

MODEL PENYEBARAN CACAR AIR MENGGUNAKAN RANTAI MARKOV DISKRET: STUDI KASUS DI TANGERANG SELATAN

Makalah ini disusun untuk memenuhi Project Akhir Mata Kuliah Model Stokastik.

Pengaplikasian Rantai Markov dalam Kehidupan Sehari-hari.

Dosen Pengampu: Madona Yunita Wijaya, M.Sc



Disusun Oleh :

Alya Putri Ambarsari	11230940000022
Fairuuzzari Ramadhan	11230940000040
Syahrul Mauhub Yasser	11230940000054
Muhamad Raffy Izzudin	11230940000064

PROGRAM STUDI MATEMATIKA FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI SYARIF HIDAYATULLAH

JAKARTA

2025M/1446 H

KATA PENGANTAR

Assalamu'alaikum Warahmatullahi Wabarakatuh

Puji syukur kami panjatkan ke hadirat Allah SWT yang telah memberikan rahmat dan karunia-Nya, sehingga kami dapat menyelesaikan laporan proyek akhir mata kuliah **Pengantar Proses Stokastik** dengan judul “**MODEL PENYEBARAN CACAR AIR MENGGUNAKAN RANTAI MARKOV DISKRET: STUDI KASUS DI TANGERANG SELATAN**” ini dengan baik.

Laporan ini disusun sebagai bentuk penerapan konsep stokastik dalam menganalisis proses penyebaran penyakit menular, khususnya cacar air, dengan pendekatan model SIR diskrit dan rantai Markov. Kami berharap laporan ini dapat memberikan pemahaman sederhana mengenai bagaimana model stokastik dapat digunakan untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit dalam populasi terbatas.

Kami mengucapkan terima kasih kepada dosen pengampu mata kuliah **Pengantar Proses Stokastik**, serta semua pihak yang telah memberikan arahan, dukungan, dan masukan selama proses penyusunan proyek ini berlangsung. Kami juga menyadari bahwa laporan ini jauh dari kata sempurna, oleh karena itu kritik dan saran yang membangun sangat kami harapkan.

Wassalamu'alaikum Warahmatullahi Wabarakatuh

Tangerang Selatan, 20 Juni 2025

Penulis

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk menyusun model penyebaran penyakit cacar air menggunakan pendekatan model SIR (Susceptible-Infected-Recovered) dalam bentuk rantai Markov diskrit. Model ini memanfaatkan peluang transisi antar status individu dalam suatu populasi terbatas yang dianggap tetap. Simulasi dilakukan terhadap populasi 100 orang berdasarkan skala data nyata, dengan parameter penularan $\beta = 1.43$ pemulihan $\gamma = 1.43$. Hasil simulasi menunjukkan bahwa jumlah individu terinfeksi mengalami peningkatan di awal hingga mencapai puncak pada minggu ke-5 hingga ke-6, kemudian menurun seiring meningkatnya individu pulih. Model ini berhasil merepresentasikan dinamika penyebaran penyakit dengan baik secara teoritis dan memberikan gambaran awal penerapan proses stokastik dalam studi epidemiologi.

Kata kunci: Cacar Air, Rantai Markov, Stokastik

DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR.....	2
ABSTRAK.....	3
DAFTAR ISI.....	Error! Bookmark not defined.
BAB I PENDAHULUAN.....	6
1.1 Latar Belakang	6
1.2 Rumusan Masalah.....	7
1.3 Tujuan	7
1.4 Manfaat	7
BAB II LANDASAN TEORI.....	9
2.1 Penyakit Cacar Air (Varicella)	9
2.2 Model SIR (Susceptible – Infected – Recovered)	9
2.3 Proses Stokastik.....	10
2.4 Rantai Markov Diskrit	11
2.5 Matriks Transisi.....	12
2.6 Angka Reproduksi Dasar (R_0).....	12
2.7 Simulasi Monte Carlo	12
2.7 Analisis Sensitivitas dan Distribusi Stasioner (Limit Peluang Transisi)	13
BAB III METODOLOGI	14
3.1 Sumber & Pengolahan Data	14
3.2 Penentuan Parameter.....	15
3.3 Matriks Transisi.....	15
3.4 Simulasi.....	16
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	17
4.1 Hasil Simulasi.....	17
4.2 Interpretasi.....	18
4.3 Visualisasi Hasil Simulasi.....	19
4.4 Efektivitas Model SIR Diskrit dalam Representasi Teoritis	20
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	22
5.1 Kesimpulan.....	22

5.2 Saran	22
DAFTAR PUSTAKA.....	24

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyakit menular masih menjadi tantangan serius dalam bidang kesehatan masyarakat, baik secara global maupun di Indonesia. Penyakit ini ditularkan dari satu individu ke individu lain melalui berbagai jalur, seperti kontak langsung, udara, atau cairan tubuh. Agen penyebabnya pun beragam, termasuk virus, bakteri, jamur, dan parasit, yang dapat menimbulkan gangguan kesehatan ringan hingga berat, bahkan kematian.

Menurut Anderson dan May (1991), penyakit seperti campak (measles), cacar air (chickenpox), dan gondong (mumps) telah tercatat sebagai penyebab epidemi yang berdampak besar terhadap masyarakat. Salah satu penyakit menular yang umum terjadi, terutama pada anak-anak, adalah cacar air atau *varicella*. Penyakit ini disebabkan oleh virus *varicella-zoster*, anggota keluarga *Herpesviridae*. Penularannya sangat cepat, terutama melalui droplet udara atau kontak langsung dengan cairan dari ruam yang muncul pada penderita.

Meskipun sering dianggap ringan, terutama pada anak-anak, cacar air dapat menyebabkan komplikasi serius bila menyerang orang dewasa, ibu hamil, bayi, atau individu dengan sistem imun yang lemah. Komplikasi yang mungkin terjadi antara lain infeksi sekunder, pneumonia, hingga ensefalitis.

Data epidemiologis menunjukkan bahwa insiden cacar air di Indonesia cenderung meningkat pada masa peralihan musim. Widoyono (2011) melaporkan bahwa 90% kasus cacar air terjadi pada anak-anak di bawah usia 10 tahun, sementara di negara seperti Jepang dan Amerika Serikat, sebagian besar kasus menyerang anak di bawah usia 15 tahun. Fakta ini menunjukkan bahwa meskipun program imunisasi telah dijalankan, cacar air tetap menjadi ancaman kesehatan yang perlu perhatian.

Upaya pengendalian cacar air tidak hanya bergantung pada tindakan medis, tetapi juga pada pemahaman masyarakat tentang cara penularan dan pencegahan, seperti

vaksinasi dan isolasi. Oleh karena itu, pemodelan matematis terhadap penyebaran cacar air sangat penting sebagai upaya ilmiah untuk memahami dinamika penyakit ini dan membantu pengambilan kebijakan kesehatan berbasis data.

1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimana proses penyebaran cacar air dapat dimodelkan menggunakan pendekatan model SIR berbasis rantai Markov diskrit?
2. Bagaimana menentukan probabilitas transisi antar keadaan (state) pada model penyebaran cacar air dalam satu populasi tetap?
3. Bagaimana dinamika jumlah individu pada masing-masing status (S, I, R) berubah dari minggu ke minggu berdasarkan parameter penularan dan pemulihan yang ditetapkan?
4. Seberapa efektif model SIR diskrit berbasis rantai Markov dalam merepresentasikan penyebaran penyakit cacar air secara teoritis?

1.3 Tujuan

1. Menyusun model matematis sederhana penyebaran penyakit menggunakan pendekatan SIR berbasis probabilitas transisi.
2. Mensimulasikan dan memvisualisasikan dinamika penyebaran cacar air dalam populasi terbatas menggunakan model SIR diskrit.
3. Memberikan gambaran awal bagaimana teori proses stokastik dapat digunakan dalam studi epidemiologi.

1.4 Manfaat

1. Menambah wawasan akademik mengenai penerapan teori proses stokastik, khususnya model rantai Markov diskrit, dalam studi penyebaran penyakit menular.
2. Menyediakan pendekatan metodologis sistematis dalam membangun model SIR diskrit, termasuk penyusunan matriks transisi dan analisis sensitivitas.
3. Memberikan gambaran praktis mengenai waktu puncak infeksi, potensi hilangnya penyakit, dan efektivitas intervensi seperti vaksinasi.

4. Meningkatkan pemahaman masyarakat mengenai pentingnya pencegahan penyakit menular serta mendukung perumusan strategi kebijakan kesehatan masyarakat.

BAB II LANDASAN TEORI

2.1 Penyakit Cacar Air (Varicella)

Cacar air (*varicella*) adalah penyakit menular yang disebabkan oleh infeksi virus *varicella-zoster*, anggota famili *Herpesviridae*. Gejala khasnya meliputi demam, lemas, dan ruam berisi cairan (vesikula) yang gatal dan menyebar ke seluruh tubuh. Cacar air umumnya menyerang anak-anak, namun juga dapat menyerang orang dewasa yang belum memiliki kekebalan terhadap virus tersebut.

Penularan terjadi terutama melalui droplet udara saat penderita batuk atau bersin, serta kontak langsung dengan cairan dari vesikula. Masa inkubasi virus berkisar antara 10 hingga 21 hari, dengan rata-rata waktu pemulihan sekitar 7 hari pada individu sehat. Meskipun umumnya ringan, penyakit ini berisiko menimbulkan komplikasi serius, terutama pada bayi, ibu hamil, atau individu dengan sistem imun rendah. Oleh karena itu, pemantauan dan pemodelan penyebaran cacar air sangat penting bagi upaya pencegahan dan pengendalian penyakit ini.

2.2 Model SIR (Susceptible – Infected – Recovered)

Model SIR merupakan salah satu model kompartemen dasar dalam epidemiologi matematis yang membagi populasi menjadi tiga kelompok:

- **S (Susceptible/Rentan)**: individu yang belum terinfeksi dan dapat tertular.
- **I (Infected/Terinfeksi)**: individu yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit.
- **R (Recovered/Pulih)**: individu yang telah sembuh dan memiliki kekebalan.

Model ini dikendalikan oleh dua parameter utama:

- **Tingkat penularan (β)**: probabilitas seseorang dalam kategori S tertular oleh individu dalam kategori I.
- **Tingkat pemulihan (γ)**: probabilitas seseorang dalam kategori I berpindah ke R.

Model SIR dalam bentuk sistem persamaan diferensial kontinu dinyatakan sebagai:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I, \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Peluang transisi dari status rentan ke terinfeksi ditentukan oleh:

$$P_{S \rightarrow I} = \beta \times \frac{I}{N}$$

Sedangkan peluang pemulihan adalah:

$$P_{I \rightarrow R} = \gamma I$$

Untuk kepentingan pemodelan dalam bentuk waktu diskrit (per minggu), model ini dapat didiskritisasi menjadi:

$$S_{t+1} = S_t - \beta \frac{S_t I_t}{N}, I_{t+1} = I_t + \beta \frac{S_t I_t}{N} - \gamma I_t, R_{t+1} = R_t + \gamma I_t$$

Asumsi dasar dari model ini adalah bahwa populasi total $N = S + I + R$ bersifat tetap (tertutup), tanpa kelahiran, kematian, atau migrasi.

2.3 Proses Stokastik

Proses stokastik merupakan sekumpulan peubah acak yang diparameterkan oleh waktu, dinyatakan sebagai $\{X(t), t \in T\}$, dimana t merepresentasikan waktu. Semua nilai yang mungkin diambil oleh peubah acak $X(t)$ disebut sebagai ruang keadaan (state space). Secara umum, proses stokastik dapat dibedakan menjadi empat jenis utama, yaitu:

1. Proses stokastik waktu diskrit keadaan diskrit

Merupakan proses stokastik dengan waktu dan ruang keadaan berupa bilangan terhitung.

2. Proses stokastik waktu diskrit keadaan kontinu

Merupakan proses stokastik dengan waktu berupa bilangan terhitung dan ruang keadaan berupa bilangan real.

3. Proses stokastik waktu kontinu keadaan diskrit

Merupakan proses stokastik dengan waktu berupa bilangan real dan ruang keadaan berupa bilangan terhitung.

4. Proses stokastik waktu kontinu keadaan kontinu

Merupakan proses stokastik dengan waktu berupa bilangan real dan ruang keadaan berupa bilangan real.

2.4 Rantai Markov Diskrit

Rantai Markov adalah suatu proses stokastik yang mengikuti sifat *Markovian*, yaitu probabilitas suatu kejadian di masa depan hanya bergantung pada keadaan saat ini, dan tidak bergantung pada sejarah kejadian sebelumnya. Dalam bentuk diskrit, rantai Markov digunakan untuk memodelkan sistem yang berubah secara bertahap dalam waktu (misalnya tiap minggu) dan bergerak dari satu state (keadaan) ke state lainnya dengan probabilitas tertentu.

Misalkan adalah proses stokastik diskrit dengan himpunan state hingga S, I, R . Proses ini merupakan rantai Markov jika berlaku:

$$P(X_{t+1} = j | X_t = i, X_{t-1} = i_{t-1}, \dots, X_1 = i_1, X_0 = i_0) = P(X_{t+1} = j | X_t = i) = p_{ij}^{t,t+1}$$

untuk setiap $i_0, i_1, \dots, i_{t-1}, j$ dan untuk $t \geq 0$ dan dengan dengan $p_{ij}^{t,t+1}$ sebagai peluang transisi dari keadaan i ke j pada waktu t ke $t + 1$.

Rantai Markov disebut homogen atau memiliki peluang stasioner apabila nilai peluang transisi tidak bergantung pada waktu t , yaitu:

$$p_{ij}^{t,t+1} = p_{ij} \text{ untuk setiap } t$$

dengan P_{ij} disebut peluang transisi satu Langkah dari keadaan i ke keadaan j dimana

$$p_{ij} \geq 0, \quad i, j \geq 0, \quad \sum_{j=0}^{\infty} p_{ij} = 1$$

Untuk memperkirakan keadaan di waktu mendatang, diperlukan pemahaman mengenai pola perubahan nilai probabilitas dari satu keadaan ke keadaan lainnya. Perubahan antar keadaan dalam proses Markov disebut sebagai peluang transisi, dan perubahan ini dapat direpresentasikan dalam bentuk matriks transisi. Matriks ini menggambarkan kecenderungan suatu sistem untuk berpindah dari satu keadaan ke keadaan lain dalam satu periode waktu.

2.5 Matriks Transisi

Matriks transisi, atau juga disebut matriks stokastik, adalah sebuah matriks yang merepresentasikan peluang berpindah dari satu keadaan ke keadaan lain dalam satu langkah waktu dalam suatu rantai Markov. Matriks ini dilambangkan dengan $P = [p_{ij}]$ dimana p_{ij} adalah probabilitas transisi dari keadaan i ke j . Matriks transisi dapat dituliskan sebagai berikut:

$$p = \begin{bmatrix} p_{00} & p_{01} & \dots \\ \vdots & \ddots & \dots \\ p_{i0} & p_{i1} & \dots \end{bmatrix}$$

Matriks transisi memiliki beberapa sifat, yaitu:

- 1) Memiliki jumlah baris dan kolom yang sama
- 2) Jumlah unsur setiap baris = 1
- 3) Jumlah unsur pada setiap kolom tidak selalu sama dengan 1
- 4) Unsur matriks bernilai antara 0 dan 1

2.6 Angka Reproduksi Dasar (R_0)

Angka reproduksi dasar adalah jumlah rata-rata individu yang dapat terinfeksi oleh satu orang terinfeksi dalam populasi yang seluruhnya rentan. Nilai R_0 merupakan indikator penting untuk menentukan apakah penyakit akan menyebar atau tidak.

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Jika $R_0 > 1$, maka penyakit akan menyebar dalam populasi. Sebaliknya, jika $R_0 < 1$, maka penyakit akan cenderung menghilang. Nilai R_0 juga dapat digunakan untuk menentukan *threshold hard immunity*.

2.7 Simulasi Monte Carlo

Simulasi Monte Carlo merupakan teknik statistik berbasis pengulangan acak untuk memperkirakan hasil dari sistem stokastik. Dalam studi ini, digunakan untuk:

1. Mengestimasi waktu hingga penyakit hilang,
2. Menghitung ukuran akhir epidemi,

3. Melihat variasi skenario berdasarkan perubahan parameter β dan γ .

Dengan melakukan banyak simulasi, diperoleh distribusi hasil yang dapat dianalisis secara statistik. Simulasi ini sangat penting karena penyebaran penyakit di dunia nyata bersifat acak dan tidak selalu mengikuti nilai rata-rata atau deterministik. Oleh karena itu, proses stokastik memberikan pendekatan yang lebih realistis.

2.7 Analisis Sensitivitas dan Distribusi Stasioner (Limit Peluang Transisi)

Dalam studi epidemiologi berbasis model stokastik, penting untuk mengetahui bagaimana perubahan nilai parameter seperti β (tingkat penularan) dan γ (tingkat pemulihan) memengaruhi hasil model. Hal ini disebut sebagai analisis sensitivitas parameter. Tujuannya adalah untuk mengetahui sejauh mana model peka terhadap perubahan kecil pada input parameter, sehingga dapat memprediksi skenario terbaik dan terburuk.

Selain itu, jika model mencapai keadaan stabil, kita dapat menganalisis distribusi stasioner dari rantai Markov. Distribusi stasioner π adalah vektor probabilitas yang memenuhi:

$$\pi P = \pi \text{ dengan } \sum \pi_i = 1$$

Distribusi ini menggambarkan probabilitas jangka panjang berada pada masing-masing kompartemen (S, I, atau R). Jika sebagian besar nilai π terkonsentrasi pada state R, maka dapat disimpulkan bahwa penyakit cenderung menghilang. Namun jika nilai π pada state I tetap tinggi, maka menunjukkan potensi endemik.

Analisis sensitivitas dan distribusi stasioner bersama-sama membantu memberikan gambaran apakah penyakit akan menghilang dengan sendirinya, menjadi endemik, atau bergantung pada skenario intervensi tertentu.

BAB III METODOLOGI

3.1 Sumber & Pengolahan Data

Penelitian ini menggunakan pendekatan simulatif berbasis model SIR diskrit waktu. Data awal yang digunakan berasal dari populasi sebesar 1.000.000 individu, dengan distribusi status kesehatan sebagai berikut:

- Rentan (S): 699.846 individu
- Terinfeksi (I): 77 individu
- Pulihan (R): 300.077 individu
- Total populasi: $N = S + I + R = 1.000.000$ individu

Untuk memudahkan simulasi dan analisis, populasi ini kemudian diperkecil skalanya (dipress) menjadi 100 individu (sampel). Skala ini mempertahankan proporsi yang sama dengan populasi awal. Hasil normalisasi adalah:

Variabel	Jumlah	Perhitungan proporsi	Jumlah setelah pressing	Catatan
S_0	699846	$\frac{699846}{10000} \approx 69.98$	69	-
I_0	77	$\frac{77}{10000} \approx 0.0077$	1	Dibulatkan supaya tetap ada penyebaran
R_0	300077	$\frac{300007}{10000} \approx 30.07$	30	R_0 didapat dari 30% dari total sampel
Σ	1000000	$\frac{1000000}{10000}$	100	-

Populasi ini dianggap tertutup, artinya tidak terjadi kelahiran, kematian, atau migrasi selama simulasi.

3.2 Penentuan Parameter

Model yang digunakan adalah SIR (Susceptible – Infected – Recovered) berbasis Rantai Markov Diskrit. Beberapa asumsi dan parameter utama dalam model ini adalah sebagai berikut:

1. Populasi tetap (tertutup), tidak ada kelahiran, kematian, maupun migrasi.
2. Durasi rata-rata pemulihan adalah 7 – 14 hari → digunakan nilai minimum untuk konservatif.
3. Tingkat pemulihan γ :

$$\gamma = \frac{1}{7} \approx 0.143$$

4. Angka reproduksi dasar R_0 berada pada rentang 10 – 12 → digunakan nilai minimum untuk konservatif.
5. Tingkat penularan β dihitung menggunakan:

$$\beta = R_0 \times \gamma = 10 \times 0.143 = 1.43$$

Namun, karena kita menggunakan populasi kecil, kita menyesuaikan nilai β agar:

$$\beta \times \frac{SI}{N} \leq 1$$

Tetapi nilai S sangat mendekati nilai N , maka nilai β dapat disesuaikan kembali dengan:

$$\beta \times \frac{I}{N} \leq 1$$

Sebagai langkah awal ($t = 0$), laju penularan juga diestimasi sangat kecil secara per individu, yaitu:

$$\lambda_t = \frac{I_t}{N} = \frac{1}{100} = 0.01$$

3.3 Matriks Transisi

Model dinyatakan dalam bentuk matriks transisi diskrit waktu 3-state berdasarkan perubahan status individu:

- $S \rightarrow I$: individu rentan menjadi terinfeksi
- $I \rightarrow R$: individu terinfeksi menjadi sembuh
- $R \rightarrow R$: individu yang sembuh akan tetap kebal (*state absorbing*)

Tanpa penyederhanaan apapun, maka bentuk matriks transisi diskrit menjadi:

$$P = \begin{bmatrix} 1 - \beta \left(\frac{I}{N} \right) & \beta \left(\frac{I}{N} \right) & 0 \\ 0 & 1 - \gamma I & \gamma I \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.9857 & 0.0143 & 0 \\ 0 & 0.857 & 0.143 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

3.4 Simulasi

Langkah-langkah simulasi sebagai berikut:

1. Inisialisasi kondisi awal populasi hasil press:

$$S_0 = 69, \quad I_0 = 1, \quad R_0 = 30, \quad N = 100$$

2. Tentukan parameter simulasi:

$$\beta = 1.43, \quad \gamma = 0.143$$

3. Bangun matriks transisi pada tiap minggu berdasarkan nilai S_t dan I_t yang terus diperbarui
4. Hitung transisi status individu tiap minggu, selama simulasi berjalan (10 waktu)
5. Catat dan visualisasikan dinamika jumlah individu dalam kategori S, I, dan R dari minggu ke minggu
6. Amati tren epidemiologi:
 - Kapan infeksi mencapai puncak
 - Lama waktu infeksi aktif
 - Kapan epidemi menghilang

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Hasil Simulasi

Simulasi dilakukan dengan menggunakan model SIR diskrit waktu berbasis matriks transisi, dengan peluang transisi infeksi menggunakan bentuk sederhana:

$$P_{S \rightarrow I} = \beta \times \frac{I_t}{N}$$

Dengan parameter:

- $N = 100$
- $S_0 = 69, I_0 = 1, R_0 = 30$
- $\beta = 1.43, \gamma = 0.143$

Setiap minggu, jumlah individu dalam kategori S, I, dan R dihitung menggunakan rumus:

- $S_{t+1} = S_t - P_{S \rightarrow I} S_t$
- $I_{t+1} = I_t + P_{S \rightarrow I} S_t - \gamma I_t$
- $R_{t+1} = R_t + \gamma I_t$

Perhitungan jumlah individu berpindah state dilakukan dengan mengalikan peluang transisi dengan jumlah individu pada minggu ke-t.

Minggu ke-t	S_t	I_t	R_t
0	69	1	30
1	68.015	1.857	30.128
2	66.394	2.576	31.03
3	64.183	3.132	32.685
4	61.435	3.505	35.06
5	58.206	3.701	38.093
6	54.558	3.739	41.703
7	50.553	3.649	45.798

8	46.256	3.464	50.28
9	41.729	3.223	55.048
10	37.031	2.963	60.006

Tabel diatas menunjukkan perubahan jumlah individu dalam setiap kategori SIR dari minggu ke minggu. Pada minggu ke-0, terdapat 69 individu yang rentan, 1 individu terinfeksi, dan 30 individu yang telah pulih. Seiring waktu berjalan, jumlah individu rentan (S) menurun secara bertahap karena terinfeksi. Jumlah individu terinfeksi (I) meningkat dari minggu ke-0 hingga mencapai puncaknya di sekitar minggu ke-5 hingga ke-6, dan kemudian mulai menurun. Sementara itu, jumlah individu yang pulih (R) meningkat secara konsisten setiap minggunya, mencerminkan proses pemulihan yang terjadi dalam populasi.

Peningkatan jumlah R dan penurunan S menunjukkan bahwa penyakit menyebar di awal periode, namun kemudian mulai menurun setelah banyak individu berpindah ke status kebal. Data dalam tabel memberikan gambaran kuantitatif atas dinamika penyebaran dan pemulihan penyakit cacar air dalam populasi kecil.

4.2 Interpretasi

Minggu 0 (Awal Simulasi):

- Kondisi awal populasi: 69 orang rentan, 1 orang terinfeksi, dan 30 orang telah pulih.
- Karena hanya 1 orang yang terinfeksi, laju penularan masih sangat rendah.

Minggu 1–3:

- Jumlah terinfeksi naik dari $1 \rightarrow 1.8 \rightarrow 2.5 \rightarrow 3.1$.
- Ini menunjukkan awal peningkatan infeksi, karena kontak antara individu S dan I mulai meningkat.
- Jumlah S mulai menurun dan R perlahan bertambah karena pemulihan dari individu I.

Minggu 4–6 (Puncak):

- Jumlah I mencapai puncak sekitar minggu ke-5 dan ke-6 (sekitar 3,7 orang terinfeksi dari 100 total).
- S menurun dengan lebih cepat, artinya semakin banyak orang terpapar dan tertular.
- R naik lebih cepat karena lebih banyak orang pulih.

Minggu 7–10:

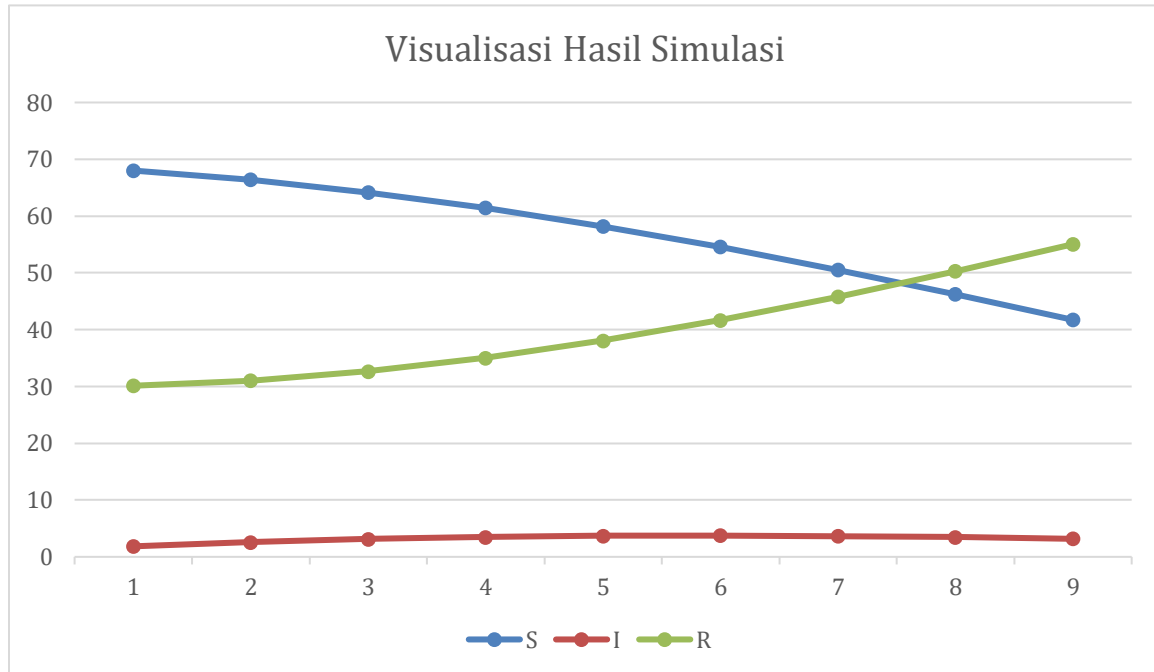
- Jumlah I mulai menurun: $3.6 \rightarrow 3.4 \rightarrow 3.2 \rightarrow 2.9$
- Ini menunjukkan epidemi mulai mereda karena sebagian besar populasi sudah berpindah ke state R (kebal).
- Di akhir minggu ke-10, lebih dari 60% populasi telah pulih, dan infeksi tidak lagi bertambah secara agresif.

4.3 Visualisasi Hasil Simulasi

Untuk menggambarkan dinamika penyebaran penyakit cacar air dalam populasi terbatas, dilakukan visualisasi grafik hasil simulasi model SIR diskrit selama 10 minggu dengan parameter:

- $\beta = 1.43$
- $\gamma = 0.143$
- $N = 100$

Berikut adalah grafik perubahan jumlah individu dalam setiap status terhadap waktu:



Dari grafik terlihat bahwa:

- Jumlah individu terinfeksi naik di awal, mencapai puncak sekitar minggu ke-5 hingga 6
- Setelah itu infeksi menurun dan individu pulih meningkat
- Jumlah individu rentan menurun secara bertahap karena berpindah ke status I, lalu R

4.4 Efektivitas Model SIR Diskrit dalam Representasi Teoritis

Model SIR diskrit berbasis rantai Markov dinilai cukup efektif dalam merepresentasikan penyebaran penyakit cacar air secara teoritis pada populasi terbatas. Model ini menggambarkan penyebaran penyakit melalui transisi probabilistik antar tiga status kesehatan: rentan (S), terinfeksi (I), dan pulih/kebal (R). Perubahan status individu dihitung berdasarkan peluang transisi dari waktu ke waktu, dengan mempertimbangkan parameter penularan β dan pemulihan γ .

Penggunaan bentuk diskrit dan probabilitas transisi membuat model ini lebih realistis untuk simulasi jangka pendek dan populasi terbatas, seperti kasus pada simulasi populasi 100 orang. Model ini berhasil menunjukkan pola penyebaran penyakit yang mencerminkan fenomena di dunia nyata, seperti:

- Awal penyebaran yang lambat karena sedikitnya individu terinfeksi
- Peningkatan kasus infeksi setelah adanya kontak dengan populasi rentan
- Penurunan jumlah kasus seiring meningkatnya jumlah individu yang pulih

Visualisasi grafik juga menunjukkan bahwa model mampu menangkap puncak infeksi, serta fase meredanya wabah secara alami karena terbentuknya kekebalan populasi.

Dari segi fleksibilitas, model ini juga dapat diadaptasi dengan perubahan parameter, struktur populasi, atau kebijakan intervensi, walaupun dalam laporan ini hanya digunakan satu skenario dasar. Hal ini menunjukkan bahwa model SIR diskrit berbasis rantai Markov merupakan alat yang efektif dan sederhana untuk memberikan gambaran awal secara teoritis mengenai dinamika epidemi, khususnya dalam studi penyakit menular seperti cacar air.

BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil penyusunan, simulasi, dan analisis terhadap model SIR diskrit berbasis rantai Markov untuk penyebaran penyakit cacar air, dapat diambil beberapa kesimpulan sebagai berikut:

1. Penyebaran penyakit menular seperti cacar air dapat dimodelkan secara matematis menggunakan pendekatan model SIR diskrit, yang dikembangkan dalam kerangka proses stokastik berbasis probabilitas transisi antar status individu.
2. Probabilitas transisi dalam model ini ditentukan oleh parameter penularan (β) dan pemulihan (γ), serta proporsi individu terinfeksi terhadap total populasi. Transisi dari status rentan (S) ke terinfeksi (I) dihitung menggunakan rumus probabilitas $P_{S \rightarrow I} = \beta \times \frac{I}{N}$ sedangkan transisi dari I ke R dihitung melalui γI .
3. Simulasi yang dilakukan terhadap populasi terbatas sebanyak 100 individu dengan parameter $\beta = 0.143$ dan $\gamma = 0.143$ menunjukkan bahwa penyebaran penyakit meningkat secara bertahap, mencapai puncak infeksi pada minggu ke-5 hingga 6, kemudian menurun seiring meningkatnya jumlah individu yang sembuh.
4. Model SIR diskrit terbukti mampu merepresentasikan dinamika penyebaran penyakit secara teoritis, termasuk fase pertumbuhan, puncak, dan penurunan jumlah infeksi. Model ini juga efektif untuk digunakan dalam populasi terbatas dan cocok sebagai pendekatan awal untuk memahami fenomena epidemiologis secara matematis.

5.2 Saran

- Dalam pengembangan selanjutnya, model ini dapat diperluas dengan mempertimbangkan intervensi seperti vaksinasi, isolasi, atau tingkat kontak yang bervariasi antar individu.

- Simulasi dengan beragam nilai parameter atau menggunakan data riil dari kasus epidemi dapat memberikan hasil yang lebih akurat dan aplikatif dalam konteks kebijakan kesehatan.
- Visualisasi hasil model dapat ditingkatkan menggunakan perangkat lunak pemodelan atau pemrograman komputer (seperti Python atau R) untuk menghasilkan grafik dinamis dan simulasi interaktif.
- Penelitian ini diharapkan dapat menjadi dasar bagi pelajar dan peneliti untuk memahami bagaimana teori proses stokastik dapat diimplementasikan dalam studi epidemiologi secara sederhana namun bermakna.

DAFTAR PUSTAKA

1. Anderson, R. M., & May, R. M. (1991). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press.
2. Badan Pusat Statistik Kota Tangerang Selatan. (2024). *Jumlah Penduduk Menurut Kecamatan*. Diakses dari <https://tangselkota.bps.go.id>
3. Detik.com. (2024). *Kasus Cacar Air Merebak di Tangsel, Dinkes Imbau Warga Waspada*. Diakses dari <https://www.detik.com>
4. Heininger, U., & Seward, J. F. (2006). Varicella. *The Lancet*, 368(9544), 1365–1376.
5. Allen, L. J. S. (2008). *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. Pearson Education.
6. Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653. <https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>
7. Kemeny, J. G., & Snell, J. L. (1976). *Finite Markov Chains*. Springer.
8. Keeling, M. J., & Rohani, P. (2008). *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press.
9. Tuckwell, H. C., & Williams, R. J. (2007). Some Properties of a Simple Stochastic Epidemic Model of SIR Type. *Mathematical Biosciences*, 208(1), 76–97.
10. Ross, S. M. (2014). *Introduction to Probability Models* (11th ed.). Academic Press.

PERSENTASE KONTRIBUSI MAKALAH

Alya Putri Ambarsari (25%)

Fairuuzzari Ramadhan (25%)

Syahrul Mauhub Yasser (25%)

Muhamad Raffy Izzudin (25%)