

Penerapan Model Discrete Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Infected Recovered (DTMC SVIR) pada Pola Penyebaran Penyakit Difteri di Indonesia

Anastasia Vania Kristiandari¹, Respatiwulan², Hasih Pratiwi³
^{1,2,3} Statistics, Sebelas Maret University, anastvania01@student.uns.ac.id

Keywords:

Epidemic,
Vaccination,
DTMC,
SVIR,
Diphtheria

Abstract: Epidemic is the spread of disease that appears in a population in an area within a certain time. Susceptible infected recovered (SIR) epidemic model describes the spread of disease with each recovered individual having a permanent immune system to a disease. One way of disease control can be done with vaccination. Epidemic model that considers vaccination is susceptible vaccinated infected recovered (SVIR) model. Population in SVIR model is divided into the susceptible group (S), vaccinated group (V), infected group (I), and recovered group (R). SVIR model that follows Markov process with discrete time intervals is discrete time Markov chain susceptible vaccinated infected recovered (DTMC SVIR) model. This study discusses the application of DTMC SVIR model to the pattern of diphtheria disease spread in Indonesia. The results present the DTMC SVIR model on diphtheria disease patterns in Indonesia with contact rate $\beta = 0,0000021026$, vaccination rate $\alpha = 0,0154360815$, vaccine failure rate $\theta = 0,029375$, and cure rate $\gamma = 0,0238095238$. Simulated model with initial values $N = 100$ and $I(0) = 2$ showed that epidemic ended at $t = 21$ and with $N = 500$, $V(0) = 15$, and $I(0) = 10$ showed that epidemic ended at $t = 62$.

Kata Kunci:

Epidemi,
Vaksinasi,
DTMC,
SVIR,
Difteri

Abstrak: Epidemi merupakan penyebaran penyakit yang muncul pada populasi di suatu daerah dalam waktu tertentu. Model epidemi *susceptible infected recovered* (SIR) menggambarkan penyebaran penyakit dengan setiap individu sembuh dari infeksi penyakit mempunyai sistem kekebalan permanen terhadap suatu penyakit. Salah satu cara pengendalian penyakit dapat dilakukan dengan program vaksinasi. Model epidemi yang mempertimbangkan vaksinasi adalah model *susceptible vaccinated infected recovered* (SVIR). Populasi model epidemi SVIR terbagi menjadi kelompok *susceptible* (S), kelompok *vaccinated* (V), kelompok *infected* (I), dan kelompok *recovered* (R). Model epidemi SVIR yang mengikuti proses Markov dengan selang waktu diskrit adalah model epidemi *discrete time Markov chain susceptible vaccinated infected recovered* (DTMC SVIR). Penelitian ini membahas penerapan model epidemi DTMC SVIR pada pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia. Hasil penelitian menyajikan model epidemi DTMC SVIR pada pola penyakit difteri di Indonesia dengan parameter laju kontak $\beta = 0,0000021026$, laju vaksinasi $\alpha = 0,0154360815$, laju kegagalan vaksin $\theta = 0,029375$, dan laju kesembuhan $\gamma = 0,0238095238$. Model disimulasikan dengan nilai awal $N = 100$ dan $I(0) = 2$ menunjukkan bahwa epidemi berakhir pada $t = 21$ dan dengan nilai awal $N = 500$, $V(0) = 15$, dan $I(0) = 10$ menunjukkan epidemi berakhir pada $t = 62$.

Article History:

Received: 20-03-2023

Online : 05-04-2023



This is an open access article under the **CC-BY-SA** license



A. LATAR BELAKANG

Saat ini banyak terdapat penyakit menular yang berbahaya yang dapat menyebabkan tingginya angka kematian. Penyakit menular itu di antaranya adalah campak, TBC (Tuberculosis), hepatitis, cacar air, dan difteri. Penyakit-penyakit tersebut memiliki risiko berbahaya dan dapat menyebabkan epidemi. Penyakit-penyakit menular ini dapat menyebabkan kematian. Epidemi merupakan penyebaran penyakit yang muncul pada populasi di suatu daerah dalam waktu tertentu. Epidemi dapat menimbulkan angka kematian yang tinggi dan menyebabkan kerugian finansial dan keterpurukan ekonomi. Penyakit ini dapat menyebar dan mengancam kelangsungan hidup manusia. Oleh karena itu, perlu dilakukan suatu cara untuk mengendalikan penyebaran penyakit tersebut.

Model matematika merupakan sekumpulan persamaan atau pertidaksamaan yang mengungkapkan perilaku suatu permasalahan yang nyata. Model matematika dibuat berdasarkan asumsi-asumsi (Ulfa, 2013). Model matematika untuk menganalisis penyebaran penyakit di antaranya adalah model epidemi *SI* (*Susceptible-Infected*), *SIS* (*Susceptible-Infected-Susceptible*), *SIR* (*Susceptible-Infected-Recovered*), *SVIR* (*Susceptible-Vaccinated-Infected-Recovered*), dan lain-lain. Model-model tersebut memiliki bentuk penyebaran dan karakteristik yang berbeda-beda.

Model matematika yang ditinjau secara probabilistik dapat dipandang sebagai model pola penyebaran penyakit yang bersifat random. Model epidemi stokastik yang ditinjau secara probabilistik dan memenuhi proses Markov adalah model *discrete time Markov chain* (*DTMC*) dan model *continuous time Markov chain* (*CTMC*). Model epidemi *CTMC SVIR* mengkaji perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu kontinu, sedangkan model epidemi *DTMC SVIR* mengkaji perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu diskrit. Model matematika yang menggambarkan penyebaran penyakit dengan setiap individu sembuh dari infeksi penyakit mempunyai sistem kekebalan tubuh yang kuat sehingga tidak dapat terinfeksi penyakit yang sama adalah model *susceptible infected recovery* (*SIR*). Pada model epidemi stokastik *SIR* populasi dibagi menjadi tiga kelompok, yaitu kelompok *susceptible* (*S*), kelompok *infected* (*I*), dan kelompok *recovered* (*R*). Dalam model epidemi stokastik *SIR*, individu menjadi terinfeksi, tetapi kemudian mengembangkan kekebalan dan memasuki kelas *recovered* (*R*).

Salah satu cara pengendalian penyakit dapat dilakukan dengan program vaksinasi. Vaksinasi diberikan agar individu memiliki kekebalan tubuh terhadap suatu penyakit. Individu yang telah melakukan vaksinasi disebut dengan individu kelompok *vaccinated* (*V*). Model epidemi *SIR* yang memperhatikan faktor vaksinasi disebut dengan model epidemi stokastik *susceptible vaccinated infected recovered* (*SVIR*). Model epidemi stokastik *SVIR* yang ditinjau secara probabilistik dan memenuhi proses Markov disebut sebagai model *discrete time Markov chain* (*DTMC*) *SVIR* dan model *continuous time Markov chain* (*CTMC*) *SVIR*.

(Saputro, 2017) melakukan penelitian mengenai penerapan model epidemi *SVIR* secara deterministik pada penyakit campak di Indonesia. Data yang digunakan merupakan data tahunan dari tahun 2006-2014. Berdasarkan penerapan model didapatkan bahwa Indonesia bebas penyakit campak pada tahun 2186.

Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram

Mataram, 05 April 2023

ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023

pp. 259-268

(Indriyani dkk., 2022) dalam penelitiannya menyajikan penerapan model *DTMC SVIR* pada pola penyebaran penyakit campak secara probabilistik menggunakan parameter model pada penelitian yang telah dilakukan oleh (Saputro, 2017). Simulasi model epidemi *DTMC SVIR* dilakukan dengan asumsi laju kelahiran dan laju kematian diabaikan, dan populasi konstan. Hasil dari penerapan pola penyebaran penyakit campak menunjukkan bahwa penyakit campak akan hilang perlahan dan epidemi akan berakhir saat $t=52$ tahun.

(Jasaputra, 2018) melakukan penelitian mengenai model epidemi *SVIR* secara deterministik pada penyebaran penyakit difteri di Indonesia. Nilai parameter dan nilai awal tiap individu kelompok dihitung dengan menggunakan data tahunan dari tahun 2007-2016 dan dilakukan penyelesaian model dilakukan dengan menggunakan algoritme Runge-Kutta orde empat dan didapatkan hasil bahwa Indonesia tidak mencapai target *Sustainable Development Goals (SDG)* pada tahun 2030.

(Aryani & Widyaningsih, 2020) dalam penelitiannya menyajikan model epidemi stokastik *SVIR* secara deterministik dan penerapannya pada penyakit difteri di Indonesia. Data yang digunakan merupakan data tahunan dari tahun 2008-2018. Berdasarkan hasil simulasi model didapatkan bahwa terdapat 230 kasus difteri di Indonesia pada tahun 2030 sehingga target bebas difteri di Indonesia belum tercapai.

(Adela dkk., 2020) melakukan penelitian mengenai model epidemi stokastik *DTMC SIR* pada pola penyebaran penyakit difteri secara probabilistik dengan menggunakan parameter model pada penelitian yang telah dilakukan oleh (Aryani & Widyaningsih, 2020). Simulasi penerapan model *DTMC SIR* dilakukan dengan mengasumsikan laju kelahiran dan laju kematian diabaikan, dan populasi konstan. Simulasi ini menghasilkan plot epidemi yang berakhir pada $t=75$ karena sudah tidak ada individu yang terinfeksi kembali.

Salah satu penyakit yang dapat menyebabkan epidemi adalah difteri. Difteri adalah penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri gram positif *Corynebacterium diphtheriae* strain toksin. Penyakit ini ditandai dengan adanya peradangan pada tempat infeksi, terutama pada selaput mukosa faring, laring, tonsil, hidung, dan kulit. Difteri merupakan penyakit berbahaya karena dapat menyebabkan tersumbatnya saluran pernapasan, peradangan dan kelumpuhan otot jantung, bahkan kematian. Difteri dapat dengan mudah menular jika individu kontak dengan penderita atau carrier melalui droplet (percikan ludah) dari batuk, bersin, muntah, kontak langsung dari lesi kulit, dan benda-benda yang terkena bakteri penyebab difteri. Semua kelompok usia dapat tertular penyakit ini, terutama anak-anak yang belum mendapat vaksinasi lengkap (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2017).

Penelitian ini membahas pola penyebaran penyakit difteri yang ditinjau secara probabilistik dan simulasi model epidemi. Model yang digunakan adalah model *discrete time Markov chain susceptible vaccinated infected recovered (DTMC SVIR)* dengan menggunakan laju kontak penularan, laju vaksinasi, laju kegagalan vaksinasi, dan laju kesembuhan.

B. METODE

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah studi literatur dengan menurunkan ulang model epidemi stokastik *DTMC SVIR* yang kemudian diterapkan pada pola penyebaran penyakit difteri. Langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Menurunkan model *DTMC SVIR*
 - a. Menjelaskan kejadian penyebaran penyakit pada model epidemi *DTMC SVIR*,
 - b. Menentukan asumsi model *DTMC SVIR*,
 - c. Menentukan parameter dan variabel random model *DTMC SVIR*, dan
 - d. Menentukan probabilitas transisi model epidemi *DTMC SVIR*, yang berisi
Probabilitas transisi dari perpindahan individu kelompok *susceptible* (*S*) ke kelompok *vaccinated* (*V*),
Probabilitas transisi dari perpindahan individu kelompok *vaccinated* (*V*) ke kelompok *susceptible* (*S*),
Probabilitas transisi dari perpindahan individu kelompok *susceptible* (*S*) ke kelompok *infected* (*I*),
Probabilitas transisi dari perpindahan individu kelompok *vaccinated* (*V*) ke kelompok *susceptible* (*S*), dan
Probabilitas transisi dari perpindahan individu kelompok *infected* (*I*) ke kelompok *recovered* (*R*).
2. Mensimulasikan model *DTMC SVIR*
 - a. Menetapkan nilai awal parameter laju kontak β , laju vaksinasi α , laju kegagalan vaksin θ , dan laju kesembuhan γ ,
 - b. Menetapkan banyaknya populasi dan jumlah awal individu terinfeksi,
 - c. Membangkitkan bilangan random dengan distribusi uniform untuk menghitung jumlah individu kelompok rentan (*S*), tervaksin (*V*), terinfeksi (*I*), dan sembuh (*R*), dan
 - d. Memberikan interpretasi pada hasil yang diperoleh.

C. HASIL DAN PEMBAHASAN

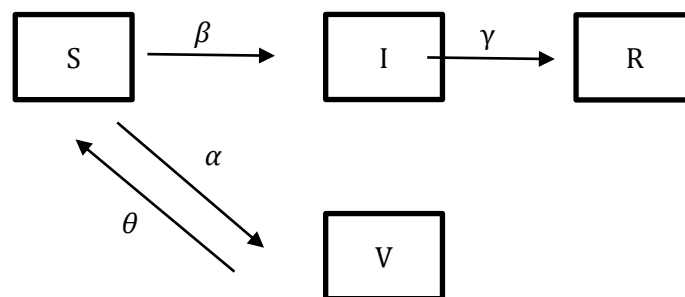
1. Penurunan Model *SVIR*

Penyebaran penyakit terjadi ketika terdapat kontak antara individu yang rentan terhadap penyakit dengan individu terinfeksi. Penyebaran penyakit dapat dikendalikan melalui vaksinasi. Vaksinasi dilakukan pada anak yang berusia di bawah lima tahun (balita) sehingga dari usia tersebut anak sudah mendapatkan kekebalan terhadap suatu penyakit. Model epidemi *SIR* yang mempertimbangan vaksinasi disebut sebagai model epidemi *SVIR*. Asumsi dalam model epidemi *SVIR* adalah sebagai berikut:

1. Penyakit menyebar pada populasi tertutup, tidak ada individu yang masuk atau keluar dari populasi tersebut,
2. Populasi bersifat homogen yang berarti setiap individu memiliki kemungkinan yang sama untuk terinfeksi penyakit kembali,

3. Hanya terdapat satu penyakit dalam populasi tersebut,
4. Tidak mempertimbangkan laju kelahiran dan laju kematian, dan
5. Memperhatikan vaksinasi.

Populasi pada model epidemi *SVIR* terbagi menjadi empat kelompok, yaitu kelompok *susceptible* (*S*) merupakan kelompok individu yang sehat namun dapat terinfeksi penyakit, kelompok *vaccinated* (*V*) merupakan kelompok individu yang telah divaksin namun dapat terinfeksi penyakit, kelompok *infected* (*I*) merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit, dan kelompok *recovered* (*R*) merupakan kelompok individu yang sembuh dari penyakit. Penyebaran penyakit model epidemi *SVIR* terjadi jika terdapat perpindahan individu *susceptible* ke kelompok *infected* dengan laju kontak sebesar β , dari kelompok *susceptible* ke kelompok *vaccinated* dengan laju vaksinasi sebesar α , dari kelompok *vaccinated* ke kelompok *susceptible* dengan laju kegagalan vaksin sebesar θ , dan dari kelompok *infected* ke kelompok *recovered* dengan laju kesembuhan sebesar γ seperti yang ditunjukkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Skema Model Epidemi Stokastik *SVIR*

Pada model epidemi stokastik *DTMC SVIR* terdapat tiga variabel random independen, yaitu $S(t)$, $V(t)$, dan $I(t)$. Variabel random $R(t)$ dapat diperoleh dengan

$$R(t) = N - S(t) - V(t) - I(t)$$

Jika jumlah individu pada kelompok *susceptible* pada waktu t adalah $S(t)=s$, jumlah individu pada kelompok *vaccinated* pada waktu t adalah $V(t)=v$, dan jumlah individu pada kelompok *infected* pada waktu t adalah $I(t)=i$, maka fungsi probabilitas bersama model epidemi stokastik *DTMC SVIR* adalah

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

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

Jumlah individu *susceptible*, *vaccinated*, dan *infected* dapat berubah setiap waktu. Besarnya perubahan jumlah individu *susceptible* menjadi *infected* pada selang waktu Δt adalah j . Besarnya perubahan jumlah individu *vaccinated* menjadi *susceptible* pada selang waktu Δt adalah k dan besarnya perubahan jumlah individu *infected* menjadi *recovered* pada selang waktu Δt adalah l , maka transisi yang terjadi pada model epidemi stokastik *DTMC SVIR* yaitu perpindahan dari *state* s ke $s+j$, dari *state* v ke $v+k$, dan dari *state* i ke $i+l$. Probabilitas transisi model epidemi *DTMC SVIR* yaitu

$$P_{(s+j,v+k,i+l),(s,v,i)}(\Delta t)$$

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

dengan Δt adalah satu kali periode terinfeksi dan diasumsikan cukup kecil sehingga hanya terdapat satu perubahan *state* yang terjadi.

Ketika individu kelompok *susceptible* berpindah kondisi menjadi kelompok *infected*, maka terjadi transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s-1, v, i+1)$. Perpindahan terjadi karena individu kelompok *susceptible* tertular penyakit dari individu kelompok *infected*. Jika terdapat sejumlah i individu dalam populasi N , maka probabilitas individu *infected* melakukan kontak dengan individu *susceptible* adalah $\frac{i}{N}$. Jika besarnya laju kontak atau laju penularan adalah β dan jumlah individu *susceptible* pada waktu t adalah s , maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s-1, v, i+1)$ adalah

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

Saat individu kelompok *susceptible* berpindah kondisi menjadi kelompok *vaccinated*, maka terjadi transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s-1, v+1, i)$. Perpindahan terjadi karena terdapat vaksinasi pada individu kelompok *susceptible*. Jika besarnya laju vaksinasi adalah α dan jumlah individu *susceptible* pada waktu t adalah s , maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s-1, v+1, i)$ adalah

$$P_{(s-1,v+1,i),(s,v,i)}(\Delta t) = \alpha s \Delta t \quad (2)$$

Ketika individu kelompok *vaccinated* berpindah kondisi menjadi kelompok *susceptible*, maka terjadi transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s+1, v-1, i)$. Perpindahan terjadi karena adanya kegagalan pada vaksinasi sehingga individu yang telah divaksin tidak memiliki kekebalan permanen terhadap suatu penyakit. Jika besarnya laju kegagalan vaksinasi adalah θ dan jumlah individu *vaccinated* pada waktu t adalah v , maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s+1, v-1, i)$ adalah

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

Pada saat individu kelompok *infected* berpindah kondisi menjadi kelompok *recovered*, maka terjadi transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i-1)$. Perpindahan terjadi karena individu *infected* telah sembuh. Jika besarnya laju kesembuhan adalah γ dan jumlah individu *infected* pada waktu t adalah i , maka probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* $(s, v, i-1)$ adalah

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

Saat tidak ada pengurangan maupun penambahan jumlah individu dalam setiap kelompok, maka tidak terjadi transisi pada *state* (s, v, i) atau dapat juga diartikan bahwa terjadi transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* (s, v, i) . Probabilitas transisi dari *state* (s, v, i) ke *state* (s, v, i) adalah

$$P_{(s,v,i),(s,v,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \alpha s + \theta v + \gamma i \right] \Delta t \quad (5)$$

Perpindahan individu dari satu *state* ke *state* lain terjadi pada interval waktu yang sangat kecil sehingga hanya mungkin satu individu yang bertransisi. Oleh karena itu, besarnya probabilitas transisi jumlah individu yang berpindah lebih dari satu dalam interval waktu Δt adalah nol. Persamaan (1), (2), (3), (4), dan (5) dapat dinyatakan sebagai model epidemi DTMC SVIR secara umum yang dapat ditulis sebagai

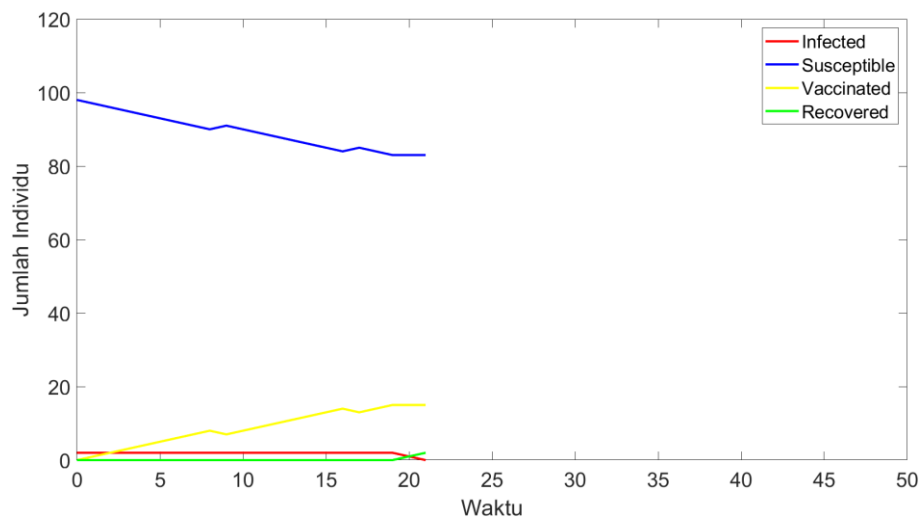
$$P_{(s+j,v+k,i+l),(s,v,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 0, 1), \\ \alpha s \Delta t, & (j, k, l) = (-1, 1, 0), \\ \theta v \Delta t, & (j, k, l) = (1, -1, 0), \\ \gamma i \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, -1), \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \alpha s + \theta v + \gamma i \right] \Delta t, & (j, k, l) = (0, 0, 0), \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (6)$$

dengan jumlah individu $S(0) > 0$, $V(0) > 0$, $I(0) > 0$, dan $R(0) \geq 0$, serta β , α , θ , dan γ bernilai positif.

2. Simulasi Model DTMC SVIR

Difteri adalah penyakit menular yang disebabkan oleh bakteri gram positif *Corynebacterium diphtheriae* strain toksin. Difteri merupakan penyakit berbahaya karena dapat menyebabkan tersumbatnya saluran pernapasan, peradangan dan kelumpuhan otot jantung, bahkan kematian. Model epidemi DTMC SVIR diterapkan pada penyakit difteri di Indonesia. Data yang digunakan merupakan data tahunan dari tahun 2014 (terbit tahun 2015) hingga tahun 2021 (terbit tahun 2022) yang diperoleh dari Pusat Data dan Informasi Kementerian Kesehatan RI (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021, 2022). Data tersebut digunakan untuk mengestimasi parameter model dan diperoleh nilai estimasi laju kontak (β) sebesar 0,0000021026 yang berarti rata-rata 21026 individu *susceptible* yang menjadi terinfeksi dari setiap 10000000000 kontak yang terjadi antara individu *susceptible* dengan individu *infected*, laju vaksinasi (α) sebesar 0,0154360815 yang berarti rata-rata terdapat 154360815 individu yang melakukan vaksinasi dari 10000000000 individu kelompok *susceptible* setiap tahunnya, laju kegagalan vaksin (θ) sebesar 0,029375 yang berarti bahwa terdapat 29375 individu yang kembali menjadi rentan terhadap penyakit difteri dari 1000000 individu kelompok *vaccinated* setiap tahunnya, dan laju kesembuhan (γ) sebesar 0,0238095238 yang berarti individu terinfeksi memiliki probabilitas kesembuhan dari penyakit difteri sebesar 0,0238095238.

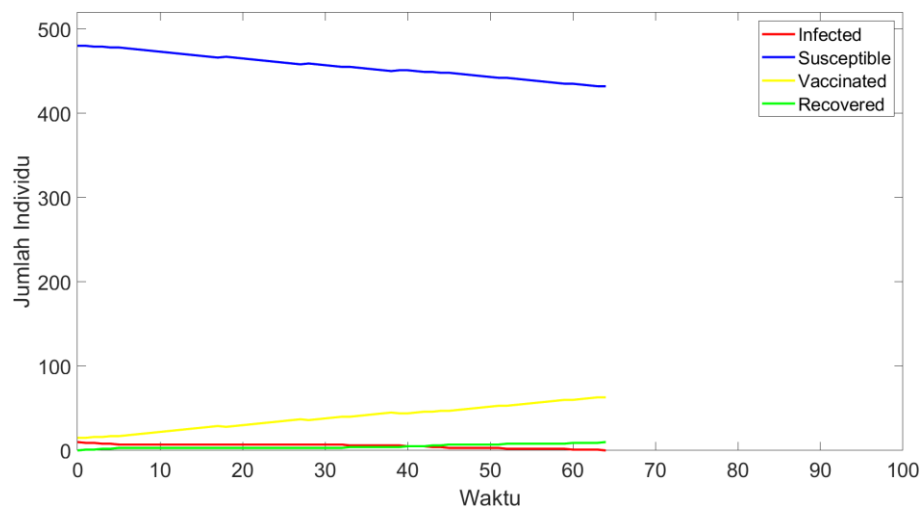
Asumsi pertama yang digunakan dalam penerapan ini yaitu populasi konstan sebesar $N = 100$ dan laju kelahiran dan laju kematian diabaikan. Diberikan nilai awal $S(0) = 98$, $V(0) = 0$, $I(0) = 2$, dan $R(0) = 0$. Simulasi model DTMC SVIR pada pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia ditunjukkan oleh Gambar 2.



Gambar 2. Penerapan Model *DTMC SVIR* pada Pola Penyebaran Difteri dengan Parameter $\beta = 0,0000021026$, $\alpha = 0,0154360815$, $\theta = 0,029375$, dan $\gamma = 0,0238095238$ dengan populasi $N = 100$ dan $I(0) = 2$

Berdasarkan Gambar 2, terlihat bahwa jumlah individu kelompok *susceptible* (*S*) semakin lama semakin menurun, jumlah individu kelompok *vaccinated* (*V*) terus meningkat, dan jumlah individu kelompok *infected* (*I*) mengalami penurunan hingga saat $t = 21$ menjadi nol, serta jumlah individu kelompok *recovered* (*R*) mengalami kenaikan hingga saat $t = 21$ jumlah individu *recovered* menjadi 2. Berdasarkan hasil penerapan model epidemi *DTMC SVIR* pada pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia dapat disimpulkan bahwa epidemi akan berakhir pada $t = 21$ karena sudah tidak terdapat individu yang terinfeksi lagi dengan nilai akhir untuk masing-masing kelompok individu adalah $S(21) = 83$, $V(21) = 15$, $I(21) = 0$, dan $R(21) = 2$.

Asumsi kedua yang digunakan dalam penerapan ini yaitu populasi konstan sebesar $N = 500$ dan diberikan nilai awal $S(0) = 425$, $V(0) = 15$, $I(0) = 10$, dan $R(0) = 0$ dengan laju kelahiran dan kematian diabaikan. Hasil penerapan model *DTMC SVIR* pada pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia ditunjukkan oleh Gambar 3.



Gambar 3. Penerapan Model *DTMC SVIR* pada Pola Penyebaran Difteri dengan Parameter $\beta = 0,0000021026$, $\alpha = 0,0154360815$, $\theta = 0,029375$, dan $\gamma = 0,0238095238$ dengan populasi $N = 500$, $V(0) = 15$, dan $I(0) = 10$

Gambar 3 menunjukkan bahwa jumlah individu kelompok *susceptible* (*S*) mengalami penurunan setiap tahunnya, jumlah individu kelompok *vaccinated* (*V*) terus meningkat, jumlah individu kelompok *infected* (*I*) terus menurun hingga saat $t = 62$ jumlah individu *infected* menjadi nol, serta jumlah individu kelompok *recovered* (*R*) mengalami kenaikan hingga saat $t = 62$ tahun menjadi 10 individu *recovered*. Epidemi berakhir pada saat $t = 62$ dengan nilai untuk masing-masing kelompok individu pada saat $t = 62$ yaitu $S(62) = 430$, $V(62) = 50$, $I(62) = 0$, dan $R(62) = 10$.

Berdasarkan simulasi yang telah dilakukan dapat disimpulkan bahwa dengan perubahan kenaikan populasi dan nilai awal individu yang terinfeksi serta individu yang tervaksin maka epidemi akan berakhir dengan peningkatan pada jumlah individu yang tervaksin dan jumlah

Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram

Mataram, 05 April 2023

ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023

pp. 259-268

individu sembuh. Hal tersebut dapat berarti bahwa banyaknya individu yang tervaksin berpengaruh pada epidemi.

D. SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan dapat disimpulkan bahwa:

1. Model Epidemi SVIR dapat dinyatakan sebagai

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

2. Penerapan model epidemi DTMC SVIR pada pola penyebaran penyakit difteri dengan parameter $\beta = 0,0000021026$, $\alpha = 0,0154360815$, $\theta = 0,029375$, $\gamma = 0,0238095238$ dan dengan nilai awal $N = 100$ dan $I(0) = 2$ disimpulkan bahwa epidemi akan berakhir pada saat $t = 21$ dengan nilai akhir kelompok individu $S(21) = 83$, $V(21) = 15$, $I(21) = 0$, dan $R(21) = 2$. Penerapan model dengan parameter yang sama dan dengan nilai awal $N = 500$, $V(0) = 15$, dan $I(0) = 10$ menyajikan bahwa epidemi berakhir saat $t = 62$ dengan nilai akhir kelompok individu $S(62) = 430$, $V(62) = 50$, $I(62) = 0$, dan $R(62) = 10$. Banyaknya individu yang tervaksin berpengaruh pada epidemi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Puji syukur karena berkat rahmat Tuhan yang Maha Esa sehingga penulis dapat menyelesaikan artikel ini. Penulis menghaturkan terima kasih kepada Ibu Dra. Respatiwan, M.Si. dan Ibu Dr. Hasih Pratiwi, S.Si, M.Si yang memberikan bimbingan, arahan serta dukungan penuh dalam penyusunan artikel ini, serta kepada orang tua dan teman-teman yang turut serta memberikan dukungan hingga artikel ini dapat selesai.

REFERENSI

- Adela, M. H., Respatiwan, & Susanti, Y. (2020). MODEL DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERY (DTMC SIR) PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT DIFTERI. *Seminar Nasional Pendidikan dan Ilmu Matematika (SENANDIKA) 2020*, 120–125.
- Aryani, I., & Widyaningsih, P. (2020). Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR) dan Penerapannya pada Penyakit Difteri di Indonesia. *PRISMA, Prosiding Seminar Nasional Matematika*, 3, 156–162.
- Indriyani, R., Respatiwan, & Pratiwi, H. (2022). PENERAPAN MODEL EPIDEMI DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE VACCINATED INFECTED RECOVERED (DTMC SVIR) (STUDI KASUS PADA POLA PENYERBARAN PENYAKIT CAMPAK). *ProSANDIKA UNIKAL (Prosiding Seminar Nasional Pendidikan*

Seminar Nasional LPPM UMMAT

Universitas Muhammadiyah Mataram
Mataram, 05 April 2023
ISSN 2964-6871 | Volume 2 April 2023
pp. 259-268

Matematika Universitas Pekalongan), 3(1), 165–174.

- Jasaputra, A. (2018). Penyebaran Penyakit Difteri di Indonesia dengan Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR). Dalam *Universitas Sebelas Maret*. Universitas Sebelas Maret.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2015). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2014*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2016). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2015*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2017a). *Pedoman Pencegahan dan Pengendalian Difteri*. Direktorat Pencegahan dan Pengendalian Penyakit.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2017b). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2016*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2018). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2017*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2019). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2018*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2020). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2019*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2021). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2020*. Kementerian Kesehatan RI.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2022). *Profil Kesehatan Indonesia Tahun 2021*. Kementerian Kesehatan RI.
- Saputro, S. A. (2017). *Penyebaran Penyakit Campak di Indonesia dengan Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR)*. Universitas Sebelas Maret.
- Ulfa, M. (2013). *Model Matematika Untuk Kontrol Campak Menggunakan Vaksinasi*. Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga Yogyakarta.