

BAB III

METODE PENELITIAN

3.1 Jenis Penelitian

Metode penelitian ini adalah studi literatur, yaitu dengan mempelajari teori, konsep, dan temuan penelitian terdahulu dari berbagai sumber relevan. Studi literatur dilakukan dengan meninjau artikel ilmiah, jurnal, buku teks, laporan resmi kesehatan, dan referensi lain terkait pemodelan matematika epidemi, dinamika penyebaran penyakit difteri, karakteristik kompartemen SEIQRS, dan metode estimasi parameter menggunakan Algoritma Genetika (GA). Kajian teori dan informasi yang diperoleh dari studi literatur ini menjadi acuan awal dalam pengembangan model penelitian.

Penelitian ini bersifat kuantitatif, karena seluruh proses analisis dilakukan menggunakan pendekatan matematis dan numerik, meliputi formulasi model diferensial, penentuan titik ekulibrium, analisis kestabilan, perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0), dan estimasi parameter berdasarkan data kasus difteri menggunakan metode Algoritma Genetika (GA).

Berdasarkan manfaatnya, penelitian ini tergolong penelitian terapan, karena bertujuan memberikan solusi praktis, yaitu memahami dinamika penyebaran difteri melalui model SEIQRS dengan dua jalur penularan dan memperoleh estimasi parameter yang representatif terhadap data dunia nyata. Penelitian ini tidak berfokus pada pengembangan teori baru, melainkan pada penerapan teori matematika dan optimasi untuk memecahkan masalah epidemiologi.

3.2 Setting Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan September 2025 hingga Mei 2026. Lokasi penelitian yang digunakan sebagai tempat untuk memperoleh sumber informasi, merancang model, dan melakukan analisis adalah Perpustakaan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Imam Bonjol Padang, Kota Padang.

3.3 Sumber Data

Data yang dikumpulkan pada penelitian ini adalah data sekunder berupa data kumulatif jumlah penemuan kasus difteri di Indonesia periode tahun 2000–2024 yang diperoleh atau dikumpulkan dari website WHO (*World Health Organization*). Data tersebut digunakan dalam proses estimasi parameter model matematika penyebaran penyakit difteri menggunakan metode Algoritma Genetika.

3.4 Langkah-Langkah Penelitian

Untuk mencapai tujuan penelitian, langkah-langkah yang dilakukan adalah sebagai berikut:

- a. Mempelajari landasan teori dan kajian literatur pada BAB II.
- b. Mengonstruksi model matematika penyebaran difteri tipe SEIQRS dengan mempertimbangkan adanya masa inkubasi (E), kemungkinan individu rentan (S) langsung terinfeksi (I) akibat masa inkubasi yang singkat, penambahan kompartemen karantina (Q), serta mekanisme penurunan kekebalan dari individu sembuh (R) kembali menjadi rentan (S). Model yang dihasilkan berupa sistem persamaan diferensial nonlinier.
- c. Menentukan titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik dari model SEIQRS dengan menyelesaikan sistem persamaan diferensial pada kondisi ketika seluruh turunan terhadap waktu bernilai nol.
- d. Melakukan linearisasi sistem di sekitar titik ekuilibrium.
- e. Menganalisis kestabilan titik ekuilibrium menggunakan Formula Vieta.
- f. Menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) menggunakan metode *next generation matrix* (NGM).
- g. Melakukan estimasi parameter model menggunakan metode Algoritma Genetika (GA).
 1. Menentukan komponen Algoritma Genetika, yaitu jumlah populasi, jumlah generasi, probabilitas seleksi (*selection rate*), probabilitas mutasi, batas bawah dan batas atas setiap parameter model, serta menginputkan data riil.

2. Membangkitkan kromosom secara acak berukuran sesuai jumlah parameter yang akan diestimasi. Kromosom yang terbentuk menjadi populasi awal.
3. Menghitung solusi numerik model untuk setiap kromosom menggunakan perangkat lunak MATLAB dengan solver ode23s.
4. Menghitung nilai fungsi objektif menggunakan *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) antara hasil simulasi model dan data riil.
5. Menghitung nilai *fitness* setiap kromosom berdasarkan nilai fungsi objektif yang diperoleh.
6. Mengurutkan kromosom berdasarkan nilai *fitness* dari yang terbaik hingga yang terburuk.
7. Menyeleksi sejumlah kromosom terbaik sebagai populasi induk sesuai dengan tingkat seleksi (*selection rate*).
8. Membentuk probabilitas seleksi dan probabilitas kumulatif berdasarkan peringkat kromosom untuk proses pemilihan induk.
9. Memilih pasangan induk berdasarkan probabilitas kumulatif yang telah diperoleh.
10. Melakukan proses pindah silang (*Arithmetic Crossover*) untuk menghasilkan kromosom anak (*offspring*).
11. Menerapkan elitisme sehingga kromosom dengan nilai *fitness* terbaik tetap dipertahankan pada generasi berikutnya.
12. Melakukan mutasi pada beberapa gen kromosom secara acak sesuai probabilitas mutasi yang ditentukan.
13. Membentuk populasi generasi baru dari kromosom hasil seleksi, pindah silang, dan mutasi.
14. Mengevaluasi kembali nilai *fitness* seluruh kromosom pada populasi baru.
15. Memeriksa kriteria penghentian, yaitu apakah jumlah generasi maksimum telah tercapai. Jika belum tercapai, proses kembali ke langkah 3.
16. Memilih kromosom dengan nilai *fitness* minimum sebagai solusi terbaik yang merepresentasikan parameter optimum model.

- h. Melakukan simulasi numerik untuk menggambarkan dinamika model menggunakan *software* Maple.
- i. Menarik kesimpulan berdasarkan hasil analisis.

