

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Landasan Teori

2.1.1 Penyakit Cacar Air

Cacar air, yang disebabkan oleh virus *varicella-zoster* (VZV), adalah infeksi menular yang umumnya terjadi pada anak-anak, tetapi orang dewasa yang belum terinfeksi atau divaksinasi juga rentan tertular (Zhu et al., 2023). Virus ini termasuk dalam famili *herpesviridae* dan menyebar melalui kontak langsung dengan cairan lesi atau droplet yang mengandung virus dari orang yang terinfeksi (Patil et al., 2022). Setelah terhirup, virus bereplikasi di nasofaring dan menyebar melalui sistem limfatik dan darah, menginfeksi jaringan kulit serta mukosa, yang menghasilkan ruam khas berupa vesikel berisi cairan (Gershon et al., 2015). Setelah infeksi primer sembuh, VZV tidak sepenuhnya hilang dari tubuh; ia menetap di ganglia saraf dan berpotensi aktif kembali sebagai *herpes-zoster*, terutama pada individu dengan kekebalan tubuh yang menurun (Laemmle et al., 2019).

Populasi yang rentan terhadap komplikasi cacar air meliputi bayi, wanita hamil, lansia, dan orang dengan gangguan sistem kekebalan tubuh, seperti penderita HIV atau pasien kanker (Lo Presti et al., 2019). Di Indonesia, kasus cacar air masih umum ditemukan, terutama pada anak-anak yang belum mendapatkan vaksinasi *varicella*. Data dari beberapa studi epidemiologis terbaru menunjukkan bahwa, meskipun vaksinasi *varicella* sudah tersedia, cakupannya di Indonesia masih terbatas, sehingga risiko penularan tetap tinggi di lingkungan padat penduduk (San Martin et al., 2023). Program vaksinasi yang lebih luas dan edukasi publik diharapkan dapat mengurangi insiden serta komplikasi dari infeksi *varicella* di masa depan (Hao et al., 2019).

2.1.2 Pemodelan Epidemiologi

Pemodelan epidemiologi adalah pendekatan kuantitatif yang digunakan untuk memahami penyebaran penyakit menular dalam populasi dan merancang strategi pengendalian kesehatan (Andina, 2023). Dasar teori pemodelan ini pertama kali dikenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 yang mengembangkan model SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*), yang menjadi landasan utama untuk menggambarkan transisi individu dalam populasi dari rentan, terinfeksi, hingga sembuh (Capasso & Serio, 1978). Model ini mengasumsikan bahwa laju penularan dan pemulihan adalah faktor utama yang memengaruhi jumlah individu dalam setiap kompartemen, memberikan wawasan mendalam mengenai tingkat penyebaran penyakit berdasarkan interaksi populasi (Irwan et al., 2022). Populasi dibagi menjadi beberapa kompartemen pada model ini, yang masing-masing diwakili oleh persamaan diferensial yang menggambarkan laju perubahan kompartemen tersebut seiring waktu (Sari & Arfi, 2021).

Selanjutnya, berbagai modifikasi dari model dasar ini muncul untuk mengakomodasi kompleksitas penyakit menular modern. Misalnya, model SEIR (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) menambahkan fase inkubasi, yang relevan untuk penyakit yang memiliki periode laten sebelum seseorang menjadi infeksius (UKT, 2022). Selain itu, model SVEIR yang menambahkan kompartemen divaksinasi, digunakan untuk mengevaluasi dampak vaksinasi dalam mengendalikan wabah (El Hajji & Albargi, 2022). Dengan pendekatan ini, para peneliti dan pembuat kebijakan dapat mensimulasikan berbagai skenario intervensi, seperti vaksinasi, karantina, dan isolasi, untuk memahami efek jangka panjang pada penurunan jumlah kasus dan mengendalikan penyebaran penyakit di masyarakat.

2.1.3 Persamaan Diferensial

Persamaan diferensial adalah persamaan yang menghubungkan suatu fungsi dengan turunannya terhadap satu atau lebih variabel bebas. Persamaan ini berperan penting dalam mendeskripsikan perubahan

kontinu yang terjadi pada sistem dinamis, seperti aliran panas, pergerakan benda, atau dinamika populasi dalam pemodelan matematika. persamaan diferensial dapat menghubungkan laju perubahan suatu variabel dengan variabel-variabel terkait lainnya, yang memungkinkan peramalan atau prediksi perilaku sistem di masa depan (Kaus et al., 2017).

Persamaan diferensial dapat dibedakan menjadi dua jenis utama berdasarkan turunan variabel bebasnya, yaitu Persamaan Diferensial Biasa dan Persamaan Diferensial Parsial :

1. Persamaan Diferensial Biasa merupakan suatu persamaan diferensial yang melibatkan turunan dari satu atau lebih variabel tak bebas terhadap satu variabel bebasnya. Bentuk umum dari persamaan diferensial biasa adalah sebagai berikut:

$$\frac{dx}{dt} = f(x, t) \quad (2.1)$$

dimana x merupakan fungsi dari variabel waktu t , dan $\frac{dx}{dt}$ dapat dinyatakan sebagai laju perubahan x terhadap t . Persamaan diferensial biasa digunakan dalam pemodelan epidemiologi untuk membuat fungsi dalam setiap kompartemennya (Ramsay & Hooker, 2017).

2. Persamaan Diferensial Parsial merupakan suatu persamaan diferensial yang melibatkan turunan dari satu atau lebih variabel tak bebas terhadap lebih dari satu variabel bebasnya. Bentuk umum dari persamaan diferensial parsial adalah sebagai berikut:

$$\frac{\partial u}{\partial t} = f\left(\frac{\partial u}{\partial x}, \frac{\partial u}{\partial y}, t\right) \quad (2.2)$$

menggambarkan bagaimana suatu fungsi u berubah terhadap waktu (t), dengan perubahan tersebut dipengaruhi oleh gradien spasial $\left(\frac{\partial u}{\partial x} \text{ dan } \frac{\partial u}{\partial y}\right)$ serta waktu itu sendiri. Persamaan ini sering digunakan untuk memodelkan fenomena dinamis yang melibatkan interaksi

antara ruang dan waktu, seperti penyebaran panas, difusi polutan, atau aliran fluida (Jian-peng et al., 2019)

2.1.4 Masalah Kestabilan

Penyelesaian sistem persamaan diferensial dapat diperoleh melalui metode analitik atau numerik. Namun, jika penyelesaian secara analitik maupun numerik sulit atau tidak memungkinkan, analisis kualitatif dapat dilakukan. Analisis ini melibatkan pemeriksaan kestabilan titik ekuilibrium untuk memahami perilaku sistem tersebut (Zulkifli, 2021). Analisis kestabilan dalam sistem dinamis bertujuan untuk memahami bagaimana suatu sistem berperilaku seiring waktu, terutama ketika mengalami gangguan kecil di sekitar titik keseimbangan (Jannah et al., 2021).

Kestabilan titik ekuilibrium digunakan untuk menentukan apakah titik ekuilibrium dalam suatu sistem persamaan diferensial bersifat stabil atau tidak. Sebuah sistem dikatakan stabil jika perubahan kecil pada sistem hanya menyebabkan perubahan kecil pada perilaku solusinya di masa depan. Sebaliknya, jika perubahan kecil pada sistem menyebabkan perubahan signifikan pada perilaku solusinya, maka sistem tersebut dianggap tidak stabil.

Sistem persamaan diferensial linear, misalkan matriks A berukuran $n \times n$ memiliki nilai eigen yang diperoleh dari menyelesaikan persamaan karakteristik:

$$|A - \lambda I| = 0 \quad (2.3)$$

sedangkan pada sistem persamaan diferensial tidak linear sekitar titik ekuilibrium dapat ditentukan melalui linearisasi sistem dengan menggunakan ekspansi deret *taylor* disekitaran ekuilibrium dengan cara mengabaikan suku-suku yang pangkatnya lebih dari satu pada hasil ekspansi deret *taylor* disekitar titik tersebut sehingga diperoleh matriks *jacobian* seperti berikut:

$$J(x^*, y^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial}{\partial x} \frac{dx}{dt} & \frac{\partial}{\partial y} \frac{dx}{dt} \\ \frac{\partial}{\partial x} \frac{dy}{dt} & \frac{\partial}{\partial y} \frac{dy}{dt} \end{pmatrix} \quad (2.4)$$

Nilai eigen dari matriks Jacobian ini negatif, maka sistem persamaan diferensial tersebut stabil, sedangkan jika nilai eigen positif, sistem tersebut tidak stabil. Hal ini menunjukkan bahwa stabilitas sistem sangat bergantung pada tanda nilai eigen matriks Jacobian, seperti yang dijelaskan dalam penelitian oleh (Gomes et al., 2022), yang menunjukkan bahwa eigenvalue analysis berperan penting dalam penilaian stabilitas sistem nonlinear (Gomes et al., 2022). Selain itu, Chen et al., 2020 juga menyoroti penggunaan matriks Jacobian dalam analisis stabilitas sistem dinamik nonlinear, di mana kestabilan ditentukan oleh tanda nilai eigen dari matriks tersebut (Huang et al., 2019) juga membahas aplikasi praktis dari matriks Jacobian untuk menilai stabilitas dalam persamaan diferensial nonlinear (Huang et al., 2019)

2.1.5 Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Bilangan reproduksi dasar atau R_0 adalah konsep fundamental dalam pemodelan epidemiologi yang menunjukkan ambang batas dalam kasus endemik pada suatu populasi. Nilai R_0 digunakan untuk menentukan banyaknya potensi penyebaran suatu penyakit menular (Lusiana, 2022). Jika $R_0 > 1$ maka infeksi cenderung menyebar secara eksponensial, sedangkan jika $R_0 < 1$ menunjukkan bahwa infeksi akan mereda dan pada akhirnya penyakit tersebut menghilang (Dharmaratne et al., 2020). R_0 awal dapat ditentukan dengan menggunakan *New Generation Matrix* (NGM) sebagai nilai eigen terbesar dari matriks FV^{-1} . Langkah-langkah untuk menentukan bilangan reproduksi dasar dengan NGM yaitu:

1. Lakukan pelinearan pada sistem subsistem terinfeksi disekitar titik ekuilibrium bebas penyakit. Sistem linear ini direpresentasikan dengan matriks *jacobian*.
2. Dekomposisi matriks *jacobian* menjadi matriks Transmisi (F) dan matriks Transisi (V). Matriks Transmisi adalah matriks dengan entri-entri yang menggambarkan munculnya infeksi baru, sedangkan matriks Transisi adalah matriks dengan entri-entri yang menggambarkan perubahan populasi terinfeksi. Hitung R_0 dengan persamaan sebagai berikut:

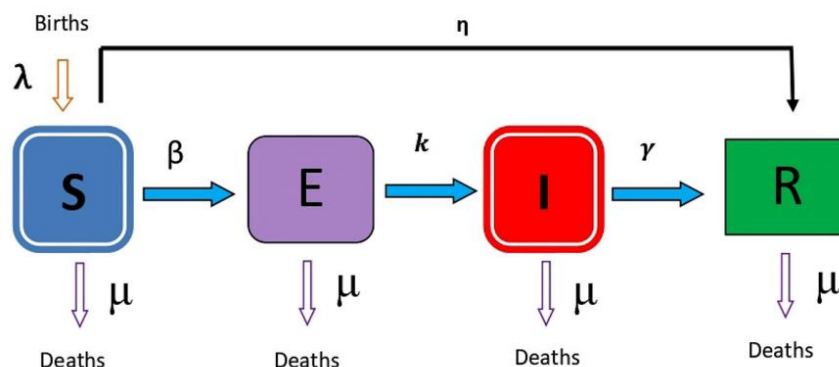
$$R_0 = \rho(FV^{-1}) \quad (2.5)$$

Persamaan tersebut ρ menyatakan nilai eigen terbesar dari matriks FV^{-1} . Konsep R_0 telah diperluas dalam berbagai model lain, seperti SEIR yang menambahkan kompartemen terpapar dengan memperhitungkan faktor masa inkubasi virus. Bilangan reproduksi dasar ini memberikan penilaian intervensi kesehatan pada masyarakat, seperti tindakan vaksinasi atau karantina penting atau tidak untuk mengurangi laju penyebaran penyakit.

2.1.6 Model Penyakit Cacar

Model dasar yang digunakan untuk penyebaran penyakit menular, seperti cacar air adalah model SEIR (Izzati & Andriani, 2021). Model ini mengelompokkan populasi menjadi lima kompartemen utama: S (*Susceptible*) untuk individu rentan yang belum terinfeksi, E (*Exposed*) untuk individu yang terpapar virus tetapi belum menular, I (*Infected*) untuk individu yang terinfeksi dan mampu menularkan penyakit dan R (*Recovered*) untuk individu yang telah sembuh dengan imunitas jangka panjang (Almutairi et al., 2023).

Secara umum model epidemiologi SEIR dapat dilihat pada diagram transfer dan dimodelkan dalam persamaan diferensial berikut:



Gambar 2. 1 Model SEIR

Sumber : Paul (2022)

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \lambda - \beta SI - \mu S - \eta S \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta SI - (\mu + k)E \\
 \frac{dI}{dt} &= kE - (\mu + \gamma)I \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R + \eta S
 \end{aligned}
 \tag{2.6}$$

Dengan:

S: Populasi rentan (*susceptible*)

E: Populasi terekspos (*exposed*)

I: Populasi terinfeksi (*infected*)

R: Populasi sembuh (*recovered*)

λ : Laju kelahiran dalam populasi

μ : Laju kematian dalam populasi

β : Laju penularan penyakit dari individu rentan (S) yang berinteraksi dengan individu terinfeksi (I)

k : Laju transisi dari individu terekspos (E) ke individu terinfeksi (I)

γ : Laju pemulihan individu terinfeksi (I) menjadi kebal (R).



2.2 Hasil Penelitian terdahulu

Berikut adalah beberapa penelitian terkait dengan pemodelan epidemiologi penyakit menular:

Tabel 2. 1 Hasil Penelitian Terdahulu

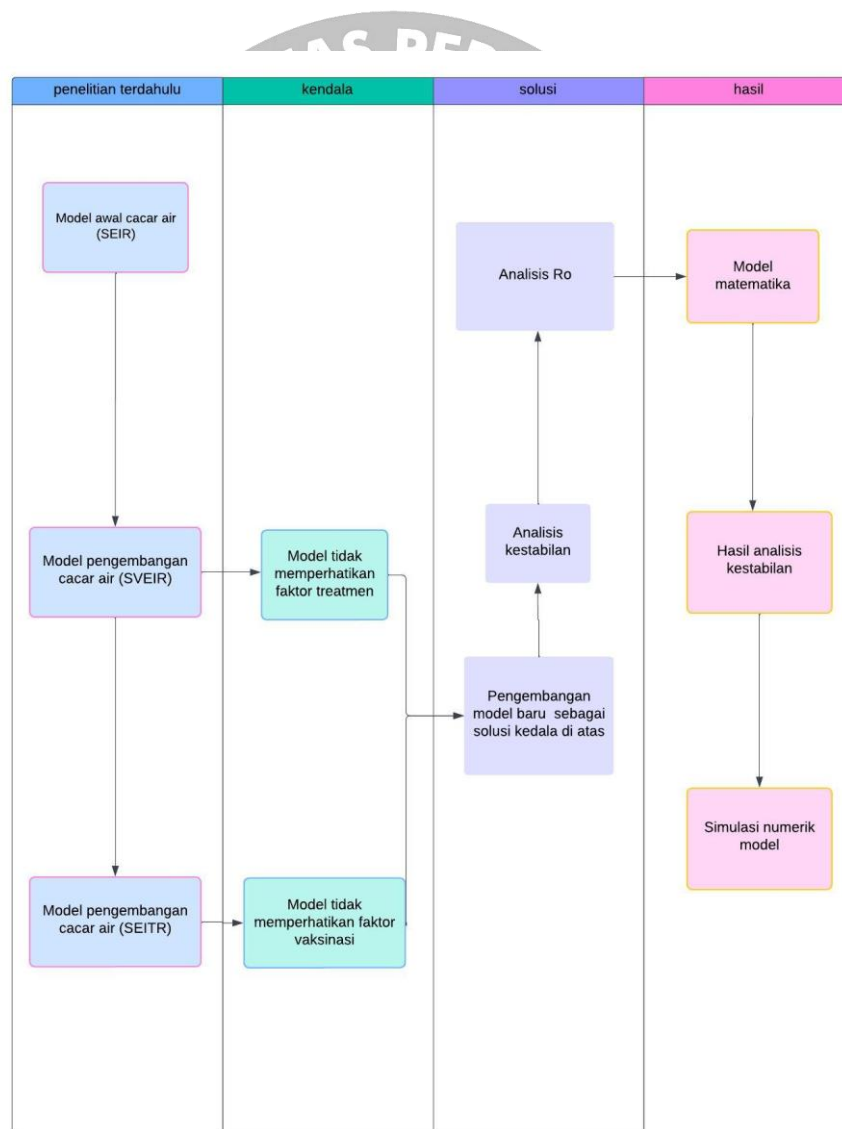
No	Penulis (Tahun)	Judul Penelitian	Metode	Hasil
1	Jose, Sayooj Aby Raja, R. Dianavinnarasi, J. Baleanu, D. Jirawattanapanit , A. (2023)	Mathematical Modeling of Chickenpox In Phuket: Efficacy of Precautionary Measures and Bifurcation Analysis	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi SVEIR dan Menganalisis Langkah Pencegahan terhadap R_0	Pemodelan cacar air dengan pendekatan SVEIR di Phuket sangat efektif dalam menurunkan R_0 dengan meningkatkan pencegahan cacar air sebesar 80% sehingga R_0 turun menjadi 0,06 sehingga kasus menurun hingga 428 orang di hari ke-50.
2	Musarifa Hikmah Fardinah (2021)	Analisis Model Matematika Seitr pada Penyakit Cacar Air	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi SEITR dan Analisis model dengan <i>Routh- Hurwitz</i>	Hasil yang diperoleh dari model SEITR terdapat dua titik kesetimbangan, bebas penyakit dan endemi. Penyakit akan hilang ketika $R_0 < 1$ yaitu 0,58 dan penyakit akan mewabah ketika $R_0 > 1$ yaitu saat $R_0 = 2,8$

No	Penulis (Tahun)	Judul Penelitian	Metode	Hasil
3	Nur Amalia Khaerunnisa, Yuki Novia Nasution, Moh. Nurul Huda (2022)	Analisis Kestabilan Model Epidemik SEI pada Penyebaran Penyakit Tuberkulosis	Menggunakan Model SEI dan Analisis pada R_0	Penelitian ini menemukan bahwa stabilitas titik kesetimbangan sangat tergantung pada nilai R_0 . Jika R_0 kurang dari 1, penyakit akan menghilang, sedangkan jika R_0 lebih besar atau sama dengan 1, penyakit akan tetap ada dalam populasi, menjadikannya endemik.
4	A. El Mesady, Hegagi Mohamed Ali (2024)	The Influence of Prevention And Isolation Measures to Control the Infections of the Fractional Chickenpox Disease Model	Menggunakan Pemodelan Epidemiologi $SVEIIR$ dan menyusun strategi untuk penyebaran wabah penyakit	Penelitian pni menghitung kestabilan R_0 dengan grafik dari model cacar air yang dibuat selanjutnya menyusun 3 strategi untuk melakukan simulasi pengendalian wabah penyakit.

Sumber : Jose et al(2023), Musarifa(2021), Khoirunisa et al(2022), Mesadi et al (2024)

2.3 Kerangka Berpikir

Kerangka berpikir yang dirancang untuk penelitian mengenai pemodelan epidemiologi pada kasus *varicella* dengan fokus pada analisis nilai R_0 . Kerangka berpikir ini menjelaskan alur logis dan tahapan yang dilakukan dalam penelitian untuk mencapai tujuan yang telah ditetapkan sebagaimana pada Gambar 2.2 berikut



Gambar 2. 2 Kerangka Berpikir Penelitian

Sumber: Diolah oleh Peneliti

Gambar 2.2 menggambarkan kerangka berpikir untuk penelitian tentang pemodelan epidemiologi pada kasus penyakit menular *varicella* dengan fokus pada analisis nilai R_0 . Kerangka ini dimulai dengan tahap awal berupa pengumpulan data dari sumber terpercaya, seperti studi literatur dari jurnal kesehatan. Data yang dikumpulkan akan digunakan sebagai dasar untuk membangun asumsi-asumsi awal yang relevan dengan model epidemiologi *varicella*.

Tahap berikutnya adalah membangun model epidemiologi baru yang menggabungkan penelitian terdahulu tentang pemodelan epidemiologi *varicella* SVEIR dan SEITR menjadi model SVEITR (*Susceptible, Vaccinated, Exposed, Infected, Treated, Recovered*) yang merepresentasikan dinamika penyebaran *varicella* di populasi. Selanjutnya, model ini dianalisis untuk menentukan kestabilan titik ekuilibrium dengan menggunakan metode matematika yang relevan.

Tahap penting dalam penelitian ini adalah analisis nilai dasar reproduksi R_0 , yang dihitung menggunakan metode *Next Generation Matrix*. Nilai R_0 menunjukkan rata-rata jumlah individu yang dapat terinfeksi oleh satu individu dalam populasi yang sepenuhnya rentan. Jika $R_0 < 1$, maka epidemi diperkirakan akan mereda, dan penelitian dapat berlanjut pada visualisasi simulasi model untuk menunjukkan skenario penyebaran dan kontrol penyakit. Namun, jika $R_0 > 1$, maka model memerlukan analisis sensitivitas lebih lanjut untuk mengevaluasi parameter-parameter kritis yang memengaruhi penyebaran cacar air.

Tahapan terakhir pada penelitian ini adalah simulasi model digunakan untuk memvisualisasikan perilaku sistem dalam berbagai kondisi, memberikan wawasan yang lebih mendalam tentang dinamika penyakit dan efektivitas intervensi. Kerangka ini memberikan pendekatan sistematis untuk memahami, memprediksi, dan mengontrol penyebaran *varicella* di Indonesia.