

PARAMETERS ESTIMATION OF DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERED (DTMC SIR) EPIDEMIC MODEL CASE STUDY : THE SPREAD OF TUBERCULOSIS IN INDONESIA

Adityo Wahyu Saputro^{1*}, Nanang Susyanto²

^{1,2} *Department of Mathematics, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta*
Email : ¹ adityowahyusaputro@mail.ugm.ac.id, ² nanang_susyanto@ugm.ac.id

Abstract. An epidemic is the rapid spread of disease that arises in several individuals in region at a certain time. A susceptible infected recovered (SIR) epidemic model describes the pattern of spread of disease with characteristics susceptible individuals who interact with infected individuals can be infected by a particular disease, and after recovery they will have permanent immunity. A SIR epidemic model that studies changes in the number of infected individuals in discrete time is called a discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR) epidemic model. This study aims to estimate the parameters of the discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR) epidemic model using the maximum likelihood method and to apply to the case of tuberculosis transmission in Indonesia. The method used in this research is estimate the parameters of the discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR) epidemic model by study theoretical references that is relevant then to apply to the case of tuberculosis transmission in Indonesia. The result of this study describes that tuberculosis in Indonesia has contact rate $\beta = 0,1614$ and recovery rate $\gamma = 0,1377$. Based on result tuberculosis will continue to exist and epidemic has not over until 2039.

Key Word : Epidemic, SIR, Likelihood, Tuberculosis

1. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Kesehatan adalah bagian yang sangat penting dalam kehidupan, karena kesehatan dapat mempengaruhi aktifitas dan kualitas hidup setiap manusia. Faktanya tidak semua manusia dapat mempertahankan kondisi kesehatannya sepanjang waktu dan sering kali terkena oleh suatu penyakit. Penyakit yang menyerang manusia dapat dibagi menjadi dua yaitu penyakit menular dan penyakit tidak menular.

Epidemi merupakan peristiwa penyebaran penyakit yang menyerang pada banyak individu di suatu daerah dan melebihi keadaan normal dalam waktu tertentu. Epidemik tidak hanya menimbulkan jumlah kematian yang tinggi tetapi juga mengakibatkan kerugian finansial, pembatasan mobilitas, dan keterpurukan ekonomi. Oleh karena itu, diperlukan suatu cara dalam pengendalian penyebaran penyakit tersebut.

Model matematika merupakan salah satu alat yang dapat digunakan untuk menggambarkan pola penyebaran penyakit [9]. Salah satu model matematika yang dapat menggambarkan penyebaran penyakit adalah model *susceptible infected recovered (SIR)*. Model *SIR* merupakan model matematika yang menggambarkan pola penyebaran penyakit

dengan karakteristik setiap individu rentan (*susceptible*) berinteraksi dengan individu terinfeksi (*infected*) dapat tertular oleh suatu penyakit tertentu dan setelah sembuh (*recovered*) akan mempunyai kekebalan tubuh permanen [10].

Populasi dalam model epidemi SIR terbagi kedalam tiga kelompok, yaitu kelompok *susceptible* (*S*), kelompok *infected* (*I*), dan kelompok *recovered* (*R*). Kelompok *susceptible* merupakan kelompok individu sehat yang rentan terhadap suatu penyakit, kemudian kelompok *infected* merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit serta dapat menularkannya kepada individu lain, sedangkan kelompok *recovered* merupakan kelompok individu yang sudah sembuh. Penyakit yang memiliki karakteristik seperti model epidemi *SIR* antara lain tuberkulosis, covid-19, campak dan hepatitis.

Model epidemi *susceptible infected recovered* (*SIR*) dapat ditinjau secara deterministik ataupun probabilistik. Model deterministik adalah model yang dipandang sebagai suatu fungsi diferensial, sedangkan model probabilistik adalah model yang dipandang sebagai suatu fungsi probabilitas. Model penyakit yang ditinjau secara probabilistik dapat dibagi menjadi tiga yaitu : *discrete time Markov chain* (*DTMC*), *continous time Markov chain* (*CTMC*), dan *stochastic differential equation* (*SDE*) [4].

Banyaknya individu sehat yang rentan akan suatu penyakit dan individu terinfeksi pada suatu epidemi tidak dapat diprediksi secara pasti sehingga penyebaran epidemi dapat dipandang sebagai suatu proses stokastik [13]. Selain itu, banyaknya individu sehat yang rentan akan suatu penyakit dan individu terinfeksi pada waktu yang akan datang hanya dipengaruhi oleh banyaknya individu sehat yang rentan yang rentan akan suatu penyakit dan individu terinfeksi pada saat ini. Kejadian ini menunjukkan bahwa penyebaran penyakit pada suatu epidemi merupakan suatu proses Markov.

Penelitian ini menerapkan model *discrete time Markov chain* (*DTMC*) *SIR* pada pola penyebaran penyakit di Indonesia. Kebaruan utama dalam penelitian ini adalah penggunaan *discrete time Markov chain* karena suatu epidemi tidak bisa diprediksi secara pasti, berbeda dari penelitian lain yang kebanyakan menggunakan model deterministik atau menggunakan persamaan diferensial seperti penelitian [7]. Selain itu, penelitian ini juga memasukan faktor kelahiran dan kematian yang mencerminkan realitas kondisi dinamika demografi, berbeda dari kebanyakan penelitian yang mengabaikan faktor kematian dan kelahiran sehingga populasi menjadi konstan.

1.2. Kajian Teori

Teori-teori yang relevan disajikan untuk mencapai tujuan dari penelitian ini. Teori-teori tersebut meliputi proses stokastik, proses Markov, model epidemi *DTMC SIR*, dan metode maksimum *likelihood*.

1.2.1. Proses Stokastik

Proses stokastik merupakan himpunan dari suatu variabel random $\{X_t | t \in T, X_t \in S\}$ dengan T merupakan himpunan indeks waktu dan S merupakan ruang sampel. Segala kemungkinan nilai yang mungkin terjadi pada variabel random X_t disebut dengan *state space* (ruang keadaan) [17]. Ketika $T = \{0, 1, 2, \dots\}$ proses stokastik disebut sebagai proses stokastik waktu diskrit, dan ketika $T = [0, \infty)$ proses stokastik disebut sebagai proses stokastik waktu kontinu [8].

1.2.2. Proses Markov

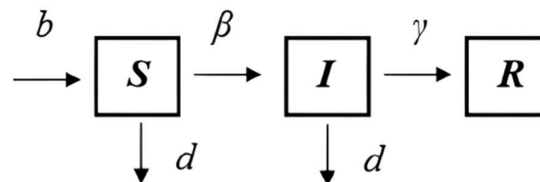
Proses stokastik dengan waktu diskrit dan kontinu dapat dipandang sebagai suatu proses Markov apabila nilai $X(t)$ diberikan, mana nilai $X(s)$ dengan $s > t$ tidak bergantung pada nilai $X(u)$ dengan $u < t$ [13]. Proses stokastik dengan waktu diskrit dapat dipandang mempunyai sifat Markov dan disebut dengan rantai Markov jika $P(X_n = i_n | X_0 = i_0, \dots, x_{n-1} = i_{n-1}) = P(X_n = i_n | X_{n-1} = i_{n-1})$ dengan $i_k \in \{1, 2, 3, \dots\}$ untuk $k = 0, 1, 2, 3, \dots, n$ yang berarti bahwa probabilitas keadaan pada waktu $t + 1$ hanya dipengaruhi oleh keadaan pada waktu t [5].

1.2.3. Model Epidemi DTMC SIR

Model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered* (DTMC SIR) merupakan model matematika yang mempelajari tentang pola penyebaran penyakit yang ditinjau secara probabilistik dalam waktu diskrit dengan karakteristik untuk setiap individu yang sembuh dari suatu penyakit akan mempunyai sistem kekebalan tubuh [4]. Penyebaran penyakit dalam model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered* (DTMC SIR) terjadi ketika individu rentan (*susceptible*) berinteraksi atau melakukan kontak langsung dengan individu terinfeksi (*infected*) suatu penyakit menular, sehingga individu tersebut akan terinfeksi oleh suatu penyakit. Setelah sembuh (*recovered*), individu tersebut akan mempunyai kekebalan permanen terhadap suatu penyakit [1]. Asumsi dalam model epidemi DTMC SIR sebagai berikut :

1. Penyakit menyebar pada suatu populasi tertutup sehingga tidak ada individu yang keluar atau masuk dari populasi (tidak terjadi migrasi).
2. Populasi bersifat homogen.
3. Hanya terdapat satu penyakit dalam populasi.
4. Mempertimbangkan laju kelahiran sebesar b dan laju kematian alami sebesar d .
5. Hanya terdapat satu individu yang bertransisi dalam satu kali periode terinfeksi.
6. Probabilitas individu yang bertransisi lebih dari satu orang dalam satu kali periode terinfeksi adalah nol.

Populasi dalam model epidemi DTMC SIR terbagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok individu *susceptible* (S), kelompok individu *infected* (I) dan kelompok individu *recovered* (R). Penyebaran penyakit dalam model epidemi DTMC SIR terjadi apabila terdapat perpindahan individu dari kelompok *susceptible* ke kelompok *infected* dikarenakan terjadi interaksi atau kontak langsung antara individu *susceptible* dengan individu *infected* dengan laju kontak penularan sebesar β dan dari kelompok *infected* ke kelompok *recovered* dikarenakan individu *infected* mengalami kesembuhan dan mempunyai kekebalan terhadap suatu penyakit dengan laju kesembuhan sebesar γ seperti yang ditampilkan pada gambar 1.



Gambar 1. Skema Model Epidemi DTMC SIR

Model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered* (DTMC SIR) merupakan probabilitas transisi dari individu kelompok *susceptible* dan individu kelompok

infected pada waktu ke t . Populasi dalam model epidemi *DTMC SIR* sebesar $N(t)$ dan terdapat dua variabel random yaitu $S(t)$ dan $I(t)$, kemudian $R(t) = N(t) - S(t) - I(t)$.

1.2.4. Metode Maksimum *Likelihood*

Metode maksimum *likelihood* merupakan salah satu pendekatan dalam ilmu statistika yang digunakan untuk memperkirakan parameter suatu distribusi probabilitas berdasarkan data yang diamati. Metode maksimum *likelihood* bertujuan untuk mencari nilai parameter θ yang memaksimalkan fungsi *likelihood*. Berikut ini diberikan definisi mengenai fungsi *likelihood* dan estimator maksimum *likelihood* yang dirujuk pada [3].

Definisi 1. Misalkan $L(\theta) = f(x_1, x_2, \dots, x_n; \theta)$, dengan $\theta \in \Omega$ adalah pdf bersama dari $X_1, X_2, \dots, X_n$. Jika diberikan himpunan nilai observasi $(x_1, x_2, \dots, x_n)$ dan nilai $\hat{\theta} \in \Omega$ dengan $L(\hat{\theta})$ maksimum disebut sebagai estimator maksimum *likelihood* dari θ . Dengan kata lain $\hat{\theta}$ adalah estimator dari θ , sehingga $f(x_1, x_2, \dots, x_n; \hat{\theta}) = \max_{\theta} f(x_1, x_2, \dots, x_n; \theta)$.

Berdasarkan definisi 1. nilai fungsi *likelihood* akan maksimum jika $\frac{dL(\theta)}{d\theta} = 0$ dan $\frac{d^2L(\theta)}{d^2\theta} < 0$. Selanjutnya, jika nilai θ pada $L(\theta)$ maksimum, maka nilai *loglikelihood* dari $L(\theta)$ juga maksimum. Sehingga diperoleh $\frac{d \ln L(\theta)}{d\theta} = 0$.

2. MODEL DTMC SIR

Penyebaran penyakit terjadi ketika individu rentan (*susceptible*) berinteraksi atau melakukan kontak langsung dengan individu terinfeksi (*infected*) suatu penyakit menular, sehingga individu tersebut akan terinfeksi oleh suatu penyakit. Setelah sembuh (*recovered*), individu tersebut kan mempunyai kekebalan terhadap suatu penyakit. Model matematika yang mempelajari tentang pola penyebaran penyakit dengan karakteristik untuk setiap individu yang sembuh dari suatu penyakit akan mempunyai sistem kekebalan tubuh adalah model epidemi *susceptible infected recovered (SIR)*. Model epidemi *susceptible infected recovered (SIR)* yang ditinjau secara probabilistik dalam waktu diskrit adalah model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)*. Populasi dalam model epidemi *DTMC SIR* sebesar $N(t)$ dan terdapat dua variabel random independen yaitu $S(t)$ dan $I(t)$, dan $R(t) = N(t) - S(t) - I(t)$.

Misalkan jumlah individu populasi pada waktu t adalah $N(t) = n$, jumlah individu kelompok rentan (*susceptible*) pada waktu t adalah $S(t) = s$, dan jumlah individu terinfeksi (*infected*) pada waktu t adalah $I(t) = i$, maka fungsi probabilitas bersama dari $S(t)$ dan $I(t)$ adalah

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

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

Misalkan jumlah individu kelompok rentan (*susceptible*) yang berpindah ke kelompok terinfeksi (*infected*) dalam selang waktu Δt adalah j . Jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) yang berpindah ke kelompok sembuh (*recovered*) dalam selang waktu Δt adalah k ,

maka transisi model epidemi *DTMC SIR* adalah dari *state* s ke $s + j$ dan dari *state* i ke $i + k$. Probabilitas transisi model epidemi *DTMC SIR* dapat dituliskan sebagai berikut

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

dengan Δt merupakan satu kali periode terinfeksi dan diasumsikan cukup kecil sehingga hanya terdapat satu individu yang bertransisi dari *state* s ke $s + j$ dan dari *state* i ke $i + k$.

Ketika individu kelompok rentan (*susceptible*) mengalami perpindahan ke individu kelompok terinfeksi (*infected*) maka terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$. Perpindahan ini terjadi karena terdapat individu kelompok rentan (*susceptible*) yang tertular oleh suatu penyakit dari individu kelompok terinfeksi (*infected*). Jika terdapat sejumlah i individu pada kelompok terinfeksi (*infected*) dalam populasi n , maka probabilitas individu kelompok terinfeksi (*infected*) melakukan kontak dengan individu rentan (*susceptible*) sebesar $\frac{i}{n}$. Jika laju kontak penularan sebesar β dan jumlah individu kelompok rentan (*susceptible*) pada waktu t adalah s , maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$ dapat dinyatakan dengan

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

Individu kelompok terinfeksi (*infected*) mengalami perpindahan ke individu kelompok sembuh (*recovered*) atau terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$. Perpindahan ini terjadi karena individu kelompok terinfeksi (*infected*) mengalami kesembuhan. Jika laju kesembuhan sebesar γ dan jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) pada waktu t adalah i , maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ dapat dinyatakan dengan

$$P_{(s,i-1),(s,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t. \quad (2)$$

Ketika terjadi pengurangan individu pada kelompok rentan (*susceptible*) berarti terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i)$ yang diakibatkan terjadi kematian pada kelompok rentan (*susceptible*). Jika laju kematian sebesar d , maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i)$ dapat dinyatakan dengan

$$P_{(s,i),(s-1,i)}(\Delta t) = d s \Delta t. \quad (3)$$

Saat terjadi pengurangan individu pada kelompok terinfeksi (*infected*) berarti terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ yang diakibatkan terjadi kematian pada kelompok terinfeksi (*infected*). Jika laju kematian sebesar d , maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ dapat dinyatakan dengan

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

Ketika terjadi penambahan individu pada kelompok rentan (*susceptible*) berarti terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s + 1, i)$ yang disebabkan terjadi kelahiran baru yang dikategorikan masuk pada kelompok individu rentan (*susceptible*). Jika laju kelahiran sebesar b , maka probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s + 1, i)$ dapat dinyatakan dengan.

$$P_{(s,i),(s+1,i)}(\Delta t) = b n \Delta t. \quad (5)$$

Kemudian saat tidak ada penambahan atau pengurangan jumlah individu dalam setiap kelompok, maka tidak terjadi perubahan pada *state* (s, i) dengan kata lain terjadi perpindahan dari *state* (s, i) ke *state* (s, i). Probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) dapat dinyatakan dengan

$$P_{(s,i),(s,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\beta \frac{i}{n} s + \gamma i + ds + di + bn \right] \Delta t. \quad (6)$$

Perpindahan individu dari satu *state* ke *state* lainnya terjadi dalam selang waktu yang sangat kecil, sehingga hanya dimungkinkan satu individu saja yang bertransisi. Maka dari itu, probabilitas transisi dari jumlah individu yang berpindah lebih dari satu dalam selang waktu Δt adalah nol. Persamaan (1), (2), (3), (4), (5), dan (6) membentuk sebuah probabilitas transisi model epidemi *DTMC SIR* yang dapat dituliskan sebagai berikut :

$$P_{(s+j,i+k),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{n} s \Delta t & (j, k) = (-1, 1), \\ \gamma i \Delta t & (j, k) = (0, -1), \\ ds \Delta t & (j, k) = (-1, 0), \\ di \Delta t & (j, k) = (0, -1), \\ bn \Delta t & (j, k) = (1, 0), \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{n} s + \gamma i + ds + di + bn \right] \Delta t & (j, k) = (0, 0), \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (7)$$

dengan $S(0) > 0$, $I(0) > 0$, $R(0) \geq 0$ serta β , γ , b , dan d bernilai positif.

Model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* merupakan probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* ($s + j, i + k$) yang dinyatakan dalam Persamaan (7). Jumlah individu pada kelompok rentan (*susceptible*), kelompok terinfeksi (*infected*) dan kelompok sembuh (*recovered*) pada waktu tertentu dapat ditentukan dengan memberikan nilai awal dan mengestimasi laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ terlebih dahulu.

3. PEMBAHASAN

Bab ini berisi uraian mengenai estimasi parameter model *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* studi kasus pada pola penyebaran penyakit tuberkulosis di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi parameter laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ berdasarkan data di Indonesia.

3.1. Estimasi Parameter

Estimasi parameter merupakan langkah yang digunakan untuk menentukan nilai parameter yang sesuai dengan data. Salah satu metode yang umum digunakan adalah metode maksimum *likelihood*. Metode ini bertujuan untuk menemukan nilai parameter yang memaksimalkan fungsi *likelihood*. Fungsi *likelihood* dalam model *DTMC SIR* dengan menggunakan sifat Markov merupakan hasil kali dari semua probabilitas transisi yang mungkin terjadi [11]. Didefinisikan $m_{(s,i),(j,k)}$ merupakan jumlah transisi yang terjadi dari *state* (s, i) ke *state* (j, k), maka fungsi *likelihood* dalam model *DTMC SIR* dapat dinyatakan dengan

$$L(\beta, \gamma) = \prod_{s,j,k,l=0}^n P_{(s,i),(j,k)}^{m_{(s,i),(j,k)}}. \quad (8)$$

Berdasarkan Persamaan (1), (2), (3), (4), (5), dan (6) fungsi *likelihood* model *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* dapat dinyatakan dengan

$$\begin{aligned} L(\beta, \gamma) = & \prod_{i=0}^n \prod_{s=0}^n \left(\frac{\beta is}{n} \right)^{m_{(s,i),(s-1,i+1)}} (\gamma i)^{m_{(s,i),(s,i-1)}} \\ & (ds)^{m_{(s,i),(s-1,i)}} (di)^{m_{(s,i),(s,i-1)}} (bn)^{m_{(s,i),(s+1,i)}} \\ & \left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right)^{m_{(s,i),(s,i)}}. \end{aligned} \quad (9)$$

Selanjutnya, fungsi *ln-likelihood* model *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* dapat dinyatakan dengan

$$\begin{aligned} L(\beta, \gamma) = & \sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[m_{(s,i),(s-1,i+1)} \ln \left(\frac{\beta is}{n} \right) + m_{(s,i),(s,i-1)} \ln (\gamma i) \right. \\ & + m_{(s,i),(s-1,i)} \ln (ds) + m_{(s,i),(s,i-1)} \ln (di) + m_{(s,i),(s+1,i)} (bn) \\ & \left. + m_{(s,i),(s,i)} \ln \left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right) \right]. \end{aligned} \quad (10)$$

Persamaan (10) diturunkan terhadap β dan terhadap γ diperoleh

$$\frac{\partial \ln L(\beta, \gamma)}{\partial \beta} = \sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s-1,i+1)}}{\beta} - \frac{m_{(s,i),(s,i)} \left(\frac{is}{n} \right)}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right)} \right] \quad (11)$$

$$\frac{\partial \ln L(\beta, \gamma)}{\partial \gamma} = \sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s,i-1)}}{\gamma} - \frac{m_{(s,i),(s,i)} i}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right)} \right]. \quad (12)$$

Jika $\frac{\partial \ln L(\beta, \gamma)}{\partial \beta} = 0$, maka diperoleh estimasi maksimum *likelihood* untuk parameter β

$$\hat{\beta} = \frac{\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n [m_{(s,i),(s-1,i+1)}]}{\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s,i)} \left(\frac{is}{n} \right)}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right)} \right]}. \quad (13)$$

Misalkan $\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n [m_{(s,i),(s-1,i+1)}] = N_{\beta jk}$ adalah jumlah total dari individu yang mengalami perpindahan dari kelompok rentan ke kelompok terinfeksi dan $\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s,i)} \left(\frac{is}{n} \right)}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn \right)} \right] = N_{\beta jj}$ adalah jumlah orang yang berada pada kelompok rentan dikali dengan kelompok terinfeksi dibagi jumlah populasi dikurangi jumlah orang yang mengalami perpindahan antar kelompok maka parameter laju kontak penularan β dapat ditulis dengan

$$\hat{\beta} = \frac{N_{\beta jk}}{N_{\beta jj}}. \quad (14)$$

Jika $\frac{\partial \ln L(\beta, \gamma)}{\partial \gamma} = 0$, maka diperoleh estimasi maksimum *likelihood* untuk parameter γ

$$\hat{\gamma} = \frac{\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n [m_{(s,i),(s,i-1)}]}{\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s,i)}^i}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn\right)} \right]}. \quad (15)$$

Misalkan $\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n [m_{(s,i),(s,i-1)}] = N_{\gamma jk}$ adalah jumlah total dari individu yang mengalami perpindahan dari kelompok terinfeksi ke kelompok sembuh dan $\sum_{i=0}^n \sum_{s=0}^n \left[\frac{m_{(s,i),(s,i)}^i}{\left(1 - \frac{\beta is}{n} - \gamma i - ds - di - bn\right)} \right] = N_{\gamma jj}$ adalah jumlah orang yang berada pada kelompok kelompok terinfeksi dibagi jumlah populasi dikurangi jumlah orang yang mengalami perpindahan antar kelompok maka parameter laju kesembuhan γ dapat ditulis dengan

$$\hat{\gamma} = \frac{N_{\gamma jk}}{N_{\gamma jj}}. \quad (16)$$

3.2. Simulasi Data

Penerapan model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* dilakukan pada data simulasi dengan merujuk pada [16]. Tujuan dari penerapan pada data simulasi ini untuk melihat performa dari model. Simulasi dilakukan dengan menetapkan nilai parameter laju kontak penularan β , laju kesembuhan γ , laju kelahiran b , dan laju kematian alami d serta nilai awal untuk masing-masing kelompok rentan (*susceptible*), kelompok terinfeksi (*infected*) dan kelompok sembuh (*recovered*). Simulasi dilakukan dalam beberapa skenario parameter yang berbeda dengan tujuan untuk menyimulasikan berbagai keadaan yang ada.

3.2.1. Simulasi Pertama

Berdasarkan penelitian [12] dan [18] didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,344, laju kesembuhan γ sebesar 0,185, laju kelahiran b sebesar 0,203 dan laju kematian alami d sebesar 0,007. Kemudian ditetapkan $T = 20$ untuk mempresentasikan periode epidemi selama 20 tahun dengan nilai awal untuk masing-masing kelompok $S(0) = 1.000.000$, $I(0) = 10.000$, dan $R(0) = 10.000$ dengan menggunakan Persamaan (7) didapatkan data jumlah individu kelompok rentan, terinfeksi, dan sembuh. Selanjutnya dilakukan estimasi laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ dengan data hasil simulasi. Berdasarkan data hasil simulasi dan Persamaan (14) didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,3439 dengan mutlak eror digunakan untuk mengukur keakuratan estimasi dan didapatkan nilai mutlak eror sebesar $1,38 \times 10^{-5}$. Selanjutnya dengan menggunakan Persamaan (16) didapatkan laju kesembuhan γ sebesar 0,1849 dengan nilai mutlak eror sebesar $1,14 \times 10^{-5}$.

3.2.2. Simulasi Kedua

Berdasarkan penelitian dari [2] dan [18] didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,17, laju kesembuhan γ sebesar 0,15, laju kelahiran b sebesar 0,203 dan laju kematian alami d sebesar 0,007. Kemudian ditetapkan $T = 20$ untuk mempresentasikan periode epidemi selama 20 tahun dengan nilai awal untuk masing-masing kelompok $S(0) = 1.000.000$, $I(0) = 10.000$,

dan $R(0) = 10.000$ dengan menggunakan Persamaan (7) didapatkan data jumlah individu kelompok rentan, terinfeksi, dan sembuh. Selanjutnya dilakukan estimasi laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ dengan data hasil simulasi. Berdasarkan data hasil simulasi dan Persamaan (14) didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,1699 dengan mutlak error digunakan untuk mengukur keakuratan estimasi dan didapatkan nilai mutlak error sebesar $5,06 \times 10^{-5}$. Selanjutnya dengan menggunakan Persamaan (16) didapatkan laju kesembuhan γ sebesar 0,1499 dengan nilai mutlak error sebesar $4,85 \times 10^{-5}$.

3.2.3. Simulasi Ketiga

Berdasarkan penelitian dari [19] dan [18] didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,506, laju kesembuhan γ sebesar 0,788, laju kelahiran b sebesar 0,203 dan laju kematian alami d sebesar 0,007. Kemudian ditetapkan $T = 20$ untuk mempresentasikan periode epidemi selama 20 tahun dengan nilai awal untuk masing-masing kelompok $S(0) = 1.000.000$, $I(0) = 10.000$, dan $R(0) = 10.000$ dengan menggunakan Persamaan (7) didapatkan data jumlah individu kelompok rentan, terinfeksi, dan sembuh. Selanjutnya dilakukan estimasi laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ dengan data hasil simulasi. Berdasarkan data hasil simulasi dan Persamaan (14) didapatkan laju kontak penularan β sebesar 0,5057 dengan mutlak error digunakan untuk mengukur keakuratan estimasi dan didapatkan nilai mutlak error sebesar $2,73 \times 10^{-4}$. Selanjutnya dengan menggunakan Persamaan (16) didapatkan laju kesembuhan γ sebesar 0,7877 dengan nilai mutlak error sebesar $2,8 \times 10^{-4}$.

3.3. Penerapan Model DTMC SIR pada Kasus Penyakit Tuberkulosis di Indonesia

Model epidemi DTMC SIR diterapkan pada pola penyebaran penyakit tuberkulosis di Indonesia. Penyakit tuberkulosis merupakan penyakit yang disebabkan oleh bakteri *mycobacterium tuberculosis* yang dapat ditularkan melalui perantara udara dan kontak langsung seperti batuk dan bersin [14]. Penyakit tuberkulosis memiliki pola penyebaran penyakit dengan karakteristik bahwa setiap individu yang sembuh akan memiliki kekebalan permanen terhadap penyakit tuberkulosis sehingga tidak akan terinfeksi penyakit tuberkulosis kembali [6]. Estimasi parameter berperan untuk menentukan nilai laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ berdasarkan data kasus tuberkulosis di Indonesia. Data yang digunakan merupakan data tuberkulosis di Indonesia pada tahun 2005 sampai 2023 yang diperoleh dari [15]. Data tahun 2005 sampai 2019 digunakan untuk mengestimasi parameter model, sedangkan data tahun 2020 sampai 2023 digunakan untuk mengukur keakuratan model. Berdasarkan data kasus tuberkulosis di Indonesia pada tahun 2005 sampai 2019, laju kelahiran b , serta laju kematian alami d di Indonesia [18] dan dengan menggunakan Persamaan (14) dan (16), didapatkan estimasi nilai laju kontak penularan β sebesar 0,1803 yang berarti bahwa terdapat 1803 individu yang terinfeksi dari 10.000 kontak antara individu rentan dan terinfeksi dan laju kesembuhan γ sebesar 0,1430 yang berarti terdapat 1430 individu sembuh dari 10.000 individu yang terinfeksi setiap tahunnya.

Selanjutnya, akan diprediksi jumlah individu kelompok S , I dan R pada tahun 2020 sampai 2023 dengan menggunakan data tahun 2019 sebagai data awal serta diketahui nilai awal untuk masing-masing kelompok individu $S(0) = 268627546$, $I(0) = 1422082$, $R(0) = 2439753$. Prediksi data jumlah individu kelompok S , I dan R pada tahun 2020, 2021, 2022, dan 2023 dilakukan dengan menggunakan Persamaan (7) dan nilai awal untuk masing-masing individu kelompok S , I , dan R . Selanjutnya, data prediksi jumlah individu kelompok S , I , dan R pada tahun 2020 sampai 2023 akan dibandingkan dengan data observasi jumlah individu kelompok S , I , dan R pada tahun 2020 sampai 2023 yang ditunjukkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Perbandingan Data Observasi Dan Data Prediksi

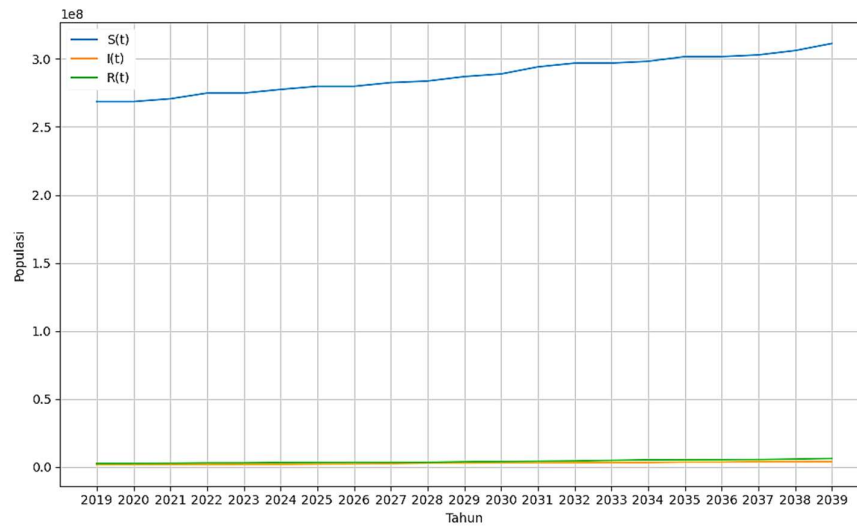
	t	Data Observasi	Data Prediksi
$S(t)$	2020	269804961	268627547
	2021	269804962	270680091
	2022	271790183	274873357
	2023	275873705	274873358
$I(t)$	2020	1524845	1558831
	2021	1642982	1682161
	2022	1716411	1682162
	2023	1861171	1801695
$R(t)$	2020	2542327	2529484
	2021	2600695	2644058
	2022	2710081	2866519
	2023	2796584	2876486

Mutlak error relatif digunakan untuk mengukur keakuratan model dengan formula $\left| \frac{Y(t) - \widehat{Y}(t)}{Y(t)} \right|$ dengan $Y(t)$ merupakan data observasi pada tahun ke t dan $\widehat{Y}(t)$ merupakan data prediksi pada tahun ke t . Nilai mutlak error relatif untuk masing-masing kelompok S , I , dan R pada tahun 2020 sampai 2023 ditunjukkan pada Tabel 2.

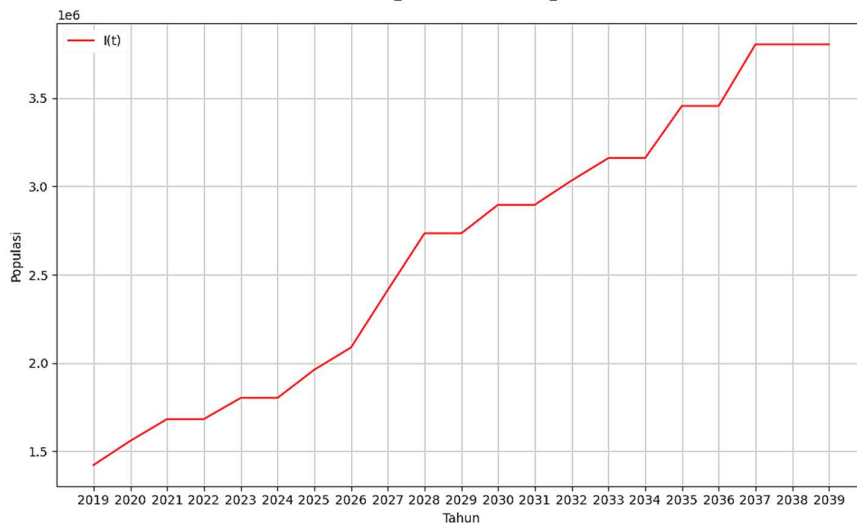
Tabel 2. Nilai Mutlak Error Relatif Kelompok S , I , dan R

t	$S(t)$	$I(t)$	$R(t)$
2020	0,0076	0,0383	0,0351
2021	0,0065	0,0468	0,0168
2022	0,0020	0,0188	0,0302
2023	0,0055	0,0408	0,0147

Tabel 2. menunjukkan bahwa nilai mutlak error relatif yang terjadi pada kelompok S , I , dan R tergolong cukup kecil sehingga model dapat dikatakan cukup akurat untuk memprediksi jumlah individu kelompok *susceptible*, *infected* dan *recovered*. Penerapan model *DTMC SIR* pada penyakit tuberkulosis menggunakan laju kontak penularan β sebesar 0,1803, laju kesembuhan γ sebesar 0,1430, serta laju kelahiran b dan laju kematian alami d [18] sebesar 0,020123 dan 0,00710 serta menggunakan data kasus penyakit tuberkulosis di Indonesia pada tahun 2019 sebagai nilai awal untuk masing kelompok *susceptible*, *infected* dan *recovered* dengan $S(0) = 268627546$, $I(0) = 1422082$, dan $R(0) = 2439753$ serta menggunakan Persamaan (7) didapatkan hasil ditunjukkan pada Gambar 1 dan 2.



Gambar 1. Hasil Penerapan Model Epidemi *DTMC SIR*

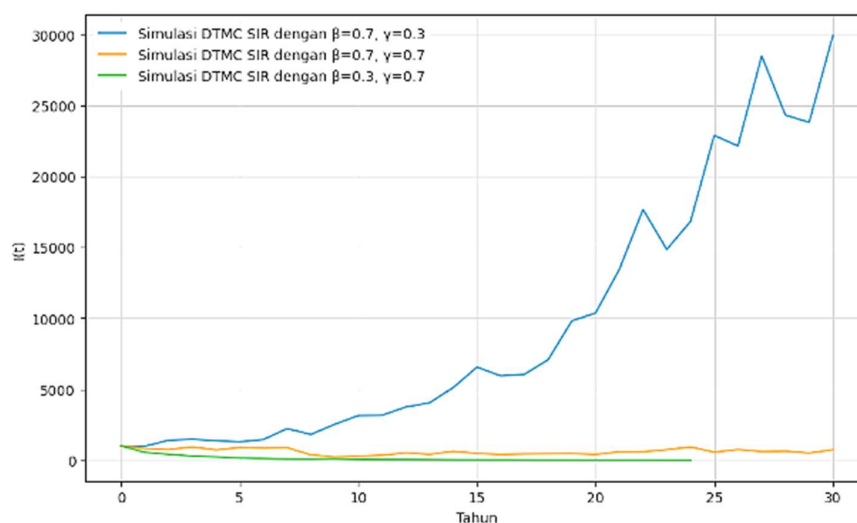


Gambar 2. Prediksi Jumlah Individu Terinfeksi (*Infected*) Tahun 2019 - 2039

Gambar 1. menunjukkan bahwa jumlah individu kelompok rentan (*susceptible*) mengalami kenaikan yang fluktuatif sepanjang tahun 2019 sampai dengan tahun 2039. Kemudian, jumlah individu sembuh (*recovered*) juga mengalami kenaikan sepanjang tahun 2019 sampai dengan 2039. Gambar 2. menunjukkan bahwa jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) mengalami kenaikan yang fluktuatif sepanjang tahun 2019 sampai dengan tahun 2039. Berdasarkan penerapan model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* pada kasus penyakit tuberkulosis di Indonesia dapat disimpulkan bahwa penyakit tuberkulosis akan terus ada dan epidemi belum berakhir sampai tahun 2039 dengan jumlah individu kelompok rentan (*susceptible*) pada tahun 2039 sebesar 311.350.697, kemudian jumlah individu terinfeksi (*infected*) pada tahun 2039 sebesar 3.804.206, selanjutnya jumlah individu sembuh (*recovered*) pada tahun 2039 sebesar 6.074.098.

Proyeksi jangka panjang hingga tahun 2039 ini harus dipahami sebagai skenario berdasarkan asumsi yang telah diberikan sebelumnya. Faktor vaksinasi, mutasi penyakit, dan kebijakan kesehatan akan memberikan proyeksi yang berbeda mengingat asumsi model yang diberikan diawal juga akan ikut berubah menyesuaikan faktor-faktor pada model yang akan dimasukan. Hal ini sejalan dengan penelitian [19] yang menggunakan model *SIR* deterministik dengan menggunakan persamaan diferensial dan memasukan faktor vaksinasi pada model dan dihasilkan bahwa penyakit tuberculosis di Indonesia akan hilang pada tahun 2050.

Selanjutnya, dilakukan simulasi dengan menggunakan nilai laju kontak penularan β , laju kesembuhan γ , laju kelahiran b dan laju kematian alami d dengan ketentuan $\beta > \gamma$, $\beta = \gamma$ dan $\beta < \gamma$ sedangkan nilai laju kelahiran b dan laju kematian alami d diasumsikan tetap. Tujuan dari simulasi ini untuk mengetahui berapa lama waktu yang dibutuhkan epidemi tuberculosis akan berakhir jika laju kontak penularan β lebih besar, sama, dan lebih kecil dari laju kesembuhan γ . Simulasi dilakukan dengan menggunakan nilai awal masing-masing kelompok *susceptible*, *infected* dan *recovered* yaitu $S(0) = 100000$, $I(0) = 1000$, dan $R(0) = 1000$. Hasil simulasi model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered* () ditunjukkan pada Gambar 3.



Gambar 3. Simulasi Model Epidemi *DTMC SIR* dengan Tiga Skenario Parameter

Gambar 3. menunjukkan simulasi model epidemi *discrete time Markov chain susceptible infected recovered* (*DTMC SIR*) dengan tiga skenario berbeda. Pertama, grafik warna biru menunjukkan simulasi dengan ketentuan nilai parameter laju kontak penularan $\beta >$ laju kesembuhan γ . Terlihat pada grafik warna biru jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) mengalami kenaikan yang fluktuatif sepanjang waktu dan sampai $t = 30$ tahun jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) $I(30) = 29.928$ yang berarti epidemi penyakit tuberculosis terus ada dan epidemi belum berakhir sampai $t = 30$ tahun.

Kedua, grafik berwarna orange menunjukkan simulasi dengan ketentuan nilai parameter laju kontak penularan $\beta =$ laju kesembuhan γ . Terlihat pada grafik warna orange jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) mengalami penurunan sepanjang waktu tetapi sampai $t = 30$ tahun epidemi penyakit tuberculosis terus ada dengan jumlah individu kelompok terinfeksi (*infected*) $I(30) = 736$.

Ketiga, grafik berwarna hijau menunjukkan simulasi dengan ketentuan nilai parameter laju kontak penularan $\beta <$ laju kesembuhan γ . Terlihat pada grafik warna hijau jumlah individu kelompok terinfeksi (infected) mengalami penurunan sepanjang waktu sampai $t = 24$ jumlah individu kelompok terinfeksi (infected) $I(24) = 0$ yang berarti epidemi penyakit tuberkulosis akan perlahan hilang dan epidemi berakhir sampai $t = 24$ tahun.

4. KESIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan dapat disimpulkan bahwa :

1. Model epidemi discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR) dapat digunakan untuk mengestimasi parameter laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ pada kasus penyebaran penyakit tuberkulosis di Indonesia. Estimasi parameter dilakukan dengan menggunakan metode maksimum likelihood yang menghasilkan formula untuk laju kontak penularan β dan laju kesembuhan γ berdasarkan data kasus penyakit tuberkulosis.
2. Model epidemi discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR) dapat diterapkan pada kasus penyebaran penyakit tuberkulosis di Indonesia dan dihasilkan laju kontak penularan β sebesar 0,1803 yang berarti bahwa terdapat 1803 individu yang terinfeksi dari 10.000 kontak antara individu rentan dan terinfeksi dan laju kesembuhan γ sebesar 0,1430 yang berarti terdapat 1430 individu sembuh dari 10.000 individu yang terinfeksi setiap tahunnya. Selain itu dapat disimpulkan bahwa penyakit tuberkulosis akan terus ada dan epidemi belum berakhir sampai tahun 2039
3. Simulasi yang dilakukan dengan tiga skenario berbeda menunjukkan jika laju kontak penularan lebih besar dari pada laju kesembuhan epidemi akan terus ada. Kemudian, jika laju kontak penularan sama dengan laju kesembuhan epidemi akan terus ada. Selanjutnya, jika laju kontak penularan lebih kecil dari pada laju kesembuhan epidemi akan berakhir.

REFERENSI

- [1] Allen, L. J. S, 2008, An Introduction to Stochastic Epidemic Models, Texas : Department of Mathematics and Statistic, Texas Tech University.
- [2] A'maludin, H., Faruk, A., dan Cahyono E.S., Analisis Kestabilan Model Epidemik SIR untuk Penyakit Tuberkulosis, Prosiding SEMIRATA bidang MIPA 2016, pp. 207 - 213.
- [3] Bain, L. J. and Engelhardt, M., 1992, Introduction to Probability and Mathematical Statistics, California: Duxbury Press. [4] A. Bemporad, "Efficient conversion of mixed logical dynamical systems into an equivalent piecewise affine form," *IEEE Trans. Automat. Contr.*, vol. 49, no. 5, pp. 832–838, 2004.
- [4] Brauer, F., Driessche, P., and Wu, J., 2008, Mathematical Epidemiology, German : Springer.
- [5] Dejardine, Z.V.C., 2013, Poisson Processes and Application in Hockey, Canada : Lakehead University.
- [6] Faruk, A., 2016, Model Epidemik Tuberkulosis SEIR dengan Terapi pada Individu Terinfeksi, Jurnal Penelitian Sains, Vol 18, pp. 99 - 104.
- [7] Faudzi, M. B, Sinai, S. L., Zahro, A., dan Puspita, M., Model SIR untuk Penyebaran Penyakit Tuberkulosis di Kabupaten Jepara.

- [8] Hillier, F.S., and Lieberman, G.J., Introduction to Operation Reseach, United States of America : McGraw-Hill.
- [9] Ianelli, M., 2005, The Mathematical Modelling of Epidemics, Italy : Mathematics Department, University of Trento.
- [10] Kermack, W. O, and McKendrick, A. G., 1927, A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemic., Proceedings of the Royal Society of London.
- [11] Kypraios,T., 2007, Efficient Bayesian Inference for Partially Observed Stochastic Epidemic and A New class of Semi-Parametric Time Series Models., London : Lancaster University.
- [12] Nugroho, A.A, Aziz, M.A., dan Aulia, A.Y., 2023, Analisis dan Simulasi Parameter model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR) pada penyebaran Tuberkulosis di Indonesia, Jurnal Integrasi Sains dan Qur'an, Vol 2. pp 114 - 120.
- [13] Parzen, E., 1962, Stochastic Processes, United State of America : Holden-Day Inc.
- [14] Perhimpunan Dokter Paru Indonesia, 2021, Pedoman Diagnosis dan Penata laksanaan di Indonesia, Jakarta.
- [15] Pusdatin, 2005 - 2023, Profil Kesehatan Indonesia. Kementerian Kesehatan Republik Indonesia : Jakarta.
- [16] Susyanto, N., and Arcede, J.P., 2024, Unveiling SIR Model Parameters : Empirical Parameter Approach for Explicit Estimation and confiedence Interval Constuction., Jambura J. Biomath, Vol 5, pp 54-62.
- [17] Taylor, H. M., and Karlin, S., 1994, An Introduction to Stochastic Modelling Revised Edition, United State of America : Academic Press.
- [18] Widyaningsih, P., Kristianto, W., dan Saputro, D.R.S., 2021, Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered: formulasi dan penerapan model pada penyebaran penyakit campak di indonesia, Jurnal Matematika dan Pendidikan Matematika, Vol 12, pp. 272 - 278.
- [19] Widyaningsih, P., Yumaroh, S.R., dan Saputro, D.R.S., 2024, Spreading Pattern of Infectious Diseases : Susceptible Infected Recovered Model with Vaccination and Drug-Resistant Cases (Application on TB Data in Indonesia, Barekeng, Vol 18 Issue 1, pp. 0467 - 0474.