

Kajian Model Markov Waktu Diskrit Untuk Penyebaran Penyakit Menular Pada Model Epidemik SIR

Rafiqatul Hasanah, Laksmi Prita Wardhani, Suhud Wahyudi

Jurusan Matematika, Fakultas MIPA, Institut Teknologi Sepuluh Nopember (ITS)

Jl. Arief Rahman Hakim, Surabaya 60111

E-mail: laksmi_pw@matematika.its.ac.id, suhud@matematika.its.ac.id

Abstrak—Setiap tahun, banyak manusia meninggal karena penyakit menular. Memodelkan proses penyebaran penyakit menular akan mempermudah dalam mengerti dinamika penyebaran penyakit dalam suatu populasi. Pada Tugas Akhir ini dianalisis sebuah model probabilitas transisi untuk penyebaran penyakit menular dan model epidemik SIR, dengan tetap memperhatikan keunggulan pendekatan model yang sudah ada (misalnya asal penularan dan dinamika penyebaran) dan memanfaatkan penggunaan efisiensi dari teknik program dinamik untuk membentuk model yang diinginkan. Hasil yang didapat dari penelitian Tugas Akhir ini adalah didapat probabilitas transisi model Markov waktu diskrit untuk penyebaran penyakit menular dan model epidemik SIR. Pada Tugas Akhir ini juga didapat simulasi grafik hubungan banyaknya individu pada tiap kelas kompartemen, yaitu banyaknya individu di kelas *susceptible* dan kelas *infective* semakin berkurang dengan bertambahnya waktu. Sedangkan banyaknya individu di kelas *recovered* semakin bertambah. Dan diperoleh hubungan probabilitas penggerak kejadian $SI(t)$ serta $IR(t)$ terhadap waktu.

Kata Kunci—kelas kompartemen, model epidemik SIR, model Markov waktu diskrit, teknik program dinamik

I. PENDAHULUAN

BERBAGAI jenis patogen pada manusia dan sirkulasi penyakit menular dalam komunitas, mendasari keinginan untuk mengembangkan kebijakan kesehatan dinamik dalam mengendalikan penyebaran penyakit menular. Untuk menemukan kebijakan kesehatan dinamik yang optimal dalam membatasi penyebaran penyakit membutuhkan penggunaan model stokastik penyebaran penyakit menular yang dapat diperoleh melalui teknik program dinamik [1]. Jenis proses stokastik yang digunakan adalah proses stokastik Markov dimana kelakuan sistem hanya bergantung pada keadaan satu langkah kebelakang.

Untuk mengetahui proses penyebaran penyakit menular, dikenal beberapa model penyebaran penyakit, baik model yang bersifat deterministik, maupun model yang bersifat stokastik. Model-model tersebut antara lain SI, SIS, SIR, dan SEIR. SIR merupakan model epidemik dengan karakteristik bahwa setiap individu rentan terinfeksi suatu penyakit, kondisi ini dinotasikan dengan S (*susceptibles*), individu yang rentan terinfeksi tersebut berinteraksi dengan individu yang terinfeksi, dan akhirnya terinfeksi. Individu yang terinfeksi tersebut

dinotasikan dengan I (*infective*). Dengan pengobatan medis atau proses alam, individu yang terinfeksi akan sembuh, yang dinotasikan dengan R (*recovered*) [2].

Selama ini telah banyak penelitian tentang model epidemik yang sebagian besar menganalisis kestabilan titik setimbang pada model deterministik dan stokastik diantaranya model epidemik SIS, dan SIR. Dwi Meita Sari dalam penelitian Tugas Akhir-nya menganalisis tentang stabilitas model SIS epidemik deterministik dan mean distribusi probabilitas SIS epidemik stokastik. Arisma Yuni Hardiningsih dalam penelitiannya menganalisis tentang model epidemik SIR deterministik dan stokastik pada waktu diskrit.

Pada Tugas Akhir ini dianalisis sebuah model Markov waktu diskrit untuk penyebaran penyakit menular pada model epidemik SIR, yang mengkaji dari jurnal “*Generalized Markov models of infectious disease spread: A novel framework for developing dynamic health policies*”, dengan tetap memperhatikan keunggulan pendekatan model yang sudah ada (misalnya asal penularan dan dinamika penyebaran.) dan memanfaatkan penggunaan efisiensi dari teknik program dinamik untuk membentuk model yang diinginkan.

II. URAIAN PENELITIAN

A. Studi Literatur

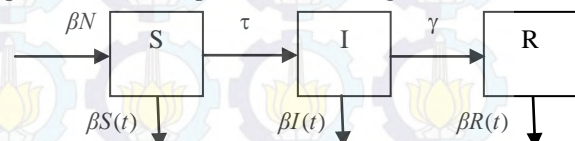
Pada tahap ini dilakukan identifikasi permasalahan dengan mencari referensi yang menunjang penelitian. Referensi yang dipakai adalah buku, jurnal ilmiah, maupun artikel dari internet. Salah satu referensi yang digunakan yaitu:

1. Model Epidemik SIR

Adapun asumsi pada Model Epidemik SIR ini adalah :

1. Jumlah populasi N berukuran tetap (konstan)
2. Laju kelahiran dan kematian sama
3. Semua populasi yang baru lahir adalah individu yang rentan

Berdasarkan asumsi-asumsi di atas disusun diagram kompartemen model epidemik SIR sebagai berikut:



Gambar. 1. Diagram kompartemen model epidemik SIR

Berdasarkan diagram kompartemen pada Gambar 1. model epidemik SIR analog dengan model sebagai berikut [2].

$$\begin{aligned} S(t + \Delta t) &= S(t)(1 - \tau(t)\Delta t) + (N - S(t))\Delta t\beta \\ I(t + \Delta t) &= I(t)(1 - \beta\Delta t - \gamma\Delta t) + \tau(t)\Delta tS(t) \\ R(t + \Delta t) &= R(t)(1 - \beta\Delta t) + \gamma\Delta tI(t) \end{aligned}$$

dengan:

$$\tau(t) := \frac{\alpha}{N} I(t)$$

$$S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) \geq 0, \alpha > 0, \beta > 0, \gamma > 0.$$

- S : populasi *susceptible* (individu-individu yang rentan terhadap penyakit).
 I : populasi *infective* (individu-individu yang terjangkit penyakit dan dapat menularkan penyakit).
 R : populasi *recovered* (individu-individu yang telah sembuh/ bebas penyakit).
 β : laju kelahiran yang sama dengan laju kematian.
 N : jumlah populasi keseluruhan dari populasi *susceptible*, *infective*, dan *recovered*.
 $\tau(t)$: laju infeksi per unit waktu.
 α : laju kontak per unit waktu.
 γ : laju kesembuhan dari individu yang telah terinfeksi.
 $\beta S(t)$: laju kematian dari kelompok $S(t)$.
 $\beta I(t)$: laju kematian dari kelompok $I(t)$.
 $\beta R(t)$: laju kematian dari kelompok $R(t)$.

2. Program Dinamik

Program Dinamik adalah suatu teknik matematis yang digunakan untuk membuat suatu keputusan dari serangkaian keputusan yang saling berkaitan satu dengan yang lainnya. Tujuan utama model ini adalah untuk mempermudah penyelesaian persoalan optimasi yang mempunyai karakteristik tertentu.

Ide dasar Program Dinamik ialah membagi persoalan menjadi beberapa bagian yang lebih kecil sehingga memudahkan penyelesaiannya. Pada persoalan Program Dinamik tidak ada formulasi matematis yang standar. Karena itu persamaan-persamaan yang dipilih harus dikembangkan agar dapat memenuhi masing-masing situasi yang dihadapi. Dengan demikian, antara satu persoalan dengan persoalan yang lainnya dapat mempunyai struktur penyelesaian persoalan yang berbeda [3].

3. Proses Stokastik

Proses stokastik adalah himpunan peubah acak dalam bentuk $\{X_t(s), t \in T, s \in S\}$ dengan T adalah beberapa himpunan indeks yang disebut parameter *space* dan S adalah ruang sampel dari peubah acak yang disebut *state space*. Untuk setiap t tertentu, $X_t(s)$ menyatakan suatu peubah acak yang didefinisikan pada S . Untuk setiap s tertentu, $X_t(s)$ berhubungan dengan fungsi yang didefinisikan pada T yang disebut lintasan sampel (*sample path*). Secara singkat proses stokastik adalah himpunan peubah acak yang menggambarkan dinamika dari suatu proses [4].

4. Rantai Markov

Proses stokastik dengan waktu diskrit $\{X_t; t=0,1,2,\dots\}$, dengan X_t adalah peubah acak diskrit yang didefinisikan pada *state space* yang berhingga $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ atau tak berhingga terhitung $S = \{0, 1, 2, \dots\}$. Proses stokastik Markov adalah suatu proses stokastik dimana perilaku/ kelakuan sistem pada waktu yang akan datang (besok) hanya bergantung pada keadaan sekarang dan tidak bergantung pada keadaan yang lalu atau dapat dikatakan hanya bergantung pada keadaan satu langkah ke belakang [4].

B. Membentuk Model Markov Waktu Diskrit untuk Penyebaran Penyakit Menular

Pada tahap ini dilakukan pembangunan model probabilitas transisi dari penyakit menular yang memenuhi persyaratan teknik program dinamik. Kemudian ditunjukkan bagaimana parameter dari model yang diusulkan dapat di estimasi.

C. Membentuk Probabilitas Transisi Model Markov untuk Model Epidemik SIR

Pada tahap ini dilakukan analisis meliputi: persamaan *state* dinamik, distribusi penggerak kejadian, kendala dinamika penggerak dan kelayakan sehingga menghasilkan probabilitas transisi dari rantai Markov.

D. Penarikan Kesimpulan

Pada tahap ini dilakukan pembuatan kesimpulan berdasarkan hasil analisis.

III. ANALISIS DAN SIMULASI

A. Probabilitas Transisi untuk Penyebaran Penyakit Menular

Untuk mempermudah dalam membentuk model probabilitas transisi untuk penyebaran penyakit menular digunakan ide dasar dari teknik Program Dinamik yang membagi persoalan menjadi beberapa bagian yang lebih kecil sehingga memudahkan penyelesaiannya. Langkah-langkah dalam membentuk model probabilitas transisi untuk penyebaran penyakit menular yaitu:

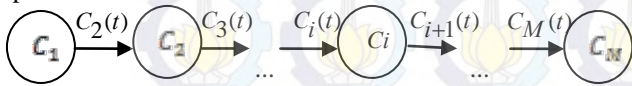
1. Menentukan kelas dan bentuk persamaan *state* dinamik.

Untuk menggambarkan langkah yang diperlukan dalam mengkonstruksi model probabilitas transisi penyebaran penyakit menular, perlu dipertimbangkan hipotesis penyakit menular yang dapat diringkas dengan M seri kelas, yaitu C_1, C_2, \dots, C_M . Didefinisikan pada waktu t , *state* dari Rantai Markov untuk penyakit menular adalah $X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)$ dengan $X_{C_i}(t)$ menunjukkan banyaknya individu di kelas C_i pada waktu t , untuk $i = 1, 2, \dots, M$, $X_{C_i}(t) = 0, 1, \dots, N$. Jika diasumsikan bahwa ukuran populasi tetap dan sama dengan N , maka persamaan *state* dinamik untuk penyakit ini adalah [1]:

$$\begin{aligned} X_{C_1}(t) + X_{C_2}(t) + \dots + X_{C_M}(t) &= N \\ \sum_{i=1}^M X_{C_i}(t) &= N \end{aligned} \quad (1)$$

Dengan menggunakan (1), *state* penyakit sepenuhnya diidentifikasi jika diketahui $(M-1)$ peubah dari $\{X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\}$.

State dari perubahan sistem sebagai peristiwa yang terjadi, disebut dinamika penggerak kejadian seperti yang dapat dilihat pada Gambar 2.



Gambar. 2. Dinamika Penggerak Kejadian dari Penyakit Menular dengan M seri kelas.

$C_{i+1}(t)$: penggerak kejadian berpindahnya individu dari kelas C_i ke C_{i+1} , yang merupakan peubah acak diskrit non-negatif yang mewakili banyaknya transisi dari kelas C_i ke C_{i+1} selama interval $[t, t+\Delta t]$.

Peubah acak $C_2(t), C_3(t), \dots, C_M(t)$ diasumsikan didistribusikan secara independen dan ditentukan hanya oleh *state* penyakit pada waktu t , yaitu $\{X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\}$

2. Menentukan distribusi probabilitas bersama dari penggerak kejadian dalam *state* penyakit pada waktu t .

Karena peubah acak $C_2(t), C_3(t), \dots, C_M(t)$ independen, maka fungsi massa probabilitas bersama dari penggerak kejadian dalam *state* penyakit pada waktu t [1]:

$$P_{(C_2(t), C_3(t), \dots, C_M(t)) | (c_2, c_3, \dots, c_M) | X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t))} \\ = \prod_{i=2}^M P_{C_i(t)}(c_i | X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)) \quad (2)$$

3. Membentuk kendala dinamika penggerak dan kendala dinamika kelayakan.

Himpunan kendala dinamika penggerak merupakan hubungan antara penggerak kejadian selama interval $[t, t+\Delta t]$ dengan *state* penyakit pada waktu t dan $t+\Delta t$. Kendala dinamika penggerak pada Gambar 2 dengan ukuran populasi tetap adalah:

$$X_{C_1}(t+\Delta t) = X_{C_1}(t) - C_2(t) \quad (3)$$

$$X_{C_M}(t+\Delta t) = X_{C_M}(t) + C_M(t) \quad (4)$$

$$X_{C_i}(t+\Delta t) = X_{C_i}(t) + C_i(t) - C_{i+1}(t) \text{ untuk } i \in \{2, 3, \dots, M-1\} \quad (5)$$

Dengan menjumlahkan (3), (4), dan (5) diperoleh:

$$\sum_{i=1}^M X_{C_i}(t+\Delta t) = \sum_{i=1}^M X_{C_i}(t) = N$$

Selanjutnya dicari rumus $C_i(t)$, $i \in \{2, 3, \dots, M\}$, dengan cara menyelesaikan himpunan (3) dan (5), sehingga diperoleh [1]:

$$C_i(t) = \sum_{j=1}^{i-1} (X_{C_j}(t) - X_{C_j}(t+\Delta t)), \text{ untuk } i \in \{2, 3, \dots, M\} \quad (6)$$

Mengingat bahwa peubah acak $C_i(t)$, $i \in \{2, 3, \dots, M\}$ non-negatif dan tidak melebihi jumlah individu dalam kelas C_{i-1} , maka (6) dapat digunakan untuk menurunkan kendala dinamika kelayakan, yang menentukan rentang layak untuk

state penyakit pada waktu $t+\Delta t$. Jika diberikan $\{X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\}$, dengan asumsi ukuran populasi tetap, maka kendala dinamika kelayakan untuk Gambar 2 menjadi [1]:

$$0 \leq C_i(t) \leq X_{C_{i-1}}(t)$$

$$0 \leq \sum_{j=1}^{i-1} (X_{C_j}(t) - X_{C_j}(t+\Delta t)) \leq X_{C_{i-1}}(t), \text{ untuk } i \in \{2, 3, \dots, M\} \quad (7)$$

4. Membentuk probabilitas transisi untuk Rantai Markov

$$\{(X_{C_1}(t), \dots, X_{C_M}(t)) : t = 1, 2, \dots\}$$

Dengan menggunakan rumus probabilitas transisi t langkah [4]

$$p_{ij}^{(t)} = p(X_t = j | X_0 = i)$$

diperoleh probabilitas transisi Δt langkah dari *state* penyakit yaitu:

$$p_{ij}^{(\Delta t)} = \Pr\{(X_{C_1}(t+\Delta t), X_{C_2}(t+\Delta t), \dots, X_{C_M}(t+\Delta t)) = (x_1, x_2, \dots, x_M) | \\ X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\} \quad (8)$$

Misalkan $\Omega_{X(t)}$ menunjukkan *state* penyakit pada waktu t ,

$\{X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\}$ mendukung peubah acak $\{X_{C_1}(t+\Delta t), X_{C_2}(t+\Delta t), \dots, X_{C_M}(t+\Delta t)\}$.

Sehingga dalam mencari (8), dukungan dari peubah acak $\{X_{C_1}(t+\Delta t), X_{C_2}(t+\Delta t), \dots, X_{C_M}(t+\Delta t) | (X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t))\}$ ditentukan oleh (7):

$$\Omega_{X(t)} = \{(x_1, x_2, \dots, x_M) \in N^M | 0 \leq \sum_{j=1}^{i-1} (X_{C_j}(t) - x_j) \leq X_{C_{i-1}}(t), \\ i \in \{2, 3, \dots, M\}\} \quad (9)$$

Jadi dengan menggunakan (2) dan (6), maka (8) dapat dihitung oleh [1]:

Untuk $(x_1, \dots, x_M) \in \Omega_{X(t)}$:

$$\Pr\{(X_{C_1}(t+\Delta t), X_{C_2}(t+\Delta t), \dots, X_{C_M}(t+\Delta t)) = (x_1, x_2, \dots, x_M) | \\ X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\} \\ = P_{(C_2(t), C_3(t), \dots, C_M(t))} \left(\sum_{j=1}^1 (X_{C_j}(t) - x_j), \sum_{j=1}^2 (X_{C_j}(t) - x_j), \dots, \right. \\ \left. \sum_{j=1}^{M-1} (X_{C_j}(t) - x_j) | X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t) \right)$$

Untuk (x_1, \dots, x_M) yang lain:

$$\Pr\{(X_{C_1}(t+\Delta t), X_{C_2}(t+\Delta t), \dots, X_{C_M}(t+\Delta t)) = (x_1, x_2, \dots, x_M) | \\ X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)\} = 0 \quad (10)$$

B. Estimasi Parameter untuk Penyebaran Penyakit Menular

Langkah-langkah dalam mengestimasi parameter dengan menggunakan metode *Maximum Likelihood Estimation* (MLE) meliputi dua tahap, yaitu:

1. Mengkonstruksi fungsi likelihood untuk model penyebaran penyakit menular.

Misalkan ingin diestimasi parameter $\omega = (\omega_1, \omega_2, \omega_z)$ dari Rantai Markov $\{(X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t)) : t=1, 2, \dots\}$, diasumsikan bahwa M-1 penggerak kejadian $\{C_2, C_3, \dots, C_M\}$ dapat diamati selama periode $[t, t+\Delta t]$. Dan penggerak kejadian $\{C_2, C_3, \dots, C_M\}$ dinotasikan dengan $C_k(t)$, dimana indeks $k \in O \subset \{2, 3, \dots, M\}$.

Dan dimisalkan:

- Vektor acak $D(t) = (C_k(t); k \in O)$ menunjukkan vektor dari pengamatan penggerak kejadian selama periode $[t, t+\Delta t]$, nilai-nilai yang diamati disimpan dalam vektor $\hat{D}_t = (\hat{C}_k(t))$.
- $\hat{C}_k(t)$ menunjukkan nilai yang diamati dari peristiwa $C_k, k \in O$ selama periode $[t, t+\Delta t]$.
- $\hat{X}(1) = (x_1^1, x_2^1, \dots, x_M^1)$ menunjukkan *state* awal penyebaran penyakit yang diamati.

Karena $\hat{D}_t = (\hat{C}_k(t))$, dan peubah acak $C_2(t), C_3(t), \dots, C_M(t)$ diasumsikan didistribusikan secara independen, maka fungsi densitas bersama untuk semua vektor pengamatan yaitu:

$$f(\hat{D}_1, \hat{D}_2, \dots, \hat{D}_t | \omega, \hat{X}(1)) = \prod_{i=1}^t f(\hat{D}_i | \omega, \hat{X}(1))$$

Sehingga pengkonstruksian fungsi *likelihood* dapat dinyatakan dengan:

$$L(\omega | \hat{D}_1, \hat{D}_2, \dots, \hat{D}_t, \hat{X}(1)) = \Pr\{D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \dots, D(t) = \hat{D}_t | \omega, \hat{X}(1)\} \quad (11)$$

Dengan menggunakan prinsip probabilitas bersyarat [5]

$$P(A_1 \cap A_2 \cap A_3 \cap \dots) = P(A_1)P(A_2 | A_1)P(A_3 | A_1 \cap A_2) \dots$$

persamaan (11) menjadi:

$$\begin{aligned} L(\omega | \hat{D}_1, \hat{D}_2, \dots, \hat{D}_t, \hat{X}(1)) &= \Pr\{D(t) = \hat{D}_t | D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \dots, \\ &D(t-1) = \hat{D}_{t-1}; \omega, \hat{X}(1)\} \times \Pr\{D(t-1) = \hat{D}_{t-1} | D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \\ &\dots, D(t-2) = \hat{D}_{t-2}; \omega, \hat{X}(1)\} \times \dots \times \Pr\{D(2) = \hat{D}_2 | D(1) = \hat{D}_1; \omega, \hat{X}(1)\} \\ &\times \Pr\{D(1) = \hat{D}_1 | \omega, \hat{X}(1)\} \end{aligned} \quad (12)$$

Selanjutnya untuk menghitung rumus

$$\Pr\{D(t) = \hat{D}_t | D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \dots, D(t-1) = \hat{D}_{t-1}; \omega, \hat{X}(1)\}$$

dalam fungsi *likelihood* pada (12) dapat dihitung menggunakan Persamaan Chapman-Kolmogorov [6]

$$p_{ij}^{(t)} = \sum_{k=0}^N p_{ik}^{(s)} p_{kj}^{(t-s)} = \sum_{k=0}^N p_{ik}^{(t-s)} p_{kj}^{(s)}; 0 \leq s \leq t$$

sehingga diperoleh [1]:

$$\begin{aligned} &\Pr\{D(t) = \hat{D}_t | D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \dots, D(t-1) = \hat{D}_{t-1}; \omega, \hat{X}(1)\} \\ &= \sum_{(x_1, x_2, \dots, x_M) \in \hat{\Omega}_t} (\Pr\{D(t) = \hat{D}_t | X(t) = (x_1, x_2, \dots, x_M)\}) \\ &\quad \Pr(D(1) = \hat{D}_1, D(2) = \hat{D}_2, \dots, D(t-1) = \hat{D}_{t-1}; \omega, \hat{X}(1)) \\ &= \sum_{(x_1, x_2, \dots, x_M) \in \hat{\Omega}_t} (\Pr\{D(t) = \hat{D}_t | X(t) = (x_1, x_2, \dots, x_M)\}) \end{aligned}$$

$$\frac{\pi_t(x_1, x_2, \dots, x_M; \omega, \hat{X}(1))}{\sum_{(x_1, x_2, \dots, x_M) \in \hat{\Omega}_t} \pi_t(x_1, x_2, \dots, x_M; \omega, \hat{X}(1))}$$

dengan:

$X(t) = (X_{C_1}(t), X_{C_2}(t), \dots, X_{C_M}(t))$: vektor acak yang merepresentasikan *state* penyebaran penyakit pada waktu t .

$\pi_t(x_1, x_2, \dots, x_M; \omega, \hat{X}(1))$: probabilitas bahwa pada waktu t *state* penyebaran penyakit adalah $X(t) = (x_1, x_2, \dots, x_M)$, parameter model adalah $\omega = (\omega_1, \omega_2, \omega_z)$, *state* awal penyebaran penyakit adalah $\hat{X}(1) = (x_1^1, x_2^1, \dots, x_M^1)$.

$\hat{\Omega}_t$: himpunan semua *state* penyebaran penyakit pada waktu t , yang diberikan pengamatan $\hat{D} = (\hat{D}_1, \hat{D}_2, \dots, \hat{D}_{t-1})$.

Untuk membatasi nilai yang mungkin dari *state* penyakit pada waktu t , dapat diperoleh dengan menggunakan (6) dan (7).

Misalkan:

$(y_1, y_2, \dots, y_M) \in \hat{\Omega}_{t-1}$: menunjukkan anggota dari himpunan $\hat{\Omega}_{t-1}$.

$(x_1, x_2, \dots, x_M) \in \hat{\Omega}_t$: menunjukkan anggota dari himpunan $\hat{\Omega}_t$.

sehingga himpunan $\hat{\Omega}_t$ menjadi [1]:

$$\begin{aligned} \hat{\Omega}_t &= \{(x_1, x_2, \dots, x_M) \in N^M | (y_1, y_2, \dots, y_M) \in \hat{\Omega}_{t-1}, \\ &0 \leq \sum_{j=1}^{i-1} (y_j - x_j) \leq y_{k-1}, i, k \in O \text{ dan } \hat{C}_i(t-1) = \sum_{j=1}^{i-1} (y_j - x_j), i \in O\} \end{aligned}$$

2. Memperoleh nilai estimator yang memaksimumkan fungsi *likelihood*

Memaksimumkan fungsi *likelihood* dilakukan dengan menurunkan (12) terhadap parameter $\omega = (\omega_1, \omega_2, \omega_z)$ dan disamadengankan nol.

$$\frac{\partial L}{\partial \omega} = 0$$

Sehingga diperoleh nilai estimator yaitu $\hat{\omega}$.

C. Probabilitas Transisi Untuk Model Epidemik SIR

Langkah-langkah dalam membentuk probabilitas transisi untuk model epidemik SIR yaitu:

1. Menentukan kelas dan bentuk persamaan *state* dinamik.

Didefinisikan:

$X_S(t)$: banyaknya individu di kelas *susceptible* (rentan) pada waktu t .

$X_I(t)$: banyaknya individu di kelas *infective* (terinfeksi) pada waktu t .

$X_R(t)$: banyaknya individu di kelas *recovered* (sembuh) pada waktu t .

Dalam model epidemik SIR hubungan antara banyaknya individu di setiap kelas kompartemen adalah:

$$X_S(t) + X_I(t) + X_R(t)$$

Karena jumlah populasi keseluruhan dari populasi *susceptible*, *infective*, dan *recovered* sama dengan N , maka persamaan *state* dinamik untuk model epidemik SIR adalah [1]:

$$X_S(t) + X_I(t) + X_R(t) = N \quad (13)$$

Untuk mengkonstruksi Model Markov, cukup dipilih dua dari tiga *state* model epidemik SIR. Sisanya dapat dicari melalui (13). Disini dipilih $(X_S(t), X_I(t))$ sebagai *state* dari Rantai Markov.

2. Menentukan distribusi probabilitas bersama dari penggerak kejadian pada waktu t .

Untuk menentukan distribusi probabilitas bersama dari penggerak kejadian $SI(t)$ yang bergantung pada *state* $(X_S(t), X_I(t))$, terlebih dahulu didefinisikan notasi berikut:

- $SI(t)$: penggerak kejadian berpindahnya individu dari kelas rentan S ke kelas infeksi I , yang mewakili banyaknya individu yang terinfeksi selama periode $[t, t+\Delta t]$.
- $IR(t)$: penggerak kejadian berpindahnya individu dari kelas infeksi I ke kelas sembuh R , yang mewakili banyaknya yang sembuh dari infeksi selama periode $[t, t+\Delta t]$.
- $s(t)$: probabilitas bahwa individu rentan menjadi terinfeksi saat bersentuhan dengan individu yang terinfeksi.
- $\beta(t)$: probabilitas bahwa interaksi berikutnya dari individu rentan acak dengan individu yang terinfeksi.
- $q(t)$: probabilitas keseluruhan bahwa setiap individu rentan dari *state* $X_S(t)$ menjadi terinfeksi.

Dalam mencari probabilitas $q(t)$, perlu diperhatikan bahwa:

- n adalah banyaknya individu rentan yang dapat terinfeksi, dan n adalah peubah acak berdistribusi Poisson dengan mean $\lambda\Delta t$.
- Dari n individu yang rentan terdapat j individu yang terinfeksi yang mempunyai distribusi binomial $(n, \beta(t))$. Jadi, probabilitas $q(t)$ dapat dihitung dengan:

$$q(t) = 1 - e^{-\lambda\Delta t\beta(t)s(t)}$$

dengan:

$$\beta(t) = \frac{X_I(t)}{N}$$

Banyaknya yang terinfeksi selama interval $[t, t+\Delta t]$ memiliki distribusi binomial, $B(X_S(t), q(t))$. Sehingga probabilitas untuk penggerak kejadian $SI(t)$ adalah:

Untuk $0 \leq i \leq X_S(t)$:

$$P_{SI(t)}(i | X_S(t), X_I(t)) = \binom{X_S(t)}{i} q(t)^i (1-q(t))^{X_S(t)-i} \quad (14)$$

Untuk i yang lain: $P_{SI(t)}(i | X_S(t), X_I(t)) = 0$

Untuk menentukan distribusi probabilitas bersama dari penggerak kejadian $IR(t)$ yang bergantung pada *state* $(X_S(t), X_I(t))$ terlebih dahulu didefinisikan parameter $\rho(t)$.

$\rho(t)$: probabilitas bahwa individu terinfeksi dari *state* $X_I(t)$ menjadi sembuh.

Jika diasumsikan periode infeksi (Δt) berdistribusi eksponensial dengan panjang rata-rata (mean) $\frac{1}{\mu_I}$, maka $\rho(t)$

dapat dihitung dengan menggunakan rumus fungsi distribusi kumulatif dari distribusi eksponensial.

$$\rho(t) = 1 - e^{-\mu_I \Delta t}$$

Banyaknya yang sembuh dari infeksi selama interval $[t, t+\Delta t]$ memiliki distribusi binomial, $B(X_I(t), \rho(t))$. Sehingga probabilitas untuk penggerak kejadian $IR(t)$ adalah:

Untuk $0 \leq r \leq X_I(t)$:

$$P_{IR(t)}(r | X_S(t), X_I(t)) = \binom{X_I(t)}{r} \rho(t)^r (1-\rho(t))^{X_I(t)-r} \quad (15)$$

Untuk r yang lain: $P_{IR(t)}(r | X_S(t), X_I(t)) = 0$

Untuk model epidemik SIR *state* $(X_S(t), X_I(t)) = (x_S, 0)$, $0 \leq x_S \leq N$ merupakan *state absorbing*, karena tidak ada infeksi tetap dalam populasi. Oleh karena itu, nilai dari $X_I(t)$ sama dengan nol.

Berdasarkan *state* $(X_S(t), X_I(t))$, maka probabilitas untuk penggerak kejadian $SI(t)$ pada (14) didefinisikan sebagai [1]:

Untuk $i = 0$: $P_{SI(t)}(i | (X_S(t), X_I(t)) = (x_S, 0)) = 1$

Untuk i yang lain: $P_{SI(t)}(i | (X_S(t), X_I(t)) = (x_S, 0)) = 0$

dan probabilitas untuk penggerak kejadian $R(t)$ pada (15) didefinisikan sebagai [1]:

Untuk $r = 0$: $P_{IR(t)}(r | (X_S(t), X_I(t)) = (x_S, 0)) = 1$

Untuk r yang lain: $P_{IR(t)}(r | (X_S(t), X_I(t)) = (x_S, 0)) = 0$

3. Membentuk kendala dinamika penggerak dan kendala dinamika kelayakan.

Kendala dinamika penggerak untuk model epidemik SIR dapat diperoleh dari (6).

Untuk penggerak kejadian $SI(t)$:

$$SI(t) = X_S(t) - X_S(t+\Delta t) \quad (16)$$

Untuk penggerak kejadian $IR(t)$:

$$IR(t) = (X_S(t) - X_S(t+\Delta t)) + (X_I(t) - X_I(t+\Delta t)) \quad (17)$$

Sedangkan kendala dinamika kelayakan untuk model epidemik SIR dapat diperoleh dengan (7).

Untuk penggerak kejadian $SI(t)$:

$$0 \leq (X_S(t) - X_S(t+\Delta t)) \leq X_S(t) \quad (18)$$

Untuk penggerak kejadian $IR(t)$:

$$0 \leq (X_S(t) - X_S(t+\Delta t)) + (X_I(t) - X_I(t+\Delta t)) \leq X_I(t) \quad (19)$$

persamaan (18) dan (19) ekuivalen dengan persamaan (20) dan (21):

$$0 \leq X_S(t+\Delta t) \leq X_S(t) \quad (20)$$

$$X_S(t) \leq X_S(t+\Delta t) + X_I(t+\Delta t) \leq X_S(t) + X_I(t) \quad (21)$$

Sehingga probabilitas dukungan pada (9) yang ditentukan oleh himpunan kendala dinamika kelayakan pada (20) dan (21) akan menjadi [1]:

$$\Omega_{(X_S(t), X_I(t))} = \{(x_S, x_I) \in N^2 | 0 \leq x_S \leq X_S(t), X_S(t) \leq x_S + x_I \leq X_S(t) + X_I(t)\} \quad (22)$$

4. Membentuk probabilitas transisi untuk Rantai Markov

$$\{(X_S(t), X_I(t)) : t = 1, 2, \dots\}$$

Probabilitas transisi $Pr\{(X_S(t+\Delta t), X_I(t+\Delta t)) = (x_S, x_I) | X_S(t), X_I(t)\}$ ditentukan dengan menggunakan (16), (17) dan (22). Karena di awal telah diasumsikan bahwa peubah acak

$SI(t)$ dan $IR(t)$ adalah independen, sesuai dengan (10) maka probabilitas transisi untuk Rantai Markov $\{(X_S(t), X_I(t)) : t = 1, 2, \dots\}$ sama dengan [1]:

Untuk $0 \leq x_S \leq X_S(t)$, $X_S(t) \leq x_S + x_I \leq X_S(t) + X_I(t)$:

$$Pr\{(X_S(t+\Delta t), X_I(t+\Delta t)) = (x_S, x_I) | X_S(t), X_I(t)\} = P_{SI(t)}(X_S(t) - x_S | X_S(t)).$$

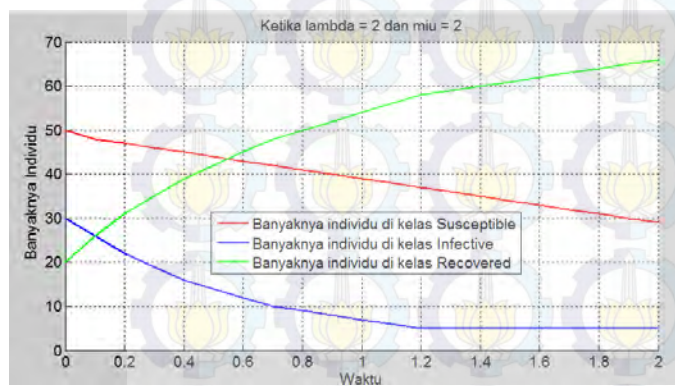
$$P_{IR(t)}((X_S(t) + X_I(t) - x_S - x_I) | X_S(t), X_I(t)).$$

Untuk x_S, x_I yang lain:

$$Pr\{(X_S(t+\Delta t), X_I(t+\Delta t)) = (x_S, x_I) | X_S(t), X_I(t)\} = 0$$

D. Contoh Kasus Model Epidemik SIR

Berikut diberikan contoh kasus yang digambarkan dalam grafik dengan menggunakan MATLAB R2009a untuk model epidemik SIR. Contoh kasus ini meliputi kasus untuk mengetahui hubungan banyaknya individu pada tiap kelas kompartemen terhadap waktu, dan hubungan antara probabilitas penggerak kejadian $SI(t)$ dan $IR(t)$ terhadap waktu ketika nilai $\lambda = \mu$. Dengan λ adalah banyaknya individu yang terinfeksi dalam suatu selang waktu pada distribusi poisson yang digunakan dalam menghitung probabilitas $q(t)$, $\lambda > 0$. Sedangkan $\mu > 0$ dengan $1/\mu$ adalah panjang rata-rata periode infeksi yang berdistribusi eksponensial, digunakan dalam menghitung probabilitas $\rho(t)$.



Gambar 3. Banyaknya individu pada tiap kelas kompartemen ketika $\lambda = 2$ dan $\mu = 2$



Gambar 4. Probabilitas penggerak kejadian $SI(t)$ dan $IR(t)$ ketika $\lambda = 2$ dan $\mu = 2$

Pada Gambar 3 ditunjukkan bahwa ketika $\lambda = 2$, $\mu = 2$, $N=100$, $X_S(1) = 50$, $X_I(1) = 30$, $X_R(1) = 20$, $\Delta t = 0,1$ dan $s(t) = 0,4$ banyaknya individu di kelas *susceptible* semakin berkurang dengan bertambahnya waktu, banyaknya individu di

kelas *infective* semakin berkurang dan mulai $t = 1.2$ jumlahnya konstan. Sedangkan banyaknya individu di kelas *recovered* semakin bertambah.

Pada Gambar 4 ditunjukkan bahwa probabilitas penggerak kejadian $SI(t)$ semakin menurun dengan bertambahnya waktu. Hal ini dikarenakan banyaknya individu di kelas *susceptible* semakin berkurang. Sedangkan probabilitas penggerak kejadian $IR(t)$, $P_{IR(t)}$ bergerak naik dan turun. Hal ini dikarenakan banyaknya individu di kelas *infective* semakin berkurang dan menuju konstan.

IV. KESIMPULAN

Dari hasil analisis model Markov waktu diskrit untuk penyebaran penyakit menular, didapatkan kesimpulan sebagai berikut :

1. Probabilitas banyaknya individu di kelas C_i pada waktu $t + \Delta t$ untuk $i = 1, 2, \dots, M$, jika diberikan banyaknya individu di kelas C_i pada waktu t , sama dengan probabilitas penggerak kejadian $C_i(t)$, $i = 2, 3, \dots, M$

dengan $C_i(t) = \sum_{j=1}^{i-1} (X_{C_j}(t) - X_{C_j}(t + \Delta t))$, jika diberikan

banyaknya individu di kelas C_i pada waktu t , dengan $X_{C_i}(t) = 0, 1, \dots, N$. Sedangkan jika banyaknya individu di kelas C_i pada waktu $t + \Delta t$ nilainya diluar $0, 1, \dots, N$, maka nilai probabilitasnya sama dengan nol.

2. Probabilitas banyaknya individu yang *susceptible* dan yang *infective* pada waktu $t + \Delta t$ jika diberikan banyaknya individu yang *susceptible* dan yang *infective* pada waktu t , sama dengan probabilitas penggerak dari *susceptible* ke *infective* pada waktu Δt dikalikan probabilitas penggerak dari *infective* ke *recovered* pada waktu Δt .

Dari hasil simulasi dapat diambil kesimpulan bahwa untuk $\lambda = \mu$, $\lambda > \mu$ dan $\lambda < \mu$ banyaknya individu yang *susceptible* semakin berkurang dengan bertambahnya waktu, banyaknya individu yang *infective* semakin berkurang dan menuju konstan. Sedangkan banyaknya individu yang *recovered* semakin bertambah.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] R. Yaesoubi, T. Cohen, "Generalized markov models of infectious disease spread: A novel framework for developing dynamic health policies". European Journal of Operation Research Vol. 215 (2011) 679-687.
- [2] A. Y. Hardiningsih, "Kajian model epidemik sir deterministik dan stokastik pada waktu diskrit". Surabaya: Jurusan Matematika ITS (2010).
- [3] Ana, N. (2009). "Penentuan Pola Release Air Waduk Gondang Berdasarkan Kondisi Musim Tahun Air Dengan Pendekatan Program Dinamik". Surabaya: Jurusan Matematika ITS.
- [4] W. A. Sari, "Perencanaan jumlah tenaga perawat di RSUD dr. soetomo menggunakan rantai markov". Surabaya: Jurusan Matematika ITS (2009).
- [5] R. E. Walpole, R. H. Myers, "Ilmu peluang dan statistika untuk insinyur dan ilmuwan". Bandung: Penerbit ITB (1986).
- [6] Y. A. R. Langi, "Penentuan klasifikasi state pada rantai markov dengan menggunakan nilai eigen dari matriks peluang transisi". Jurnal Ilmiah Sains Vol. 11 No. 1, April (2011) 124-130.