

MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN MDR-TB DENGAN PENGOBATAN REGIMEN BPaLM

Irna Laradiyanti

Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri
Surabaya e-mail : irnalaradiyanti.22042@mhs.unesa.ac.id

Abadi

Program Studi Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri
Surabaya e-mail : abadi@unesa.ac.id

Abstrak

Model matematika penyebaran MDR-TB dengan pengobatan regimen BPaLM disusun dalam bentuk sistem persamaan diferensial nonlinear SEIMTR yang terdiri dari enam kompartemen yaitu: rentan (S), terpapar (E), terinfeksi (I), MDR-TB (M), pengobatan (T), dan sembuh (R). Berdasarkan hasil analisis sistem, diperoleh dua titik kesetimbangan yaitu pada kondisi bebas penyakit ($S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0$) dan kondisi endemik ($S^*, E^*, I^*, M^*, T^*, R^*$), serta bilangan reproduksi dasar ($R_0 = \frac{\beta \lambda s}{(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)}$) yang merepresentasikan dinamika penyebaran penyakit.

Nilai R_0 berperan sebagai ambang batas dalam menentukan dinamika penyebaran penyakit. Jika $R_0 < 1$ maka infeksi akan menurun dan akhirnya menghilang dari populasi. Sebaliknya, jika $R_0 > 1$, maka infeksi dapat bertahan dalam populasi. Simulasi numerik menunjukkan bahwa ketika diambil nilai parameter $\beta = 6.25 \times 10^{-9}$ akan didapatkan nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 = 0.13758$, yang menunjukkan bahwa penyakit akan menurun seiring waktu dan akan menghilang dari populasi. Sebaliknya, jika diambil nilai parameter $\beta = 1.646 \times 10^{-7}$ akan didapatkan nilai bilangan reproduksi dasar $R_0 = 3.62327$, yang menunjukkan bahwa infeksi akan bertahan dalam populasi hingga tingkat waktu tertentu. Hasil simulasi juga memperlihatkan bahwa regimen BPaLM efektif dalam menekan dampak penyebaran MDR-TB dengan meningkatkan jumlah orang yang sembuh.

Kata Kunci: MDR-TB, model SEIMTR, regimen BPaLM, titik kesetimbangan, bilangan reproduksi dasar.

Abstract

The mathematical model of MDR-TB transmission with the BPaLM treatment regimen is formulated as a nonlinear SEIMTR differential equation system consisting of six compartments: susceptible (S), exposed (E), infected (I), MDR-TB (M), treatment (T), and recovered (R). Based on the system analysis, two equilibrium points are obtained, namely the disease-free equilibrium ($S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0$) and the endemic equilibrium ($S^*, E^*, I^*, M^*, T^*, R^*$), along with the basic reproduction number ($R_0 = \frac{\beta \lambda s}{(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)}$), which

represents the dynamics of disease transmission. If $R_0 < 1$, the infection will decrease over time and eventually disappear from the population. Conversely, if $R_0 > 1$, the infection can persist within the population. Numerical simulations show that when the transmission parameter is taken as $\beta = 6.25 \times 10^{-9}$, the basic reproduction number obtained is $R_0 = 0.13758$, indicating that the disease will gradually decline and eventually vanish from the population. On the other hand, when the transmission parameter is increased to $\beta = 1.646 \times 10^{-7}$, the resulting basic reproduction number is $R_0 = 3.62327$, indicating that the infection persists in the population over a certain period of time. The simulation results also demonstrate that the BPaLM regimen is effective in reducing the impact of MDR-TB transmission by increasing the number of recovered individuals.

Keywords: MDR-TB, SEIMTR model, BPaLM regimen, equilibrium points, basic reproduction number.

PENDAHULUAN

Penyakit menular adalah suatu penyakit yang muncul akibat agen infeksius seperti virus dan bakteri. Penyakit ini dapat menyebar melalui penularan agen penyebab infeksius, baik melalui kontak langsung maupun tidak langsung. Salah satu penyakit menular yang mendominasi dengan jumlah kasus cukup tinggi adalah tuberkulosis (TBC) (Hulu dkk. (2020)). Tuberkulosis (TBC) menular melalui udara yang mengandung bakteri *Mycobacterium Tuberculosis*. Tuberkulosis pada dasarnya dapat disembuhkan melalui pengobatan rutin selama 6–9 bulan. Namun, apabila pengobatan tidak dijalani hingga tuntas atau tidak sesuai standar, penyakit ini berisiko kambuh dan menimbulkan resistensi sekunder kuman TBC terhadap obat, yang dikenal sebagai *Multi Drug Resistance* (MDR) (Hulu dkk. (2020)).

MDR-TB merupakan bentuk *Mycobacterium Tuberculosis* yang telah resistan terhadap obat lini pertama, yaitu isoniazid dan rifampisin. Kondisi ini menyebabkan durasi pengobatan menjadi jauh lebih panjang, yakni sekitar 9 hingga 24 bulan (Aristiana & Wartono (2018)).

Pemodelan matematika MDR-TB dikembangkan untuk memahami dinamika penyebaran dan dampak resistansi obat terhadap efektivitas pengendalian penyakit. Model ini umumnya merupakan pengembangan dari model kompartemen klasik seperti SIR (*Susceptible, Infected, Removed*) atau SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*) dengan penambahan kompartemen yang merepresentasikan individu terinfeksi TB resistan obat, individu dengan infeksi laten, serta individu yang menderita MDR-TB (Kiseleva dkk. (2025)).

Penelitian ini akan melengkapi kajian terdahulu dengan memodifikasi model yang dikembangkan oleh Guedri dkk. (2025). Modifikasi dilakukan dengan menambahkan asumsi pemberian pengobatan regimen BPALM pada populasi terinfeksi MDR-TB. Berdasarkan pengembangan konsep tersebut, disusunlah penelitian dengan judul “Model Matematika Penyebaran MDR-TB dengan Pengobatan Regimen BPALM”.

KAJIAN TEORI

Titik Keseimbangan

Pembahasan titik keseimbangan secara khusus berfokus pada kasus dimana laju perubahan tidak secara eksplisit bergantung pada waktu(t), yang dikenal sebagai persamaan diferensial autonomous (Edwards dkk. (2015)). Persamaan otonom ini akan berada dalam keadaan setimbang, jika laju perubahannya adalah nol, yaitu:

$$\frac{dy}{dt} = f(y) = 0 \quad (1)$$

Pada model matematika epidemiologi, titik keseimbangan dibedakan menjadi dua kondisi, yaitu:

1. **Titik Keseimbangan Bebas Penyakit ($I=0$) :** kondisi di mana penyakit tidak lagi ada dalam populasi, sehingga tidak terdapat individu yang terinfeksi.
2. **Titik Keseimbangan Endemik ($I \neq 0$) :** kondisi di mana penyakit tetap ada dalam populasi secara konstan.

Linearisasi

Linearisasi merupakan salah satu metode yang digunakan untuk mempelajari perilaku sistem nonlinier di sekitar titik keseimbangan. Menurut Strogatz (1994), proses linearisasi dilakukan dengan melakukan pendekatan deret Taylor orde pertama terhadap fungsi-fungsi yang membentuk sistem nonlinier di sekitar titik keseimbangan. Kestabilan titik keseimbangan sepenuhnya ditentukan oleh Nilai Eigen (Λ) dari matriks Jacobian (Li (2018)). Untuk memperoleh nilai eigen tersebut, digunakan persamaan karakteristik:

$$\det(J - \Lambda I) = 0 \quad (2)$$

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Dalam epidemiologi, nilai R_0 menggambarkan kemampuan suatu penyakit untuk menyebar dalam populasi (Diekmann dkk. (2000)). Nilai R_0 berperan sebagai batas penentu (*threshold value*) dalam dinamika penyakit. Jika $R_0 < 1$, maka infeksi akan berkurang dan akhirnya menghilang dari populasi. Sebaliknya, jika $R_0 > 1$, maka infeksi dapat menyebar dan menetap. Dengan demikian, R_0 menjadi indikator apakah penyakit akan punah atau bertahan dalam sistem (Brauer dkk. (2008)).

Ekspansi Kofaktor

Ekspansi kofaktor merupakan salah satu metode dalam aljabar linear untuk menghitung determinan matriks persegi. Dalam model epidemi, metode ini sering digunakan dalam proses penurunan polinom

karakteristik dari matriks Jacobian hasil linearisasi di sekitar titik kesetimbangan (Anton dan Rorres (2022)). Pada penelitian ini, itu, konsep ekspansi kofaktor digunakan sebagai landasan teoritis dalam pembentukan determinan matriks sebelum dilakukan analisis kestabilan titik kesetimbangan.

METODE

Penelitian ini merupakan pengembangan model dari penelitian Guedri dkk. (2025), dengan menggunakan pendekatan studi literatur. Penelitian ini dilakukan dengan menelaah, mendalami, dan mencermati berbagai referensi ilmiah seperti jurnal, buku, dan penelitian terdahulu yang berkaitan dengan penyebaran Tuberkulosis khususnya pada kasus MDR-TB dan pengobatan menggunakan regimen BPALM. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengembangkan model matematika penyebaran MDR-TB dengan pengobatan regimen BPALM.

Penelitian ini dilakukan berdasarkan rancangan penelitian yaitu dengan studi literatur, menyusun asumsi-asumsi dan batasan masalah, mengonstruksi model matematika penyebaran tuberkulosis resisten obat (MDR-TB) dengan pengobatan regimen BPALM, menentukan titik kesetimbangan dan bilangan reproduksi dasar, menentukan nilai parameter model, dan yang terakhir yaitu simulasi numerik dan interpretasi hasil analisis titik kesetimbangan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

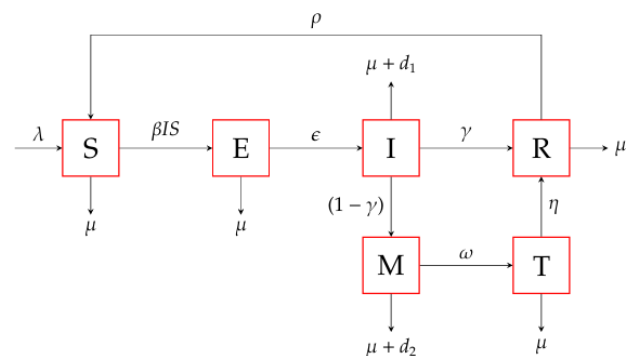
Mengonstruksi Model Matematika Penyebaran Tuberkulosis Resisten Obat (MDR-TB) Dengan Pengobatan Regimen BPALM

Model yang dibentuk membagi populasi kedalam enam kompartemen, yaitu populasi rentan (S), terpapar (E), terinfeksi (I), resisten obat atau MDR-TB (M), individu yang menjalani pengobatan BPALM (T), serta individu yang telah sembuh (R). Model dibangun dengan menggunakan asumsi-asumsi berikut:

1. Populasi diasumsikan bersifat homogen, sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama untuk terinfeksi MDR-TB.
2. Populasi diasumsikan bersifat tertutup, dengan perubahan yang hanya dipengaruhi oleh kelahiran dan kematian alami.
3. Kematian alami terjadi pada seluruh kompartemen dan tidak disebabkan oleh penyakit.

4. Individu yang baru lahir tanpa vaksinasi berada pada kompartemen rentan.
5. Individu yang telah sembuh dari MDR-TB diasumsikan tidak memperoleh kekebalan permanen dan dapat kembali menjadi rentan.
6. Kegagalan pengobatan lini pertama akan memunculkan resistensi pada dua obat lini pertama dan akan berkembang menjadi MDR-TB, sehingga memerlukan pengobatan dengan regimen BPALM.
7. Individu penderita MDR-TB yang sedang hamil atau menyusui tidak menjalani pengobatan dengan regimen BPALM, melainkan mengikuti pengobatan jangka panjang.
8. Individu dalam kompartemen pengobatan masih memiliki kemungkinan kematian akibat infeksi, namun tidak dimodelkan secara eksplisit.

Mengacu pada perumusan model dan asumsi-asumsi yang telah ditetapkan, struktur diagram kompartemen untuk model penyebaran tuberkulosis resisten obat SEIMTR ditampilkan pada Gambar 1 dibawah ini:



Gambar 1. Diagram Kompartemen SEIMTR

Model matematika yang diperoleh dari diagram kompartemen dinyatakan dalam bentuk persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \lambda + \rho R - (\beta I + \mu)S, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta IS - (\epsilon + \mu)E, \\ \frac{dI}{dt} &= \epsilon E - (1 + \mu + d_1)I, \\ \frac{dM}{dt} &= (1 - \gamma)I - (\omega + \mu + d_2)M, \\ \frac{dT}{dt} &= \omega M - (\eta + \mu)T, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I + \eta T - (\rho + \mu)R. \end{aligned} \quad (3)$$

Keterangan variabel dan parameter yang digunakan adalah sebagai berikut:

Tabel 1. Keterangan Variabel dan Parameter Model SEIMTR MDR-TB

Simbol	Keterangan
$N(t)$	Total populasi pada waktu t
$S(t)$	Individu yang rentan terhadap infeksi
$E(t)$	Individu yang telah terpapar tapi belum dapat menularkan
$I(t)$	Individu yang telah terinfeksi TBC dan dapat menularkan
$M(t)$	Individu yang resistan obat (MDR)
$T(t)$	Individu MDR-TB yang menjalani pengobatan regimen BPALM
$R(t)$	Individu yang telah dinyatakan sembuh dari TBC
λ	Laju kelahiran atau rekrutmen (individu yang belum divaksinasi)
β	Laju penularan penyakit dari kompartemen S ke E
ρ	Laju kehilangan kekebalan parsial (kehilangan anti bodi)
ε	Laju perkembangan penyakit dari kompartemen E ke I
γ	Laju kesembuhan melalui pengobatan lini pertama
$1-\gamma$	Laju kegagalan pengobatan lini pertama (masuk kekelas MDR-TB)
ω	Laju pengobatan lini kedua dengan regimen BPALM
η	Laju kesembuhan pengobatan dengan regimen BPALM
μ	Laju kematian alami
d_1	Laju kematian akibat penyakit pada kelas I
d_2	Laju kematian akibat penyakit pada kelas M

Titik Keseimbangan

Titik keseimbangan pada model matematika penyebaran MDR-TB dengan pengobatan regimen BPALM diperoleh dengan menyamakan sisi kanan

setiap persamaan diferensial dengan nol.

$$\begin{aligned}
 \lambda + \rho R - (\beta I + \mu)S &= 0 \\
 \beta IS - (\varepsilon + \mu)E &= 0 \\
 \varepsilon E - (1 + \mu + d_1)I &= 0 \\
 (1 - \gamma)I - (\omega + \mu + d_2)M &= 0 \\
 \omega M - (\eta + \mu)T &= 0 \\
 \gamma I + \eta T - (\rho + \mu)R &= 0
 \end{aligned} \tag{4}$$

Kemudian, diperoleh titik kesetimbangan model yang selanjutnya dibedakan menjadi dua kondisi, yaitu:

1. Titik Keseimbangan Bebas Penyakit

Pada model SEIMTR, titik kesetimbangan bebas penyakit diperoleh dengan menetapkan populasi terpapar, populasi terinfeksi, dan populasi resistan obat bernilai nol, yaitu $E = I = M = 0$. Dengan mensubstitusikan nilai-nilai tersebut kedalam persamaan (4) maka diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu: $(S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0) = (\frac{\lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0)$.

2. Titik Keseimbangan Endemik

Pada kondisi ini, terdapat individu terpapar, terinfeksi, maupun resistan obat dalam jumlah tertentu, sehingga penyakit tidak menghilang dari populasi.

$S \neq 0, E \neq 0, I \neq 0, M \neq 0, T \neq 0, R \neq 0$. Melalui tahapan substitusi dan eliminasi antarvariabel, diperoleh titik kesetimbangan endemik sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 S^* &= \frac{(\varepsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)}{\beta \varepsilon} \\
 E^* &= \frac{(1 + \mu + d_1)}{\varepsilon} I^* \\
 I^* &= \frac{(\rho + \mu)[\mu(\varepsilon + \mu)(1 + \mu + d_1) - \lambda \beta \varepsilon]}{\rho \beta \varepsilon \gamma + \rho \beta \varepsilon \frac{\eta \omega (1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)(\eta + \mu)} - \beta(\rho + \mu)(\varepsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)} \\
 M^* &= \frac{(1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)} I^* \\
 T^* &= \frac{\omega(1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)(\eta + \mu)} I^* \\
 R^* &= \frac{I^* \gamma + \frac{\omega(1 - \gamma) I^* \eta}{(\omega + \mu + d_2)(\eta + \mu)}}{\rho + \mu}
 \end{aligned}$$

Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Perhitungan bilangan reproduksi dasar (R_0) pada model SEIMTR dilakukan dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix* (NGM). Dengan menggunakan NGM, diperoleh nilai R_0 sebagai berikut:

$$R_0 = \frac{\beta \lambda \varepsilon}{(\varepsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)\mu}.$$

Setelah diperoleh bilangan reproduksi dasar (R_0), selanjutnya dilakukan simulasi numerik untuk menggambarkan dinamika sistem terhadap waktu.

Simulasi Numerik

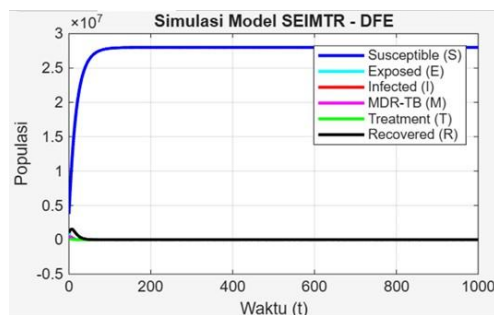
Simulasi numerik dilakukan menggunakan MATLAB Online R2024a untuk menggambarkan dinamika model matematika penyebaran MDR-TB dengan pengobatan regimen BPALM. Simulasi ini bertujuan untuk mengilustrasikan perilaku setiap

kompartemen terhadap waktu berdasarkan nilai parameter yang digunakan. Nilai kondisi awal populasi mengacu pada penelitian Ronoh dkk. (2016), dengan nilai sebagai berikut: $S(0) = 3,75 \times 10^6$, $E(0) = 1,19 \times 10^6$, $I(0) = 3,73 \times 10^5$, $M(0) = 1 \times 10^5$, $T(0) = 1 \times 10^5$, $R(0) = 1 \times 10^6$. Nilai parameter yang berkaitan dengan regimen BPALM dalam model ini ditentukan berdasarkan hasil penelitian yang relevan. Nilai parameter yang digunakan dalam model disajikan pada tabel berikut:

Tabel 2. Nilai Parameter Model

Parameter	Nilai
λ	1.4×10^6
μ	0.05
ρ	0.05
ϵ	0.25
γ	0.5
d_1	0.01
d_2	0.0575
ω	0.20
η	0.89

Simulasi numerik pertama dilakukan untuk menggambarkan dinamika sistem pada kondisi bebas penyakit. Dengan mengambil nilai parameter $\beta = 6.25 \times 10^{-9}$ dan parameter lainnya sesuai Tabel 3, diperoleh hasil simulasi awal yang disajikan pada gambar berikut:

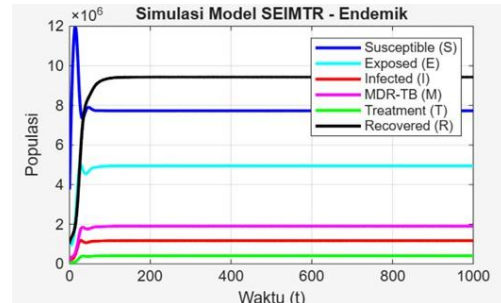


Gambar 2. Simulasi dinamika model pada kondisi bebas penyakit ($R_0 < 1$)

Gambar 2 menunjukkan perilaku solusi sistem terhadap waktu pada kondisi $R_0 < 1$. Titik kesetimbangan subpopulasi rentan (S) stabil dengan nilai sebesar 2.8×10^7 pada $t > 264$. Sementara untuk subpopulasi terpapar (E), terinfeksi (I), MDR-TB (M), pengobatan (T), dan sembuh (R) mengalami penurunan seiring waktu dan seluruhnya menuju titik kesetimbangan nol. Titik kesetimbangan bebas penyakit yang diperoleh, yaitu

$$(S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0) = (2.8 \times 10^7, 0, 0, 0, 0, 0).$$

Simulasi numerik kedua dilakukan untuk menganalisis dinamika sistem pada kondisi endemik. Dengan menggunakan nilai parameter $\beta = 1.646 \times 10^{-7}$ serta parameter lain sesuai Tabel 3, diperoleh hasil simulasi selanjutnya sebagai berikut:



Gambar 3. Simulasi dinamika model pada kondisi bebas endemik ($R_0 > 1$)

Gambar 3 menunjukkan bahwa setiap subpopulasi bergerak menuju titik kesetimbangan endemik stabil dengan pola perubahan yang berbeda seiring berjalannya waktu dengan nilai $(S^*, E^*, I^*, M^*, T^*, R^*) = (7.72 \times 10^6, 4.95 \times 10^6, 1.17 \times 10^6, 1.89 \times 10^6, 403974.4865, 9.43 \times 10^6)$. Hal ini menunjukkan bahwa infeksi masih ada dalam populasi dalam tingkat tertentu. Namun, Subpopulasi sembuh (R) menunjukkan kenaikan paling signifikan sepanjang simulasi dan mendekati titik kesetimbangan sekitar 9.43×10^7 ketika $t > 389$. Hal ini mengindikasikan efektivitas intervensi pengobatan dalam meningkatkan jumlah individu yang pulih.

PENUTUP

Simpulan

Berdasarkan konstruksi model matematika, analisis titik kesetimbangan, dan simulasi numerik pada model penyebaran penyakit tuberkulosis resisten obat (MDR-TB) dengan pengobatan regimen BPALM yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa:

1. Titik kesetimbangan bebas penyakit:

$$(S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0) = \left(\frac{\lambda}{\mu}, 0, 0, 0, 0, 0 \right).$$

2. Titik kesetimbangan endemik:

$$S^* = \frac{(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)}{\beta \epsilon}$$

$$E^* = \frac{(1 + \mu + d_1)}{\epsilon} I^*$$

$$I^* = \frac{\rho \beta \epsilon \gamma + \rho \beta \epsilon \frac{\eta \omega (1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)(\eta + \mu)} - \beta(\rho + \mu)(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d_1)}{(\rho + \mu)[\mu(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d_1) - \lambda \beta \epsilon]}$$

$$M^* = \frac{(1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)} I^*$$

$$T^* = \frac{\omega(1 - \gamma)}{(\omega + \mu + d_2)(\eta + \mu)} I^*$$

$$R^* = \frac{I^* \gamma + \frac{\omega(1-\gamma)I^* \eta}{(\omega+\mu+d)(\eta+\mu)}}{\rho+\mu}$$

Dengan menggunakan metode *Next Generation Matrix* (NGM) diperoleh bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{\beta \lambda \epsilon}{(\epsilon + \mu)(1 + \mu + d)\mu}$. Jika $R_0 < 1$ maka infeksi akan menurun dan akhirnya menghilang dari populasi. Sebaliknya, jika $R_0 > 1$, maka infeksi dapat bertahan dalam populasi.

Berdasarkan hasil simulasi numerik model matematika penyebaran MDR-TB dengan pengobatan regimen BPaLM, diperoleh bahwa ketika parameter penularan diambil sebesar $\beta = 6.25 \times 10^{-9}$, nilai titik kesetimbangan bebas penyakit, yaitu $(S^0, E^0, I^0, M^0, T^0, R^0) = (2.8 \times 10^7, 0, 0, 0, 0, 0)$ dan nilai bilangan reproduksi dasar adalah $R_0 = 0.13758$. Hasil tersebut memenuhi kondisi $R_0 < 1$, maka infeksi akan menurun seiring waktu hingga akhirnya menghilang dari populasi.

Sebaliknya, ketika parameter penularan dinaikkan menjadi $\beta = 1.646 \times 10^{-7}$, diperoleh nilai titik kesetimbangan endemik, yaitu $(S^*, E^*, I^*, M^*, T^*, R^*) = (7.72 \times 10^6, 4.95 \times 10^6, 1.17 \times 10^6, 1.89 \times 10^6, 403974.4865, 9.43 \times 10^6)$. Nilai bilangan reproduksi dasar yang diperoleh adalah $R_0 = 3.62327 > 1$. Kondisi ini menunjukkan bahwa infeksi tetap bertahan dalam populasi pada tingkat tertentu.

Saran

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan, disarankan agar penelitian selanjutnya menggunakan data asli pasien yang diperoleh dari rumah sakit atau fasilitas pelayanan kesehatan. Penggunaan data tersebut diharapkan dapat menghasilkan nilai parameter yang lebih akurat sehingga model yang dikembangkan mampu merepresentasikan kondisi pasien MDR-TB secara lebih nyata. Selain itu, penelitian lanjutan juga disarankan untuk mempertimbangkan pengelompokan pasien berdasarkan usia, khususnya pasien berusia dibawah 15 tahun yang tidak di perkenankan menjalani pengobatan dengan regimen BPaLM, sehingga model yang dibangun dapat menggambarkan kondisi klinis yang lebih sesuai dengan kebijakan pengobatan yang berlaku.

DAFTAR PUSTAKA

- World Health Organization. (2025). *Global Tuberculosis Report*. MD
- Aristiana, C. D., & Wartono, M. (2018). Faktor-faktor yang mempengaruhi terjadinya Multi Drug Resistance Tuberkulosis (MDR-TB). *Jurnal Biomedika Dan Kesehatan*, 1(1).
<https://doi.org/10.18051/JBiomedKes.2018>
- D'Azzo, J. Joachim., Houppis, C. H. ., & Sheldon, S. N. . (2003). *Linear control system analysis and design with MATLAB*. M. Dekker.
- Edwards, C. Henry., Penney, D. E. ., & Calvis, David. (2019). *Differential equations : computing and modeling*. Pearson.
- Guedri, K., Zarin, R., & Oreijah, M. (2025). Evaluating the impact of vaccination and progression delays on tuberculosis dynamics with disability outcomes: A case study in Saudi Arabia. *AIMS Mathematics*, 10(4), 7970–8001.
<https://doi.org/10.3934/math.2025366>
- Kiseleva, O., Yakovlev, S., Prytomanova, O., & Kuzenkov, O. (2025). Mathematical Modeling of Regional Infectious Disease Dynamics Based on Extended Compartmental Models. *Computation*, 13(8), 187.
<https://doi.org/10.3390/computation13080187>
- Kitaro, D. B., Bole, B. K., & Rao, K. P. (2023). Modeling and bifurcation analysis of tuberculosis with the multidrug-resistant compartment incorporating chemoprophylaxis treatment. *Frontiers in Applied Mathematics and Statistics*, 9.
<https://doi.org/10.3389/fams.2023.1264201>
- Li, M. Y. (2018). An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases. In *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-72122-4>
- Linear Algebra Anton Applications Version 11th c2014 txtbk. (n.d.).
- Mathematical Tools for Understanding Infectious Disease Dynamics. (n.d.).
mathunesa, +156-163 (2). (n.d.).
- NONLINEAR DYNAMICS AND CHAOS. (n.d.).
- Putra, O. N., & Purnamasari, T. (2024). BPaL/BpaLM regimen: A bright future for drug-resistant tuberculosis. *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*, 17(8), 335–337.
https://doi.org/10.4103/apjtm.apjtm_244_24
- Ronoh, M., Jaroudi, R., Fotso, P., Kamdoum, V., Matendechere, N., Wairimu, J., Auma, R., & Lugoye, J. (2016). A Mathematical Model of Tuberculosis with Drug Resistance Effects. *Applied Mathematics*, 07(12), 1303–1316.
<https://doi.org/10.4236/am.2016.712115>