Epsilon: Jurnal Matematika Murni dan Terapan
http://ppjp.ulm.ac.id/journals/index.php/epsilon
p-ISSN: 1978-4422 | e-ISSN 2656-7660
Vol.19 No.1 (Juni 2025) Hal. 101-115

MODEL SEIDR DALAM STUDI PENYEBARAN TUBERKULOSIS: ANALISIS INTERVENSI DIAGNOSIS DAN DAMPAKNYA TERHADAP DINAMIKA INFEKSI

Sila Rizqina[1*], Muhammad Afief Balya[2], Yuni Yulida[3], Muhammad Ahsar Karim[4], Hermei Lisa[5]

[1,2,3,4,5]Jurusan Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Lambung Mangkurat, Indonesia
Jl. A.Yani Km. 36, Banjarbaru 70714, Kalimantan Selatan
*email: sila@ulm.ac.id

ABSTRACT

Pulmonary Tuberculosis (TB) is a contagious infectious disease caused by Mycobacterium tuberculosis. A person with tuberculosis serves as a source of transmission to the surrounding population. One way to minimize the transmission is through the implementation of effective diagnostic intervention. One approach to understanding the dynamics of TB spread is through the SEIDR epidemiological mathematical model, which includes susceptible, exposed, infectious, diagnosed, and recovered individuals. This study begins by explaining the construction of the SEIDR model, followed by determining the disease-free equilibrium point, the basic reproduction number, local stability analysis of the disease-free equilibrium, and sensitivity analysis. The final step involves conducting numerical simulations and interpreting the results obtained. There are two equilibrium points derived from the model: the disease-free equilibrium and the endemic equilibrium. The disease-free equilibrium point is asymptotically stable if the basic reproduction number is less than one, while the endemic equilibrium point is determined through simulation. Based on the simulation, it is found that the system experiences an outbreak when the basic reproduction number is greater than one. Sensitivity analysis shows that the birth rate has the highest positive influence on the basic reproduction number, while the natural death rate has the highest negative influence on the basic reproduction number. Numerical simulation results show that when transmission is high, the number of diagnosed individuals increases sharply, while the susceptible and exposed populations decrease drastically; conversely, if transmission is suppressed, active cases decline until they are completely eliminated. Therefore, effective interventions are crucial to reduce transmission and to strengthen diagnostic systems in order to achieve TB elimination at the population level.

Keywords: Tuberculosis, Diagnosed, Epidemiological Model, Sensitivity Analysis, Simulation

ABSTRAK

Tuberkulosis (TBC) paru merupakan penyakit infeksi menular yang disebabkan oleh *Mycobacterium tuberculosis*. Salah satu cara meminimalisir penularan tersebut adalah diperlukan adanya intervensi diagnosis yang efektif. Pendekatan yang dilakukan untuk memahami dinamika penyebaran TBC adalah melalui pemodelan matematika epidemiologi SEIDR yang mencakup individu rentan (*susceptible*), terpapar (*exposed*), terinfeksi (*infectious*), terdiagnosis (*treatment*), dan sembuh (*recovered*). Penelitian ini diawali dengan menjelaskan pembentukan model SEIDR, kemudian menentukan titik ekuilibrium bebas penyakit, bilangan reproduksi dasar, analisis kestabilan lokal titik ekuilibrium bebas penyakit, serta analisis sensitivitas. Langkah terakhir yaitu melakukan simulasi numerik dan menginterpretasikan hasil simulasi yang diperoleh. Terdapat dua titik ekuilibrium yang dihasilkan dari model yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan endemik.

Titik ekulibrium bebas penyakit stabil asimtotik jika bilangan reproduksi rasio kurang dari satu, sedangkan titik ekulibrium endemik diberikan melalui simulasi. Berdasarkan simulasi diperoleh bahwa di mana sistem ini mengalami wabah karena bilangan reproduksi rasio lebih besar dari satu. Pada analisis sensitifitas didapatkan bahwa laju kelahiran memiliki pengaruh positif tertinggi terhadap bilangan reproduksi rasio, sedangkan laju kematian alami memiliki pengaruh negatif tertinggi terhadap bilangan reproduksi rasio. Hasil simulasi numerik memperlihatkan bahwa ketika penularan tinggi, jumlah individu terdiagnosis meningkat tajam, sedangkan populasi rentan dan terpapar menurun drastis; sebaliknya, jika penularan ditekan, kasus aktif menurun hingga hilang sepenuhnya. Oleh sebab itu intervensi yang efektif sangat diperlukan untuk mengurangi penularan dan memperkuat sistem diagnosis dalam rangka mencapai eliminasi TBC di tingkat populasi.

Kata kunci: Tuberkulosis, Terdiagnosis, Model Epidemiologi, Analisis Sensitivitas, Simulasi

Received: 12 Juni 2025, Accepted: 26 June 2025, Published: 27 June 2025

PENDAHULUAN

Tuberkulosis (TBC) paru merupakan penyakit infeksi menular yang disebabkan oleh *Mycobacterium tuberculosis* dan paling sering bermanifestasi di paru. Mikrobakterium ini ditransmisikan melalui droplet di udara, sehingga seorang penderita tuberkulosis paru merupakan sumber penyebab penularan tuberkulosis paru pada populasi di sekitarnya (Wikurendra, 2019).

Sebagai respons terhadap situasi ini, pemerintah Indonesia telah menetapkan target eliminasi TBC pada tahun 2030. Untuk mencapai target tersebut, pemerintah telah mengimplementasikan berbagai strategi nasional yang komprehensif, seperti yang tertuang dalam Peraturan Presiden No. 67 Tahun 2021 tentang Penanggulangan Tuberkulosis. Strategi ini mencakup penguatan komitmen pemerintah di semua tingkatan, peningkatan akses layanan kesehatan berkualitas, optimalisasi promosi kesehatan, pemberian pengobatan preventif, serta pengendalian infeksi (Presiden Republik Indonesia, 2021).

Salah satu pendekatan yang dapat digunakan untuk memahami dinamika penyebaran TBC adalah melalui pemodelan matematika. Model matematika memungkinkan penyederhanaan sistem biologis kompleks ke dalam bentuk sistem persamaan, sehingga berbagai skenario penularan dan intervensi dapat dianalisis secara sistematis. Model matematika epidemiologi memungkinkan penyederhanaan sistem biologis menjadi kompartemen-kompartemen, seperti individu rentan (*susceptible*), terinfeksi (*infectious*), terdiagnosis (*treatment*), dan sembuh (*recovered*).

Penelitian terdahulu yang membahas tentang pemodelan penyebaran penyakit TBC adalah (Zahwa *et al*., 2022) menggunakan model SITR untuk memodelkan penyebaran TBC di Provinsi Aceh yang melakukan analisis kestabilan sistem pada titik bebas penyakit. Selanjutnya model SEITR yang diterapkan di Provinsi Gorontalo oleh (Saleng *et al*., 2022) juga memperlihatkan bahwa penambahan kompartemen *exposed* (terpapar) memperkaya dinamika model dan memberikan wawasan lebih akurat terhadap proses inkubasi penyakit. Model ini menekankan

pentingnya peningkatan laju vaksinasi dan diagnosis dalam menekan penyebaran TBC.

Pada penelitian ini, penyebaran penyakit TBC akan dianalisis menggunakan model SEIDR (*Suspectible, Exposed, Infected, Diagnose, Recovered)* dengan memperhatikan faktor perawatan pada penderita TBC. Penelitian ini bertujuan untuk menjelaskan terbentuknya model SEIDR, menentukan titik ekuilibrium dan bilangan reproduksi dasar, melakukan analisis sensitivitas serta menganalisis kestabilan lokal pada model matematika. Selain itu akan dilakukan simulasi numerik dan meingterpretasikan model.

TINJAUAN PUSTAKA

1. Sistem Persamaan Diferensial Nonlinear

Sistem persamaan diferensial nonlinear orde satu memiliki bentuk sebagai berikut:

$$\frac{d\boldsymbol{x}}{dt} = \boldsymbol{f}(\boldsymbol{x}) \tag{1}$$

dimana $\boldsymbol{x} = \begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{bmatrix}, \frac{dx}{dt} = \begin{bmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \vdots \\ \frac{dx_n}{dt} \end{bmatrix}$, dan $\boldsymbol{f}(\boldsymbol{x}) = \begin{bmatrix} f_1(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ f_2(x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(x_1, x_2, \dots, x_n) \end{bmatrix}$

dengan $\boldsymbol{x} \in \mathbb{R}^n$ dan $\boldsymbol{f} \in \mathbb{R}^n$ (Braun, 1992).

2. Titik Ekuilibrium dan Kestabilan

Definisi 1 *Titik* $\hat{\boldsymbol{x}} \in \mathbb{R}^n$ *disebut titik ekuilibrium Persamaan (1) jika* $(\hat{\boldsymbol{x}}) = \boldsymbol{0}$.

Untuk menganalisa kestabilan lokal pada titik ekuilibrium Persamaan (1), dapat dilakukan melalui linearisasi dengan menggunakan ekspansi deret Taylor, sehingga diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut:

$$\boldsymbol{J} = \frac{\partial \boldsymbol{f}(\hat{\boldsymbol{x}})}{\partial x} = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{bmatrix} \tag{2}$$

(Perko, 2001).

Teorema 2 *Jika* λ_i *merupakan nilai eigen dari matriks Jacobian* $n \times n$ *di titik ekuilibrium* $\hat{\boldsymbol{x}}$ *dan* $Re(\lambda_i)$ *merupakan bagian riil dari* λ_i*, maka:*

(1) Untuk setiap $i = 1,2,3, \dots, n, Re(\lambda_i) < 0$ *maka* $\hat{\boldsymbol{x}}$ *stabil asimtotik.*

(2)Jika terdapat $Re(\lambda_i) > 0$ *untuk suatu* i *maka* $\hat{\boldsymbol{x}}$ *tidak stabil.*

(Bellomo *et al*., 2002).

3. Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (*Basic Reproduction Number*) yang dilambangkan dengan $\mathcal{R}_0$ merupakan rata-rata banyaknya individu yang tertular oleh satu orang yang pertama kali terinfeksi. Dengan kata lain, $\mathcal{R}_0$ menggambarkan batas awal penularan suatu penyakit dalam suatu populasi (Driessche & Watmough, 2002).

Salah satu metode untuk menentukan bilangan reproduksi rasio adalah metode *Next Generation Matrix* (NGM). Misal diberikan $p \in N$ pada subpopulasi yang terinfeksi dan $q \in N$ pada subpopulasi yang tidak terinfeksi, dengan N himpunan bilangan asli. Selanjutnya misalkan $\boldsymbol{x}$ merupakan subpopulasi yang terinfeksi dan $\boldsymbol{y}$ merupakan subpopulasi yang tidak terinfeksi, dengan $\boldsymbol{x} \in \mathbb{R}^p$ dan $\boldsymbol{y} \in \mathbb{R}^q$ sehingga

$$\begin{aligned} \frac{d\boldsymbol{x}}{dt} &= \boldsymbol{\mathcal{F}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) - \boldsymbol{\mathcal{L}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) \\ \frac{d\boldsymbol{y}}{dt} &= \boldsymbol{\mathcal{H}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) \end{aligned} \tag{3}$$

Selanjutnya, titik ekuilibrium bebas penyakit dituliskan sebagai $(\mathbf{0}, \hat{\boldsymbol{y}})$, dan memenuhi $\boldsymbol{\mathcal{F}}(\mathbf{0}, \hat{\boldsymbol{y}}) = 0$ dan $\boldsymbol{\mathcal{L}}(\mathbf{0}, \hat{\boldsymbol{y}}) = 0$. Kemudian diperoleh linearisasi dari subpopulasi $\boldsymbol{x}$ yaitu $\frac{dx}{dt} = (\boldsymbol{D\mathcal{F}} - \boldsymbol{D\mathcal{L}})\boldsymbol{x}$ dengan $\boldsymbol{D\mathcal{F}}$ dan $\boldsymbol{D\mathcal{L}}$ merupakan matriks Jacobian sehingga diperoleh bentuk *Next Generation Matrix* yaitu $\boldsymbol{G}$**.** Bilangan reproduksi rasio didefinisikan sebagai nilai eigen dominan dari $\boldsymbol{G}$, dengan $\boldsymbol{G} = \boldsymbol{FL}^{-1}$ (Annas *et al*., 2020).

4. Analisis Sensitivitas

Definisi 3. Jika Q adalah suatu fungsi yang dapat diturunkan terhadap parameternya, maka analisis sensitivitas terhadap perubahan persentase dari semua parameter p dirumuskan sebagai berikut:

$$\mathcal{E}_{\partial Q}^{p} = \frac{\partial Q}{\partial p} \times \frac{p}{Q} \approx \frac{\%\Delta Q}{\%\Delta p} \tag{4}$$

(Chitnis *et al*., 2008).

METODE PENELITIAN

Penelitian ini diawali dengan menjelaskan pembentukan model SEIDR. Selanjutnya menentukan titik ekuilibrium berdasarkan Definisi 1 menentukan bilangan reproduksi dasar berdasarkan persamaan 3. Pada langkah selanjutnya dilakukan analisis kestabilan lokal titik ekuilibrium bebas penyakit menggunakan Teorema 2, serta melakukan analisis sensitivitas menggunakan Teorema 3.

Langkah terakhir yaitu melakukan simulasi numerik dan menginterpretasikan hasil simulasi yang diperoleh.

HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Pembentukan Model

Populasi pada model SEIDR akan dibagi menjadi lima subpopulasi, yaitu:

(1) Subpopulasi *Susceptible*, yang dinotasikan dengan $S(t)$ menyatakan jumlah individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi penyakit TBC pada saat t.

(2) Subpopulasi *Exposed,* yang dinotasikan dengan $E(t)$ menyatakan jumlah individu yang terpapar penyakit TBC pada saat t.

(3) Subpopulasi *Infected*, yang dinotasikan dengan $I(t)$ menyatakan jumlah individu yang terinfeksi penyakit TBC pada saat t.

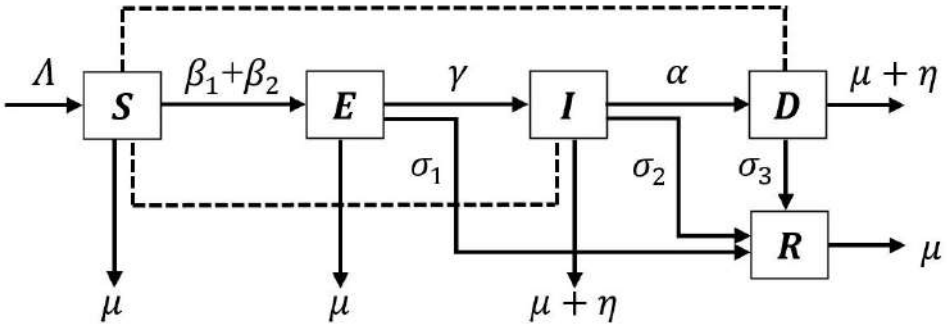
(4) Subpopulasi *Diagnose* yang dinotasikan dengan $D(t)$ menyatakan jumlah individu yang terinfeksi penyakit TBC dan dirawat pada saat t.

(5) Subpopulasi *Recovered*, yang dinotasikan dengan $R(t)$ menyatakan jumlah individu yang telah sembuh dari penyakit TBC pada saat t.

Dalam pembentukan model SEIDR akan diperlukan beberapa asumsi, yaitu:

1) Populasi manusia tertutup dan tidak ada migrasi
2) Populasi bersifat homogen, artinya setiap individu memiliki peluang yang sama untuk terinfeksi TBC
3) Semua kelahiran dimasukkan pada populasi rentan
4) Proses infeksi terjadi melalui kontak antara orang yang rentan dengan orang yang terinfeksi TBC dan orang yang mendapatkan perawatan TBC
5) Tingkat penyembuhan orang yang terpapar, terinfeksi, dan mendapatkan perawatan berbeda-beda
6) Kematian alami terjadi di setiap kompartemen

Berikut diberikan diagram alir model SEIDR pada penyakit TBC berikut.



Gambar 1. Diagram alir model

Berdasarkan diagram alir pada Gambar 1 dan asumsi di atas, model TBC dengan dengan intervensi perawatan dapat dinyatakan dalam sistem persamaan diferensial nonlinier berikut.

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \Lambda - (\beta_1 I + \beta_2 D)S - \mu S \\
\frac{dE}{dt} &= (\beta_1 I + \beta_2 D)S - (\gamma + \sigma_1 + \mu)E \\
\frac{dI}{dt} &= \gamma E - (\alpha + \sigma_2 + \eta + \mu)I \\
\frac{dD}{dt} &= \alpha I - (\sigma_3 + \eta + \mu)D \\
\frac{dR}{dt} &= \sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 D - \mu R
\end{aligned} \tag{5}$$

Persamaan sistem (5) adalah sistem persamaan diferensial nonlinier lima dimensi dengan kondisi awal yang memenuhi:

$$S(t) + E(t) + I(t) + D(t) + R(t) = N(t)$$

Semua parameter yang digunakan dalam model (5) bernilai positif. Berdasarkan Model (5) didapatkan interpretasi model sebagai berikut

1) Kompartemen rentan (S)
   Kompartemen S bertambah karena adanya kelahiran alami dan berkurang karena adanya orang yang terpapar akibat dari interaksi antara orang yang rentan dengan orang yang terinfeksi, baik yang mendapatkan perawatan maupun tidak serta karena adanya kematian alami.
2) Kompartemen terpapar (E)
   Kompartemen E bertambah karena adanya orang yang terpapar akibat dari interaksi antara orang yang rentan dengan orang yang terinfeksi, baik yang mendapatkan perawatan maupun tidak lalu berkurang karena adanya orang yang terpapar berkembang menjadi terinfeksi, adanya orang yang sembuh, dan adanya kematian alami.
3) Kompartemen terinfeksi (I)
   Kompartemen I bertambah karena adanya orang yang terpapar berkembang menjadi terinfeksi dan berkurang karena adanya orang yang terinfeksi mendapatkan perawatan, adanya orang yang sembuh, kematian akibat penyakit TBC, dan kematian alami.
4) Kompartemen terinfeksi yang mendapatkan perawatan (D)
   Kompartemen D bertambah karena adanya orang yang terinfeksi mendapatkan perawatan dan berkurang karena adanya orang yang sembuh, kematian akibat penyakit TBC, dan kematian alami.

5) Kompartemen sembuh (R)
Kompartemen R bertambah karena adanya orang yang sembuh dari terpapar, terinfeksi tanpa perawatan, dan terinfeksi dengan perawatan, serta berkurang karena adanya kematian alami.

Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Berdasarkan Definisi 1, titik kesetimbangan pada Model (5) dapat ditentukan jika memenuhi $\frac{dS}{dt} = \frac{dE}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dD}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$, yaitu

$$\Lambda - \beta_1 IS - \beta_2 DS - \mu S = 0 \quad (6)$$

$$\beta_1 IS + \beta_2 DS - (\gamma + \sigma_1 + \mu)E = 0 \quad (7)$$

$$\gamma E - (\alpha + \sigma_2 + \eta + \mu)I = 0 \quad (8)$$

$$\alpha I - (\sigma_3 + \eta + \mu)D = 0 \quad (9)$$

$$\sigma_1 E + \sigma_2 I + \sigma_3 D - \mu R = 0 \quad (10)$$

Persamaan (6)-(10) diselesaikan akan diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit, yaitu $E_0 = (\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0)$.

Bilangan reproduksi dasar $(\mathcal{R}_0)$

Selanjutnya, bilangan reproduksi dasar $(\mathcal{R}_0)$ ditentukan dengan metode *Next Generation Matrix*. Model (5) dibagi menjadi populasi $\boldsymbol{x} = \begin{bmatrix} E \\ I \\ D \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^3$, yaitu populasi yang terinfeksi TBC dan populasi $\boldsymbol{y} = \begin{bmatrix} S \\ R \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^2$, yaitu populasi yang tidak terinfeksi TBC. Selanjutnya, populasi $\boldsymbol{x}$ dinyatakan dalam bentuk $\frac{d\boldsymbol{x}}{dt} = \boldsymbol{\mathcal{F}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) - \boldsymbol{\mathcal{L}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y})$ dengan $\boldsymbol{\mathcal{F}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) = \begin{bmatrix} (\beta_1 I + \beta_2 D)S \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$ dan $\boldsymbol{\mathcal{L}}(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) = \begin{bmatrix} (\gamma + \sigma_1 + \mu)E \\ -\gamma E + (\alpha + \sigma_2 + \eta + \mu)I \\ -\alpha I + (\sigma_3 + \eta + \mu)D \end{bmatrix}$. Kemudian, $\boldsymbol{\mathcal{F}}$ dan $\boldsymbol{\mathcal{L}}$ dilinearisasi di sekitar titik kesetimbangan sehingga diperoleh $\boldsymbol{F} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta_1 \Lambda}{\mu} & \frac{\beta_2 \Lambda}{\mu} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$ dan $\boldsymbol{L} = \begin{bmatrix} a & 0 & 0 \\ -\gamma & b & 0 \\ 0 & -\alpha & c \end{bmatrix}$, dengan $a = (\gamma + \sigma_1 + \mu), b = (\alpha + \sigma_2 + \eta + \mu), c = (\sigma_3 + \eta + \mu)$. *Next Generation Matrix* didefinisikan sebagai nilai eigen dominan dari $\boldsymbol{G}$, dengan $\boldsymbol{G} = \boldsymbol{F}\boldsymbol{L}^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta_1 \Lambda}{\mu} & \frac{\beta_2 \Lambda}{\mu} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{a} & 0 & 0 \\ \frac{\gamma}{ab} & \frac{1}{b} & 0 \\ \frac{\alpha\gamma}{abc} & \frac{\alpha}{bc} & \frac{1}{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\beta_1 \Lambda \gamma}{ab\mu} + \frac{\beta_2 \Lambda \alpha \gamma}{abc\mu} & \frac{\beta_1 \Lambda}{b\mu} + \frac{\beta_2 \Lambda \alpha}{bc\mu} & \frac{\beta_2 \Lambda}{c\mu} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$ adalah

$\lambda = \frac{\beta_1 \Lambda \gamma}{ab\mu} + \frac{\beta_2 \Lambda \alpha \gamma}{abc\mu}$. Berdasarkan nilai eigen dominan tersebut diperoleh bilangan reproduksi dasar yaitu

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta_1 \Lambda \gamma}{ab\mu} + \frac{\beta_2 \Lambda \alpha \gamma}{abc\mu} \tag{11}$$

Berdasarkan Persamaan (11) didapatkan bilangan reproduksi dasar dari model matematika penyebaran penyakit TBC dari sistem 5. Persamaan tersebut menunjukkan bahwa rata-rata banyaknya individu dalam populasi rentan yang akan tertular oleh satu individu yang terinfeksi sebesar $\frac{\beta_1 \Lambda \gamma}{ab\mu} + \frac{\beta_2 \Lambda \alpha \gamma}{abc\mu}$ dengan masing-masing nilai parameter bernilai positif. Nilai $\mathcal{R}_0$ yang didapatkan dipengaruhi oleh beberapa Parameter. Pada suku pertama semakin besar laju infeksi rentan melalui kontak dengan terinfeksi maka semakin besar nilai $\mathcal{R}_0$. Sedangkan pada suku kedua semakin besar laju infeksi rentan melalui kontak dengan terdiagnosis dan laju terdiagnosis maka semakin besar nilai $\mathcal{R}_0$. Untuk lebih jelasnya akan dilakukan analisis sensitifitas untuk $\mathcal{R}_0$ pada subbab selanjutnya.

Titik Ekuilibrium Endemik

Selanjutnya, titik kesetimbangan endemik menyatakan kondisi di mana terdapat individu yang dapat menularkan penyakit. Dari Persamaan (9) diperoleh

$$D^* = \frac{\alpha}{c} I^* \tag{12}$$

Kemudian, dari Persamaan (8) diperoleh

$$E^* = \frac{b}{\gamma} I^* \tag{13}$$

Persamaan (7) ke Persamaan (6) diperoleh

$$S^* = \frac{\Lambda - bE^*}{\mu} \tag{14}$$

Persamaan (13) disubstitusi ke Persamaan (14) diperoleh

$$S^* = \frac{\Lambda}{\mu} - \frac{ab}{\mu\gamma} I^* \tag{15}$$

Persamaan (11), (12) substitusi ke Persamaan (10) diperoleh

$$R^* = \left(\frac{\sigma_1 b}{\gamma\mu} + \frac{\sigma_2}{\mu} + \frac{\sigma_3 \alpha}{\mu c} \right) I^* \tag{16}$$

Selanjutnya, Persamaan (12) dan (15) disubstitusi ke Persamaan (6) diperoleh

$$I^* = \frac{\mu}{\left(\beta_1 + \frac{\beta_2 \alpha}{c} \right)} \left(\frac{\Lambda \beta_1 \gamma}{ab\mu} + \frac{\Lambda \beta_2 \alpha \gamma}{abc\mu} - 1 \right) = \frac{\mu(\mathcal{R}_0 - 1)}{\left(\beta_1 + \frac{\beta_2 \alpha}{c} \right)} \tag{17}$$

Berdasarkan Persamaan (12)-(17) dapat disimpulkan bahwa titik ekuilibrium endemik adalah

$$(S^*, E^*, I^*, D^*, R^*) = \left(\frac{\Lambda}{\mu} - \frac{ab(\mathcal{R}_0-1)}{\gamma\left(\beta_1+\frac{\beta_2\alpha}{c}\right)}, \frac{b\mu(\mathcal{R}_0-1)}{\gamma\left(\beta_1+\frac{\beta_2\alpha}{c}\right)}, \frac{\mu(\mathcal{R}_0-1)}{\left(\beta_1+\frac{\beta_2\alpha}{c}\right)}, \frac{\alpha}{c}\frac{\mu(\mathcal{R}_0-1)}{\left(\beta_1+\frac{\beta_2\alpha}{c}\right)}, \left(\frac{\sigma_1 b}{\gamma\mu} + \frac{\sigma_2}{\mu} + \frac{\sigma_3\alpha}{\mu c}\right)\frac{\mu(\mathcal{R}_0-1)}{\left(\beta_1+\frac{\beta_2\alpha}{c}\right)}\right).$$

Analisis Kestabilan

Kestabilan pada titik kesetimbangan dapat ditentukan menggunakan nilai eigen. Model (4) merupakan sistem persamaan diferensial nonlinier, sehingga kestabilan dapat ditentukan dengan linearisasi sistem menggunakan matriks Jacobian berikut.

$$J = \begin{pmatrix} -(\beta_1 I + \beta_2 D) - \mu & 0 & -\beta_1 S & -\beta_2 S & 0 \\ (\beta_1 I + \beta_2 D) & -a & \beta_1 S & \beta_2 S & 0 \\ 0 & \gamma & -b & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha & -c & 0 \\ 0 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 & -\mu \end{pmatrix}$$

Berikut adalah matriks Jacobian di titik ekuilibrium bebas penyakit

$$\boldsymbol{J_{E_0}} = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & -\beta_1\frac{\Lambda}{\mu} & -\beta_2\frac{\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & -a & \beta_1\frac{\Lambda}{\mu} & \beta_2\frac{\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & \gamma & -b & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha & -c & 0 \\ 0 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 & -\mu \end{pmatrix}$$

Diperoleh persamaan karakteristik dari $\boldsymbol{J}_{E_0}$ adalah

$$\left|\boldsymbol{J_{E_0}} - \lambda \boldsymbol{I}\right| = 0$$

$$\begin{vmatrix} -\mu-\lambda & 0 & -\beta_1\frac{\Lambda}{\mu} & -\beta_2\frac{\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & -a-\lambda & \beta_1\frac{\Lambda}{\mu} & \beta_2\frac{\Lambda}{\mu} & 0 \\ 0 & \gamma & -b-\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha & -c-\lambda & 0 \\ 0 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 & -\mu-\lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$(-\mu-\lambda)^2\left[(-a-\lambda)(-b-\lambda)(-c-\lambda) - \gamma\left(\frac{\beta_1\Lambda}{\mu}\right)(-c-\lambda) + \frac{\beta_2\alpha\Lambda}{\mu}\right] = 0 \quad (18)$$

diperoleh nilai eigen dari Persamaan (18), yaitu $\lambda_1, \lambda_2 = -\mu < 0$ dan nilai eigen lainnya ditentukan melalui Persamaan (19) berikut.

$$A_0\lambda^3 + A_1\lambda^2 + A_2\lambda + A_3 = 0 \tag{19}$$

dengan

$A_0 = 1$

$A_1 = a + b + c$

$A_2 = a + b + ab - \dfrac{\beta_1\gamma\Lambda}{\mu}$

$A_3 = abc - \dfrac{\beta_1\gamma\Lambda c}{\mu} - \dfrac{\beta_2\alpha\Lambda}{\mu} = abc[1 - \mathcal{R}_0]$

Selanjutnya, digunakan kriteria Routh-Hurwitz untuk memastikan apakah seluruh akar dari persamaan karakteristik memiliki bagian real negatif. Diketahui bahwa seluruh parameter bernilai positif, berdasarkan kriteria tersebut terbukti bahwa $A_1 > 0, A_3 > 0$ dan $A_1A_2 > A_3$ dengan syarat $\mathcal{R}_0 < 1$. Karena semua bagian real dari nilai eigen bernilai negatif maka berdasarkan Teorema 2, disimpulkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik lokal.

Interpretasi biologis dari hasil ini mengindikasikan bahwa penyebaran penyakit tidak akan meluas di populasi apabila jumlah rata-rata infeksi sekunder yang dihasilkan oleh satu individu terinfeksi selama masa infeksi berada di bawah satu.

Berikut adalah matriks Jacobian di titik ekuilibrium Endemik

$$\boldsymbol{J}_{\boldsymbol{E}_*} = \begin{pmatrix} -\left(\beta_1 I^* + \beta_2 D^*\right) - \mu & 0 & -\beta_1 S^* & -\beta_2 S & 0 \\ \left(\beta_1 I^* + \beta_2 D^*\right) & -a & \beta_1 S^* & \beta_2 S & 0 \\ 0 & \gamma & -b & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \alpha & -c & 0 \\ 0 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 & -\mu \end{pmatrix}$$

Diperoleh persamaan karakteristik dari $\boldsymbol{J}_{E_*}$ adalah

$$\left|\boldsymbol{J}_{\boldsymbol{E}_*} - \lambda \boldsymbol{I}\right| = 0$$

$(-\mu - \lambda) = 0$ atau $\lambda^4 + \left[(a + b + c) + \left(\beta_1 I^* + \beta_2 \frac{\alpha}{c} I^* + \mu\right)\right]\lambda^3 - \Big[ab + ac + bc + \beta_1\left(\frac{\Lambda}{\mu} - \frac{ab}{\mu\gamma} I^*\right) + \left(\beta_1 I^* + \beta_2 \frac{\alpha}{c} I^* + \mu\right)(a + b + c)\Big]\lambda^2 + \Big[\left(abc - \beta_1 S^* c - \alpha\beta_2 S^*\right) - \left(\beta_1 I^* + \beta_2 \frac{\alpha}{c} I^* + \mu\right)\left(ab + ac + bc + \beta_1 S^*\right) + \left(\beta_1 I^* + \beta_2 \frac{\alpha}{c} I^*\right)\gamma\beta_1 S^*\Big]\lambda + \Big[-\left(\beta_1 I^* + \beta_2 \frac{\alpha}{c} I^* + \mu\right)\left(-abc + \beta_1 S^* c + \alpha\beta_2 S^*\right) + \left(\beta_1 I^* + \beta_2 D^*\right)\left(\gamma\beta_1 S^* c + \gamma\alpha\beta_2 S^*\right)\Big] = 0$

Mengingat bentuk persamaan karakteristik yang diperoleh merupakan polinomial berderajat empat dengan struktur aljabar yang kompleks dan melibatkan banyak parameter, maka untuk memperoleh nilai eigen secara efisien dan akurat,

pendekatan analitik kurang praktis. Oleh karena itu, solusi terhadap persamaan ini akan disajikan melalui pendekatan numerik dan simulasi.

Analisis Sensitivitas terhadap $\mathcal{R}_0$

Analisis sensitivitas terhadap $\mathcal{R}_0$ bertujuan untuk mengetahui parameter mana yang paling mempengaruhi nilai $\mathcal{R}_0$ sehingga dapat membantu pengendalian penyakit secara lebih efektif. Diberikan Tabel 1 merupakan deskripsi dan nilai parameter-parameter yang akan digunakan dalam simulasi.

Tabel 1. Deskripsi dan nilai parameter

Parameter	Keterangan	Nilai	Referensi
Λ	Laju kelahiran alami	$\frac{1}{65.52}$	(Fauzi *et al*., 2019)
β_1	Laju infeksi rentan melalui kontak dengan terinfeksi	0.335	(Nuraini *et al*., 2022)
β_2	Laju infeksi rentan melalui kontak dengan terinfeksi yang dirawat	0.349	(Nuraini *et al*., 2022)
γ	Laju perkembangan terinfeksi dari terpapar	$\frac{7}{60}$	(Liu *et al*., 2020)
μ	Laju kematian alami	$\frac{1}{65.52}$	(Fauzi *et al*., 2019)
η	Laju kematian akibat penyakit TBC	0.00111	(Tewa *et al*., 2012)
α	Laju diagnosis terinfeksi TBC	0.497	(Nuraini *et al*., 2022)
σ_1	Laju kesembuhan terpapar TBC	0.01285	(Liu *et al*., 2020)
σ_2	Laju kesembuhan terinfeksi TBC	0.00122	(Liu *et al*., 2020)
σ_3	Laju kesembuhan terdiagnosis TBC	0.00764	(Liu *et al*., 2020)

$\mathcal{R}_0$ telah diperoleh sebagaimana ditunjukkan dalam Persamaan (11). Selanjutnya, persamaan sensitivitas dari masing-masing parameter terhadap $\mathcal{R}_0$ diturunkan. Setelah itu, nilai-nilai parameter disubstitusikan ke dalam persamaan sensitivitas untuk memperoleh kondisi di mana $\mathcal{R}_0 = 11{,}836$. Koefisien sensitivitas yang dihasilkan disajikan dalam Tabel 2 di bawah ini.

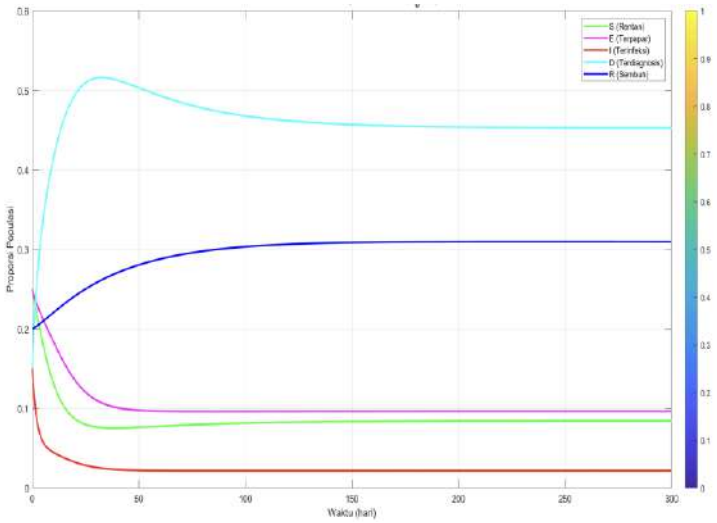
Tabel 2. Nilai koefisien sensitivitas dari masing-masing parameter terhadap $\mathcal{R}_0$

Parameter	Koefisien Sensitivitas
Λ	1
β_1	0.02081604554
β_2	0.9791839542
γ	0.1941751213
μ	-1.757454556
η	-0.04742070083
α	0.01337122760
σ_1	-0.08875585441
σ_2	-0.002370807899
σ_3	-0.3115444313

Berdasarkan Tabel 2, parameter $\Lambda, \beta_1, \beta_2, \gamma,$ dan α memiliki pengaruh positif terhadap $\mathcal{R}_0$, sedangkan parameter $\mu, \eta, \sigma_1, \sigma_2$ dan σ_3 memiliki pengaruh negatif terhadap $\mathcal{R}_0$. Parameter yang memiliki pengaruh positif terhadap $\mathcal{R}_0$ berarti bahwa peningkatan nilai parameter tersebut akan meningkatkan nilai $\mathcal{R}_0$. Sebaliknya, jika suatu parameter memiliki pengaruh negatif terhadap $\mathcal{R}_0$, maka peningkatan nilainya akan menurunkan nilai $\mathcal{R}_0$. Sebagai contoh, nilai elastisitas $\mathcal{E}_{\mathcal{R}_0}^{\gamma} = 0.1941751213$ berarti bahwa peningkatan sebesar 1% pada nilai γ akan mengakibatkan peningkatan sekitar 0.1941751213% pada $\mathcal{R}_0$. Interpretasi yang sama berlaku untuk parameter-parameter lainnya.

Simulasi *Autonomous*

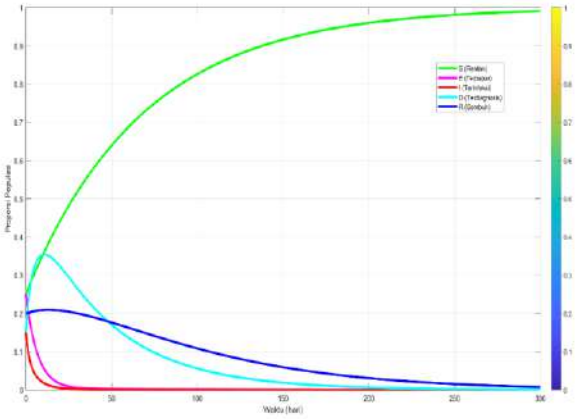
1. Untuk $\mathcal{R}_0 > 1$, berdasarkan nilai parameter pada Tabel 1 didapatkan $\mathcal{R}_0 = 11{,}836$. Simulasi dari model penyebaran TBC dengan nilai awal $S(0) = 0.25, E(0) = 0.25, I(0) = 0.15, D(0) = 0.15, R(0) = 0.20$ untuk nilai $\mathcal{R}_0 = 11{,}836$ dapat dilihat pada grafik berikut.



Gambar 2. Dinamika populasi saat $\mathcal{R}_0 > 1$

Gambar 2 menyajikan dinamika populasi berdasarkan simulasi model penyebaran TBC dengan nilai bilangan reproduksi dasar $\mathcal{R}_0 = 11{,}836 > 1$, yang menunjukkan bahwa penyakit berpotensi menyebar secara luas dalam populasi. Jumlah individu rentan, terpapar, dan terinfeksi menurun seiring berjalannya waktu hingga akhir waktu pengamatan. Sedangkan jumlah individu dirawat pada awal pengamatan meningkat lalu menurun hingga akhir waktu pengamatan. Selanjutnya jumlah individu sembuh meningkat seiring berjalannya waktu hingga akhir pengamatan. Dinamika ini mencerminkan pentingnya intervensi terhadap laju infeksi dan peningkatan efektivitas diagnosis dalam mengendalikan penyebaran TBC.

2. Untuk $\mathcal{R}_0 < 1$, berdasarkan nilai parameter pada Tabel 1 dengan nilai yaitu $\beta_1 = 0.0011$ dan $\beta_2 = 0.0025$ didapatkan $\mathcal{R}_0 = 0.08275069720$. Simulasi dari model penyebaran TBC dengan nilai awal $S(0) = 0.25, E(0) = 0.25, I(0) = 0.15, D(0) = 0.15, R(0) = 0.20$ untuk nilai $\mathcal{R}_0 = 0.08275069720$ dapat dilihat pada grafik berikut.



Gambar 3. Dinamika populasi saat $\mathcal{R}_0 < 1$

Gambar 3 menggambarkan dinamika populasi dalam model penyebaran TBC ketika nilai bilangan reproduksi dasar $\mathcal{R}_0 = 0.08275 < 1$, yang menunjukkan bahwa penyebaran penyakit berada dalam kondisi terkendali dan cenderung menghilang seiring waktu. Sedangkan jumlah individu terpapar dan terinfeksi menurun seiring berjalannya waktu hingga akhir pengamatan. Selanjutnya jumlah individu dirawat dan sembuh pada awal pengamatan meningkat lalu menurun hingga akhir waktu pengamatan. Simulasi ini menegaskan bahwa pengurangan laju infeksi melalui parameter β_1 dan β_2 secara signifikan dapat menurunkan $\mathcal{R}_0$ dan mendorong eliminasi TBC dalam populasi**.**

KESIMPULAN

Penelitian ini membangun model matematika penyebaran Tuberkulosis (TBC) berbasis lima kompartemen rentan, terpapar, terinfeksi, terdiagnosis, dan sembuh, dengan memasukkan dua jalur penularan dari individu terinfeksi dan terdiagnosis. Terdapat dua titik ekuilibrium yang dihasilkan dari model yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan endemik. Analisis kestabilan titik ekulibrium menunjukkan bahwa penyebaran penyakit bergantung pada nilai bilangan reproduksi dasar $\mathcal{R}_0$. Titik ekulibrium bebas penyakit stabil asimtotik jika $\mathcal{R}_0 < 1$, sedangkan titik ekulibrium endemik diberikan melalui simulasi. Berdasarkan simulasi diperoleh bahwa di mana sistem ini mengalami wabah karena $\mathcal{R}_0 > 1$. Analisis sensitivitas didapatkan bahwa parameter $\Lambda, \beta_1, \beta_2, \gamma,$ dan α memiliki pengaruh positif terhadap $\mathcal{R}_0$, sedangkan parameter $\mu, \eta, \sigma_1, \sigma_2$ dan σ_3 memiliki pengaruh negatif terhadap $\mathcal{R}_0$. Hasil simulasi numerik memperkuat temuan ini dengan memperlihatkan bahwa ketika penularan tinggi, jumlah individu terdiagnosis meningkat tajam, sedangkan populasi rentan dan terpapar menurun drastis; sebaliknya, jika penularan ditekan, kasus aktif menurun hingga hilang sepenuhnya. Kesimpulan ini menekankan pentingnya intervensi yang efektif untuk mengurangi penularan dan memperkuat sistem diagnosis dalam rangka mencapai eliminasi TBC di tingkat populasi.

REFERENSI

Annas, S., Isbar P., M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. (2020). Stability Analysis and Numerical Simulation of SEIR Model for Pandemic COVID-19 Spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*. Vol. *139*, 139. https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110072

Bellomo, N., Preziosi, L., & Romano, A. (2002). *Mechanics and Dynamical Systems with Mathematica*. Springer-Science+Business Media, LLC.

Braun, M. (1992). Differential Equation and Their Application-Fourth Edition. In *Springer* (Fourth Edi). Springer Science+Business Media New York.

Chitnis, N., Hyman, J. M., & Cushing, J. M. (2008). Determining Important Parameters in the Spread of Malaria Through the Sensitivity Analysis of a Mathematical Model. *Bulletin of Mathematical Biology*. Vol. *70*(5), 1272–1296. https://doi.org/10.1007/s11538-008-9299-0

Driessche, P. Van Den, & Watmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*. Vol. *180*, 29–48.

Fauzi, I. S., Fakhruddin, M., Nuraini, N., & Wijaya, K. P. (2019). Comparison of Dengue Transmission in Lowland and Highland Area: Case Study in Semarang and Malang, Indonesia. *Communication in Biomathematical Sciences*. Vol. *2*(1), 23–37. https://doi.org/10.5614/cbms.2019.2.1.3

Liu, S., Bi, Y., & Liu, Y. (2020). Modeling and Dynamic Analysis of Tuberculosis

in Mainland China from 1998 to 2017: The Effect of DOTS Strategy and Further Control. *Theoretical Biology and Medical Modelling*. Vol. *17*(1), 1–10. https://doi.org/10.1186/s12976-020-00124-9

Nuraini, N., Fauzi, I. S., Lestari, B. W., & Rizqina, S. (2022). The Impact of COVID-19 Quarantine on Tuberculosis and Diabetes Mellitus Cases: A Modelling Study. *Tropical Medicine and Infectious Disease*. Vol. *7*(12). https://doi.org/10.3390/tropicalmed7120407

Perko, L. (2001). *Equations and Dynamical Systems* (Third Edit). Springer-Verlag, New York. Inc.

Presiden Republik Indonesia. (2021). Peraturan Presiden Nomor 67 tahun 2021 tentang Penanggulangan Tuberkulosis. *Kementerian Kesehatan RI.* Vol. *67*(069394), 107.

Saleng, R. A. S., Nuha, A. R., Yahya, L., & Resmawan, R. (2022). Analisis Dinamik Model Matematika Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan Pengaruh Vaksin dan Pengobatan di Provinsi Gorontalo. *Equator: Journal of Mathematical and Statistical Sciences*. Vol. *1*(1), 18. https://doi.org/10.26418/ejmss.v1i1.59111

Tewa, J. J., Bowong, S., & Mewoli, B. (2012). Mathematical Analysis of Two-patch Model for the Dynamical Transmission of Tuberculosis. *Applied Mathematical Modelling*. Vol. *36*(6), 2466–2485. https://doi.org/10.1016/j.apm.2011.09.004

Wikurendra, E. A. (2019). Literatur Review : Faktor Faktor yang Mempengaruhi Kejadian Tuberkulosis Paru dan Penanggulangannya. *Ilmu Kesehatan Masyarakat*. Vol. *2*(1), 1–12.

Zahwa, N., Nabilla, U., & Nurviana, N. (2022). Model Matematika Sitr pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis di Provinsi Aceh. *Jurnal Pendidikan Matematika Dan Sains*. Vol. *10*(1), 8–14. https://doi.org/10.21831/jpms.v10i1.50683