

SIMULASI MODEL DTMC SEIR PADA PENYAKIT TUBERKULOSIS DENGAN KASUS KAMBUH DI INDONESIA

Embun Zahra Nirmala^{1*}, Respatiwan¹, Yuliana Susanti¹

¹Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,
Universitas Sebelas Maret

*nirmalaembun@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Penybaran penyakit dapat dimodelkan dengan pemodelan matematika yang disebut model epidemi. Salah satu model epidemi adalah model epidemi *susceptible infected recovered* (SIR), model ini digunakan untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit menular dengan membagi populasi menjadi tiga kelompok: rentan (*susceptible*), terinfeksi (*infected*), dan sembuh (*recovered*). Pada penyakit tuberkulosis bakteri penyebabnya dapat berada dalam fase dorman, sehingga model ini dikembangkan menjadi model *susceptible exposed infected recovered* (SEIR) dengan menambahkan kelompok individu yang terpapar (*exposed*). Selain itu, kemungkinan kambuh pada pasien yang telah sembuh mengharuskan penambahan parameter laju kekambuhan, sehingga terbentuk model SEIR dengan kasus kambuh. Jika perubahan jumlah individu dalam model ditinjau dalam waktu diskrit dan mengikuti proses Markov, model ini digambarkan sebagai *Discrete Time Markov Chain* (DTMC). Model DTMC SEIR dengan kasus kambuh dikembangkan melalui penentuan asumsi, variabel acak, parameter, serta probabilitas transisi. Model ini disimulasikan dengan menentukan parameter awal dan jumlah individu pada setiap kelompok untuk memprediksi penyebaran penyakit tuberkulosis dengan kasus kambuh. Berdasarkan hasil simulasi, meningkatkan laju kesembuhan dan menurunkan laju kambuh dapat mempercepat pemulihan dan mengurangi jumlah individu terinfeksi. Sebaliknya, menekan laju kontak dapat mengurangi persebaran penyakit, sehingga kombinasi ketiganya mempercepat berakhirnya epidemi.

Kata kunci: Model Epidemi; DTMC SEIR; Tuberkulosis

ABSTRACT

The spread of disease can be modelled using mathematical modelling called an epidemic model. One epidemic model is the susceptible infected recovered (SIR) epidemic model, this model is used to describe the pattern of spread of infectious diseases by dividing the population into three groups: susceptible, infected, and recovered. In tuberculosis, the bacteria that cause it can be in a dormant phase, so this model was developed into a susceptible exposed infected recovered (SEIR) model by adding a group of exposed individuals. In addition, the possibility of relapse in patients who have recovered requires adding a recurrence rate parameter, thus forming a SEIR model with relapse cases. If changes in the number of individuals in the model are considered in discrete time and follow a Markov process, this model is described as a Discrete Time Markov Chain (DTMC). The DTMC SEIR model with relapse cases was developed by determining assumptions, random variables, parameters, and transition probabilities. This model is simulated by determining initial parameters and the number of individuals in each group to predict the spread of tuberculosis with relapse cases. Based on the simulation results, increasing the recovery rate (γ) and reducing the relapse rate (α) can accelerate recovery and reduce the number of infected individuals. Conversely, reducing the contact rate (β) can limit disease transmission, making the combination these three factors effective in expediting the end of an epidemic.

Key words: Epidemic Model; DTMC SEIR; Tuberculosis

PENDAHULUAN

Kesehatan merupakan aspek penting dalam kehidupan manusia, yang menurut Undang-Undang No 23 Tahun 1992 didefinisikan sebagai keadaan sejahtera dari fisik, mental, dan sosial yang memungkinkan setiap individu untuk hidup produktif secara sosial dan ekonomi. Kondisi kesehatan manusia dapat terganggu karena infeksi penyakit. Proses terjadinya penyakit melibatkan interaksi

antara agen penyakit, manusia, dan lingkungan sekitar (Darmawan, 2016). Penyakit berdasarkan sifat penularannya dibedakan menjadi dua kategori, yaitu penyakit menular dan penyakit tidak menular. Penyakit menular terjadi akibat transmisi agen infeksi dari satu individu ke individu lain yang rentan (*susceptible host*) (Irwan, 2017). Contoh penyakit menular adalah campak, malaria, influenza, tuberkulosis, Demam Berdarah Dengue (DBD), dan rubella. Penyakit-penyakit ini dapat disebabkan oleh bakteri, virus, protozoa, atau agen biologi lainnya.

Tuberkulosis merupakan salah satu penyakit menular yang disebabkan oleh *Mycobacterium tuberculosis*. Penyebaran penyakit ini umumnya terjadi melalui saluran pernapasan, saluran pencernaan, atau luka terbuka pada kulit, dengan droplet dari penderita yang terhirup, menyebabkan bakteri berkembang biak di paru-paru dan menyebar ke seluruh tubuh melalui pembuluh darah atau kelenjar getah bening (Sari dkk., 2022). Penyakit tuberkulosis dapat memicu epidemi, yang didefinisikan sebagai peningkatan jumlah kasus penyakit dalam sekelompok orang pada waktu dan tempat yang sama, di luar keadaan yang biasa (Irwan, 2017). Pada tahun 2022, tuberkulosis menduduki peringkat kedua sebagai penyebab kematian tertinggi akibat infeksi di dunia, dengan 7,5 juta kasus baru yang dilaporkan, angka tertinggi sejak pemantauan penyakit dimulai pada 1995. Indonesia merupakan salah satu negara dengan kontribusi besar, menyumbang 10% dari total kasus global (*Global Tuberculosis Report*, 2023).

Hethcote (2000) melakukan penelitian mengenai penyebaran penyakit menular pada suatu populasi dan dianalisis secara matematis. Kermack & Mckendrick pada tahun 1927 mengusulkan model *susceptible infected recovered* (SIR). Pada model ini populasi dibagi menjadi 3 kelompok, *susceptible* (S) yaitu populasi yang sehat namun rentan terhadap penyakit, *infected* (I) yaitu jumlah individu yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit, dan *recovered* (R) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit (Putri dkk., 2023). Tidak semua individu *susceptible* langsung berpindah ke kelompok individu *infected*, dalam proses penyebaran penyakit terdapat beberapa individu *susceptible* yang terinfeksi sebelum menjadi individu *infected* mengalami masa inkubasi (*exposed*). Sehingga penyebaran penyakit dapat dimodelkan dalam model epidemi *susceptible exposed infected recovered* (SEIR). Model SEIR lebih tepat digunakan dalam kasus penyakit seperti tuberkulosis yang memiliki masa inkubasi. Saputro dkk. (2020) telah melakukan penelitian menggunakan model *Discrete Time Markov Chain* (DTMC) SEIR untuk menyimulasikan penyebaran tuberkulosis dengan interval waktu diskrit.

Tuberkulosis memiliki kemungkinan kambuh pada pasien yang sudah dinyatakan sembuh, terutama jika pasien tidak teratur dalam mengonsumsi obat, yang menyebabkan bakteri yang masih ada dalam tubuh hanya melemah, tetapi tidak hilang sepenuhnya (Widyaningsih *et al.*, 2018). Ristanti (2023) melakukan penelitian ada tidaknya pengaruh vaksinasi, namun penelitian tersebut memberikan hasil bahwa meskipun vaksinasi telah dilakukan, perlindungannya tidak sepenuhnya efektif dan individu yang sembuh tetap dapat menjadi rentan terhadap infeksi ulang. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan model epidemi DTMC SEIR yang mencakup kasus kambuh pada penyebaran penyakit tuberkulosis, dengan harapan dapat memberikan wawasan lebih dalam mengenai pola penyebaran dan strategi pengendaliannya.

METODE PENELITIAN

Pada penelitian ini metode yang digunakan adalah studi literatur yaitu dengan mempelajari teori dari karya ilmiah maupun referensi lain yang relevan untuk memperkuat landasan teori agar dapat membangun dan menyimulasikan model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh. Pada penelitian

ini akan dilakukan penurunan ulang model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh yang kemudian diterapkan pada pola penyebaran penyakit tuberkulosis. Berikut merupakan langkah-langkah untuk menerapkan model DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit tuberkulosis dengan kasus kambuh :

1. Melakukan penurunan ulang model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh, dengan langkah-langkah sebagai berikut :
 - a. Menentukan asumsi, variabel random, dan parameter model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh,
 - b. Menentukan probabilitas transisi model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh.
2. Mensimulasikan model epidemi DTMC SEIR pada penyakit tuberkulosis dengan kasus kambuh, dengan langkah-langkah sebagai berikut :
 - a. Menghitung nilai estimasi parameter laju kontak dan laju kesembuhan yang merujuk pada data Laporan Program Penanggulangan Tuberkulosis Tahun 2022, laju infeksi yang merujuk pada pedoman yang diterbitkan Kemenkes RI Dirjen P2PP tahun 2016, serta laju kekambuhan pada penyakit tuberkulosis yang merujuk pada data penelitian Widyaningsih et al. (2019),
 - b. Menentukan nilai awal masing-masing kelompok individu, nilai awal $S(0)$, $E(0)$, $I(0)$, dan $R(0)$,
 - c. Membangkitkan data random dengan distribusi *uniform* untuk menentukan jumlah individu *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovered* pada waktu t berdasarkan model yang telah diperoleh dengan menggunakan nilai parameter dan nilai awal masing-masing kelompok individu yang tertera pada langkah (a) dan (b),
 - d. Membuat plot dari simulasi model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh pada penyakit tuberkulosis
 - e. Memberikan interpretasi hasil simulasi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Epidemi DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh

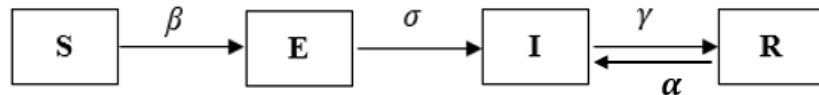
Tuberkulosis (TB) merupakan penyakit menular langsung yang disebabkan oleh infeksi bakteri *Mycobacterium tuberculosis*. Penularan tuberkulosis terjadi karena penderita positif BTA menyebarkan kuman melalui percikan dahak. Individu yang terinfeksi TBC mengalami masa inkubasi, yaitu ketika ia sudah terpapar bakteri TBC namun belum menunjukkan gejala atau menularkan penyakitnya ke orang lain. Oleh karena itu, untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit tuberkulosis, model matematika yang tepat adalah model SEIR.

Penderita TBC yang sudah dinyatakan sembuh bisa saja mengalami kekambuhan, karena bakteri TBC tidak hilang seluruhnya dari dalam tubuh, melainkan hanya melemah dan dapat aktif kembali. Oleh karena itu, dalam model epidemi ini perlu memperhitungkan laju kekambuhan sehingga terbentuk model epidemi SEIR dengan kasus kekambuhan. Model SEIR dengan kasus kambuh diturunkan kembali berdasarkan asumsi berikut:

- i. Penyebaran penyakit terjadi pada populasi konstan dan tertutup sehingga tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi tersebut,
- ii. Populasi homogen yang berarti setiap individu memiliki probabilitas yang sama untuk terinfeksi maupun sembuh dari penyakit,
- iii. Hanya terdapat satu penyakit yang menyebar dalam populasi,
- iv. Laju kelahiran dan kematian diabaikan,

- v. Memperhatikan masa inkubasi,
- vi. Individu yang telah dinyatakan sembuh dapat kambuh kembali.

Penyebaran penyakit terjadi apabila terdapat perpindahan individu dari kelompok *susceptible* (S) ke *exposed* (E) dengan laju kontak sebesar β , dari kelompok *exposed* (E) ke *infected* (I) dengan laju infeksi sebesar σ , dan dari kelompok *infected* (I) ke *recovered* (R) dengan laju sembuh γ . Namun, pada penyakit tertentu seperti tuberkulosis kelompok individu *recovered* dapat terinfeksi kembali dengan laju kambuh sebesar α . Skema model SEIR dengan kasus kambuh dinyatakan dalam Gambar 1.



Gambar 1. Skema Model SEIR dengan Kasus Kambuh

Jumlah individu pada waktu t dinyatakan sebagai $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Model epidemi DTMC SEIR dengan populasi konstan sejumlah N , dapat dinyatakan dalam tiga variabel random independen yaitu $S(t)$, $E(t)$ dan $I(t)$, sedangkan $R(t) = N - S(t) - E(t) - I(t)$. Jika banyaknya individu $S(t) = s$, $E(t) = e$, dan $I(t) = i$, dengan s , e , dan i adalah *state*, maka diperoleh fungsi probabilitas bersama model epidemi DTMC SEIR yang ditunjukkan pada persamaan berikut.

$$p_{(s,e,i)}(t) = P\{S(t) = s, E(t) = e, I(t) = i\}$$

dengan $s, e, i = 0, 1, 2, \dots, N$ dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Perubahan jumlah individu pada interval waktu Δt dapat dinyatakan dalam probabilitas transisi. Jika besar perubahan jumlah individu *susceptible* pada interval waktu Δt adalah l , kemudian besarnya perubahan jumlah individu *exposed* pada selang waktu Δt adalah m , dan perubahan jumlah individu *infected* pada selang waktu Δt adalah n , dengan l , m , dan n adalah *state*. Probabilitas transisi s menuju $s + l$, e menuju $e + m$, dan i menuju $i + n$ dalam interval waktu Δt dinyatakan pada persamaan berikut.

$$P_{(s+l,e+m,i+n),(s,e,i)}(\Delta t) = P\{(S(t + \Delta t) = s + l, E(t + \Delta t) = e + m, I(t + \Delta t) = i + n) | (S(t) = s, E(t) = e, I(t) = i)\}$$

Proses transisi pada model DTMC SEIR terjadi pada selang waktu yang sangat kecil sehingga dimungkinkan hanya ada satu individu yang bertransisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s + l, e + m, i + n)$. Oleh sebab itu, terdapat lima kemungkinan transisi yang terjadi, yaitu dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s - 1, e + 1, i)$, dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e - 1, i + 1)$, dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e, i - 1)$, dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e, i + 1)$, dan dari *state* (s, e, i) ke *state* (s, e, i) .

Pada saat terjadi transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s - 1, e + 1, i)$, individu berpindah dari kelompok *susceptible* ke kelompok *exposed*. Perpindahan ini terjadi karena adanya penularan penyakit dari kelompok *infected* ke kelompok *susceptible*. Apabila terdapat i individu yang terinfeksi pada kelompok I maka kemungkinan $\frac{i}{N}$ individu melakukan kontak dengan individu kelompok S . Jika laju

kontak dinyatakan sebagai β , maka probabilitas berpindahnya individu dari state (s, e, i) ke state $(s - 1, e + 1, i)$ dengan selang waktu Δt dapat dinyatakan dalam persamaan (1).

$$p_{(s-1, e+1, i), (s, e, i)}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} s \Delta t \tag{1}$$

Pada saat terjadi transisi dari state (s, e, i) ke state $(s, e - 1, i + 1)$, individu berpindah dari kelompok *exposed* ke kelompok *infected*. Perpindahan ini terjadi karena bakteri pada tubuh individu telah aktif dan sudah dapat menularkan penyakit ke individu lain. Jika laju infeksi dinyatakan sebagai σ , maka probabilitas berpindahnya individu dari state (s, e, i) ke state $(s, e - 1, i + 1)$ dengan selang waktu Δt dapat dinyatakan dalam persamaan (2).

$$p_{(s, e-1, i+1), (s, e, i)}(\Delta t) = \sigma e \Delta t \tag{2}$$

Pada saat terjadi transisi dari state (s, e, i) ke state $(s, e, i - 1)$, individu berpindah dari kelompok *infected* ke kelompok *recovered*. Perpindahan terjadi karena individu pada kelompok *infected* dinyatakan sembuh. Jika laju sembuh dinyatakan sebagai γ , probabilitas berpindahnya individu dari state (s, e, i) ke state $(s, e, i - 1)$ dengan selang waktu Δt dapat dinyatakan dalam persamaan (3).

$$p_{(s, e, i-1), (s, e, i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t \tag{3}$$

Pada saat terjadi transisi dari state (s, e, i) ke state $(s, e, i + 1)$, individu berpindah dari kelompok *recovered* kembali ke kelompok *infected*. Perpindahan terjadi karena individu pada kelompok *recovered* mengalami kekambuhan. Jika laju kambuh dinyatakan sebagai α , probabilitas berpindahnya individu dari state (s, e, i) ke state $(s, e, i + 1)$ dengan selang waktu Δt dapat dinyatakan dalam persamaan (4).

$$p_{(s, e, i+1), (s, e, i)}(\Delta t) = \alpha r \Delta t \tag{4}$$

Pada transisi dari state (s, e, i) ke state (s, e, i) tidak terjadi perubahan state. Kondisi ini terjadi ketika masing-masing kelompok tidak mengalami penambahan atau pengurangan jumlah individu. Besarnya probabilitas transisi dari state (s, e, i) ke state (s, e, i) dapat dinyatakan dalam persamaan (5).

$$p_{(s, e, i), (s, e, i)}(\Delta t) = 1 - b \Delta t \tag{5}$$

dengan,

$$b = \left(\beta \frac{i}{N} s + \sigma e + \gamma i + \alpha r \right) \tag{6}$$

Kemungkinan perpindahan individu dari satu state ke state lainnya hanya melibatkan satu individu yang bertransisi dalam interval waktu yang sangat kecil. Oleh karena itu, dalam interval waktu Δt , probabilitas terjadinya transisi dengan lebih dari satu individu yang berpindah adalah nol. Model epidemi stokastik DTMC SEIR yang terbentuk dari probabilitas transisi pada persamaan (1), (2), (3), (4), dan (5) dapat dinyatakan sebagai persamaan (7) berikut:

$$p_{(s+l, e+m, i+n), (s, e, i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (l, m, n) = (-1, 1, 0), \\ \sigma e \Delta t, & (l, m, n) = (0, -1, 1), \\ \gamma i \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, -1), \\ \alpha r \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, 1), \\ 1 - b \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, 0), \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \tag{7}$$

dengan $S(0) > 0, E(0) > 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0$, serta β, σ, γ , dan α bernilai positif.

Simulasi Model

Simulasi berbasis model DTMC SEIR dilakukan untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit tuberkulosis dengan nilai parameter dalam simulasi ini dihitung berdasarkan data kasus tuberkulosis yang terjadi di Indonesia. Parameter laju kontak dan laju sembuh yang digunakan dalam simulasi model DTMC SEIR dihitung berdasarkan data tahunan tentang penyakit tuberkulosis tahun 2022, yang diambil dari Laporan Program Penanggulangan Tuberkulosis Tahun 2022, parameter laju infeksi dihitung berdasarkan Pedoman Kemenkes RI Dirjen P2PP Tahun 2016, sedangkan parameter laju kambuh merujuk pada penelitian Widyaningsih *et al.* (2019).

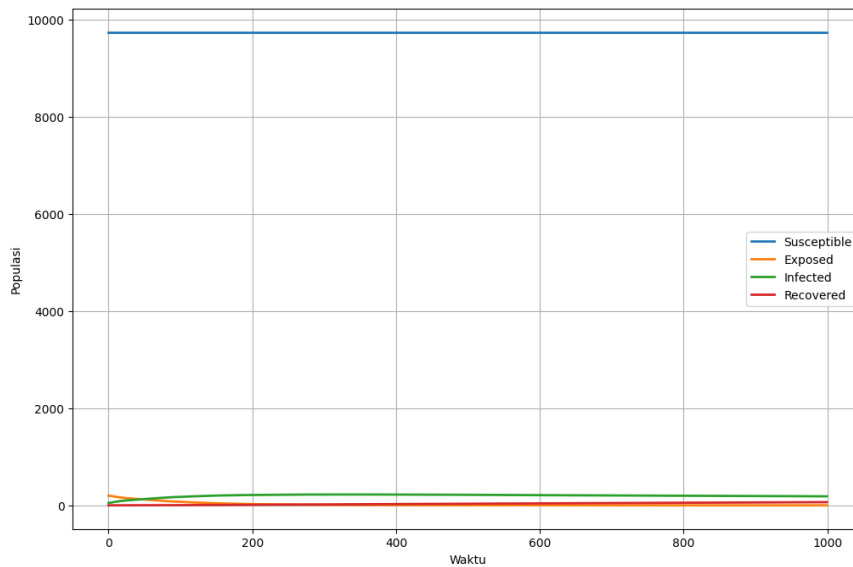
Laju kontak dihitung dengan membagi jumlah kasus terkonfirmasi tuberkulosis dengan jumlah penduduk di Indonesia pada tahun 2022, diperoleh nilai laju kontak per hari sebesar $7,2197 \times 10^{-6}$ yang berarti terdapat rata-rata 72.197 individu terpapar penyakit tuberkulosis dari setiap 10.000.000.000 individu *susceptible* setiap harinya. Laju infeksi dihitung dengan metode laju transisi atau rata-rata waktu, diperoleh nilai laju infeksi per hari sebesar $2,04 \times 10^{-2}$ yang berarti terdapat rata-rata 204 individu dari setiap 10.000 berpindah dari kelompok *exposed* ke *infected* setiap harinya. Laju sembuh dihitung dengan membagi jumlah kasus sembuh dengan jumlah kasus TB pada tahun 2022, diperoleh nilai laju sembuh per hari sebesar $6,4297 \times 10^{-4}$ yang berarti terdapat rata-rata 64.297 individu sembuh dari penyakit tuberkulosis dari setiap 100.000.000 individu terinfeksi setiap harinya. Parameter laju kambuh merujuk pada penelitian Widyaningsih *et al.* (2019) sebesar $1,43 \times 10^{-5}$ yang berarti terdapat 143 individu kambuh dari 10.000.000 yang telah dinyatakan sembuh. Berdasarkan persamaan 7, model epidemi DTMC SEIR pola penyebaran penyakit campak dinyatakan sebagai berikut.

$$P_{(s+l,e+m,i+n),(s,e,i)}(\Delta t) = \begin{cases} 7,2197 \times 10^{-6} \frac{i}{N} s \Delta t, & (l, m, n) = (-1, 1, 0), \\ 2,04 \times 10^{-2} e \Delta t, & (l, m, n) = (0, -1, 1), \\ 6,4297 \times 10^{-4} i \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, -1), \\ 1,43 \times 10^{-5} r \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, 1), \\ 1 - b \Delta t, & (l, m, n) = (0, 0, 0), \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases}$$

dengan

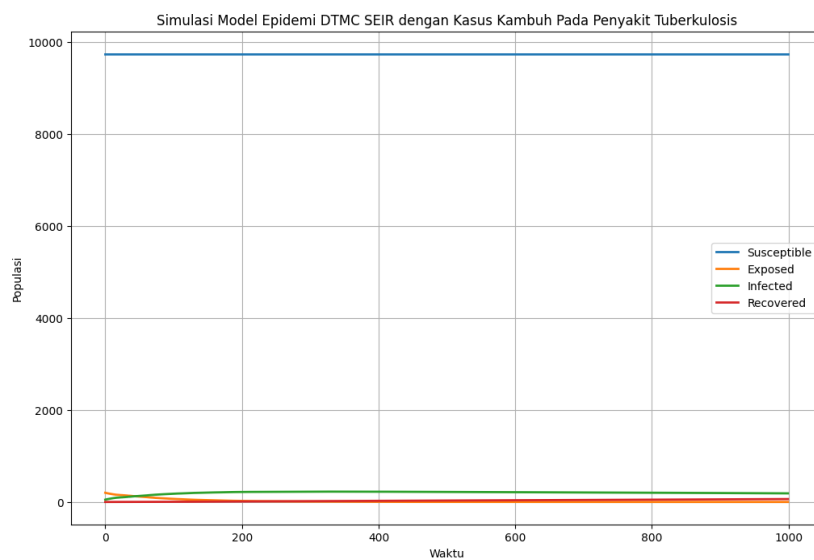
$$b = \left(7,2197 \times 10^{-6} \frac{i}{N} s + 2,04 \times 10^{-2} e + 6,4297 \times 10^{-4} i + 1,43 \times 10^{-5} r \right)$$

Simulasi ini menggunakan ukuran populasi yang konstan, yaitu $N = 10.000$ dengan laju kematian dan laju kelahiran diabaikan serta nilai awal $S(0) = 9750, E(0) = 200, I(0) = 50$, dan $R(0) = 0$ dalam kurun waktu $t = 1000$ hari. Hasil simulasi model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh pada pola penyebaran penyakit TB di Indonesia ditunjukkan pada Gambar 2.



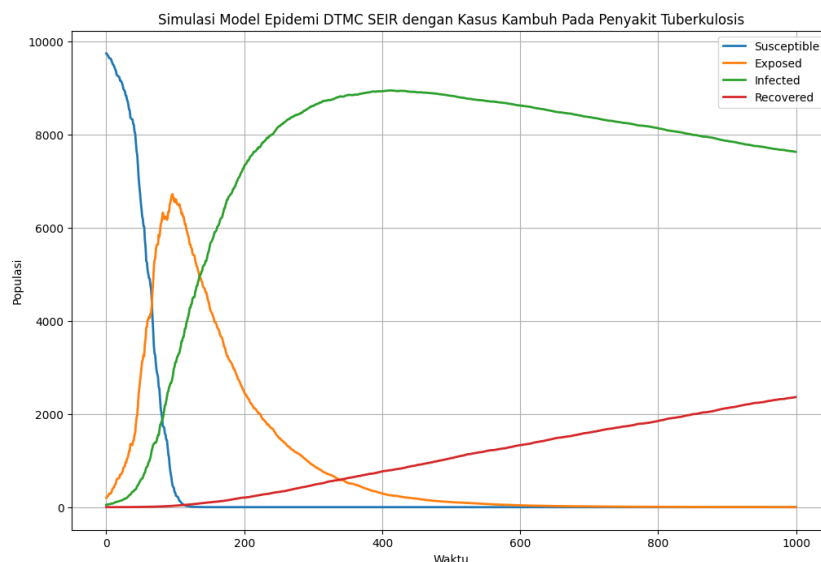
Gambar 2. Simulasi Model Epidemii DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia

Gambar 2 menunjukkan bahwa meskipun terdapat fluktuasi kecil yang mencerminkan dinamika penyebaran penyakit, namun perubahan jumlah individu pada setiap kelompok tidak signifikan. Jumlah individu rentan (*susceptible*) cenderung stabil, hanya terjadi penurunan sebanyak 1 individu. Sementara itu, jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) terus berkurang hingga pada akhir simulasi tidak ada lagi individu pada kelompok tersebut. Jumlah individu yang terinfeksi (*infected*) meningkat pada awal simulasi dan kemudian menurun secara perlahan, sedangkan jumlah individu yang pulih (*recovered*) terus meningkat seiring berjalannya waktu. Puncak epidemii terjadi pada waktu $t = 302$, dengan jumlah individu terinfeksi terbanyak sebanyak 223 orang. Pada saat $t = 1000$ epidemii belum sepenuhnya berakhir, karena jumlah individu yang terinfeksi masih ada dan belum mencapai nol. Penelitian ini melakukan simulasi untuk dengan 6 perlakuan, yaitu dengan memperkecil dan memperbesar laju kontak (β), laju sembuh (γ), serta laju kambuh (α).



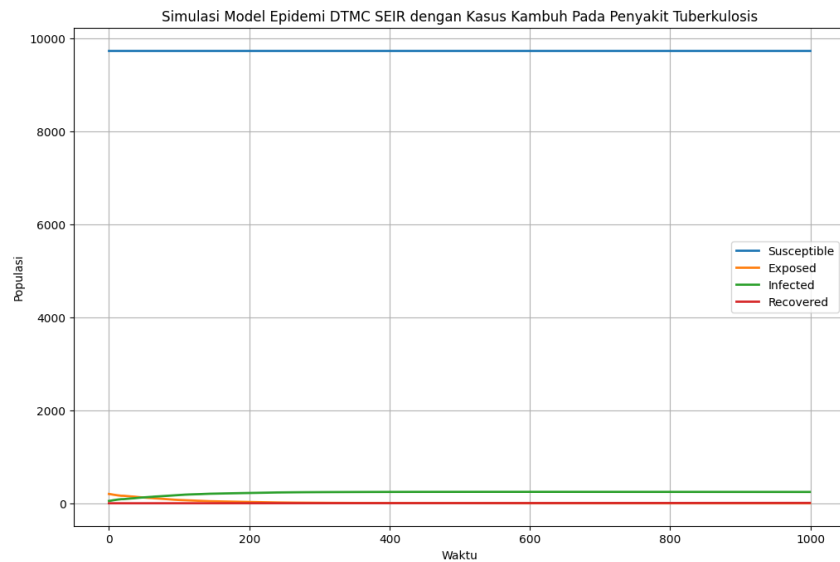
Gambar 3. Simulasi Model Epidemii DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan β diperkecil

Gambar 3 merupakan hasil simulasi 2 dengan nilai parameter laju kontak (β) diperkecil menjadi $\beta = 7,2197 \times 10^{-7}$, grafik tersebut menunjukkan bahwa ketika laju kontak diperkecil tidak memberikan perubahan yang signifikan dan menghasilkan fluktuasi grafik yang hampir sama dengan simulasi 1. Jumlah individu rentan (*susceptible*) stabil, tidak terdapat pengurangan individu. Perbedaan antara simulasi 1 dan 2 terletak pada kapan puncak epidemi terjadi, pada simulasi 2 puncak epidemi terjadi lebih lama, yaitu pada waktu $t = 332$, dengan jumlah individu terinfeksi terbanyak sebanyak 225 orang. Pada saat $t = 1000$ epidemi belum sepenuhnya berakhir, karena jumlah individu yang terinfeksi masih ada dan belum mencapai nol.



Gambar 4. Simulasi Model Epidemi DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan β diperbesar

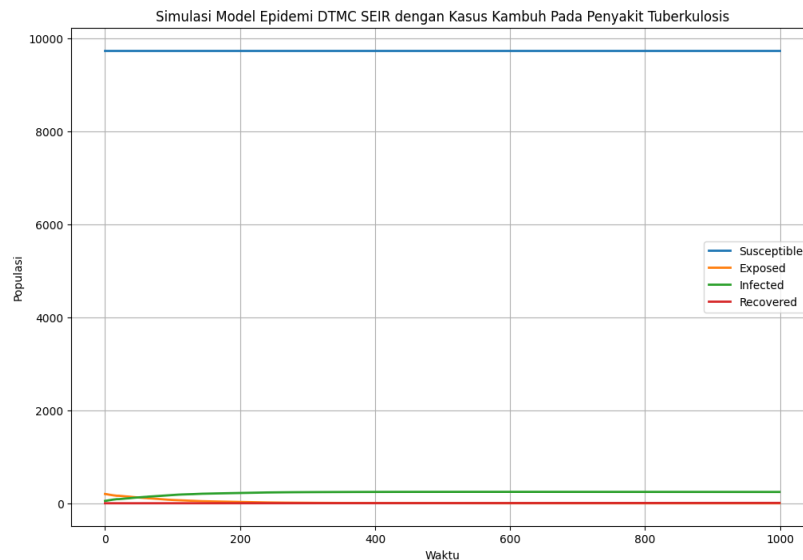
Gambar 4 merupakan hasil simulasi 3 dengan nilai parameter laju kontak (β) diperbesar menjadi $\beta = 7,2197 \times 10^{-1}$. Hasil simulasi ini menggambarkan perubahan jumlah individu pada setiap kelompok yang mengalami fluktuasi yang bervariasi di awal. Sebagian besar penduduk yang awalnya masuk dalam kategori rentan (*susceptible*) mengalami penurunan drastis dalam waktu yang cukup singkat. Sementara itu, jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) terus meningkat hingga mencapai puncaknya ketika jumlahnya mencapai separuh populasi. Jumlah individu yang terinfeksi (*infected*) awalnya terus meningkat dan kemudian berangsur-angsur menurun dengan sangat lambat, sedangkan jumlah individu yang sembuh (*recovered*) terus meningkat seiring berjalannya waktu. Jumlah awal individu terinfeksi sebanyak 50 individu dengan puncak epidemi terjadi pada waktu $t = 414$ dan jumlah orang terinfeksi tertinggi sebanyak 8954 orang. Pada saat $t = 1000$ epidemi belum sepenuhnya berakhir, karena jumlah individu yang terinfeksi masih lebih dari setengah populasi.



Gambar 5. Simulasi Model Epidemologi DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan γ diperkecil

Gambar 5 merupakan hasil simulasi 4 dengan nilai parameter laju sembuh (γ) diperkecil menjadi

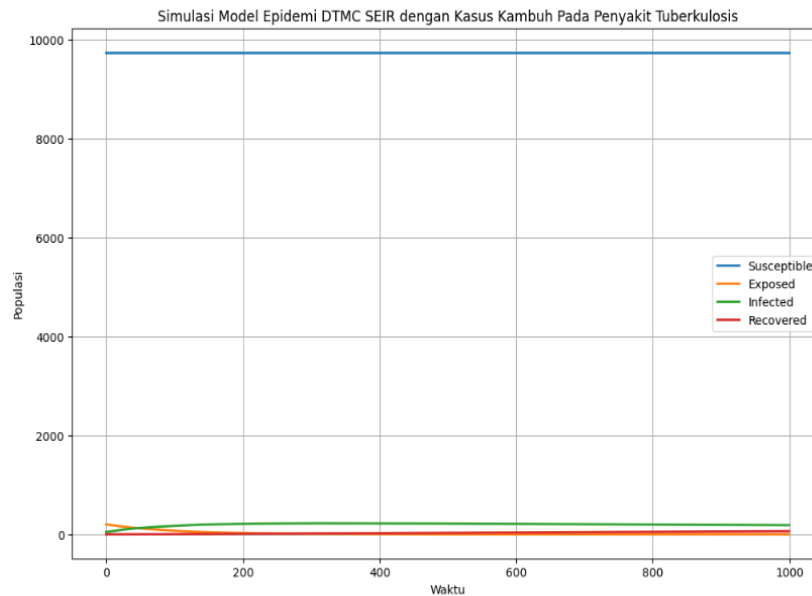
$\gamma = 6,4297 \times 10^{-4}$. Hasil simulasi ini memberikan gambaran bahwa perubahan jumlah individu pada setiap kelompok tidak signifikan. Jumlah individu yang rentan (*susceptible*) cenderung stabil, hanya terdapat penurunan 1 individu. Sementara itu, jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) terus berkurang hingga pada akhir simulasi tidak ada lagi individu pada kelompok tersebut. Jumlah individu yang terinfeksi (*infected*) awalnya meningkat, kemudian cenderung stabil dan terdapat sedikit penurunan di akhir simulasi. Di sisi lain, jumlah individu yang sembuh (*recovered*) meningkat sangat lambat, hanya terdapat 7 individu sembuh hingga akhir simulasi. Simulasi dengan jumlah awal individu terinfeksi sebanyak 50 individu puncak epidemi terjadi pada waktu $t = 543$, dengan jumlah orang terinfeksi tertinggi sebanyak 246 orang. Pada saat $t = 1000$ epidemi belum berakhir, karena sebagian besar individu yang terinfeksi belum berpindah ke kelompok sembuh.



Gambar 6. Simulasi Model Epidemii DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan γ diperbesar

Gambar 6 merupakan hasil simulasi 5 dengan nilai parameter laju sembuh (γ) diperbesar menjadi

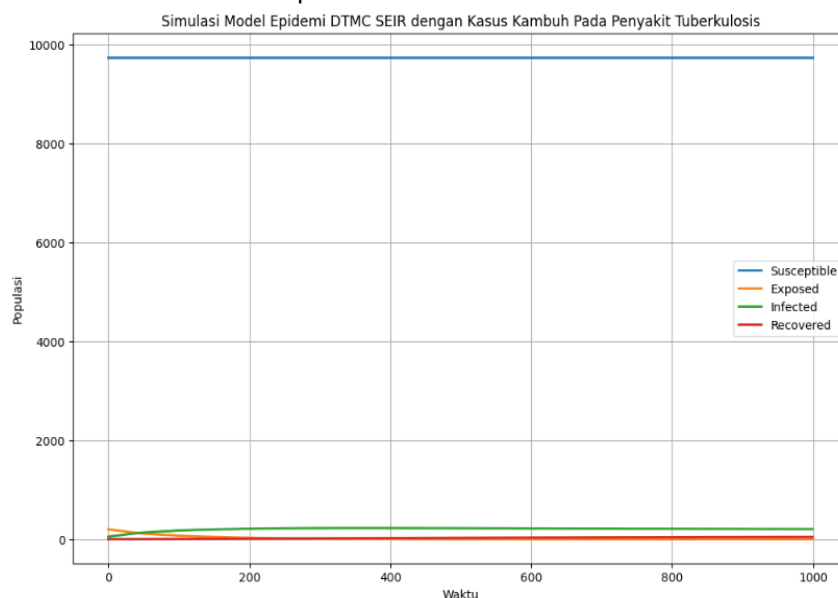
$\gamma = 6,4297 \times 10^{-1}$. Hasil simulasi ini memberikan gambaran bahwa perubahan jumlah individu pada setiap kelompok tidak terlalu signifikan. Jumlah individu yang rentan (*susceptible*) tetap stabil, tidak ada peningkatan atau penurunan. Sementara itu, jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) dan terinfeksi (*infected*) terus berkurang hingga pada akhir simulasi tidak ada lagi individu pada kelompok tersebut. Di sisi lain, jumlah individu yang sembuh (*recovered*) terus meningkat, hingga pada akhir simulasi seluruh individu yang semula berada pada kelompok *exposed* dan *infected* berpindah ke kelompok *recovered*. Pada simulasi ini, dengan jumlah awal individu terinfeksi sebanyak 50, hasil akhir menunjukkan bahwa tidak ada lagi individu terinfeksi. Hal ini mengindikasikan bahwa penyebaran penyakit telah berhenti, dan epidemi dinyatakan berakhir.



Gambar 7. Simulasi Model Epidemologi DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan α diperkecil

Gambar 7 merupakan hasil simulasi 6 dengan nilai parameter laju kambuh (α) diperkecil menjadi

$\alpha = 1,43 \times 10^{-7}$. Hasil simulasi ini memberikan gambaran bahwa perubahan jumlah individu pada setiap kelompok tidak terlalu signifikan. Jumlah individu yang rentan (*susceptible*) cenderung stabil. Jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) terus berkurang hingga pada akhir simulasi tidak ada lagi individu pada kelompok tersebut. Sementara itu, jumlah individu terinfeksi (*infected*) meningkat hingga mencapai puncaknya pada hari ke 331 dengan 224 individu terinfeksi, kemudian perlahan menurun. Di sisi lain, jumlah individu yang sembuh (*recovered*) terus meningkat secara perlahan. Pada simulasi ini, dengan jumlah awal individu terinfeksi sebanyak 50, hasil akhir menunjukkan bahwa epidemi belum berakhir karena masih terdapat 187 individu terinfeksi.



Gambar 8. Simulasi Model Epidemologi DTMC SEIR dengan Kasus Kambuh pada Pola Penyebaran Penyakit TB di Indonesia dengan α diperbesar

Gambar 8 merupakan hasil simulasi 7 dengan nilai parameter laju kambuh (α) diperbesar menjadi

$\alpha = 1,43 \times 10^{-3}$. Hasil simulasi ini memberikan gambaran bahwa perubahan jumlah individu pada setiap kelompok tidak terlalu signifikan. Jumlah individu yang rentan (*susceptible*) cenderung stabil, hanya terdapat pengurangan 1 individu. Jumlah individu pada kelompok terpapar (*exposed*) terus berkurang hingga pada akhir simulasi tidak ada lagi individu pada kelompok terpapar (*exposed*). Sementara itu, jumlah individu terinfeksi (*infected*) meningkat hingga mencapai puncaknya pada hari ke 352 dengan 225 individu terinfeksi, kemudian menurun secara lambat. Kemudian, jumlah individu yang sembuh (*recovered*) terus meningkat secara perlahan. Pada simulasi ini, dengan jumlah awal individu terinfeksi sebanyak 50, hasil akhir menunjukkan bahwa epidemi belum berakhir karena masih terdapat 204 individu terinfeksi.

Berdasarkan hasil simulasi, epidemi dapat berakhir lebih cepat jika laju kesembuhan (γ) meningkat, karena tingginya laju kesembuhan memungkinkan penyakit dikendalikan lebih efektif, mengurangi jumlah individu yang terinfeksi, dan mempercepat pemulihan. Sebaliknya, untuk mencegah penyebaran yang meluas, laju kontak (β) perlu ditekan, karena laju kontak yang tinggi mempercepat dan memperluas penyebaran penyakit di masyarakat. Kemudian, jika nilai laju kambuh (α) cenderung kecil, akan berpengaruh pada pengurangan jumlah infeksi jangka panjang dan puncak epidemi terjadi lebih awal. Dengan menurunkan laju kontak dan laju kambuh serta meningkatkan laju kesembuhan, epidemi dapat lebih cepat terkendali dan berakhir.

Hasil penelitian ini menunjukkan adanya keselarasan dengan penelitian sebelumnya yaitu simulasi dengan mempertimbangkan laju vaksinasi. Keduanya menekankan pentingnya menekan laju kontak (β) dan meningkatkan laju kesembuhan (γ) untuk mempercepat penurunan jumlah individu terinfeksi. Namun, penelitian ini memberikan pengembangan lebih lanjut dengan menyoroti pengaruh laju kambuh (α) terhadap dinamika penyebaran penyakit, terutama dalam menentukan jumlah infeksi jangka panjang dan waktu terjadinya puncak epidemi. Berbeda dengan model SVIR yang mempertimbangkan pengaruh vaksinasi sebagai salah satu faktor pengendali, model SEIR pada penelitian ini lebih menekankan dinamika infeksi tanpa intervensi vaksinasi, sehingga lebih relevan untuk situasi di mana vaksinasi tidak tersedia atau tidak menjadi prioritas. Dengan demikian, penelitian ini melengkapi penelitian sebelumnya dengan memperluas wawasan terhadap faktor-faktor lain, seperti laju kambuh, yang berkontribusi pada pengendalian epidemi.

SIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan, dapat diperoleh kesimpulan sebagai berikut:

1. Model epidemi DTMC SEIR dapat dinyatakan sebagai persamaan (7),
2. Simulasi model epidemi DTMC SEIR dengan kasus kambuh terhadap penyebaran penyakit tuberkulosis di Indonesia menggunakan parameter dengan perlakuan memperbesar dan memperkecil laju kontak dan laju sembuh menyimpulkan bahwa peningkatan laju sembuh (γ) dapat mengurangi jumlah individu terinfeksi dan mempercepat pemulihan. Sebaliknya, penurunan laju kontak (β) dapat memperlambat dan mengurangi persebaran penyakit. Kemudian, jika nilai laju kambuh (α) cenderung kecil, akan berpengaruh pada pengurangan jumlah infeksi jangka panjang

dan puncak epidemi terjadi lebih awal. Kombinasi peningkatan laju kesembuhan dan pengurangan laju kontak serta laju kambuh memungkinkan epidemi dapat lebih mudah dikendalikan dan berakhir dalam waktu yang lebih singkat.

Penelitian selanjutnya dapat dikembangkan dengan menggunakan data epidemiologi yang lebih spesifik dari wilayah tertentu di Indonesia untuk meningkatkan ketepatan dan relevansi hasil. Penambahan parameter seperti intervensi pengobatan juga dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam terkait efektivitas strategi kesehatan masyarakat. Pendekatan ini diharapkan mampu menghasilkan rekomendasi kebijakan yang lebih efektif, terutama dalam pengendalian penyakit seperti tuberkulosis di Indonesia.

REFERENSI

- Darmawan, A. (2016). Epidemiologi Penyakit Menular dan Penyakit Tidak Menular. *Jambi Medical Journal : Jurnal Kedokteran Dan Kesehatan*, 4(2), 195–202.
- Global Tuberculosis Report*. (2023). World Health Organization.
- Hethcote, H. (2000). *The Mathematics of Infectious Diseases*. 42, 599-653.
- Irwani. (2017). *Epidemiologi Penyakit Menular*. CV. ABSOLUTE MEDIA.
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of The Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 115, 700–721. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:3670796>
- Laporan Program Penanggulangan Tuberkulosis Tahun 2022*.
- Putri, E. P., Wulan, R., & Susanti, Y. (2023). Simulasi Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Exposed Infected Recovered (DTMC SEIR) pada Penyebaran Penyakit Campak. *Seminar Nasional LPPM UMMAT*, 2, 659–668.
- Ristanti, R. (2023). *Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Infected Recovered (DTMC SVIR) pada Pola Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan Kasus Kambuh*. Universitas Sebelas Maret.
- Saputro, A. W., Wulan, R., & Slamet, I. (2020). Penerapan Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Exposed Infected Recovered (DTMC SEIR) pada Pola Penyebaran Penyakit Tuberkulosis. *Prosiding Seminar Nasional STKIP PGRI Sumatera Barat*, 6(1), 29–40.
- Sari, G. K., Sarifuddin, & Setyawati, T. (2022). Tuberkulosis Paru Post Wodec Pleural Efusion: Laporan Kasus Pulmonary Tuberculosis Post Wodec Pleural Effusion: Case Report. *Jurnal Medical Profession*, 4(2).
- Undang-Undang No 23 Tahun 1992*.
- Widyaningsih, P., Nugroho, A. A., & Saputro, D. R. S. (2018). Susceptible infected recovered model with vaccination, immunity loss, and relapse to study tuberculosis transmission in Indonesia. *AIP Conference Proceedings*, 2014. <https://doi.org/10.1063/1.5054525>

Widyaningsih, P., Nugroho, A. A., Saputro, D. R. S., & Sutanto. (2019). Tuberculosis transmission with relapse in Indonesia: Susceptible vaccinated infected recovered model. *Journal of Physics: Conference Series*, 1217(1). <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1217/1/012071>