



## ANALISIS DINAMIKA DAN KESTABILAN MODEL SIR DAN SEIR PADA PENYEBARAN TUBERKULOSIS DI KOTA PONTIANAK

Onelia Rochmah<sup>1</sup>, Eko Sulistyono<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup> Matematika, Fakultas MIPA, Universitas Tanjungpura

email korespondensi: [Onelia.rochmah@math.untan.ac.id](mailto:Onelia.rochmah@math.untan.ac.id)

Diterima: 27-03-2026, Revisi: 14-04-2026, Diterbitkan: 15-06-2026

### ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan menganalisis dinamika penyebaran Tuberkulosis (TB) di Kota Pontianak tahun 2024 menggunakan model SIR dan SEIR untuk mengevaluasi kestabilan sistem dan potensi transmisi penyakit. Metode yang digunakan meliputi formulasi sistem persamaan diferensial, penentuan titik kesetimbangan, analisis kestabilan lokal menggunakan matriks Jacobian, serta perhitungan bilangan reproduksi dasar sebagai parameter ambang epidemi. Parameter epidemiologis dan data kependudukan yang digunakan bersumber dari Profil Kesehatan Kalimantan Barat tahun 2024 sebagai sumber data resmi, yang selanjutnya dinormalisasi dalam bentuk proporsi populasi. Untuk memverifikasi hasil analitik, dilakukan simulasi numerik menggunakan Python. Hasil penelitian menunjukkan bahwa bilangan reproduksi dasar pada kedua model kurang dari satu, sehingga sistem secara matematis menuju titik kesetimbangan bebas penyakit. Simulasi numerik memperlihatkan bahwa proporsi individu terinfeksi dan terpapar menurun secara bertahap hingga mendekati nol. Selain itu, simulasi model SEIR dengan kondisi awal  $e = 0$  menghasilkan dinamika yang identik dengan model SIR, yang menegaskan bahwa model SEIR merupakan perluasan dari model SIR ketika fase laten tidak terlibat. Temuan ini menunjukkan bahwa pendekatan pemodelan matematika dapat memberikan gambaran kuantitatif mengenai dinamika TB serta mendukung analisis pengendalian penyakit berdasarkan parameter yang digunakan.

**Kata kunci:** SEIR, SIR, Tuberkulosis

### ABSTRACT

*This study aims to analyze the transmission dynamics of Tuberculosis (TB) in Pontianak City in 2024 using the SIR and SEIR models to evaluate system stability and disease transmission potential. The methodology involves formulating systems of differential equations, determining equilibrium points, performing local stability analysis using the Jacobian matrix, and calculating the basic reproduction number as an epidemiological threshold parameter. The epidemiological parameters and population data used were obtained from the 2024 West Kalimantan Health Profile as an official data source, which were subsequently normalized into population proportions. To verify the analytical results, numerical simulations were conducted using Python. The findings indicate that the basic reproduction number in both models is less than one, implying*

*that the system converges to the disease-free equilibrium and that the infection cannot sustain long-term transmission. Numerical results show that the proportions of infected and exposed individuals gradually decline to zero. Furthermore, simulations of the SEIR model with the initial condition  $e = 0$  produce dynamics identical to the SIR model, confirming that SEIR extends SIR when the latent compartment is considered. These results demonstrate that mathematical modeling provides a quantitative framework for understanding TB dynamics and supports the evaluation of disease control strategies based on epidemiological parameters.*

**Key words:** SEIR, SIR, Tuberculosis

## Pendahuluan

Tuberkulosis (TB) adalah penyakit infeksi menular yang disebabkan oleh bakteri *Mycobacterium Tuberculosis*, bakteri ini umumnya menyerang organ paru-paru (Inayah et al., 2020). Hingga saat ini, TB masih menjadi masalah kesehatan masyarakat yang serius secara global, terutama di negara-negara berkembang (Adi & Suparman, 2024). Sejak tahun 2021, kejadian TB menunjukkan kecenderungan meningkat secara global dengan jumlah kasus yang melampaui 10 juta per tahun. Secara geografis, beban TB terbesar terkonsentrasi di kawasan Asia Tenggara, Afrika, dan Pasifik Barat. Indonesia diklasifikasikan sebagai negara dengan beban TB tinggi dan pada tahun 2024 menempati posisi kedua setelah India sebagai negara dengan jumlah kasus TB terbanyak (WHO, 2024). Kondisi ini menunjukkan bahwa TB masih menjadi permasalahan kesehatan masyarakat utama di tingkat nasional dan memerlukan upaya pengendalian yang komprehensif, termasuk dukungan analisis berbasis pemodelan matematika (Pertwi et al., 2020).

Kota Pontianak sebagai pusat kegiatan ekonomi dan pemerintahan di Kalimantan Barat memiliki karakteristik demografis yang berpotensi memengaruhi dinamika penyebaran TB. Tingginya mobilitas penduduk serta heterogenitas kondisi sosial dan lingkungan dapat berkontribusi terhadap keberlangsungan penularan penyakit (Kujariningrum et al., 2021). Selain itu, Kota Pontianak menunjukkan jumlah kasus TB yang relatif tinggi dibandingkan wilayah lain di Provinsi Kalimantan Barat, dengan 2.141 kasus pada tahun 2023 dan meningkat menjadi 2.942 kasus pada tahun 2024 (Dinas kesehatan, 2023, 2024). Data terbaru pada tahun 2025, mencatat terdapat 2.415 kasus (Harmanta, 2025). Meskipun terjadi penurunan kasus pada tahun 2025, jumlah kasus TB di Kota Pontianak masih cukup tinggi. Perubahan jumlah kasus TB yang terjadi di Kota Pontianak dari tahun ke tahun menunjukkan perlunya suatu pendekatan untuk menganalisis penyebaran penularan TB, salah

satunya melalui pendekatan pemodelan matematika.

Pemodelan matematika dan simulasi semakin banyak digunakan dalam beberapa tahun terakhir untuk menganalisis dinamika penyakit menular. Pendekatan ini berperan penting dalam perencanaan dan evaluasi strategi pengendalian dari penyakit menular, termasuk TB (Mettle et al., 2020). Selain itu, pemodelan matematika tidak hanya mampu memberikan representasi yang sistematis terhadap data epidemiologi, tetapi juga mampu menggambarkan proses penularan secara kuantitatif. Lebih lanjut, hasil pemodelan dapat digunakan untuk memprediksi perkembangan wabah dari waktu ke waktu, sehingga mendukung pengambilan keputusan yang lebih efektif dalam pengendalian penyakit menular (Ucakan et al., 2021). Sebagai salah satu pendekatan dasar dalam pemodelan epidemiologi, model SIR dan SEIR banyak digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit menular.

Model SIR diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 sebagai model deterministik untuk merepresentasikan dinamika penyebaran penyakit menular melalui pembagian populasi ke dalam tiga kompartemen, yaitu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* (SIR). Individu yang rentan terhadap infeksi dikelompokkan ke dalam kelas *Susceptible* (S), individu yang terinfeksi dan mampu menularkan penyakit dikelompokkan ke dalam kelas *Infected* (I), sedangkan individu yang telah pulih dikelompokkan ke dalam kelas *Recovered* (R). Berbagai penelitian terkait model SIR untuk penyebaran TB telah banyak dilakukan. Amin et al. (2018) melakukan penelitian terkait dinamika penyebaran TB di Kabupaten Tuban menggunakan model SIR, Bahari et al. (2021, 2023) mengkaji penyebaran kasus TB di provinsi Jawa tengah serta kabupaten Jepara, Ucakan et al. (2021) menerapkan model SIR dalam menganalisis penyebaran TB di Turki. Hasil-hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa model SIR mampu merepresentasikan dinamika penyakit pada skala regional serta memberikan gambaran mengenai kondisi kestabilan sistem epidemiologi.

Dalam konteks TB, proses penularan penyakit tidak hanya ditandai oleh fase infeksi aktif, tetapi juga melibatkan fase laten, yaitu kondisi ketika individu telah terinfeksi *Mycobacterium tuberculosis* namun belum menunjukkan gejala klinis (masa inkubasi) dan belum menularkan penyakit (Ramadhan et al., 2018; Side et al., 2016). Fase laten atau masa inkubasi biasanya berlangsung selama empat sampai delapan minggu (Zahwa et al., 2022), sehingga hal tersebut dapat memengaruhi pola perkembangan kasus TB di suatu wilayah. Oleh karena itu, pemodelan dinamika TB

perlu mempertimbangkan keberadaan fase laten sebagai bagian dari proses epidemiologi. Dengan mempertimbangkan karakteristik biologis TB tersebut, pengembangan model epidemiologi yang lebih representative terus dilakukan, salah satunya melalui pembentukan model *Susceptible, Exposed, Infected, Recovered* (SEIR). Model SEIR menambahkan kompartemen *Exposed* (E) untuk mengakomodasi individu yang terpapar bakteri atau virus tetapi masih dalam fase inkubasi dan belum bersifat infeksius. Model ini beserta berbagai modifikasinya telah banyak digunakan untuk menganalisis penyebaran berbagai penyakit menular, termasuk TB (Adi & Suparman, 2024; Khaerunnisa et al., 2022).

Sejumlah penelitian telah menerapkan model SEIR dalam mengkaji penyebaran TB di berbagai wilayah. Penelitian TB di wilayah Ashanti, Ghana, menggunakan model SEIR dengan mempertimbangkan faktor demografi (Mettle et al., 2020). Hasil penelitian menunjukkan bahwa individu pada tahap terpapar memiliki peran signifikan dalam menentukan keberlangsungan penyakit, sehingga fase laten menjadi komponen penting dalam merepresentasikan dinamika penyebaran TB secara lebih akurat. Das et al. (2021) mengkaji dinamika penyebaran TB menggunakan model epidemiologi SEIR dengan memasukkan faktor demografi untuk merepresentasikan karakteristik biologis TB secara lebih realistis. Nafisah dan Adi (2024) membahas penyebaran TB di Jawa Barat menggunakan model SEIR dengan pendekatan *pseudo-recovery*.

Berdasarkan berbagai penelitian yang telah dilakukan, model SIR dan SEIR banyak digunakan untuk mengkaji dinamika penyebaran TB di berbagai wilayah. Pengembangan dari model SIR ke SEIR memungkinkan representasi yang lebih realistis terhadap proses penularan TB, khususnya dengan memasukkan fase laten penyakit (Fitria et al., 2025). Oleh karena itu, penggunaan model SIR dan SEIR secara komparatif merupakan pendekatan yang relevan dan tepat untuk menganalisis dinamika TB, terutama dalam mengkaji pengaruh keberadaan fase laten serta kondisi kestabilan sistem epidemiologis. Meskipun demikian, kajian yang secara khusus membahas dinamika penyebaran TB di Kota Pontianak dengan menggunakan pendekatan tersebut masih terbatas. Penelitian ini menerapkan model SIR dan SEIR secara komparatif berdasarkan data epidemiologis Kota Pontianak tahun 2024, sehingga pengaruh fase laten terhadap dinamika penularan dan kestabilan sistem dapat dikaji secara lebih sistematis dan kontekstual. Secara khusus, penelitian ini bertujuan untuk menentukan titik-titik keseimbangan sistem, menganalisis kestabilan model, serta menghitung bilangan reproduksi dasar sebagai indikator potensi

penyebaran penyakit. Selain itu, penelitian ini juga ditujukan untuk membandingkan karakteristik dinamika yang dihasilkan oleh model SIR dan SEIR, khususnya terkait pengaruh fase laten, sehingga diperoleh pemahaman yang lebih komprehensif mengenai pola penyebaran TB di Kota Pontianak.

## Metode Penelitian

Penelitian ini menggunakan metode studi literatur sebagai dasar dalam penyusunan dan analisis model matematika penyebaran TB. Studi literatur dilakukan terhadap berbagai penelitian terdahulu yang membahas pemodelan matematika penyakit TB, khususnya yang menggunakan model SIR dan SEIR, baik pada tingkat regional maupun nasional, khususnya pada penelitian Mattle et al (2020) dan Ucakan et al. (2021).

Data yang digunakan pada penelitian ini bersumber dari Profil Kesehatan Kalimantan Barat tahun 2024 yang diterbitkan oleh Dinas Kesehatan Provinsi Kalimantan Barat sebagai sumber data kasus TB dan kependudukan. Data meliputi jumlah kasus TB aktif, jumlah terduga TB, jumlah populasi, serta angka harapan hidup di Kota Pontianak tahun 2024. Berdasarkan hasil studi literatur, model penyebaran penyakit TB diformulasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial biasa yang menggambarkan dinamika populasi rentan (*susceptible*), terinfeksi (*infected*), dan sembuh (*recovered*) untuk model SIR, serta populasi terpapar (*exposed*) untuk model SEIR. Parameter model ditentukan dengan mengacu pada karakteristik epidemi TB serta disesuaikan dengan kondisi demografis Kota Pontianak.

Parameter model pada penelitian ini ditentukan berdasarkan kombinasi data epidemiologis lokal dan asumsi biologis TB yang mengacu pada literatur yang relevan. Laju kelahiran dan kematian alami diasumsikan sama, yang ditentukan berdasarkan angka harapan hidup penduduk Kota Pontianak, yaitu  $\Lambda = \mu = \frac{1}{75,46}$  per tahun. Laju penularan TB, dinotasikan dengan  $\beta$ , diestimasikan berdasarkan rasio jumlah kasus TB aktif terhadap jumlah terduga TB pada tahun 2024. Laju kesembuhan TB, yaitu  $\gamma$ , ditentukan berdasarkan rata-rata periode infeksi TB yang mengacu pada Mattle et al. (2020). Sedangkan laju progresi dari fase laten ke fase infeksi aktif, dinotasikan dengan  $\varepsilon$ , ditentukan berdasarkan rata-rata durasi fase laten TB yang mengacu pada Zahwa et al. (2022).

Selanjutnya, dilakukan analisis titik keseimbangan sistem, yang meliputi penentuan titik keseimbangan bebas penyakit dan titik keseimbangan endemik. Analisis kestabilan lokal di sekitar titik keseimbangan dilakukan menggunakan

pendekatan linearisasi sistem dan analisis nilai Eigen dari matriks Jacobian. Bilangan reproduksi dasar  $R_0$  diturunkan secara analitik menggunakan metode *Next Generation Matrix* sebagai indikator potensi penyebaran penyakit, kemudian dianalisis hubungannya dengan kestabilan sistem.

Untuk mendukung hasil analisis analitik, dilakukan simulasi numerik pada model SIR dan SEIR menggunakan bahasa pemrograman *Python*. Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan data kasus TB dan kependudukan Kota Pontianak tahun 2024 yang bersumber dari Profil Kesehatan Kalimantan Barat. Data tersebut digunakan sebagai dasar penentuan kondisi awal dan parameter simulasi, yang selanjutnya dinormalisasi dalam bentuk proporsi populasi. Kesesuaian antara hasil simulasi numerik dan analisis analitik digunakan sebagai ukuran validitas model, sementara validasi silang dilakukan dengan membandingkan dinamika model SEIR pada kondisi  $e = 0$  terhadap dinamika model SIR.

## Hasil dan Pembahasan

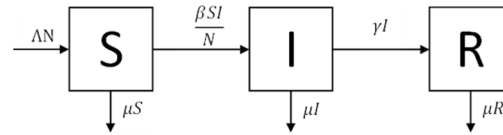
### ***Model SIR***

Model SIR membagi populasi total ke dalam tiga kompartemen, yaitu individu rentan  $S(t)$ , individu terinfeksi  $I(t)$ , dan individu sembuh  $R(t)$ . Populasi diasumsikan bersifat homogen, sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama untuk berinteraksi dengan individu lain tanpa membedakan usia, jenis kelamin, wilayah, tingkat sosial, maupun perilaku. Akibatnya, laju kontak dan peluang penularan dianggap seragam diseluruh populasi, serta proses penularan hanya bergantung pada jumlah individu rentan dan terinfeksi.

Total populasi diasumsikan konstan dan dinyatakan sebagai  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ . Laju kelahiran dan kematian alami diasumsikan sama pada periode tahun 2024, sehingga tidak menyebabkan perubahan jumlah populasi secara keseluruhan. Kelahiran terjadi dengan laju  $\Lambda$  dan individu yang lahir langsung masuk ke dalam kompartemen rentan. Kematian alami terjadi pada seluruh kompartemen dengan laju  $\mu$ . Selain itu, tidak terjadi migrasi masuk maupun keluar dari populasi selama periode pengamatan, yaitu pada tahun 2024.

Penularan TB terjadi melalui kontak efektif antara individu rentan dan individu terinfeksi dengan laju penularan  $\beta$ . Individu terinfeksi dapat sembuh melalui proses pengobatan atau pemulihan dengan laju  $\gamma$  dan selanjutnya berpindah ke kompartemen sembuh. Individu yang telah sembuh diasumsikan memperoleh kekebalan permanen sehingga tidak dapat terinfeksi kembali. Seluruh parameter

model diasumsikan konstan terhadap waktu. Berdasarkan asumsi-asumsi tersebut, dinamika penyebaran TB dalam model SIR dapat direpresentasikan melalui diagram kompartemen berikut.



**Gambar 1.** Diagram Kompartemen Model SIR

Berdasarkan Gambar 1, model SIR dapat direpresentasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinear seperti berikut.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda N - \frac{\beta SI}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (1)$$

dengan  $S(0) \geq 0, I(0) \geq 0$  dan  $R(0) \geq 0$ . Selanjutnya, sistem persamaan (1) dinormalisasikan dengan membagi setiap kompartemen terhadap total populasi  $N$ .

Dengan mendefinisikan variable baru  $s = \frac{S}{N}, i = \frac{I}{N}$ , dan  $r = \frac{R}{N}$ , diperoleh sistem dalam bentuk proporsi populasi. Karena  $s + i + r = 1$ , maka kompartemen  $r$  dapat dinyatakan sebagai  $r = 1 - s - i$ . Akibatnya, sistem persamaan (1) dapat direduksi menjadi sistem persamaan diferensial berikut.

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \Lambda - \beta si - \mu s \\ \frac{di}{dt} = \beta si - (\gamma + \mu)i \end{cases} \quad (2)$$

dengan  $r = 1 - s - i$ .

### **Bilangan Reproduksi Dasar ( $R_0$ )**

Penentuan bilangan reproduksi dasar  $R_0$  dilakukan dengan pendekatan *Next Generation Matrix*, dengan kompartemen yang berperan sebagai kelas terinfeksi adalah  $I$ . Laju munculnya infeksi baru yang berasal dari individu terinfeksi dinyatakan oleh matriks  $F$ , sedangkan laju keluarnya individu dari kelas terinfeksi akibat proses kesembuhan dan kematian alami dinyatakan oleh matriks  $V$  (Van Den Driessche & Watmough, 2002). Berdasarkan sistem persamaan (2), diperoleh  $F = [\beta]$  dan  $V = [\gamma + \mu]$ , sehingga invers dari matriks  $V$  adalah  $V^{-1} = \frac{1}{\gamma + \mu}$ . Akibatnya diperoleh bilangan reproduksi dasar model SIR adalah  $R_0 = FV^{-1} = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$ .

### **Titik Keseimbangan Model SIR**

Titik keseimbangan pada suatu sistem dinamik merupakan kondisi ketika seluruh

variabel keadaan tidak mengalami perubahan terhadap waktu, yang ditandai dengan laju perubahan bernilai nol, sehingga sistem berada pada keadaan tetap (Perko, 2001). Pada sistem persamaan (2), titik kesetimbangan ditentukan dengan mensyaratkan seluruh turunan waktu bernilai nol, yaitu tidak terjadi perubahan pada jumlah individu rentan ( $s$ ) dan individu terinfeksi ( $i$ ) terhadap waktu, sehingga diperoleh:

$$\frac{ds}{dt} = \frac{di}{dt} = 0 \quad (3)$$

Berdasarkan kondisi tersebut, diperoleh dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit ( $E_0$ ) dan titik kesetimbangan endemik ( $E_1$ ).

#### **Titik Kesetimbangan Bebas Penyakit**

Titik kesetimbangan bebas penyakit ( $E_0$ ) menggambarkan kondisi populasi tanpa adanya individu terinfeksi, sehingga variabel terinfeksi memenuhi  $i = 0$ . Dengan mensubstitusikan kondisi tersebut ke dalam sistem persamaan (2) serta menerapkan syarat pada persamaan (3), diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit ( $E_0$ ).

Untuk  $\frac{ds}{dt} = 0$  jika dan hanya jika  $\Lambda - \beta si - \mu s = 0$ , dan dengan memperhatikan  $i = 0$ , persamaan tersebut tereduksi menjadi  $\Lambda - \mu s = 0$ . Akibatnya diperoleh  $s = \frac{\Lambda}{\mu}$ . Pada model diasumsikan bahwa laju kelahiran sama dengan laju kematian, yaitu  $\Lambda = \mu$ , sehingga diperoleh  $s = 1$ . Dengan demikian, diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit dinyatakan sebagai  $(E_0) = (s, i) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0\right) = (1, 0)$ .

#### **Titik Kesetimbangan Endemik**

Titik kesetimbangan endemik ( $E_1$ ) =  $(s^*, i^*)$  merepresentasikan kondisi ketika penyakit tetap bertahan didalam populasi, yang ditandai dengan adanya individu terinfeksi, yaitu  $i \neq 0$ , dimana  $s^*$  dan  $i^*$  secara berturut-turut menyatakan jumlah individu rentan, dan terinfeksi pada saat kasus endemik. Dengan mensyaratkan seluruh turunan waktu bernilai nol sebagaimana pada persamaan (3) dan mensubstitusikannya ke dalam sistem persamaan (2), maka diperoleh titik kesetimbangan endemik.

Diketahui  $\frac{di}{dt} = \beta si - (\gamma + \mu)i = 0$ . Karena  $i \neq 0$ , maka diperoleh  $\beta s - (\gamma + \mu) = 0$ , sehingga  $s^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta}$ . Dengan mensubstitusikan  $s = s^* = \frac{\gamma + \mu}{\beta}$  ke persamaan  $\frac{ds}{dt} = \Lambda - \beta si - \mu s = 0$  dapat diperoleh  $i^* = \frac{\Lambda}{(\gamma + \mu)} - \frac{\mu}{\beta}$ . Akibatnya titik

kesetimbangan endemik dapat dinyatakan sebagai:  $(E_1) = (s^*, i^*) = \left( \frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\beta \Lambda - \mu(\gamma + \mu)}{\beta(\gamma + \mu)} \right)$ .

### ***Analisa Kestabilan Titik Kesetimbangan***

Analisis kestabilan titik kesetimbangan dilakukan untuk mengetahui perilaku solusi sistem dinamik di sekitar titik kesetimbangan yang diperoleh. Secara umum, analisis ini bertujuan untuk menentukan apakah solusi sistem akan kembali menuju titik kesetimbangan ketika terjadi gangguan kecil, atau justru menjauhi titik tersebut (Wiggins, 2003).

Pada sistem persamaan diferensial non-linear, analisis kestabilan lokal umumnya dilakukan dengan melinearisasi sistem di sekitar titik kesetimbangan menggunakan matriks Jacobian. Nilai Eigen dari matriks Jacobian tersebut kemudian dianalisis untuk menentukan sifat kestabilan titik kesetimbangan. Jika seluruh nilai Eigen memiliki bagian real negatif, maka titik kesetimbangan bersifat stabil asimtotik lokal. Sebaliknya, jika terdapat nilai Eigen dengan bagian real positif, maka titik kesetimbangan tersebut bersifat tidak stabil. Apabila nilai Eigen memiliki bagian real nol, diperlukan analisis lanjutan untuk menentukan sifat kestabilannya (Verhulst, 2000).

Analisis kestabilan di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit  $E_0$  dilakukan dengan melinearisasi sistem persamaan (2) menggunakan matriks Jacobian. Selanjutnya, titik kesetimbangan  $E_0$  disubstitusikan ke dalam matriks Jacobian sehingga diperoleh matriks  $J(E_0) = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - (\gamma + \mu) \end{bmatrix}$ . Sifat kestabilan titik kesetimbangan ditentukan melalui nilai Eigen dari matriks  $J(E_0)$  dengan menyelesaikan persamaan karakteristik  $|J(E_0) - \lambda I| = 0$ .

Karena matriks  $J(E_0)$  berbentuk segitiga atas, nilai Eigennya langsung diberikan oleh elemen diagonal, yaitu  $\lambda_1 = -\mu$  dan  $\lambda_2 = \beta - (\gamma + \mu)$ . Nilai Eigen pertama akan selalu bernilai negatif karena  $\mu > 0$ . Sementara itu, tanda nilai Eigen kedua ditentukan oleh hubungan antara  $\beta$  dan  $\gamma + \mu$ . Jika  $\beta < \gamma + \mu$  atau setara dengan  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu} < 1$ , maka  $\lambda_2 < 0$  sehingga titik kesetimbangan bebas penyakit  $E_0$  bersifat stabil asimtotik lokal. Secara epidemiologis, kondisi  $R_0 < 1$  menunjukkan penyakit TB tidak akan bertahan dalam populasi.

Analisis kestabilan di sekitar titik kesetimbangan endemik  $E_1$  dilakukan dengan pendekatan yang sama, yaitu melalui linearisasi sistem persamaan (2) menggunakan matriks Jacobian. Matriks Jacobian umum dari sistem SIR dinyatakan

sebagai  $J(E_1) = \begin{bmatrix} \frac{-\beta\Lambda}{(\gamma+\mu)} & -\gamma - \mu \\ \frac{\beta\Lambda - \mu(\gamma+\mu)}{(\gamma+\mu)} & 0 \end{bmatrix}$ . Sifat kestabilan titik kesetimbangan endemik

ditentukan dengan menganalisis nilai Eigen dari matriks  $J(E_1)$ , yang diperoleh dari penyelesaian persamaan karakteristik  $|J(E_0) - \lambda I| = 0$ . Dari persamaan tersebut diperoleh persamaan karakteristik berikut.

$$\lambda^2 + \frac{\beta\Lambda}{(\gamma+\mu)}\lambda + \beta\Lambda - \mu(\gamma + \mu) = 0 \quad (4)$$

Berdasarkan kriteria Routh–Hurwitz, titik kesetimbangan endemik  $E_1$  bersifat stabil asimtotik lokal apabila seluruh koefisien pada persamaan karakteristik bernilai positif, yaitu apabila memenuhi kondisi  $\frac{\beta\Lambda}{\gamma+\mu} > 0$  dan  $\beta\Lambda - \mu(\gamma + \mu) > 0$ .

Syarat pertama, yaitu  $\frac{\beta\Lambda}{\gamma+\mu} > 0$ , akan terpenuhi karena parameter model bernilai positif. Sedangkan syarat kedua, yaitu  $\beta\Lambda - \mu(\gamma + \mu) > 0$  ekuivalen dengan  $\frac{\Lambda\beta}{\mu(\gamma+\mu)} > 1$ , dan karena diasumsikan  $\Lambda = \mu$ , syarat tersebut tereduksi menjadi  $\frac{\beta}{\gamma+\mu} >$

1. Dimana,  $\frac{\beta}{\gamma+\mu} > 1$  ekuivalen dengan  $R_0 > 1$ . Dengan demikian, titik kesetimbangan endemik  $E_1$  bersifat stabil asimtotik lokal jika dan hanya jika  $R_0 > 1$ . Secara epidemiologis, kondisi  $R_0 > 1$  menunjukkan penyakit TB akan bertahan dalam populasi.

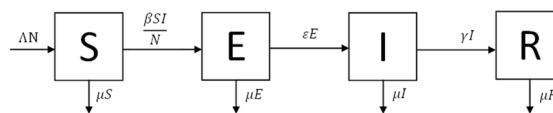
Hasil analitik pada model SIR memberikan gambaran dasar mengenai dinamika penyebaran TB serta peran bilangan reproduksi dasar  $R_0$  dalam menentukan kestabilan sistem. Namun, karakteristik biologis TB menunjukkan bahwa proses penularan penyakit tidak serta-merta menghasilkan infeksi aktif, melainkan diawali oleh fase laten, dimana individu telah terinfeksi *Mycobacterium Tuberculosis* tetapi belum menunjukkan gejala klinis dan belum menularkan penyakit. Untuk merepresentasikan karakteristik tersebut secara lebih realistis, model epidemiologis dikembangkan dengan menambahkan kompartemen terpapar (*exposed*), yang membentuk model *Susceptible–Exposed–Infected–Recovered* (SEIR).

### **Model SEIR**

Pada model ini, populasi dibagi ke dalam empat kompartemen, yaitu individu rentan  $S(t)$ , individu terpapar atau laten  $E(t)$ , individu terinfeksi  $I(t)$ , dan individu sembuh  $R(t)$ . Populasi diasumsikan bersifat homogen dengan total populasi konstan, sehingga memenuhi persamaan  $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$ . Penularan TB terjadi melalui kontak efektif antara individu rentan dan individu terinfeksi dengan

laju penularan  $\beta$ . Individu yang terinfeksi *Mycobacterium Tuberculosis* tidak langsung menjadi infeksius, tetapi terlebih dahulu memasuki fase laten dan berpindah dari kompartemen  $S$  ke  $E$ . Selanjutnya, individu pada kompartemen terpapar berpindah ke kompartemen terinfeksi dengan laju  $\varepsilon$ , yang merepresentasikan berakhirnya masa laten. Individu terinfeksi kemudian sembuh dengan laju  $\gamma$  dan berpindah ke kompartemen sembuh. Individu yang telah sembuh diasumsikan memperoleh kekebalan permanen sehingga tidak dapat terinfeksi kembali.

Kematian alami terjadi pada seluruh kompartemen dengan laju yang sama, yaitu  $\mu$ , dan laju kelahiran diasumsikan sama dengan laju kematian, sehingga ukuran populasi tetap. Dengan demikian, berdasarkan asumsi-asumsi tersebut, model SEIR dapat direpresentasikan melalui diagram kompartemen berikut.



**Gambar 2.** Diagram kompartemen model SIR

Berdasarkan Gambar 2, model SEIR dapat direpresentasikan dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinear seperti berikut.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda N - \frac{\beta SI}{N} - \mu S \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - (\varepsilon + \mu)E \\ \frac{dI}{dt} = \varepsilon E - (\gamma + \mu)I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (5)$$

dengan  $S(0) \geq 0$ ,  $E(0) \geq 0$ ,  $I(0) \geq 0$ , dan  $R(0) \geq 0$ . Untuk memudahkan analisis selanjutnya, sistem persamaan (5) dinormalisasikan dengan membagi setiap kompartemen terhadap total populasi  $N$ . Dengan mendefinisikan variable baru  $s =$

$\frac{S}{N}$ ,  $e = \frac{E}{N}$ ,  $i = \frac{I}{N}$ ,  $r = \frac{R}{N}$ , maka sistem dinyatakan dalam bentuk proporsi populasi.

Karena total proporsi populasi memenuhi  $s + e + i + r = 1$ , kompartemen  $r$  dapat dinyatakan sebagai  $r = 1 - s - e - i$ . Akibatnya, diperoleh sistem persamaan SEIR yang direduksi sebagai berikut.

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \Lambda - \beta si - \mu s \\ \frac{de}{dt} = \beta si - (\varepsilon + \mu)e \\ \frac{di}{dt} = \varepsilon e - (\gamma + \mu)i \end{cases} \quad (6)$$

dengan  $r = 1 - s - e - i$ .

### **Bilangan Reproduksi Dasar ( $R_0$ )**

Bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ) pada model SEIR ditentukan dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Kompartemen yang berperan dalam proses infeksi adalah kompartemen terpapar atau laten  $E$  dan terinfeksi  $I$ . Laju munculnya infeksi baru dinyatakan oleh matriks  $F = \begin{bmatrix} 0 & \beta \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$ , sedangkan laju perpindahan individu

keluar dari kompartemen terpapar dan terinfeksi dinyatakan oleh matriks  $V = \begin{bmatrix} \varepsilon + \mu & 0 \\ -\varepsilon & \gamma + \mu \end{bmatrix}$ .

Invers dari matriks  $V$  diberikan oleh  $V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\varepsilon + \mu} & 0 \\ \frac{\varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} & \frac{1}{\gamma + \mu} \end{bmatrix}$ . Akibatnya

dapat diperoleh *Next Generation Matrix* sebagai  $F \cdot V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{\beta \varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} & \frac{\beta}{\gamma + \mu} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}$ .

Bilangan reproduksi dasar  $R_0$  ditentukan sebagai jari-jari spectral dari matriks  $FV^{-1}$ , yaitu:  $R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{\beta \varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)}$ . Nilai  $R_0$  tersebut merepresentasikan rata-rata jumlah kasus infeksi sekunder yang dihasilkan oleh satu individu terinfeksi dalam populasi yang seluruhnya rentan dengan mempertimbangkan keberadaan fase laten pada penyakit TB.

### **Titik Keseimbangan Model SEIR**

Titik keseimbangan pada model SEIR didefinisikan sebagai keadaan sistem ketika variabel keadaan tidak mengalami perubahan terhadap waktu. Secara matematis, kondisi ini dicapai ketika seluruh turunan waktu bernilai nol. Berdasarkan sistem persamaan SEIR ternormalisasi (6), titik keseimbangan ditentukan dengan mensyaratkan:

$$\frac{ds}{dt} = \frac{de}{dt} = \frac{di}{dt} = 0 \quad (7)$$

Berdasarkan kondisi tersebut, diperoleh dua titik keseimbangan, yaitu titik keseimbangan bebas penyakit ( $E_0$ ) dan titik keseimbangan endemik ( $E_1$ ).

### **Titik Keseimbangan Bebas Penyakit**

Titik keseimbangan bebas penyakit  $E_0$  menggambarkan kondisi ketika tidak terdapat individu terinfeksi dalam populasi. Pada kondisi ini, kompartemen terpapar dan terinfeksi memenuhi  $e = 0$  dan  $i = 0$ . Substitusi kondisi tersebut ke sistem persamaan (6) dengan mensyaratkan persamaan (7), diperoleh:  $\frac{ds}{dt} = \Lambda - \mu s = 0$

atau  $s = \frac{\Lambda}{\mu}$ . Dengan mengasumsikan laju kelahiran sama dengan laju kematian, yaitu

$\Lambda = \mu$ , dapat diperoleh  $s = 1$ . Akibatnya, titik kesetimbangan bebas penyakit pada model SEIR dapat dinyatakan sebagai  $E_0 = (s, e, i) = (1, 0, 0)$ .

### **Titik Kesetimbangan Endemik**

Titik kesetimbangan endemik  $E_1 = (s^*, e^*, i^*)$  menggambarkan kondisi ketika penyakit tetap bertahan dalam populasi, yang ditandai dengan adanya individu terpapar dan terinfeksi, yaitu  $e \neq 0$  dan  $i \neq 0$ . Dengan mensyaratkan persamaan (7) dan menyelesaikan sistem persamaan (6) diperoleh titik kesetimbangan endemik model SEIR sebagai  $E_1 = (s^*, e^*, i^*) = \left( \frac{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)}{\beta \varepsilon}, \frac{\Lambda \beta \varepsilon - \mu(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)}{\beta \varepsilon(\varepsilon + \mu)}, \frac{\Lambda \beta \varepsilon - \mu(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)}{\beta(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} \right)$

### **Analisa Kestabilan Titik Kesetimbangan**

Analisis kestabilan pada model SEIR dilakukan dengan melinearisasikan sistem persamaan diferensial di sekitar titik kesetimbangan menggunakan matriks Jacobian. Sifat kestabilan ditentukan berdasarkan tanda bagian real dari nilai Eigen matriks Jacobian yang dievaluasi pada titik kesetimbangan.

Matriks Jacobian umum dapat ditentukan dari sistem persamaan (6) sebagai berikut.

$$J(s, e, i) = \begin{bmatrix} -\beta i - \mu & 0 & -\beta s \\ \beta i & -(\varepsilon + \mu) & \beta s \\ 0 & \varepsilon & -(\gamma + \mu) \end{bmatrix} \quad (8)$$

Analisis kestabilan di sekitar titik kesetimbangan bebas penyakit  $E_0$  dapat dilakukan dengan mensubstitusikan  $E_0$  ke dalam matriks Jacobian (8), sehingga diperoleh

$$J(E_0) = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & -\beta \\ 0 & -(\varepsilon + \mu) & \beta \\ 0 & \varepsilon & -(\gamma + \mu) \end{bmatrix}.$$

Nilai Eigen diperoleh dari persamaan karakteristik  $|J(E_0) - \lambda I| = 0$ , yang menghasilkan satu nilai  $\lambda_1 = -\mu < 0$ . Selain itu, diperoleh dua nilai Eigen lain dari submatriks  $\begin{vmatrix} -(\varepsilon + \mu) - \lambda & \beta \\ \varepsilon & -(\gamma + \mu) - \lambda \end{vmatrix} = 0$ , yang menghasilkan persamaan karakteristik  $\lambda^2 + (\varepsilon + \gamma + 2\mu)\lambda + (\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) - \beta\varepsilon = 0$ . Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz, kedua nilai Eigen tersebut memiliki bagian real negatif jika dan hanya jika  $(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu) - \beta\varepsilon > 0$ , yang ekuivalen dengan  $R_0 = \frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} < 1$ . Dengan demikian, titik kesetimbangan bebas penyakit  $E_0$  bersifat stabil asimtotik lokal apabila  $R_0 < 1$ , dan menjadi tidak stabil ketika  $R_0 > 1$ .

Analisis kestabilan lokal di sekitar titik kesetimbangan endemik  $E_1$  dilakukan

dengan mensubstitusikan titik tersebut ke dalam matriks Jacobian (8), sehingga

diperoleh  $J(E_1) = \begin{bmatrix} -\beta i^* - \mu & 0 & -\beta s^* \\ \beta i^* & -(\varepsilon + \mu) & \beta s^* \\ 0 & \varepsilon & -(\gamma + \mu) \end{bmatrix}$ . Adapun nilai Eigen matriks

$J(E_1)$  ditentukan dari penyelesaian persamaan karakteristik  $|J(E_1) - \lambda I| = 0$ , yang menghasilkan polinomial orde tiga:  $\lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 = 0$ , dengan:

$$a_1 = \varepsilon + \gamma + 3\mu + \beta i^*,$$

$$a_2 = \beta \varepsilon i^* + 2\beta \mu i^* + 2\varepsilon \mu + 3\mu^2 + \beta \gamma i^* + 2\gamma \mu + \varepsilon \gamma - \varepsilon \beta s^*, \text{ dan}$$

$$a_3 = \varepsilon \gamma \beta i^* + \varepsilon \mu \beta i^* + \gamma \mu \beta i^* + \mu^2 \beta i^* + \varepsilon \gamma \mu + \varepsilon \mu^2 + \gamma \mu^2 + \mu^3 - \mu \varepsilon \beta s^*.$$

Berdasarkan kriteria Routh–Hurwitz, titik kesetimbangan endemik  $E_1$  bersifat stabil asimtotik lokal apabila seluruh koefisien pada persamaan karakteristik bernilai positif, yaitu apabila memenuhi kondisi  $a_1, a_3 > 0$  dan  $a_2 a_1 > a_3$ . Karena seluruh parameter biologis bernilai positif, maka titik kesetimbangan endemik eksis ketika  $R_0 = \frac{\beta \varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(\gamma + \mu)} > 1$ . Oleh karena itu, titik kesetimbangan endemik  $E_1$  bersifat stabil asimtotik lokal ketika  $R_0 > 1$ .

Analisis kestabilan model SEIR menunjukkan bahwa bilangan reproduksi dasar  $R_0$  berperan sebagai parameter ambang. Jika  $R_0 < 1$ , sistem menuju titik kesetimbangan bebas penyakit  $E_0$  yang stabil. Sebaliknya, jika  $R_0 > 1$ , titik kesetimbangan bebas penyakit menjadi tidak stabil dan sistem akan menuju titik kesetimbangan endemik  $E_1$  yang stabil, yang merepresentasikan keberlangsungan penyakit TB dalam populasi.

### **Simulasi Numerik**

Berdasarkan hasil analisis analitik yang telah dilakukan pada model SIR dan SEIR, diperoleh gambaran teoretis mengenai dinamika penyebaran TB serta kestabilan titik-titik kesetimbangannya yang sangat dipengaruhi oleh nilai bilangan reproduksi dasar ( $R_0$ ). Meskipun demikian, analisis analitik belum sepenuhnya menggambarkan perilaku dinamika populasi dari waktu ke waktu secara kuantitatif. Untuk itu, perlu dilakukan simulasi numerik sebagai ilustrasi dinamika penyebaran TB berdasarkan model SIR dan SEIR menggunakan data kasus TB di Kota Pontianak tahun 2024. Penyelesaian sistem persamaan diferensial dilakukan secara numerik dengan memanfaatkan bahasa pemrograman Python.

Nilai parameter model ditentukan berdasarkan asumsi biologis penyakit TB dan data kependudukan yang relevan. BData kependudukan Kalimantan Barat tahun 2024 menunjukkan angka harapan hidup adalah 75,46/ tahun. Akibatnya, jika laju kelahiran alami dan laju kematian alami diasumsikan sama, yaitu  $\Lambda = \mu =$

$\frac{1}{\text{angka harapan hidup}}$ , diperoleh  $\Lambda = \mu = \frac{1}{75,46/\text{tahun}} = \frac{1}{75,46 \times 12 \times 4} \approx 0,0003/\text{minggu}$ .

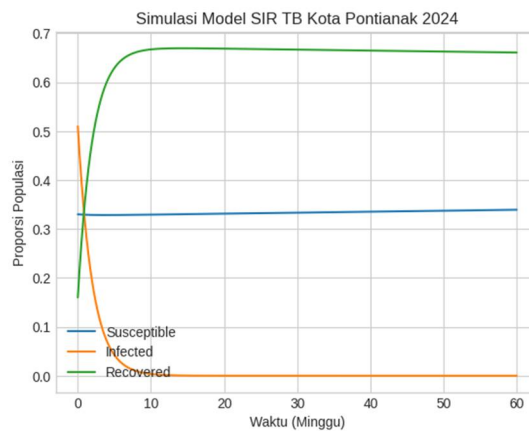
Laju penularan ditentukan berdasarkan rasio kontak efektif terhadap total kontak, yaitu  $\beta = \frac{\text{Kasus TB}}{\text{jumlah terduga TB}} = \frac{2.942}{7.198} \approx 0,4087/\text{tahun} \approx 0,008/\text{minggu}$ . Laju

kesembuhan ditentukan dari rata-rata periode infeksi TB selama dua minggu, yaitu  $\gamma = \frac{1}{\text{periode infeksi}} = \frac{1}{2} = 0,5$ . Adapun laju progresi dari fase laten menuju fase infeksi

aktif diasumsikan sebesar yang merepresentasikan rata-rata durasi fase laten selama enam minggu, yaitu  $\varepsilon = \frac{1}{\text{rata-rata periode terpapar}} = \frac{1}{6} \approx 0,1667$ .

Kondisi awal simulasi ditentukan berdasarkan data TB dan kependudukan Kota Pontianak tahun 2024, dengan jumlah populasi total sebesar  $N = 5.760$  jiwa. Populasi awal pada masing-masing kompartemen ditetapkan sebagai  $S = 1.911$ ,  $I = 2.942$ , dan  $R = 907$ . Untuk model SEIR, jumlah individu pada fase laten  $E$  tidak tersedia secara langsung dalam data, sehingga ditentukan melalui pendekatan asumsi nilai fase laten  $E$  yang bervariasi. Selanjutnya, sistem dinormalisasi ke dalam bentuk proporsi populasi dengan mendefinisikan  $s = \frac{S}{N}$ ,  $e = \frac{E}{N}$ ,  $i = \frac{I}{N}$ , dan  $r = \frac{R}{N}$ , sehingga diperoleh nilai awal simulasi  $s(0) = 0,33$ ,  $e(0) =$  asumsi,  $i(0) = 0,51$ , dan  $r(0) = 0,16$ .

Melalui simulasi numerik ini, dinamika perubahan setiap kompartemen pada model SIR dan SEIR dapat diamati dan dibandingkan, khususnya untuk melihat pengaruh keberadaan fase laten terhadap pola penyebaran TB di Kota Pontianak, seperti pada Gambar 3 berikut.



**Gambar 3.** Dinamika Populasi Model SIR Kasus TB di Pontianak Tahun 2024

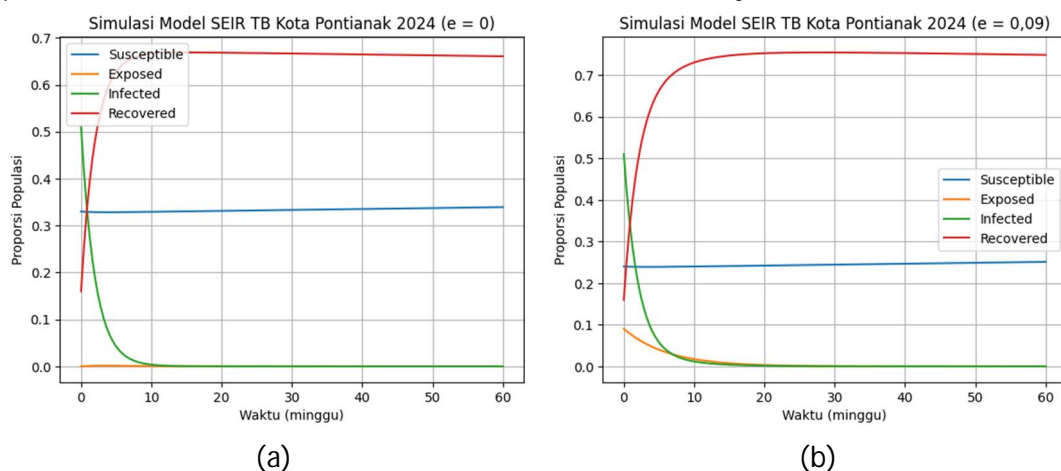
Gambar 3 menunjukkan proporsi individu terinfeksi  $i(t)$  mengalami penurunan

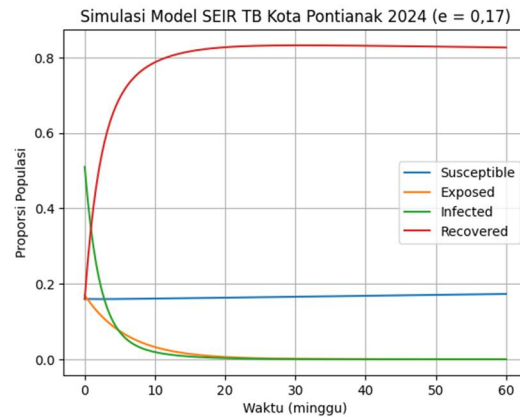
yang sangat cepat sejak minggu-minggu awal dan mendekati nol sebelum minggu ke-10. Hal ini mengindikasikan bahwa dengan nilai parameter yang digunakan, infeksi tidak mampu mempertahankan penyebarannya dalam populasi.

Seiring dengan menurunnya proporsi individu terinfeksi menuju nol, sistem bergerak menuju keadaan bebas penyakit. Pada akhir periode simulasi atau pada minggu ke-60 proporsi individu rentan sebesar 0,3393, sedangkan proporsi individu sembuh meningkat menjadi 0,6607. Hal ini menunjukkan sebagian besar populasi berpindah ke kompartemen sembuh akibat tingginya proporsi awal individu terinfeksi, sementara sisa populasi berada pada kompartemen rentan dalam kondisi tanpa penyebaran infeksi lebih lanjut.

Kondisi tersebut konsisten dengan nilai bilangan reproduksi dasar yang diperoleh, yaitu  $R_0 = 0,016 < 1$ . Nilai ini menunjukkan bahwa setiap satu individu terinfeksi, secara rata-rata hanya menularkan penyakit kepada 0,016 individu lainnya. Dengan demikian, infeksi tidak dapat mempertahankan keberlangsungannya dalam populasi, sehingga secara matematis sistem akan menuju dan menetap pada titik kesetimbangan bebas penyakit yang stabil asimtotik lokal.

Secara umum, hasil simulasi numerik menunjukkan bahwa dinamika sistem cenderung konvergen menuju keadaan bebas penyakit. Penurunan proporsi individu terinfeksi yang konsisten pada berbagai kondisi awal menegaskan bahwa penyebaran TB dalam model tidak berkelanjutan pada parameter yang digunakan. Dengan demikian, dinamika sistem mengarah pada eliminasi infeksi dalam jangka panjang, sementara populasi menetap pada distribusi akhir antara individu rentan dan sembuh. Selain simulasi numerik pada model SIR, simulasi numerik dilakukan pula pada model SEIR. Hasil simulasi numerik model SEIR ditunjukkan oleh Gambar 4.





(c)

**Gambar 4.** Dinamika Populasi Model SEIR Kasus TB di Pontianak Tahun 2024

Gambar 4 menunjukkan dinamika populasi model SEIR kasus TB di kota Pontianak tahun 2024 untuk tiga variasi nilai laju progresi dari fase laten ke fase infeksi aktif. Kasus pertama (Gambar 4 (a)) dengan populasi  $S = 1.911$ ,  $E = 0$ ,  $I = 2.942$ , dan  $R = 907$ , ekuivalen dengan model SIR karena tidak terdapat individu pada kompartemen laten. Proporsi individu terinfeksi menurun sangat cepat dan mendekati nol sebelum minggu ke-10. Kompartemen sembuh meningkat secara tajam hingga mencapai nilai akhir sekitar  $r = 0,6607$ , sedangkan proporsi rentan tersisa sekitar  $s = 0,3393$ . Tidak adanya fase laten menyebabkan dinamika infeksi langsung ditentukan oleh interaksi antara kompartemen rentan dan terinfeksi. Hasil simulasi numerik pada kasus ini sama dengan hasil simulasi numerik model SIR.

Kasus kedua (Gambar 4 (b)), diberikan jumlah populasi  $S = 1.411$ ,  $E = 500$ ,  $I = 2.942$ , dan  $R = 907$ . Dengan adanya individu pada fase laten, terjadi fase transisi sebelum infeksi aktif sepenuhnya menurun. Kompartemen *exposed* semakin turun menuju nol. Proporsi terinfeksi tetap mengalami penurunan cepat, namun dinamika awal sedikit lebih landai dibanding pada kasus pertama. Pada akhir simulasi diperoleh keadaan bebas penyakit dengan distribusi populasi berbeda, di mana proporsi sembuh lebih tinggi dan proporsi rentan lebih rendah dibanding kasus sebelumnya. Dengan nilai akhir proporsi untuk populasi rentan menjadi 0,2513 dan proporsi populasi sembuh menjadi 0,7487.

Kasus ketiga (Gambar 4 (c)), diberikan jumlah populasi  $S = 911$ ,  $E = 1.000$ ,  $I = 2.942$ , dan  $R = 907$ . Ketika jumlah awal individu laten lebih besar, dinamika awal menunjukkan kontribusi fase laten yang lebih dominan terhadap pembentukan infeksi aktif. Meskipun demikian, proporsi terinfeksi tetap menurun menuju nol tanpa menunjukkan kestabilan endemik. Nilai akhir simulasi menunjukkan  $s = 0,1733$ ,

$e = 0$ , dan  $r = 0,8267$ . Proporsi sembuh menjadi paling tinggi pada kasus ini karena lebih banyak individu yang melalui fase laten dan akhirnya sembuh.

Secara keseluruhan, ketiga kasus menunjukkan pola yang konsisten, yaitu kompartemen terinfeksi dan laten akhirnya menuju nol, sehingga sistem mencapai keadaan bebas penyakit. Variasi nilai awal kompartemen laten hanya mempengaruhi dinamika transien dan distribusi akhir antara kompartemen rentan dan sembuh, namun tidak mengubah sifat jangka panjang sistem yang menuju eliminasi infeksi.

Perbedaan nilai awal  $e(0)$  memengaruhi distribusi akhir antara kompartemen rentan dan sembuh, tetapi tidak mengubah sifat kestabilan sistem. Dengan kata lain, selama  $R_0 < 1$ , titik kesetimbangan bebas penyakit tetap stabil dan infeksi akan menghilang dari populasi, terlepas dari variasi awal pada kompartemen laten. Secara keseluruhan, hasil simulasi numerik untuk model SIR dan model SEIR mendukung hasil analisis kestabilan bahwa ketika  $R_0 < 1$ , sistem akan menuju titik kesetimbangan bebas penyakit dan infeksi secara bertahap menghilang dari populasi

## Kesimpulan

Kajian terhadap dinamika penyebaran TB di Kota Pontianak tahun 2024 melalui model SIR dan SEIR dengan analisis kestabilan dan simulasi numerik sebagai pendekatan utama, menunjukkan bahwa nilai bilangan reproduksi dasar pada kedua model kurang dari satu. Akibatnya, secara matematis sistem tidak mendukung keberlangsungan transmisi penyakit dalam jangka panjang. Simulasi numerik memperlihatkan bahwa proporsi individu terinfeksi dan terpapar menurun secara konsisten hingga mendekati nol, sedangkan sistem menuju keadaan bebas penyakit. Perbedaan struktur antara model SIR dan SEIR hanya memengaruhi dinamika transien pada fase awal, namun tidak mengubah sifat kestabilan akhir sistem. Selain itu, hasil simulasi numerik untuk kondisi  $e = 0$  pada model SEIR menghasilkan dinamika yang identik dengan model SIR, yang menegaskan bahwa model SEIR merupakan perluasan dari model SIR ketika kompartemen laten tidak terlibat.

Meskipun hasil analisis secara matematis mengarah pada kondisi bebas penyakit, keadaan ini tidak berarti bahwa pengendalian TB di Kota Pontianak dapat diabaikan. Nilai  $R_0$  yang diperoleh mengindikasikan bahwa kondisi tersebut sangat bergantung pada parameter laju penularan  $\beta$  dan laju kesembuhan  $\gamma$ . Upaya pengendalian TB dapat diarahkan dengan menekan laju penularan melalui peningkatan deteksi dini, penguatan program DOTS (*Directly Observed Treatment Shortcourse*) untuk penyembuhan TB, dan edukasi masyarakat mengenai penularan TB, serta

meningkatkan laju kesembuhan melalui optimalisasi akses dan kepatuhan pengobatan TB. Selain itu, keberadaan kompartemen *Exposed* (E) pada model SEIR menunjukkan bahwa individu yang berada pada fase laten berpotensi menjadi sumber penularan di masa mendatang apabila tidak ditangani, sehingga skrining aktif terhadap kelompok yang telah terpapar namun belum menunjukkan gejala klinis perlu menjadi prioritas dalam kebijakan pengendalian TB di Kota Pontianak.

Dengan demikian, pendekatan pemodelan matematika yang digunakan dalam penelitian ini dapat menjadi kerangka analisis kuantitatif yang berguna bagi pengambilan kebijakan dalam merancang intervensi pengendalian TB yang lebih tepat sasaran dan berbasis data. Model yang digunakan masih dapat dikembangkan dengan menambahkan kompartemen yang merepresentasikan kematian akibat TB, program vaksin, serta tingkat efektivitas pengobatan, sehingga dinamika penyebaran TB di Kota Pontianak dapat dimodelkan secara lebih realistis dan memberikan gambaran yang lebih komprehensif bagi pengambil kebijakan.

## Daftar Pustaka

- Adi, Y. A., & Suparman. (2024). An Investigation of Susceptible – Exposed – Infectious – Recovered (SEIR) Tuberculosis Model Dynamics with Pseudo-Recovery and Psychological Effect. *Healthcare Analytics*, 6(May), 1-9. <https://doi.org/10.1016/j.health.2024.100361>
- Amin, K., Oktafianto, K., & Arifin, A. Z. (2018). Model Dinamik Penyakit Tuberculosis di Kabupaten Tuban Menggunakan SIR. *Prosiding Seminar Nasional Hasil Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat III Universitas PGRI Ronggolawe Tuban*, 438-441. [https://prosiding.unirow.ac.id/index.php/SNasPPM/article/download/163/224?\\_cf\\_chl\\_tk=rp4FpBIFZGESYEnpv2hOfok9R1hOLLI9uLCBZCYvJS4-1780410238-1.0.1.1-Q5XodV\\_F0\\_xswb0i9zdME50qXNCoJBWPjrBnA1CKt9E](https://prosiding.unirow.ac.id/index.php/SNasPPM/article/download/163/224?_cf_chl_tk=rp4FpBIFZGESYEnpv2hOfok9R1hOLLI9uLCBZCYvJS4-1780410238-1.0.1.1-Q5XodV_F0_xswb0i9zdME50qXNCoJBWPjrBnA1CKt9E)
- Bahari, M. F., Himayati, A. I. A., Putra, M. A. J. D., & Indrayani, P. (2021). Susceptible-Infected-Recovered Epidemic Model on the Spread of Tuberculosis Disease in Central Java. *The 8th International Conference on Public Health*, 1069–1075. <https://doi.org/10.26911/ICPHmanagement.FP.08.2021.20>
- Bahari, M. F., Lillah, S. S., Zahra, A., & Sari, M. P. (2023). Model SIR untuk Penyebaran Tuberculosis di Kabupaten Jepara. *Jurnal Ilmu Komputer dan Matematika*, 4(2), 37–43. <https://doi.org/10.26751/jikoma.v4i2.1981>
- Das, K., Murthy, B. S. N., Samad, S. A., & Biswas, M. H. A. (2021). Mathematical Transmission Analysis of SEIR Tuberculosis Disease Model. *Sensors International*, 2(June), 1-11. <https://doi.org/10.1016/j.sintl.2021.100120>
- Dinas Kesehatan, P. K. B. (2023). *Profil Kesehatan Kalimantan Barat Tahun 2023*.

- <https://datacloud.kalbarprov.go.id/index.php/s/YC82g3D5tcjCwDN>  
Dinas Kesehatan, P. K. B. (2024). *Profil Kesehatan Kalimantan Barat Tahun 2024*.  
<https://datacloud.kalbarprov.go.id/index.php/s/6RBkryNNtHG2S59>
- Fitra, M. R. A., Auzi, S., Jehian, N. T., & Niska, D. Y. (2025). Pengembangan Model Simulasi Penyebaran Wabah Penyakit Menular Menggunakan Metode SEIR dan SIR. *JATI: Jurnal Mahasiswa Teknik Informatika*, 9(4), 6201–6206.  
<https://doi.org/10.36040/jati.v9i4.14014>
- Harmanta. (2025). *Dinkes Pontianak Catat 2.415 Kasus TBC Sepanjang 2025*. rri.co.id.  
<https://rri.co.id/pontianak/kesehatan/2075116/dinkes-pontianak-catat-2-415-kasus-tbc-sepanjang-2025>
- 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), 459–472.  
<https://doi.org/10.30598/barekengvol14iss3pp459-472>
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, 115(772), 700–721.  
<https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- Khaerunnisa, N. A., Nasution, Y. N., & Huda, M. N. (2022). Analisis Kestabilan Model Epidemik SEI pada Penyebaran Penyakit Tuberculosis. *BASIS: Jurnal Ilmiah Matematika*, 1(1), 16–29. <https://doi.org/10.30872/basis.v1i1.917>
- Kujariningrum, O. B., Cahyanti, A. N., Nisa, R., Agushybana, F., Winarni, S., & Purnami, C. T. (2021). Dampak Revolusi Mobilisasi Penduduk terhadap Persebaran Penyakit Menular di Indonesia. *Kesmas UWIGAMA: Jurnal Kesehatan Masyarakat*, 7(1). <https://doi.org/10.24903/kujkm.v7i1.1188>
- Mettle, F. O., Affi, P. O., & Twumasi, C. (2020). Modelling the Transmission Dynamics of Tuberculosis in the Ashanti Region of Ghana. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2020. 1-16. <https://doi.org/10.1155/2020/4513854>
- Nafisah, Z., & Adi, Y. A. (2024). Model SEIR dengan Pseudo-Recovery pada Kasus Tuberculosis di Jawa Barat. *Jurnal Matematika UNAND*, 13(3), 170–187.  
<https://doi.org/10.25077/jmua.13.3.170-187.2024>
- Perko, L. (2001). *Differential Equations and Dynamical Systems* (Third Edition). Springer.
- Pertiwi, J. I., Putri, A. R., & Efendi, E. (2020). Analisis Perilaku Model SIR Tanpa dan dengan Vaksinasi. *Barekeng: Jurnal Ilmu Matematika Dan Terapan*, 14(2), 217–226. <https://doi.org/10.30598/barekengvol14iss2pp217-226>
- Ramadhan, M. R., Waluya, S. B., & Kharis, M. (2018). Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit Tuberculosis dengan Strategi DOTS. *UNNES Journal of Mathematics*, 7(2), 130–141. <https://doi.org/10.15294/ujm.v7i2.27389>
- Side, S., Sanusi, W., Aidid, M. K., & Sidjara, S. (2016). Global Stability of SIR and SEIR Model for Tuberculosis Disease Transmission with Lyapunov Function Method.



- Asian Journal of Applied Sciences*, 9(3), 87–96.  
<https://doi.org/10.3923/ajaps.2016.87.96>
- Ucakan, Y., Gulen, S., & Koklu, K. (2021). Analysing of Tuberculosis in Turkey through SIR , SEIR and BSEIR Mathematical Models. *Mathematical and Computer Modelling of Dynamical Systems*, 27(1), 179–202.  
<https://doi.org/10.1080/13873954.2021.1881560>
- Van Den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction Numbers and Sub-threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1–2), 29–48.  
[https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6)
- Verhulst, F. (2000). *Nonlinear Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer-Verlag.
- WHO. (2024). *Global Tuberculosis Report 2024*. <https://www.who.int/teams/global-programme-on-tuberculosis-and-lung-health/tb-reports/global-tuberculosis-report-2024>
- Wiggins, S. (2003). Introduction to Applied Nonlinear Dynamical Systems and Chaos. In *Springer* (Second Edition). Springer-Verlag.
- Zahwa, N., Nabilla, U., & Nurviana, N. (2022). Model Matematika SITR pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis di Provinsi Aceh. *Jurnal Pendidikan Matematika dan Sains*, 10(1), 8–14.  
<https://doi.org/10.21831/jpms.v10i1.50683>