

Model Epidemi Discrete-Time Markov Chains Susceptible Exposed Infected Susceptible (Dtmc Seis) Penyakit Tuberkulosis Pada Dua Daerah

Adjie Dwi Sulistyono¹, Respatiwulan², Isnandar Slamet³

¹Program Studi Statistika, Universitas Sebelas Maret, adjiest01@student.uns.ac.id

²Program Studi Statistika, Universitas Sebelas Maret, respatiwulan@staff.uns.ac.id

³Program Studi Statistika, Universitas Sebelas Maret, isnandarlamet@staff.uns.ac.id

Keywords:

Dispersal,
DTMC SEIS,
Infection,
Tuberculosis

Abstract: *The susceptible-exposed-infected-susceptible (SEIS) epidemic model is an extension of the susceptible-infected-susceptible (SIS) epidemic model which describes the pattern of disease spread in which recovered individuals can be re-infected. The population of the SEIS epidemic model is divided into four groups, namely susceptible (S), exposed (E), and infected (I). The SEIS epidemic model reviewed in discrete-time intervals and following the Markov process can be described with the discrete-time Markov chain (DTMC) epidemic model. The DTMC SEIS epidemic model can be developed in more than one region due to individuals moving from one region to another. The purpose of this study was to construct and simulate a DTMC SEIS epidemic model of tuberculosis in two regions. This study uses the parameters contact rate $\beta_1 = \beta_2 = 0.1211$, infection rate $\sigma_1 = \sigma_2 = 0.9024$, recovery rate $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.0124$, and death rate $\delta_b = 0$. There are two processes in this study, namely the infection process and the dispersal process. Based on the application of the model, it was found that in each region the number of susceptible individuals decreased over time, while the number of exposed and infected individuals increased over time.*

Kata Kunci:

Dispersal,
DTMC SEIS,
Infeksi,
Tuberculosis

Abstrak: Model epidemi *susceptible-exposed-infected-susceptible (SEIS)* merupakan pengembangan terhadap model epidemi *susceptible-infected-susceptible (SIS)* yang menggambarkan pola penyebaran penyakit dengan individu sembuh dapat terinfeksi kembali. Populasi model epidemi SEIS terbagi dalam tiga kelompok, yaitu *susceptible (S)*, *exposed (E)*, dan *infected (I)*. Model epidemi SEIS yang ditinjau dalam interval waktu diskrit dan mengikuti proses Markov dapat digambarkan dengan model epidemi *discrete-time Markov chain (DTMC)*. Model epidemi DTMC SEIS dapat dikembangkan pada lebih dari satu daerah dikarenakan adanya individu yang berpindah dari daerah satu menuju daerah lain. Tujuan penelitian ini adalah mengonstruksikan dan menyimulasikan model epidemi DTMC SEIS penyakit tuberkulosis pada dua daerah. Penelitian ini menggunakan parameter laju kontak $\beta_1 = \beta_2 = 0.1211$, laju infeksi $\sigma_1 = \sigma_2 = 0.9024$, laju kesembuhan $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.0124$, dan laju kematian $\delta_b = 0$. Terdapat dua proses pada penelitian ini, yaitu yaitu proses infeksi dan proses dispersal. Berdasarkan simulasi model diperoleh bahwa pada masing-masing daerah banyaknya individu *susceptible* semakin lama semakin menurun, sedangkan banyaknya individu *exposed* dan *infected* semakin lama semakin meningkat.

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

Kesehatan merupakan faktor yang sangat penting dalam kehidupan manusia. Kesehatan dapat terganggu akibat adanya penyakit. Penggolongan penyakit yang diderita manusia terdapat dua macam yaitu penyakit menular dan tidak menular. Penyakit menular disebabkan oleh berbagai agen biologi dan dapat menyebar karena terjadi kontak antara orang yang terinfeksi penyakit dengan orang lain. Penyakit menular dapat diamati pola penyebarannya dan dapat menyebabkan terjadinya epidemi. Epidemi terjadi akibat penyakit menular yang menyebar dengan cepat dan berlangsung dalam kurun waktu yang lama (Ratti, 2018).

Nurarif dan Kusuma (2016) menjelaskan bahwa tuberkulosis adalah penyakit menular disebabkan oleh *mycobacterium tuberculosis* yang menyerang paru-paru melalui saluran pernapasan, saluran pencernaan dan luka terbuka pada kulit. Danusantoso (2021) menjelaskan tuberkulosis dapat mengalami dua jenis reinfeksi yaitu reinfeksi endogen yang terjadi saat kembali aktifnya bakteri karena lemahnya sistem pertahanan tubuh dan reinfeksi eksogen yang terjadi pada individu baru terinfeksi bakteri untuk pertama kalinya.

Kristanti (2013) menuliskan model epidemi *susceptible-infected-susceptible* (SIS) yang menggambarkan pola penyebaran penyakit dengan individu sembuh dapat terinfeksi kembali karena tidak memiliki sistem kekebalan tubuh permanen. Populasi individu model epidemi SIS dikelompokkan menjadi dua yaitu *susceptible* (S) dan *infected* (I). Kelompok individu sehat namun berisiko terinfeksi penyakit disebut kelompok *susceptible* dan kelompok individu terinfeksi penyakit yang dapat menularkan penyakit disebut kelompok *infected*. Pada proses penyebaran penyakit tidak semua individu *susceptible* langsung berpindah ke dalam individu *infected*, tetapi pada beberapa penyakit individu *susceptible* yang terinfeksi mula-mula menunjukkan gejala-gejala klinis (*exposed*) sebelum individu tersebut menjadi individu *infected*. Berdasarkan hal tersebut, Setyawan (2015) mengembangkan model epidemi SIS menjadi model epidemi *susceptible-exposed-infected-susceptible* (SEIS).

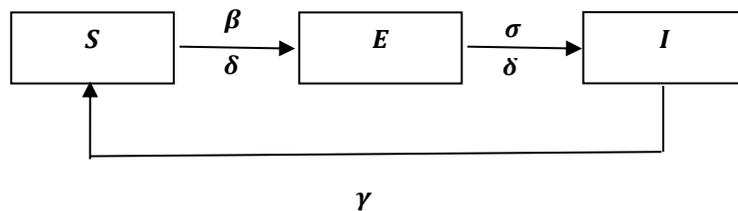
Karlin (2014) menyatakan bahwa banyaknya individu setiap kelompok populasi dalam satuan waktu merupakan kejadian random yang mengikuti proses stokastik. Banyaknya individu setiap kelompok individu pada waktu $t + 1$ diasumsikan hanya dipengaruhi pada banyaknya kelompok individu tersebut pada waktu t , sehingga kejadian ini dapat dipandang sebagai suatu kejadian khusus proses stokastik yaitu proses Markov. Khoirudin dkk. (2019) mengembangkan model epidemi yang ditinjau dalam interval waktu diskrit dan mengikuti proses Markov dapat digambarkan dengan model epidemi *discrete-time Markov chain* (DTMC).

Menurut Liu dan Zheng (2015), penyakit bisa menyebar pada satu atau lebih daerah dikarenakan adanya perpindahan individu dari satu daerah ke daerah lain. Selanjutnya Saputra (2017) mengembangkan model epidemi DTMC SIS satu penyakit pada dua daerah. Oleh karena itu, pada penelitian ini dilakukan konstruksi dan simulasi model epidemi DTMC SEIS penyakit tuberkulosis pada dua daerah yang mengacu pada Saputra (2017).

B. METODE

Model Epidemologi DTMC SEIS

Model epidemi DTMC SEIS merupakan pengembangan dari model epidemi DTMC SIS yang ditulis oleh Ziyadi dan Yakubu (2016). Model epidemi DTMC SEIS menggambarkan pola penyebaran penyakit dengan individu sembuh dapat terinfeksi kembali karena tidak memiliki sistem kekebalan tubuh permanen. Terdapat lima asumsi pada model epidemi DTMC SEIS yang mengacu pada Khoirudin dkk. (2019) yaitu banyaknya individu pada suatu populasi konstan, laju kelahiran dan kematian sama, populasi homogen, individu yang lahir merupakan individu sehat namun rentan penyakit, serta tidak adanya kekebalan tubuh secara permanen. Di bawah ini terdapat Gambar 1 yang menyajikan model epidemi DTMC SEIS untuk mengetahui dinamika populasi.



Gambar 1. Diagram Model Epidemi DTMC SEIS

Banyaknya individu pada waktu t untuk masing-masing kelompok dinyatakan sebagai $S(t)$, $E(t)$ dan $I(t)$. Asumsi banyaknya individu pada populasi konstan sehingga $S(t) + E(t) + I(t) = N$, dengan $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$. Misal $S(t) = s$, $E(t) = e$ dan $I(t) = i$, dengan s , e dan i menyatakan *state*, maka fungsi probabilitas bersama untuk $S(t)$, $E(t)$ dan $I(t)$ adalah

$$p_{(s,e,i)}(t) = P\{S(t) = s, E(t) = e, I(t) = i\},$$

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

Perubahan banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada interval waktu Δt disebut transisi. Proses transisi terjadi pada interval waktu Δt yang cukup kecil sehingga paling banyak hanya ada satu individu yang bertransisi yaitu jika berkurang bernilai -1, jika tetap bernilai 0 atau jika bertambah bernilai 1. Jika perubahan banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada interval waktu Δt berurutan adalah h, j , dan l , dengan $h, j, l \in \{-1, 0, 1\}$, maka perpindahan *state* s ke *state* $s + h$, *state* e ke *state* $e + j$, dan *state* i ke *state* $i + l$ disebut dengan transisi. Model epidemi DTMC SEIS disusun berdasarkan landasan model epidemi DTMC SIS yang ditulis oleh Ziyadi dan Yakubu (2016) yaitu sebagai berikut.

$$p_{((s+h,e+j,i+l),(s,e,i))}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (h, j, l) = (-1, 1, 0), \\ \sigma e \Delta t, & (h, j, l) = (0, -1, 1), \\ \gamma i \Delta t, & (h, j, l) = (1, 0, -1), \\ \delta i \Delta t, & (h, j, l) = (0, 0, -1), \\ 1 - \left[\left(\beta \frac{i}{N} s \Delta t \right) + \sigma e \Delta t + (\gamma + \delta) i \Delta t \right], & (h, j, l) = (0, 0, 0), \\ 0, & (h, j, l) \text{ yang lain,} \end{cases} \quad (1)$$

dengan β laju kontak, σ laju infeksi, γ laju kesembuhan, dan δ laju kelahiran yang sama nilainya dengan laju kematian.

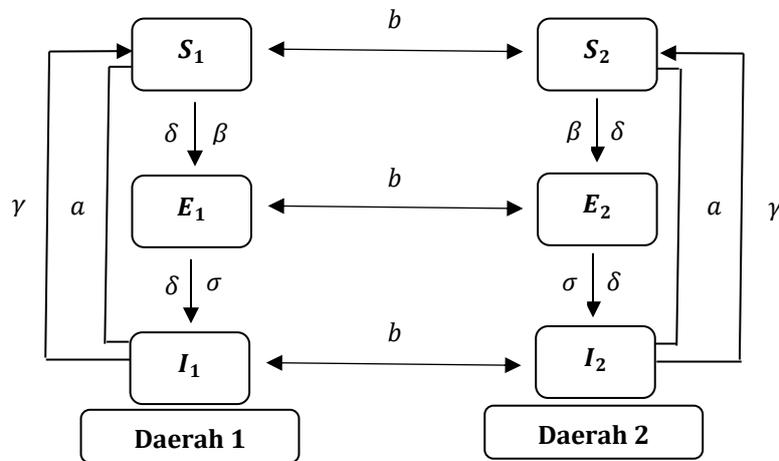
Langkah-Langkah Penelitian

1. Melakukan konstruksi model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah berlandaskan model epidemi *DTMC SIS* satu penyakit dua daerah, dilakukan dengan:
 - a. Menentukan asumsi, variabel, dan parameter yang diperlukan dalam model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah.
 - b. Menentukan probabilitas transisi model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah.
2. Melakukan simulasi model epidemi *DTMC SEIS* pada pola penyebaran penyakit tuberkulosis, dilakukan dengan:
 - a. Menentukan nilai-nilai parameter penyakit tuberkulosis yang mengacu pada Maulana dkk. (2022). Nilai-nilai untuk parameter laju kontak $\beta_1 = \beta_2 = 0.1211$, laju infeksi $\sigma_1 = \sigma_2 = 0.9024$, laju kesembuhan $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.0124$, dan laju kematian $\delta_b = 0$.
 - b. Menentukan kondisi awal untuk masing-masing kelompok individu yang mengacu pada Braurer *et al.* (2019). Nilai awal $S_1(0) = S_2(0) = 98$, $E_1(0) = E_2(0) = 0$, $I_1(0) = I_2(0) = 2$ dan ukuran populasi diasumsikan konstan $N = 200$, dengan $N_1 = N_2 = 100$.
 - c. Membangkitkan data dengan distribusi *uniform* kemudian menentukan banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada waktu t untuk masing-masing daerah berdasarkan model dengan nilai parameter dan kondisi awal yang diperoleh pada langkah (a) dan (b).
 - d. Memberikan interpretasi mengenai banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada waktu t untuk masing-masing daerah.

C. HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Konstruksi Model

Model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah merupakan pengembangan terhadap model *DTMC SIS* satu penyakit dua daerah yang disusun oleh Saputra (2017). Terdapat asumsi tambahan pada model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit pada dua daerah yaitu individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* dapat melakukan kontak jika berada pada daerah yang sama dan perpindahan individu dari daerah satu menuju daerah dua atau sebaliknya hanya dapat dilakukan oleh kelompok individu *susceptible*. Terdapat dua proses dalam model ini yaitu proses infeksi merupakan proses terjadinya kontak antarindividu setiap kelompok pada daerah yang sama, dan proses dispersal merupakan proses terjadinya kontak antarindividu setiap kelompok dari daerah satu ke daerah dua. Berikut terdapat Gambar 2 yang menyajikan model epidemi *DTMC SEIS* pada dua daerah.



Gambar 2. Diagram Model Epidemi DTMC SEIS pada Dua Daerah dengan a merupakan proses infeksi, dan b merupakan proses dispersal.

Variabel random pada model epidemi DTMC SEIS satu penyakit dua daerah terdiri dari tiga, yaitu $S_b(t)$, $E_b(t)$, dan $I_b(t)$, dengan $S_b(t), E_b(t), I_b(t) \in \{0, 1, 2, \dots, N\}$. Notasi $S_b(t)$ menyatakan jumlah individu *susceptible* pada daerah b saat t , notasi $E_b(t)$ menyatakan jumlah individu *exposed* pada daerah b saat t , sedangkan notasi $I_b(t)$ menyatakan jumlah individu *infected* pada daerah b saat t , dengan $b = 1$ dan 2 . Notasi N_1 dan N_2 menunjukkan banyaknya individu pada masing-masing daerah, dimana N_1 dan N_2 bernilai konstan.

Banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* saat proses infeksi pada daerah b adalah $S_b(t) = s_b$, $E_b(t) = e_b$, dan $I_b(t) = i_b$, maka fungsi probabilitas bersama model epidemi DTMC SEIS satu penyakit dua daerah yaitu

$$p_{(s_b, e_b, i_b)}(t) = P\{S_b(t) = s_b, E_b(t) = e_b, I_b(t) = i_b\}$$

dengan $s_b, e_b, i_b = 0, 1, 2, \dots, N$ dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Misal perubahan banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada interval waktu Δt secara berurutan adalah h_b , j_b , dan l_b , maka perpindahan *state* s_b ke *state* $s_b + h_b$, *state* e_b ke *state* $e_b + j_b$, kemudian *state* i_b ke *state* $i_b + l_b$ disebut dengan transisi. Probabilitas transisi s_b menuju $s_b + h_b$, e_b menuju $e_b + j_b$, dan i_b menuju $i_b + l_b$ yaitu

$$p_{(s_b+h_b, e_b+j_b, i_b+l_b), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = P\{(S_b(t + \Delta t), E_b(t + \Delta t), I_b(t + \Delta t)) = (s_b + h_b, e_b + j_b, i_b + l_b) | (S_b(t), E_b(t), I_b(t)) = (s_b, e_b, i_b)\}$$

Individu *susceptible* mengalami perpindahan menuju individu *exposed* artinya terjadi transisi dari *state* (s_b, e_b, i_b) ke *state* $(s_b - 1, e_b + 1, i_b)$. Akibat adanya penularan penyakit oleh individu *infected* kepada individu *susceptible* menyebabkan terjadinya transisi ini. Misal terdapat sejumlah i_b individu *infected* dalam suatu populasi N_b , maka probabilitas individu *infected* yang melakukan kontak dengan individu *susceptible* sebesar $\frac{i_b}{N_b}$. Apabila besarnya laju kontak pada daerah b dimisalkan β_b , maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s_b, e_b, i_b) ke *state* $(s_b - 1, e_b + 1, i_b)$ yaitu

$$p_{(s_b-1, e_b+1, i_b), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = \beta_b \frac{i_b}{N_b} s_b \Delta t$$

Individu *exposed* mengalami perpindahan menuju individu *infected* artinya terjadi transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b, e_b - 1, i_b + 1)$. Perpindahan ini disebabkan oleh individu *exposed* yang telah melewati masa inkubasi, sehingga individu tersebut dapat menularkan penyakit ke individu lain. Apabila besarnya laju infeksi dimisalkan σ_b , maka besarnya probabilitas transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b, e_b - 1, i_b + 1)$ yaitu

$$p_{(s_b, e_b-1, i_b+1), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = \sigma_b e_b \Delta t$$

Individu *infected* yang sembuh maka akan terjadi transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b + 1, e_b, i_b - 1)$. Perpindahan ini menyebabkan penambahan individu *susceptible*. Apabila besarnya laju kesembuhan dimisalkan γ_b , maka besarnya probabilitas transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b + 1, e_b, i_b - 1)$ yaitu

$$p_{(s_b+1, e_b, i_b-1), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = \gamma_b i_b \Delta t$$

Individu *infected* yang meninggal maka akan terjadi transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b, e_b, i_b - 1)$. Perpindahan ini disebabkan individu *infected* yang berkurang tetapi tidak menyebabkan penambahan individu *susceptible*. Apabila laju kematian dimisalkan δ_b , maka besarnya probabilitas transisi dari dari state (s_b, e_b, i_b) ke state $(s_b, e_b, i_b - 1)$ yaitu

$$p_{(s_b, e_b, i_b-1), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = \delta_b i_b \Delta t$$

Individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* yang tidak mengalami penambahan maupun pengurangan berarti tidak terjadi perubahan state dengan kata lain terjadi transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state (s_b, e_b, i_b) . Besarnya probabilitas transisi dari state (s_b, e_b, i_b) ke state (s_b, e_b, i_b) dalam interval waktu Δt yaitu

$$p_{(s_b, e_b, i_b), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = 1 - \left(\beta_b \frac{i_b}{N_b} s_b + \sigma_b e_b + \gamma_b i_b + \delta_b i_b \right) \Delta t$$

Perpindahan individu dari suatu state ke state lainnya terjadi dalam interval waktu yang sangat kecil, sehingga hanya dimungkinkan terdapat satu individu yang bertransisi. Oleh karena itu, individu yang berpindah lebih dari atau sama dengan dua dalam interval waktu Δt memiliki probabilitas transisi sebesar nol.

Misal diambil $z = \left(\beta_b \frac{i_b}{N_b} s_b + \sigma_b e_b + \gamma_b i_b + \delta_b i_b \right) \Delta t$, maka model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah pada proses infeksi dapat dituliskan dengan persamaan (1) berikut

$$p_{(s_b+h_b, e_b+j_b, i_b+l_b), (s_b, e_b, i_b)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta_b \frac{i_b}{N_b} s_b \Delta t, & (h_b, j_b, l_b) = (-1, 1, 0), \\ \sigma_b e_b \Delta t, & (h_b, j_b, l_b) = (0, -1, 1), \\ \gamma_b i_b \Delta t, & (h_b, j_b, l_b) = (1, 0, -1), \\ \delta_b i_b \Delta t, & (h_b, j_b, l_b) = (0, 0, -1), \\ 1 - z, & (h_b, j_b, l_b) = (0, 0, 0), \\ 0, & (h_b, j_b, l_b) \text{ yang lain} \end{cases} \quad (1)$$

dengan $\beta_b, \sigma_b, \gamma_b$, dan δ_b bernilai positif.

Probabilitas transisi dari state (s_b, e_b, i_b) menuju state $(s_b + h_b, e_b + j_b, i_b + l_b)$ merupakan model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah pada proses infeksi yang dituliskan pada persamaan (1). Banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada waktu ke- t bisa ditentukan dari persamaan (1) dengan memberikan nilai awal terlebih dahulu.

Setelah proses infeksi, pada model *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah dilanjutkan ke proses dispersal. Dalam proses ini, terdapat tiga variabel random yaitu $S'_b(t)$, $E'_b(t)$, dan $I'_b(t)$ dengan populasi N_1 dan N_2 bernilai konstan. Banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* pada daerah b yaitu $S'_b(t) = s_b$, $E'_b(t) = e_b$, dan $I'_b(t) = i_b$, untuk daerah $b = 1$ dan 2 .

Pada proses dispersal perpindahan individu dari daerah satu ke daerah dua ataupun sebaliknya hanya dapat dilakukan oleh kelompok individu yang sama. Jika probabilitas perpindahan individu *susceptible* (s_b) dari daerah satu ke daerah dua sebesar p_b , maka probabilitas tidak terjadi perpindahannya sebesar $1 - p_b$. Jika probabilitas perpindahan individu *exposed* (e_b) dari daerah satu ke daerah dua sebesar q_b , maka probabilitas tidak terjadi perpindahannya sebesar $1 - q_b$. Jika probabilitas perpindahan individu *infected* (i_b) dari daerah satu ke daerah dua sebesar r_b , maka probabilitas tidak terjadi perpindahannya sebesar $1 - r_b$. Jadi, model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah pada proses dispersal untuk individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* secara berurutan seperti berikut

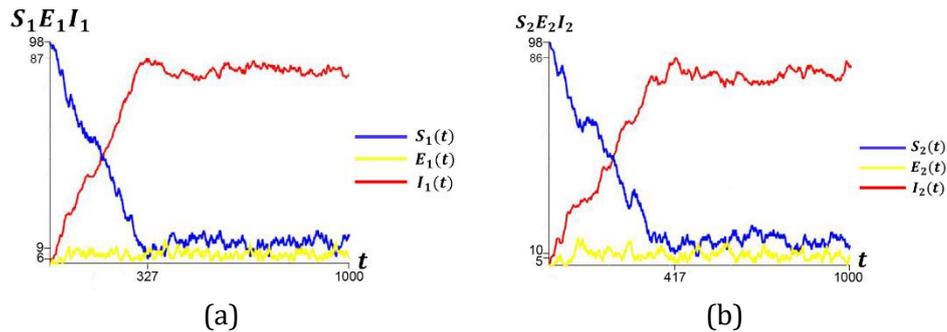
$$p = \begin{cases} p_b, & \text{probabilitas berpindahnya individu } susceptible \text{ dari daerah} \\ & \text{satu ke daerah dua atau sebaliknya;} \\ 1 - p_b, & \text{probabilitas tidak berpindahnya individu } susceptible \text{ dari} \\ & \text{daerah satu ke daerah dua atau sebaliknya} \end{cases} \quad (2)$$

$$q = \begin{cases} q_b, & \text{probabilitas berpindahnya individu } exposed \text{ dari daerah satu} \\ & \text{ke daerah dua atau sebaliknya;} \\ 1 - q_b, & \text{probabilitas tidak berpindahnya individu } exposed \text{ dari} \\ & \text{daerah satu ke daerah dua atau sebaliknya} \end{cases} \quad (3)$$

$$r = \begin{cases} r_b, & \text{probabilitas berpindahnya individu } infected \text{ dari daerah satu} \\ & \text{ke daerah dua atau sebaliknya;} \\ 1 - r_b, & \text{probabilitas tidak berpindahnya individu } infected \text{ dari} \\ & \text{daerah satu ke daerah dua atau sebaliknya.} \end{cases} \quad (4)$$

2. Simulasi Model

Pada simulasi ini nilai parameter diberikan mengacu pada Maulana dkk. (2022). Pada proses infeksi, diberikan laju kontak $\beta_1 = \beta_2 = 0.1211$, laju infeksi $\sigma_1 = \sigma_2 = 0.9024$, laju kesembuhan $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.0124$, dan laju kematian $\delta_b = 0$. Mengacu pada Braurer *et al.* (2019), ukuran populasi diasumsikan konstan $N = 200$, dengan $N_1 = N_2 = 100$ dan diberikan nilai awal $S_1(0) = S_2(0) = 98$, $E_1(0) = E_2(0) = 0$, $I_1(0) = I_2(0) = 2$. Penyebaran penyakit dapat dilihat dari banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected* setiap waktu. Berdasarkan persamaan (1), penyebaran penyakit pada masing-masing daerah dalam 1000 satuan waktu disajikan pada Gambar 3 berikut.

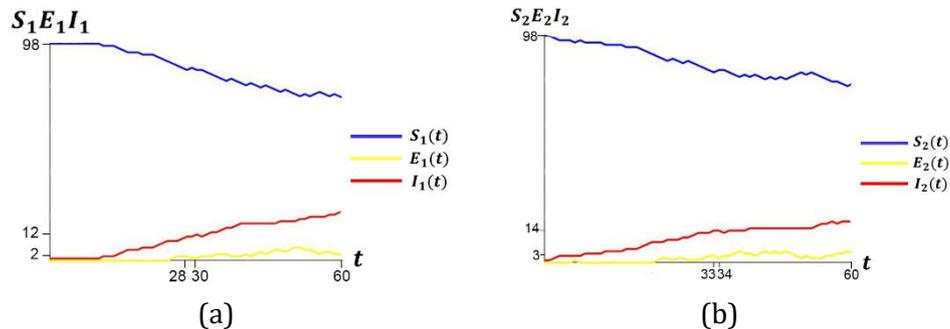


Gambar 3. Banyaknya individu (a) $S_1E_1I_1$ dan (b) $S_2E_2I_2$ dari proses infeksi model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah dalam 1000 satuan waktu

Dari Gambar 3(a) terlihat bahwa banyaknya individu *susceptible* mengalami penurunan terjadi sampai hari ke-327 sebanyak 9 individu. Pada hari ke-327 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *susceptible* mengalami fluktuasi pada angka 3 hingga 15, sehingga dipilih angka rata-ratanya yaitu 9. Dengan demikian, banyaknya individu *susceptible* dianggap tetap mulai waktu ke-327 yaitu sebanyak 9. Banyaknya individu *exposed* dan *infected* mengalami kenaikan bersamaan dengan penurunan banyaknya individu *susceptible*. Individu *exposed* mengalami kenaikan sampai hari ke-327 sebanyak 6 individu. Pada hari ke-327 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *exposed* mengalami fluktuasi yang garisnya hampir mendekati individu *susceptible* yakni pada angka 1 hingga 11, sehingga dipilih angka rata-ratanya yaitu 6. Kemudian individu *infected* mengalami kenaikan sangat signifikan sampai hari ke-327 sebanyak 87 individu. Pada hari ke-327 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *infected* mengalami fluktuasi pada angka 82 hingga 92, sehingga dipilih angka rata-ratanya yaitu 87.

Gambar 3(b) menunjukkan bahwa banyaknya individu *susceptible* mengalami penurunan terjadi sampai hari ke-417 sebanyak 10 individu. Pada hari ke-417 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *susceptible* mengalami fluktuasi pada angka 4 hingga 16, sehingga diambil angka rata-ratanya yaitu 10. Dengan demikian, banyaknya individu *susceptible* dianggap tetap mulai waktu ke-417 yaitu sebanyak 10. Bersamaan dengan penurunan banyaknya individu *susceptible*, banyaknya individu *exposed* dan *infected* mengalami kenaikan. Individu *exposed* mengalami kenaikan sampai hari ke-417 sebanyak 5 individu. Pada hari ke-417 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *exposed* mengalami fluktuasi yang garisnya hampir mendekati individu *susceptible* yakni pada angka 2 hingga 8, sehingga diambil angka rata-ratanya yaitu 5. Kemudian individu *infected* mengalami kenaikan sangat signifikan sampai hari ke-417 sebanyak 86 individu. Pada hari ke-417 sampai dengan hari ke-1000, banyaknya individu *infected* mengalami fluktuasi pada angka 80 hingga 92, sehingga diambil angka rata-ratanya yaitu 86.

Berikut disajikan Gambar 4 yang merupakan penyebaran penyakit dalam 60 satuan waktu untuk mengamati perubahan individu setiap waktu dan sebagai perhitungan probabilitas transisi.



Gambar 4. Banyaknya individu (a) $S_1E_1I_1$ dan (b) $S_2E_2I_2$ dari proses infeksi model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah dalam 60 satuan waktu

Berdasarkan Gambar 4 dapat dihitung probabilitas transisi pada proses infeksi dengan menggunakan persamaan (1). Gambar tersebut menunjukkan perubahan banyaknya individu *exposed* dan *infected* setiap waktu. Perubahan individu *exposed* dapat dilihat dari $E_1(28) = 2$ ke $E_1(29) = 1$, berarti terjadi transisi individu *susceptible* terpapar oleh penyakit dalam interval waktu $\Delta t = 1$. Probabilitas transisi dari $E_1(28) = 2$ ke $E_1(29) = 1$ sebesar 0,9024. Sedangkan, perubahan individu *infected* dapat dilihat dari $I_1(30) = 12$ ke $I_1(31) = 11$, berarti terjadi transisi individu *exposed* terinfeksi oleh penyakit dalam interval waktu $\Delta t = 1$. Probabilitas transisi dari $I_1(30) = 12$ ke $I_1(31) = 11$ sebesar 0,1187. Probabilitas transisi pada setiap waktu dapat dihitung dengan cara yang sama.

Berikut diberikan probabilitas perpindahan individu pada proses dispersal yang mengacu pada Tewa *et al.* (2012) . Diberikan probabilitas berpindahnya individu *susceptible* sebesar $p_b = 0.01$. Pada individu *exposed* dan *infected* diasumsikan tidak adanya individu yang berpindah dari daerah satu menuju daerah dua atau sebaliknya, sehingga probabilitas berpindahnya individu pada kelompok tersebut sebesar $q_b = r_b = 0$. Dengan menggunakan persamaan (2), (3) dan (4) dapat dihitung probabilitas tidak berpindahnya individu *susceptible*, *exposed*, dan *infected*. Diperoleh probabilitas tidak berpindahnya individu *susceptible* sebesar $1 - p_b = 0.99$, individu *exposed* dan *infected* sebesar $1 - q_b = 1 - r_b = 1$. Jika merujuk pada Gambar 1 dengan menggunakan asumsi dan probabilitas yang telah ditentukan dapat diartikan bahwa terdapat 1 individu *susceptible* dari 100 individu dalam populasi yang melakukan perpindahan secara dispersal. Sedangkan individu *exposed* dan *infected* tidak terdapat individu dalam populasi yang melakukan perpindahan secara dispersal.

D. SIMPULAN DAN SARAN

1. Simpulan

Berdasarkan pembahasan yang telah dilakukan diperoleh dua kesimpulan.

- a) Model epidemi *DTMC SEIS* satu penyakit dua daerah dituliskan pada persamaan (1), (2), (3), dan (4).
- b) Penerapan ini menyajikan pola penyebaran model epidemi *DTMC SEIS* penyakit tuberkulosis pada dua daerah. Pada daerah satu, individu *susceptible* mengalami penurunan hingga hari ke-327 sebanyak 9 individu. Bersamaan dengan itu individu *exposed* dan *infected* mengalami kenaikan, yang masing-masing hingga hari ke-327 mengalami kenaikan sebanyak 6 individu pada individu *exposed*, dan 87 individu pada individu *infected*. Di daerah dua, individu *susceptible* menurun hingga hari ke-417 sebanyak 10 individu. Individu *exposed* dan *infected* meningkat, yang masing-masing sampai hari ke-417 meningkat sebanyak 5 individu pada individu *exposed*, dan 86 individu pada individu *infected*. Probabilitas transisi setiap waktu dapat dihitung menggunakan persamaan (1) dengan parameter yang telah diberikan.

2. Saran

Pada artikel ini, dilakukan konstruksi dan simulasi model epidemi *DTMC SEIS* penyakit tuberkulosis pada dua daerah. Berbagai jenis penyakit dapat menyerang suatu individu dan penyebaran penyakit bisa saja mengalami penurunan bahkan pemberhentian yang berarti individu memiliki sistem kekebalan tubuh atau mengalami kesembuhan dalam menghadapi penyakit tersebut. Jika pembaca tertarik, dapat dikonstruksikan model epidemi *DTMC SEIR* penyakit cacar air pada dua daerah.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis berterima kasih kepada Ibu Respatiwulan dan Bapak Isnandar Slamet atas bimbingan, arahan, serta masukan yang telah diberikan selama penulisan artikel ini.

REFERENSI

- Braurer, F., Chaves, C.C., and Feng, Z. (2019). *Mathematical Models in Epidemiology* Vol. 32. New York: Springer.
- Danusantoso, H. (2021). *Buku Saku Ilmu Penyakit Paru*. Jakarta: EGC.
- Karlin, S. (2014). *A First Course in Stochastic Processes*. New York: Academic Press.
- Khoirudin M.H, Respatiwulan, dan Susanto, I. (2019). Pola Penyebaran Penyakit Malaria Menggunakan Model Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Susceptible (DTMC SIS). *Seminar Nasional Sains Dan Entrepreneurship VI Tahun 2019*. Semarang.
- Kristanti, S. (2013). *Model Epidemi Stokastik Susceptible Infected Susceptible (SIS)*. Tugas Akhir, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret, Surakarta.
- Liu, W., and Zheng, Q. (2015). A Stochastic SIS Epidemic Model Incorporating Media Coverage in A Two Patch Setting. *Applied Mathematics and Computation*, 262, 160–168.
- Maulana, D.C., Utoyo, M.I., Purwati, U.D., and Chukwu, C.W. (2022). Parameter Estimation and Analysis on SIS-SEIS Types Model of Tuberculosis Transmission in East Java Indonesia. *Communications in Mathematical Biology and Neuroscience 2022*.
- Nurarif, A.H., dan Kusuma, H. (2016). *Asuhan Keperawatan Praktis Berdasarkan Penerapan Diagnosa NANDA*,

Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram

Mataram, 05 April 2023

ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023

pp. 369-379

NIC, NOC Dalam Berbagai Kasus. Yogyakarta: Mediacion.

- Ratti, I. (2018). A Review on Mathematical Modeling of Infectious Diseases. *IIOSR Journal of Engineering (IOSRJEN)*. 08(8), 2278–8719.
- Saputra, F.F. (2017). *Model Epidemi Discrete Time Markov Chains (DTMC) Susceptible Infected Susceptible (SIS) Satu Penyakit Dua Daerah.* Tugas Akhir, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret, Surakarta.
- Setyawan, W. (2015). *Model Susceptible Exposed Infected Susceptible (SEIS).* Tugas Akhir, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret, Surakarta.
- Tewa, J.J., Bowong, S., and Mewoli, B. (2012). Mathematical analysis of two-patch model for the dynamical transmission of tuberculosis. *Applied Mathematical Modelling*, 36(6), 2466–2485.
- Ziyadi, N., and Yakubu, A.-A. (2016). Local and Global Sensitivity Analysis in a Discrete-Time SEIS Epidemic Model. *Advances in Dynamical Systems and Applications*, 11(1), 15–33.