

PENERAPAN MODEL EPIDEMI *CONTINUOUS TIME MARKOV CHAIN (CTMC)* *SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERED (SIR)* PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK

Kurniawan Hajriyanto¹, Respatiwan², Irwan Susanto³

¹Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: iyan.alghifari@gmail.com

²Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: respatiwan@staff.uns.ac.id

³Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret
email: irwansusanto@staff.uns.ac.id

Abstrak

Epidemi adalah penyebaran penyakit yang timbul sebagai kasus baru pada suatu populasi tertentu manusia, dalam suatu periode waktu tertentu. Penyebaran penyakit menular dapat melalui udara yang masuk dalam saluran pernapasan, saluran pencernaan atau kontak langsung dengan penderita tersebut sehingga tertular ke individu yang rentan. Salah satu jenis penyakitnya adalah campak. Sehingga diperlukan suatu metode untuk mengontrol dan mengetahui penyebaran penyakit campak. Model SIR merupakan suatu model matematika yang menggambarkan penyebaran epidemi, dengan setiap individu yang telah sembuh dari infeksi mempunyai sistem kekebalan tubuh. Model CTMC adalah suatu model penyebaran penyakit dalam selang waktu kontinu, $t = [0, T)$. Tujuan dari penelitian ini adalah menerapkan model epidemi CTMC SIR pada pola penyebaran penyakit campak. Penelitian dilakukan dengan mengkaji terlebih dahulu asumsi model CTMC SIR, probabilitas transisi. Selanjutnya menentukan laju penularan (β) yang bernilai 0,0000048/ hari dan laju kesembuhan (γ) yang bernilai 0,1111/ hari dengan menggunakan metode estimasi parameter model. Hasil penelitian menunjukkan bahwa model CTMC SIR yang berupa probabilitas transisi dapat diterapkan untuk mendeskripsikan pola penyebaran penyakit campak.

Keywords: *Epidemi, CTMC, SIR*

1. PENDAHULUAN

Sudah marak sekali di jaman modern ini terkait penyakit menular yang cukup membahayakan, penyakit menular biasanya disebabkan oleh faktor lingkungan yang cukup baik perkembangbiakan virusnya, penyakit akan mewabah melalui kontak langsung dengan individu yang telah terinfeksi virus, udara, batuk, bersin, maupun makanan dan minuman. Epidemio adalah penyebaran penyakit yang timbul sebagai kasus baru pada suatu populasi tertentu manusia, dalam suatu periode waktu tertentu. Penyebaran penyakit menular dapat melalui udara yang masuk dalam saluran pernapasan, saluran pencernaan atau kontak langsung dengan penderita tersebut sehingga tertular ke individu yang rentan. Ada banyak jenis penyakit yang disebabkan oleh virus, salah satunya campak.

Penyakit campak merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus dan ditularkan melalui batuk dan bersin. Penyakit ini merupakan masalah kesehatan di berbagai negara di dunia termasuk di Indonesia. Sehingga diperlukan suatu metode untuk mengontrol dan mengetahui penyebaran penyakit menular tersebut. Menurut Bellomo, *et al.* (1995). Model matematika merupakan sarana yang dapat digunakan untuk mempelajari perilaku penyebaran penyakit. Dalam perkembangan zaman, perkembangan ilmu pengetahuan dan teknologi di bidang matematika pun juga memberikan peranan penting dalam pencegahan mewabahnya suatu penyakit. Terdapat beberapa model baik yang bersifat deterministik, maupun model yang bersifat stokastik. Beberapa contoh dari model – model tersebut yaitu *SI* (*Susceptible Infected*), *SIS* (*Susceptible Infected Susceptible*),

SIR (*Susceptible Infected Recovered*), dan *SEIR* (*Susceptible Exposed Infected Recovered*). Model – model tersebut memiliki karakteristik tersendiri, berdasarkan jenis dan bentuk penyebaran penyakit menular yang diamati.

Model *SIR*, menurut Brauer, *et al.* (2008) merupakan suatu model matematika yang menggambarkan penyebaran epidemi, dengan setiap individu yang telah sembuh dari infeksi mempunyai sistem kekebalan tubuh. Pada model *SIR*, populasi terbagi menjadi tiga kelompok, yaitu *Susceptible* (*S*), *Infected* (*I*), dan *Recovered* (*R*). Model *SIR* menggambarkan alur penyebaran penyakit dari suatu kelompok, individu yang rentan terhadap penyakit (*susceptible*) kemudian menjadi terinfeksi karena menjalin kontak dengan kelompok, individu yang terinfeksi (*infected*), setelah itu pulih dan memiliki suatu kekebalan permanen dari penyakit yang sama (*recovered*).

Model *SIR* dapat ditinjau secara deterministik maupun probabilistik. Pola penyebaran yang ditinjau secara probabilistik terbagi menjadi tiga model, yaitu *DTMC* (*Discrete Time Markov Chain*), *CTMC* (*Countinuous Time Markov Chain*), dan *SDE* (*Stochastic Differential Equation*). Model *CTMC* adalah suatu model penyebaran penyakit dalam selang waktu kontinu, $t = [0, T)$. Model tersebut menggambarkan perpindahan individu dari kelompok *S* ke *I* dan dari kelompok *I* ke *R* yang diambil secara random dalam populasi. Perubahan jumlah individu terinfeksi berkaitan erat dengan probabilitas suatu kejadian (Parzen, 1962). Dapat diartikan bahwa, penyebaran epidemi suatu penyakit merupakan suatu kejadian random yang bergantung pada waktu dan berkaitan dengan probabilitas, atau dapat disebut sebagai suatu proses stokastik. Suatu epidemi diharapkan berhenti sebelum menginfeksi seluruh individu dalam suatu populasi karena berakibat dapat menimbulkan kerugian cukup besar. Suatu epidemi dikatakan berhenti apabila tidak ada lagi individu yang terinfeksi.

Penulisan ini bertujuan untuk mengetahui pola penyebaran suatu penyakit yang ditinjau secara probabilistik. Model yang digunakan adalah model *Continuous Time Markov Chain* (*CTMC*) *Susceptible Infected*

Recovered (*SIR*). Model ini akan diterapkan pada pola penyebaran penyakit campak.

2. KAJIAN LITERATUR

A. Campak

Penyakit campak dikenal juga sebagai Morbili atau Measles. Campak merupakan penyakit yang sangat mudah menular yang disebabkan oleh virus dan ditularkan melalui batuk dan bersin. Gejala penyakit campak adalah demam tinggi, bercak kemerahan pada kulit disertai dengan batuk dan/atau pilek dan/atau mata merah. Penyakit ini akan sangat berbahaya bila disertai dengan komplikasi pneumonia, diare, meningitis, bahkan dapat menyebabkan kematian. Berdasarkan data tahun 2016, di Indonesia jumlah kasus penyakit campak mencapai 6.890 kasus dengan *incident rate* 2,7 per 100.000 penduduk serta jumlah kasus pada anak - anak usia 5-9 tahun mencapai 888 kasus dan merupakan jumlah kasus tertinggi dalam angka kejadian penyakit campak (Budijanto dkk., 2017).

B. Proses Stokastik

Proses stokastik adalah himpunan variabel acak $\{X_t | t \in T, X_t \in S\}$. Semua kemungkinan nilai yang dapat terjadi pada variabel acak X_t disebut ruang keadaan (*state space*). Proses stokastik dapat dibedakan menjadi dua bentuk yaitu :

- Jika $T = \{0, 1, 2, 3, \dots\}$ maka proses stokastik ini berparameter diskrit dan biasanya disingkat dengan notasi $\{X_n\}$.
- Jika $T = (0, \infty]$ maka proses stokastiknya berparameter kontinu dan dinyatakan dengan notasi $\{X_t\}$.

C. Proses Markov

Proses Markov $\{X_t\}$ adalah proses stokastik dengan properti dimana, jika diberikan nilai X_t , maka nilai X_s untuk $s > t$ tidak dipengaruhi oleh nilai-nilai X_u , untuk $u < t$. Dengan kata lain, probabilitas perilaku tertentu di masa mendatang dari proses tersebut, ketika keadaan saat ini diketahui secara pasti, tidak diubah oleh pengetahuan tambahan tentang perilaku masa lalunya. Rantai markov waktu kontinu adalah proses markov dengan notasi $X(t)$ dengan waktu

kontinu untuk n bilangan bulat dan untuk urutan waktu t_1, t_2, \dots, t_{n+1} dengan $t_1 < t_2 < \dots < t_{n+1}$ maka didapatkan :

$$P[X(t_{n+1})=j | X(t_1)=i_1, X(t_2)=i_2, \dots, X(t_n)=i_n] = P[X(t_{n+1})=j | X(t_n)=i_n]$$

D. Model SIR

Model SIR merupakan model matematis tentang penyebaran penyakit yang dibagi ke dalam 3 kelompok, yaitu kelompok individu yang sehat tapi rentan terinfeksi atau *susceptible* (S), kelompok individu yang terinfeksi atau *infected* (I), kelompok individu yang telah sembuh dari infeksi dan memiliki kekebalan permanen dari penyakit yang sama atau *recovered* (R) (Hethcote, 2000). Asumsi dari model SIR sebagai berikut :

1. Populasi tertutup dan jumlah individu pada populasi konstan N .
2. Populasi homogen sehingga setiap individu mempunyai karakteristik yang sama.
3. Tidak memperhatikan faktor kelahiran dan kematian.
4. Hanya satu penyakit yang menyebar dalam populasi.

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

Menurut Brauer, *et al.* (2008) Model *CTMC SIR* merupakan suatu fungsi probabilitas jumlah individu yang rentan terhadap infeksi dan jumlah individu terinfeksi pada waktu ke t . Banyaknya individu pada kelompok S , I , dan R pada waktu t dinyatakan sebagai $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Banyaknya individu *susceptible* dan *infected* bisa berubah setiap waktu dalam interval $t = [0, \infty)$. Ketika besarnya perubahan individu S pada selang waktu Δt yaitu k dan besarnya perubahan individu I pada selang waktu Δt yaitu j , maka perpindahan dari *state* s ke $s + k$ dan dari *state* i ke $i + j$ disebut transisi. Probabilitas transisi tersebut dalam dituliskan sebagai :

$$P_{(s,i),(s+k,i+j)}(\Delta t) = \text{Pr ob}[(S(t + \Delta t) = (s + k, i + j) | S(t), I(t)) = (s, i)]$$

Transisi terjadi pada selang waktu $\Delta t \rightarrow 0$ dan dapat diasumsikan hanya terdapat satu individu yang bertransisi dari *state* (s, i) ke $(s+k, i+j)$. Terdapat tiga kemungkinan transisi yang bisa terjadi yaitu

dari *state* (s, i) ke *state* $(s-1, i+1)$, dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i-1)$, dan dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) .

Pada saat individu yang bertransisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s-1, i+1)$ terjadi perpindahan satu individu dari kelompok S ke I . Jika β adalah laju penularan dan terdapat sebanyak s individu *susceptible* yang melakukan penularan dengan individu *infected*, maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s-1, i+1)$ adalah

$$P_{(s,i),(s-1,i+1)} = \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t)$$

Pada saat terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i-1)$ berarti banyaknya individu *infected* berkurang satu. Pengurangan satu individu tersebut karena adanya kesembuhan alami dengan laju kesembuhan sebesar γ . Sehingga probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i-1)$ adalah

$$P_{(s,i),(s,i-1)} = \gamma i \Delta t + o(\Delta t)$$

Pada saat individu *infected* tetap berada pada *state* (s, i) berarti tidak ada penambahan maupun pengurangan banyaknya individu *infected*. Maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) adalah

$$P_{(s,i),(s,i)} = 1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - \gamma i \Delta t + o(\Delta t)$$

Perpindahan individu dari suatu *state* ke *state* yang lain dalam selang waktu yang sangat kecil dimungkinkan hanya terdapat satu individu yang bertransisi. Kemungkinan untuk banyaknya individu yang bertransisi lebih dari atau sama dengan dua sangatlah kecil. Sehingga besarnya probabilitas transisi dengan banyaknya individu yang bertransisi lebih dari atau sama dengan dua dalam selang waktu Δt adalah $o(\Delta t)$. Persamaan-persamaan itu bisa dituliskan dalam suatu probabilitas transisi menjadi :

$$P_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta}{N} is \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (-1, 1) \\ \gamma i \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0, -1) \\ 1 - \frac{\beta is}{N} \Delta t - \gamma i \Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0, 0) \\ o(\Delta t), & \text{lainnya} \end{cases}$$

Dalam penerapan pada kasus campak, data ini diperoleh dari profil kesehatan Daerah Istimewa Yogyakarta

tahun 2011. Populasi di Daerah Istimewa Yogyakarta berjumlah 3.457.211 orang (individu), jumlah kelahiran 43.242 orang, jumlah kematian 43.242 orang, jumlah yang terkena penyakit campak 292 orang, dan jumlah kematian karena penyakit campak 0. Rata-rata durasi infeksi 9 hari, angka reproduksi nyata R adalah 15.

Parameter-parameter model dapat diestimasi menggunakan langkah-langkah sebagai berikut: Untuk memperkirakan laju penularan yang diperkirakan dengan reproduksi dasar didefinisikan sebagai jumlah rata-rata individu yang langsung terinfeksi oleh kasus infeksi ketika ia memasuki masa yang benar-benar rentan populasi. Jika setiap individu secara efektif melakukan kontak dengan c individu per unit waktu, maka dalam populasi ukuran N , β dapat diartikan menjadi c / N . Asumsi penggabungan secara acak, jumlah individu yang melakukan kontak oleh setiap orang selama periode infeksi bisa disebut R (reproduksi nyata). Jumlah rata-rata individu yang melakukan kontak secara efektif oleh setiap orang per satuan waktu dapat diartikan $c = R / \text{durasi rata-rata infeksi (L)}$. Mengganti ini ekspresi ke dalam untuk β di atas memberikan $\beta = R / N \times L$. L adalah rata-rata durasi infektivitas. Untuk penyakit campak, L diestimasi 9 hari. Angka kesembuhan adalah angka transisi dari *infected* ke *recovered*. Angka kesembuhan diestimasi menggunakan durasi periode infektivitas, yaitu $\gamma = 1/\text{rata-rata periode infektivitas}$.

Parameter-parameter model dihitung menggunakan rumus-rumus estimasi parameter model dan diperoleh:

- Angka kesembuhan (γ) = $\frac{1}{9} = 0,1111 / \text{hari}$
- Angka penularan (β) = $\frac{15}{9 \times 3.457.211} = 0,00000048 / \text{hari}$

Pada bagian ini, akan diberikan penerapan model pada penyakit campak dengan terlebih dahulu mengetahui perilaku penyebaran penyakit campak dengan nilai laju penularan $\beta = 0,00000048 / \text{hari}$ dan laju kesembuhan $\gamma = 0,1111 / \text{hari}$ dengan $N = 3.457.491$. Dengan demikian, model dapat dituliskan sebagai berikut :

$$P_{(s+k,j+i),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{0,00000048}{3,457.211} is\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (-1,1) \\ 0,1111 li\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0,-1) \\ 1 - \frac{0,00000048}{3,457.211} is\Delta t - 0,1111 li\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0,0) \\ o(\Delta t), & \text{lainnya} \end{cases}$$

KESIMPULAN

- Model CTMC SIR dinyatakan sebagai :

$$P_{(s+k,j+i),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta}{N} is\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (-1,1) \\ \gamma i\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0,-1) \\ 1 - \frac{\beta is}{N} \Delta t - \gamma i\Delta t + o(\Delta t), & (k, j) = (0,0) \\ o(\Delta t), & \text{lainnya} \end{cases}$$

- Dengan metode estimasi parameter model diperoleh :

- Angka kesembuhan (γ) = $\frac{1}{L}$
- Angka penularan (β) = $\frac{R}{N \times L}$

4. REFERENSI

- Brauer, F., P. Driessche, and J. Wu. 2008. *Mathematical Epidemiology*, Springer.
- Bellomo, N and Preziosi L. 1995. *Modeling Mathematical Method and Scientific Computation*. CRC Press, INC.
- Parzen, E. 1962. *Stochastic Processes*. Holden-Day, Inc. United States of America.
- Taylor, H. M. And S. Karlin. 1994. *An Introduction to Stochastic Modeling*, received ed. Academic Press, United States of America.
- Trapman, J. P. 2006. *On Stochastic Models For the Spread of Infections*, Print Partners Ipkamp, Enschede.
- Suandi, D. 2018. Analisis Dinamik Pada Model Penyebaran Penyakit Campak. *Jurnal Kubik*, Vol. 2, No. 2.
- Budijanto, D., Hardhana, B., Yudianto, Soenardi, T., Budiono, C. S., Kurniasih, N., Wardah, Manullang, E. V., Ismandari, F., Susanti, M. I., Epid, M., Pangribowo, S., Harpini, A., Aprianda, R., Sakti, E. S., Indrayani, Y. A., Khairani, Mardina, R., Susetyoaji, E., Habibi, H. A., Sari, D. M., Sigit, B. B.,

- Sinin, Maslinda, H. 2017. Profil Kesehatan Indonesia 2016
- Rofflin, E. 2000. Proses Stokastik Kelahiran-Kematian Murni. *Jurnal Penelitian Sains*, Hal. 38-51, No. 8.
- Hethcote, H. W. 2005. *The Basic Epidemiology Models: Models, Expressions for R_0 Parameter Estimation, and Applications*, Journal of Master Review, Hal 1–61, No. 9.
- Hethcote, H. W., *The Mathematics of Infectious Diseases*, SIAM Review **42** (2000), No. 4, Hal. 599-653.
- Status Campak dan Rubella saat ini di Indonesia. <http://www.kemkes.go.id>, diakses pada tanggal (17 April).
- Ulfa, M. dan Sugiyanto. 2013. Model Matematika Untuk Kontrol Campak Menggunakan Vaksinasi, *Jurnal Fourier*, Vol. 2, No. 2, Hal 81-89.
- Yunita, F., Widyaningsih, P. dan Respatiwan. *Model Stokastik Susceptible Infected Recovered(SIR)*. Dipresentasikan pada Seminar Nasional Matematika dan Pendidikan Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Universitas Negeri Yogyakarta, Yogyakarta, 2013.
- Trottier, H. and Philippe, P. 2001. *Deterministic Modeling Of Infectious Diseases: Applications To Measles And Other Similar Infections*, *The Journal of Infectious Diseases*. Volume 1, Number 1.