

**MODEL MATERNAL ANTIBODY SUSCEPTIBLE VACCINATED INFECTED
RECOVERED (MSVIR) DENGAN PENGARUH SANITASI
(KASUS DIFTERI DI INDONESIA)**

Sutanto¹, Warih Ariskarini^{2*}, Purnami Widyaningsih³

^{1,2,3}Universitas Sebelas Maret, Surakarta, Indonesia

*warihariskarini@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Difteri merupakan penyakit infeksi akut yang disebabkan bakteri *Corynebacterium diphtheria*. Pengendalian penyebaran difteri dilakukan untuk mencapai target bebas difteri tahun 2030. Dalam penelitian ini dikonstruksikan model *maternal antibody susceptible vaccinated infected recovered (MSVIR)* dengan pengaruh sanitasi pada penyebaran penyakit menular. Selanjutnya model tersebut diterapkan pada kasus difteri di Indonesia untuk menentukan pola penyebaran, interpretasi hasil, dan hasil simulasi parameternya. Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu studi literatur dan terapan. Model yang dikonstruksikan berupa sistem persamaan diferensial orde satu dengan variabel bebas t dan lima variabel terikat yaitu M , S , V , I , dan R . Model diterapkan menggunakan data sekunder tahunan (2005-2019) dan diperoleh model penyebaran difteri di Indonesia. Berdasarkan penyelesaian model tersebut dan data diperoleh nilai $MAPE$ serta signifikansi model pada kelompok individu M , S , V , I , dan R berturut-turut 11% (baik), 1% (sangat baik), 7% (sangat baik), 30% (layak), 19% (baik). Penyelesaian tersebut selanjutnya direpresentasikan dalam grafik yang menunjukkan pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia. Berdasarkan hal tersebut diprediksi target bebas difteri belum dapat tercapai pada tahun 2030. Selanjutnya dilakukan simulasi parameter model untuk mengetahui upaya atau strategi yang dapat dilakukan untuk mencapai target tersebut.

Kata Kunci : difteri, MSVIR, sanitasi, vaksinasi, menular, model.

PENDAHULUAN

Penyakit menular adalah penyakit yang disebabkan oleh mikroorganisme seperti bakteri, virus, parasit atau jamur. Proses menyebarnya mikroorganisme tersebut dari satu orang ke orang yang lain baik secara langsung maupun tidak langsung disebut sebagai penyebaran penyakit menular (WHO, 2020). Penyebaran penyakit menular dapat direpresentasikan dalam model matematika. Salah satu model tersebut yaitu *susceptible infected recovered (SIR)* klasik yang dikonstruksikan oleh Hethcote pada tahun 2020. Dalam model tersebut populasi dikelompokkan menjadi tiga, yaitu kelompok individu sehat namun rentan terinfeksi penyakit (S), kelompok individu yang telah terinfeksi penyakit dan dapat menularkan penyakit (I), serta kelompok individu yang sembuh dari penyakit dan memperoleh kekebalan permanen (R). Penyebaran penyakit dapat dilihat dari banyaknya individu pada masing-masing kelompok tersebut.

Menurut Hethcote (2000), sanitasi dan vaksinasi dapat membantu mengeliminasi suatu penyakit menular. Pengonstruksian model dengan mempertimbangkan program vaksinasi telah dilakukan oleh Liu *et al.* (2008), melalui model *susceptible vaccinated infected recovered (SVIR)*. Selanjutnya, model tersebut dikembangkan oleh Widyaningsih dan Aryani (2020) dengan mempertimbangkan faktor kelahiran, kematian alami serta kematian akibat penyakit. Individu yang telah divaksin dikategorikan sebagai individu kelompok *vaccinated (V)*. Kekebalan yang diperoleh ibu ketika terinfeksi saat masa kehamilan dapat disalurkan ke janin melalui plasenta. Oleh karena itu, bayi yang dilahirkan memiliki kekebalan pasif. Berdasarkan hal tersebut, Hethcote (2000) mengonstruksikan model *maternal antibody susceptible exposed infected recovered (MSEIR)*. Individu baru lahir dengan kekebalan pasif dikategorikan sebagai individu kelompok *maternal antibody (M)*. Selanjutnya pada tahun 2005, Guimaraens dan Codeco mengonstruksikan model *SIR* dengan mempertimbangkan sanitasi.

Difteri merupakan penyakit infeksi akut yang disebabkan oleh bakteri *Corynebacterium diphtheria* (Sunarno *et al.*, 2011). Bakteri tersebut umumnya menyerang saluran nafas atas (Vetrichevvel *et al.*, 2008), tetapi beberapa kasus juga ditemukan pada kulit serta beberapa organ lainnya (de Benoist A-C *et al.*, 2004). Tanda khas pada saluran nafas berupa terbentuknya pseudomembran dan dilepaskannya

eksotoksin yang sangat ganas (Sunarno *et al.*, 2011). Penyakit ini menular melalui *droplet* (percikan ludah) atau kontak langsung dengan lesi di kulit (Kementerian Kesehatan RI, 2017). Tingkat kematian akibat difteri mencapai 3-5% (Vetrichevvel *et al.*, 2008) dan bahkan lebih (Gentina *et al.*, 2008 ; Kartono *et al.*, 2008) dari seluruh kasus yang umumnya terjadi karena gangguan saluran nafas dan kardiovaskuler (Sunarno *et al.*, 2011). Kasus difteri di Indonesia pada tahun 2018 menyebar hampir di seluruh wilayah Indonesia, dengan jumlah 1386 kasus dan *case fatality rate* (CFR) sebesar 2.09%. Jika dibandingkan dengan tahun sebelumnya maka pada tahun 2019 terjadi penurunan kasus lebih dari 50% (529 kasus) namun CFR mengalami kenaikan hingga 4.35% (Pusdatin, 2005-2019). Upaya pemerintah untuk mengendalikan penyebaran difteri diantaranya melalui program sanitasi dan vaksinasi. Upaya tersebut dilakukan untuk mendukung tercapainya target bebas difteri tahun 2030 di Indonesia (Peraturan Presiden No. 59 Tahun 2017).

Penelitian ini bertujuan untuk mengonstruksikan model *maternal antibody susceptible vaccinated infected recovered* (MSVIR) dengan pengaruh sanitasi pada penyebaran penyakit menular. Kemudian menerapkan model tersebut pada kasus difteri di Indonesia untuk menentukan pola penyebaran dan interpretasi hasilnya. Selanjutnya dilakukan simulasi parameter untuk mengetahui upaya yang dapat dilakukan untuk menurunkan kasus difteri di Indonesia. Sebelumnya pada tahun 2019 telah dikonstruksikan model MSVIR oleh Widyaningsih *et al.* pada penyebaran penyakit tidak menular. Berbeda dengan penelitian tersebut, disini dikonstruksikan untuk penyebaran penyakit menular dengan mempertimbangkan pengaruh dari intervensi sosial (kontak antara individu *S* dan *I*, program sanitasi) dan medis (vaksinasi baik pada individu hamil maupun yang tidak) serta masa berakhirnya kekebalan aktif dan pasif.

METODE

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur dan terapan. Metode terdiri dari dua bagian yaitu data penelitian dan langkah penelitian.

Data Penelitian

Data yang digunakan dalam penelitian ini berupa data sekunder tahunan (2005-2019) yang diperoleh dari Badan Pusat Statistik (BPS), Pusat Data dan Informasi Kementerian Kesehatan RI (Pusdatin), dan *World Bank* (2020). Data pada tahun t merupakan data akumulasi dari bulan Januari hingga Desember. Dari Pusdatin diperoleh data terkait banyaknya individu yang divaksin difteri, banyaknya kasus difteri, banyaknya kematian yang disebabkan oleh difteri, banyaknya individu yang mengalami kegagalan vaksin difteri, dan banyaknya ibu hamil yang divaksin difteri. Data terkait presentase Rumah Tangga (RT) yang memiliki akses sanitasi layak diperoleh dari BPS. Terakhir dari *World Bank* diperoleh data *crude birth rate* (CBR), *crude death rate* (CDR), dan populasi Indonesia.

Langkah Penelitian

Langkah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengidentifikasi karakteristik penyakit menular.
2. Mengubah dan menambahkan asumsi dan parameter pada model *SIR* klasik.
3. Menentukan perubahan sesaat pada variable terikat berdasarkan asumsi dan parameter.
4. Menentukan nilai parameter model.
5. Menentukan nilai awal kelompok individu M , S , V , I , dan R .
6. Menentukan signifikansi model.
7. Membuat grafik penyelesaian model.
8. Menentukan keterkaitan penyelesaian model dengan target bebas difteri tahun 2030.
9. Melakukan simulasi pada parameter yang memiliki pengaruh dalam penurunan kasus difteri.

TEORI PENUNJANG

Model SIR

Kermack dan McKendrick pertama kali memperkenalkan model *SIR* pada tahun 1927. Selanjutnya Hethcote pada tahun 2000 mengonstruksikan model *SIR* klasik dengan mengasumsikan populasinya konstan sebesar N dan faktor migrasi tidak dipertimbangkan. Model *SIR* menurut Hethcote (2000) dapat ditulis sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S - \frac{\beta SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} &= -\mu I + \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= -\mu R + \gamma I, \end{aligned} \tag{1}$$

dengan $S(0) \geq 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0$ dan $\mu, \beta, \gamma > 0$. Ketiga parameter tersebut berturut-turut adalah laju kelahiran/kematian, laju kontak, dan laju kesembuhan.

Mean absolute percentage error (MAPE)

Menurut Chang *et al.* (2007), pengukuran signifikansi model salah satunya dapat dilakukan dengan menghitung nilai *mean absolute percentage error (MAPE)*. Formula *MAPE* dapat dituliskan sebagai berikut.

$$MAPE = \frac{1}{n} \sum \frac{|F_t - A_t|}{A_t} \tag{2}$$

dengan F_t adalah nilai prediksi pada tahun t dan A_t : nilai sebenarnya pada tahun t . Semakin kecil nilai *MAPE* semakin signifikan model tersebut. Kriteria signifikansi suatu model berdasarkan nilai *MAPE* (dalam persen) menurut Chang *et al.* (2007) dituliskan dalam Tabel 1.

Tabel 1. Signifikansi

| <i>MAPE</i> | <i>Signifikansi</i> |
|-------------|---------------------|
| <10% | Sangat baik |
| 10-20% | Baik |
| 20-50% | Layak |
| >50% | Buruk |

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model MSVIR dengan Pengaruh Sanitasi

Model *SIR* (Hethcote, 2000) digunakan sebagai dasar dalam pengonstruksian model *MSVIR*. Faktor yang mempengaruhi populasi suatu wilayah antara lain kelahiran, kematian dan migrasi. Berbeda dengan model *SIR* (Hethcote, 2000) dipertimbangkan faktor kelahiran dan kematian sehingga populasi diasumsikan tidak konstan, sedangkan faktor migrasi tetap tidak dipertimbangkan. Oleh karena itu, laju kelahiran berbeda dengan laju kematian. Jika θ adalah laju kelahiran maka banyaknya kelahiran yang semula μN berubah menjadi θN .

Individu yang terinfeksi penyakit dimungkinkan mengalami kematian. Mengacu pada model *SVIR* (Widyaningsih & Aryani, 2020), kematian dikategorikan menjadi dua yaitu kematian alami dan kematian akibat penyakit. Jika μ adalah laju kematian alami maka banyaknya individu kelompok S, I , dan R secara berturut-turut berkurang sebesar $\mu S, \mu I$, dan μR . Jika η adalah laju kematian karena penyakit maka banyaknya individu kelompok I berkurang sebesar ηI .

Vaksin diberikan pada individu kelompok S . Sama dengan model *SVIR* (Widyaningsih & Aryani, 2020 ; Liu *et al.*, 2008), individu yang telah divaksin dikategorikan sebagai individu kelompok V . Jika α_1 adalah laju vaksinasi maka banyaknya individu kelompok S berkurang sebesar $\alpha_1 S$ dan banyaknya individu kelompok V bertambah sebesar $\alpha_1 S$. Kekebalan dari vaksin (kekebalan aktif) tidak dapat

bertahan seumur hidup. Oleh karena itu, disini dipertimbangkan masa berakhirnya kekebalan aktif. Individu yang masa kekebalan aktifnya telah berakhir dimungkinkan untuk kembali menjadi individu kelompok S . Jika λ_1 adalah laju berakhirnya kekebalan aktif maka banyaknya individu kelompok V berkurang sebesar $\lambda_1 V$ dan banyaknya individu kelompok S bertambah sebesar $\lambda_1 V$.

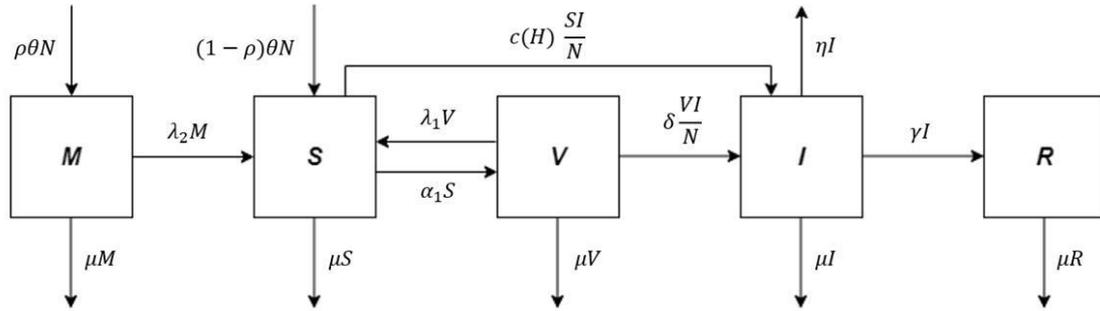
Pada kelompok individu V terdapat kematian alami, sehingga banyaknya individu kelompok V berkurang sebesar μV . Individu yang telah divaksin dimungkinkan mengalami kegagalan vaksin. Sehingga individu tersebut menjadi individu kelompok I . Jika δ adalah laju kegagalan vaksin maka banyaknya individu kelompok V berkurang sebesar $\delta \frac{VI}{N}$ dan banyaknya individu kelompok I bertambah sebesar $\delta \frac{VI}{N}$.

Sama dengan model $MSEIR$ (Hethcote,2000), terdapat kelompok individu M . Namun berbeda dengan model tersebut, kelompok individu M pada penelitian ini merupakan individu baru lahir dari ibu yang telah divaksin pada masa kehamilan. Jika ρ adalah laju vaksinasi pada ibu hamil maka banyaknya individu kelompok M bertambah sebesar $\rho \theta N$. Individu baru lahir dari ibu yang tidak divaksin pada masa kehamilan dikategorikan sebagai individu kelompok S . Jika $(1 - \rho)$ adalah laju ibu hamil yang tidak divaksin maka banyaknya individu kelompok S berubah dari θN menjadi $(1 - \rho)\theta N$. Pada kelompok individu M terdapat kematian alami sehingga banyaknya individu kelompok M berkurang sebanyak μM . Kekebalan pasif bayi tidak dapat bertahan seumur hidup sehingga berbeda dengan model $MSVIR$ (Widyaningsih *et al.*, 2019) di sini dipertimbangkan masa berakhirnya kekebalan pasif. Jika λ_2 adalah laju berakhirnya kekebalan pasif maka banyaknya individu kelompok M berkurang sebesar $\lambda_2 M$ dan banyaknya individu kelompok S bertambah sebesar $\lambda_2 M$.

Selanjutnya sama dengan model SIR (Guimaraens & Codeco, 2005) dipertimbangkan pengaruh sanitasi. Mengacu pada model tersebut pengaruh sanitasi terhadap laju kontak direpresentasikan dalam fungsi $c(H) = \beta - \alpha_2 H$ dengan α_2 merupakan konstanta proporsionalitas yang bernilai $0 < \alpha_2 < \beta$ dan H merupakan tingkat sanitasi yang bernilai $0 \leq H \leq 1$. Oleh karena itu, pengaruh kontak antara individu S dan I berubah dari $\beta \frac{SI}{N}$ menjadi $c(H) \frac{SI}{N}$. Dengan demikian, diperoleh model $MSVIR$ dengan pengaruh sanitasi (3).

$$\begin{aligned} \frac{dM}{dt} &= \rho \theta N - \mu M - \lambda_2 M, \\ \frac{dS}{dt} &= (1 - \rho)\theta N - \mu S - c(H) \frac{SI}{N} - \alpha_1 S + \lambda_1 V + \lambda_2 M, \\ \frac{dV}{dt} &= -\mu V + \alpha_1 S - \lambda_1 V - \delta \frac{VI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} &= -\mu I + c(H) \frac{SI}{N} - \gamma I - \eta I + \delta \frac{VI}{N}, \\ \frac{dR}{dt} &= -\mu R + \gamma I, \end{aligned} \tag{3}$$

dengan $c(H) = \beta - \alpha_2 H$, $0 < \alpha_2 < \beta$, $0 \leq H \leq 1$, $M(0) \geq 0$, $S(0) \geq 0$, $V(0) \geq 0$, $I(0) > 0$, $R(0) \geq 0$, serta sepuluh parameter $\theta, \mu, \eta, \beta, \gamma, \alpha_1, \lambda_1, \lambda_2, \delta, \rho > 0$. Kesepuluh parameter tersebut berturut-turut adalah laju kelahiran, laju kematian alami, laju kematian karena penyakit, laju kontak, laju kesembuhan, laju vaksinasi, laju berakhirnya kekebalan aktif, laju berakhirnya kekebalan pasif, laju kegagalan vaksin, dan laju vaksinasi pada ibu hamil. Model $MSVIR$ dengan pengaruh sanitasi (3) berupa sistem persamaan diferensial (SPD) orde satu dengan variabel bebas t dan lima variabel terikat M, S, V, I , dan R . Dinamika populasi model $MSVIR$ dengan pengaruh sanitasi (3) ditunjukkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Dinamika Populasi Model *MSVIR* dengan Pengaruh Sanitasi.

Penerapan Model *MSVIR* dengan Pengaruh Sanitasi pada Penyebaran Difteri di Indonesia

Model (2) diterapkan pada kasus difteri di Indonesia dengan menggunakan data sekunder tahunan (2005-2019). Data tahun 2005-2017 digunakan untuk mengestimasi nilai parameter dan diperoleh, laju kelahiran (θ) sebesar 0.02052600, laju kematian alami (μ) sebesar 0.00657884, laju kematian karena difteri (η) sebesar 0.06375839, laju kontak (β) sebesar 1.10984323, laju kesembuhan (γ) sebesar 0.93624161, laju vaksinasi (α_1) sebesar 0.01956710, laju berakhirnya kekebalan aktif (λ_1) sebesar 0.10000000, laju berakhirnya kekebalan pasif (λ_2) sebesar 0.99342116, laju kegagalan vaksin (δ) sebesar 0.00004154, laju vaksinasi pada ibu hamil (ρ) sebesar 0.59000000, tingkat sanitasi (H) sebesar 0.5 dan dipilih $\alpha_2 = 0.09$. Selanjutnya nilai-nilai tersebut disubstitusikan pada model (3). Dengan demikian, diperoleh model *MSVIR* dengan pengaruh sanitasi pada penyebaran penyakit difteri di Indonesia dapat ditulis

$$\begin{aligned}
 \frac{dM}{dt} &= 0.01211034 N - 0.00657884 M - 0.99342116 M, \\
 \frac{dS}{dt} &= 0.00841566 N - 0.00657884 S - 1.06484323 \frac{SI}{N} - 0.01956710 S + 0.1 V \\
 &\quad + 0.99342116 M, \\
 \frac{dV}{dt} &= -0.00657884 V + 0.01956710 S - 0.1 V - 0.00004154 \frac{VI}{N}, \\
 \frac{dI}{dt} &= -0.00657884 I + 1.06484323 \frac{SI}{N} - 0.93624161 I - 0.06375839 I \\
 &\quad + 0.00004154 \frac{VI}{N}, \\
 \frac{dR}{dt} &= -0.00657884 R + 0.93624161 I,
 \end{aligned}
 \tag{4}$$

dengan $M(0) \geq 0, S(0) \geq 0, V(0) \geq 0, I(0) > 0$, dan $R(0) \geq 0$.

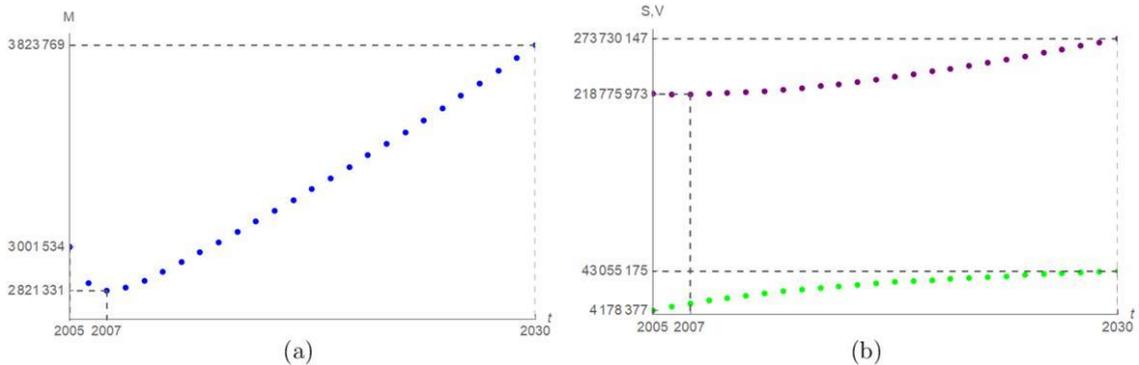
Penyelesaian Model *MSVIR* dengan Pengaruh Sanitasi pada Penyebaran Penyakit Difteri di Indonesia

Model (4) ditentukan penyelesaian pendekatannya dengan terlebih dahulu menentukan nilai awal. Nilai awal yang digunakan mengacu pada banyaknya individu kelompok M, S, V, I , dan R pada tahun 2005, yaitu

$$\begin{aligned}
 M(0) &= 3001534, S(0) = 219107646, V(0) = 4178377, \\
 I(0) &= 1031, R(0) = 882.
 \end{aligned}
 \tag{5}$$

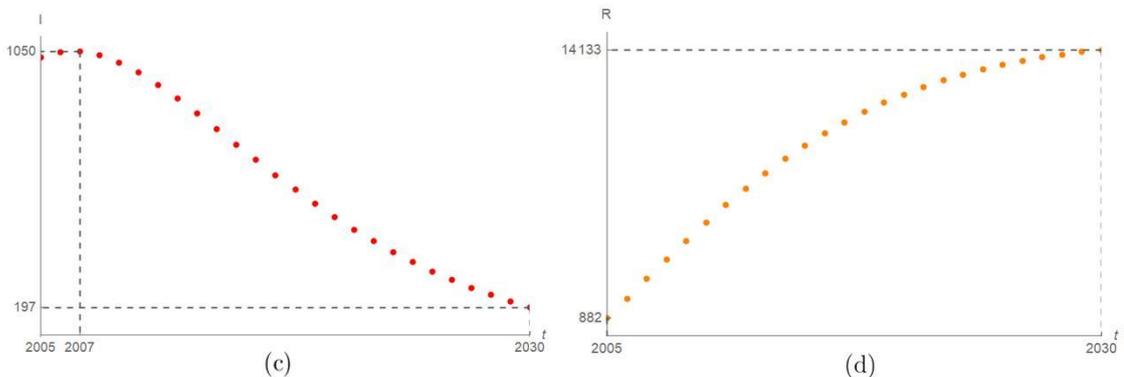
Model (4) dengan nilai awal (5) diselesaikan menggunakan metode Runge-Kutta orde empat dengan $h = 1$. Selanjutnya penyelesaian tersebut bersama dengan data difteri tahun 2018 dan 2019 disubstitusikan pada formula (2), sehingga diperoleh nilai *MAPE* beserta kriteria signifikansi pada kelompok individu M, S, V, I , dan R berturut-turut 11% (baik), 1% (sangat baik), 7% (sangat baik), 30% (layak), 19% (baik).

Selanjutnya sistem masalah nilai awal (4)-(5) digunakan untuk memprediksi hingga tahun 2030. Penyelesaian model direpresentasikan dalam grafik yang ditunjukkan pada Gambar 2 dan Gambar 3. Kedua gambar tersebut menunjukkan pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia.



Gambar 2. Banyaknya Individu (a) Kelompok *M*, (b) Kelompok *S* (Ungu) dan Kelompok *V* Tahun 2005-2030

Berdasarkan Gambar 1 dan nilai awal (5) diketahui banyaknya individu kelompok *M*, *S*, dan *V* mengalami *trend* naik. Banyaknya individu kelompok *M* dan *S* mengalami penurunan pada 3 tahun pertama kemudian mengalami kenaikan pada 23 tahun selanjutnya. Pada tahun 2030 banyaknya individu kelompok *M* mencapai 3823769 orang, sedangkan individu kelompok *S* mencapai 273730147 orang. Berbeda dengan kelompok individu *M* dan *S*, berdasarkan Gambar 2 dan Gambar 3 banyaknya individu kelompok *V* dan *R* terus mengalami kenaikan pada 26 tahun pertama. Pada tahun 2030 banyaknya individu *V* mencapai 43055175 orang sedangkan kelompok individu *R* mencapai 14133 orang.



Gambar 3. Banyaknya Individu (c) Kelompok *I*, (d) Kelompok *R* Tahun 2005-2030

Berbeda dengan empat kelompok individu yang lain, banyaknya individu kelompok *I* mengalami *trend* turun dengan titik tertinggi terjadi pada tahun 2007 (1050 orang), kemudian terus mengalami penurunan hingga tahun 2030 dengan jumlah 197 orang.

Interprestasi dan Simulasi Parameter pada Model *MSVIR* dengan Pengaruh Sanitasi pada Penyebaran Difteri di Indonesia

Berdasarkan penyelesaian model (4) dengan nilai awal (5) diketahui masih terdapat individu yang terinfeksi difteri pada tahun 2030 yaitu sebanyak 197 orang. Dengan demikian, target bebas difteri di Indonesia diprediksi belum tercapai pada tahun 2030. Penurunan kasus difteri dipengaruhi oleh berbagai faktor termasuk laju vaksinasi, laju kontak antara individu terinfeksi dengan individu rentan dan pengaruh sanitasi. Oleh karena itu di sini dilakukan simulasi pada α_1 (laju vaksinasi), β (laju kontak), dan αH

(pengaruh sanitasi). Simulasi dilakukan dengan lima perlakuan, yaitu

1. α_1 berubah-ubah dan parameter yang lain tetap,
2. β berubah-ubah dan parameter yang lain tetap,
3. αH berubah-ubah dan parameter yang lain tetap,
4. αH berubah-ubah dengan $\alpha_1 = 0$ dan parameter yang lain tetap, dan
5. α_1 berubah-ubah dengan $\alpha H = 0$ dan parameter yang lain tetap.

Hasil simulasi disajikan pada Tabel 2, Tabel 3 dan Tabel 4.

Tabel 2. Banyaknya Individu Kelompok I sampai Tahun 2030 Hasil Simulasi Parameter α_1 dan β

| Parameter | α_1 | | | | β | | | |
|-----------|------------|------|------|------|------------|------|------|------------|
| | Tahun | 0 | 0.05 | 0.08 | 0.08355312 | 1 | 0.9 | 0.82366392 |
| 2005 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 |
| 2010 | 1201 | 731 | 561 | 544 | 586 | 367 | 257 | |
| 2015 | 1448 | 297 | 137 | 126 | 271 | 109 | 54 | |
| 2020 | 1777 | 95 | 25 | 22 | 113 | 29 | 10 | |
| 2025 | 2204 | 27 | 4 | 3 | 45 | 8 | 2 | |
| 2030 | 2748 | 8 | 1 | 0 | 17 | 2 | 0 | |

Jika program vaksinasi tidak dilaksanakan maka jumlah individu yang terinfeksi difteri terus meningkat. Dengan menaikkan laju vaksinasi dari 0.01956710 menjadi 0.08355312 banyaknya individu terinfeksi mengalami penurunan yang signifikan hingga tidak ditemukan lagi pada tahun 2030. Laju kontak berpengaruh pada penurunan banyaknya individu yang terinfeksi difteri. Agar target bebas difteri tercapai pada tahun 2030 maka setidaknya laju kontak diturunkan dari 1.10984323 menjadi 0.82366392.

Tabel 3. Banyaknya Individu Kelompok I sampai Tahun 2030 Hasil Simulasi Parameter αH

| Parameter | αH | | | | | |
|-----------|------------|------|------|------|------|--------|
| | Tahun | 0 | 0.1 | 0.2 | 0.3 | 0.3157 |
| 2005 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 |
| 2010 | 1210 | 758 | 475 | 297 | 276 | |
| 2015 | 1117 | 448 | 180 | 72 | 62 | |
| 2020 | 916 | 238 | 62 | 16 | 13 | |
| 2025 | 708 | 119 | 20 | 3 | 3 | |
| 2030 | 531 | 58 | 6 | 1 | 0 | |

Jika tidak dilaksanakan program sanitasi maka banyaknya individu yang terinfeksi difteri masih cenderung mengalami *trend* turun, namun pada tahun 2030 masih banyak individu yang terinfeksi difteri. Simulasi dilakukan dengan batasan nilai $\alpha H = \beta$ karena jika $\alpha H = \beta$ maka laju kontak yang baru atau $c(H) = 0$. Dalam penyebaran penyakit menular sulit atau bahkan tidak mungkin untuk mencapai $c(H) = 0$. Seiring dengan menaikkan αH banyaknya individu I juga terus mengalami penurunan hingga mencapai 0 pada nilai $\alpha H = 0.3157$.

Tabel 4. Banyaknya Individu Kelompok I sampai Tahun 2030 Hasil Simulasi Parameter αH dengan $\alpha_1 = 0$ dan α_1 dengan $\alpha H = 0$

| Parameter | αH dengan $\alpha_1 = 0$ | | | | α_1 dengan $\alpha H = 0$ | | | |
|-----------|----------------------------------|------|------|------|----------------------------------|------|------|------|
| | Tahun | 0.1 | 0.2 | 0.3 | 0.39581 | 0.05 | 0.09 | 0.1 |
| 2005 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 | 1031 |
| 2010 | 919 | 564 | 347 | 218 | 891 | 650 | 570 | |
| 2015 | 846 | 318 | 120 | 47 | 431 | 151 | 120 | |

| Parameter | αH dengan $\alpha_1 = 0$ | | | | α_1 dengan $\alpha H = 0$ | | |
|-----------|----------------------------------|-----|----|----|----------------------------------|----|----|
| 2020 | 792 | 182 | 42 | 10 | 163 | 27 | 18 |
| 2025 | 749 | 105 | 15 | 2 | 55 | 4 | 3 |
| 2030 | 712 | 61 | 5 | 0 | 18 | 1 | 0 |

Setelah dilakukan simulasi pada perlakuan 4 dan 5 ternyata target bebas difteri masih dimungkinkan tercapai tanpa dilaksanakan program vaksinasi atau sanitasi. Namun jika tidak melaksanakan program vaksinasi maka setidaknya $\alpha H = 0.39581$, begitu juga sebaliknya jika tidak dilaksanakan program sanitasi maka setidaknya $\alpha_1 = 0.1$.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan diperoleh kesimpulan yaitu pertama, model *MSVIR* dengan pengaruh sanitasi dituliskan sebagai model (3). Kedua model *MSVIR* dengan pengaruh sanitasi pada penyebaran penyakit difteri di Indonesia direpresentasikan pada model (4). Sistem masalah nilai awal (4)-(5) memiliki *MAPE* pada kelompok individu *M*, *S*, *V*, *I*, dan *R* berturut-turut 11% (baik), 1% (sangat baik), 7% (sangat baik), 30% (layak), 19% (baik). Ketiga, pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia pada tahun 2005-2030 menunjukkan banyaknya ibu hamil yang divaksin difteri pada masa kehamilan, individu rentan terinfeksi difteri, individu yang telah divaksin difteri, serta individu yang sembuh dari difteri mengalami *trend* naik, sedangkan banyaknya individu terinfeksi difteri mengalami *trend* turun. Keempat, Target bebas difteri di Indonesia diprediksi belum tercapai pada tahun 2030. Terakhir, hasil simulasi parameter pada model dapat digunakan sebagai bahan pertimbangan untuk menyusun strategi agar target bebas difteri dapat tercapai pada tahun 2030. Hasil simulasi tersebut yaitu menurunkan laju kontak dari 1.10984323 menjadi 0.82366392, menaikkan laju vaksinasi dari 0.01956710 menjadi 0.08355312, atau meningkatkan pengaruh sanitasi dari 0.0450 menjadi 0.3157. Selain itu target juga dimungkinkan tercapai apabila tidak dilaksanakan program vaksinasi namun setidaknya pengaruh sanitasi sebesar 0.39581, atau sebaliknya tidak dilakukan program sanitasi namun setidaknya laju vaksinasi sebesar 0.1.

ACKNOWLEDGEMENTS.

Penelitian ini didanai oleh RKAT PTNBH Universitas Sebelas Maret TA 2021 melalui skema penelitian hibah grup riset (penelitian hrg-uns) dengan Nomor Kontrak:260/UN27.22/HK.07.00/2021.

DAFTAR PUSTAKA

- Badan Pusat Statistik (2015). *Statistik 70 Tahun Indonesia Merdeka*. Jakarta: Badan Pusat Statistik.
- Badan Pusat Statistik. *Presentase Rumah Tangga yang Memiliki Akses Terhadap Sanitasi Layak dan Berkelanjutan*, www.bps.go.id, diakses tanggal 14 Oktober 2020.
- de Benoist A-C, J. M. White, A. Efstratiou, C. Kelly, G. Mann, B. Nazareth, C. J. Irish, D. Kumar, and N. S. Crowcroft (2004). Imported Cutaneous Diphtheria United Kingdom. *EID*, 10(3), 511-513.
- Chang, P.-C., Y.-W. Wang, and C.-H. Liu (2007). The development of a weighted evolving fuzzy neural network for PCB sales forecasting. *Expert Systems with Applications*, 32, 86-96.
- Gentina, Fionaliza, M. Nelisna, Zulkifli, dan R. Aryentina (2008). *Laporan Hasil Penyelidikan Epidemiologi Kasus Diphtheri Klinis di Komplek Pondok Ranah Minang Lubuk Kilangan*. Padang: Dinas Kesehatan.
- Guimaraens, M. A. and C. T. Codeco (2005). Experiments with Mathematical Models to Simulate Hepatitis A Population Dynamics Under Different Levels of Endemicity. *Cad. Saãde Pãblica*, 21, 1531-1539.
- Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *Society for Industrial and Applied Mathematics*, 42, 599-653.
- Kartono B., R. Purwana, dan I. M. Djaja (2008). Hubungan Lingkungan Rumah dengan Kejadian Luar Biasa (KLB) Difteri di Kabupaten Tasikmalaya (2005-2006) dan Garut Januari 2007. Makara

- Kesehatan, 12(1), 8-12.
- Kementerian Kesehatan RI (2017). *Pedoman Pencegahan dan Pengendalian Difteri*. Jakarta: Direktorat Pencegahan dan Pengendalian Penyakit.
- Kermack, W. O. and A. G. McKendrick (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, *Proceedings of the Royal Society of London*, 115, 700-721.
- Liu, X., S. Iwami, and Y. Takeuchi (2008). SVIR Epidemic Models with Vaccination Strategies. *Theoretical Biology*, 253, 1-11.
- Peraturan Presiden Republik Indonesia Nomor 59 Tahun 2017 Tentang Pelaksanaan Pencapaian Tujuan Pembangunan Berkelanjutan.
- Pusat Data dan Informasi Kementerian Kesehatan RI (2005-2019). *Profil Kesehatan Indonesia*. Jakarta: Kementerian Kesehatan Republik Indonesia.
- Sunarno, K. Sariadji, dan H. A. Wibowo (2011). *Pengembangan Deteksi Molekuler Difteri dan Corynebacterium diphtheria Typing dengan Metode PCR*. Jakarta: Pusat Biomedis dan Teknologi Dasar Kesehatan Badan Penelitian dan Pengembangan Kesehatan.
- Vetrichevvel T.P., G.A. Pise, K. K. Agrawal, and D.M. Thappa (2008). Cutaneous diphtheria masquerading as a sexually transmitted disease. *Indian Journal of Dermatology, Venereology & Leprology* 74, 187.
- WHO. *Communicable Diseases*, <http://www.afro.who.int>, diakses tanggal 27 Oktober 2020.
- Widyaningsih, P. dan I. Aryani (2020). Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR) dan Penerapannya pada Penyakit Difteri di Indonesia. *Prosiding Seminar Nasional Matematika*, Semarang.
- Widyaningsih, P., P. Candrawati, Sutanto, and D. R. S. Saputro (2019). Maternal Antibody Susceptible Vaccinated Infected Recovered (MSVIR) Model for Tetanus Disease and Its Applications in Indonesia, *IOP Conf. Series: Journal of Physics: Conf. Series* 1306.
- World Bank. *Birth and Death Rate, Crude*, www.data.worldbank.org, diakses pada tanggal 9 September 2020.