

SIMULASI MODEL EPIDEMI SIR (*SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERED*) RANTAI BINOMIAL DENGAN NILAI AWAL INFEKSI BERVARIASI

Ida Nur Hayati¹⁾, Respatiwan²⁾, dan Sugiyanto³⁾

¹ Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: hayati1711@student.uns.ac.id

² Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: rrespatiwan@yahoo.co.id

³ Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: sugiyanto61@staff.uns.ac.id

ABSTRAK

Penyakit merupakan gangguan kesehatan yang disebabkan oleh bakteri, virus, atau kelainan pada organ tubuh makhluk hidup. Penyakit dibedakan menjadi dua yaitu penyakit menular dan penyakit tidak menular. Epidemologi merupakan peristiwa menyebarnya penyakit menular yang menjangkit dengan cepat di daerah yang luas dan menimbulkan banyak korban. Pada penyakit tertentu, individu yang terinfeksi penyakit dapat sembuh dan tidak dapat terinfeksi kembali. Penyakit dengan karakter tersebut termasuk ke dalam model epidemi SIR (*Susceptible Infected Recovered*). Model epidemi SIR Reed-Frost merupakan model epidemi SIR waktu diskrit dengan rantai binomial. Pada model epidemi SIR dengan rantai binomial infeksi menyebar dari individu ke individu dalam waktu diskrit, dimana jumlah individu yang terinfeksi merupakan rantai binomial. Rantai binomial berguna untuk mengetahui jumlah individu yang terinfeksi pada periode selanjutnya. Pada Model epidemi SIR Reed-Frost, probabilitas penularan yaitu sebesar p dan dipengaruhi oleh banyaknya individu yang terinfeksi. Pada penelitian ini banyaknya individu yang terinfeksi berdistribusi binomial dan dengan waktu penyembuhan berhingga. Tujuan dari penelitian ini adalah menurunkan ulang dan mensimulasikan model epidemi SIR rantai binomial dengan nilai awal infeksi bervariasi. Simulasi dilakukan dengan memberikan probabilitas penularan p sebesar 0,5, jumlah populasi sebesar 100, waktu penyembuhan 3 hari, serta nilai awal infeksi sebesar 1, 5, dan 10. Hasil dari simulasi yang dilakukan adalah bahwa semakin besar nilai awal infeksi, maka infeksi akan lebih cepat mencapai maksimum. Akibatnya periode infeksi akan semakin singkat sehingga infeksi akan lebih cepat berhenti.

Kata Kunci: *Epidemi, Model SIR Reed-Frost, Rantai Binomial*

1. PENDAHULUAN

Penyakit merupakan gangguan kesehatan yang disebabkan oleh bakteri, virus, atau kelainan pada organ tubuh makhluk hidup. Penyakit merupakan penyebab kematian terbesar di dunia daripada perang dan kelaparan (Term, 2007). Oleh karena itu, upaya untuk mengendalikan penyakit sangat diperlukan. Penyakit dibedakan menjadi dua yaitu penyakit menular dan penyakit tidak menular. Epidemologi merupakan peristiwa menyebarnya penyakit menular yang menjangkit dengan cepat di daerah luas dan menimbulkan banyak korban (Kamus Besar Bahasa Indonesia, 2016). Upaya yang dapat dilakukan untuk

mengendalikan penyakit adalah dengan mempelajari pola penyebarannya. Pola penyebaran penyakit dapat diketahui dengan cara memodelkannya. Model epidemi adalah model matematika yang menggambarkan penyebaran penyakit. Pada penyakit tertentu, individu yang telah sembuh dari terinfeksi penyakit akan memiliki kekebalan sehingga individu tersebut tidak dapat terinfeksi kembali. Penyebaran penyakit dengan sifat tersebut termasuk ke dalam model epidemi SIR (*Susceptible Infected Recovered*). Menurut Hethcote (2000), model epidemi SIR dibagi menjadi tiga kelompok, yaitu *susceptible (S)*, *infected (I)*, *recovered (R)*. Kelompok *susceptible (S)* yaitu

individu yang sehat tetapi rentan terhadap penyakit. Kelompok *infected* (I) yaitu individu yang terinfeksi dan dapat menginfeksi individu lain. Kelompok *recovered* (R) yaitu individu yang terserang penyakit telah sembuh dan tidak dapat terinfeksi kembali. Perubahan jumlah individu terinfeksi berkaitan erat dengan probabilitas suatu kejadian (Parzen, 1962). Penyebaran suatu penyakit merupakan suatu kejadian random yang berkaitan dengan probabilitas dan bergantung pada waktu sehingga disebut sebagai proses stokastik. Model epidemi SIR Reed-Frost merupakan model epidemi SIR waktu diskrit dengan rantai binomial. Pada model epidemi SIR dengan rantai binomial infeksi menyebar dari individu ke individu dalam waktu diskrit, dimana jumlah individu yang terinfeksi merupakan rantai binomial. Pada penelitian ini penulis menurunkan ulang dan mensimulasikan model epidemi SIR rantai binomial dengan nilai awal infeksi bervariasi.

2. KAJIAN LITERATUR

A. Proses Stokastik

Menurut Parzen (1962), proses stokastik merupakan kumpulan dari variable random $\{X(t), t \in T\}$ dengan T merupakan himpunan indeks. Himpunan indeks T dinyatakan sebagai himpunan waktu dalam proses stokastik. Jika $T = \{0, 1, 2, 3, \dots\}$, maka proses stokastik dinyatakan sebagai proses stokastik waktu diskrit.

B. Proses Markov

Menurut Parzen (1962), suatu proses stokastik dikatakan proses Markov jika untuk suatu nilai $X(t)$ yang diberikan, maka nilai $X(s)$ dengan $s > t$ tidak tergantung pada nilai $X(u)$ dengan $u < t$. Dengan kata lain, probabilitas bersyarat dari $X(t_n)$ dengan syarat $X(t_1), \dots, X(t_{n-1})$, hanya bergantung pada nilai $X(t_{n-1})$ yang dapat dituliskan sebagai

$$P(X(t_n) = x_n | X(t_1) = x_1, \dots, X(t_{n-1}) = x_{n-1}) = P(X(t_n) = x_n | X(t_{n-1}) = x_{n-1})$$

Himpunan nilai yang mungkin dari suatu proses stokastik disebut ruang state. Suatu proses Markov yang memiliki ruang state diskrit dinamakan rantai Markov.

C. Distribusi Binomial

Menurut Bain dan Engelhardt (1992), distribusi binomial merupakan barisan dari n percobaan bernoulli yang saling independen dengan variabel random X menunjukkan banyaknya sukses dimana $X = x$ kali sukses dan probabilitas sukses sebesar p pada setiap percobaan. Sehingga kemungkinan sebanyak x kali sukses dari n percobaan adalah $\binom{n}{x}$. Fungsi distribusi probabilitas dari X dinyatakan sebagai berikut:

$$b(x; n, p) = \binom{n}{x} p^x q^{n-x} \quad \text{untuk } x =$$

0, 1, 2, ..., n

Ciri-ciri distribusi binomial

1. Terdiri dari n percobaan,
2. Setiap percobaan menghasilkan dua jenis kejadian, yaitu sukses dan gagal,
3. Probabilitas sukses pada sebuah percobaan sebesar p tetap, sedangkan probabilitas gagal sebesar $q = 1 - p$,
4. Masing-masing percobaan saling independen.

Harga harapan dan variansi dari variabel random X yang berdistribusi binomial dinyatakan dengan

$$E(X) = np$$

$$Var(X) = npq$$

D. Model Epidemi SIR

Model SIR merupakan model matematika yang digunakan untuk mempelajari penyebaran penyakit. Menurut Hethcote (2000), model epidemi SIR dibagi menjadi tiga kelompok, yaitu *susceptible* (S), *infected* (I), *recovered* (R). Kelompok

susceptible (S) yaitu individu yang sehat tetapi rentan terhadap penyakit. Kelompok *infected (I)* yaitu individu yang terinfeksi dan dapat menginfeksi individu lain. Kelompok *recovered (R)* yaitu individu yang terserang penyakit telah sembuh dan tidak dapat terinfeksi kembali.

Adapun asumsi yang memenuhi model ini yaitu :

- Populasi konstan
- Laju kelahiran sama dengan laju kematian
- Individu yang lahir merupakan individu yang sehat tetapi rentan. Individu yang terinfeksi dapat menginfeksi individu yang rentan. Apabila individu yang melewati waktu infeksi telah sembuh, maka individu tersebut akan membangun sistem kekebalan tubuh sehingga tidak akan terinfeksi kembali.

3. METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur, yaitu dengan cara mempelajari materi karya ilmiah pada jurnal maupun buku referensi. Adapun langkah-langkah yang digunakan dalam penelitian ini sebagai berikut :

- Menurunkan ulang model epidemi SIR Rantai Binomial.
 - Menentukan asumsi model
 - Mendeskrripsikan variabel random
 - Menentukan parameter
 - Menentukan probabilitas transisi banyaknya individu *infected* dalam model epidemi SIR dimana individu *infected* mengikuti distribusi binomial.
- Mensimulasikan model epidemi SIR rantai binomial dengan nilai awal infeksi bervariasi..

4. HASIL DAN PEMBAHASAN

Menurut Term, penyakit dapat menyebar dari satu individu ke individu yang lain melalui suatu kontak. Pada

Model epidemi SIR Reed-Frost, probabilitas penularan yaitu sebesar p , sedangkan $q = 1 - p$ yaitu probabilitas tidak terjadi penularan. Probabilitas penularan merupakan perubahan dari individu kelompok *susceptible (S)* menjadi kelompok *infected (I)*. probabilitas penularan p dipengaruhi oleh banyaknya individu yang terinfeksi. Jumlah individu *infected (I)* pada periode $t + 1$ tergantung pada jumlah *susceptible (S)* pada periode t dan probabilitas tidak terjadi penularan q , sehingga jumlah *infected (I)* pada periode $t + 1$ dinyatakan dengan

$$I(t + 1) = S(t)p^{I(t)}$$

$I(t + 1)$ jumlah *infected* pada periode $t+1$ dan $S(t)$ jumlah *susceptible* pada periode t . Pada model Reed-Frost, p bergantung pada jumlah *infected*. Berikut adalah asumsi dari model Reed-Frost :

- Populasi konstan sebesar n
- Laju kelahiran sama dengan laju kematian
- Periode waktunya adalah diskrit, $t = 1, 2, 3, \dots$ diasumsikan untuk satu waktu adalah satu hari.
- Jumlah total orang yang terinfeksi pada waktu t adalah

$$I(t) = \sum_{i=1}^n I^i(t), \quad t \geq 0$$

$i = 1, \dots, n$. $I^i = \{I^i(\mathbb{Z}_s), t = 1, 2, \dots\}$ adalah suatu proses random. $I^i(t) = 1$ jika individu tersebut terinfeksi dan mampu menularkan orang lain pada waktu t . $I^i(t) = 0$ jika individu tersebut rentan terinfeksi.

- Jika individu *infected* untuk pertama kalinya pada waktu t , maka individu tersebut terinfeksi dan dapat menginfeksi untuk periode waktu $\{t, t + 1, \dots, t + \mathfrak{R} - 1\}$ dengan \mathfrak{R} adalah bilangan konstan positif. Selama \mathfrak{R} periode individu *infected* akan tetap dalam keadaan terinfeksi termasuk pada saat individu tersebut terinfeksi. Pada periode waktu $t + \mathfrak{R}$ individu

infected telah pulih dan tidak dapat terinfeksi kembali.

6. Pertemuan antara individu *susceptible* pada waktu t dengan individu *infected* pada waktu t selama $(t, t + 1]$ menghasilkan probabilitas penularan $p \in [0, 1]$ dimana individu *susceptible* terinfeksi pada waktu $t + 1$.
7. Misalkan $I(t)$ adalah individu *infected* pada waktu t , maka probabilitas individu terpilih secara random untuk terinfeksi adalah $f(t) = \frac{I(t)}{n}$.

Pada asumsi nomor 5 individu *infected* pada periode t , akan sembuh pada periode $t + \mathfrak{R}$ yang kemudian masuk kedalam kelompok *recovered*. Pada periode $t + 1$, *susceptible* $S(t)$ yang melakukan kontak dengan *infected* $I(t)$ yang kemudian terinfeksi akan menjadi *infected* $I(t+1)$. Sedangkan individu yang tidak terinfeksi masuk kedalam *susceptible* $S(t+1)$. Probabilitas penularan antara *infected* dengan *susceptible* yaitu p dipengaruhi oleh banyaknya individu *infected* $I(t)$. Perubahan individu *susceptible* menjadi individu *infected* atau tetap *susceptible* merupakan kejadian yang berdistribusi binomial, sehingga berlaku

$$S(t) = S(t + 1) + I(t + 1)$$

Kombinasi kemungkinan banyaknya $S(t)$ menjadi $S(t+1)$ adalah $\binom{S(t)}{S(t+1)}$. Diberikan probabilitas *infected* $I(t+1)$ adalah sebagai berikut :

$$P(I(t + 1)|S(t), I(t)) = \binom{S(t)}{S(t + 1)} (1 - q^{I(t)})^{I(t+1)} q^{I(t)S(t+1)}$$

Infeksi yang terjadi pada setiap periode diasumsikan saling independent. Model epidemi *SIR* Reed-Frost merupakan model epidemi *SIR* waktu diskrit dengan rantai binomial. Sehingga prosesnya mengikuti rantai binomial.

Jumlah *susceptible* pada periode berikutnya merupakan harga harapan dari variabel $S(t + 1)$, yaitu

$$S(t + 1) = S(t)q^{I(t)} \quad 4.1$$

Susceptible yang mengalami kontak dengan *infected* pada periode berikutnya merupakan jumlah *infected* baru. Jumlah *infected* baru tersebut adalah sebagai berikut :

$$I_0(t + 1) = S(t) - S(t + 1)$$

Jumlah total *infected* baru pada periode $t + 1$ adalah

$$I(t + 1) = \sum_{k=0}^{\mathfrak{R}-1} I_k(t + 1) \quad 4.2$$

dimana $I_k(t)$ adalah jumlah individu *infected* pada periode t dan akan terinfeksi selama k periode, $k = 0, 1, \dots, \mathfrak{R} - 1$.

Individu *infected* akan menjadi individu *recovered* untuk \mathfrak{R} periode berikutnya, maka jumlah individu *recovered* pada periode $t + 1$ adalah

$$R(t + 1) = R(t) + I(t) \quad 4.3$$

dari persamaan 4.1, 4.2, dan 4.3 maka model epidemi *SIR* Reed-Frost dapat dituliskan sebagai

$$S(t + 1) = S(t)q^{I(t)}$$

$$I(t + 1) = \sum_{k=0}^{\mathfrak{R}-1} I_k(t + 1)$$

$$R(t + 1) = R(t) + I(t)$$

dengan $S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) = 0$ dan $0 \leq q \leq 1$.

Proses penularan penyakit dari individu satu ke individu yang lain dapat dinyatakan dengan proses binomial.

Individu i dimungkinkan dapat berada dalam kelompok *susceptible*, *infected*, *recovered* pada setiap periode t . Jika individu i berada dalam kelompok *infected* atau *recovered* maka tidak termasuk kedalam kelompok *susceptible* dan sebaliknya jika individu i berada dalam kelompok *susceptible* maka ia tidak berada di dalam kelompok *infected* atau *recovered*.

Simulasi dilakukan dengan memberikan probabilitas penularan p sebesar 0.5, jumlah populasi sebesar 100, waktu penyembuhan $\mathfrak{R} = 3$, serta nilai awal infeksi sebesar 1, 5, dan 10. Jika probabilitas terjadi penularan adalah sebesar 0.5 maka probabilitas tidak terjadi penularan q adalah sebesar 0.5. Sehingga probabilitas tidak terjadi penularan antara sejumlah individu adalah $q^{I(t)}$. Dengan menggunakan persamaan 4.1, 4.2, dan 4.3 maka model secara umum dapat dituliskan sebagai berikut

$$S(t + 1) = S(t)(0,5)^{I(t)}$$

$$I(t + 1) = \sum_{k=0}^{\mathfrak{R}-1} I_k(t + 1)$$

$$R(t + 1) = R(t) + I(t)$$

Prediksi penyebaran penyakit ditentukan dengan menggunakan model epidemi *SIR* Reed-Frost dengan memberikan nilai awal jumlah *infected* dalam populasi. Simulasi pertama dilakukan dengan mengambil nilai $I(0) = 1$. Jumlah populasi sebesar 100 dengan $I(0) = 1$ maka banyaknya $S(0) = 99$. Lama waktu penyembuhan adalah $\mathfrak{R} = 3$, sehingga pada periode 2 belum ada individu yang masuk kedalam kelompok *recovered*. Banyaknya individu *susceptible* $S(t + 1)$ dan *infected* $I(t + 1)$ diperoleh dengan menggunakan persamaan 4.1 dan 4.2 untuk $t = 0$

$$\begin{aligned} S(1) &= S(0)0,5^1 \\ &= 99 \times 0,5^1 \\ &= 50 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} I_0(1) &= S(0) - S(0 + 1) \\ &= 99 - 50 \\ &= 49 \end{aligned}$$

$$R(1) = 0$$

untuk $t = 1$

$$\begin{aligned} S(2) &= S(1)0,5^{49} \\ &= 50 \times 0,5^{49} \\ &= 0 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} I_0(2) &= S(1) - S(1 + 1) \\ &= 50 - 0 \\ &= 50 \end{aligned}$$

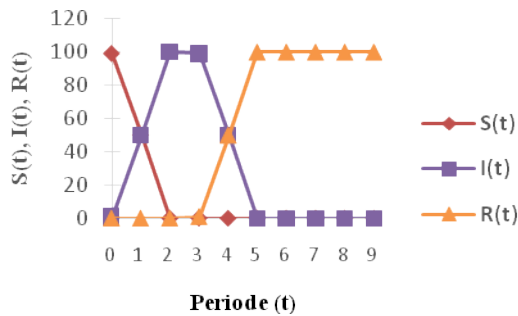
$$R(2) = 0$$

dan seterusnya sampai jumlah *susceptible* dan *infected* konstan berjumlah 0 pada periode berikutnya. Total *infected* diperoleh dengan menjumlahkan $I_k(t + 1)$, dengan $I_k(t + 1)$ adalah jumlah individu *infected* pada periode t dan akan terinfeksi selama k periode, $k = 0,1,2$. Berikut disajikan tabel 4.1 prediksi penyebaran individu pada setiap periode :

Tabel 4.1. Prediksi Penyebaran Individu pada setiap periode

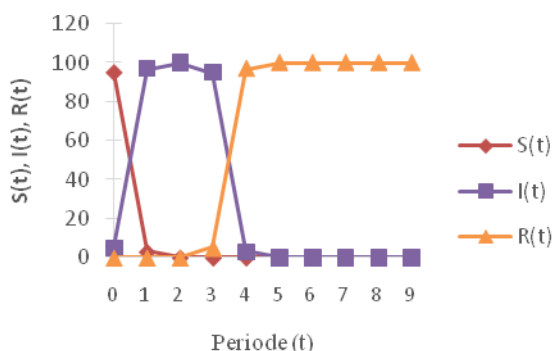
Period e	S	I			Tota l I	R 3	Tota l R
		0	1	2			
0	99	1	0	0	1	0	0
1	50	49	1	0	50	0	0
2	0	50	49	1	100	0	0
3	0	0	50	49	99	1	1
4	0	0	0	50	50	49	50
5	0	0	0	0	0	50	100

Tabel 4.1 menunjukkan prediksi penyebaran penyakit pada setiap periode. Jumlah *infected* mengalami peningkatan dan setelah mencapai maksimum akan menurun. Penyebaran berhenti pada periode 5, karena tidak ada *infected* dalam populasi. Berikut diberikan gambar 4.1 untuk memperjelas penyebaran.

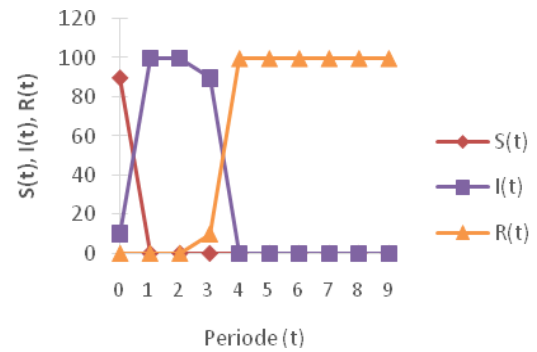


Gambar 4.1. Penyebaran Penyakit dengan $I(0) = 1$

Dari gambar 4.1 terlihat bahwa jumlah *susceptible* semakin menurun. Hal tersebut dikarenakan terdapat *susceptible* yang terinfeksi dan menjadi *infected*. Jumlah *infected* meningkat dan setelah mencapai maksimum akan turun mendekati nol. Infeksi maksimum terjadi pada periode ke- 2 dan kemudian mengalami penurunan pada periode selanjutnya hingga mencapai nol. Ketika jumlah *infected* telah nol hingga periode berikutnya maka penyebaran penyakit dikatakan berhenti. Seiring banyaknya *infected* mendekati nol, jumlah *recovery* semakin meningkat karena adanya *infected* yang telah sembuh dan tidak dapat terinfeksi kembali. Berikut diberikan gambar 4.2 dan 4.3 yang menunjukkan penyebaran penyakit dengan pemberian nilai infeksi awal yang berbeda.

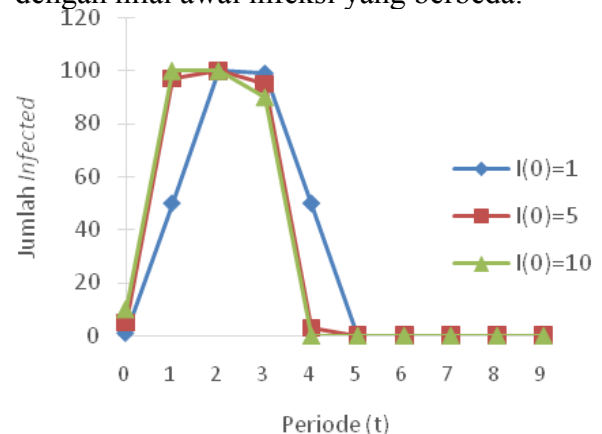


Gambar 4.2. Penyebaran Penyakit dengan $I(0) = 5$



Gambar 4.3. Penyebaran Penyakit dengan $I(0) = 10$

Dari gambar 4.1 dan 4.2 terlihat bahwa dengan pemberian nilai awal infeksi yang berbeda menghasilkan penyebaran yang berbeda. Perbedaan terdapat pada penyebaran jumlah individu setiap periode, kapan infeksi maksimum terjadi, serta kapan infeksi berhenti. Berikut diberikan gambar 4.4 perbandingan penyebaran penyakit dengan nilai awal infeksi yang berbeda.



Gambar 4.4. Penyebaran Penyakit dengan nilai awal infeksi berbeda

Gambar 4.4 menunjukkan bahwa infeksi mencapai maksimum terjadi lebih cepat jika nilai awal infeksi $I(0)$ lebih besar. Akibatnya periode infeksi semakin singkat sehingga infeksi berhenti lebih cepat.

5. KESIMPULAN

1) Model epidemi *SIR* Reed-Frost adalah sebagai berikut

$$S(t+1) = S(t)q^{I(t)}$$

$$I(t+1) = \sum_{k=0}^{\mathfrak{R}-1} I_k(t+1)$$

$$R(t+1) = R(t) + I(t)$$

dengan $S(0) > 0$, $I(0) > 0$, $R(0) = 0$ dan $0 \leq q \leq 1$.

- 2) Berdasarkan simulasi yang telah dilakukan dengan jumlah populasi 100 dan nilai awal infeksi sebesar 1, 5, dan 10. Diperoleh bahwa puncak epidemi dan lamanya periode infeksi bergantung pada jumlah infeksi awal, lamanya periode penyembuhan, dan probabilitas penularan.

6. REFERENSI

- Bain, L. J. and Engelhardt, M. 1992. *Introduction to Probability and Mathematical Statistics*, 2 ed., Duxbury Press, California.
- Dewi, I. K., *Model Epidemi SIR Greenwood*. Skripsi, Matematika, FMIPA, Universitas Sebelas Maret, Surakarta, 2011.
- Epidemi. 2006. Kamus Besar Bahasa Indonesia (KBBI) online. <https://kbbi.web.id/epidemi>, 1 November 2019.
- Hethcote, H. W., *The Mathematics of Infectious Diseases*, SIAM Review 42 (2000), No. 4, Hal. 599-653.
- Parzen, E. 1962. *Stochastic Processes*. Holden-Day, Inc. United States of America.
- Term, H. 2007. *Using probabilistic model to infer infection rates in viral outbreaks*.
- Tuckwell, H. C., and R. J. Williams. 2007. *Some Properties of a Simple Stochastic Epidemi Model Of SIR Type*, Mathematical Biosciences.
- Sungkono, J., *Model Epidemi SIR Reed-Frost*, Skripsi, Matematika, FMIPA, Universitas Sebelas Maret, Surakarta, 2008.