

Simulasi Model Epidemi Discrete Time Markov Chain Susceptible Exposed Infected Recovered (DTMC SEIR) pada Penyebaran Penyakit Campak

Enggaringtyas Probo Putri¹, Respatiwan², Yuliana Susanti³

^{1,2,3} Statistics, Sebelas Maret University, enggaringtyasprb@student.uns.ac.id

Keywords:

Epidemi,
DTMC SEIR,
Measles.

Abstract: Measles is an acute viral disease caused by RNA virus of the genus *Morbillivirus*, family *Paramyxoviridae*. Measles is very dangerous because it can cause disability and even death caused by complications such as pneumonia, ear inflammation, encephalitis and subacute sclerosing panencephalitis. The epidemic model is a mathematical model used to determine patterns of infectious diseases. The epidemic model that describes the pattern of the spread of measles is susceptible exposed infected recovered (SEIR) model. SEIR epidemic model that follows discrete time Markov process is called discrete time Markov chain (DTMC) SEIR. In this study, we will discuss the application and model of SEIR DTMC on the pattern of the spread of measles with parameter values of contact rate $\beta = 0.8$, infection rate $\sigma = 0.1$, and cure rate $\gamma = 0.04$. In addition, we will compare the values of β and γ with assumption that σ is fixed, and increasing the value of σ . The model will be simulated using initial values $E(0) = 10, I(0) = 10, N = 100$ and $t = 100$. The results of this study are SEIR DTMC epidemic model presented in a transition probability that describes the pattern of the spread of measles. Based on the simulation, it was concluded that the measles epidemic did not end until $t = 100$.

Kata Kunci:

Epidemi,
DTMC SEIR,
Campak.

Abstrak: Campak adalah penyakit virus akut yang disebabkan oleh RNA virus genus *Morbillivirus*, famili *Paramyxoviridae*. Campak sangat berbahaya karena dapat menyebabkan kecacatan bahkan kematian yang disebabkan karena komplikasi seperti radang paru, radang telinga, encephalitis dan *Subacute sclerosing panencephalitis*. Model epidemi adalah model matematika yang digunakan untuk mengetahui pola penyakit menular. Model epidemi yang menggambarkan pola penyebaran penyakit campak adalah model *susceptible exposed infected recovered* (SEIR). Model epidemi SEIR yang mengikuti proses markov dengan waktu diskrit disebut *discrete time markov chain* (DTMC) SEIR. Dalam penelitian ini akan membahas penerapan dan model DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dengan nilai parameter laju kontak $\beta = 0.8$, laju infeksi $\sigma = 0.1$, dan laju kesembuhan $\gamma = 0.04$. Selain itu, akan membandingkan nilai β dan γ dengan asumsi σ tetap, serta dengan menaikkan nilai σ . Model akan disimulasikan menggunakan nilai inisiasi $E(0) = 10, I(0) = 10, N = 100$ serta $t = 100$. Hasil dari penelitian ini adalah model epidemi DTMC SEIR disajikan dalam bentuk probabilitas transisi yang mendeskripsikan pola penyebaran penyakit campak. Berdasarkan simulasi yang dilakukan, disimpulkan bahwa epidemi penyakit campak belum berakhir hingga $t = 100$.

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

Penyakit menular adalah penyakit yang disebabkan oleh kuman, seperti bakteri, virus, dan jamur yang masuk ke dalam tubuh, berkembang biak, dan dapat menyebabkan infeksi, yang dapat ditularkan secara langsung maupun tidak langsung (*Centers for Disease Control and Prevention, 2023*). Penyakit ini ditularkan melalui inhalasi, kulit, air liur, urin, kontak seksual, makanan dan minuman yang terkontaminasi, sekresi darah dan kontak langsung dengan orang yang terinfeksi. Penyakit menular tertentu harus diwaspadai karena dapat menimbulkan komplikasi, kerusakan organ, kecacatan, kelumpuhan, bahkan kematian. Penyakit menular menyebar dengan kecepatan tinggi dan ditularkan dari orang ke orang melalui kontak. Orang yang sembuh dari infeksi memiliki daya tahan tubuh yang lemah sehingga rentan terhadap infeksi ulang, sedangkan mereka yang memiliki daya tahan tubuh kuat akan kebal terhadap infeksi (*Wicaksono et al., 2019*).

Campak, salah satu penyebab utama kematian pada anak-anak, sangat menular, dan dapat ditularkan dari periode protozoa (4 hari sebelum ruam muncul) sampai sekitar 4 hari setelah ruam muncul. Penyakit campak disebabkan oleh kontak dengan droplet yang mengandung virus campak (*Halim, 2016*). Sejak dimulainya program vaksinasi campak, jumlah kasus telah menurun tetapi baru-baru ini meningkat lagi. Menurut Direktorat Pengendalian Penyakit dan Penyehatan Lingkungan (PP&PL) Kementerian Kesehatan (2015), kasus campak di Indonesia masih banyak, dengan jumlah kasus yang dilaporkan mencapai 12.222 kasus. Kasus campak di Indonesia pada 2022 mencapai lebih dari 3.341 kasus yang menyebar di 223 kabupaten/kota di 31 provinsi, dimana angka tersebut mengalami kenaikan yang cukup signifikan kurang lebih 32 kali lipat dibandingkan dengan tahun 2021 (*Kementerian Kesehatan, 2023*). Frekuensi Kejadian Luar Biasa (KLB) sebanyak 173 kasus dengan 2.104 kasus. Kasus campak terbanyak terjadi pada anak usia prasekolah dan sekolah dasar. Dalam kurun waktu 4 tahun, kasus campak lebih banyak terjadi pada kelompok usia 5-9 tahun (3591 kasus) dan pada kelompok usia 1-4 tahun (3383 kasus).

Epidemi adalah suatu keadaan dimana suatu penyakit menular menyebar pada suatu populasi di suatu lokasi melebihi angka kejadian normal dalam waktu yang singkat (*Putra, 2016*). Pemodelan epidemi adalah model matematika yang digunakan untuk menentukan penyebab penyakit menular, terutama dalam kaitannya dengan terjadi atau tidaknya suatu epidemi dan dampaknya. Sebagai alat penting, model matematika telah banyak digunakan untuk mempelajari perilaku, penyebab, dan penyebaran epidemi. Bahkan, telah digunakan untuk mempelajari epidemi manusia hampir 250 tahun yang lalu (*Jiao & Shen, 2020*). Model matematika merupakan salah satu alat yang berperan pasti dalam mempelajari penyebaran penyakit campak. Model tersebut dapat membantu memprediksi dan mengendalikan penyakit campak di masa depan. Model dasar penyebaran penyakit diusulkan oleh Kermack pada tahun 1927. Model tersebut adalah *susceptible infected recovered* (SIR) dimana total populasi dibagi menjadi 3 kelas, yaitu *Susceptible* (S) adalah populasi yang sehat tetapi rentan, *Infected* (I) adalah jumlah individu yang terinfeksi dan menular, penyakit untuk individu yang sehat, dan *Recovered* (R) mewakili individu yang sembuh dan kebal terhadap penyakit. Campak memiliki periode laten yang sama dengan waktu yang dimiliki individu yang terinfeksi sampai timbulnya penyakit. Tahap ini menyebabkan terbentuknya layer baru yaitu *Exposed* (E).

Penambahan ini menjadi model *susceptible exposed infected recovered* (SEIR). Model ini diformulasikan untuk penyakit dengan masa inkubasi yang panjang. Dengan demikian, pengaruh masa inkubasi terhadap dinamika penyebaran penyakit dapat dianalisis. Memahami hal ini penting karena orang terinfeksi virus selama masa inkubasi tetapi tidak dapat menularkannya ke orang lain. Hal ini dapat mempengaruhi dinamika penyebaran penyakit (U. Hurint *et al.*, 2017).

B. METODE

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah menurunkan ulang model epidemi SEIR pada pola penyebaran penyakit campak yang kemudian diterapkan untuk simulasi kasus dengan parameter yang telah ditentukan. Berikut adalah langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini:

1. Menurunkan ulang model epidemi *discrete time Markov chain susceptible exposed infected recovered* (DTMC SEIR) yang meliputi:
 - a. Menjelaskan kejadian penyebaran penyakit pada model epidemi DTMC SEIR,
 - b. Menentukan asumsi model DTMC SEIR,
 - c. Menentukan variabel dan parameter model DTMC SEIR,
 - d. Menentukan probabilitas transisi model epidemi DTMC SEIR,
2. Melakukan simulasi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak yang meliputi:
 - a. Menetapkan nilai-nilai parameter pada model epidemi DTMC SEIR untuk penyebaran penyakit campak,
 - b. Memberikan kondisi awal untuk masing-masing parameter dan kelompok individu,
 - c. Menentukan banyaknya individu *susceptible*, *exposed*, *infected*, dan *recovered* pada waktu t untuk penyakit campak,
 - d. Memberikan interpretasi dari hasil simulasi.

C. HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Model Epidemi DTMC SEIR

Penyebaran penyakit terjadi ketika penyakit menyebar dalam suatu populasi homogen mengenai kontak langsung antar individu dan ada kemungkinan untuk sembuh. Pada beberapa jenis penyakit, setelah suatu individu melakukan kontak dengan individu terinfeksi maka individu rentan tersebut akan mengalami gejala-gejala tertentu sebelum akhirnya terinfeksi penyakit tersebut. Model matematis yang menggambarkan penyebaran penyakit dengan karakteristik masing-masing individu yang rentan berinteraksi dengan individu lain yang terinfeksi sehingga individu tersebut menunjukkan gejala klinis sebelum terinfeksi dan individu yang pulih yang sistem kekebalannya resisten terhadap penyakit adalah model epidemi SEIR (Wahyu Saputro *et al.*, 2020). Model SEIR, populasi dibagi menjadi empat kompartemen yakni populasi rentan (*susceptibles*), populasi laten (*exposed*), populasi terinfeksi (*infectious*), dan populasi kebal penyakit (*recovered*) (Kholisoh *et al.*, 2012). Model epidemi SEIR memiliki beberapa asumsi yaitu:

- 1) Penyakit menyebar pada populasi tertutup, yaitu tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi tersebut,
- 2) Populasi homogen,
- 3) Hanya ada satu penyakit yang menyebar dalam populasi tersebut, dan
- 4) Laju kelahiran dan laju kematian diabaikan.

Pada model SEIR, penyebaran penyakit terjadi bila terdapat perpindahan individu dari kelompok *susceptible* (S) ke *exposed* (E) dengan laju kontak sebesar β , dari kelompok *exposed* (E) ke kelompok *infected* (I) dengan laju infeksi sebesar σ , dan dari kelompok *infected* (I) ke *recovered* (R) dengan laju kesembuhan γ seperti yang ditunjukkan pada diagram model SEIR berikut.



Gambar 1. Skema Model Epidemi SEIR

Jumlah individu pada kelompok S, E, I, dan R pada waktu t masing-masing dinyatakan dengan $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$ populasi dinyatakan tetap dan dinyatakan dengan $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ dengan N adalah jumlah total individu pada populasi. $S(t)$, $E(t)$, dan $I(t)$ merupakan variabel acak independen, maka variabel acak $R(t)$ dapat dinyatakan sebagai $R(t) = N - S(t) - E(t) - I(t)$. Dalam model ini, populasi adalah homogen sehingga setiap individu memiliki kesempatan yang sama untuk terinfeksi penyakit.

Jumlah individu pada kelompok rentan pada waktu t adalah $S(t) = s$, kemudian jumlah individu pada kelompok terpapar pada waktu t adalah $E(t) = e$ dan jumlah individu pada kelompok tertular pada saat t adalah $I(t) = i$, maka fungsi probabilitas bersama dari $S(t)$, $E(t)$ dan $I(t)$ sebagai berikut.

$$P_{(s,e,i)}(t) = P[S(t) = s, E(t) = e, I(t) = i]$$

dengan $s, e, i = 0, 1, 2, 3, \dots, N$ dan $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$

Banyaknya individu S, E, dan I bisa berubah sepanjang waktu. Besarnya perubahan banyaknya individu S pada waktu Δt adalah j , besarnya perubahan banyaknya individu E pada selang waktu Δt adalah l , serta besarnya perubahan banyaknya individu I pada selang waktu Δt adalah k , maka perpindahan dari *state* s ke $s + j$, dari *state* e ke $e + l$, dan dari *state* i ke $i + k$ disebut sebagai transisi. Probabilitas transisi dinyatakan sebagai

$$P_{(s+j, e+l, i+k)}(\Delta t) = P[(S(t + \Delta t), E(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (s + j, e + l, i + k) | (S(t), E(t), I(t)) = (s, e, i)]$$

Diasumsikan bahwa Δt cukup kecil sehingga hanya terdapat satu perubahan *state* yang terjadi dalam interval waktu Δt dengan Δt merupakan satu kali periode infeksi. Kemungkinan transisi dari *state* s ke $s + j$, dari *state* e ke $e + l$, dan i ke $i + k$ hanya terdapat satu individu yang bertransisi.

Pada transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s - 1, e + 1, i)$, terjadi perpindahan kondisi dari individu kelompok S ke kelompok E. Perpindahan ini dikarenakan adanya penularan penyakit dari individu I ke individu S. Terdapat i individu dalam populasi N , maka probabilitas individu E yang melakukan kontak dengan individu S adalah sebesar $\frac{i}{N}$ dan jika besarnya laju kontak atau penularan adalah β , maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s - 1, e + 1, i)$ adalah

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

Pada transisi dari dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e - 1, i + 1)$, terjadi perpindahan kondisi dari individu kelompok E ke kelompok I. Perpindahan ini karena individu I mengalami masa inkubasi yang menyebabkan individu tersebut dapat menularkan penyakit ke individu yang lain. Besarnya laju infeksi dimisalkan σ , maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e - 1, i + 1)$ adalah

$$P_{(s,e-1,i+1)(s,e,i)}(\Delta t) = \sigma e \Delta t \tag{2}$$

Pada transisi dari dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e, i - 1)$, terjadi perpindahan kondisi dari individu kelompok I ke kelompok R. Perpindahan ini karena individu I mengalami kesembuhan dari penyakit tersebut dan tidak dapat terinfeksi kembali. Besarnya laju kesembuhan dimisalkan γ , maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* $(s, e, i - 1)$ adalah

$$P_{(s,e,i-1)(s,e,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t \tag{3}$$

Pada transisi dari dari *state* (s, e, i) ke *state* (s, e, i) maka tidak terjadi perubahan *state*. Kondisi ini terjadi ketika masing-masing kelompok tidak mengalami penambahan atau pengurangan banyaknya individu. Besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, e, i) ke *state* (s, e, i) adalah

$$P_{(s,e,i)(s,e,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \sigma e + \gamma i \right] \Delta t \tag{4}$$

Kemungkinan perpindahan individu dari *state* ke *state* yang lain hanya satu individu yang bertransisi dalam interval waktu yang sangat kecil sehingga dalam interval waktu Δt , besarnya probabilitas transisi dengan banyaknya individu yang berpindah lebih dari satu atau lebih adalah nol. Model epidemi DTMC SEIR diperoleh berdasarkan persamaan (1), (2), (3), dan (4) dapat ditulis sebagai persamaan (5).

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

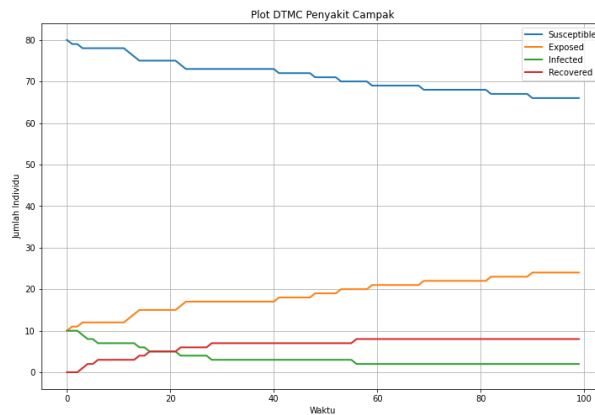
dimana β, σ, γ bernilai positif, $S(0), I(0) > 0, E(0), R(0) \geq 0$.

2. Simulasi Model Epidemi DTMC SEIR

Simulasi model epidemi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dilakukan dengan merujuk pada penelitian oleh Kholisoh *et al.* (2012) dengan nilai parameter laju kontak atau penularan setiap tahunnya yaitu $\beta = 0.8$ yang artinya rata-rata 80 individu rentan pada 100 kontak di suatu populasi yang terjadi antara individu rentan dengan individu yang terinfeksi, laju infeksi $\sigma = 0.1$ yang berarti bahwa rata-rata sebanyak 30 individu terinfeksi penyakit dari 100 individu pada suatu populasi yang mengalami gejala-gejala klinis, serta laju kesembuhan setiap tahunnya adalah $\gamma = 0.04$ yang berarti individu terinfeksi penyakit campak memiliki kemungkinan sembuh sebesar 0.04. Asumsi yang digunakan dalam simulasi ini adalah populasi konstan sebesar $N = 100$, dan mengabaikan laju kelahiran dan kematian. Berdasarkan persamaan 5, model epidemi DTMC SEIR pola penyebaran penyakit campak dinyatakan sebagai berikut.

$$P_{(s+j,e+l,i+k)(s,e,i)} = \begin{cases} 0.8 \frac{i}{100} s \Delta t & (j, l, k) = (-1, 1, 0) \\ 0.1 e \Delta t & (j, l, k) = (0, -1, 1) \\ 0.04 i \Delta t & (j, l, k) = (0, 0, -1) \\ 1 - \left[0.8 \frac{i}{N} s + 0.1 e + 0.04 i \right] \Delta t & (j, l, k) = (0, 0, 0) \\ 0, & \text{yang lain} \end{cases}$$

Penerapan model diberikan nilai inisiasi $E(0) = 10, I(0) = 10, S(0) = 80$ dengan periode waktu $T = 100$. Berdasarkan nilai parameter dan nilai inisiasi pada populasi yang telah diberikan, maka akan dilakukan simulasi untuk model epidemi DMTC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak yang hasilnya dapat disajikan pada Gambar 2.



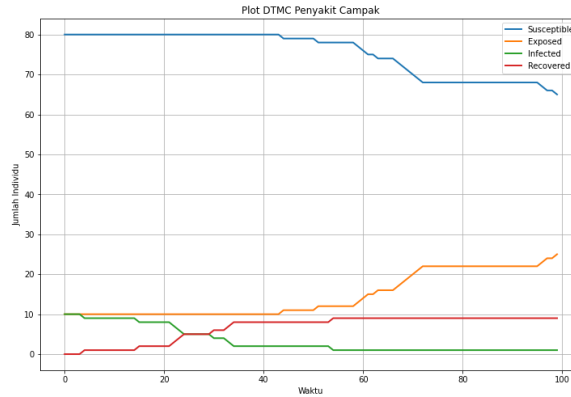
Gambar 2. Simulasi model epidemi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dengan $\beta = 0.8, \sigma = 0.1, \gamma = 0.04$

Berdasarkan Gambar 2, dapat dilihat bahwa jumlah individu pada kelompok *Susceptible* semakin menurun seiring berjalannya waktu dan pada $t = 100$ jumlah individunya sebanyak 67 individu. Jumlah individu pada kelompok *Exposed* dimana individu mengalami periode laten atau mengalami gejala-gejala klinis semakin lama semakin meningkat, seperti pada $t = 10$ jumlah individu meningkat dari 12 menjadi 15 individu dan seterusnya dan pada $t = 100$ jumlah individu sebanyak 24 individu. Kemudian untuk jumlah individu pada kelompok *Infected* mengalami penurunan seiring berjalannya waktu, terlihat pada $t = 2$ sampai $t = 55$ grafik terus menurun dari individu yang semula 10 berkurang menjadi 2 individu. Sedangkan pada kelompok *Recovered*, jumlah individu seiring berjalannya waktu semakin meningkat, seperti pada $t = 2$ hingga $t = 55$ jumlah individu yang awalnya berjumlah 2 individu meningkat menjadi 9 individu. Berdasarkan model epidemi ini belum berakhir dan penyakit campak terus ada hingga $t = 100$.

Langkah berikutnya adalah melakukan simulasi dengan membandingkan nilai parameter β dan γ dengan asumsi σ tetap, serta dengan menaikkan nilai σ . Simulasi ini dilakukan dengan tujuan untuk mengetahui bagaimana pola penyebaran penyakit campak dan berapa lama waktu yang dibutuhkan agar epidemi penyakit campak berakhir dengan membandingkan nilai laju penularan, laju infeksi dan laju kesembuhan.

1. Simulasi dengan nilai σ dinaikkan

Hasil simulasi dengan mengganti nilai parameter $\beta = 0.8$, $\sigma = 0.6$, $\gamma = 0.04$ dengan T dan nilai inisiasi awal tetap ditunjukkan pada Gambar 3.

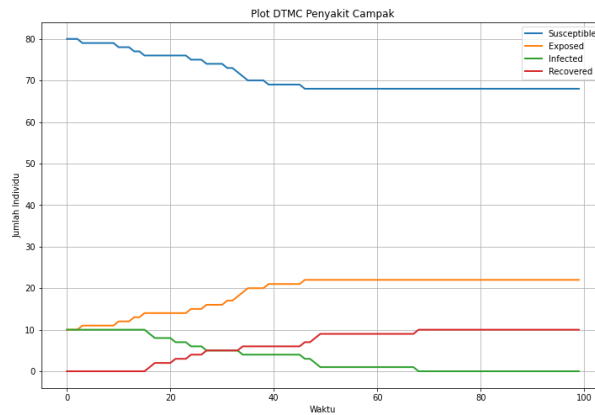


Gambar 3. Simulasi model epidemi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dengan $\beta = 0.8$, $\sigma = 0.6$, $\gamma = 0.04$

Berdasarkan Gambar 3, dapat dilihat bahwa jumlah individu pada kelompok *Susceptible* semakin menurun seiring berjalannya waktu dan pada $t = 100$ jumlah individunya sebanyak 65 individu. Jumlah individu pada kelompok *Exposed* dimana individu mengalami periode laten atau mengalami gejala-gejala klinis semakin lama semakin meningkat, seperti pada $t = 10$ jumlah individu meningkat dari 12 menjadi 15 individu dan seterusnya dan pada $t = 100$ jumlah individu sebanyak 25 individu. Kemudian untuk jumlah individu pada kelompok *Infected* mengalami penurunan seiring berjalannya waktu, grafik terus menurun dari individu yang semula 10 berkurang menjadi 1 individu. Sedangkan pada kelompok *Recovered*, jumlah individu seiring berjalannya waktu semakin meningkat, jumlah individu yang awalnya berjumlah 0 individu meningkat menjadi 9 individu. Berdasarkan model epidemi ini belum berakhir dan penyakit campak terus ada hingga $t = 100$.

2. Simulasi dengan nilai $\beta > \gamma$

Hasil simulasi dengan mengganti nilai parameter $\beta = 0.3$, $\sigma = 0.1$, $\gamma = 0.09$ dengan T dan nilai inisiasi awal tetap ditunjukkan pada Gambar 4.

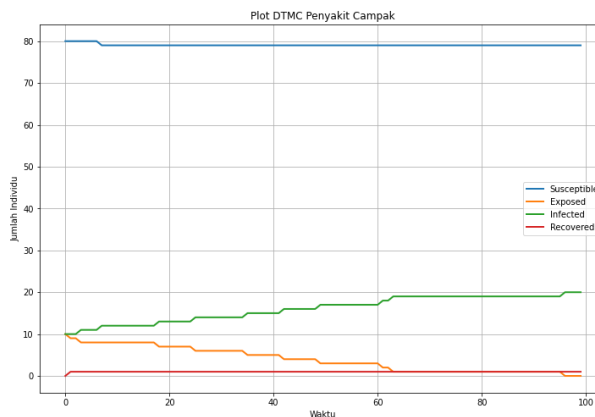


Gambar 4. Simulasi model epidemi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dengan $\beta = 0.3, \sigma = 0.1, \gamma = 0.09$

Berdasarkan Gambar 4, dapat dilihat bahwa jumlah individu pada kelompok *Susceptible* semakin menurun seiring berjalannya waktu dan pada $t = 50$ jumlah individunya sebanyak 69 individu. Jumlah individu pada kelompok *Exposed* dimana individu mengalami periode laten atau mengalami gejala-gejala klinis semakin lama semakin meningkat, seperti pada $t = 35$ jumlah individu meningkat dari 15 menjadi 20 individu dan seterusnya dan pada $t = 100$ jumlah individu sebanyak 22 individu. Kemudian untuk jumlah individu pada kelompok *Infected* mengalami penurunan seiring berjalannya waktu, grafik terus menurun dari individu yang semula 10 berkurang menjadi 0 individu. Sedangkan pada kelompok *Recovered*, jumlah individu seiring berjalannya waktu semakin meningkat, jumlah individu yang awalnya berjumlah 0 individu meningkat menjadi 10 individu. Berdasarkan model epidemi ini belum berakhir dan penyakit campak terus ada hingga $t = 100$.

3. Simulasi dengan nilai $\beta < \gamma$

Hasil simulasi dengan mengganti nilai parameter $\beta = 0.05, \sigma = 0.1, \gamma = 0.075$ dengan T dan nilai inisiasi awal tetap ditunjukkan pada Gambar 5.



Gambar 5. Simulasi model epidemi DTMC SEIR pada pola penyebaran penyakit campak dengan $\beta = 0.05, \sigma = 0.1, \gamma = 0.075$

Berdasarkan Gambar 5, dapat dilihat bahwa jumlah individu pada kelompok *Susceptible* hanya berkurang 1 individu pada $t = 8$ dan jumlahnya tetap sama hingga $t = 100$. Jumlah individu pada kelompok *Exposed* dimana individu mengalami periode laten atau mengalami gejala-gejala klinis semakin lama semakin menurun, seperti pada $t = 60$ jumlah individu berkurang dari 4 menjadi 1 individu dan seterusnya dan pada $t = 100$ jumlah individu sebanyak 0 individu. Kemudian untuk jumlah individu pada kelompok *Infected* mengalami peningkatan seiring berjalannya waktu, grafik terus naik dari individu yang semula 0 bertambah menjadi 20 individu. Sedangkan pada kelompok *Recovered*, jumlah individu hanya bertambah 1 individu. Berdasarkan model epidemi ini belum berakhir dan penyakit campak terus ada hingga $t = 100$.

D. SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan dapat disimpulkan bahwa:

1. Model epidemi DTMC SEIR dinyatakan sebagai

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

2. Penerapan model epidemi DTMC SEIR pada pola penyakit campak yang dilakukan dengan simulasi berdasarkan laju kontak, laju infeksi, dan laju kesembuhan yang merujuk pada penelitian Kholisoh dkk. (2012) disimpulkan bahwa epidemi belum berakhir dan penyakit campak masih ada hingga $t = 100$, karena masih ada individu yang terinfeksi.
3. Hasil simulasi model dengan nilai parameter σ dinaikkan, dan membandingkan nilai β dan γ , yaitu $\beta > \gamma$ dan $\beta < \gamma$ dengan asumsi σ tetap dapat disimpulkan bahwa dari ketiga simulasi tersebut epidemi belum berakhir dan penyakit campak masih ada hingga $t = 100$, karena masih ada individu yang terinfeksi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih sedalam-dalamnya penulis sampaikan kepada kedua orang tua penulis, Ibu Respatiwulan dan Ibu Yuliana Susanti selaku dosen pembimbing, terima kasih atas kesabarannya dalam membimbing penulis untuk menyelesaikan penelitian ini.

REFERENSI

- Centers for Disease Control and Prevention. (2023, January 17). *Who We Are*. Diakses dari <https://www.cdc.gov/ncezid/who-we-are/index.html> tanggal 20 Maret 2023
- Halim, R. G. (2016). *Campak pada Anak*. *Cermin Dunia Kedokteran*, 43(3), 186-189.
- Jiao, H., & Shen, Q. (2020). Dynamics analysis and vaccination-based sliding mode control of a more generalized SEIR epidemic model. *IEEE Access*, 8.
- Kementerian Kesehatan. (2015). *Profil Pengendalian Penyakit dan Penyehatan Lingkungan Tahun 2014*. Jakarta: Kementerian Kesehatan

Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram
Mataram, 05 April 2023
ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023
pp. 659-668

- Kementerian Kesehatan. (2023). *Waspada, Campak jadi Komplikasi Sebabkan Penyakit Berat*. Diakses dari <https://sehatnegeriku.kemkes.go.id/baca/rilis-media/20230120/1642247/waspada-campak-jadi-komplikasi-sebabkan-penyakit-berat/> tanggal 20 Maret 2023
- Kholisoh, S., Budi Waluyo, S., & Kharis, M. (2012). MODEL EPIDEMI SEIR PADA PENYEBARAN PENYAKIT CAMPAK DENGAN PENGARUH VAKSINASI. *UNNES Journal of Mathematics*, 1(2), 110-117.
- Putra, R. T. (2016). Model Epidemii Seir dengan Insidensi Standar. *Jurnal Ilmiah Poli Rekayasa*, 12(1), 73-81.
- U. Hurint, R., Z. Ndi, M., & Lobo, M. (2017). Analisis Sensitivitas Model Epidemii SEIR. *Natural Science: Journal of Science and Technology*, 6(1), 22-28.
- Wahyu Saputro, A., Wulan, R., & Slamet, I. (2020). PENERAPAN MODEL EPIDEMII DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE EXPOSED INFECTED RECOVERED (DTMC SEIR) PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT TUBERKULOSIS. *PROSIDING SEMINAR NASIONAL STKIP PGRI SUMATERA BARAT*, 6(1), 29-40.
- Wicaksono, D., Respatiwan, Susanti, Y., Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, F., & Sebelas Maret, U. (2019). Model Discrete Time Markov Chain (DTMC) Susceptible Infected Recovered (SIR) Pada Pola Penyebaran Penyakit Cacar Air. *Prosiding Seminar Nasional Sains & Entrepreneurship VI*, 1(1), 1-8.