

## Simulasi Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Infected Susceptible (Dtmc Svis) Pada Pola Penyebaran Penyakit Influenza

Hafidh Rifqi Abdullah<sup>1</sup>, Respatiwan<sup>2</sup>, Sugiyanto<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup> Statistika, Universitas Sebelas Maret, [hafidh.rifqi@student.uns.ac.id](mailto:hafidh.rifqi@student.uns.ac.id)

---

**Keywords:**

Epidemic Model,  
SVIS,  
Vaccination,  
Influenza.

**Abstract:** Epidemic models are mathematical model that are built to describe patterns of disease spread. Influenza is an acute respiratory infection that is epidemic worldwide. Influenza disease has a characteristic that provides temporary immunity when recovered. An epidemic model with similar characteristics to influenza is the susceptible infected susceptible (SIS) model. One way to control influenza disease is by vaccination. The SIS epidemic model with vaccination is the susceptible vaccinated infected susceptible (SVIS) epidemic model. There are three groups of individuals in the SVIS epidemic model, namely susceptible (S), vaccinated (V) and infected (I). Changes in the state of susceptible, vaccinated and infected individuals occur randomly in discrete time so that it can be called discrete time markov chain susceptible vaccinated infected susceptible (DTMC SVIS). The purpose of this study is to modify the SIS model by adding a vaccinated group and simulate it in influenza disease. The simulation is made by modifying several parameter values. The simulation results of the DTMC SVIS model show that increasing the vaccination rate parameter cannot significantly reduce the number of influenza infections. The spread of influenza disease can be prevented by reducing the transmission rate parameter.

**Kata Kunci:**

Model Epidemi,  
SVIS,  
Vaksinasi,  
Influenza.

**Abstrak:** Model epidemi adalah pemodelan matematika yang dibangun untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit. Influenza adalah infeksi saluran pernapasan akut yang menjadi epidemi di seluruh dunia. Penyakit influenza memiliki karakteristik yaitu memberikan kekebalan sementara pada saat sembuh. Model epidemi yang berkarakteristik serupa dengan influenza adalah model *susceptible infected susceptible* (SIS). Salah satu cara pengendalian penyakit influenza dengan pemberian vaksinasi. Model epidemi SIS dengan pemberian vaksinasi adalah model epidemi *susceptible vaccinated infected susceptible* (SVIS). Terdapat tiga kelompok individu dalam model epidemi SVIS yaitu *susceptible* (S), *vaccinated* (V) dan *infected* (I). Perubahan *state* individu *susceptible*, *vaccinated*, dan *infected* terjadi secara random dalam waktu diskrit sehingga dapat disebut *discrete time markov chain susceptible vaccinated infected susceptible* (DTMC SVIS). Tujuan penelitian ini adalah memodifikasi model SIS dengan menambah kelompok *vaccinated* dan mensimulasikannya pada penyakit influenza. Simulasi dibuat dengan modifikasi beberapa nilai parameter. Hasil simulasi model DTMC SVIS menunjukkan bahwa peningkatan parameter laju vaksinasi tidak dapat menurunkan angka infeksi influenza secara signifikan. Penyebaran penyakit influenza dapat dicegah dengan mengurangi parameter laju penularan.

---

**Article History:**

Received: 27-03-2023

Online : 05-04-2023



This is an open access article under the [CC-BY-SA](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/) license



### A. LATAR BELAKANG

Epidemi adalah penyebaran penyakit yang terjadi secara cepat dalam suatu kelompok individu di area geografis tertentu (Kementrian Kesehatan Republik Indonesia 2022). Epidemii dapat mengakibatkan banyak kerugian di sisi finansial maupun kematian. Epidemii dapat disebabkan oleh virus, bakteri, dan jamur. Epidemii yang disebabkan oleh virus dapat berlangsung dengan cepat karena masa inkubasi virus yang singkat.

Model epidemii adalah pemodelan matematika yang dibangun untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit. Model epidemii dapat disimulasikan guna melakukan tindakan preventif untuk mengurangi dampak dari suatu penyakit. (Allen dan Burgin 2000) merumuskan pola penyebaran penyakit dalam model epidemii *SIS*. Model epidemii *SIS* memiliki asumsi bahwa individu dalam kelompok *susceptible* akan berpindah ke kelompok *infected* dipengaruhi oleh laju infeksi Selanjutnya, individu dalam kelompok *infected* akan kembali ke kelompok *susceptible* dipengaruhi oleh laju kesembuhan.

Berdasarkan peninjauan secara probabilistik, pola penyebaran penyakit antara lain dapat dibagi menjadi tiga model, yaitu *DTMC* (*Discrete Time Markov Chain*), *CTMC* (*Continuous Time Markov Chain*), dan *SDE* (*Stochastic Differential Equation*) (Allen dan Allen 2003). Model *DTMC* adalah suatu model proses stokastik dengan *state* diskrit dan waktu diskrit. Proses stokastik adalah proses untuk menggambarkan perubahan *state* dari variabel *random* yang terjadi secara probabilistik dalam waktu tertentu. Proses stokastik *state* diskrit waktu diskrit menggunakan himpunan variabel *random* bernilai diskrit yang berpindah *state* dalam waktu diskrit. Model *DTMC* terjadi dalam proses markov yaitu proses di mana keadaan di masa depan hanya bergantung pada keadaan saat ini dan bukan pada keadaan masa lalu.

Sebagian besar jenis penyakit influenza hanya memberikan kekebalan sementara terhadap infeksi ulang pada saat pemulihan (Brauer, *et. al.* 2008). Virus influenza dapat mengalami perubahan antigenik terus-menerus. Dengan demikian, epidemii dan pandemi baru, akan terjadi kembali di masa depan, sehingga akhir epidemii dari penyakit influenza akan sulit dicapai (Palese 2004). Pemodelan *SIS* lebih cocok untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit influenza.

Menurut (World Health Organization 2023), influenza adalah infeksi saluran pernapasan akut yang disebabkan oleh virus influenza yang beredar di seluruh belahan dunia. Terdapat 4 tipe virus influenza musiman, yaitu tipe A, B, C dan D. Tipe virus A dan B seringkali mengakibatkan epidemii musiman influenza. Menurut (Monto, *et. al.* 2000), penyakit influenza memiliki gejala yaitu batuk, demam, hidung tersumbat dan peningkatan suhu tubuh. Penyebaran virus influenza dapat melalui udara, kontak langsung antar manusia maupun kontak tidak langsung (Weinstein, *et. al.* 2003).

Vaksinasi adalah strategi utama untuk pencegahan dan pengendalian influenza (Lambert dan Fauci 2010). Terdapat berbagai macam tipe vaksinasi yang efektif dalam mencegah influenza dan komplikasi penyakit yang disebabkan oleh influenza. Perlindungan yang diberikan oleh vaksin sangat bervariasi, bergantung pada kecocokan antigen manusia terhadap virus yang menyebar selama epidemii influenza. Usia penerima vaksinasi juga berpengaruh terhadap efektivitas vaksinasi.

Pemodelan yang telah dirumuskan sebelumnya oleh (Allen dan Burgin 2000), model *SIS* dapat dikembangkan lebih lanjut menjadi model *SVIS*. Penambahan kelompok individu *vaccinated* bertujuan untuk mengetahui apakah pemberian vaksinasi dapat memperlambat laju infeksi. Penelitian yang telah dilakukan oleh (Ramadhan, dkk. 2018) merumuskan model epidemii *Continuous Time Markov Chain*

*Susceptible Vaccinated Infected Susceptible (CTMC SVIS)*. Penelitian tersebut membahas kasus influenza dalam periode waktu mingguan yang terjadi di Amerika Serikat pada tahun 2015-2016. Hasil yang diperoleh dalam penelitian tersebut yaitu pemberian vaksinasi yang rendah berpengaruh terhadap peningkatan jumlah individu terinfeksi.

Penelitian ini akan menurunkan ulang model epidemi *Discrete Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Infected Susceptible (DTMC SVIS)* dan menyimulasikannya pada penyakit influenza. Penambahan vaksinasi dalam model ini diharapkan dapat menghambat penyebaran penyakit influenza. Proses penurunan model *SVIS* diawali dengan menentukan asumsi, variabel random, dan probabilitas transisinya. Berdasarkan model yang telah diperoleh, dilakukan simulasi numerik terhadap penyakit influenza. Simulasi dilakukan dengan menentukan nilai parameter, jumlah populasi, dan nilai mula-mula individu dalam setiap kelompok. Berdasarkan hasil simulasi, diperoleh pola penyebaran yang berbeda, sehingga dapat ditarik kesimpulan pada model.

### B. METODE

Metode yang digunakan adalah dengan mempelajari teori dari karya ilmiah jurnal maupun buku referensi yang relevan terhadap permasalahan yang dirumuskan. Referensi teori yang relevan terhadap penelitian ini diperoleh dari jurnal, buku, artikel, karya ilmiah dan juga publikasi di internet. Tujuan utamanya adalah memperdalam perumusan masalah dan sebagai landasan teori untuk membangun dan menerapkan pada model epidemi *DTMC SVIS*. Langkah-langkah yang harus dilakukan adalah sebagai berikut:

1. Proses menurunkan model *DTMC SVIS* terdiri dari.
  - a. Menentukan asumsi model.
  - b. Menentukan parameter dari variabel random.
  - c. Menentukan probabilitas transisi.
2. Melakukan simulasi model *DTMC SVIS* pada pola penyebaran penyakit influenza.
  - a. Menentukan nilai parameter dan jumlah poplasi.
  - b. Menetapkan nilai mula-mula  $S(0)$ ,  $V(0)$  dan  $I(0)$ .
  - c. Simulasi model dilakukan dengan mengubah nilai parameter.
  - d. Membuat plot dari simulasi model *DTMC SVIS*.
3. Menginterpretasi dan menarik kesimpulan dari hasil simulasi numerik.

### C. HASIL DAN PEMBAHASAN

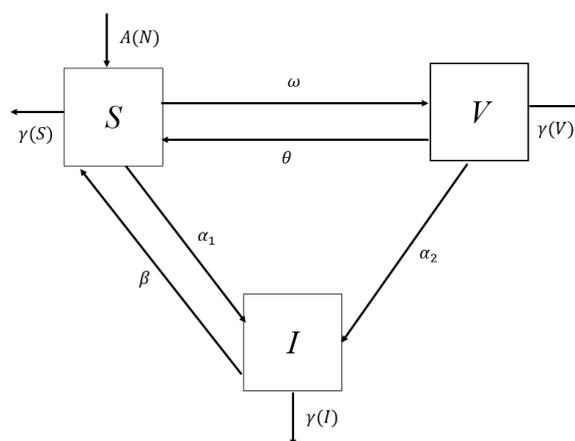
#### 1. Model Epidemi *DTMC SVIS*

Model epidemi *susceptible vaccinated infected susceptible (SVIS)* merupakan modifikasi dari model epidemi *susceptible infected susceptible (SIS)* yang telah dirumuskan oleh (Allen dan Burgin 2000). Berdasarkan penelitian (Palese 2004), model epidemi *SIS* sesuai untuk diterapkan terhadap penyakit influenza karena virus influenza dapat bermutasi dan menularkan kembali virus tersebut kepada individu yang sebelumnya telah sembuh. Model epidemi *SIS* menyatakan bahwa individu dalam populasi dikelompokkan menjadi dua, yaitu kelompok individu *susceptible*/rentan ( $S$ ) dan *infected*/terinfeksi ( $I$ ). Perubahan individu dari kelompok *susceptible* ke kelompok *infected* terjadi karena individu dalam kelompok *susceptible* terkena penularan penyakit dari individu dalam kelompok *infected*. Individu dalam kelompok *infected* akan sembuh, lalu kembali ke dalam kelompok

*susceptible* karena individu tersebut tidak memiliki kekebalan permanen, sehingga menjadi rentan kembali terhadap penyakit yang sama. Menurut (Li, *et. al.* 2007) dan (Khoirudin, dkk. 2019) model epidemi *SIS* memiliki asumsi pemodelan sebagai berikut:

1. Populasi konstan, jumlah individu dalam populasi tetap.
2. Populasi tertutup, tidak ada individu yang masuk dan keluar dari populasi.
3. Populasi homogen, individu memiliki peluang yang sama untuk tertular penyakit
4. Hanya terdapat satu penyakit dalam populasi

(Lambert dan Fauci 2010) mengatakan bahwa vaksinasi adalah strategi utama untuk mengontrol penyebaran influenza, maka penambahan kelompok *vaccinated* dalam pemodelan ini ditunjukkan untuk melihat apakah pemberian vaksinasi dapat mengontrol penyebaran penyakit influenza tersebut. Menurut (Ramadhan, dkk. 2018), model epidemi *SVIS* memiliki beberapa asumsi dalam pembentukan modelnya. Semua bayi baru lahir diasumsikan sebagai individu dalam kelompok *susceptible* dengan laju  $A(N)$ . Tidak terdapat kematian yang disebabkan oleh influenza, melainkan hanya terdapat kematian alami untuk setiap individu dalam populasi dengan laju  $\gamma N$ . Jumlah bayi baru lahir sama dengan jumlah kematian, maka  $A(N) = \gamma N$ . Individu dalam kelompok *infected* berasal dari individu yang pada mulanya berada dalam kelompok *susceptible*, kemudian tertular penyakit dengan laju  $\alpha_1$ . Menurut (Arino, *et. al.* 2004), individu tervaksinasi merupakan individu dalam kelompok *susceptible* yang diberi vaksinasi dengan laju  $\omega$ . Vaksinasi tidak memberikan perlindungan sempurna, maka penyakit dapat menular terhadap individu yang telah tervaksinasi dengan laju  $\alpha_2$ . Menurut (Brauer *et. al.* 2008) dan (Ramadhan, dkk. 2018), dalam model *SVIS* laju infeksi pada kelompok individu *infected* lebih besar dari laju infeksi pada kelompok individu *vaccinated* maka parameternya dapat dituliskan sebagai berikut  $\alpha_1 > \alpha_2$ . Selain itu, vaksinasi influenza tidak dapat memberikan kekebalan permanen, maka individu yang telah divaksinasi dapat kehilangan kekebalan dan kembali menjadi individu rentan dengan laju  $\theta$ . Individu dalam kelompok *infected* akan sembuh dengan laju  $\beta$ . Berdasarkan asumsi di atas, maka dibuat diagram transisi model *SVIS* seperti ditampilkan pada Gambar 1.



**Gambar 1.** Diagram model epidemi *SVIS*

Variabel random bebas dalam penelitian ini adalah jumlah individu dalam kelompok *susceptible*, *vaccinated*, dan *infected* dalam selang waktu  $t$ , yang secara berurutan dinyatakan sebagai  $S(t), V(t), I(t)$ . Probabilitas bersama untuk model *DTMC SVIS* dirumuskan sebagai berikut.

$$P_{(s,v,i)}(t) = P[S(t) = s, V(t) = v, I(t) = i] \quad (1)$$

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

Perubahan individu antar *state* terjadi dalam selang waktu  $\Delta t$  terhadap waktu diskrit  $T = \{0, 1, 2, \dots\}$ . Transisi individu dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s + j, v + k, i + l)$  dalam selang waktu  $\Delta t$  hanya memungkinkan satu individu. Jumlah individu bertransisi dari kelompok *susceptible* pada selang waktu  $\Delta t$  adalah  $j$ , jumlah individu bertransisi dari kelompok *vaccinated* pada selang waktu  $\Delta t$  adalah  $k$ , dan jumlah individu bertransisi dari kelompok *infected* pada selang waktu  $\Delta t$  adalah  $l$ . Probabilitas transisi untuk model epidemi DTMC SVIS dengan selang waktu  $\Delta t$  adalah

$$P_{(s+j,v+k,i+l)(s,v,i)}(\Delta t) = P[S(t + \Delta t), V(t + \Delta t), I(t + \Delta t) | (S(t), V(t), I(t)) = (s, v, i)] \quad (2)$$

Probabilitas transisi untuk asumsi bayi baru lahir yaitu

$$P_{(s+1,v,i)(s,v,i)}(\Delta t) = A(N)\Delta t \quad (3)$$

Probabilitas transisi untuk asumsi individu dalam kelompok *susceptible* yang meninggal bukan karena influenza

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

Probabilitas transisi untuk asumsi individu dalam kelompok *vaccinated* yang meninggal bukan karena influenza

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

Probabilitas transisi untuk asumsi individu dalam kelompok *vaccinated* yang meninggal bukan karena influenza

$$P_{(s,v,i-1)(s,v,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t \quad (6)$$

Populasi dianggap konstan, maka banyak bayi yang baru lahir dan jumlah kematian dari setiap kelompok bukan karena influenza adalah sama. Persamaan (3), (4), (5) dan (6) dapat dituliskan sebagai berikut.

$$\begin{aligned} A(N) &= \gamma s + \gamma v + \gamma i \\ A(N) &= \gamma N \end{aligned} \quad (7)$$

Individu dari kelompok *susceptible* berpindah ke individu kelompok *infected* maka terjadi transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s-1, v, i+1)$ . Probabilitas transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s-1, v, i+1)$  dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s-1,v,i+1)(s,v,i)}(\Delta t) = \frac{\alpha_1}{N} s i \Delta t \quad (8)$$

Individu dari kelompok *vaccinated* berpindah ke individu kelompok *infected* maka terjadi transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s, v-1, i+1)$ . Probabilitas transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s, v-1, i+1)$ . dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s,v-1,i+1)(s,v,i)}(\Delta t) = \frac{\alpha_2}{N} v i \Delta t \quad (9)$$

Individu kelompok *susceptible* berpindah ke individu kelompok *vaccinated* maka terjadi transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s-1, v+1, i)$ . Probabilitas transisi dari *state*  $(s, v, i)$  ke *state*  $(s-1, v+1, i)$  dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s-1,v+1,i)(s,v,i)}(\Delta t) = \omega s \Delta t \quad (10)$$

Individu kelompok *vaccinated* berpindah ke individu kelompok *susceptible* maka terjadi transisi dari *state*  $(s,v,i)$  ke *state*  $(s+1,v-1,i)$ . Probabilitas transisi dari *state*  $(s,v,i)$  ke *state*  $(s+1,v-1,i)$  dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s+1,v-1,i)(s,v,i)}(\Delta t) = \theta v \Delta t \tag{11}$$

Individu kelompok *infected* berpindah ke individu kelompok *susceptible* maka terjadi transisi dari *state*  $(s,v,i)$  ke *state*  $(s+1,v,i-1)$ . Probabilitas transisi dari *state*  $(s,v,i)$  ke *state*  $(s+1,v,i-1)$  dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s+1,v,i-1)(s,v,i)}(\Delta t) = \beta i \Delta t \tag{12}$$

Ketika tidak ada penambahan dan pengurangan jumlah individu dalam setiap kelompok. Probabilitas transisi *state*  $(s,v,i)$  ke *state*  $(s,v,i)$  dinyatakan sebagai berikut

$$P_{(s,v,i)(s,v,i)}(\Delta t) = 1 - \left[ \frac{\alpha_1}{N} si + \frac{\alpha_2}{N} vi + \omega s + \theta v + \beta i \right] \Delta t \tag{13}$$

Persamaan (8), (9), (10), (11), (12), dan (13) dapat disederhanakan kembali menjadi persamaan baru sebagai berikut:

$$p_{(s,v,i),(s+j,v+k,i+l)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\alpha_1}{N} si \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 0, 1) \\ \frac{\alpha_2}{N} vi \Delta t, & (j, k, l) = (0, -1, 1) \\ \omega s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0) \\ \theta v \Delta t, & (j, k, l) = (1, -1, 0) \\ \beta i \Delta t, & (j, k, l) = (1, 0, -1) \\ 1 - \left[ \frac{\alpha_1}{N} si + \frac{\alpha_2}{N} vi + \omega s + \theta v + \beta i \right] \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 0) \\ 0, & \text{lainnya} \end{cases} \tag{13}$$

**2. Simulasi Model**

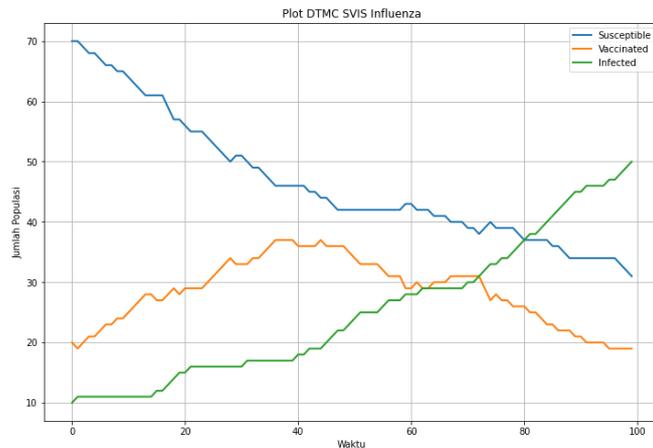
Model *DTMC SVIS* disimulasikan terhadap pola penyebaran penyakit influenza. Pola penyebaran influenza diamati pada jumlah populasi  $N = 100$ . Nilai mula-mula dari setiap kelompok individu diperoleh dari penelitian (Ramadhan dkk. 2018). Proporsi nilai mula-mula dari jumlah populasi yaitu 70% individu *susceptible*, 20% invidu *vaccinated*, dan 10% individu *infected*. Simulasi dijalankan sebanyak 2 kali dengan mengubah beberapa nilai parameter. Nilai parameter dituliskan pada tabel 1.

**Tabel 1.** Simulasi model *DTMC SVIS* dengan parameter berbeda

No.	Nama	S(0)	V(0)	I(0)	$\alpha_1$	$\alpha_2$	$\omega$	$\theta$	$\beta$
1	Ramadhan dkk.	70	20	10	0,145	0,067	0,012	0,005	0,071
2	Simulasi I	70	20	10	0,145	0,067	0,04	0,002	0,071
3	Simulasi II	70	20	10	0,110	0,045	0,04	0,002	0,071

Berdasarkan hasil simulasi dijelaskan sebagai berikut

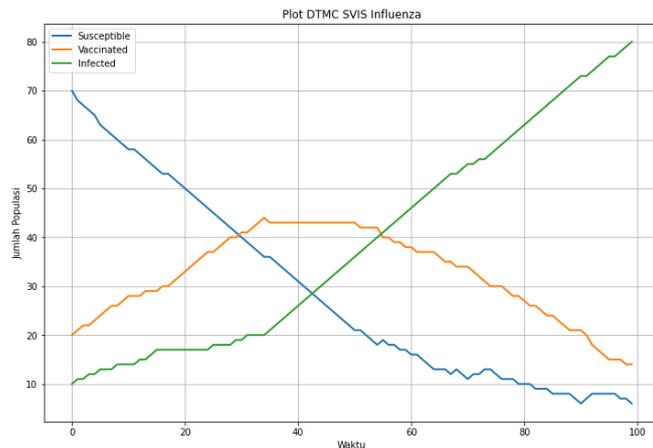
a. Ramadhan dkk.



**Gambar 2** Pola penyebaran penyakit dengan  $\alpha_1 = 0,145$ ;  
 $\alpha_2 = 0,067$ ;  $\omega = 0,012$ ;  $\theta = 0,005$ ;  $\beta = 0,071$

Hasil simulasi pada Gambar 2 menunjukkan perpindahan individu dengan nilai mula-mula kelompok *susceptible*  $S(0) = 70$ , kelompok *vaccinated*  $V(0) = 20$ , dan kelompok *infected*  $I(0) = 10$ . Simulasi menunjukkan bahwa pada  $t = 0$  sampai  $t = 100$  jumlah individu *susceptible* memiliki pola menurun seiring berjalannya waktu. Individu *infected* memiliki pola naik terlihat pada nilai mula-mula berjumlah 10 individu yang, lalu naik hingga  $t = 100$  berjumlah 50 individu terinfeksi. Jumlah individu *vaccinated* berfluktuasi, terlihat pada  $t = 0$  sampai  $t = 40$  yang naik, namun turun kembali pada  $t = 45$  sampai  $t = 100$

b. Simulasi I

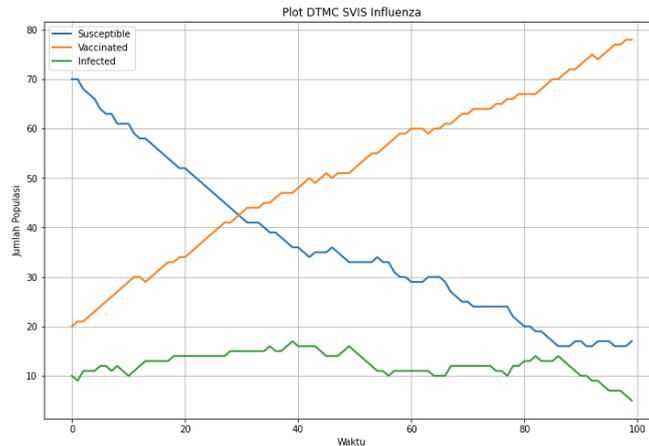


**Gambar 3.** Pola penyebaran penyakit dengan  $\alpha_1 = 0,145$ ;  
 $\alpha_2 = 0,067$ ;  $\omega = 0,04$ ;  $\theta = 0,02$ ;  $\beta = 0,071$

Hasil simulasi pada Gambar 3 menunjukkan perpindahan individu dengan nilai mula-mula kelompok *susceptible*  $S(0) = 70$ , kelompok *vaccinated*  $V(0) = 20$ , dan kelompok *infected*  $I(0) = 10$ . Simulasi menunjukkan bahwa pada  $t = 0$  sampai  $t = 100$  jumlah individu *susceptible* memiliki pola menurun seiring berjalannya waktu. Individu *infected* memiliki pola naik terlihat pada nilai mula-mula berjumlah 10 individu, lalu naik hingga  $t = 100$  berjumlah

80 individu terinfeksi. Jumlah individu *vaccinated* berfluktuasi, terlihat pada  $t = 0$  sampai  $t = 35$  yang naik, namun turun kembali pada  $t = 60$  sampai  $t = 100$ .

c. Simulasi II



**Gambar 4.** Pola penyebaran penyakit pada dengan  $\alpha_1 = 0,011$ ;  $\alpha_2 = 0,045$ ;  $\omega = 0,4$ ;  $\theta = 0,002$ ;  $\beta = 0,071$

Hasil simulasi pada Gambar 4 menunjukkan perpindahan individu dengan nilai mula-mula kelompok *susceptible*  $S(0) = 70$ , kelompok *vaccinated*  $V(0) = 20$ , dan kelompok *infected*  $I(0) = 10$ . Simulasi menunjukkan bahwa pada  $t = 0$  sampai  $t = 100$  jumlah individu *susceptible* memiliki pola menurun seiring berjalannya waktu. Jumlah individu *infected* menurun pada  $t = 90$  sampai  $t = 100$ . Kelompok *vaccinated* memiliki pola naik terlihat pada nilai mula-mula berjumlah 20 individu lalu naik hingga  $t = 100$  berjumlah 78 individu tervaksinasi.

**D. SIMPULAN DAN SARAN**

**1. Simpulan**

a. Model epidemi *DTMC SVIS* dinyatakan sebagai berikut

$$p_{(s,v,i),(s+j,v+k,i+l)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\alpha_1}{N} si\Delta t, & (j, k, l) = (-1, 0, 1) \\ \frac{\alpha_2}{N} vi\Delta t, & (j, k, l) = (0, -1, 1) \\ \omega s\Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0) \\ \theta v\Delta t, & (j, k, l) = (1, -1, 0) \\ \beta i\Delta t, & (j, k, l) = (1, 0, -1) \\ 1 - \left[ \frac{\alpha_1}{N} si + \frac{\alpha_2}{N} vi + \omega s + \theta v + \beta i \right] \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 0) \\ 0, & \text{lainnya} \end{cases}$$

b. Berdasarkan hasil simulasi peningkatan parameter laju vaksinasi tidak dapat menurunkan angka infeksi influenza secara signifikan. Penularan penyakit influenza dapat dihambat dengan memperkecil parameter laju penularan.

## Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram  
Mataram, 05 April 2023  
ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023  
pp. 136-144

### 2. Saran

Model *DTMC SVIS* dapat dikembangkan lebih lanjut dengan menambah kelompok individu dan probabilitas transisi baru. Simulasi dapat dikembangkan lagi dengan menambah atau mengurangi nilai mula-mula.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sebelas Maret beserta seluruh dosen, staf, dan mahasiswa yang telah membantu Penulis dalam menyelesaikan penelitian ini.

### REFERENSI

- Allen, Linda J. S., dan Edward J. Allen. 2003. "A comparison of three different stochastic population models with regard to persistence time." *Theoretical Population Biology* 64(4):439–49. doi: 10.1016/S0040-5809(03)00104-7.
- Allen, Linda J. S., dan Amy M. Burgin. 2000. "Comparison of deterministic and stochastic SIS and SIR models in discrete time." *Mathematical Biosciences* 163(1):1–33. doi: 10.1016/S0025-5564(99)00047-4.
- Arino, Julien, K. L. Cooke, P. van den Driessche, dan J. Velasco-Hernández. 2004. "An epidemiology model that includes a leaky vaccine with a general waning function." *Discrete & Continuous Dynamical Systems - B* 4(2):479–95. doi: 10.3934/dcdsb.2004.4.479.
- Brauer, Fred, Pauline Van Den Driessche, dan Jianhong Wu. 2008. *Mathematical Epidemiology*. Springer.
- Kemntrian Kesehatan Republik Indonesia. 2022. "Memahami Epidemi, Endemi, dan Pandemi." <https://mediakom.kemkes.go.id/2022/04/memahami-epidemi-endemi-dan-pandemi/>.
- Khoirudin, Mirza Hanif, Respatiwulan, dan Irwan Susanto. 2019. "Pola Penyebaran Penyakit Malaria Menggunakan Model Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Susceptible (DTMC SIS)." dalam *Seminar Nasional Sanis dan Entrepreneurship*.
- Lambert, Linda C., dan Anthony S. Fauci. 2010. "Influenza Vaccines for the Future." *The New England Journal of Medicine* 363(21):2036–44.
- Li, Jianquan, Zhien Ma, dan Fred Brauer. 2007. "Global analysis of discrete-time SI and SIS epidemic models." *Mathematical Biosciences and Engineering* 4(4):699–710. doi: 10.3934/mbe.2007.4.699.
- Monto, Arnold S., Stefan Gravenstein, Michael Elliott, Michael Colopy, dan Jo Schweinle. 2000. "Clinical Signs and Symptoms Predicting Influenza Infection." *Archives of Internal Medicine* 160(21):3243. doi: 10.1001/archinte.160.21.3243.
- Palese, Peter. 2004. *Influenza: Old and new threats*. Vol. 10. doi: 10.1038/nm1141.
- Ramadhan, M. K., B. D. Handari, dan D. Aldila. 2018. "Construction of a stochastic SVIS model for prevention of influenza spread with vaccines." dalam *AIP Conference Proceedings*. Vol. 2023. American Institute of Physics Inc.
- Weinstein, R. A., C. B. Bridges, M. J. Kuehnert, dan C. B. Hall. 2003. "Transmission of Influenza: Implications for Control in Health Care Settings." *Clinical Infectious Diseases* 37(8):1094–1101. doi: 10.1086/378292.
- World Health Organization. 2023. "Influenza (Seasonal)." [https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal)).