

Pola Penyebaran Penyakit Malaria Menggunakan Model *Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Susceptible (DTMC SIS)*

Mirza Hanif Khoirudin¹⁾, Respatiwan²⁾, Irwan Susanto³⁾

^{1), 2), 3)} Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret

¹⁾Email : mirzahanif@student.uns.ac.id

²⁾Email : respatiwan@staff.uns.ac.id

³⁾Email : irwansusanto@staff.uns.ac.id

Abstrak - Penyakit menular adalah penyakit yang dapat ditularkan dari individu sakit kepada individu sehat baik melalui kontak langsung maupun tidak. Beberapa penyakit menular dapat menyebabkan suatu epidemi. Epidemi adalah menyebarnya suatu penyakit pada suatu populasi, pada periode waktu tertentu, dan memiliki laju penyebaran yang tinggi. Salah satu penyakit menular yang menyebabkan epidemi adalah penyakit malaria. Penyakit malaria adalah penyakit yang ditularkan melalui gigitan nyamuk *anopheles betina*. Penyakit malaria ini memiliki karakteristik dimana penderita setelah sembuh dari infeksi tidak memiliki sistem kekebalan tubuh permanen sehingga dapat terinfeksi kembali. Pola penyebaran penyakit yang karakteristiknya sesuai dengan pola penyebaran penyakit malaria adalah model epidemi *susceptible infected susceptible (SIS)*. Penyebaran penyakit merupakan suatu proses stokastik karena dapat dipandang sebagai kejadian random yang didasarkan oleh waktu, sebagai suatu proses stokastik dalam selang waktu diskrit dapat dikatakan model *discrete time markov chain susceptible infected susceptible (DTMC SIS)*. Tujuan dari penelitian ini adalah menurunkan ulang model *DTMC SIS* dan mensimulasikan pada contoh kasus penyakit malaria. Model disimulasikan dengan mengambil laju kontak penularan β , laju kesembuhan γ serta laju kematian dan laju kelahiran yang diasumsikan sama yaitu b . Hasil penelitian menunjukkan bahwa model *DTMC SIS* yang berupa probabilitas transisi dapat diterapkan untuk mendeskripsikan pola penyebaran penyakit malaria.

Kata Kunci : *Epidemi, DTMC SIS, Malaria*

PENDAHULUAN

Penyakit menular merupakan penyakit yang dapat ditularkan dari individu sakit kepada individu sehat melalui kontak langsung maupun tidak. Penyakit menular sangatlah berbahaya karena bisa menyebabkan epidemi. Epidemi adalah timbulnya penyakit pada suatu populasi tertentu, dalam periode waktu tertentu, dengan laju penyebaran yang tinggi.. Ada banyak penyakit menular yang sangat berbahaya salah satunya adalah malaria. Malaria adalah penyakit menular yang disebabkan oleh gigitan nyamuk *anopheles betina* yang terinfeksi parasit bertipe *Plasmodium*. Malaria tidak hanya menyebabkan angka kematian yang tinggi, tetapi juga mengakibatkan kerugian finansial yang besar berupa biaya perawatan dan pengobatan sehingga diperlukan suatu alat untuk mengetahui pola penyebaran penyakit malaria tersebut.

Model epidemi merupakan sarana yang dapat digunakan untuk mempelajari pola penyebaran penyakit. Ada beberapa model matematika yang dapat menggambarkan pola penyebaran penyakit. Model epidemi matematika oleh A. G. McKendrick dan W. O. Kermarck (1927) yang memformulasikan model deterministik sederhana. Terdapat beberapa model baik yang bersifat deterministik, maupun model yang bersifat stokastik. Beberapa contoh dari model tersebut adalah *SI, SIS, SIR*, dan *SEIR*. Model – model tersebut memiliki karakteristik tersendiri,

berdasarkan jenis dan bentuk penyebaran penyakit menular yang diamati.

Menurut Allen (2003), model matematika yang digunakan untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit dengan karakteristik setiap individu sembuh dari infeksi penyakit mempunyai sistem kekebalan tubuh yang lemah adalah model *susceptible infected susceptible (SIS)*. Pada model *SIS*, populasi terbagi menjadi dua kelompok, yaitu *Susceptible (S)* yaitu kelompok individu sehat atau rentan, dan *Infected (I)* yaitu kelompok individu terinfeksi dan dapat menginfeksi. Model *SIS* menggambarkan alur penyebaran penyakit dari suatu individu yang rentan terhadap penyakit (*susceptible*) kemudian menjadi terinfeksi karena menjalin kontak dengan individu terinfeksi (*infected*) secara langsung maupun tidak, kemudian individu mengalami kesembuhan dan memiliki resiko untuk terinfeksi kembali karena tidak memiliki sistem kekebalan tubuh permanen.

Model *SIS* dapat ditinjau secara deterministik maupun probabilistik. Pola penyebaran yang ditinjau secara probabilistik terbagi menjadi tiga model, yaitu *discrete time markov chain (DTMC)*, *countinuous time markov chain (CTMC)*, dan *stochastic differential equation (SDE)*. Model *DTMC* adalah suatu model penyebaran penyakit dalam selang waktu diskrit, $t = \{0,1,2,3, \dots\}$. Model tersebut menggambarkan perpindahan individu dari kelompok *S* ke *I* dan kembali lagi ke *S* yang diambil secara random dalam populasi.

Penyebaran penyakit merupakan suatu kejadian random yang bergantung pada waktu dan berkaitan dengan probabilitas, atau dapat disebut sebagai suatu proses stokastik. Suatu epidemi diharapkan berhenti sebelum menginfeksi seluruh individu dalam suatu populasi. Suatu epidemi dikatakan berhenti apabila tidak ada lagi individu yang terinfeksi. Pada penelitian ini, peneliti ingin mengetahui pola penyebaran penyakit malaria yang ditinjau secara probabilistik. Model yang digunakan adalah model *discrete time markov chain susceptible infected susceptible (DTMC SIS)*.

LANDASAN LITERATUR

Model Epidemi SIS

Model epidemi *SIS* adalah model yang menggambarkan pola penyebaran penyakit dimana individu rentan terjadi kontak dengan individu yang terinfeksi namun setelah sembuh dapat terinfeksi kembali karena mempunyai sistem kekebalan tubuh yang lemah. Model epidemi *SIS* merupakan model penyebaran penyakit menular yang membagi populasi menjadi dua kelompok populasi yaitu *susceptible (S)* dan *infected(I)*. Kelompok *susceptible* adalah kelompok individu yang rentan terinfeksi atau individu yang sembuh dari infeksi, tetapi memiliki sistem kekebalan tubuh yang lemah sehingga berpotensi terinfeksi kembali. Kelompok *infected* terdiri dari kelompok individu yang terinfeksi penyakit dan dapat menularkan penyakit pada individu lain. Asumsi yang digunakan pada model *SIS*, yaitu:

1. Populasi konstan, atau penyakit menyebar pada suatu populasi tertutup sehingga tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi.
2. Populasi homogen, sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama untuk terinfeksi penyakit.
3. Model dipengaruhi laju kelahiran dan kematian yang diasumsikan sama.
4. Hanya ada satu penyakit dalam populasi.

Proses Stokastik

Proses stokastik merupakan kumpulan dari beberapa variabel random $\{X_t | t \in T, X_t \in S\}$. dengan T himpunan indeks dan S ruang sampel. Himpunan indeks T sering dinyatakan sebagai himpunan waktu. Proses stokastik dapat dibedakan menjadi dua bentuk yaitu :

- a. Jika $T = \{0, 1, 2, 3, \dots\}$ maka proses stokastik dengan waktu diskrit

- b. Jika $T = (0, \infty]$ maka proses stokastik dengan waktu kontinu.

Kejadian random pada model *SIS* adalah perubahan banyaknya individu terinfeksi. Maka dari itu, perubahan $I(t)$ dapat dipandang sebagai suatu proses stokastik.

Discrete Time Markov Chain Susceptible Infected Susceptible

Menurut Allen (2008), model *DTMC SIS* merupakan model yang menggambarkan penyebaran penyakit sebagai proses stokastik. Pada model tersebut variabel random yang dikaji adalah variabel random I_t yang bersifat diskrit dengan waktu (t) diskrit, $t = \{0, 1, 2, 3, \dots\}$. Menurut Allen (2008), Model *DTMC SIS* merupakan suatu fungsi probabilitas jumlah individu terinfeksi pada waktu ke t . Misalkan $I(t)$ adalah variabel random diskrit untuk jumlah individu terinfeksi dengan fungsi probabilitas,

$$p_i(t) = \text{Prob}[I(t)=i]$$

Penyakit Malaria

Penyakit Malaria adalah penyakit menular yang disebabkan oleh parasit yang ditularkan kepada individu melalui gigitan nyamuk *anopheles* betina yang terinfeksi oleh parasit bertipe *plasmodium* seperti yang dikatakan Putra(2011). Gejala yang ditimbulkan oleh penyakit malaria adalah seperti demam, kelelahan, muntah dan pusing kepala namun malaria merupakan penyakit yang dapat dicegah dan disembuhkan. Penyakit malaria ini masih terdapat di beberapa wilayah Indonesia terutama Indonesia bagian timur.

METODE

Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu penurunan ulang model dan penyusunan contoh kasus malaria. Langkah – langkahnya meliputi: (a) penyusunan asumsi-asumsi sebagai pendukung dan pelengkap dalam penyusunan model, (b) penurunan ulang model, (c) simulasi contoh kasus untuk memberikan gambaran penyebaran penyakit.

Asumsi untuk mendukung penyusunan model antara lain (a) populasi konstan, atau penyakit menyebar pada suatu populasi tertutup sehingga tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi, (b) populasi homogen, sehingga setiap individu memiliki peluang yang sama untuk terinfeksi penyakit, (c) laju kelahiran dan kematian sama, dan (d) hanya ada satu penyakit dalam populasi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Daftar variabel-variabel dan parameter yang ada dalam model matematika diberikan dalam tabel 1 dan tabel 2 di bawah ini.

Tabel 1. Daftar Variabel-Variabel

No	Variabel	Keterangan
	N	Jumlah populasi
	S	Jumlah individu rentan
	I	Jumlah individu terinfeksi

Tabel 2. Daftar Parameter-Parameter

No	Parameter	Keterangan
	β	Laju kontak penularan
	γ	Laju kesembuhan
	b	Laju kelahiran yang diasumsikan sama dengan laju kematian

Menurut Allen, model DTMC SIS adalah suatu fungsi probabilitas jumlah individu terinfeksi pada waktu ke t dengan fungsi probabilitas,

$$p_i(t) = \text{Prob}[I(t)=i]$$

Dengan $i=0, 1, 2, \dots, N$; $t=\{0, 1, 2, 3, \dots\}$.

Jumlah individu terinfeksi bisa berubah setiap waktu. Probabilitas berubahnya jumlah individu terinfeksi dari jumlah i menjadi j pada selang waktu tertentu disebut sebagai probabilitas transisi, yang ditulis sebagai

$$p_{ij}(\Delta t) = \text{Prob}[I(t+\Delta t) = j | I(t) = i]$$

Kemudian, i dan j dapat disebut sebagai *state* dan perpindahan dari *state* i ke j disebut sebagai transisi, karena proses transisi terjadi pada selang waktu yang sangat kecil sehingga dimungkinkan hanya satu individu yang bertransisi, yaitu dari *state* i ke *state* $j = i + 1$, dari *state* i ke *state* $j = i - 1$, dan dari *state* i ke *state* $j = i$. Pada saat individu terinfeksi bertransisi dari *state* i ke *state* $j = i + 1$, maka jumlah individu terinfeksi bertambah satu atau terjadi perpindahan individu dari kelompok S ke kelompok I .

Besar laju penularannya adalah β , $\frac{i}{N}$ merupakan proporsi jumlah individu terinfeksi terhadap jumlah total populasi, dan $(N - i)$ adalah jumlah individu *susceptible* (S). Jadi, besarnya probabilitas transisi dari kelompok S ke I dengan selang waktu Δt adalah $\beta \frac{i}{N} S \Delta t = \frac{\beta}{N} i(N - i) \Delta t$. Maka probabilitas transisi dari *state* i ke $j = i + 1$ dalam selang waktu Δt sebagaimana ditulis oleh Allen (2003) adalah

$$p_{i,i+1}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} (N - i) \Delta t. \quad (1)$$

Ketika jumlah individu yang terinfeksi bertransisi dari *state* i ke $j = i - 1$, maka jumlah individu terinfeksi

berkurang satu yang disebabkan oleh dua hal yaitu, yang pertama akibat terjadinya perpindahan individu *infected* ke individu *susceptible* atau individu telah sembuh dengan probabilitas sebesar $\gamma i \Delta t$, dengan γ adalah laju kesembuhan. Kedua, akibat terjadinya kematian satu individu dalam kelompok *infected* dengan probabilitas sebesar $b i \Delta t$. Sehingga probabilitas transisi dari *state* i ke $j = i - 1$ dalam selang waktu Δt sebagaimana ditulis oleh Allen (2003) adalah

$$p_{i,i-1}(\Delta t) = (b + \gamma) i \Delta t. \quad (2)$$

Pada saat jumlah individu yang terinfeksi bertransisi dari *state* i ke $j = i$, maka jumlah individu terinfeksi tidak mengalami penambahan maupun pengurangan jumlah individu terinfeksi. Seperti yang dituliskan oleh Allen (2003) besarnya probabilitas transisi dari *state* i ke i dalam selang waktu Δt adalah selisih antara total probabilitas semua kejadian dengan jumlah probabilitas transisi saat terjadi perubahan dari *state* i ke $i + 1$ dan i ke $i - 1$, yang dituliskan sebagai

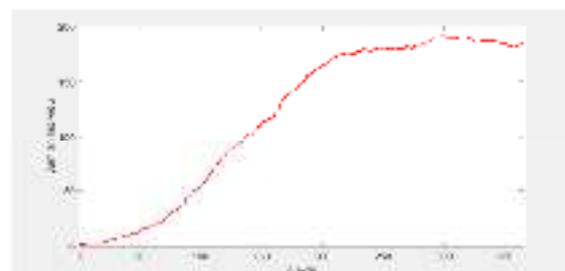
$$p_{i,i}(\Delta t) = 1 - \left[\frac{\beta i(N-i)}{N} + (b + \gamma) i \right] \Delta t. \quad (3)$$

Persamaan (1), (2) dan (3) dapat dituliskan dengan suatu sistem persamaan

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} (N - i) \Delta t, & j = i + 1 \\ (b + \gamma) i \Delta t, & j = i - 1 \\ 1 - \left[\frac{\beta i(N-i)}{N} + (b + \gamma) i \right] \Delta t, & j = i \\ 0, & \text{yang lain,} \end{cases} \quad (4)$$

Simulasi Model

Nilai – nilai parameter yang digunakan berdasarkan Augusto et al(2012), adalah $\beta = 0,03$, $\gamma = 0,00137$ dan $b = 0,0004$



Gambar 1. Jumlah Individu Terinfeksi

Gambar 1. menunjukkan jumlah individu terinfeksi ketika nilai parameter β laju kontak sebesar 0,03 dan parameter γ laju kesembuhan sebesar 0,00137 dan b yaitu laju kelahiran dan laju kematian yang diasumsikan sama sebesar 0,0004. Grafik menunjukkan banyak individu terinfeksi, pada grafik tersebut menunjukkan bahwa dengan bertambahnya

waktu banyak individu mengalami peningkatan yang tajam dan mulai stabil pada hari-230

KESIMPULAN

1. Model epidemi *DTMC SIS* dinyatakan sebagai

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} (N - i) \Delta t, & j = i + 1 \\ (b + \gamma) i \Delta t, & j = i - 1 \\ 1 - \left[\beta \frac{i(N-i)}{N} + (b + \gamma) i \right] \Delta t, & j = i \\ 0, & \text{yang lain,} \end{cases}$$

2. Berdasar pengamatan grafik pada pola penyebaran contoh kasus malaria menunjukkan bertambahnya waktu mempengaruhi banyak individu terinfeksi yang mengalami peningkatan.

SARAN

Pada penelitian ini dibahas model *DTMC SIS* dengan populasi yang tertutup dan hanya ada satu penyakit. Topic ini dapat dikembangkan lebih lanjut menjadi model yang populasinya tidak tertutup serta ada beberapa penyakit dalam populasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, L. J. S., and E. J. Allen. *A Comparison of Three Different Stochastic Population Models with Regard to Persistence Time*, Theoretical Population Biology. 2003.
- Allen, L. J. S. *An Introduction to Stochastic Epidemic Models*, Tech. report, Departement of Mathematics and Statistics, Texas Tech University, Lubbock, Texas. 2008.
- Allen, L. J. S. And Burgin, A. M. *Comparison of deterministic and stochastic SIS and SIR models in discrete time. Mathematical Biosciences*, 2000. vol. 163, no. 1, pp. 1-33.
- Agusto FB, Marcus N, Okosun KO. Application of optimal control to the epidemiology of malaria. *Electronic Journal of Differential Equation*. 2012(81):1-22.
- Brauer, F., P. Driessche, and J. Wu. *Mathematical Epidemiology*, Springer. 2008.
- Putra, T. R. I.. *Malaria dan Permasalahannya. Jurnal Kedokteran Syiah Kuala*, 2011. V (11): 106-107
- Taylor, H. M. And S. Karlin,. *An Introduction to Stochastic Modeling*, received edition, Academic Press, United States of America. 1994.



PROSIDING

SEMINAR NASIONAL SAINS DAN ENTREPRENEURSHIP VI TAHUN 2019

"Tantangan Sains dalam Pembelajaran dan Masyarakat 2020: Pengabdian Masyarakat, Riset Berkelanjutan & Era Resilien"
Induk 142 Berdikaritasiparadip

Semarang, 23 Agustus 2019