

ANALISIS LIMPAHAN SPASIAL (SPATIAL SPILLOVER) GEN RESISTENSI ANTIBIOTIK PADA *ESCHERICHIA COLI* DI PULAU LOMBOK: PENDEKATAN MODEL SPATIAL AUTOREGRESSIVE (SAR)

Annisa Lestari Putri^{1*}, Nuramaliyah²

^{1,2}Program Studi Statistika, Universitas Terbuka, Bandung, Indonesia

*Penulis korespondensi: annisalesput@gmail.com

ABSTRAK

Resistensi antimikroba (AMR) merupakan fenomena kompleks yang sering luput dari analisis spasial konvensional, khususnya terkait efek limpahan (*spillover effect*) antar wilayah. Penelitian ini bertujuan memetakan distribusi spasial gen resistensi antibiotik (ARG) dan mengukur signifikansi derterminan lokal serta efek limpahan di Pulau Lombok. Menggunakan data sekunder profil genomik 208 isolat *Escherichia coli* yang diintegrasikan dengan data dari Badan Pusat Statistik, analisis dilakukan menggunakan model *spatial autoregressive* (SAR). Hasil pemetaan menunjukkan disparitas spasial dengan *hotspot* resistensi terkonsentrasi di wilayah pedesaan (Kabupaten Lombok Utara 18%, Lombok Timur 15%), berbanding terbalik dengan wilayah urban Kota Mataram (6%). Estimasi model SAR menunjukkan parameter spasial ($\rho = 0,223$) tidak signifikan ($p > 0,05$), mengindikasikan belum adanya bukti kuat transmisi lintas wilayah administratif. Namun, model berhasil mengungkap hubungan negatif yang signifikan ($p < 0,05$) antara kepadatan penduduk dan tingkat resistensi. Berdasarkan hasil analisis, resistensi antimikroba di Pulau Lombok terbukti lebih identik dengan karakteristik wilayah pedesaan. Kondisi ini utamanya dipicu oleh faktor lingkungan di luar perkotaan, yaitu tingginya intensitas kontak langsung antara warga dengan hewan ternak maupun keterbatasan akses terhadap sanitasi yang layak.

Kata kunci: Resistensi Antimikroba (AMR), *Spatial Autoregressive Model* (SAR), *Escherichia coli*, Efek Limpahan (*Spillover Effect*)

1 PENDAHULUAN

Resistensi antimikroba (AMR) merupakan ancaman serius bagi kesehatan masyarakat lokal maupun global. Dampak yang ditimbulkan masalah ini di Indonesia terbilang sangat besar. Mengacu pada data *Institute for Health Metrics and Evaluation* (IHME) serta *Global Research on Antimicrobial Resistance* (GRAM), kematian yang berkaitan langsung dengan resistensi antimikroba diperkirakan mencapai lebih dari 36.500 jiwa sepanjang tahun 2021. Laporan tersebut menyoroti bakteri *Escherichia coli* sebagai salah satu patogen utama pemicunya (IMHE & GRAM, 2024).

Pola penyebaran resistensi pada bakteri ini ternyata tidak bersifat acak. Ver Hoef et al. (2018) mengungkapkan bahwa secaraannya mengikuti pola spasial tertentu yang sangat bergantung pada kondisi lingkungan maupun demografi wilayah. Penelitian terbaru yang dilakukan oleh Kou et al. (2025) di Tiongkok mencoba membedah fenomena ini menggunakan pendekatan data spasial. Temuan mereka memperlihatkan adanya keterkaitan ruang yang sangat kuat pada kasus resistensi *E.coli*. Wilayah yang saling bertetangga ternyata cenderung memiliki tingkat resistensi yang

setara. Hal ini terjadi karena wilayah-wilayah tersebut umumnya berbagi karakteristik lingkungan maupun kondisi sosial ekonomi yang serupa. Lebih lanjut lagi, fenomena ini mengindikasikan bahwa analisis AMR tidak dapat dilepaskan dari konteks geografisnya.

Dinamika penyebaran AMR di Pulau Lombok memiliki urgensi khusus mengingat karakteristik wilayahnya sebagai sentra peternakan “bumi sejuta sapi” (Hermansyah & Tamsil, 2019). Birkegård et al. (2017) dalam penelitiannya pada sektor peternakan menemukan bahwa gen resisten antibiotik (seperti gen “tet” untuk tetrasiklin) menunjukkan pola pengelompokan spasial yang signifikan di sekitar area peternakan. Hal ini memperkuat dugaan bahwa populasi ternak berperan sebagai reservoir dan vektor penyebaran gen resisten ke lingkungan sekitarnya. Selain faktor hewan, densitas manusia juga memegang peranan krusial. Putri (2025) menjelaskan bahwa kepadatan penduduk yang tinggi berkorelasi dengan peningkatan transmisi penyakit menular berbasis vektor dan lingkungan, yang secara teoritis juga berlaku bagi transmisi bakteri resisten melalui sanitasi dan kontak fisik (Souris, 2019).

Tantangan utama dalam memetakan risiko ini adalah keberadaan efek limpahan (*spillover effect*). Olesen et al. (2020) menegaskan bahwa resistensi di satu populasi dapat melimpah ke populasi tetangganya melalui mobilitas manusia, hewan, atau aliran air. Jika fenomena ini diabaikan, estimasi faktor risiko akan menjadi bias. Metode statistik konvensional seperti *ordinary least squares* (OLS) sering kali tidak memadai karena mengasumsikan independensi antar wilayah (Aprianto et al., 2020). Atikah & Rahardjo (2021) menekankan perlunya pemodelan spasial seperti *spatial autoregressive* (SAR), untuk menangkap ketergantungan antar lokasi dan menghasilkan estimasi parameter yang lebih presisi.

Konsep *spillover* dalam AMR menjelaskan bahwa tingkat resistensi suatu komunitas tidak hanya ditentukan oleh penggunaan antibiotik lokal, tetapi juga oleh impor bakteri resisten dari komunitas lain (Lawson et al., 2016). Olesen et al. (2020) memodelkan bahwa dalam sistem yang terhubung, intervensi di satu lokasi mungkin tidak efektif jika tetangganya terus mentransmisikan bakteri resisten.

Penyebaran *E.coli* resisten dipengaruhi oleh interaksi pada antarmuka manusia-hewan-lingkungan (Souris, 2019). Putri (2025) dan Triyastuti (2019) menunjukkan bahwa kepadatan penduduk memengaruhi kualitas lingkungan dan pola transmisi penyakit. Di area padat, transmisi manusia ke manusia lebih cepat, namun akses sanitasi yang lebih baik di perkotaan dapat memutus siklus ini. Birkegård et al. (2017) juga membuktikan bahwa peternakan intensif merupakan sumber utama polusi gen resistensi ke tanah dan air, yang kemudian dapat menyebar secara spasial ke wilayah sekitarnya.

Oleh sebab itu, penelitian ini bertujuan untuk memetakan distribusi spasial prevalensi gen resistensi antibiotik pada *Escherichia coli* di Pulau Lombok dan mengestimasi signifikansi efek limpahan spasial antar wilayah. Selain itu, penelitian ini juga bertujuan untuk menguji pengaruh faktor determinan lokal, khususnya kepadatan penduduk dan populasi ternak, terhadap tingkat resistensi menggunakan pendekatan model *spatial autoregressive* (SAR).

2 METODE

2.1 Data dan Sumber Data

Penelitian ini memanfaatkan dua kelompok data utama. Data pertama berupa genotipe isolat bakteri *Escherichia coli* yang diperoleh dari pangkalan data NCBI *Pathogen Detection* (NCBI, 2025). Dataset tersebut memuat rincian lokasi pengambilan sampel serta profil gen resistensi antibiotik yang dikumpulkan sepanjang tahun 2025. Dalam analisis ini, prevalensi gen resisten ditetapkan sebagai variabel dependen (Y). Nilai variabel tersebut dihitung berdasarkan persentase

isolat yang positif memiliki gen target, khususnya gen “*tet*” untuk tetrasiklin. Angka ini didapat dengan membandingkan jumlah temuan positif terhadap total isolat yang telah disequensing di masing-masing wilayah.

Kelompok data kedua mencakup indikator sosial ekonomi dan lingkungan. Data ini merujuk pada laporan Badan Pusat Statistik Provinsi Nusa Tenggara Barat tahun 2025. Fokus wilayah analisis meliputi lima area administrasi di Pulau Lombok. Wilayah tersebut terdiri dari Kota Mataram, Kabupaten Lombok Barat, Lombok Tengah, Lombok Timur, serta Lombok Utara. Indikator-indikator dari BPS ini berfungsi sebagai variabel independen (X) yang diduga menjadi faktor penentu dalam pola penyebaran resistensi.

Tabel 1. Variabel Penelitian

Variabel	Keterangan
Y	Angka prevalensi resistensi antimikrobia (AMR).
X ₁	Angka Kepadatan Penduduk per km ² .
X ₂	Jumlah Populasi ternak besar (sapi, kerbau, kuda, babi).

2.2 Ordinary Least Square (OLS)

OLS berfungsi untuk memperkirakan hubungan global antara prevalensi resistensi genetik sebagai variabel Y dengan angka kepadatan penduduk sebagai variabel X₁ serta jumlah populasi ternak sebagai variabel X₂. Penerapan OLS didasarkan pada asumsi bahwa antar wilayah tidak saling memengaruhi atau independen. Langkah pemodelan ini mengacu pada kerangka kerja data area yang dipaparkan oleh Moraga (2023), spesifikasi model OLS dirumuskan sebagai berikut:

$$Y = \beta X + \epsilon$$

Atau dapat dijabarkan dalam bentuk persamaan untuk setiap unit wilayah *i* sebagai berikut:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_{1i} + \beta_2 X_{2i} + \dots + \beta_k X_{ki} + \epsilon_i$$

dengan:

- Y_i : nilai variabel dependen di lokasi *i*.
- β_0 : intersep atau konstanta model.
- β_k : koefisien regresi untuk variabel dependen ke-*k*.
- X_{ki} : nilai variabel independen ke-*k* di lokasi *i*.
- ϵ_i : sisaan yang diasumsikan berdistribusi normal ($\epsilon \sim N(0, \sigma^2)$).

Sisaan hasil model OLS ini selanjutnya menjadi objek diagnosis utama untuk mendeteksi keberadaan autokorelasi spasial menggunakan uji Moran’s I. Uji ini kemudian menjadi penentu justifikasi penggunaan model SAR.

2.3 Uji Global Moran’s I

Uji Global Moran’s I bertujuan untuk memeriksa error (residu) dari model OLS. Residu ini merupakan selisih antara prediksi model dengan kenyataan. Uji ini perlu dilakukan sebagai prasyarat sebelum melakukan pemodelan menggunakan SAR. Jika residu menyebar acak (Moran $p > 0,05$), berarti model OLS sudah cukup baik memodelkan data. Namun, jika error mengelompok

(Moran $p < 0,05$), artinya OLS gagal menangkap pola lokasi (Kazar & Celik, 2012). Hal ini menunjukkan adanya faktor antar-tetangga yang terlewatkan oleh OLS.

Secara matematis, statistik Moran's I didefinisikan dengan persamaan berikut (Moraga, 2023):

$$I = \frac{n \sum_i \sum_j w_{ij} (Y_i - \bar{Y})(Y_j - \bar{Y})}{(\sum_{i \neq j} w_{ij}) \sum_i (Y_i - \bar{Y})^2}$$

dengan:

- n : jumlah unit wilayah observasi.
- Y_i, Y_j : nilai variabel amatan di lokasi i dan lokasi j .
- $\bar{Y}$: rata-rata nilai variabel amatan dari seluruh lokasi.
- w_{ij} : elemen matriks pembobot spasial yang menggambarkan hubungan ketetanggaan antara lokasi i dan j .

Moraga (2023) menjelaskan bahwa nilai indeks Moran's I ada pada rentang -1 dan +1. Nilai positif ($I > 0$) menunjukkan adanya autokorelasi spasial positif, di mana wilayah-wilayah yang berdekatan cenderung memiliki nilai yang serupa dan membentuk pola clustering. Sebaliknya, nilai negatif ($I < 0$) menunjukkan autokorelasi spasial negatif, di mana wilayah yang berdekatan memiliki nilai yang berbeda dan membentuk pola *checkerboard*. Nilai mendekati nol ($I \approx 0$) menandakan tidak adanya autokorelasi spasial atau pola spasial yang terbentuk bersifat acak.

2.4 Spatial Autoregressive (SAR)

Kerangka pengerjaan data spasial yang dipublikasikan oleh LeSage & Pace (2010) menjadi dasar untuk melakukan analisis SAR di penelitian ini. Analisis ini juga selanjutnya akan digunakan untuk mengestimasi efek limpahan (*spillover effect*). Model matematis yang digunakan adalah:

$$Y = \rho W_y + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \epsilon$$

dengan:

- Y : vektor variabel dependen (prevalensi resistensi).
- ρ : koefisien autoregresif spasial.
- W : matriks pembobot spasial.
- β : koefisiensi regresi untuk variabel independen.
- ϵ : residu (error).

Model dievaluasi dengan membandingkan nilai Akaike Information Criterion (AIC) antara model OLS dan model SAR. Interpretasi hasil akan difokuskan pada signifikansi parameter ρ (untuk membuktikan efek limpahan spasial) dan koefisien β (untuk menentukan faktor risiko lokal yang signifikan).

2.5 Langkah Analisis

Analisis data dilakukan menggunakan perangkat lunak Rstudio dengan paket “spdep” dan “spatialreg”. Tahapan analisis dilakukan secara berurutan sebagai berikut:

1. Mengeksplorasi data AMR untuk memetakan jumlah isolat yang terkonfirmasi resisten di tiap wilayah amatan.

2. Mengintegrasikan himpunan data AMR dan data BPS dengan memanfaatkan informasi lokasi sebagai variabel kunci.
3. Menyusun matriks pembobot spasial (*spatial weight matrix*). Matriks ini berfungsi mendefinisikan bagaimana hubungan ketetanggaan antar wilayah terbentuk.
4. Melakukan uji diagnostik spasial terhadap sisaan model OLS. Uji ini menerapkan statistik Global Moran's I guna mendeteksi ada tidaknya ketergantungan spasial pada data.
5. Melakukan pemodelan *spatial autoregressive*. Kerangka kerja yang digunakan pada tahap ini merujuk pada metode publikasi LeSage & Pace (2010).
6. Mengevaluasi *goodness-of-fit* melalui perbandingan nilai *Akaike Information Criterion* (AIC) antara model OLS dan model SAR. Tahap ini juga mencakup pengujian signifikansi statistik koefisien regresinya.

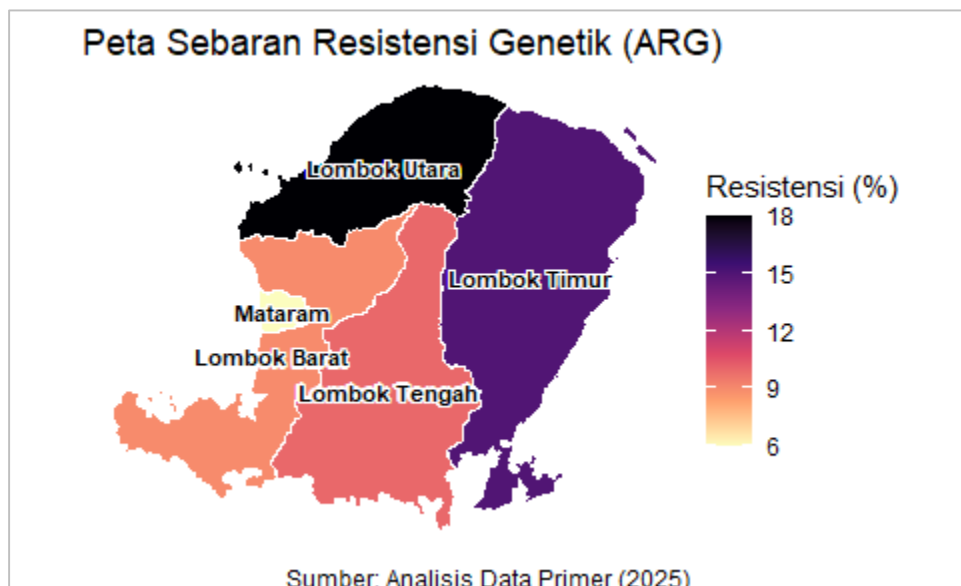
3 HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Gambaran Umum

Berdasarkan hasil agregasi data genomik dari 209 isolat bakteri *Escherichia coli* yang dikumpulkan pada periode tahun 2025, teridentifikasi pola spasial yang bervariasi di lima wilayah administrasi Pulau Lombok. Analisis deskriptif menunjukkan adanya disparitas prevalensi gen resistensi yang cukup mencolok antarwilayah.

Tabel 2. Sebaran Sampel dan Persentase Resistensi

Lokasi	Total Sampel	Positif Resisten	Persentase Resistensi
Lombok Barat	33	18	9%
Lombok Tengah	37	20	10%
Lombok Timur	43	31	15%
Lombok Utara	71	38	18%
Mataram	24	12	6%



Gambar 1. Peta Sebaran Resistensi Genetik (ARG)

Gambar 1 menyajikan visualisasi spasial tingkat prevalensi gen resistensi antimikrobal, khususnya gen tetrasiklin di lima wilayah administrasi Pulau Lombok. Gradasi warna pada peta menunjukkan bahwa wilayah dengan tingkat resistensi tertinggi (zona gelap) terkonsentrasi di Kabupaten Lombok Utara (18%) dan Lombok Timur (15%). Sebaliknya, wilayah perkotaan seperti Kota Mataram justru menunjukkan tingkat resistensi rendah (zona terang) pada angka 6%. Pola distribusi ini mengindikasikan adanya disparitas spasial yang jelas, di mana *antimicrobial resistance* (AMR) cenderung lebih tinggi di wilayah rural/pedesaan dibandingkan wilayah urban.

Sementara itu, data BPS Nusa Tenggara Barat tahun 2025 yang dijadikan variabel independen adalah sebagai berikut.

Tabel 3. Sebaran Kepadatan Penduduk dan Populasi Ternak

Lokasi	Kepadatan Penduduk (jiwa/km ²)	Populasi Ternak (ekor)			
		Sapi	Kerbau	Kuda	Babi
Lombok Barat	841	69595	585	313	8512
Lombok Tengah	966	143820	5304	330	792
Lombok Timur	894	117415	3060	366	40
Lombok Utara	327	68613	102	24	1948
Mataram	7428	1019	0	19	1211

3.2 Uji Ordinary Least Square

Hasil perhitungan menghasilkan persamaan regresi linear sebagai berikut:

$$Y = 18,28 - 0,00167(X_1) - 0,000037(X_2)$$

dengan:

Y : prevalensi resistensi (dalam persen).

X₁ : kepadatan penduduk per km².

X₂ : populasi ternak (ekor).

Persamaan ini memiliki nilai konstanta 18,28, artinya jika kepadatan penduduk (X₁) adalah 0 dan populasi ternak (X₂) adalah 0, maka model memprediksi tingkat resistensi dasar di wilayah tersebut adalah sekitar 18,28%. Tentu ini adalah nilai teoretis, karena tidak mungkin penduduk 0. Tapi ini menunjukkan *baseline* resistensi yang cukup tinggi.

3.3 Uji Diagnostik Spasial

Sebelum melakukan uji statistik, struktur hubungan antar wilayah didefinisikan terlebih dahulu menggunakan matrik pembobot spasial (W) berukuran 5 x 5 dengan metode Queen Contiguity. Hasil perhitungan matriks di RStudio dinormalisasi baris sehingga didapatkan matriks berikut:

$$W = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1/3 & 0 & 1/3 & 0 & 1/3 \\ 1/3 & 1/3 & 0 & 1/3 & 1/3 \\ 0 & 0 & 1/2 & 0 & 1/2 \\ 0 & 1/3 & 1/3 & 1/3 & 0 \end{bmatrix}$$

Elemen bukan nol pada matriks W merepresentasikan proporsi pengaruh relatif dari setiap wilayah tetangga terhadap wilayah amatan. Struktur bobot ini selanjutnya menjadi kompoen fundamental dalam perhitungan statistik Global Moran's I untuk mendetekdi pola autokorelasi spasial pada sisaan model regresi.

Hasil uji diagnostik spasial menggunakan Global Moran's I pada residu regresi OLS menunjukkan nilai indeks sebesar -0,132 dengan Z-score 1,159. Nilai probabilitas (p -value) yang diperoleh adalah 0,1232, yag lebih besar dari taraf nyata $\alpha = 0,05$. Secara statistik, hal ini mengindikasikan bahwa tidak terdapat autokorelasi spasial yang signifikan pada residu model. Pola resistensi antimikrobial di lima kabupaten/kota di Pulau Lombok cenderung menyebar secara acak atau dipengaruhi oleh faktor lokal masing-masing wilayah, dan belum menunjukkan pola pengelompokkan yang kuat.

Meskipun demikian, analisis tetap dilanjutkan dengan pemodelan *Spatial Autoregressive* (SAR) sebagai pembanding untuk melihat apakah penambahan lag spasial dapat memperbaiki estimasi pengaruh variabel independen, mengingat jumlah sampel yang terbatas ($n = 5$) sering kali menyebabkan uji Moran kurang sensitif dalam mendeteksi dependensi spasial (Type II Error) (LeSage & Pace, 2010).

3.4 Hasil Estimasi Model Spatial Autoregressive (SAR)

Berdasarkan hasil analisis, persamaan regresi spasial yang terbentuk adalah:

$$Y = 0,223W_y + 16,37 - 0,0017X_1 - 0,000046X_2$$

dengan:

- Y : prevalensi resistensi antibiotik.
- W_y : *spatial lag* (rata-rata resistensi di kabupaten tetangga).
- X_1 : kepadatan penduduk (jiwa/km²).
- X_2 : populasi ternak (ekor).

Nilai koefisien ρ sebesar 0,223 menunjukkan adanya efek limpahan positif. Angka ini menunjukkan bahwa jika rata-rata prevalensi resistensi antibiotik di kabupaten-kabupaten tetangga meningkat sebesar 1%, maka tingkat resistensi di kabupaten amatan diprediksi akan mengalami kenaikan sebesar 0,223% dengan asumsi variabel lain tetap. Namun, parameter ini tidak terbukti signifikan secara statistik ($p > 0,05$). Hal ini menunjukkan bahwa dinamika resistensi di Lombok saat ini masih lebih dipengaruhi oleh karakteristik internal masing-masing wilayah dibandingkan transmisi lintas batas wilayah administratif.

Salah satu temuan kunci dari model ini ada pada variabel kepadatan penduduk (X_1). Variabel ini menunjukkan nilai koefisien negatif yang signifikan, yaitu -0,0017 dengan nilai p kurang dari 0,05. Angka tersebut mempertegas adanya hubungan yang berbanding terbalik. Wilayah dengan

penduduk padat justru mencatat tingkat resistensi yang lebih rendah dibandingkan kawasan pedesaan yang penduduknya lebih jarang.

Di sisi lain, pengaruh variabel populasi ternak (X_2) terlihat sangat kecil dan tidak signifikan secara statistik. Kondisi ini mengindikasikan bahwa dinamika resistensi dalam model tersebut lebih banyak dipengaruhi oleh faktor demografi manusia serta infrastruktur wilayah.

Jika dilihat secara menyeluruh, model ini menghasilkan R^2 sebesar 0,56. Angka ini bermakna bahwa variabel independen yang digunakan mampu menjelaskan 56% variasi prevalensi resistensi di lokasi penelitian. Dari aspek kecocokan model, metode SAR mencatatkan nilai AIC sebesar 34,60. Angka ini relatif seimbang dengan model OLS yang berada di angka 32,71. Walaupun demikian, analisis tetap mempertahankan penggunaan model SAR. Alasannya adalah metode ini lebih unggul dalam menangkap signifikansi faktor kepadatan penduduk yang menjadi poin krusial analisis ini.

3.5 Analisis Efek Limpahan (*Spillover Effect*)

Parameter autoregresif spasial (ρ) menunjukkan nilai positif sebesar 0,223. Artinya, jika rata-rata resistensi di kabupaten tetangga meningkat sebesar 1%, maka tingkat resistensi di kabupaten amatan akan meningkat sebesar 22,3%, dengan asumsi variabel lain konstan. Namun, secara statistik hubungan ini tidak signifikan ($p > 0,05$). Hal ini menunjukkan belum terdapat bukti statistik yang cukup kuat untuk menyatakan adanya efek limpahan yang masif antar-kabupaten di Pulau Lombok.

Ketidaksignifikanan ini kemungkinan disebabkan oleh dua faktor, yaitu topografi wilayah dan skala analisis. Topografi wilayah di Pulau Lombok yang berbukit-bukit dan memisahkan beberapa wilayah dengan hambatan fisik mungkin membatasi interaksi fisik dan transmisi bakteri antar wilayah tersebut, meskipun secara administratif mereka bertetangga. Secara skala analisis, efek limpahan mungkin terjadi pada skala yang lebih mikro, misal antar desa atau antar kecamatan. Sehingga efeknya tidak begitu terlihat ketika dianalisis pada level agregat kabupaten (Olesen et al., 2020).

3.6 Perbandingan Hasil Uji OLS dan SAR

Analisis regresi OLS menunjukkan bahwa secara simultan, variabel kepadatan penduduk dan populasi ternak tidak berpengaruh signifikan terhadap prevalensi resistensi ($p > 0,05$). Hal ini sangat wajar terjadi mengingat jumlah unit observasi (n) yang terbatas, yaitu hanya lima wilayah administrasi di pulau lombok, yang menyebabkan rendahnya *power of test* statistik.

Namun, ketika dianalisis menggunakan pendekatan *spatial autoregressive* (SAR) untuk mengakomodasi struktur spasial wilayah, variabel kepadatan penduduk (X_1) terbukti memiliki pengaruh negatif yang signifikan ($p < 0,05$). Hal ini menunjukkan bahwa model spasial lebih sensitif dan akurat dalam mengestimasi determinan resistensi di Pulau Lombok dibandingkan regresi OLS.

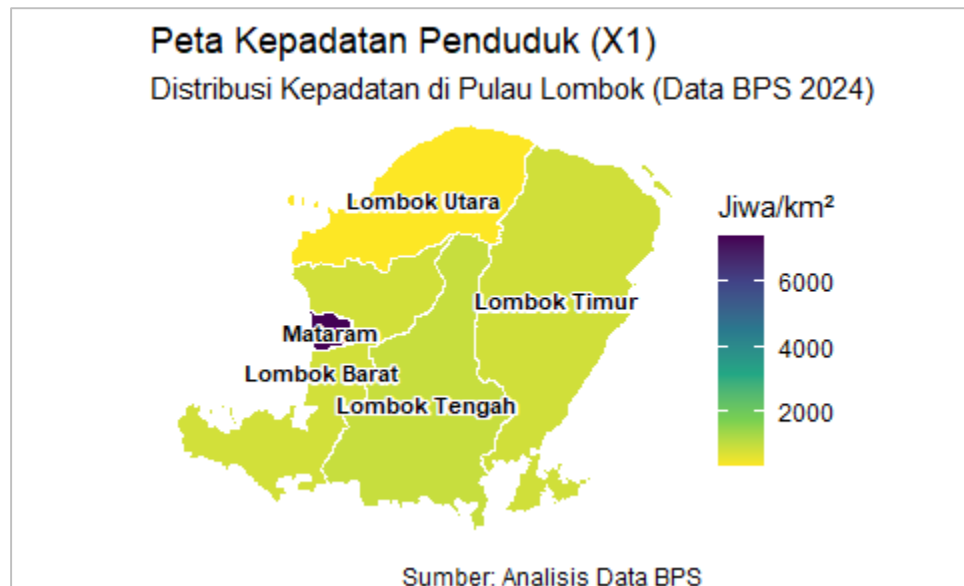
Tabel 4. Perbandingan Hasil Uji Model OLS dan Model SAR

Indikator	Model OLS	Model SAR	Kesimpulan
Signifikansi X_1	$p = 0,301$	$p = 0,031$	SAR lebih tajam menangkap sinyal data.
Koefisien X_2	-0,0016	-0,0016	Arah hubungan konsisten (semakin padat penduduk, prevalensi resisten rendah).
Standar error X_1	0,0012	0,0007	SAR lebih presisi karena menghasilkan error yang lebih rendah.
Signifikansi X_2	$p = 0,619$	$p = 0,260$	Sama-sama tidak signifikan, tetapi SAR memiliki p -value yang lebih baik.

Penggunaan model OLS memiliki kelemahan mendasar karena mengabaikan aspek lokasi dalam perhitungannya. Kelemahan ini berdampak pada akurasi hasil estimasi yang menjadi kurang tepat. Di sisi lain, penerapan model SAR mampu menyajikan temuan yang lebih kokoh. Variabel kepadatan penduduk (X_1) terbukti memiliki pengaruh nyata ketika unsir kewilayahan disertakan dalam model. Hal ini tetap berlaku meskipun nilai ρ secara statistik tidak menunjukkan signifikansi. Fakta ini mempertegas bahwa pendekatan spasial memegang peran vital untuk mengoreksi analisis. Tujuannya adalah memastikan hasil akhir tidak bias maupun keliru.

3.7 Interpretasi Determinan Lingkungan dan Estimasi Model *Spatial Autoregressive* (SAR)

Hasil estimasi model SAR memperlihatkan adanya hubungan negatif yang nyata antara kepadatan penduduk dan tingkat resistensi genetik. Koefisien yang dihasilkan tercatat sebesar -0,0016. Angka ini menyanggah asumsi dasar yang menyebutkan bahwa wilayah padat penduduk akan mempermudah laju penularan (Putri, 2025). Data yang ada justru menunjukkan sebaliknya. Semakin tinggi kepadatan penduduk di suatu wilayah, risiko resistensi yang muncul ternyata semakin rendah.

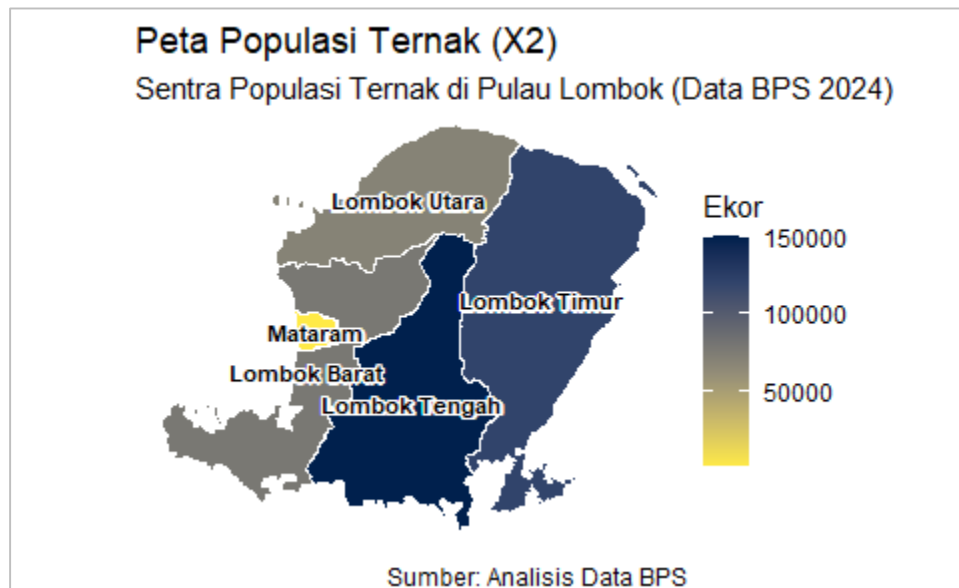


Gambar 2. Peta Kepadatan Penduduk (X_1)

Fenomena yang tampak kontradiktif ini menjadi lebih masuk akal saat mengamati peta sebarannya secara langsung. Visualisasi pada Gambar 2 memperlihatkan bahwa Kota Mataram merupakan wilayah dengan kepadatan tertinggi. Kondisi ini sangat kontras jika dibandingkan dengan Kabupaten Lombok Utara maupun Lombok Timur yang jauh lebih lengang. Apabila peta kepadatan tersebut disandingkan dengan peta sebaran resistensi genetik pada Gambar 1, pola yang muncul justru berkebalikan. Wilayah yang lebih padat ternyata memiliki persentase resistensi yang lebih rendah.

Faktor infrastruktur diduga kuat menjadi penyebab utama kondisi tersebut. Merujuk pada data BPS Provinsi Nusa Tenggara Barat tahun 2025, Kota Mataram mencatatkan persentase kelayakan sanitasi serta akses air bersih tertinggi dibanding empat kabupaten lain di Pulau Lombok. Angkanya mencapai 89,72 persen untuk sanitasi layak dan 98,77 persen untuk akses air bersih. Keunggulan fasilitas inilah yang berperan besar dalam memutus siklus penyebaran bakteri *E.coli* resisten melalui jalur fekal-oral. Sebaliknya, masyarakat di wilayah pedesaan yang jarang penduduk lebih banyak menggantungkan kebutuhan air dari sungai atau sumur dangkal. Sumber air semacam ini cenderung rentan tercemar limbah sehingga risiko paparan terhadap *E.coli* yang sudah resisten pun menjadi lebih tinggi.

Sementara itu, variable populasi ternak (X_2) memang tidak menunjukkan hasil signifikan secara statistik. Namun, hal ini bukan berarti peran ternak dapat diabaikan begitu saja. Ketidaksignifikanan tersebut kemungkinan besar terjadi karena informasi dari variabel X_2 sudah terwakili oleh variabel X_1 . Data yang tersaji menunjukkan fakta menarik bahwa wilayah dengan penduduk yang tidak padat justru merupakan kantong-kantong populasi ternak yang besar.



Gambar 3. Peta Populasi Ternak (X_2)

Dugaan tersebut terkonfirmasi melalui peta populasi ternak pada Gambar 3. Peta ini memvisualisasikan sebaran gabungan hewan ternak yang menjadi komoditas utama di Pulau Lombok, mencakup sapi, kerbau, kuda, serta babi. Dari data tersebut terlihat bahwa sentra peternakan terpusat di Kabupaten Lombok Tengah dan Lombok Timur. Kondisi ini sangat kontras dengan Kota Mataram yang memiliki populasi ternak jauh lebih sedikit.

Konsentrasi ternak di wilayah yang juga mencatat angka resistensi tinggi ini memperkuat indikasi adanya transmisi *zoonosis*. Istilah ini merujuk pada proses penularan penyakit dari hewan ke manusia. Tingginya intensitas kontak antara warga dan hewan di kawasan padat ternak disinyalir memperserat perpindahan bakteri *E.coli* yang sudah resisten. Dinamika penularan semacam ini jarang terjadi di lingkungan perkotaan.

4 KESIMPULAN

Secara keseluruhan, analisis penelitian ini merumuskan tiga temuan kunci untuk menjawab tujuan penelitian. Hasil pemetaan distribusi spasial memperlihatkan adanya ketimpangan wilayah yang cukup mencolok. *Hotspot* resistensi genetik *E.coli* terbukti berpusat di kawasa pedesaan seperti Kabupaten Lombok Utara dan Lombok Timur, sedangkan Kota Mataram justru mencatatkan prevalensi terendah. Selanjutnya, estimasi model SAR menunjukkan bahwa efek limpahan spasial antar wilayah tidak terbukti signifikan secara statistik walaupun terdapat indikasi positif. Hal tersebut mengisyaratkan bahwa dinamika resistensi di Pulau Lombok saat ini lebih didominasi oleh kondisi lokal tiap kabupaten daripada transmisi lintas batas administrasi. Pengujian terhadap faktor penentu juga mengungkap adanya hubungan terbalik yang nyata antara kepadatan penduduk dan tingkat resistensi. Temuan ini menegaskan bahwa risiko resistensi antibiotik di Pulau Lombok adalah fenomena yang sangat lekat dengan karakteristik ekologi pedesaan. Kondisi ini kemungkinan besar dipicu oleh tingginya interaksi antara manusia dan hewan ternak serta keterbatasan infrastruktur sanitasi, bukan akibat padatnya aktivitas di perkotaan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Puji syukur dipanjatkan ke hadirat Tuhan Yang Maha Esa, karena atas segala rahmat dan karunia-Nya penelitian ini dapat diselesaikan dengan baik. Rasa terima kasih yang mendalam dan istimewa dipersembahkan kepada Ayah dan Almarhumah Ibu, sosok yang senantiasa menjadi sumber kekuatan, doa, dan inspirasi terbesar, serta yang selalu menanamkan semangat untuk terus belajar tanpa henti. Apresiasi setinggi-tingginya juga disampaikan kepada seluruh pihak yang telah memberikan masukan dan dukungan secara moril maupun materiil selama proses penyusunan penelitian ini. Semoga tulisan ini dapat memberikan manfaat dan kontribusi positif bagi perkembangan ilmu pengetahuan.

DAFTAR PUSTAKA

- Aprianto, A., Debatara, N. N., & Imro'ah, N. (2020). METODE COCHRANE-ORCUTT UNTUK MENGATASI AUTOKORELASI PADA ESTIMASI PARAMETER ORDINARY LEAST SQUARES. *Bimaster : Buletin Ilmiah Matematika, Statistika dan Terapannya*, 9(1), 95–102. <https://doi.org/10.26418/bbimst.v9i1.38590>
- Atikah, N., & Rahardjo, S. (2021). Spatial spillover model: A moment method approach. *Journal of Physics: Conference Series*, 1872(1). <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1872/1/012031>
- Birkegård, A. C., Ersbøll, A. K., Halasa, T., Clasen, J., Folkesson, A., Vigre, H., & Toft, N. (2017). Spatial patterns of antimicrobial resistance genes in a cross-sectional sample of pig farms with indoor non-organic production of finishers. *Epidemiology and Infection*, 145(7), 1418–1430. <https://doi.org/10.1017/S0950268817000206>
- BPS Provinsi Nusa Tenggara Barat. (2025). *Provinsi Nusa Tenggara Barat Dalam Angka 2025* (Katalog No. 52000.25001). Badan Pusat Statistik.

- <https://ntb.bps.go.id/id/publication/2025/02/28/048c7d97797e293fa3af75b1/provinsi-nusa-tenggara-barat-dalam-angka-2025.html>
- Hermansyah, & Tamsil, H. (2019). Potensi Pengembangan Sumberdaya Peternakan Kabupaten Lombok Utara Provinsi Nusa Tenggara Barat. *Jurnal Ilmu Dan Teknologi Peternakan Indonesia (JITPI) Indonesian Journal of Animal Science and Technology*, 5(1), 11–26. <https://doi.org/10.29303/jitpi.v4i2.43>
- IMHE & GRAM. (2024). *Beban Resistensi Antimikroba (AMR) di Indonesia*. Institute for Health Metrics and Evaluation. https://www.healthdata.org/sites/default/files/2025-08/AMRBriefing2025_Indonesia-Indonesian.pdf
- Kazar, B. M., & Celik, M. (2012). *Spatial AutoRegression (SAR) Model: Parameter Estimation Techniques*. Springer US. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-1842-9>
- Kou, R., Wang, H., Zou, D., Hu, J., Wu, Y., Xu, Q., & Zhang, X. (2025). Spatial panel data analysis of antimicrobial resistance in *Escherichia coli* in China. *Scientific Reports*, 15(1), 23753. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-09085-w>
- Lawson, A. B., Banerjee, S., Haining, R. P., & Ugarte, M. D. (2016). *Handbook of Spatial Epidemiology*. CRC Press: Taylor & Francis Group.
- LeSage, J. P., & Pace, R. K. (2010). Spatial Econometric Models. In M. M. Fischer & A. Getis (Eds.), *Handbook of Applied Spatial Analysis* (pp. 355–376). Springer Berlin Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-03647-7_18
- Moraga, P. (2023). *Spatial Statistics for Data Science: Theory and Practice with R* (1st ed.). Chapman and Hall/CRC. <https://doi.org/10.1201/9781032641522>
- National Center for Biotechnology Information. (2025). *Pathogen Detection Isolate Browser: Indonesia* [Dataset]. U.S. National Library of Medicine. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/isolates/#geo_loc_name:%20Indonesia
- Olesen, S. W., Lipsitch, M., & Grad, Y. H. (2020). The role of “spillover” in antibiotic resistance. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(46), 29063–29068. <https://doi.org/10.1073/pnas.2013694117>
- Putri, I. D. S. I. (2025). Analisis Hubungan Kepadatan Penduduk dengan Kejadian Demam Berdarah Dengue (DBD) di Provinsi Bali Tahun 2022. *Jurnal Kesehatan Tambusai*, 6(1), 2219–2224. <https://doi.org/10.32583/pskm.v13i2.772>
- Souris, M. (2019). *Epidemiology and Geography: Principles, Methods and Tools of Spatial Analysis* (1st ed.). Wiley. <https://doi.org/10.1002/9781119528203>
- Triyastuti, D. (2019). *Pengaruh Kepadatan Penduduk Terhadap Kualitas Hidup Masyarakat di kecamatan Ngemplak Kabupaten Boyolali Tahun 2013 dan 2017*. Universitas Muhammadiyah Surakarta.
- Ver Hoef, J. M., Peterson, E. E., Hooten, M. B., Hanks, E. M., & Fortin, M. (2018). Spatial autoregressive models for statistical inference from ecological data. *Ecological Monographs*, 88(1), 36–59. <https://doi.org/10.1002/ecm.1283>