

Bifurkasi Mundur dalam Model Matematika Penyebaran Penyakit Tuberkulosis dengan Mempertimbangkan Laju Deteksi dan Pengobatan

Chrissyta Finka Liantoko, Lusia Krismiyati Budiasih*

Program Studi Matematika, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Sanata Dharma, Yogyakarta 55281, Indonesia

*Corresponding author e-mail: lusia_kris@usd.ac.id

Article Info

Received September 2023

Accepted October 2023

Published October 2023

Keyword:

Tuberculosis

Mathematical model

Backward bifurcation

Abstract

Tuberculosis is a disease caused by the bacteria *Mycobacterium tuberculosis*. This disease can spread bacteria from one individual to another. In this article, we analyzed the spread of Tuberculosis using the SEIR model. The mathematical model is presented in a system of first-order nonlinear ordinary differential equations. This mathematical model also observes the rate of case detection and treatment. This article also discusses the analysis of the equilibrium point, the stability of the equilibrium points of the model that has been formed, and the basic reproduction number (R_0). This model shows a backward bifurcation, that is the appearance of an endemic equilibrium point when $R_0 < 1$, which means that the disease will not necessarily disappear even though $R_0 < 1$. The numerical solution for this model is obtained using the fifth order Runge-Kutta method.

1. Pendahuluan

Tuberkulosis (TB) merupakan penyakit yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium tuberculosis*. Penyakit tersebut paling sering menyerang paru-paru, tetapi dapat juga menyerang organ lain seperti ginjal, tulang belakang, otak, usus, dan sebagainya. Penderita TB dapat dibagi menjadi dua, yaitu penderita TB laten dan TB aktif. TB laten merupakan seseorang yang terkena TB dan bakteri *Mycobacterium tuberculosis* sudah ada di dalam tubuh penderita namun belum aktif, sehingga belum dapat menularkan bakteri *Mycobacterium tuberculosis* kepada orang yang rentan terhadap penyakit TB. Sedangkan penderita TB aktif dapat menularkan penyakit TB kepada orang yang rentan terhadap penyakit TB. Penularan tersebut terjadi ketika penderita TB aktif menyebarkan bakteri ke udara melalui *droplet* saat bersin, batuk, berbicara, atau meludah. Penyakit Tuberkulosis dapat disembuhkan, tetapi masih banyak orang yang meninggal karena penyakit tersebut. Pada tahun 2022, Indonesia merupakan negara dengan peringkat kedua dengan kasus TB terbanyak di dunia [1]. Oleh karena itu penting untuk memahami dinamika penularan atau penyebaran penyakit TB supaya dapat dirancang program-program

atau kebijakan untuk mengendalikan penyebaran penyakit ini. Salah satu yang dapat dilakukan adalah dengan memodelkan secara matematis penyebaran penyakit TB.

Kajian mengenai model penyebaran TB sudah banyak dilakukan, dengan mempertimbangkan faktor-faktor atau asumsi-asumsi tertentu, seperti model SIR penyebaran penyakit TB dengan penggunaan masker medis [2], model matematika SEIT pada penyebaran penyakit TB resistensi primer [3]. Kajian mengenai model epidemik SEIR Tuberculosis dilakukan oleh Fadilah, dkk [4] disertai dengan simulasi numeris untuk kasus endemik, yakni untuk kasus nilai bilangan reproduksi dasar lebih dari satu. Pada kenyataannya, untuk beberapa model epidemik, bilangan reproduksi dasar (R_0) sama dengan satu tidak selalu merupakan batas untuk menentukan kasus endemik ataukah bebas penyakit. Hal ini memungkinkan adanya bifurkasi mundur dalam model. Bifurkasi merupakan perubahan kualitatif suatu sistem yang terjadi akibat perubahan nilai parameter. Analisis bifurkasi digunakan untuk melihat apakah jika suatu nilai parameter tertentu diubah akan mengakibatkan perubahan perilaku dinamik dari model

yang dibentuk. Bifurkasi dapat dibedakan menjadi dua, yaitu bifurkasi maju dan bifurkasi mundur. Bifurkasi maju ditandai dengan munculnya titik kesetimbangan bebas penyakit stabil asimtotik dan tidak ada titik kesetimbangan endemik ketika $R_0 < 1$, sedangkan ketika $R_0 > 1$, titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil dan muncul titik kesetimbangan endemik yang stabil asimtotik. Bifurkasi mundur ditandai munculnya titik kesetimbangan endemik pada saat $R_0 < 1$. Jika suatu model terjadi bifurkasi mundur maka penyakit belum tentu akan menghilang meskipun $R_0 < 1$ [5].

Pada artikel ini akan dikaji model matematika penyebaran penyakit Tuberkulosis dengan membagi populasi menjadi 4 kelas, yaitu *Susceptible* (S) yang merupakan populasi individu yang rentan, *Exposed* (E) yang merupakan populasi individu yang terpapar penyakit TB tetapi tidak menularkan (TB Laten), *Infected* (I) yang merupakan populasi individu terinfeksi TB (TB aktif), dan *Recovered* (R) yang merupakan populasi individu yang sembuh, mengacu pada hasil penelitian Athitan and Gosh [6]. Model matematika yang disusun juga memperhatikan parameter laju deteksi kasus dan pengobatan. Akan dikaji juga adanya bifurkasi yang terjadi pada model ini. Selain itu, dipaparkan juga penyelesaian numeris dari model penyebaran penyakit Tuberkulosis tersebut dengan menggunakan metode Runge-Kutta orde lima.

2. Model Penyebaran Penyakit Tuberkulosis

2.1. Asumsi

Dalam pembentukan model matematis penyebaran penyakit Tuberkulosis ini digunakan beberapa asumsi sebagai berikut:

1. Setiap individu memiliki peluang yang sama untuk terinfeksi TB.
2. Laju penyebaran penderita TB yang terdeteksi kurang dari laju penyebaran penyakit TB yang tidak terdeteksi.
3. Tingkat daya tahan tubuh setiap individu berbeda-beda sehingga terdapat sebagian individu yang akan berkembang cepat dan langsung masuk ke kelompok *Infected*, sedangkan sebagian individu akan masuk ke kelompok *Exposed* terlebih dahulu kemudian baru masuk ke kelompok *Infected*.
4. Perubahan individu dari kelompok *Exposed* masuk ke kelompok terinfeksi dapat terjadi karena melakukan kontak dengan individu kelompok *Infected* atau karena tidak melakukan pengobatan.
5. Penderita TB yang sembuh tidak dapat terkena TB kembali.

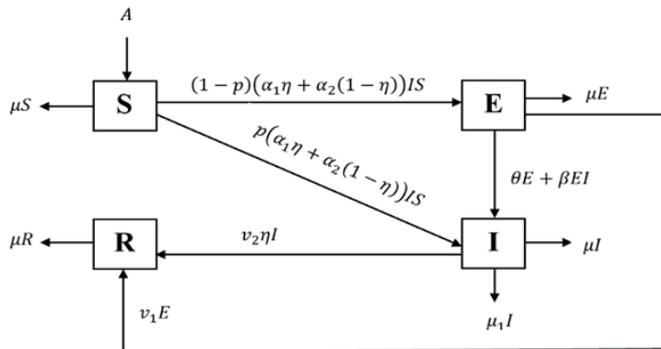
Berdasarkan asumsi di atas, maka pada model matematis ini digunakan beberapa parameter yang akan dituliskan pada Tabel 1.

Tabel 1. Deskripsi variabel dan parameter yang digunakan dalam pemodelan [6]

Variabel/Parameter	Keterangan
$S(t)$	Banyaknya individu kelompok <i>Susceptible</i> saat t
$E(t)$	Banyaknya individu kelompok <i>Exposed</i> saat t
$I(t)$	Banyaknya individu kelompok <i>Infected</i> saat t
$R(t)$	Banyaknya individu kelompok <i>Recovered</i> saat t
A	Laju munculnya individu baru
μ	Laju kematian alami
η	Proporsi individu terinfeksi yang terdeteksi menderita penyakit TB sehingga selanjutnya akan menerima pengobatan
α_1	Laju penyebaran penyakit TB yang terdeteksi
α_2	Laju penyebaran penyakit TB yang tidak terdeteksi
p	Proporsi individu rentan yang masuk ke kelompok terinfeksi
β	Laju kontak antara kelompok terpapar dan terinfeksi
θ	Laju perubahan individu terpapar menjadi terinfeksi
ν_1	Laju kesembuhan individu terpapar dengan pengobatan
ν_2	Laju kesembuhan individu terinfeksi dengan pengobatan
μ_1	Laju kematian karena infeksi

2.2. Model SEIR

Berdasarkan kelompok, asumsi, dan parameter yang sudah dijelaskan, maka dapat dibentuk diagram model penyebaran penyakit TB seperti Gambar 1.



Gambar 1. Diagram model penyebaran penyakit TB

Dari diagram tersebut dapat diperoleh model matematis penyebaran penyakit Tuberkulosis yang memperhatikan deteksi kasus dan pengobatan, yaitu:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= A - \mu S - (\alpha_1\eta + \alpha_2(1-\eta))IS \\ \frac{dE}{dt} &= (1-p)(\alpha_1\eta + \alpha_2(1-\eta))IS - \beta EI - (\mu + v_1 + \theta)E \\ \frac{dI}{dt} &= p(\alpha_1\eta + \alpha_2(1-\eta))IS + \beta EI - (\mu + \mu_1 + v_2\eta)I + \theta E \\ \frac{dR}{dt} &= v_1E + v_2\eta I - \mu R \end{aligned} \quad (1)$$

Sistem Persamaan (1) dapat disederhanakan menjadi:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= A - \mu S - k_1IS \\ \frac{dE}{dt} &= (1-p)k_1IS - \beta EI - k_2E \\ \frac{dI}{dt} &= pk_1IS + \beta EI - k_3I + \theta E \\ \frac{dR}{dt} &= v_1E + v_2\eta I - \mu R \end{aligned} \quad (2)$$

dengan

$$\begin{aligned} k_1 &= (\alpha_1\eta + \alpha_2(1-\eta)) \\ k_2 &= (\mu + v_1 + \theta) \\ k_3 &= (\mu + \mu_1 + v_2\eta) \end{aligned}$$

2.3. Titik Kesetimbangan Model

Titik kesetimbangan merupakan suatu keadaan dimana banyaknya individu pada setiap kelompok tidak berubah terhadap waktu. Titik kesetimbangan dapat diperoleh dengan membuat Sistem Persamaan (2) sama dengan nol, sehingga diperoleh sistem persamaan sebagai berikut:

$$\begin{aligned} A - \mu S - k_1IS &= 0 \\ (1-p)k_1IS - \beta EI - k_2E &= 0 \\ pk_1IS + \beta EI - k_3I + \theta E &= 0 \\ v_1E + v_2\eta I - \mu R &= 0 \end{aligned} \quad (3)$$

2.3.1. Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) terjadi saat tidak ada lagi penyakit Tuberkulosis yang menyerang suatu populasi dengan kata lain populasi kelompok terpapar dan terinfeksi sama dengan nol ($E = 0$) dan ($I = 0$). Pada model ini diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit, yaitu:

$$E_0 = (S^0, E^0, I^0, R^0) = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0\right)$$

2.3.2. Titik Kesetimbangan Endemik

Misalkan titik kesetimbangan endemik dilambangkan dengan $E_1 = (S^*, E^*, I^*, R^*)$ sehingga sistem Persamaan (2) dapat ditulis menjadi:

$$A - \mu S^* - k_1I^*S^* = 0 \quad (4)$$

$$(1-p)k_1I^*S^* - \beta E^*I^* - k_2E^* = 0 \quad (5)$$

$$pk_1I^*S^* + \beta E^*I^* - k_3I^* + \theta E^* = 0 \quad (6)$$

$$v_1E^* + v_2\eta I^* - \mu R^* = 0 \quad (7)$$

Titik kesetimbangan endemik dapat diperoleh dengan cara menyelesaikan Persamaan (4)-(7) sehingga diperoleh:

$$\begin{aligned} E_1 &= (S^*, E^*, I^*, R^*) \\ &= \left(\frac{A}{\mu + k_1I^*}, \frac{(1-p)k_1I^*A}{(\beta I^* + k_2)(\mu + k_1I^*)}, I^*, \frac{(v_1E^* + v_2\eta I^*)}{\mu}\right) \end{aligned}$$

I^* merupakan persamaan polinomial yang berbentuk

$$A_1(I^*)^2 + B_1I^* + C_1 = 0 \quad (8)$$

dengan

$$\begin{aligned} A_1 &= \beta k_1 k_3 \\ B_1 &= \beta \mu k_3 + k_1 k_2 k_3 - \beta k_1 A \\ C_1 &= \mu k_2 k_3 - \theta(1-p)k_1 A - p k_1 k_2 A \end{aligned}$$

Dengan demikian, ada beberapa kasus yang harus dipertimbangkan (bergantung pada tanda B_1 dan C_1 sedangkan A_1 bernilai positif karena $\beta > 0, k_1 > 0, k_3 > 0$), yaitu:

- Kasus 1** Misalkan $\beta = 0$ yakni tidak ada laju kontak individu pada kelompok terpapar dan terinfeksi, maka $A_1 = 0$ dan $B_1 > 0$ sehingga diperoleh $I^* =$

- $\frac{C_1}{B_1}$. Jika $C_1 < 0$, maka Sistem Persamaan (2) memiliki satu titik kesetimbangan endemik tunggal.
- 2. **Kasus 2** Jika $C_1 = 0$ maka Persamaan (8) memiliki satu akar positif yang berarti memiliki satu titik kesetimbangan endemik.
- 3. **Kasus 3** Jika $B_1 < 0, C_1 > 0$ maka Persamaan (8) memiliki dua akar positif yang berarti memiliki dua titik kesetimbangan endemik.

2.4. Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar merupakan jumlah infeksi sekunder yang terjadi karena satu infeksi primer pada suatu populasi. Bilangan reproduksi dasar dapat diperoleh dengan metode matriks generasi berikutnya (*the next generation matrix*) [7]. Misalkan $F_i(x)$ menyatakan laju munculnya infeksi baru pada kelompok i dan $V_i(x)$ menyatakan laju perpindahan individu pada kelompok i dengan $x = S, E, I, R$. Sistem Persamaan (2) dapat dituliskan sebagai berikut:

$$F(x) = \begin{bmatrix} 0 \\ (1-p)k_1IS \\ pk_1IS \\ 0 \end{bmatrix} \text{ dan } V(x) = \begin{bmatrix} \mu S + k_1IS - A \\ \beta EI + k_2E \\ k_3I - \beta EI - \theta E \\ \mu R - v_1E - v_2\eta I \end{bmatrix}$$

Dalam model ini, kelompok yang memiliki individu terinfeksi adalah E dan I sehingga dapat dibentuk matriks F dan matriks V pada titik kesetimbangan bebas penyakit $E_0 = (\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$ sebagai berikut:

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_2}{\partial E}(E_0) & \frac{\partial F_2}{\partial I}(E_0) \\ \frac{\partial F_3}{\partial E}(E_0) & \frac{\partial F_3}{\partial I}(E_0) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{(1-p)k_1A}{\mu} \\ 0 & \frac{pk_1A}{\mu} \end{bmatrix}$$

dan

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial V_2}{\partial E}(E_0) & \frac{\partial V_2}{\partial I}(E_0) \\ \frac{\partial V_3}{\partial E}(E_0) & \frac{\partial V_3}{\partial I}(E_0) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} k_2 & 0 \\ -\theta & k_3 \end{bmatrix}$$

Bilangan reproduksi dasar R_0 dapat diperoleh dari radius spektral atau nilai eigen terbesar dari matriks FV^{-1} yang dinotasikan dengan K sebagai berikut:

$$K = FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{(1-p)k_1A}{\mu} \\ 0 & \frac{pk_1A}{\mu} \end{bmatrix} \frac{1}{\det(V)} \text{adj}(V) \\ = \begin{bmatrix} \frac{\theta(1-p)k_1A}{\mu k_2 k_3} & \frac{(1-p)k_1A}{\mu k_3} \\ \frac{\theta pk_1A}{\mu k_2 k_3} & \frac{pk_1A}{\mu k_3} \end{bmatrix}$$

Berdasarkan nilai eigen yang telah dihitung, diperoleh bilangan reproduksi dasar yang merupakan nilai eigen terbesar atau radius spektral dari matriks FV^{-1}

$$R_0 = \frac{k_1A(p k_2 + \theta(1-p))}{\mu k_2 k_3}$$

Selanjutnya akan diperiksa atau dianalisis bifurkasi pada Sistem Persamaan (1). Berdasarkan Kasus 3 pada Subbab 2.3.2 terdapat dua titik kesetimbangan endemik. Dalam artikel ini akan diperiksa kemungkinan adanya bifurkasi mundur. Untuk memeriksa hal tersebut, akan ditentukan nilai R_0 pada kondisi bifurkasi mundur yang dinotasikan dengan R_0^C [8]. Nilai tersebut ditentukan dengan cara diskriminan dari Persamaan (5) disamadengankan nol dan diselesaikan untuk nilai kritis R_0 . Diperoleh nilai R_0^C yaitu

$$R_0^C = 1 - \frac{B_1^2}{4A_1\mu k_2 k_3}$$

Karena R_0^C merupakan titik bifurkasi mundur pada Sistem Persamaan (1), maka titik kesetimbangan endemik dapat terjadi pada rentang $R_0^C < R_0 < 1$ dan titik kesetimbangan bebas penyakit terjadi pada rentang $R_0 < R_0^C < 1$ [6].

2.5. Kestabilan Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit

Kestabilan titik kesetimbangan dapat diselidiki dari nilai eigen Matriks Jacobian dari sistem Persamaan (2) di sekitar titik kesetimbangan. Matriks Jacobian dari sistem Persamaan (2) yaitu

$$J = \begin{bmatrix} -\mu - k_1I & 0 & -k_1S & 0 \\ (1-p)k_1I & -\beta I - k_2 & (1-p)k_1S - \beta E & 0 \\ pk_1I & \beta I + \theta & pk_1S + \beta E - k_3 & 0 \\ 0 & v_1 & v_2\eta & -\mu \end{bmatrix} \quad (9)$$

Kestabilan titik kesetimbangan bebas penyakit dapat diperoleh dari nilai eigen Matriks Jacobian di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0). Titik kesetimbangan bebas penyakit yang telah diperoleh yaitu $E_0 = (\frac{A}{\mu}, 0, 0, 0)$. Menggunakan Persamaan (9) maka Matriks Jacobian dari titik kesetimbangan bebas penyakit E_0 adalah

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\frac{k_1A}{\mu} & 0 \\ 0 & -k_2 & \frac{(1-p)k_1A}{\mu} & 0 \\ 0 & \theta & \frac{pk_1A}{\mu} - k_3 & 0 \\ 0 & v_1 & v_2\eta & -\mu \end{bmatrix}$$

Kemudian akan dicari nilai eigen dari $J(E_0)$ yang diperoleh dengan menyelesaikan persamaan karakteristik $\det[\lambda I - J(E_0)] = 0$ sehingga

$$\det \begin{bmatrix} \lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\frac{k_1 A}{\mu} & 0 \\ 0 & -k_2 & \frac{(1-p)k_1 A}{\mu} & 0 \\ 0 & \theta & \frac{pk_1 A}{\mu} - k_3 & 0 \\ 0 & v_1 & \frac{\mu}{v_2 \eta} & -\mu \end{bmatrix} = 0$$

$$\Leftrightarrow \det \begin{bmatrix} \lambda + \mu & 0 & \frac{k_1 A}{\mu} & 0 \\ 0 & \lambda + k_2 & -\frac{(1-p)k_1 A}{\mu} & 0 \\ 0 & -\theta & \lambda - \frac{pk_1 A}{\mu} + k_3 & 0 \\ 0 & -v_1 & -\frac{\mu}{v_2 \eta} & \lambda + \mu \end{bmatrix} = 0$$

$$\Leftrightarrow (\lambda + \mu)^2 \left(\lambda^2 + \left(-\frac{pk_1 A}{\mu} + k_2 + k_3 \right) \lambda + k_2 k_3 (1 - R_0) \right) = 0 \tag{10}$$

Berdasarkan Persamaan karakteristik (10) diperoleh empat nilai eigen, dua di antaranya dari persamaan $(\lambda + \mu)^2 = 0$, yaitu

$$\lambda_1 = \lambda_2 = -\mu$$

Perhatikan bahwa λ_1 dan λ_2 bernilai negatif. Akan dicari nilai eigen lainnya dengan menggunakan kriteria Routh-Hurwitz. Kriteria Routh-Hurwitz digunakan untuk menunjukkan kondisi apa saja yang diperlukan agar tanda dari nilai eigen bernilai negatif atau memiliki bagian real negatif. Menggunakan kriteria Routh-Hurwitz diperoleh bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit (E_0) pada sistem Persamaan (2) akan stabil asimtotik lokal jika $R_0 < 1$ dan $\frac{pk_1 A}{\mu} < k_2 + k_3$, dengan:

$$k_1 = \alpha_1 \eta + \alpha_2 (1 - \eta)$$

$$k_2 = \mu + v_1 + \theta$$

$$k_3 = \mu + \mu u_1 + v_2 \eta$$

3. Simulasi Numeris

Pada bagian ini akan diberikan simulasi numeris penyelesaian model SEIR pada Sistem Persamaan (1) untuk kasus bebas penyakit dan endemik, khususnya untuk menunjukkan adanya bifurkasi mundur dalam model. Penyelesaian numeris Sistem Persamaan (1) diperoleh dengan menggunakan metode Runge-Kutta orde 5. Data yang digunakan didasarkan pada hasil

penelitian Athitan and Gosh [6] dengan nilai awal model matematis penyebaran penyakit Tuberkulosis diasumsikan sebagai berikut:

$$S(0) = 150, E(0) = 50, I(0) = 60, R(0) = 80$$

3.1. Kasus Bebas Penyakit ketika $R_0 < R_0^c < 1$

Pada kasus ini digunakan nilai-nilai parameter sebagai berikut:

$$A = 18, \alpha_1 = 0,001, \alpha_2 = 0,003, \beta = 0,005,$$

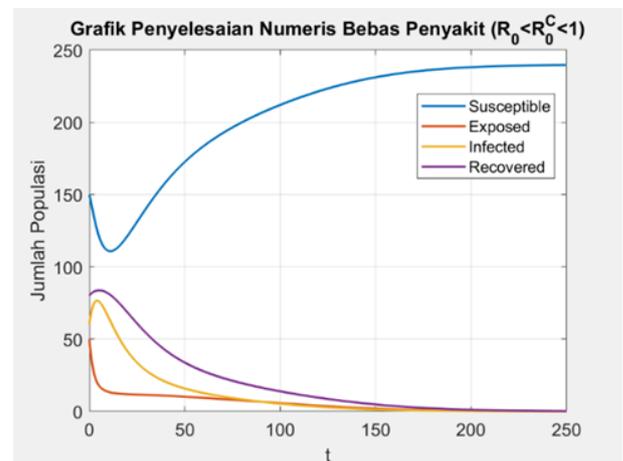
$$v_1 = 0,08, v_2 = 0,08$$

$$\mu = 0,075, \theta = 0,0001, \mu_1 = 0,032, \eta = 0,8, p = 0,4.$$

Pada bagian sebelumnya telah diperoleh nilai reproduksi dasar (R_0) dan titik bifurkasi mundur (R_0^c) dari Sistem Persamaan (1). Dengan menggunakan nilai parameter di atas dapat diperoleh nilai R_0 dan R_0^c sebagai berikut:

$$R_0 = 0,7867 \text{ dan } R_0^c = 0,9357.$$

Dapat dilihat bahwa nilai $R_0 < R_0^c < 1$, maka berdasarkan Bagian 2.3.1, kasus ini akan menuju titik kesetimbangan bebas penyakit, yakni $E_0 = (240, 0, 0, 0)$, seperti ditunjukkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Penyelesaian numeris model penyebaran penyakit Tuberkulosis untuk kasus bebas penyakit ketika $R_0 < R_0^c < 1$

3.2. Kasus Endemik ketika $R_0^c < R_0 < 1$

Pada kasus ini, nilai-nilai parameter yang digunakan sama dengan pada kasus bebas penyakit, kecuali untuk dua parameter, yakni proporsi individu terinfeksi yang terdeteksi menderita penyakit TB sehingga selanjutnya akan menerima pengobatan turun menjadi $\eta = 0.57$, dan proporsi individu rentan yang masuk ke kelompok terinfeksi, yang turun menjadi $p = 0.235$.

Dengan menggunakan nilai parameter di atas dapat diperoleh nilai R_0 dan R_0^c sebagai berikut:

$$R_0 = 0.6888871422 \text{ dan } R_0^c = 0.5657284612$$

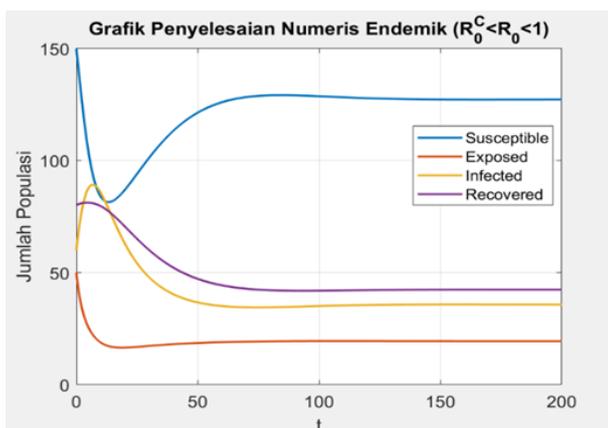
Dapat dilihat bahwa nilai $R_0^c < R_0 < 1$, maka kasus akan menuju titik kesetimbangan endemik. Diperoleh dua titik kesetimbangan endemik, yaitu:

$$E_1 = (127,27; 19,38; 35,72; 42,39)$$

dan

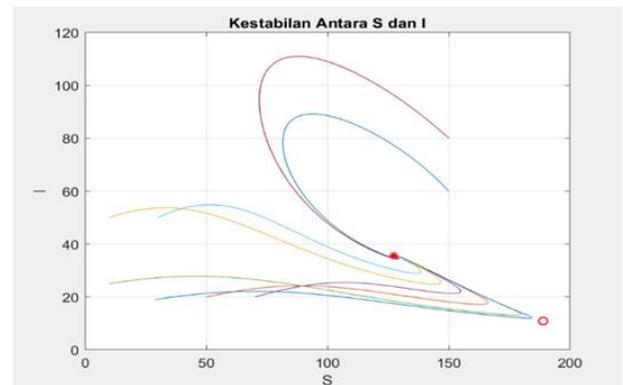
$$E_2 = (188,95; 13,98; 10,89; 21,53)$$

Hal ini juga ditunjukkan dari simulasi numeris pada Gambar 3. Dapat dilihat bahwa meskipun nilai $R_0 < 1$ namun kasus akan menuju kesetimbangan endemik, yakni terjadi bifurkasi mundur.



Gambar 3. Penyelesaian numeris model penyebaran penyakit Tuberkulosis untuk kasus endemik ketika $R_0^c < R_0 < 1$

Berdasarkan Gambar 3 dapat dilihat bahwa pada saat-saat awal jumlah individu kelompok *Susceptible* mengalami penurunan akibat naiknya kelompok *Infected*, namun selanjutnya kembali naik seiring turunnya jumlah individu *Infected*. Pada akhirnya jumlah individu kelompok *Susceptible* akan menuju pada suatu nilai tertentu. Demikian juga, jumlah individu pada kelompok *Infected* pada akhirnya akan menuju pada suatu nilai tertentu. Hubungan antara kelompok *Susceptible* dan *Infected* dapat pula menjelaskan kestabilan titik endemik pada model SEIR ini, seperti ditunjukkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Grafik Kestabilan antara Kelompok *Susceptible* dan *Infected* untuk endemik ketika $R_0^c < R_0 < 1$

Berdasarkan Gambar 4 dapat dilihat bahwa ketika nilai awal dari kelompok *Susceptible* dan *Infected* diubah-ubah, dalam jangka waktu yang panjang akan menuju titik kesetimbangan endemik, yaitu dengan komponen titik kesetimbangan untuk kelompok *Susceptible* yaitu $S_3^* = 127,27$ dan untuk kelompok *Infected* yaitu $I_3^* = 35,72$. Dengan demikian, titik ekuilibrium endemik $E_1 = (127,27; 19,38; 35,72; 42,39)$ adalah stabil, sedangkan titik ekuilibrium endemik $E_2 = (188,95; 13,98; 10,89; 21,53)$ tidak stabil.

4. Kesimpulan

Model matematis penyebaran penyakit Tuberkulosis yang memperhatikan deteksi kasus dan pengobatan pada artikel ini merupakan sistem persamaan diferensial biasa nonlinear orde satu. Model matematis mempertimbangkan 4 kelompok, yaitu kelompok *Susceptible*, kelompok *Exposed*, kelompok *Infected*, kelompok *Recovered*. Model matematis penyebaran penyakit Tuberkulosis memiliki dua titik kesetimbangan penyakit yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik. Model yang dibentuk menunjukkan adanya bifurkasi mundur yang ditandai dengan adanya titik kesetimbangan endemik ketika $R_0 < 1$. Hal itu menunjukkan bahwa penyakit Tuberkulosis akan tetap ada di dalam populasi meskipun nilai $R_0 < 1$. Selain itu, diperlukan nilai $R_0 < R_0^c < 1$ agar penyakit Tuberkulosis menghilang dari populasi. Hal ini dapat terjadi karena adanya penurunan proporsi individu terinfeksi yang terdeteksi menderita penyakit TB, dan proporsi individu rentan yang masuk ke kelompok terinfeksi.

Daftar Pustaka

1. Rokom. 2023, 30 Maret. *Deteksi TBC Capai Rekor Tertinggi di Tahun 2022*. Kemkes. Diakses pada tanggal 16 September 2023. <https://sehatnegeriku.kemkes.go.id/baca/rilis-media/20230331/3942688/deteksi-tbc-capai-rekor-tertinggi-di-tahun-2022/>.
2. Inayah, N., Manaqib, M., Fitriyati, N., & Yupinto, I. 2020. Model Matematika Penyebaran Penyakit Pulmonary Tuberculosis dengan Penggunaan Masker Medis. *Barekeng: Jurnal Ilmu Matematika dan Terapan*, 14(3), 461-472. <https://doi.org/10.30598/barekengvol14iss3pp461-472>.
3. Imran, R. S., Pranata, W., & Ismail, S. 2020. Model Matematika SEIT Pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis Resistensi Primer. *Prosiding Seminar Nasional Pendidikan Matematika, Matematika, Statistika, dan Terapannya*. Jurusan Matematika FMIPA Universitas Negeri Gorontalo. <https://doi.org/10.31219/osf.io/hcxyp>.
4. Fadilah, F. H. 2016. Kajian Perilaku Model Matematika Penularan Penyakit Tuberculosis. *Jurnal Matematika UNAND*, 5(2), 26-32. <https://doi.org/10.25077/jmu.5.2.26-32.2016>.
5. Castillo-Chavez, C. and Song, B. 2004. Dynamical Models of Tuberculosis and Their Applications. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 1(2), 361-404. <https://doi.org/10.3934/mbe.2004.1.361>.
6. Athithan, S. and Ghosh, M. 2013. Mathematical Modelling of TB with The Effects of Case Detection and Treatment. *International Journal of Dynamics and Control*, 1, 223-230. <https://doi.org/10.1007/s40435-013-0020-2>.
7. Driessche, P. V. D. and Watmough, J. 2002. Reproduction Number and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, 180, 29-48. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6).
8. Anguelov, R., *et al.* 2014, Backward Bifurcation Analysis of Epidemiological Model with Partial Immunity. *Computers and Mathematics with Applications*, 68, 931-940. <https://doi.org/10.1016/j.camwa.2014.06.010>.