

ANALISIS ESTIMASI REPRODUKSI DASAR MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN PENYAKIT TUBERKULOSIS DI BIMA, INDONESIA

Ariyanto¹, Rapmaida M. Pangaribuan², Zakarias S. Ngara³ dan Keristina Br Ginting⁴

^{1,2,4}Program Studi Matematika, FST Universitas Nusa Cendana,

Jl. Adisucipto Penfui Kupang, Indonesia

³Program Studi Fisika, FST Universitas Nusa Cendana, Jl. Adisucipto Penfui Kupang, Indonesia

¹Email: aryanto@staf.undana.ac.id

²Email: pangaribuan_rapmaida@staf.undana.ac.id

³Email: zakariasngara@staf.undana.ac.id

⁴Email: keristina_ginting@staf.undana.ac.id

ABSTRAK

Penyebaran *corona virus disease 19* (covid-19) menjadi ancaman bagi transmisi penyakit yang berkaitan dengan paru termasuk *tuberculosis* (TB). TB merupakan salah satu permasalahan utama yang sampai saat ini masih dengan mudah ditemukan diberbagai wilayah termasuk Kabupaten Bima Nusa Tenggara Barat (NTB). Untuk mengetahui dinamika penyebaran dan strategi penyelesaiannya, maka diperlukan penelitian dari berbagai aspek termasuk aspek matematika. Salah satu indikator penting dalam matematika epidemiologi adalah rasio reproduksi dasar. Oleh karena itu, penelitian ini dilakukan untuk mengetahui nilai estimasi bilangan reproduksi dasar, dan relasi antara laju kesembuhan penyakit dan nilai reproduksi dasar menggunakan model matematika untuk dinamika penyebaran penyakit tuberkulosis TB di Kabupaten Bima. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode *early-take off-rate*, yakni mengestimasi pertumbuhan awal populasi terinfeksi. Kabupaten Bima termasuk kategori darurat penyakit TB karena dari Januari 2020 hingga Mei 2022 ditemukan 1.245 total kasus baru orang terinfeksi, dan kejadian pandemi covid-19 lebih kurang dua tahun terakhir telah memberi andil pada penurunan temuan kasus penyakit TB di Kabupaten Bima. Berdasarkan hasil analisis data penelitian, penyebaran penyakit TB di Kabupaten Bima termasuk dalam kategori endemik dengan indikator nilai \mathcal{R}_0 berada pada rentang antara 2 dan 3. Penyebaran penyakit TB di Kabupaten Bima akan hilang dari populasi bila nilai laju transmisi penyakit berada di bawah angka 0,168 dengan laju kesembuhan semakin besar (atau masa pengobatan semakin singkat).

Kata kunci: model matematika, bilangan reproduksi, penyakit TB, laju kesembuhan

ABSTRACT

The spread of covid-19 poses a threat to the transmission of diseases related to the lungs, including TB. TB is one of the main problems that is still easily found in various areas, including Bima Regency, NTB. To find out the dynamics of the distribution and the strategy to solve it, it is necessary to conduct research from various aspects, including the mathematical aspect. One of the important indicators in mathematical epidemiology is the basic reproduction ratio. Therefore, this study was conducted to determine the estimated value of the basic reproduction number, and the relationship between the rate of cure of the disease and the basic reproduction value using a mathematical model for the dynamics of the spread of TB tuberculosis in Bima Regency. The method used in this study is the early-take off-rate method, which is estimating the initial growth of the infected population. Bima Regency is included in the TB disease emergency category because from January 2020 to May 2022, 1,245 new cases of infected people were found, and the occurrence of the covid-19 pandemic in the last two years has contributed to a decrease in TB disease cases in Bima Regency. Based on the results of research data analysis, the spread of TB disease in Bima Regency is included in the endemic category with the indicator value of \mathcal{R}_0 being in the range between 2 and 3. The spread of TB disease in Bima Regency will disappear from the population if the value of the disease transmission rate is below 0.168 with the healing rate is greater (or the treatment period is shorter).

Keywords: mathematical model, reproduction number, TB disease, recovery rate.

1. PENDAHULUAN

Bakteri *Mybacterium tuberculosis* yang berada di paru-paru menjadi penyebab utama penyakit menular tuberkulosis (TB). Bakteri tersebut menginfeksi manusia ke manusia lain melalui *droplet* yang dilepaskan di udara. Berdasarkan data Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (Kemenkes RI) tahun 2020 tercatat ada sekitar 351.936 temuan kasus TB di Indonesia di mana penderitanya rata-rata masih berusia produktif (15 – 64 tahun) [1]. Kemenkes RI tahun 2022 merilis data terbaru bahwa Indonesia berada pada urutan ketiga setelah India dan Cina untuk penyebaran penyakit TB tertinggi di dunia dengan estimasi temuan kasus sebesar 824 ribu, dan baru 49% berhasil dilacak sekaligus diobati dan sisanya terdapat sekitar 500 ribuan belum diobati sehingga berpotensi untuk menularkan TB ke orang lain yang sehat [2]. Dalam rentang waktu dari Januari 2020 hingga Mei 2022 ditemukan 1.245 total kasus TB di Kabupaten Bima. Kabupaten Bima termasuk kategori darurat TB. Pandemi covid-19 lebih kurang dua tahun terakhir telah memberi dampak cukup signifikan pada temuan penurunan kasus TB di Kabupaten Bima karena seluruh sumber daya manusia (SDM) tenaga kesehatan lebih fokus pada penanggulangan penyebaran covid tersebut sehingga kasus TB lebih banyak belum ditemukan dibandingkan dengan dilaporkan [3].

Penelitian mengenai penyebaran penyakit TB dengan model matematika telah dilakukan oleh beberapa peneliti sebelumnya. Faris Alfian, dkk tahun 2021 telah melakukan penelitian tentang model matematika penyebaran TB berdasarkan model SEITR yang analisis dititik beratkan pada kestabilan model dan mencari nilai bilangan reproduksi dasar [4]. Fatima Sulayman dkk (2021) memperluas kajian model dinamika penyebaran TB menjadi bentuk *Susceptible-Vaccine-Exposed-Infected-Recovered- Exposed* (SVEIRE) di mana ia memeriksa dampak vaksin tidak sempurna dalam modelnya dan faktor lain seperti infeksi ulang antara individu lagi diobati dan infeksi ulang eksogen [5]. Anita Puspitasari dkk (2019) menggunakan model *Susceptible-Treatment-Infected-Recovered* (SITR) penularan TB untuk melakukan kontrol optimal terhadap terapi dan vaksinasi [6]. Rahmat Syam dkk (2016) membangun model penularan TB dengan menambah asumsi bahwa orang yang telah pulih akan rentan kembali terinfeksi TB [7]. Handika.L.Saputra dkk (2020) membahas kestabilan model penyebaran TB dengan laju infeksi tersaturasi dan efek pengobatannya [8]. Selanjutnya, fokus penelitian ini adalah membangun model matematika sederhana penyebaran TB yang realistik dengan kondisi lapangan dan melakukan analisis estimasi parameter berdasarkan data lapangan.

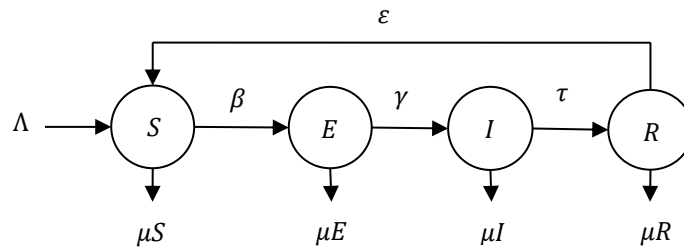
Salah satu metode yang efektif dan valid untuk memahami dinamika penyebaran penyakit dalam suatu populasi adalah model matematika [9]. Parameter yang penting dalam mengkaji dan menganalisis dinamika penyebaran penyakit adalah bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0), dan \mathcal{R}_0 merupakan ambang batas dalam menentukan keendemikan penyakit di suatu wilayah [6], [9]–[11]. Dalam artikel ini nilai \mathcal{R}_0 diestimasi berdasarkan data real yang tersedia di lapangan dengan menggunakan metode estimasi merujuk pada tulisan [7], [8], [12]–[16]. Kabupaten Bima termasuk daerah endemik TB, oleh karena itu perlu dikaji lebih kritis penyebaran TB di Kabupaten Bima dengan menggunakan model matematika guna memperoleh informasi yang baik dan benar bagi pengambil kebijakan dalam menangani penyakit TB. Artikel ini bertujuan untuk mengetahui kisaran nilai estimasi \mathcal{R}_0 dan mengetahui relasi antara laju kesembuhan penyakit dengan nilai \mathcal{R}_0 .

2. MATERI DAN METODE

Formulasi Model Matematika

Model matematika menjadi rujukan pada tulisan ini merupakan model standar yang sudah ada diberbagai literatur. Model matematika kami formulasi berdasarkan referensi [6], [7], [17]. Keorisinilan tulisan ini ada pada analisis perhitungan nilai reproduksi dasar penyakit TB bersumber dari data real tersedia di lapangan. Begitu juga parameter lain (τ dan γ) diperoleh dari lokasi penelitian dan bukan merupakan hasil estimasi teoritis dan hipotetik. Model matematika kami bagi menjadi empat sub populasi yaitu *susceptible* (*S*) merupakan orang sehat yang rentan terhadap penyakit TB, *exposed* (*E*) yakni orang yang sudah memiliki kuman bakteri TB di tubuh tetapi belum menjadi TB aktif, *infected* (*I*) yaitu orang telah mejadi penderita TB aktif dan bisa menularkan TB ke orang lain, dan *recovered* (*R*) adalah orang telah sembuh dari penyakit TB karena perawatan yang baik dan benar. Diagram transmisi penyakit model TB disajikan seperti pada gambar 1.

Berdasarkan skema gambar 1 maka model matematika penyebaran penyakit TB di Kabupaten Bima diberikan dalam sistem persamaan diferensial non-linear pada persamaan 1.



Gambar 1. Skema transmisi model matematika penyakit TB

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \Lambda - \frac{\beta SI}{N} - \mu S + \epsilon R \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma E - \mu E - \frac{\beta EI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta EI}{N} + \gamma E - \tau I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \tau I - \mu R - \epsilon R \end{aligned} \dots\dots\dots(1)$$

dengan:

- β : Laju transmisi penyakit TB
- γ : Laju perpindahan E ke I
- τ : Laju kesembuhan penyakit TB
- μ : Laju kematian alamiah manusia
- ϵ : Laju kematian alamiah manusia

Model persamaan 1 memiliki titik tetap bebas penyakit yakni

$$E_0 = (N, 0, 0, 0) \dots\dots\dots(2)$$

Mencari Formula Bilangan Reproduksi Dasar

Matriks generasi berikut berdasarkan kelas terinfeksi diperoleh dari persamaan 1 sehingga persamaan diferensial akan digunakan adalah:

$$\begin{aligned} \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma E - \mu E - \frac{\beta EI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta EI}{N} + \gamma E - \tau I - \mu I \end{aligned} \dots\dots\dots(3)$$

Dari persamaan 3 maka diperoleh matriks transmisi T dan Σ masing-masing disajikan sebagai berikut:

$$T = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta S}{N} \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \Sigma = \begin{bmatrix} \gamma + \mu & 0 \\ \gamma & -\tau - \mu \end{bmatrix} \dots\dots\dots(4)$$

Substitusi persamaan 2 ke persamaan 4 maka diperoleh

$$T = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ dan } \Sigma = \begin{bmatrix} \gamma + \mu & 0 \\ \gamma & -\tau - \mu \end{bmatrix} \dots\dots\dots(5)$$

Selanjutnya, dicari invers dari Σ kemudian dikalikan dengan T sehingga diperoleh the next generation matrix sebagai berikut:

$$NGM = \begin{bmatrix} \frac{\beta \gamma}{(\tau + \mu)(\gamma + \mu)} & -\frac{\beta}{(\tau + \mu)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \dots\dots\dots(6)$$

Dari persamaan 6 dicari nilai Eigen terbesar sebagai kandidat \mathcal{R}_0 sehingga nilai bilangan reproduksi dasar adalah:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta \gamma}{(\tau + \mu)(\gamma + \mu)} \dots\dots\dots(7)$$

Formulasi Estimasi Bilangan Reproduksi Dasar

Penurunan rumus \mathcal{R}_0 dalam tulisan ini dengan asumsi bahwa pertumbuhan awal manusia terinfeksi tumbuh secara eksponensial yakni:

$$\begin{aligned} E(t) &= E_0 e^{\lambda t} \\ I(t) &= I_0 e^{\lambda t} \end{aligned} \dots\dots\dots(8)$$

di mana E_0, I_0 konstan dan λ take-off rate pada kenaikan awal infeksi.

Pada kondisi awal = N , dan lakukan derivatif terhadap persamaan 8 kemudian substitusi ke persamaan 3 maka diperoleh masing-masing dua persamaan berikut ini:

$$\frac{E_0}{I_0} = \frac{\beta}{(\lambda + \gamma + \mu)} \dots\dots\dots(9)$$

$$\frac{E_0}{I_0} = \frac{(\lambda + \tau + \mu)}{\gamma} \dots\dots\dots(10)$$

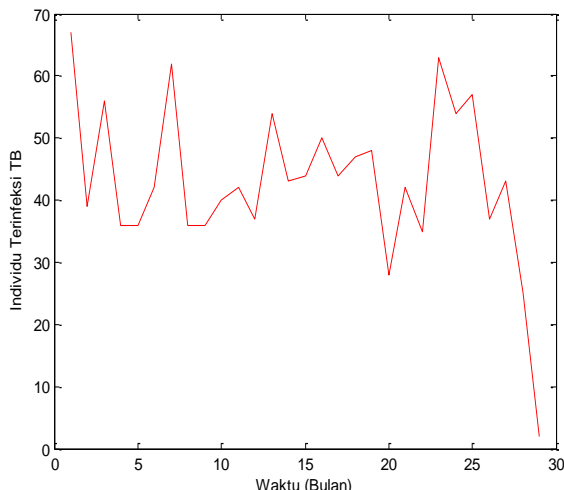
Dari persamaan 9 dan 10 maka diperoleh nilai estimasi bilangan reproduksi dasar sebagai berikut:

$$\mathcal{R}_{0_{\text{estimasi}}} = \left(1 + \frac{\lambda}{\tau + \mu}\right) \left(1 + \frac{\lambda}{\gamma + \mu}\right) \dots\dots\dots(11)$$

Menurut Ndi [9] interpretasi nilai \mathcal{R}_0 ada tiga kemungkinan yaitu: (i) bila $\mathcal{R}_0 < 1$ maka penyakit akan menghilang dari populasi, $\mathcal{R}_0 = 1$ maka penyakit akan menetap, dan jika $\mathcal{R}_0 > 1$ maka penyakit terus meningkat menjadi wabah.

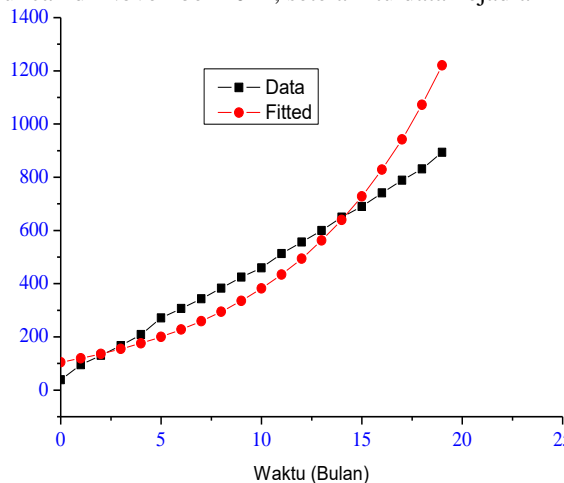
3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Data kasus kejadian TB di Kabupaten Bima dari Januari 2020 hingga Mei 2022 disajikan dalam gambar 2.



Gambar 2. Data kasus TB di Kabupaten Bima dari Januari 2020 sampai Mei 2022.

Berdasarkan plot data seperti pada gambar 2 maka diambil *jumlah kumulatif manusia* terinfeksi dari bulan Februari 2020 hingga November 2021 karena pada rentang waktu tersebut data cenderung naik (walau terjadi fluktuatif) hingga puncak di November 2021, setelah itu data kejadian TB turun monoton.



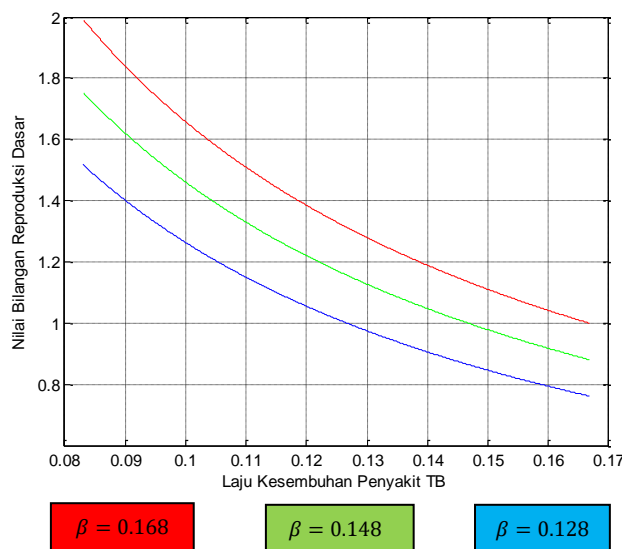
Gambar 3. Data Kumulatif manusia terinfeksi vs *data fitting*

Dari hasil analisis data kumulatif manusia terinfeksi TB di Kabupaten Bima diperoleh *fitting* kurva warna merah pada gambar 3 dengan nilai *take-off rate* sebesar $\lambda = 0,1291$. Berdasarkan data lapangan dari Dinas Kesehatan (Dinkes) Kabupaten Bima diperoleh nilai γ berada pada selang $[0.5 \ 0.6667]$ dan nilai τ terletak pada interval $[0.083 \ 0.1667]$. Menggunakan persamaan 7 dan 9 maka diperoleh nilai estimasi \mathcal{R}_0 dan laju transmisi penyakit TB kabupaten Bima dengan masing-masing angka perhitungan ditampilkan dalam tabel 1.

Dari tabel 1 terlihat nilai bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) berkisar antara 2 dan 3, ini memberi gambaran bahwa penyebaran TB di Kabupaten Bima termasuk kategorik endemik, dan nilai laju transmisi penyakit bervariasi bergantung pada parameter τ dan γ . Selanjutnya, berdasarkan referensi nilai parameter β pada tabel 1 akan dilakukan simulasi numerik seperti pada gambar 4.

Tabel 1. Estimasi nilai \mathcal{R}_0 dan β

τ	γ	\mathcal{R}_0	β
0,083	0,5	3,184492419	0,268975407
0,083	0,6	3,076018488	0,259705006
0,083	0,6667	3,02172318	0,25506772
0,1	0,5	2,860966761	0,290407409
0,1	0,6	2,763513142	0,280398341
0,1	0,6667	2,714733917	0,275391555
0,1667	0,5	2,2241958	0,374496499
0,1667	0,6	2,148432623	0,36158925
0,1667	0,667	2,110356822	0,355106598



Gambar 4. Laju Kesembuhan Penyakit TB vs Nilai Bilangan Reproduksi Dasar

Berdasarkan simulasi numerik gambar 4 maka dapat diuraikan hal-hal sebagai berikut: (i) bila $\beta = 0,168$ maka nilai \mathcal{R}_0 lebih besar dari satu (masih terjadi endemik) tetapi nilai \mathcal{R}_0 cenderung turun monoton untuk nilai laju kesembuhan semakin besar, dan untuk nilai $\tau = 0,1667$ (masa pengobatan selama 6 bulan) maka nilai \mathcal{R}_0 sudah hampir mendekati satu, (ii) bila $\beta = 0,148$ maka nilai \mathcal{R}_0 lebih besar satu (terjadi endemik) untuk nilai laju kesembuhan berada pada interval $0,083 - 0,1467$, dan nilai \mathcal{R}_0 kurang dari satu (penyakit TB akan hilang dari populasi) bila laju kesembuhan lebih besar dari $0,1468$ (masa pengobatan kurang dari 7 bulan), (iii) bila $\beta = 0,128$ maka nilai \mathcal{R}_0 lebih besar satu (terjadi endemik) bila laju kesembuhan berada pada selang $0,083 - 0,1267$, dan nilai \mathcal{R}_0 kurang dari satu (penyakit TB akan hilang dari populasi) bila laju kesembuhan lebih besar dari $0,1268$ (masa pengobatan kurang dari 8 bulan).

4. KESIMPULAN DAN SARAN

Hasil pembahasan penelitian ini memberi gambaran bahwa penyebaran penyakit TB di Kabupaten Bima termasuk kategori endemik dengan indikator nilai \mathcal{R}_0 berada pada rentang 2 dan 3. Penyebaran penyakit TB di Kabupaten Bima akan hilang dari populasi bila nilai β (laju transmisi penyakit) berada dibawah angka $0,168$ dengan laju kesembuhan semakin besar (atau masa pengobatan semakin singkat).

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiayai oleh dana penelitian dari Fakultas Sains dan Teknik Universitas Nusa Candana Tahun 2022

DAFTAR PUSTAKA

- [1] “Tuberkulosis (TBC), Kenali Gejala, Penyebab dan Cara Penularan.” <https://www.mitrakeluarga.com/artikel/artikel-kesehatan/tuberkulosis> (accessed July 20220),” p. 20220.
- [2] “Tahun ini, Kemenkes Rencanakan Skrining TBC Besar-besaran.”

- <https://sehatnegeriku.kemkes.go.id/baca/rilis-media/20220322/4239560>.
- [3] “Kasus Terinfeksi TBC Tahun 2020-2022.” Data Dinas Kesehatan Kabupaten Bima, Tahun 2022.”
 - [4] A. Alfian, F. Resmi, and N. A. . Dewi, “Basic Reproduction Number Of Tuberculosis spread Model in Lamongan With DOTS strategy,” *J. Teor. dan Apl. si Mat.*, vol. 5, no. 1, p. 31764, 2021.
 - [5] F. Sulayman, F. A. . Abdullah, and M. H. Mohd, “An SVEIRE Model of Tuberculosis to Assess the Effect of an Imperfect Vaccine and Other Exogenous Factors,” *J. Math.*, vol. 9, no. 4, p. 9040327, 2021.
 - [6] A. Puspitasari, Kamiran, and N. Asiyah, “Analisis Kestabilan dan Kontrol Optimal Model Penyebaran Tuberkulosis (TB) dengan terapi dan Vaksinisasi Menggunakan Metode Runge Kutta,” *J. Sains dan Seni ITS*, vol. 8, no. 2, p. 23373520, 2019.
 - [7] R. Syam, S. Syafruddin, and C. S. Said, “Model SEIRS Penyebaran Penyakit Tuberkulosis di Kota Makassar,” *JMathCos*, vol. 3, no. 1, p. 35580, 2022.
 - [8] H. L. Saputra, Sutimin, and Sutrisno, “Analisis Kestabilan Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan laju infeksi Tersaturasi,” *J. Mat. Thales*, vol. 2, no. 1, p. 51490, 2020.
 - [9] M. Z. Ndi, “Pemodelan Matematika Dinamika Populasi dan Penyebaran Penyakit: Teori, Aplikasi dan Numerik,” *Deepublish*, p. 68, 2018.
 - [10] G. Chowell and E. Al, “Estimation of the reproduction number of dengue fever from spatial epidemic data,” *Math. Biosci.*, vol. 208, no. 2, pp. 571–589, 2007.
 - [11] R. Hurint, M. Lobo, and M. Z. Ndi, “Analisis Sensitivitas Model Epidemi SEIR,” *Natural Science;,” J. Sci. Technol.*, vol. 6, no. 1, p. 206131, 2017.
 - [12] Jafaruddin, S. . Indratno, N. Nuraini, A. K. Supriatna, and E. Soewono, “Estimation of the Basic Reproductive Ratio For Dengue Fever at The Take-Off Period of Dengue Infection,” *Comput.Math.Methods*, vol. 151, p. 206131, 2015.
 - [13] Ariyanto, G. L. Putra, and M. Z. Ndi, ““Estimation Of The Basic Reproductive Number Of The Distribution Of Dengue Fever In The City Of Bima,” *J. Komput. dan Inform.*, vol. 9, no. 2, pp. 171–181, 2021.
 - [14] E. M. Banni, M. A. Kleden, M. Lobo, and M. Z. Ndi, ““Estimasi Reproduction Number Model Matematika Penyebaran Malaria di Sumba Tengah,Indonesia,” *JJBM*, vol. 2, no. 1, pp. 13–19, 2021.
 - [15] A. K. Supriatna, “Estimating the basic reproduction number of dengue transmission during 2002-2007 outbreaks in Bandung, Indonesia,” vol. 2, pp. 1–8, 2009.
 - [16] M. Z. Ndi, N. Angrini, J. Messakh, and B. S. Djahi, “Estimating the reproduction number and designing the integrated strategies against dengue,” *Results Phys*, vol. 27, no. 2, p. 104473, 2021.
 - [17] A. Faruk, “Model Epidemik Tuberkulosis SEIR Dengan Terapi Pada Individu Terinfeksi,” *JPS*, vol. 18, no. 3, pp. 390–392, 2016.