

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Kasus Infeksi tuberkulosis (TB) masih menjadi ancaman Lebih dari 724.000 kasus TB baru ditemukan pada 2022 jumlahnya meningkat menjadi 809.000 kasus pada 2023. Berdasarkan *Global TB Report*, indonesia menempati posisi kedua dunia setelah india dimana estimasi kasus tuberkulosis tahun lalu adalah sebanyak 1,092 juta, dengan kasus terdeteksi sebanyak 889.133. Sebelum pandemi, penemuan kasus TB hanya mencapai 40-45% dari estimasi kasus TB jadi masih banyak kasus yang belum ditemukan atau juga belum dilaporkan, hal tersebut dijabarkan Menurut artikel Kementerian Kesehatan Nasional (Kemenkes) dengan tajuk ‘Gerakan Indonesia akhiri TBC’.

Tuberkulosis (TB) Sendiri merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis* dan ditularkan melalui udara, terutama di kawasan dengan kepadatan penduduk tinggi. Pengelolaan data terkait kasus TB secara optimal sangat penting untuk mendukung upaya preventif dan pengendalian penyakit. Seiring dengan kemajuan teknologi digital, pemanfaatan sistem berbasis web untuk pemantauan kesehatan menawarkan solusi yang cepat dan efisien dalam hal pengumpulan, analisis, serta visualisasi data secara real-time. [1] [2]

Salah satu komponen krusial dalam pengendalian TB adalah surveilans, yaitu proses pemantauan berkelanjutan melalui pengumpulan dan analisis data kasus yang bertujuan untuk mengidentifikasi tren, kelompok rentan, dan mengevaluasi program intervensi. Dengan menggabungkan sistem surveilans TB dalam platform pemantauan digital berbasis web, proses pelaporan dan pelacakan kasus dapat dilakukan secara lebih sistematis dan akurat.[3]

Dalam upaya mendukung efektivitas analisis data hasil surveilans Tuberkulosis (TB), diperlukan metode pengelompokan data (*Clustering*) yang mampu mengidentifikasi pola penyebaran penyakit serta mengklasifikasikan *Suspect* berdasarkan tingkat infeksi. *Clustering* berperan penting dalam memahami karakteristik distribusi kasus TB secara spasial maupun demografis. Salah satu pendekatan yang terbukti efektif untuk tujuan tersebut adalah algoritma *Differential Evolution* (DE), yaitu metode optimasi berbasis populasi yang mengandalkan

proses mutasi, rekombinasi, dan seleksi untuk mencari solusi optimal dalam ruang pencarian yang kompleks. Penggunaan algoritma DE dalam proses *Clustering* memberikan potensi peningkatan akurasi pengelompokan, sehingga dapat memperkuat sistem surveilans epidemiologi berbasis data. [4][5]

Berbagai studi sebelumnya menunjukkan bahwa pendekatan berbasis algoritma evolusioner, seperti *Genetic Algorithm* (GA) dan *Particle Swarm Optimization* (PSO), mampu meningkatkan akurasi dalam proses *Clustering* dibandingkan dengan metode konvensional. Sejalan dengan temuan tersebut, penelitian ini mengusulkan integrasi algoritma *Differential Evolution* (DE) sebagai alternatif yang potensial dalam sistem pemantauan kesehatan berbasis web yang terhubung dengan surveilans TB. Algoritma DE, yang menggabungkan mekanisme mutasi dan seleksi dalam pencarian solusi optimal, diharapkan dapat meningkatkan efisiensi analisis data infeksi TB. Selain itu, penerapan DE dalam sistem ini bertujuan untuk memberikan dukungan yang lebih kuat bagi tenaga kesehatan dan peneliti dalam memetakan penyebaran TB secara lebih akurat. Melalui pendekatan ini, teknologi informasi tidak hanya berfungsi sebagai alat bantu administratif, tetapi juga sebagai komponen strategis dalam pengendalian TB yang lebih terarah dan adaptif. [6][7]

1.2 Rumusan Masalah

1.2.1. Permasalahan

Salah satu tantangan utama adalah bagaimana mengelola dan menganalisis data yang besar, beragam, dan terus bertambah agar dapat mendukung pengambilan keputusan medis. Salah satu metode yang dapat digunakan adalah *Clustering* atau pengelompokan data, yang memungkinkan data *Suspect* dikelompokkan berdasarkan kemiripan karakteristik, seperti kondisi kesehatan, gejala, atau jenis penyakit. Namun, metode *Clustering* konvensional seperti K-Means memiliki keterbatasan, seperti keharusan menentukan jumlah cluster di awal dan kecenderungan terjebak pada solusi lokal, terutama untuk data yang kompleks. Algoritma *Differential Evolution* (DE) merupakan algoritma optimasi yang mampu mengeksplorasi ruang solusi secara global, sehingga berpotensi mengatasi kelemahan pada metode *Clustering* tradisional dan menghasilkan pengelompokan yang lebih optimal.

Sayangnya, masih sedikit penelitian yang mengkaji penerapan DE dalam *Clustering* data *Suspect*, terutama dalam konteks sistem informasi monitoring kesehatan. Selain itu, integrasi hasil *Clustering* ke dalam sistem informasi yang dapat langsung dimanfaatkan oleh tenaga medis masih menjadi tantangan tersendiri.

1.2.2. Metode Usulan

Untuk mengatasi permasalahan tersebut, penelitian ini mengusulkan penggunaan algoritma *Differential Evolution* (DE) sebagai metode *Clustering*. DE adalah algoritma optimasi evolusioner yang dikenal efektif dalam menemukan solusi optimal dalam ruang pencarian yang kompleks [1]. Dalam konteks ini, DE akan digunakan untuk mengoptimalkan pembentukan klaster dalam data infeksi TB, dengan tujuan menghasilkan klaster yang lebih akurat dan informatif dibandingkan dengan metode konvensional. Implementasi DE akan mengikuti tahapan inisialisasi populasi, mutasi, rekombinasi, dan seleksi.

1.2.3. Pertanyaan Penelitian

1. Bagaimana algoritma *Differential Evolution* (DE) dapat diimplementasikan untuk proses *Clustering* data infeksi Tuberkulosis (TB) dalam sistem informasi pemantauan kesehatan berbasis surveilans?
2. Bagaimana hasil *Clustering* yang diperoleh dari implementasi algoritma DE dapat dianalisis dan disimpulkan untuk mendukung pengambilan keputusan dalam upaya pengendalian penyebaran TB?

1.3 Tujuan dan Manfaat

1.3.1 Tujuan Penelitian

1. Mengembangkan sistem berbasis web yang menerapkan algoritma DE untuk *Clustering* data infeksi TB.
2. Menganalisis kinerja DE dalam mengelompokkan data surveilans TB berdasarkan tingkat infeksi TB secara lebih akurat.

1.3.2 Manfaat Penelitian

1. **Dunia Kesehatan:** Membantu tenaga medis dalam analisis data TB menggunakan algoritma DE.

2. **Peneliti:** Memberikan referensi penerapan DE dalam *Clustering* data medis.

1.4 Batasan masalah

Penelitian ini memiliki beberapa batasan yang dirumuskan sebagai berikut:

1. Data yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari RSUD Syarifah Ambaini Rato Ebu Bangkalan Maret - Juni 2024 dan terbatas pada data surveilans infeksi Tuberkulosis (TB), yang mencakup jumlah kasus sebanyak 533 suspect kasus, informasi lokasi geografis, serta beberapa faktor demografis yang relevan.
2. Penelitian ini berfokus pada implementasi algoritma *Differential Evolution* (DE) tanpa membandingkan secara mendalam dengan metode *Clustering* lainnya seperti K-Means atau DBSCAN.
3. Sistem yang dikembangkan terbatas pada pemantauan dan analisis data infeksi TB, tidak mencakup penyakit menular lainnya atau aspek kesehatan masyarakat lain.
4. Pengembangan sistem dilakukan dengan mempertimbangkan keterbatasan waktu dan sumber daya penelitian, termasuk tenaga kerja dan infrastruktur teknologi.
5. Validasi hasil *Clustering* dilakukan menggunakan metrik seperti *Silhouette Coefficient*, tanpa validasi eksternal dengan data dari lokasi atau waktu lain di luar ruang lingkup penelitian.

1.5 Sistematika Penulisan

BAB I PENDAHULUAN

Bab ini berisi latar belakang masalah, rumusan masalah, tujuan penelitian, batasan masalah, dan sistematika penulisan. Pendahuluan memberikan konteks dan alasan pentingnya penelitian tentang implementasi algoritma *Differential Evolution* untuk *Clustering* data infeksi Tuberkulosis (TB).

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

Bab ini menjelaskan konsep-konsep dasar yang relevan dengan penelitian, termasuk definisi Tuberkulosis, pentingnya pemantauan data infeksi TB, serta teknik *Clustering* dalam analisis data. Selain itu, bab ini juga membahas algoritma *Differential Evolution* dan perbandingannya dengan metode *Clustering* lainnya.

BAB III METODE USULAN

Dalam bab ini, dijelaskan pendekatan penelitian yang digunakan, yaitu eksperimen dengan implementasi algoritma DE dalam sistem untuk *Clustering* data infeksi TB. Tahapan-tahapan dalam penelitian, pengumpulan data, serta analisis yang dilakukan juga dibahas.

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

Bab ini berisi tahapan implementasi penelitian mulai dari preprocessing data, pembentukan matriks jarak gabungan Gower dan Haversine, hingga penerapan algoritma *self-adaptive Differential Evolution (jDE)* untuk optimisasi klastering.

BAB V PENUTUP

Bab ini menyajikan kesimpulan bahwa algoritma jDE dengan kombinasi jarak Gower dan Haversine mampu menghasilkan klaster yang stabil dan bermakna dalam pemetaan pasien TBC, serta memberikan gambaran pola distribusi kelompok berisiko.

DAFTAR PUSTAKA

Pada daftar pustaka mengandung beberapa referensi yang digunakan untuk menyusun dan memberikan ide terhadap penelitian ini.

LAMPIRAN

Pada lembar ini berisilembaran bukti pengambilan data secara legal dan kegiatan lainnya yang terkait penelitian.