

MODEL MATEMATIKA SEIT UNTUK PENYEBARAN PENYAKIT DIABETES NON GENETIK

MERRY ADELINDRA¹⁾, VINA LUSIANA²⁾

¹⁾Universitas Wanita Internasional, ²⁾Universitas Pertahanan
e-mail: ¹⁾merryadelindra6@gmail.com, ²⁾hvinalusiana@gmail.com

ABSTRAK

Model matematika SEIT (*Susceptible-Exposed-Infected-Treatment*) untuk penyebaran diabetes non-genetik, atau diabetes tipe 2 dikembangkan guna menganalisis dinamika penyakit dalam populasi. Diabetes tipe 2 disebabkan oleh resistensi insulin dan dapat menimbulkan komplikasi yang serius. Dalam model ini, diasumsikan bahwa populasi bersifat konstan tanpa adanya faktor genetik atau migrasi dan individu yang terinfeksi tidak dapat sembuh, tetapi dapat menjalani perawatan untuk memperpanjang hidup. Model SEIT ini membentuk sistem persamaan diferensial yang menggambarkan perubahan dalam kompartemen *Susceptible* (S), *Exposed* (E), *Infected* (I), dan *Treatment* (T). Analisis terhadap model mencakup penentuan titik ekuilibrium bebas penyakit, yaitu ketika seluruh populasi berada dalam kompartemen rentan (S) tanpa individu yang terpapar, terinfeksi, atau dalam perawatan, serta titik ekuilibrium endemik, di mana terdapat keseimbangan di semua kompartemen. Analisis kestabilan menggunakan matriks Jacobian menunjukkan bahwa titik ekuilibrium bebas penyakit stabil secara asimtotik. Bilangan reproduksi dasar (R_0) dihitung melalui pendekatan matriks generasi berikutnya dan berfungsi sebagai indikator kestabilan titik ekuilibrium. Jika $R_0 \leq 1$, model hanya memiliki titik ekuilibrium bebas penyakit yang stabil, tetapi jika $R_0 > 1$, maka titik ekuilibrium endemik yang stabil akan terbentuk.

Kata kunci: Model Matematika, Diabetes, Persamaan Diferensial

ABSTRACT

The SEIT (*Susceptible-Exposed-Infected-Treatment*) mathematical model for the spread of non-genetic diabetes, or type 2 diabetes, was developed to analyze the dynamics of the disease in a population. Type 2 diabetes is caused by insulin resistance and can lead to serious complications. In this model, it is assumed that the population is constant, with no genetic factors or migration, and infected individuals cannot be cured, but can receive treatment to extend their life. The SEIT model forms a system of differential equations that describes the changes within the *Susceptible* (S), *Exposed* (E), *Infected* (I), and *Treatment* (T) compartments. The model's analysis includes determining the disease-free equilibrium point, where the entire population is in the susceptible (S) compartment with no exposed, infected, or treated individuals, and the endemic equilibrium point, where all compartments maintain a balance. Stability analysis using the Jacobian matrix shows that the disease-free equilibrium is asymptotically stable. The basic reproduction number (R_0) is calculated using the next-generation matrix approach and serves as an indicator of equilibrium stability. If $R_0 \leq 1$, the model has only a stable disease-free equilibrium, but if $R_0 > 1$, a stable endemic equilibrium will be established.

Keywords: Mathematical Model, Diabetes, Differential Equations

PENDAHULUAN

Diabetes Mellitus (DM) merupakan penyakit metabolisme kronis yang ditandai dengan peningkatan kadar glukosa dalam darah yang disebabkan oleh gangguan dalam sekresi dan fungsi insulin (Astutisari, I. D. A. E. C., Darmini, A. A. A. Y., & Wulandari, I. A. P., 2022).

Terdapat dua jenis utama diabetes, yaitu diabetes tipe 1 yang bergantung pada insulin (IDDM) dan diabetes tipe 2 yang tidak bergantung pada insulin (NIDDM). Diabetes tipe 2 merupakan penyakit tidak menular yang berkembang akibat gaya hidup tidak sehat seperti pola makan berlebih, kurangnya aktivitas fisik, serta faktor lingkungan lainnya (American Diabetes Association, 2020). Kondisi ini mengarah pada resistensi insulin, di mana tubuh tidak lagi merespons insulin dengan baik, sehingga terjadi peningkatan kadar gula darah yang signifikan. WHO memproyeksikan peningkatan jumlah penderita diabetes tipe 2 di Indonesia akan terus meningkat seiring dengan pertumbuhan populasi dan perubahan pola hidup masyarakat. Jumlah penderita diabetes diprediksi akan mencapai 167 juta pada tahun 2045 jika kesadaran masyarakat terhadap pengelolaan penyakit ini masih rendah. Dengan angka prevalensi yang tinggi, upaya pencegahan dan pengendalian penyebaran diabetes non-genetik menjadi semakin penting.

Diabetes Mellitus adalah suatu kondisi di mana tubuh tidak mampu memanfaatkan insulin dengan efektif, sehingga terjadi peningkatan kadar gula darah. DM tipe 2 atau non-genetik disebabkan oleh resistensi insulin, yang umumnya terjadi akibat gaya hidup yang tidak sehat. Penyakit ini dapat dicegah dengan menerapkan pola hidup sehat, seperti menjaga berat badan ideal, melakukan aktivitas fisik secara teratur, serta menghindari kebiasaan buruk seperti merokok dan konsumsi alkohol (Ardiani, H. E., Permatasari, T. A. E., & Sugiati, 2021). Model matematika SEIT digunakan untuk memodelkan penyebaran penyakit dalam suatu populasi dengan membagi populasi ke dalam empat kompartemen: Susceptible (S), Exposed (E), Infected (I), dan Treatment (T). Kompartemen ini menggambarkan fase-fase yang dialami individu dalam populasi terkait penyebaran penyakit. Model ini dapat digunakan untuk menggambarkan bagaimana individu rentan terhadap penyakit, terpapar, terinfeksi, hingga mendapatkan perawatan. Model SEIT disusun dalam bentuk sistem persamaan diferensial yang menggambarkan perubahan jumlah individu di setiap kompartemen dari waktu ke waktu.

Sejumlah penelitian sebelumnya telah menerapkan berbagai model matematika untuk mempelajari dinamika penyebaran penyakit, termasuk penyakit menular dan penyakit tidak menular seperti diabetes. Model SIR (Susceptible, Infected, Recovered), SEIR (Susceptible, Exposed, Infected, Recovered), dan SEIIT (Susceptible, Exposed, Infected, Isolation, Treatment) telah digunakan untuk menggambarkan penyebaran penyakit pada populasi. Model-model ini memberikan wawasan yang berguna dalam memahami faktor-faktor yang mempengaruhi dinamika penyakit dan merancang strategi intervensi yang efektif (Wang, Li, & Zhang, 2020; Zhang et al., 2018). Model SIR dimana individu dalam populasi dapat berada dalam salah satu dari tiga status: rentan (susceptible), terinfeksi (infected), dan sembuh (recovered). Penelitian sebelumnya yang menggunakan model ini untuk penyakit diabetes mengasumsikan faktor-faktor non-genetik seperti obesitas dan aktivitas fisik sebagai parameter yang mempengaruhi tingkat infeksi dan pemulihan (Smith & Green, 2019). Sementara itu, model SEIR menambahkan kategori Exposed, yang menggambarkan individu yang terpapar namun belum menunjukkan gejala (Wang et al., 2018). Ini sangat relevan dalam menganalisis penyebaran diabetes tipe 2, terutama dalam konteks perubahan gaya hidup yang tidak terlihat langsung pada individu.

Model SEIIT mengadaptasi pendekatan SEIR dengan memasukkan dua komponen penting: Isolation (isolasi) dan Treatment (pengobatan). Dalam konteks diabetes, pemodelan ini dapat menggambarkan individu yang terkena diabetes yang menjalani pengobatan atau intervensi medis serta isolasi terkait faktor sosial-ekonomi dan akses terhadap fasilitas kesehatan. Penelitian terbaru yang berjudul *Model Matematika SEIIT untuk Penyebaran Penyakit Diabetes Non-Genetik* ini mengusulkan model baru untuk memetakan dinamika penyakit diabetes tipe 2, dengan mempertimbangkan peran pengobatan dan intervensi yang

lebih terstruktur dalam pengendalian penyebaran diabetes pada populasi yang rentan (Astutisari, 2021). Penelitian ini bertujuan untuk mengembangkan dan menganalisis model matematika SEIIT dalam konteks penyebaran diabetes tipe 2 yang disebabkan oleh faktor non-genetik. Model ini tidak hanya memperhitungkan penyebaran penyakit tetapi juga faktor pengobatan dan isolasi, yang penting untuk merancang kebijakan kesehatan yang efektif, terutama di masa pandemi seperti Covid-19, yang juga mempengaruhi prevalensi penyakit kronis (Ardiani, Permatasari, & Sugiati, 2021). Model SEIIT ini diharapkan dapat memberikan prediksi yang lebih realistis dan memberikan wawasan lebih dalam untuk intervensi yang lebih tepat.

Berdasarkan penelitian sebelumnya penulis ingin mengembangkan penelitian model matematika SEIT penyebaran penyakit diabetes non genetik pengembangan dari penelitian sebelumnya namun dengan data nilai awal, parameter dan kestabilan sistem dinamik yang berbeda juga sehingga menghasilkan simulasi yang berbeda pula. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengembangkan model matematika SEIT (*Susceptible-Exposed-Infected-Treatment*) yang mampu menggambarkan penyebaran diabetes non-genetik dalam populasi. Selain itu, penelitian ini bertujuan untuk menghitung bilangan reproduksi dasar (R_0) dan menganalisis kestabilan titik ekuilibrium serta sensitivitas parameter terhadap penyebaran penyakit.

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi ilmiah dalam pengembangan model matematika yang mampu memprediksi dinamika penyebaran diabetes non-genetik. Hasil penelitian ini juga diharapkan dapat menjadi referensi dalam merancang strategi pencegahan yang lebih efektif serta membantu pengambil kebijakan dalam menangani masalah kesehatan masyarakat terkait diabetes non-genetik.

METODE PENELITIAN

Penelitian ini menggunakan pendekatan kuantitatif deskriptif. Metode yang diterapkan adalah model matematika SEIR dengan mengumpulkan data sekunder dari sumber terpercaya, yakni International Diabetes Federation. Pengumpulan data dilakukan melalui teknik dokumentasi, sedangkan analisis data memanfaatkan perangkat lunak Maple.

Untuk mencapai tujuan penelitian, tahapan yang dilakukan meliputi:

1. Membuat Model Nyata
Tahap ini melibatkan pemahaman karakteristik permasalahan yang dimodelkan serta pembatasan cakupan permasalahan. Identifikasi dan pembatasan tersebut menghasilkan variabel yang dijelaskan melalui hubungan antar variabel, kemudian diterjemahkan ke dalam bentuk model.
2. Membuat Asumsi
Dalam proses pembuatan model, asumsi-asumsi disusun untuk menggambarkan proses berpikir sehingga model dapat berjalan dengan efektif.
3. Merumuskan Permasalahan dalam Bentuk Model Matematika
Berdasarkan asumsi dan hubungan antar variabel, permasalahan kemudian diformulasikan ke dalam model matematika.
4. Menyederhanakan Model Matematika
Setelah model diformulasikan, persamaan-persamaan tersebut diselesaikan secara matematis dengan menggunakan metode yang sesuai dan fleksibel.
5. Menentukan Titik Keseimbangan
Menentukan titik tetap dari persamaan dan memastikan apakah titik tersebut memenuhi syarat yang dibutuhkan.
6. Linearitas dengan Matriks Jacobi

Matriks Jacobi digunakan untuk melinearakan sistem di sekitar titik tetap.

7. Menghitung Nilai Eigen
 Nilai eigen dari matriks Jacobi dihitung untuk menganalisis kestabilan.
8. Interpretasi Hasil (Simulasi)
 Langkah ini menghubungkan solusi matematika dengan masalah nyata. Interpretasi dilakukan melalui grafik atau bentuk lain berdasarkan solusi yang ditemukan.
9. Validasi Model Matematika
 Model yang dihasilkan perlu divalidasi untuk memeriksa kesesuaiannya dengan situasi nyata. Jika model sudah valid, dapat digunakan untuk menjelaskan hasil observasi, memprediksi, atau mengambil keputusan.
10. Penerapan Model Matematika
 Model yang tervalidasi dapat diaplikasikan pada situasi nyata untuk memberikan solusi terhadap permasalahan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

HASIL

Model SEIT terdiri dari empat kompartemen utama, yaitu *Susceptible (S)*, *Exposed (E)*, *Infected (I)*, dan *Treatment (T)* yang menggambarkan bagaimana individu yang rentan dapat terpapar, terinfeksi, dan akhirnya menerima perawatan.

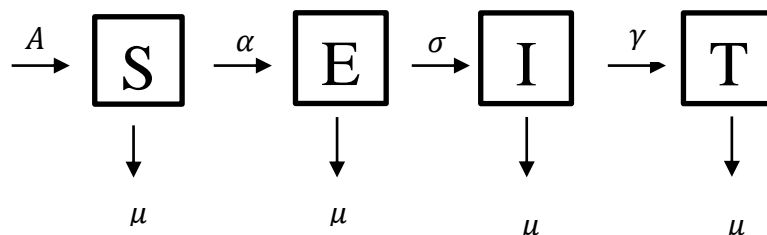
Konstruksi Model Matematika Penyebaran Diabetes Non Genetik

Diabetes non-genetik atau diabetes tipe 2 terjadi karena penurunan fungsi insulin yang menyebabkan resistensi insulin, yang jika tidak ditangani dapat memicu komplikasi serius. Namun, pengelolaan gula darah yang baik melalui terapi dan pengobatan dapat memperlambat atau mencegah komplikasi.

Asumsi-asumsi yang digunakan dalam membangun model ini adalah sebagai berikut:

- a. Populasi total dianggap konstan.
- b. Penyakit ini hanya mencakup diabetes tipe 2 tanpa pengaruh faktor genetik.
- c. Pengaruh migrasi diabaikan, sehingga penyebaran terjadi dalam populasi tertutup.
- d. Penderita diabetes tipe 2 tidak dapat sembuh total, tetapi dapat menerima perawatan untuk memperpanjang umur.
- e. Individu yang rentan memasuki kompartemen *Susceptible (S)*, sementara individu yang mulai mengalami penurunan fungsi insulin masuk ke kompartemen *Exposed (E)*.
- f. Individu yang menerima perawatan masuk ke kompartemen *Treatment (T)*, dengan kematian dapat terjadi baik dalam kondisi menerima perawatan maupun tidak.

Model SEIT yang digunakan berdasarkan asumsi-asumsi di atas adalah sebagai berikut:



Gambar 1. Kompartemen Model SEIT

Keterangan diagram kompartemen pada gambar di atas adalah sebagai berikut:

1. Kompartemen rentan $S(t)$ bertambah melalui rekrutmen dengan laju A , tetapi berkurang karena individu berpindah ke kompartemen $E(t)$ dengan laju transisi α , serta kematian dengan laju μ .
2. Kompartemen terpapar $E(t)$ bertambah dari kompartemen $S(t)$ dengan laju α , tetapi berkurang karena transisi ke kompartemen $I(t)$ dengan laju σ dan kematian dengan laju μ .
3. Kompartemen terinfeksi $I(t)$ bertambah dari $E(t)$ dengan laju σ , tetapi menurun karena perawatan di kompartemen $T(t)$ dengan laju γ dan kematian dengan laju μ .
4. Kompartemen perawatan $T(t)$ bertambah dari $I(t)$ dengan laju γ , tetapi berkurang karena kematian dengan laju μ .

Untuk diketahui bahwa di dalam model ini, populasi total N adalah konstan sehingga:

$$S(t) + E(t) + I(t) + T(t) = N$$

Berdasarkan kompartemen di atas, model penyebaran diabetes non-genetik dijelaskan dengan sistem persamaan diferensial berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= A - (\alpha + \mu)S(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} &= \alpha S(t) - (\sigma + \mu)E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \sigma E(t) - (\gamma + \mu)I(t) \\ \frac{dT(t)}{dt} &= \gamma I(t) - \mu T(t) \end{aligned}$$

Variabel dan parameter yang digunakan dalam model ini disajikan dalam tabel berikut ini.

Tabel 1. Variabel dan Parameter Model

No	Simbol	Definisi	Satuan
1	$S(t)$	Jumlah individu yang rentan terhadap diabetes non genetik pada waktu t .	Individu
2	$E(t)$	Jumlah individu yang terpapar dan berisiko mengembangkan diabetes non genetik pada waktu t .	Individu
3	$I(t)$	Jumlah individu yang telah terinfeksi diabetes non genetik pada waktu t .	Individu
4	$T(t)$	Jumlah individu yang telah terinfeksi diabetes non genetik dan sedang mendapatkan perawatan pada waktu t .	Individu
5	N	Jumlah populasi total yang konstan.	Individu
6	A	Laju rekrutmen individu baru ke dalam populasi rentan (S).	Individu
7	α	Laju transisi dari individu yang rentan (S) menjadi terpapar (E).	$\frac{\text{individu}}{\text{waktu}}$
8	σ	Laju transisi dari individu yang terpapar (E) menjadi terinfeksi (I).	$\frac{\text{individu}}{\text{waktu}}$
9	γ	Laju transisi dari individu yang terinfeksi (I) menjadi individu yang mendapatkan perawatan (T).	$\frac{\text{individu}}{\text{waktu}}$

10	μ	Laju tingkat kematian untuk setiap individu.	$\frac{\text{individu}}{\text{waktu}}$
----	-------	--	--

Adapun nilai parameter dari setiap model penyebaran diabetes non genetik tertera pada gambar berikut ini.

Tabel 2. Nilai Parameter Model

No	Parameter	Definisi	Nilai
1	α	Laju transisi dari individu yang rentan (S) menjadi terpapar (E).	$\frac{1}{360}$
2	σ	Laju transisi dari individu yang terpapar (E) menjadi terinfeksi (I).	$\frac{1}{30}$
3	γ	Laju transisi dari individu yang terinfeksi (I) menjadi individu yang mendapatkan perawatan (T).	$\frac{0,97}{30}$
4	μ	Laju tingkat kematian untuk setiap individu.	$\frac{1}{75 \times 360}$
5	A	Laju rekrutmen individu baru ke dalam populasi rentan (S).	$\frac{100}{360}$

Titik Ekuilibrium Model Matematika Penyebaran Diabetes Non Genetik

Pada bagian ini, akan dibahas penentuan titik ekuilibrium dari sistem persamaan diferensial model SEIT pada penyebaran diabetes non genetik.

Titik Ekuilibrium Bebas Penyakit

Titik ekuilibrium bebas penyakit adalah kondisi di mana tidak ada individu yang terpapar, terinfeksi, atau berada dalam perawatan. Hal ini berarti bahwa $E^*, I^*, T^* = 0$ sehingga hanya mempertimbangkan kompartemen S dan diperoleh:

$$\begin{aligned} \frac{dS(t)}{dt} &= A - (\alpha + \mu)S \\ \frac{dS(t)}{dt} &= A - (\alpha + \mu)S = 0 \\ A &= (\alpha + \mu)S \\ S &= \frac{A}{\alpha + \mu} \end{aligned}$$

Maka, titik ekuilibrium bebas penyakit dari model adalah sebagai berikut:

$$(S^*, E^*, I^*, T^*) = \left(\frac{A}{\alpha + \mu}, 0, 0, 0 \right)$$

Titik Ekuilibrium Endemik Penyakit

Titik ekuilibrium endemik penyakit adalah kondisi di mana ada keseimbangan tidak nol dalam semua kompartemen. Dalam hal ini akan digunakan sistem persamaan diferensial untuk menyelesaikan model, sehingga diperoleh:

$$\left(\frac{A}{\alpha + \mu}, \frac{\alpha A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)}, \frac{\sigma \alpha A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)}, \frac{\gamma \sigma \alpha A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)\mu} \right)$$

Analisis Kestabilan Titik Ekuilibrium

Pada bagian ini, akan dilakukan analisis kestabilan untuk melihat apakah titik ekuilibrium pada model adalah stabil asimtotik atau tidak stabil. Analisis kestabilan titik

Online Journal System: <https://jurnalp4i.com/index.php/knowledge>

ekuilibrium menggunakan matriks Jacobi untuk mencari nilai eigen yang menentukan stabil atau tidaknya titik ekuilibrium.

Matriks Jacobi yang dihasilkan dari titik ekuilibrium bebas penyakit adalah sebagai berikut.

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial E} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial T} & \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial E} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial T} & \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial E} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial T} & \frac{\partial f_4}{\partial S} & \frac{\partial f_4}{\partial E} & \frac{\partial f_4}{\partial I} & \frac{\partial f_4}{\partial T} \end{bmatrix}$$

Di mana:

$$\begin{aligned} f_1 &= A - (\alpha + \mu)S \\ f_2 &= \alpha S - (\sigma + \mu)E \\ f_3 &= \sigma E - (\gamma + \mu)I \\ f_4 &= \gamma I - \mu T \end{aligned}$$

Sehingga didapatkan:

$$J = \begin{bmatrix} -\alpha + \mu & \alpha & 0 & 0 & 0 & -\sigma + \mu & \sigma & 0 & 0 & 0 & -(\gamma + \mu) & \gamma & 0 & 0 & 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

Selanjutnya, akan dicari nilai eigen dari matriks J dengan menentukan $\det(J - \lambda I) = 0$, dan didapatkan:

$$\det(J - \lambda I) = (-\alpha + \mu - \lambda)(-\sigma + \mu - \lambda)(-\gamma + \mu - \lambda)(-\mu - \lambda)$$

Persamaan karakteristiknya adalah:

$$(-\alpha + \mu - \lambda)(-\sigma + \mu - \lambda)(-\gamma + \mu - \lambda)(-\mu - \lambda) = 0$$

Solusi dari persamaan di atas adalah:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\alpha + \mu \\ \lambda_2 &= -\sigma + \mu \\ \lambda_3 &= -\gamma + \mu \\ \lambda_4 &= -\mu \end{aligned}$$

Dikarenakan nilai eigen dari setiap parameter $\alpha, \sigma, \gamma, \mu > 0$ bernilai positif dan hasilnya negatif, maka titik ekuilibrium bebas penyakit bersifat stabil asimtotik. Ini berarti bahwa jika sistem mendekati kondisi ini, sistem akan cenderung kembali ke titik tersebut tanpa mengalami penyimpangan yang signifikan. Begitu pula dengan titik ekuilibrium endemik, yang memiliki matriks Jacobi serupa, sehingga nilai eigennya sama dan titik ekuilibriumnya juga stabil asimtotik.

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar adalah rasio yang menunjukkan seberapa banyak individu rentan dapat terinfeksi oleh satu individu yang sudah terinfeksi dalam suatu populasi. Bilangan reproduksi dasar dapat dicari dengan menghitung nilai eigen maksimum matriks generasi berikutnya atau *next generation matrix* pada persamaan model yang mencakup individu yang sedang dalam masa inkubasi dan individu yang sudah terinfeksi. Biasanya, bilangan reproduksi dasar dilambangkan dengan R_0 .

Untuk menghitung matriks generasi berikutnya berdasarkan definisi $K = FV^{-1}$, maka:

$$\begin{aligned} F &= \begin{bmatrix} 0 & \frac{\alpha A}{\alpha + \mu} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \\ V &= \begin{bmatrix} \sigma + \mu & 0 & 0 & -\sigma & \gamma + \mu & 0 & 0 & 0 & \mu \end{bmatrix} \\ V^{-1} &= \begin{bmatrix} \frac{1}{\sigma + \mu} & \frac{\sigma}{(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)} & 0 & 0 & \frac{1}{\gamma + \mu} & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{\mu} \end{bmatrix} \end{aligned}$$

Di mana F adalah matriks yang menunjukkan laju infeksi baru menuju E dan I , V adalah matriks yang menunjukkan laju perpindahan dari kelas E dan I , dan K adalah matriks generasi selanjutnya.

$$K = FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\alpha A}{\alpha + \mu} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\sigma + \mu} & \frac{\sigma}{(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)} & 0 & 0 & \frac{1}{\gamma + \mu} & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{\mu} \end{bmatrix}$$

$$K = \left[\begin{array}{cccccccc} \frac{\alpha A \sigma}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)} & \frac{\alpha A}{(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{array} \right]$$

Berdasarkan nilai eigen positif terbesar dari matriks K di atas, maka bilangan reproduksi dasar (R_0) yang dihasilkan adalah

$$R_0 = \frac{\alpha A \sigma}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)}$$

Analisis Sensitivitas Parameter

Pada bagian ini akan dilakukan analisis sensitivitas. Langkah awal dalam analisis sensitivitas adalah menentukan indeks sensitivitas untuk semua parameter yang ingin dianalisis.

Diberikan:

$$R_0 = \frac{\alpha A \sigma}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)}$$

Untuk menghitung sensitivitas parameter n , maka akan digunakan rumus:

$$S_n = \frac{\partial R_0}{\partial n} \times \frac{n}{R_0}$$

Langkah-langkah dari rumus di atas adalah:

1. Hitung turunan parsial R_0 terhadap parameter n , yaitu $\frac{\partial R_0}{\partial n}$.
2. Setelah mendapatkan turunan parsial $\frac{\partial R_0}{\partial n}$, kalikan dengan $\frac{n}{R_0}$ untuk mendapatkan S_n .

Nilai analisis sensitivitas pada R_0 tertera pada gambar berikut.

Tabel 3. Nilai Analisis Sensitivitas Parameter

Parameter	Nilai
α	1,1071
σ	29,9885
γ	-0,5187
μ	-0,441

Berdasarkan analisis di atas, dapat disimpulkan bahwa parameter laju transmisi (α), (σ), (γ), dan (μ) memiliki dampak paling signifikan terhadap perubahan nilai R_0 . Parameter (α) dan (σ) menunjukkan hubungan yang positif, sedangkan (γ) dan (μ) menunjukkan hubungan yang negatif. Ini berarti bahwa peningkatan nilai parameter (α) dan (σ) akan berakibat pada peningkatan nilai R_0 , sedangkan penurunan nilai parameter (γ) dan (μ) akan menyebabkan penurunan nilai R_0 . Selain itu, perubahan nilai R_0 , baik naik maupun turun, berkaitan erat dengan besarnya indeks sensitivitas dari masing-masing parameter tersebut.

Simulasi Numerik

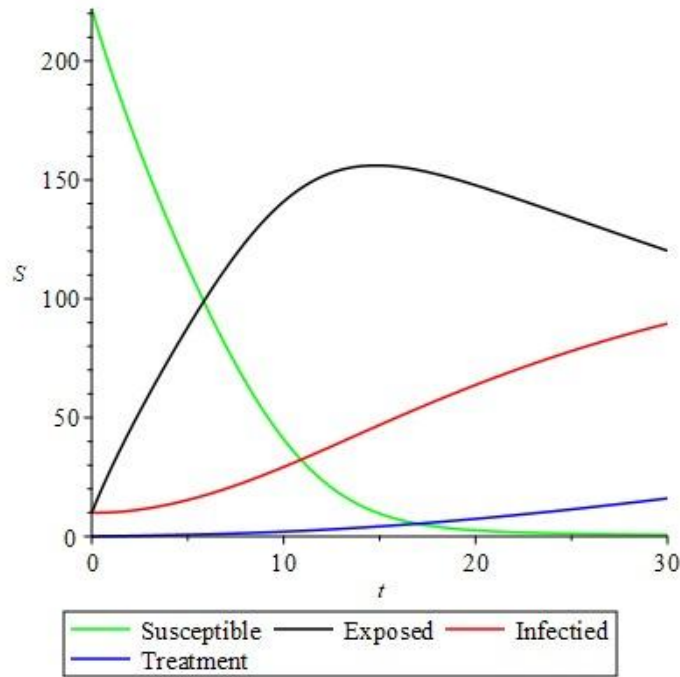
Pada bagian ini berisi simulasi numerik dari model matematika penyakit diabetes non genetik. Simulasi ini dilakukan dengan memasukkan nilai-nilai awal dari kompartemen yang secara sistematis tertera pada tabel berikut.

Tabel 4. Nilai Awal Variabel

No	Variabel	Nilai
1	S	250
2	E	10

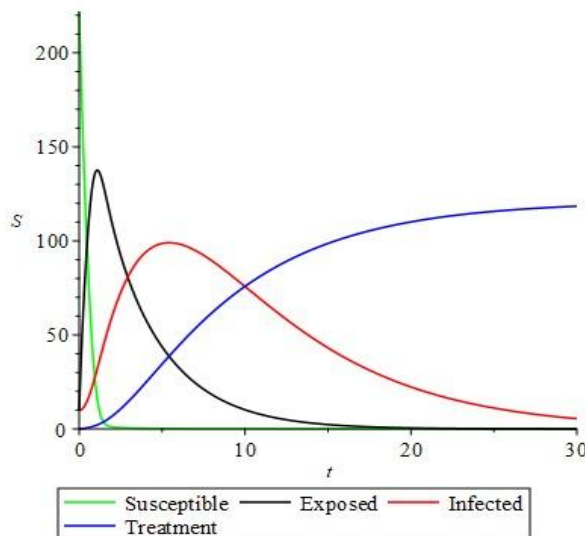
3	I	10
4	T	0

Dengan menggunakan maple, didapatkan grafik awal untuk penyebaran diabetes non genetik, yaitu sebagai berikut.



Gambar 2. Grafik Awal Penyebaran Diabetes Non Genetik

Dari gambar tersebut, dapat dilihat bahwa populasi rentan mengalami penurunan yang cepat akibat perpindahan individu ke kompartemen lain karena terpapar penyakit. Awalnya, populasi yang terpapar menunjukkan peningkatan, namun kemudian menurun saat individu-individu tersebut berpindah ke kompartemen terinfeksi. Populasi terinfeksi mulai meningkat setelah populasi terpapar mencapai puncaknya, yang mencerminkan perkembangan penyakit. Di sisi lain, jumlah populasi yang mendapatkan perawatan tetap rendah, yang berarti menunjukkan adanya batasan dalam intervensi atau lambatnya penerapan perawatan.



Gambar 3. Grafik Kompartemen Setelah Menjalani Perawatan

Gambar di atas menggambarkan bahwa pada awalnya, sebagian besar populasi rentan terhadap penyakit. Namun, kelompok ini dengan cepat mengalami paparan atau infeksi, yang mengakibatkan penurunan tajam pada kurva populasi rentan. Populasi yang terpapar meningkat pesat hingga mencapai puncak sekitar tahun kedua, sebelum kemudian menurun dengan cepat saat mereka berpindah ke kelompok terinfeksi. Populasi terinfeksi mulai meningkat setelah populasi terpapar mencapai puncaknya, yang terjadi sekitar tahun ketujuh, dan kemudian menurun perlahan. Sementara itu, populasi yang menerima perawatan terus meningkat seiring berjalannya waktu, mencerminkan peningkatan intervensi atau semakin banyak individu yang membutuhkan perawatan.

PEMBAHASAN

Matematika epidemiologi telah banyak digunakan untuk memahami penyebaran penyakit melalui model-model seperti SIR, SEIR, dan SEIIT. Meskipun model ini awalnya dikembangkan untuk penyakit menular, beberapa penelitian menunjukkan bahwa model tersebut juga relevan dalam mempelajari penyakit tidak menular seperti diabetes mellitus (DM). Penyakit ini, terutama diabetes tipe 2, dipengaruhi oleh faktor non-genetik seperti pola makan, obesitas, dan gaya hidup, yang memberikan dinamika unik dalam pola penyebarannya.

Model **SIR** telah digunakan untuk memahami dinamika penyakit dalam populasi dengan membagi individu menjadi tiga kelompok: rentan (*susceptible*), terinfeksi (*infected*), dan sembuh (*recovered*). Smith dan Green (2019) memodifikasi model SIR untuk mengkaji faktor-faktor non-genetik dalam penyebaran diabetes tipe 2. Penelitian mereka menunjukkan bahwa obesitas dan pola makan memiliki dampak signifikan pada peningkatan risiko individu berpindah dari kategori rentan ke terinfeksi. Selanjutnya, model **SEIR**, yang menambahkan kompartemen **exposed** untuk menggambarkan individu yang terpapar tetapi belum menunjukkan gejala, digunakan untuk memberikan gambaran yang lebih akurat mengenai penyakit yang berkembang secara bertahap, seperti diabetes tipe 2. Penelitian Wang, Li, dan Zhang (2020) menerapkan model SEIR untuk memperhitungkan waktu latensi yang dihubungkan dengan perubahan gaya hidup sebelum seseorang menunjukkan gejala diabetes. Pendekatan ini membantu memprediksi penyebaran diabetes pada populasi dengan risiko tinggi, seperti mereka yang memiliki riwayat keluarga diabetes atau obesitas.

Model **SEIIT** kemudian diperluas untuk memasukkan **isolation** (isolasi) dan **treatment** (pengobatan) sebagai kompartemen tambahan. Zhang et al. (2018) menggunakan model ini untuk mempelajari bagaimana intervensi medis seperti pengobatan insulin dan edukasi kesehatan dapat memengaruhi penyebaran diabetes. Penelitian ini menekankan pentingnya intervensi berbasis komunitas untuk mengurangi prevalensi diabetes pada populasi berisiko. Dalam penelitian terbaru ini, model **SEIT** diusulkan untuk mempelajari penyebaran diabetes tipe 2 yang disebabkan oleh faktor non-genetik. Model ini mempertahankan kompartemen dasar dari model SEIR tetapi menggantikan kompartemen **Recovered** dengan **Treatment** untuk mencerminkan pentingnya pengobatan sebagai strategi pengelolaan diabetes. Dengan demikian, individu yang menerima pengobatan dapat tetap berada dalam kondisi stabil tanpa sepenuhnya sembuh, mencerminkan sifat kronis dari penyakit ini.

Berbeda dengan penelitian sebelumnya, model SEIT juga memperhitungkan faktor non-genetik secara lebih terperinci, seperti pola makan, aktivitas fisik, dan akses terhadap pengobatan. Misalnya, Ardiani, Permatasari, dan Sugiati (2021) menunjukkan bahwa pola makan yang buruk dan kurangnya aktivitas fisik selama pandemi Covid-19 memperburuk prevalensi diabetes tipe 2. Penelitian ini menunjukkan pentingnya memasukkan kompartemen **Treatment** dalam model untuk memprediksi dampak jangka panjang dari intervensi gaya hidup dan pengobatan. Penggunaan model SEIT memungkinkan peneliti untuk mengevaluasi dampak

intervensi kesehatan masyarakat yang lebih kompleks, seperti promosi aktivitas fisik, perbaikan pola makan, dan program akses pengobatan, terhadap penyebaran diabetes non-genetik. Model ini juga dapat digunakan untuk merancang kebijakan yang berfokus pada pencegahan dan pengelolaan diabetes di tingkat populasi. Dari hasil yang diperoleh populasi yang menerima perawatan terus meningkat seiring berjalannya waktu, mencerminkan peningkatan intervensi atau semakin banyak individu yang membutuhkan perawatan sesuai dengan jurnal kesehatan Ardiani, Permatasari, dan Sugiati (2021).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil analisis dan model matematika untuk penyakit diabetes non genetik diperoleh kesimpulan sebagai berikut:

1. Model matematika penyakit diabetes non genetik memiliki dua titik ekulibrium, yaitu:

a. Titik ekulibrium bebas penyakit $P_0 = (S, E, I, T) = (\frac{A}{\alpha+\mu}, 0, 0, 0)$

b. Titik ekulibrium endemik penyakit $P_1 = S^*, E^*, I^*, T^*$ dengan

$$S^* = \frac{A}{\alpha + \mu}$$
$$E^* = \frac{\alpha A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)}$$
$$I^* = \frac{\sigma \delta A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)}$$
$$T^* = \frac{\gamma \sigma \delta A}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)\mu}$$

2. Nilai bilangan reproduksi dasar untuk model matematika diabetes non genetik adalah $R_0 = \frac{\alpha A \sigma}{(\alpha + \mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \mu)}$

3. Titik P_0 adalah stabil asimtotik dengan syarat $R_0 \leq 1$ dan titik P_1 stabil asimtotik lokal jika $R_0 > 1$. Dengan memasukkan nilai parameter yang ada untuk menemukan nilai R_0 , maka ditemukan:

$$R_0 = 0,09$$

Dengan demikian, jumlah individu yang terinfeksi akan menurun untuk setiap generasi, sehingga penyakit akan menghilang. Hal ini dikarenakan $R_0 \leq 1$.

DAFTAR PUSTAKA

- American Diabetes Association. (2020). *Classification and diagnosis of diabetes: Standards of Medical Care in Diabetes-2020*, 43(1), 14–31. <https://doi.org/10.2337/dc20-S002>
- Ashari, I., dkk. (2021). Pemodelan Matematika Diabetes Mellitus Type 2 Akibat Obesitas karena Makanan dan Inaktivitas Fisik. *Jurnal Neolectura Nucleus*, 2(1), 23-32.
- Astutisari, I. D. A. E. C., Darmini, A. A. A. Y., & Wulandari, I. A. P. (2022). Hubungan pola makan dan aktivitas fisik dengan kadar gula darah pada pasien diabetes melitus tipe 2 di Puskesmas Manggis I. *Jurnal Riset Kesehatan Nasional*, 6(2). <https://doi.org/10.37294>
- Ardiani, H. E., Permatasari, T. A. E., & Sugiati. (2021). Obesitas, pola diet, dan aktivitas fisik dalam penanganan diabetes melitus pada masa pandemi Covid-19. *Mujahida Journal of Nutrition and Food*, 2(1). <https://jurnal.umj.ac.id/index.php/MJNF>
- Fitriyah, N. (2016). Model Matematika Penyakit Diabetes Mellitus Tanpa Faktor Genetik dengan Perawatan. Skripsi. Yogyakarta: UIN Sunan Kalijaga.
- Irwan, M., Irwan., & Jusrawati. (2019). Model Matematika Penyakit Diabetes Melitus. *Jurnal Varian*, 2(2), 68-72.

- Kartono. (2001). *Maple untuk Persamaan Diferensial*. Yogyakarta: J&J Learning.
- Kasbawati. (2011). Analisis Numerik Model Epidemiologi SIR dengan Faktor Difusi. *Jurnal Matematika, Statistika, dan Komputasi*, 7(2), 98-107.
- Umami. (2009). Penerapan Model Matematika pada Marginasi Konstan dari Leukosit. Skripsi. Malang: Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.
- Kaya, K., Darmawati., & Darma, E. (2021). Model Matematika pada Penyakit Diabetes Mellitus dengan Faktor Genetik dan Faktor Sosial. *Journal of Mathematics: Theory and Applications*, 3(1), 23-30.
- Ndii, Z. (2022). *Pemodelan Matematika*. Pekalongan: PT. Nasya Expanding Management.
- Pagalay. (2009). *Mathematical Modelling*. Malang: UIN Press.
- Praharsi, Y. & Kusnanto, A. (2000). Tanggapan Mahasiswa pada Pembelajaran Pemodelan Matematika dengan Program Maple (Studi Kasus: Pembelajaran Pemodelan Gerak Osilasi).
- Syahputra, I. (2020). Klasifikasi Penyakit Diabetes Melitus Tipe 1 dan Diabetes Melitus Tipe II dengan Menggunakan Metode Analisis Diskriminan. Skripsi. Medan: Universitas Islam Negeri Sumatra Utara Medan.
- Smith, R. M., & Green, M. J. (2019). Non-genetic factors in the spread of type 2 diabetes: A mathematical approach. *Journal of Public Health Research*, 12(3), 156-170.
- Widowati & Sutimin. (2007). *Buku Ajar Pemodelan Matematika*. Universitas Diponegoro. Semarang.
- Wang, X., Li, Y., & Zhang, X. (2020). Application of mathematical models for diabetes epidemic: A review of SIR and SEIR models. *Journal of Epidemiology and Public Health*, 45(1), 10-23.
- Yenni, N. & M, Subhan. (2022). Model Matematika Interaksi Glukosa Insulin dalam Tubuh Penderita Diabetes Tipe 2. *Journal of Mathematics UNP*, 7(3), 128-135.
- Zhang, L., Zhou, X., & Zhao, Y. (2018). Mathematical modeling of diabetes spread and management strategies. *Mathematics in Medicine and Biology*, 35(2), 214-230.