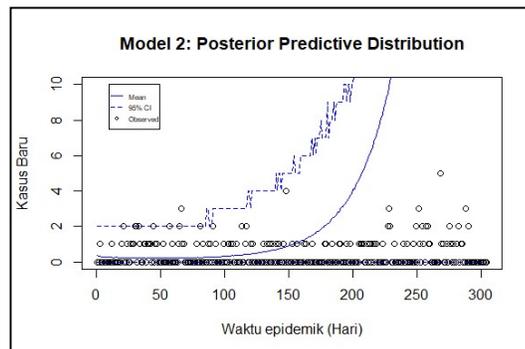
```

**Gambar 12.** simulasi epidemi baru berdasarkan parameter yang diterima untuk model 1 dan 2

Hasil plot untuk nilai prediktif posterior model 1 dan model 2 ditunjukkan pada Gambar 13 dan 14.



**Gambar 13.** Plot nilai prediktif posterior dari model 1



**Gambar 14.** Plot nilai prediktif posterior dari model 2

Berdasarkan pada plot model 1 dan 2 yang rata-rata nilai prediksinya cenderung bergerak ke atas nilai observasi menunjukkan bahwa peluang terjadinya tuberculosis di Kota Makassar lebih tinggi dari waktu ke waktu.

#### 4. Kesimpulan

Setelah dilakukan telaah dalam hasil penelitian, disimpulkan beberapa hal sebagai berikut:

- a. Model epidemi stokastik spasial SEIR untuk penyebaran tuberculosis dapat dinyatakan menjadi:

$$S_{i+1} = S_i + S_i^* - E_i^*$$

$$E_{i+1} = E_i + E_i^* - I_i^*$$

$$I_{i+1} = I_i + I_i^* - R_i^*$$

$$R_{i+1} = R_i + R_i^* - S_i^*$$

- b. Model epidemi stokastik spasial SEIR untuk penyebaran penyakit tuberculosis dengan lokasi tunggal di Kota Makassar memberikan Nilai  $\gamma_{EI}$  sebesar 0.196 dengan simpangan baku sebesar 0.024 dan nilai  $\gamma_{IR}$  sebesar 0.140 dengan simpangan baku sebesar 0.022
- c. Berdasarkan pada nilai rata-rata distribusi prediksi posterior yang cenderung bergerak lebih besar dari nilai observasi menunjukkan bahwa peluang terjadinya tuberculosis di Kota Makassar semakin tinggi dari waktu ke waktu.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Achmadi, U. F. (2009). Manajemen penyakit berbasis wilayah. *Kesmas: National Public Health Journal*, 3(4), 147–153.
- Brown, G. D., Oleson, J. J., & Porter, A. T. (2006). *Stochastic Compartmental Models*: 27.
- Gibson, G. J., & Renshaw, E. (1998). Estimating parameters in stochastic compartmental models using Markov chain methods. *Mathematical Medicine and Biology: A Journal of the IMA*, 15(1), 19–40.
- Hasyim, H. (2008). Manajemen Penyakit Lingkungan Berbasis Wilayah. *Jurnal Manajemen Pelayanan Kesehatan*, 11(02). Diambil dari <https://jurnal.ugm.ac.id/jmpk/article/view/2680>

- Ika, N. (2018). Mengenal Tuberculosis Alias TBC, Gejala, dan Pencegahannya. Diambil dari Tirto.id website: <https://tirto.id/mengenal-tuberculosis-alias-tbc-gejala-dan-pencegahannya-c8vX>
- Kulkarni, V. G. (2016). *Modeling and analysis of stochastic systems*. Chapman and Hall/CRC.
- Lekone, P. E., & Finkenstädt, B. F. (2006). Statistical inference in a stochastic epidemic SEIR model with control intervention: Ebola as a case study. *Biometrics*, 62(4), 1170–1177.
- Nåsell, I. (2002). Stochastic models of some endemic infections. *Mathematical Biosciences*, 179(1), 1–19. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00098-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00098-6)
- Republika. (2015, Desember 11). Kasus TB di Sulsel Masih Tinggi. Diambil 30 Mei 2019, dari Republika Online website: <https://republika.co.id/berita/koran/hukum-koran/15/12/11/nz6gk74-kasus-tb-di-sulsel-masih-tinggi>
- Tempo, K. (2014, Minggu, Oktober 23:07 WIB). Penderita Tuberkulosis Didominasi Remaja—Makassar—Koran.tempo.co. Diambil 3 Maret 2019, dari Tempo website: <https://koran.tempo.co/read/355362/penderita-tuberkulosis-didominasi-remaja>