

SIMULASI MODEL DTMC SVIR PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT TUBERKULOSIS DENGAN KASUS KAMBUH

Rinda Ristanti¹⁾, Respatiwan²⁾, Irwan Susanto³⁾

Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret

email: ¹⁾rindaristanti01@student.uns.ac.id, ²⁾respatiwan@staff.uns.ac.id, ³⁾irwansusanto@staff.uns.ac.id

Abstrak

Model epidemi SIR merupakan model epidemi yang menggambarkan proses penyebaran suatu penyakit dari kelompok individu susceptible (*S*) kemudian menjadi kelompok individu infected karena terjadi interaksi dengan kelompok individu infected (*I*) dan apabila individu sembuh maka masuk kedalam kelompok individu recovered (*R*). Model epidemi SIR yang memperhatikan faktor vaksinasi disebut dengan model epidemi susceptible vaccinated infected recovered (SVIR). Individu yang telah sembuh diasumsikan dapat kembali terinfeksi penyakit atau kambuh. Perubahan jumlah individu pada penyebaran penyakit dapat dipandang sebagai proses Markov waktu diskrit yang disebut discrete time Markov chain (DTMC) SVIR. Penyakit TB diasumsikan sesuai dengan model epidemi DTMC SVIR. Tujuan penelitian ini adalah menurunkan ulang dan menerapkan model epidemi DTMC SVIR pada pola penyebaran penyakit TB dengan kasus kambuh. Metode yang digunakan adalah studi literatur dengan mempelajari referensi teori yang relevan. Hasil penelitian merupakan model epidemi DTMC SVIR pada pola penyebaran penyakit TB dengan kasus kambuh dalam bentuk probabilitas transisi dengan laju kontak $\beta = 0.34080$, laju vaksinasi $\alpha = 0.02120$, laju efektivitas vaksin $\lambda = 0.06667$, laju kekambuhan $\sigma = 0.00522$ dan laju kesembuhan $\gamma = 0.16001$. Simulasi model menggunakan $S(0) = 98$, $I(0) = 2$, $V(0) = 0$, dan $R(0) = 0$ menunjukkan bahwa epidemi masih belum berakhir hingga $t = 100$. Simulasi model menunjukkan bahwa penyebaran penyakit dapat dikendalikan dengan memperkecil laju kontak, memperbesar laju vaksinasi dan memperbesar laju kesembuhan.

Kata kunci: tuberkulosis (TB), epidemi, vaksinasi, SVIR, DTMC

PENDAHULUAN

Kesehatan merupakan hal yang penting dalam kehidupan manusia. Terkadang manusia mengalami kondisi kesehatan yang kurang baik akibat terserang penyakit. Berdasarkan sifat penularannya penyakit dibagi menjadi dua yaitu penyakit menular dan penyakit tidak menular (Darmawan, 2017). Penyakit menular adalah penyakit yang dapat menyebar dari satu individu ke individu lain melalui udara, air, binatang pembawa penyakit dan vektor lainnya. Penyakit menular yang berbahaya diantaranya hepatitis, campak, malaria dan tuberkulosis.

Tuberkulosis (TB) merupakan suatu penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri *mycobacterium tuberculosis*. Penularan bakteri ini dapat terjadi ketika seorang individu menghirup bakteri *mycobacterium tuberculosis* dari penderita yang sedang batuk, bersin, berbicara atau meludah (Shaikh *et al.*, 2019). Penyakit menular seperti TB dapat menyebabkan epidemi. Epidemi adalah penyebaran suatu penyakit dalam suatu populasi di suatu daerah dan melebihi keadaan normal dalam waktu singkat (Allen, 2008).

Penyakit TB merupakan salah satu dari 10 penyakit yang paling berbahaya di dunia. Tanpa perawatan, tingkat kematian penderita penyakit TB sekitar 50% (World Health Organization, 2021). Indonesia menempati peringkat ketiga kasus penyakit TB terbanyak di dunia dengan jumlah kasus 824.000 kasus dan kematian sebanyak 93.000 kasus setiap tahun (World Health Organization, 2021). Oleh karena itu, dibutuhkan upaya untuk mengendalikan penyebaran penyakit TB dengan mempelajari sifat penyebarannya. Upaya pengendalian penyebaran penyakit TB tersebut sejalan dengan komitmen Indonesia yang telah ditetapkan dalam Sustainable Development Goals yaitu dapat mengeliminasi penyakit TB pada tahun 2030.

Banyak penelitian dalam bidang matematika telah dilakukan untuk memahami fenomena epidemiologi seperti pada penyebaran penyakit TB. Beberapa model matematika penyakit TB telah dikembangkan untuk mengidentifikasi dinamika, pola penularan dan deteksi parameter untuk pengendalian penyakit TB. Banyaknya perubahan jumlah individu pada

penyebaran penyakit berkaitan dengan peluang yang muncul pada suatu kejadian tertentu. Oleh karena itu, penyebaran penyakit ini dapat disebut proses stokastik karena termasuk kejadian acak (*random*) yang bergantung terhadap waktu serta memiliki probabilitas.

Model epidemi memiliki beberapa jenis yang berbeda-beda berdasarkan pola penyebaran dan karakteristiknya. Model epidemi SIR menggambarkan proses penyebaran suatu penyakit dari kelompok individu *susceptible* (*S*) kemudian menjadi kelompok individu terinfeksi karena terjadi interaksi dengan kelompok individu *infected* (*I*). Kelompok individu terinfeksi yang telah sembuh kemudian masuk kedalam kelompok individu *recovered* (*R*). Upaya pencegahan penularan penyakit misalnya pada penyakit TB dapat dilakukan vaksinasi. Model epidemi SIR yang memperhatikan faktor vaksinasi disebut dengan model epidemi *susceptible vaccinated infected recovered* (*SVIR*). Sehingga penyebaran penyakit TB dapat dimodelkan dalam model epidemi *SVIR*.

Model epidemi *SVIR* mengacu pada Allen (2008) ditinjau secara stokastik ada 3 jenis, yaitu *continuous time Markov chain* (*CTMC*) *SVIR*, *discrete time Markov chain* (*DTMC*) *SVIR*, *stochastic differential equation* (*SDE*) *SVIR*. Perbedaan 3 model tersebut terletak pada asumsi waktu dan *state* yang digunakan. Model *CTMC SVIR* adalah model epidemi yang mempelajari perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu kontinu. Model *DTMC SVIR* adalah model epidemi yang mempelajari perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu diskrit. Model *SDE SVIR* adalah model epidemi yang mempelajari perubahan jumlah individu terinfeksi berdasarkan proses difusi dalam selang waktu dan *state* kontinu.

Widyaningsih *et al.* (2019) meneliti tentang model epidemi *SVIR* dalam model deterministik pada kasus penyakit TB di Indonesia tahun 2004 hingga 2014. Hasil penelitian tersebut menjelaskan bahwa Indonesia belum bisa memenuhi target untuk mengeliminasi penyakit TB pada 2030. Syahrini *et al.* (2017) meneliti tentang model epidemi *SVEIR* pada penyakit TB. Hasil penelitian tersebut menjelaskan bahwa vaksinasi dapat mencegah penyebaran

penyakit TB sehingga penyakit akan hilang pada suatu waktu. Berbeda dengan Syahrini *et al.* (2017) dan Widyaningsih *et al.* (2019) penelitian ini akan mengkonstruksikan model *DTMC SVIR* yang memperhatikan faktor vaksinasi maupun kasus kambuh. Kasus kambuh merupakan keadaan apabila seorang penderita penyakit TB yang telah dinyatakan sembuh, kemudian kembali lagi berobat mendapatkan hasil pemeriksaan dahak bakteri tahan asam (BTA) positif. Hal tersebut mungkin terjadi ketika dalam proses perawatan, penderita penyakit TB tidak mengkonsumsi obat secara teratur yang kemudian menyebabkan bakteri penyebab penyakit TB hanya melemah dan tidak benar-benar hilang dari tubuh. Bakteri yang melemah di kemudian hari dapat membuat penderita yang telah sembuh menjadi terinfeksi kembali (kambuh) (Widyaningsih *et al.*, 2018).

KAJIAN LITERATUR

Tuckwell dan Williams (2007) pada tahun 2005 melakukan penelitian tentang model *SIR* secara probabilistik dengan jumlah populasi tetap dan kontak antar individu yang terjadi secara acak. Hasil penelitian yang diperoleh dapat digunakan untuk mengetahui variabilitas yang besar, jumlah total individu yang terinfeksi dan total durasi epidemi.

Tilahun *et al.* (2020) melakukan penelitian mengenai model stokastik dan deterministik *SVIR* pada penyakit TB. Berdasarkan hasil numerik diperoleh bahwa jumlah populasi yang terinfeksi akan terus menurun ketika dilakukan vaksinasi dan model stokastik lebih baik dalam menggambarkan fenomena di kehidupan nyata dibanding dengan model deterministik.

METODE PENELITIAN

Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu studi literatur dengan mempelajari referensi teori-teori pada materi karya-karya ilmiah pada jurnal maupun buku referensi. Langkah-langkah yang ditempuh untuk mencapai tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Menurunkan ulang model epidemi *DTMC SVIR* penularan penyakit TB yang terdiri dari:

- a. Menjelaskan fenomena penyebaran penyakit,
 - b. Menentukan asumsi-asumsi,
 - c. Menentukan parameter dan variabel random,
 - d. Menentukan probabilitas transisi.
2. Mensimulasikan model *DTMC SVIR* pada penyebaran penyakit TB pada kasus kambuh,
- a. Menentukan nilai parameter laju kontak β , laju vaksinasi α , laju efektifitas vaksin θ , laju kesembuhan γ dan laju kekambuhan σ yang merujuk pada data penelitian Widyaningsih *et al* (2019),
 - b. Menentukan jumlah populasi, nilai awal $S(0), V(0), I(0)$ dan $R(0)$,
 - c. Melakukan simulasi model dengan memodifikasi nilai parameter,
 - d. Membuat plot,
 - e. Menginterpretasikan hasil simulasi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Penurunan Model Epidemi *discrete time Markov chain (DTMC) SVIR*

Penyakit TB merupakan suatu penyakit dengan karakteristik penularan penyakit dapat terjadi melalui kontak langsung yang terjadi antara individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi. Penyakit TB termasuk salah satu penyakit yang dapat disembuhkan melalui serangkaian proses pengobatan. Karakteristik penyebaran penyakit TB tersebut dapat dimodelkan secara matematika dalam sebuah model epidemi *susceptible infected recovered (SIR)*.

Vaksinasi merupakan salah satu upaya pencegahan penyebaran penyakit. Pencegahan penyebaran penyakit TB dapat dilakukan melalui vaksinasi *BCG* yang diberikan pada bayi yang baru lahir hingga bayi usia 2 bulan. Vaksin *BCG (Bacillus Calmet Guerin)* merupakan vaksin yang terbuat dari bakteri *mycobacterium bovis* yang telah dilemahkan. Pada keadaan terbaiknya, vaksin *BCG* memiliki kemampuan proteksi hingga 80% yang efektif mencegah penyakit TB selama 15 tahun.

Model epidemi *susceptible infected recovered (SVIR)* merupakan model epidemi *SIR* yang menggambarkan penyebaran

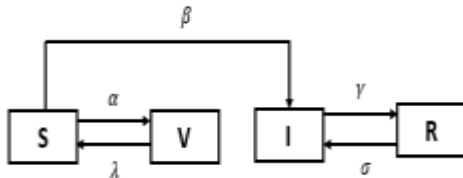
penyakit yang memperhatikan faktor vaksinasi. Individu yang telah mendapatkan vaksin disebut individu *vaccinated (V)*. Setiap individu yang telah mendapatkan vaksin masih memiliki kemungkinan terinfeksi penyakit dikarenakan vaksin tidak memberikan perlindungan yang permanen. Individu terinfeksi yang telah sembuh masih dapat terinfeksi kembali meskipun telah mendapatkan vaksin karena bakteri yang hanya melemah dalam tubuh menjadi aktif kembali. Model *SVIR* diturunkan ulang berdasarkan asumsi sebagai berikut:

- i. Jumlah populasi konstan atau penyakit menyebar pada populasi tertutup yang berarti tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi,
- ii. Populasi homogen yang berarti setiap individu memiliki probabilitas yang sama untuk terserang penyakit,
- iii. Hanya ada satu penyakit yang menyebar dalam populasi,
- iv. Laju kelahiran dan kematian diabaikan,
- v. Memperhatikan faktor vaksinasi,
- vi. Penyakit yang telah sembuh dapat kambuh kembali.

Penyebaran penyakit dapat dipandang sebagai proses Markov. Hal tersebut dikarenakan proses perubahan jumlah individu pada periode berikutnya hanya bergantung pada periode saat ini dan tidak bergantung pada periode sebelumnya. Penyebaran penyakit dengan karakter tersebut dapat digambarkan dengan menggunakan model *DTMC SVIR* dengan kasus kambuh.

Pada model *SVIR* populasi terdiri dari kelompok individu *susceptible (S)* yaitu kelompok individu yang sehat namun rentan penyakit), *vaccinated (V)* yaitu kelompok individu yang telah mendapatkan vaksinasi, *infected (I)* yaitu kelompok individu yang terinfeksi penyakit dan dapat menularkan penyakit serta *recovered (R)* yaitu kelompok individu yang telah sembuh dari penyakit. Kelompok individu *susceptible* yang melakukan kontak dengan kelompok individu *infected* akan terinfeksi penyakit dengan laju kontak sebesar β . Kemudian vaksinasi dari kelompok *susceptible* ke kelompok *vaccinated* memiliki laju vaksinasi sebesar α dan laju efektifitas vaksin dari kelompok individu *vaccinated* menuju kelompok individu *susceptible* sebesar λ . Kelompok individu

infected dapat sembuh dengan laju γ dan masuk dalam kelompok *recovered*. Namun, pada penyakit tertentu seperti penyakit TB kelompok individu *recovered* dapat kembali terinfeksi penyakit atau kambuh dengan laju kekambuhan sebesar σ . Skema model *SVIR* dengan kasus kambuh dinyatakan dalam Gambar 1.



Gambar 1 Skema Model *SVIR* dengan Kasus Kambuh

Keterangan :

S : kelompok individu *susceptible*

I : kelompok individu *infected*

V : kelompok individu *vaccinated*

R : kelompok individu *recovered*

β : laju kontak

α : laju vaksinasi

λ : laju efektivitas vaksin

σ : laju kekambuhan penyakit

γ : laju kesembuhan

Penurunan ulang model *DTMC SVIR* dengan kasus kambuh mengacu pada Allen (2008). Penurunan model *DTMC SVIR* mengacu pada model *SIR* namun dalam model ini menggunakan asumsi tambahan yaitu dengan memperhatikan faktor vaksinasi dan asumsi bahwa penyakit yang telah sembuh dapat kambuh. Menurut Brauer (2008) model *DTMC SIR* merupakan model yang menggambarkan pola penyebaran penyakit sebagai proses stokastik. Model epidemi *DTMC SVIR* dapat digambarkan oleh empat variabel random yaitu variabel random S , V , I dan R . Jumlah populasi diasumsikan konstan sejumlah $N = S + V + I + R$. Jika jumlah individu kelompok *susceptible* pada waktu t adalah $S(t) = s$, jumlah individu pada kelompok *vaccinated* pada waktu t adalah $V(t) = v$, dan jumlah individu *infected* pada waktu t adalah $I(t) = i$, maka fungsi probabilitas bersama dari $S(t)$, $V(t)$, dan $I(t)$ adalah

$$P_{(s,v,i)}(t) = P[S(t) = s, V(t) = v, I(t) = i]$$

dengan $s, v, i = 0, 1, 2, \dots, N$ dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Jumlah individu dalam model penyebaran penyakit dapat berubah setiap waktu. Probabilitas perubahan jumlah individu pada selang waktu tertentu merupakan probabilitas transisi. Apabila besarnya perubahan jumlah individu S pada selang waktu Δt yaitu j , perubahan jumlah individu V pada selang waktu Δt yaitu k dan perubahan jumlah individu terinfeksi pada selang waktu Δt yaitu l . Apabila j, k dan l menyatakan *state* maka fungsi bersama dari $S(t + \Delta t)$, $V(t + \Delta t)$ dan $I(t + \Delta t)$ adalah

$$p_{(j,k,l)}(\Delta t) = P[S(t + \Delta t) = j, V(t + \Delta t) = k, I(t + \Delta t) = l]$$

Perpindahan dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s + j, v + k, i + l)$ atau probabilitas transisi model *DTMC SVIR* dapat dinyatakan dalam persamaan (1).

$$P_{(s+j,v+k,i+l),(s,v,i)}(\Delta t) = P\{S(t + \Delta t) = s + j, V(t + \Delta t) = v + k, I(t + \Delta t) = i + l | S(t) = s, V(t) = v, I(t) = i\} \quad (1)$$

Persamaan (1) merupakan probabilitas transisi jumlah individu dari *state* (s, v, i) menuju *state* $(s + j, v + k, i + l)$. Selanjutnya $s, v, i, s + j, v + k$, dan $i + l$ merupakan *state* dan perpindahan dari *state* s ke $s + j$, dari *state* v ke $v + k$, dan dari *state* i ke *state* $i + l$ disebut sebagai transisi.

Transisi pada model *DTMC SVIR* terjadi apabila terdapat perpindahan individu dari kelompok S ke V , dari kelompok S ke I , dan dari kelompok I ke R . Pada model *DTMC SVIR*, penyebaran penyakit diasumsikan terjadi dalam waktu singkat pada jumlah populasi yang kecil sehingga dimungkinkan tidak terjadi kelahiran dan kematian dalam populasi tersebut. Proses transisi pada model *DTMC SVIR* terjadi pada selang waktu yang sangat kecil sehingga dimungkinkan hanya ada satu individu yang bertransisi dari *state* (s, v, i) ke $(s + j, v + k, i + l)$.

Pada saat individu dari kelompok *susceptible* berpindah ke kelompok individu *infected* maka jumlah individu *susceptible* bertransisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s - 1, v, i + 1)$ yang berarti jumlah individu *infected* bertambah satu. Apabila terdapat i individu *infected* pada kelompok I maka kemungkinan $\frac{i}{N}$ individu yang melakukan kontak dengan individu kelompok S . Jika laju penularan dinyatakan sebagai β , maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state*

$(s - 1, v, i + 1)$ dapat dinyatakan dalam persamaan (2).

$$p_{(s-1,v,i+1),(s,v,i)}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} S \Delta t \quad (2)$$

Pada saat individu dari kelompok *susceptible* berpindah ke kelompok individu *vaccinated* maka jumlah individu *susceptible* bertransisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s - 1, v + 1, i)$ yang berarti jumlah individu yang telah mendapatkan vaksin bertambah satu. Apabila laju vaksinasi dinyatakan sebagai α maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s - 1, v + 1, i)$ dapat dinyatakan dalam persamaan (3).

$$p_{(s-1,v+1,i),(s,v,i)}(\Delta t) = \alpha S \Delta t \quad (3)$$

Pada saat individu dari kelompok *vaccinated* berpindah ke kelompok individu *susceptible* maka jumlah individu *vaccinated* bertransisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s + 1, v - 1, i)$ yang berarti jumlah individu yang telah mendapatkan vaksin kembali rentan bertambah satu. Penambahan satu individu *rentan* terjadi karena vaksinasi tidak memberikan perlindungan secara sempurna dan permanen dengan laju efektivitas vaksin λ . Jadi, probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s + 1, v - 1, i)$ dapat dinyatakan dalam persamaan (4).

$$p_{(s+1,v-1,i),(s,v,i)}(\Delta t) = v \Delta t \quad (4)$$

Pada saat individu dari kelompok *infected* berpindah ke kelompok individu *recovered* maka jumlah individu *infected* bertransisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i - 1)$ yang berarti jumlah individu yang terinfeksi berkurang satu. Apabila laju kesembuhan dinyatakan sebagai γ maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i - 1)$ dapat dinyatakan dalam persamaan (5).

$$p_{(s,v,i-1),(s,v,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t \quad (5)$$

Pada saat individu dari kelompok *recovered* berpindah ke kelompok *infected* maka jumlah individu *recovered* bertransisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i + 1)$ berarti jumlah individu yang terinfeksi bertambah satu. Apabila laju kekambuhan dinyatakan sebagai σ maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i + 1)$ dapat dinyatakan dalam persamaan (6).

$$p_{(s,v,i+1),(s,v,i)}(\Delta t) = \sigma r \Delta t \quad (6)$$

Pada saat tidak terjadi penambahan maupun pengurangan jumlah individu pada masing-masing kelompok berarti tidak terjadi perubahan *state* dengan kata lain terjadi

transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* (s, v, i) yang dapat dinyatakan dalam persamaan (7).

$$p_{(s,v,i),(s,v,i)}(\Delta t) = 1 - b \Delta t \quad (7)$$

dengan

$$b = \left(\alpha s + \frac{\beta si}{N} + \lambda v + \gamma i + \sigma r \right) \quad (8)$$

Sehingga secara umum model epidemi *DTMC SVIR* dengan kasus kambuh dapat dituliskan dalam persamaan (9).

$$p_{(s+j,v+k,i+l),(s,v,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \alpha s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0); \\ \frac{\beta si}{N} \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 0, 1); \\ \lambda v \Delta t, & (j, k, l) = (1, -1, 0); \\ \gamma i \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, -1); \\ \sigma r \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 1); \\ 1 - b \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 0); \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (9)$$

dengan b yang telah dinyatakan dalam persamaan (8)

dan $S(0) > 0, V(0) \geq 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0$, serta $\alpha, \beta, \lambda, \sigma, \gamma$ bernilai positif.

Simulasi Model *DTMC SVIR*

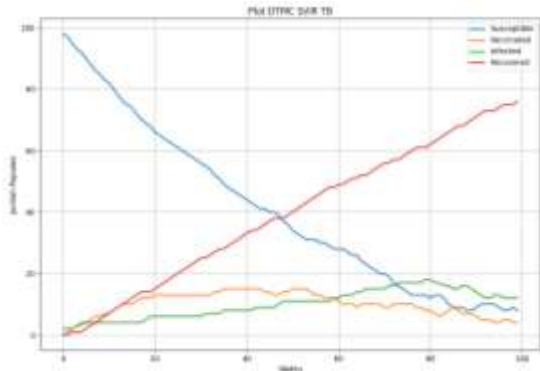
Model epidemi *DTMC SVIR* diterapkan dalam penyebaran penyakit TB. Mengacu pada Allen diketahui jumlah populasi konstan sebesar $N = 100$ dengan diberikan nilai awal $S(0) = 98, V(0) = 0, I(0) = 2$ dan $R(0) = 0$. Model epidemi *DTMC SVIR* diterapkan pada penyebaran penyakit TB di Indonesia yang merujuk pada penelitian Widyaningsih *et al* (2019) dengan menggunakan data penyakit TB di Indonesia dari tahun 2004 sampai dengan 2016 dan diperoleh laju kontak yaitu $\beta = 0.34080$, laju vaksinasi yaitu $\alpha = 0.02120$, laju efektivitas vaksin yaitu $\lambda = \frac{1}{15} \approx 0.06667$, laju kekambuhan yaitu $\sigma = 0.00522$, laju kesembuhan yaitu $\gamma = 0.16001$. Berdasarkan parameter yang telah diketahui, model epidemi untuk pola penyebaran penyakit TB dinyatakan dalam persamaan (9).

$$p_{(s+j,v+k,i+l),(s,v,i)}(\Delta t) = \begin{cases} (0.02120) s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0) \\ (0.0034080) si \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 0, 1) \\ (0.06667) v \Delta t, & (j, k, l) = (1, -1, 0) \\ (0.16001) i \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, -1) \\ (0.00522) r \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 1) \\ 1 - b(\Delta t), & (j, k, l) = (0, 0, 0) \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (10)$$

dengan

$$b = (0.02120)s + (0.0034080)si + (0.06667)v + (0.16001)i + (0.00522)r$$

Hasil simulasi model epidemi DTMC SVIR dengan kasus kambuh pada pola penyebaran penyakit TB ditunjukkan pada Gambar 2.



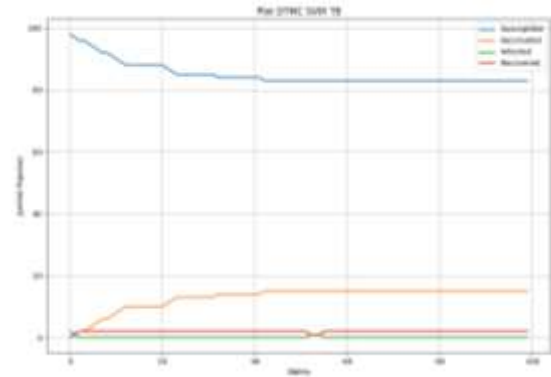
Gambar 2 Simulasi 1 Model Epidemi DTMC SVIR Pada Pola Penyebaran Penyakit TB dengan Kasus Kambuh

Gambar 2 merupakan simulasi model menggunakan program Python dengan nilai parameter $\beta = 0.34080$, $\alpha = 0.02120$, $\lambda = 0.06667$, $\sigma = 0.00522$ dan $\gamma = 0.16001$ yang merujuk pada penelitian Widyansih *et al* (2019). Hasil simulasi menunjukkan bahwa kelompok individu *susceptible* seiring berjalannya waktu semakin menurun, kelompok individu *recovered* seiring berjalannya waktu semakin meningkat, sedangkan kelompok individu *infected* dan *vaccinated* berfluktuatif hingga $t = 100$.

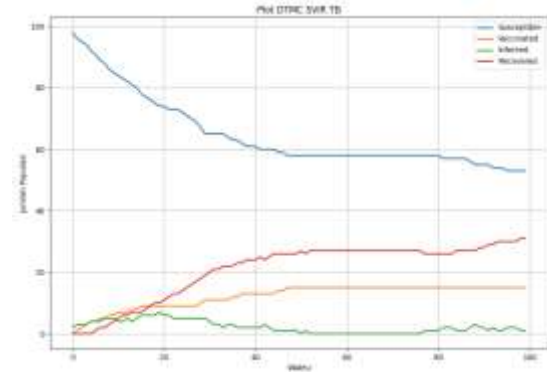
Penyebaran penyakit dapat dilihat berdasarkan jumlah individu *infected*. Pada Gambar 2 jumlah individu *infected* yang semula 2 mengalami peningkatan hingga mencapai maksimal (puncak epidemi) yaitu 19 pada $t = 79$, kemudian turun perlahan dari 19 hingga mencapai 13 pada $t = 100$. Berdasarkan Gambar 2 masih terdapat individu *infected* hingga $t = 100$ sehingga dapat disimpulkan bahwa epidemi masih belum berakhir atau penyakit TB masih ada hingga $t = 100$ dengan nilai untuk masing-masing kelompok individu pada saat $t = 100$ yaitu $S(100) = 8$, $V(100) = 5$, $I(100) = 13$, dan $R(100) = 74$.

Laju kontak (β) menggambarkan proses infeksi dari individu *susceptible* menjadi individu *infected*, selanjutnya dilakukan simulasi 2 model epidemi DTMC SVIR untuk mengetahui pengaruh besarnya β .

Simulasi dilakukan dengan menggunakan nilai parameter β yaitu $\beta = 0.04080$ ($\beta < \gamma$), $\beta =$



0.16001 ($\beta = \gamma$) dan $\beta = 0.34080$ ($\beta > \gamma$)

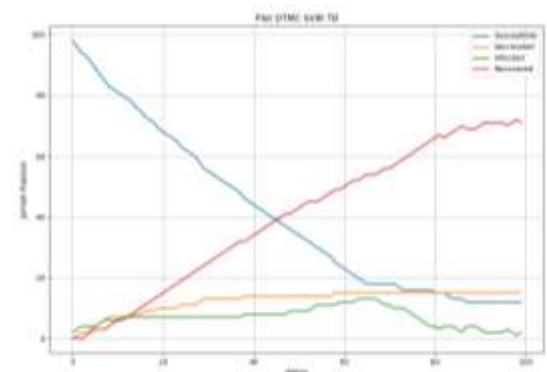


dengan nilai parameter α, λ, σ dan γ tidak berubah ditunjukkan dalam Gambar 3.

- (a)
- (b)
- (c)

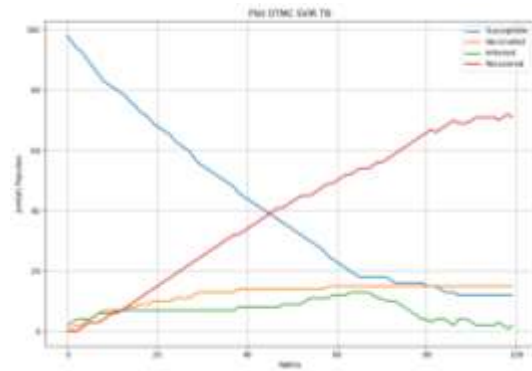
Gambar 3 Simulasi 2 Model Epidemi DTMC SVIR Pada Pola Penyebaran Penyakit TB dengan (a) $\beta < \gamma$, (b) $\beta = \gamma$ dan (c) $\beta > \gamma$

Berdasarkan Gambar 3 diketahui bahwa semakin besar laju kontak maka transisi dari kelompok individu *susceptible* menjadi kelompok individu *infected* atau *vaccinated*



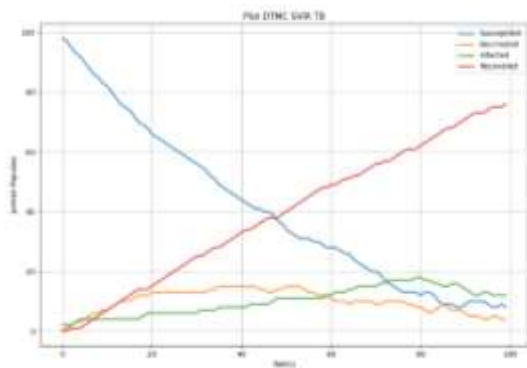
semakin cepat, semakin besar jumlah individu maksimum yang terinfeksi dan semakin lama penyebaran penyakit. Kurva kelompok *infected* bergerak perlahan seiring dengan peningkatan nilai parameter β terhadap nilai parameter γ sehingga posisi kurva *infected* akan lebih besar untuk nilai parameter β yang lebih besar. Ketika laju kontak lebih kecil dibanding laju kesembuhan $\beta < \gamma$ maka wabah akan lebih cepat berakhir seperti yang ditunjukkan pada Gambar 3(a) wabah berakhir pada $t = 55$. Penyebaran penyakit dapat dikendalikan dengan memperkecil laju kontak dan memperbesar laju kesembuhan.

Laju vaksinasi (α) menggambarkan jumlah individu *susceptible* yang telah mendapatkan vaksinasi, selanjutnya dilakukan simulasi 3 model epidemi *DTMC SVIR* untuk mengetahui pengaruh besarnya α . Simulasi dilakukan dengan menggunakan nilai parameter α yaitu $\alpha = 0.02120$ ($\alpha < \gamma$), $\alpha = 0.16001$ ($\alpha = \gamma$) dan $\alpha = 0.42120$ ($\alpha > \gamma$) dengan nilai parameter β, λ, σ dan γ tidak berubah yang ditunjukkan dalam Gambar 4.

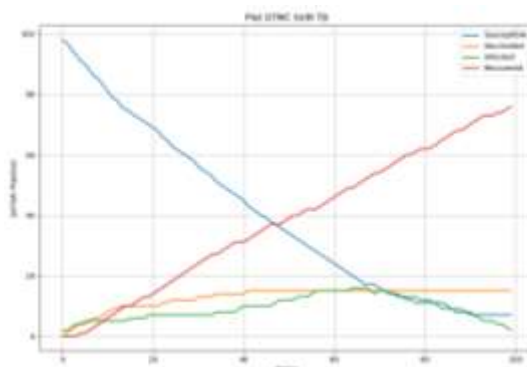


(c)

Gambar 4 Simulasi 3 Model Epidemi *DTMC SVIR* Pada Pola Penyebaran Penyakit TB dengan Kasus Kambuh dengan (a) $\alpha < \gamma$, (b) $\alpha = \gamma$ dan (c) $\alpha > \gamma$



(a)

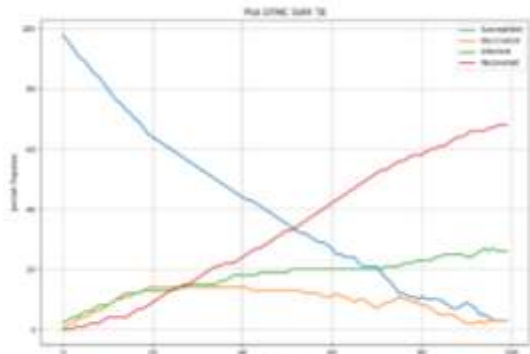


(b)

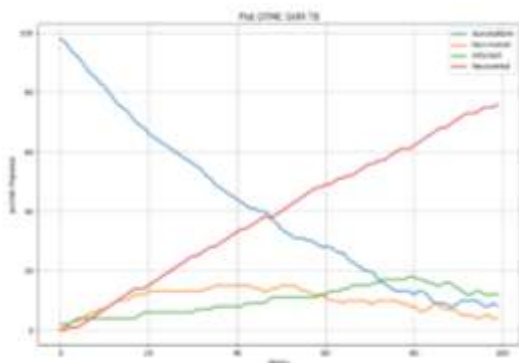
Berdasarkan Gambar 4 menunjukkan bahwa semakin besar laju vaksinasi maka semakin kecil kemungkinan tingkat infeksi dan semakin cepat pula penyakit dapat dikendalikan karena banyak individu yang terlindungi dari penyakit. Kurva kelompok *infected* bergerak perlahan seiring dengan peningkatan nilai parameter α terhadap nilai parameter γ sehingga posisi kurva *infected* akan lebih turun untuk nilai parameter α yang lebih besar. Pada simulasi 3 wabah belum berakhir hingga $t = 100$ namun dengan nilai α yang lebih besar maka semakin sedikit individu yang terinfeksi. Oleh karena itu laju vaksinasi yang besar dapat membantu meningkatkan laju kesembuhan pada model epidemi penyebaran penyakit dan penyebaran penyakit lebih cepat dikendalikan.

Laju kesembuhan (γ) menggambarkan jumlah individu yang telah sembuh, selanjutnya dilakukan simulasi 4 model epidemi *DTMC SVIR* untuk mengetahui pengaruh besarnya γ . Simulasi dilakukan dengan menggunakan nilai parameter γ yang bervariasi yaitu $\gamma = 0.06001$, $\gamma = 0.16001$ dan $\gamma = 0.36001$ dengan nilai parameter β, λ, α dan σ tidak berubah yang dinyatakan dalam Gambar 5.

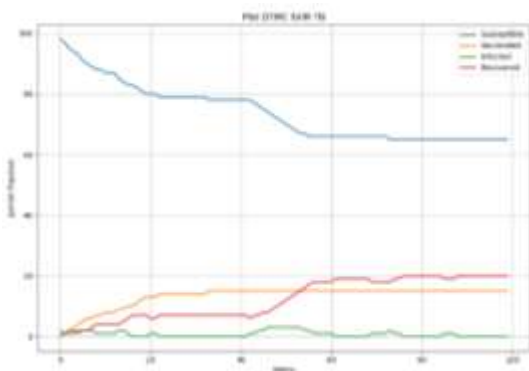
0.06001, (b) $\gamma = 0.16001$ dan (c) $\gamma = 0.36001$



(a)



(b)



(c)

Gambar 5 Simulasi 4 Model Epidemii *DTMC SVIR* Pada Pola Penyebaran Penyakit TB dengan Kasus Kambuh dengan (a) $\gamma =$

Gambar 5 menunjukkan bahwa semakin besar laju kesembuhan maka semakin sedikit jumlah individu maksimum yang terinfeksi dan wabah akan lebih cepat berakhir seperti yang ditunjukkan pada Gambar 5(c) bahwa ketika nilai parameter γ yang lebih besar yaitu $\gamma = 0.36001$ wabah akan berakhir pada $t = 87$. Ketika nilai parameter γ semakin besar maka kurva *infected* akan semakin kecil dan wabah akan cepat berakhir.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan diperoleh tiga kesimpulan.

1. Secara umum model epidemii *DTMC SVIR* dengan kasus kambuh dinyatakan dalam persamaan (9).
2. Penerapan model epidemii *DTMC SVIR* pada pola penyebaran penyakit TB dengan kasus kambuh dimana $\beta = 0.34080, \alpha = 0.02120, \lambda = 0.06667, \sigma = 0.00522$ dan $\gamma = 0.16001$ disimpulkan bahwa epidemii masih belum berakhir sehingga penyakit TB masih ada hingga $t = 100$.
3. Hasil simulasi menunjukkan bahwa penyebaran penyakit dapat dikendalikan dan epidemii akan cepat berakhir dengan cara memperkecil laju kontak, memperbesar laju vaksinasi dan memperbesar laju kesembuhan.

REFERENSI

- Allen, L. J. S. (2008). *An Introduction to Stochastic Epidemic Models*. Texas Tech University.
- Brauer, F., van den Driessche, P., and Wu, J. (2008). *Mathematical Epidemiology*. Springer.
- Darmawan, A. (2017). Epidemiologi Penyakit Menular dan Penyakit Tidak Menular. *Jambi Medical Journal "Jurnal Kedokteran dan Kesehatan"*, 4(2). <https://doi.org/10.22437/jmj.v4i2.3593>.
- Kermack, W. O., and Mckendrick, A. G. (1927). A Contribution to The Mathematical Theory of Epidemics. *Proceedings of The Royal Society of London*.
- Shaikh, A., Sriraman, K., Vaswani, S., Oswal, V., and Mistry, N. (2019). Detection of Mycobacterium Tuberculosis Rna In Bioaerosols From Pulmonary Tuberculosis Patients. *International Journal Of Infectious Diseases*, 86, 5–11. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.06.006>.
- Syahrini, I., Sriwahyuni, Halfiani, V., Yuni, S.M., Iskandar, T., Rasudin, and Ramli, M. (2017). The Epidemic of Tuberculosis on Vaccinated Population. *Journal of Physics: Conference Series*, 890 012017. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/890/1/012017>.
- Tilahun, G.T., Belachew, M.T., and Gebreselassie, Z. (2020). Stochastic Model of Tuberculosis with Vaccination of Newborns. *Advances in Difference Equations*. <https://doi:10.1186/s13662-020-03122-w>.
- Tuckwell, H. C., and Williams, R. J. (2007). Some properties of a simple stochastic epidemic model of SIR type. *Mathematical biosciences*, 208(1), 76-97. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2006.09.018>.
- Widyaningsih, P., Nugroho, A.A., and Saputro, D. R.S. (2018). Susceptible Infected Recovered Model with Vaccination, Immunity Loss, and Release to Study Tuberculosis Transmission in Indonesian. *AIP Conference Proceedings. 020121* 1–6. <https://doi:10.1063/1.5054525>.
- Widyaningsih, P., Nugroho, A.A., Saputro, D.R.S., and Sutanto. (2019). Tuberculosis Transmission with Relapse in Indonesia: Susceptible Vaccinated Infected Recovered Model. *Journal of Physics: Conference Series*, 1217, 012071 1–6. <https://doi:10.1088/1742-6596/1217/1/012071>
- World Health Organization. (2021). *Global Tuberculosis Report 2021*. World Health Organization.