



MODEL EPIDEMI SIRS STOKASTIK DENGAN STUDI KASUS INFLUENZA

Novia Nilam Nurlazuardini ✉, Muhammad Kharis, Putriaji Hendikawati

Jurusan Matematika, FMIPA, Universitas Negeri Semarang, Indonesia
Gedung D7 lantai 1 Kampus Sekaran, Gunungpati, Semarang, 50229

Info Artikel

Sejarah Artikel:

Diterima Maret 2015
Disetujui Januari 2016
Dipublikasikan Mei 2016

Keywords:

SIRS Stochastics Model,
Basic Reproduction Ratio,
Discrete Time CMJ Process,
Continuous Time BGW Process.

Abstrak

Model epidemi SIRS merupakan model epidemi yang menggambarkan penyebaran penyakit dari individu rentan menjadi individu yang terinfeksi, kemudian menjadi individu rentan dan menjadi individu rentan kembali dikarenakan daya tahan tubuh masing-masing individu. Pada artikel ini, dibahas model epidemi SIRS stokastik dengan menyelipkan model epidemi deterministik didalamnya, analisa model tersebut, dan perilaku penyakit ini untuk masa yang akan datang. Untuk mengetahui nilai rasio reproduksi dasar atau R_0 , digunakan proses CMJ dengan menyelipkan BGW branching process pada beberapa proses. Dari hasil analisis dan simulasi diperoleh bahwa saat $R_0 < 1$ maka epidemik punah atau berakhir. Saat $R_0 \geq 1$ maka epidemik terjadi. Untuk menggambarkan simulasi dari model yang diperoleh, digunakan software Maple. Hasil dari simulasi model sama dengan hasil dari analisis.

Abstract

Epidemic SIRS model is an epidemic model which illustrate the spread of disease from suscept to infected, and then become a recovered and become suscept again depend of the immunity. In this article, dicussed epidemic stochastics SIRS model with embedding epidemic deterministic model, analysis of the model and the behavior of this disease in the future. To obtain the result of basic reproduction ration, Crump-Mode-Jagers process with embedding BGW branching process in some process. From the analysis and the simulation of the model were obtained, if $R_0 < 1$ then the epidemic is extinct and if $R_0 \geq 1$ the epidemic is occurred. To illustrate the model simulation were carried out using Maple software. The model simulation give the same result with the analysis.

PENDAHULUAN

Proses perkembangan dan kemajuan dunia saat ini tidak dapat dipisahkan dari peran matematika sebagai ratunya ilmu. Matematika berperan penting dalam kemajuan ilmu diantaranya adalah ilmu di bidang kesehatan, teknologi dan sosial. Menurut Lekone & Finkenstädt (2006) model matematika muncul sebagai alat yang berharga untuk memperoleh pengetahuan dari dinamika penyebaran penyakit menular. Model matematika untuk penyakit menular diklasifikasikan menjadi dua kelas, yaitu model yang bersifat deterministik dan model yang bersifat stokastik. Menurut Nâsell (2000) kedua model tersebut dibutuhkan dan memiliki kelebihan dan kekurangan. Biasanya model deterministik digunakan pada masalah matematika yang lebih sederhana dari model stokastik.

Biasanya penyebaran penyakit dimodelkan hanya dengan menggunakan model epidemik deterministik. Menurut Mode & Sleeman (2000: 1) semua model deterministik tidak lengkap dalam artian bahwa variasi dan ketidakpastian yang menjadi ciri khas dari model epidemik pada populasi tidak dapat ditampung atau dijelaskan dengan menggunakan rumus deterministik. Sehingga dibutuhkan model epidemik stokastik yang memperhitungkan variasi perhitungan pada suatu epidemik yang diambil dari segi probabilitas. Pada model deterministik pengaruh acak dari individu tidak dipertimbangkan. Sedangkan pada model stokastik, pengaruh acak dari individu dipertimbangkan, karena model stokastik menggunakan peluang di dalam memodelkan.

Salah satu penyakit menular dimana proses penularannya dapat digambarkan menggunakan model SIRS adalah penyakit influenza. Penyakit ini sering terjadi di masyarakat sekitar dan dianggap remeh. Hal ini dikarenakan menurut Casagrandi, *et al.* (2006) biasanya influenza dirasakan oleh penderitanya sebentar saja dan hanya mengalami sedikit demam, seperti sebuah pajak yang harus dibayar oleh masyarakat pada musim "flu". Padahal, menurut WHO pada tahun 1972–1992 rata-rata orang yang meninggal akibat influenza sebanyak 21.000 kematian per musim.

Dari latar belakang tersebut, maka penulis merumuskan beberapa permasalahan yaitu bagaimana model epidemik SIRS stokastik untuk penyakit influenza, bagaimana analisa model tersebut, dan bagaimana perilaku penyakit ini untuk masa yang akan datang. Kemudian, sesuai dengan rumusan masalah, tujuan penelitian ini adalah untuk memperoleh model epidemik SIRS stokastik untuk penyakit influenza, mengetahui

analisa model tersebut, dan mengetahui perilaku penyakit ini untuk masa yang akan datang.

METODE PENELITIAN

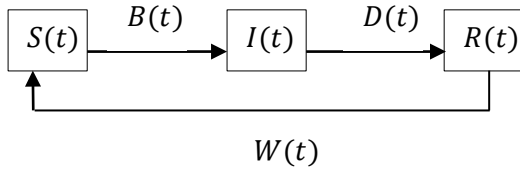
Metode penelitian yang digunakan pada penelitian ini adalah metode studi pustaka. Pada penelitian ini, masalah dikaji dengan cara mencari daftar sumber-sumber atau referensi buku yang sesuai dengan masalah yang dikaji. Langkah-langkah dalam penelitian ini adalah mencari model stokastik yang sesuai, menyelipkan model deterministik pada model stokastik yang diperoleh, mencari nilai R_0 dengan menggunakan proses CMJ waktu kontinu, kemudian dengan menyelipkan proses BGW pada proses CMJ waktu kontinu, mencari distribusi dari proses penginfeksi, mencari nilai R_0 dengan kecepatan penginfeksi konstan, dan melakukan simulasi model dengan menggunakan *software* Maple 12.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pemodelan Matematika

Pada pembentukan model epidemik SIRS stokastik untuk penyakit influenza dibatasi oleh beberapa asumsi. Asumsi-asumsi yang digunakan dalam memodelkan sebagai berikut. (1) Jumlah populasi diasumsikan cukup besar. (2) Populasi diasumsikan tertutup (tidak ada imigrasi dan emigrasi). (3) Total populasi diasumsikan konstan. (4) Laju kelahiran dan laju kematian sama. (5) Individu yang terinfeksi penyakit influenza dapat sembuh. (6) Individu yang sembuh dapat kembali menjadi individu rentan. (7) Hanya terdapat satu penyakit yang menyebar dalam populasi. (8) Kontak antara individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi adalah independen. (9) Banyaknya individu rentan yang terinfeksi setelah melakukan kontak dengan individu yang terinfeksi berdasarkan proses Poisson. (10) Jumlah individu rentan yang terinfeksi pada selang waktu $t \in [0, \infty)$ berdistribusi binomial. (11) Jumlah individu yang terinfeksi yang sembuh pada selang waktu $t \in [0, \infty)$ berdistribusi binomial. (12) Terdapat satu individu rentan yang telah terinfeksi oleh individu yang terinfeksi pada populasi individu rentan yang besar pada awal periode penginfeksi. (13) Waktu tunggu antar kontak individu yang terinfeksi dengan individu rentan berdistribusi eksponensial. (14) Terdapat satu individu yang terinfeksi pada populasi individu rentan yang besar pada awal periode penginfeksi.

Secara skematis proses penyebaran penyakit influenza dalam suatu populasi dapat disajikan dalam diagram transfer pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram Transfer pada penyakit influenza

a. Pembentukan Model SIRS Stokastik

Pembentukan model mengacu pada Mode & Sleeman (2000: 202). Selang waktu seorang individu menjadi individu yang rentan dan selang waktu seorang individu rentan menjadi individu yang terinfeksi adalah $t \in [0, \infty)$. Sedangkan selang waktu seorang individu yang terinfeksi menjadi individu yang sembuh dan selang waktu individu sembuh menjadi individu yang rentan adalah $(0, t], t > 0$. Akan dibangun model deterministik yang diselipkan pada model stokastik.

Proses perkembangan pada proses SIRS dihitung untuk beberapa himpunan pada waktu diskrit. Misalkan untuk $h > 0$, dibangun himpunan waktu diskrit $S_h = \{kh \mid k = 0, 1, 2, \dots\}$. Untuk mempermudah dalam memodelkan, maka didefinisikan $kh = t \in S_h$. Waktu yang digunakan untuk memodelkan penyebaran penyakit adalah waktu diskrit. Jumlah total populasi N yang dihitung pada waktu kontinu $N(t)$ sama dengan jumlah total populasi yang dihitung pada waktu diskrit $N_d(t)$.

Diberikan sebuah kontak antara individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi. Misalkan $p \in (0, 1)$ menunjukkan probabilitas individu rentan terinfeksi dan misalkan $q = 1 - p$. Probabilitas seorang individu yang rentan terinfeksi selama jangka waktu $(t, t + h]$ per kontak adalah $p(t) = \frac{I_d(t)p}{N}$ dan $p(t) = 1 - q(t)$. Didefinisikan $C(t)$ sebagai jumlah kontak seorang individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi pada selang waktu $(t, t + h]$. Didefinisikan f.k.p. dari $C(t)$ dengan $[C(t) = c] = f(c, t), c = 0, 1, 2, \dots$.

Banyaknya individu rentan yang terinfeksi setelah melakukan kontak pada selang waktu $(t, t + h]$ dengan h yang kecil sebanding dengan lebar selang, sehingga diasumsikan $C(t)$ merupakan proses Poisson dengan parameter $\lambda > 0$.

Didefinisikan $G(q(t), t)$ merupakan *probability generating function* dari $C(t)$. Maka $G(q(t), t) = \sum_{c=0}^{\infty} f(c, t)q^c(t)$. Didefinisikan

probabilitas individu rentan tidak terinfeksi pada selang waktu $t \in (t, t + h]$ dengan

$$Q(t) = G(q(t), t) = \exp\left(-\lambda h \frac{I_d(t)p}{N}\right) \quad (1)$$

Didefinisikan $P(t) = 1 - Q(t) = 1 - \exp\left(-I_d(t) \frac{\lambda ph}{N}\right)$.

Kemudian dihitung $B_d(t)$ pada jangka waktu $(t, t + h]$, saat $S_d(t) \geq 1$ dimisalkan $\xi_k(B), k = 1, 2, \dots, S_d(t)$ indikator Bernoulli yang independen dan berdistribusi sama. Nilai $\xi_k(B) = 1$ jika individu rentan ke- k terinfeksi pada jangka waktu $(t, t + h]$ dan $\xi_k(B) = 0$ jika individu rentan ke- k tidak terinfeksi pada jangka waktu $(t, t + h]$. Jumlah $B_d(t)$ selama jangka waktu $(t, t + h]$ adalah penjumlahan dari $\xi_k(B)$. Diberikan kondisi dimana terdapat $S_d(t)$. Peubah acak $B_d(t + h)$ memiliki distribusi binomial dengan indeks $S_d(t)$ dan probabilitas $P(t)$. Sehingga,

$$\begin{aligned} \mathbb{P}[B_d(t + h) = b | S_d(t)] &= C_b^{S_d(t)} P^b(t) Q(t)^{S_d(t)-b} \end{aligned} \quad (2)$$

dimana $b = 0, 1, 2, \dots, S_d(t)$.

Dilakukan pendekatan pada waktu diskrit untuk proses SIRS waktu kontinu yang bertujuan untuk memperoleh $D_d(t)$ pada selang waktu $(t, t + h]$. Durasi periode penginfeksian dari individu yang telah terinfeksi D_I menyatakan waktu yang dibutuhkan oleh individu yang terinfeksi untuk menginfeksi individu rentan sampai terinfeksi. Sehingga diasumsikan D_I berdistribusi eksponensial dengan parameter $\gamma > 0$. Kemudian, pada saat t terdapat individu yang terinfeksi. Probabilitas bersyarat untuk menjadi individu yang terinfeksi pada saat $t + h$ adalah:

$$q_R = \mathbb{P}[D_I > t + h | D_I > t] = \exp[-\gamma h]. \quad (3)$$

Didefinisikan $p_R = 1 - q_R = 1 - \exp[-\gamma h]$. Untuk menghitung $D_d(t)$ pada jangka waktu $(t, t + h]$, saat $I_d(t) \geq 1$ dimisalkan $\xi_k(D), k = 1, 2, \dots, I_d(t)$ indikator Bernoulli yang independen dan berdistribusi sama. Nilai $\xi_k(D) = 1$ jika individu rentan ke- k sembuh pada jangka waktu $(t, t + h]$ dan $\xi_k(D) = 0$ jika individu rentan ke- k tidak sembuh pada jangka waktu $(t, t + h]$. Maka, $D_d(t)$ selama jangka waktu $(t, t + h]$ adalah penjumlahan dari $\xi_k(D)$. Diberikan kondisi dimana terdapat $I_d(t)$, peubah acak $L_d(t + h)$ memiliki distribusi binomial bersyarat $I_d(t)$ dengan indeks $I_d(t)$ dan probabilitas $p_R = 1 - q_R = 1 - \exp[-\gamma h]$. Kemudian,

$$\mathbb{P}[D_d(t + h) = l | I_d(t)] = C_l^{I_d(t)} p_R^l(t) q_R^{I_d(t)-l} \quad (4)$$

dimana $l = 0, 1, 2, \dots, I_d(t)$.

Misalkan durasi periode daya tahan tubuh seorang individu yang sembuh untuk bertahan dari penginfeksian D_R berdistribusi eksponensial

dengan parameter $\beta > 0$. Kemudian, pada saat t terdapat seseorang $W_d(t)$, probabilitas bersyarat untuk menjadi individu yang sembuh pada saat $t + h$ adalah:

$$q_w = \mathbb{P}[D_R > t + h | D_R > t] = \exp[-\beta h] \quad (5)$$

Kemudian didefinisikan $p_w = 1 - q_w = 1 - \exp[-\beta h]$. Parameter $\frac{1}{\beta}$ menunjukkan rata-rata periode individu kebal dari penyakit.

Untuk menghitung $W_d(t)$ pada jangka waktu $(t, t + h]$, untuk $W_d(t) \geq 1$ dimisalkan $\xi_k(W)$, $k = 1, 2, \dots, R_d(t)$ indikator Bernoulli yang independen dan berdistribusi sama, sehingga nilai $\xi_k(W) = 1$ jika individu rentan ke- k sembuh pada jangka waktu $(t, t + h]$ dan $\xi_k(W) = 0$ jika individu rentan ke- k tidak sembuh pada jangka waktu $(t, t + h]$. Maka, jumlah $W_d(t)$ dari individu rentan yang terinfeksi selama jangka waktu $(t, t + h]$ adalah penjumlahan dari $\xi_k(W)$. Diberikan $R_d(t)$, peubah acak $W_d(t + h)$ memiliki distribusi binomial bersyarat $R_d(t)$ dengan indeks $R_d(t)$ dan probabilitas $p_w = 1 - q_w = 1 - \exp[-\beta h]$. Maka,

$$\mathbb{P}[W_d(t + h) = w | R_d(t)] = C_w^{R_d(t)} p_w^w q_w^{R_d(t) - w} \quad (6)$$

dimana $w = 0, 1, 2, \dots, R_d(t)$.

Sehingga diperoleh jumlah individu rentan, individu terinfeksi, dan individu sembuh pada sebuah populasi pada waktu $t + h \in S_h$ jika diketahui nilai dari fungsi acak $S_d(t)$, $I_d(t)$, dan $R_d(t)$.

$$\begin{aligned} S_d(t + h) &= S_d(t) - B(t + h) + W(t + h) \\ I_d(t + h) &= I_d(t) + B(t + h) - D(t + h) \\ R_d(t + h) &= R_d(t) + D(t + h) - W(t + h) \quad (7) \\ N(t + h) &= S_d(t) + I_d(t) + R_d(t) \end{aligned}$$

dengan

$$\begin{aligned} B(t) &\sim \text{Bin}(S_d(t), P(t)) \\ D(t) &\sim \text{Bin}(I_d(t), p_R) \\ W(t) &\sim \text{Bin}(R_d(t), p_w) \end{aligned} \quad (8)$$

sehingga diperoleh $N(t + h) = N$.

b. Penyelipan Model Deterministik pada Model Stokastik

Diberikan $(S_d(t), I_d(t), R_d(t))$, diasumsikan bahwa peubah acak binomial $S_d(t + h)$, $I_d(t + h)$, dan $R_d(t + h)$ independen bersyarat. Akan dicari ekspektasi bersyarat dari fungsi acak pada persamaan (7) dengan diberikan pembaruan proses yang bergantung pada waktu $t > 0$. Misalkan $\mathfrak{B}(t)$ yang menunjukkan pemberian pembaruan dari proses yang bergantung pada waktu $t > 0$. $\mathfrak{B}(t)$ merupakan sub- σ -algebra dari himpunan fungsi acak $\{(S_d(u), I_d(u), R_d(u)) | u \leq t\}$. Pembaruan proses dimaksudkan sebagai nilai awal dari populasi individu. Sehingga diperoleh

$$E[S_d(t + h) | \mathfrak{B}(t)] = S_d(t)Q(t) + R_d(t)p_w$$

$$E[I_d(t + h) | \mathfrak{B}(t)] = S_d(t)P(t) + I_d(t)q_R \quad (9)$$

$$E[R_d(t + h) | \mathfrak{B}(t)] = I_d(t)p_R + R_d(t)q_w$$

Ekspektasi tak bersyarat dari peubah acak $S_d(t + h)$ adalah

$$E[S_d(t + h)] = E[E[S_d(t + h) | \mathfrak{B}(t)]]$$

ekspektasi pada tersebut tidak bisa langsung menjelaskan ekspektasi pada persamaan (7). Hal ini dikarenakan $Q(t)$ merupakan fungsi non-linear dari peubah acak $I_d(t)$. Sehingga diberikan nilai awal dari $S_d(0) = n$, $I_d(0) = a$ dan $R_d(0) = 0$ agar menjadi ekspektasi tak bersyarat. Misalkan nilai dari persamaan (9) adalah

$$\begin{aligned} \hat{S}_d(h) &= S_d(0)Q(0) + R_d(0)p_w \\ \hat{I}_d(h) &= S_d(0)P(0) + I_d(0)q_R \end{aligned} \quad (10)$$

$$\hat{R}_d(h) = I_d(0)p_R + R_d(0)q_w$$

Misalkan $\hat{P}(h)$ dan $\hat{Q}(h)$ menunjukkan fungsi $P(h)$ dan $Q(h)$ yang dihitung saat $\hat{I}_d(h)$, kemudian persamaan (10) dapat digunakan untuk menghitung $\hat{S}_d(2h)$, $\hat{I}_d(2h)$, dan $\hat{R}_d(2h)$, sehingga proses ini dapat diulang. Diperoleh persamaan

$$\hat{S}_d((k + 1)h) = \hat{S}_d(kh)\hat{Q}(kh) + \hat{R}_d(kh)p_w$$

$$\hat{I}_d((k + 1)h) = \hat{S}_d(kh)\hat{P}(kh) + \hat{I}_d(kh)q_R$$

$$\hat{R}_d((k + 1)h) = \hat{I}_d(kh)p_R + \hat{R}_d(kh)q_w$$

dimana $k = 0, 1, 2, \dots$. Persamaan diferensial non-linear menunjukkan model deterministik yang diselipkan pada model stokastik.

Pada Mode & Sleeman (2000: 260) sampai di akhir proses, akan digunakan sebarang konstanta $b > 0$ dan $\exp[-bh] = 1 - bh + o(h)$, di mana $\frac{o(h)}{h} \rightarrow 0$ ketika $h \rightarrow 0$. Sehingga diperoleh

$$\hat{S}(t + h) = \hat{S}(t) \left[1 - \lambda h \frac{I(t)p}{N} \right] + \hat{R}(t)\beta h + o(h)$$

$$\hat{I}(t + h) = \hat{S}(t)\lambda h \frac{I(t)p}{N} + \hat{I}(t)(1 - \gamma h) + o(h)$$

$$\hat{R}(t + h) = \hat{I}(t)\gamma h + \hat{R}(t)(1 - \beta h) + o(h)$$

Kemudian

$$\begin{aligned} \frac{d\hat{S}(t)}{dt} &= \lim_{h \rightarrow 0} \frac{\hat{S}(t+h) - \hat{S}(t)}{h} \\ &= -\hat{S}(t)\lambda \frac{\hat{I}(t)p}{N} + \hat{R}(t)\beta \\ \frac{d\hat{I}(t)}{dt} &= \lim_{h \rightarrow 0} \frac{\hat{I}(t+h) - \hat{I}(t)}{h} \\ &= \hat{S}(t)\lambda \frac{I(t)p}{N} - \hat{I}(t)\gamma \end{aligned} \quad (11)$$

$$\frac{d\hat{R}(t)}{dt} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{\hat{R}(t+h) - \hat{R}(t)}{h} = \hat{I}(t)\gamma - \hat{R}(t)\beta$$

c. Mencari Nilai Rasio Reproduksi Dasar dengan menggunakan proses CMJ

Dilakukan perhitungan dengan menggunakan proses CMJ *one-type* dengan waktu kontinu dan akan disisipkan proses BGW waktu diskrit untuk beberapa proses. Didefinisikan X jumlah total dari individu rentan yang terinfeksi oleh individu awal yang telah terinfeksi pada periode penginfeksiannya dengan

range $\mathbb{N}^+ = \{n|n = 0, 1, 2, \dots\}$ dan misalkan f.k.p. dari X adalah $f(n)$ untuk setiap $n \in \mathbb{N}^+$.

Misalkan $h(u)$ merupakan *probability generating function* dari X . Didefinisikan B merupakan jumlah total individu rentan yang terinfeksi oleh individu yang terinfeksi pada periode penginfeksiannya. Didefinisikan B_n merupakan jumlah total individu rentan yang terinfeksi oleh individu yang terinfeksi pada generasi ke- n . Proses $\{B_n\}_{n=0}^\infty$ memiliki ruang keadaan (*state space*) $\mathbb{N}^+ = \{n|n = 0, 1, 2, \dots\}$.

Menurut Mode & Sleeman (2000: 171), pada proses BGW, hal yang menjadi perhatian adalah urutan dari peubah acak $(B_n|n \in \mathbb{N}^+)$ yang menunjukkan keadaan saat $B_0 = 1$. Kontak antara individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi adalah independen, sehingga untuk setiap $n \in \mathbb{N}^+$ terdapat B_n sehingga diperoleh kumpulan dari kondisi yang tidak saling berhubungan (*independen*) dan berdistribusi identik (*independent and identically distributed*) dari peubah acak X yaitu $(X_k|k = 1, 2, \dots, I_n)$. Diasumsikan bahwa setiap individu terinfeksi pada generasi n menghasilkan sebanyak X individu rentan yang terinfeksi pada generasi selanjutnya, dimana distribusi dari individu rentan yang terinfeksi adalah $\{p_k\}_{k=0}^\infty$, $P\{X = k\} = p_k, k = 0, 1, 2, \dots$.

Ukuran dari generasi secara berturut-turut adalah

$$B_{n+1} = \sum_{k=1}^{B_n} X_k \tag{12}$$

di mana jika $B_n = 0$ maka $B_{n+1} = 0$. Kemudian, *probability generating function* bersyarat dari B_{n+1} adalah $h^{n+1}(u) = h^n(h^1(u))$.

Probabilitas transisi setimbang dari B_{n+1} adalah

$$P[B_{n+1} = j|B_n = i] = p_{ij} \tag{13}$$

untuk $n \geq 0$. *Probability generating function* bersyarat dari B_{n+1} adalah

$$h_{n+1}(u) = E[u^{B_{n+1}}|B_n = i] = h_i(u), u \in [0,1] \tag{14}$$

Pada persamaan (14), jika $i = 0$, maka bagian sebelah kanan dari persamaan bernilai 1 untuk setiap $u \in [0,1]$. Oleh sebab itu, $p_{00} = 1$ dan $p_{0j} = 0$ untuk setiap $j \geq 1$, sehingga 0 adalah *absorbing state*.

F.k.p. dari X digunakan untuk menggambarkan semua keadaan pada himpunan $\mathfrak{S}_2 = \{n|n = 1, 2, \dots\}$. Kemudian, f.k.p. dari X didefinisikan dengan $f(0) > 0$ yang menunjukkan beberapa individu yang terinfeksi mungkin tidak menginfeksi individu yang rentan. Proses BGW $\{B_n|n \in \mathbb{N}^+\}$ memiliki ruang keadaan (*state space*) \mathfrak{S} yang dipartisi menjadi sebuah himpunan $\mathfrak{S}_1 = \{0\}$ yang mengandung satu *absorbing state* dan sebuah himpunan tak hingga \mathfrak{S}_2 dari keadaan transisi. *Absorbing state*

digunakan untuk mengetahui tanda-tanda dari sebuah akhir epidemik untuk beberapa generasi $n \geq 1$. Didefinisikan probabilitas bersyarat dari kepunahan populasi individu rentan dengan

$$z = \mathbb{P}[B_n = 0 \text{ untuk } n > 0|B_0 = 1] \tag{15}$$

Misalkan dibuat *probability space* $(\mathcal{S}, \mathcal{F}, P)$ dan didefinisikan himpunan ω sebagai $[B_n = 0] = [\omega \in \mathcal{S}|B_n(\omega) = 0]$ untuk $n \geq 1$. Oleh sebab proses BGW merupakan proses pencabangan berbentuk rantai Markov waktu diskrit, sehingga jika $B_n = 0$ maka $B_{n+1} = 0$ untuk setiap $n \geq 1$. Sehingga $[B_n = 0] \subset [B_{n+1} = 0]$ untuk setiap $n \geq 1$. Oleh sebab itu,

$$z = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}[\bigcup_{k=1}^n [B_k = 0]|B_0 = 1] \tag{16}$$

Oleh sebab $B_k, k = 1, 2, \dots, n - 1$ merupakan himpunan bagian dari B_n , maka

$$z = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}[B_n = 0|B_0 = 1] \tag{17}$$

Untuk menentukan probabilitas bersyarat tersebut, ditentukan terlebih dahulu *probability generating function* dari ukuran generasi ke- n dengan $g_n(u) = E[u^{B_n}|B_0 = 1]$. Oleh sebab $E[u^{B_n}|B_{n-1}, B_0 = 1] = h_{B_{n-1}}(u)$ maka, $g_n(u) = E[h_{B_{n-1}}(u)] = g_{n-1}(h(u))$ untuk $n \geq 1$, di mana $g_0(u) = u$. Dengan membangun $g_1(u) = h(u)$ dengan $h_{(1)}(u) = h(u)$ dan mendefinisikan $h_{(n)}(u)$ secara berulang-ulang dengan $h_{(n)}(u) = h(h_{(n-1)}(u))$ untuk $n \geq 2$, maka $g_n(u) = h_{(n)}(u) = h(g_{(n-1)}(u))$ untuk $n \geq 1$. Sehingga,

$$z_n = \mathbb{P}[B_n = 0|B_0 = 1] = g_n(0) \tag{18}$$

untuk $n \geq 1$. Diketahui $z_n = h(z_{n-1})$ untuk $n \geq 2$. Sehingga $u = h(u)$ terletak pada interval $[0,1]$. Jika $z = 1$, maka epidemik lenyap. Kebalikannya, jika $0 < z < 1$, maka kepunahan dari epidemik belum pasti terjadi. Sehingga dengan probabilitas $1 - z$, epidemik terjadi diantara populasi individu-individu rentan yang berkembang tanpa batas. Kondisi ambang batas (*threshold*) dari proses BGW yang menunjukkan ekspektasi berhingga dari jumlah total individu rentan yang terinfeksi oleh beberapa individu yang terinfeksi dan didefinisikan sebagai berikut.

$$m = E[X] = \sum_{n=0}^\infty n f(n) = h'(1) < \infty \tag{19}$$

di mana $h'(1)$ adalah turunan dari $h(u)$ pada $u = 1$.

d. Penyelipan proses BGW pada proses CMJ

Digunakan proses CMJ waktu kontinu yang mungkin dilihat seperti perluasan dari proses BGW dengan pengertian bahwa panjang dari periode penginfeksiannya adalah peubah acak T dan kontak penginfeksiannya antara individu terinfeksi dengan individu rentan terjadi pada batas waktu yang acak berdasarkan pada beberapa proses pokok K yang didefinisikan pada $[0, \infty)$ yang berhenti pada beberapa waktu acak T , yang menunjukkan akhir dari periode penginfeksiannya. Dibangun sebuah *life history*

$\mathcal{H} = (T, K)$ diasumsikan *life history* dari individu yang terinfeksi pada suatu populasi independen dan berdistribusi sama atau identik (*independent and identically distributed*) dengan \mathcal{H} . *Life history* adalah pola penyebaran, mortalitas dan kesembuhan seseorang dari waktu penginfeksian suatu penyakit.

Misalkan pada $t = 0$, proses baru dimulai dengan satu individu yang terinfeksi pada awal periode penginfeksiannya dan misalkan *life history* individu yang terinfeksi tersebut berkembang saat waktu kontinu, yang dibangun dengan menggunakan proses \mathcal{H} . Misalkan fungsi acak $Z(t)$ menunjukkan jumlah dari individu-individu yang terinfeksi pada suatu populasi pada waktu $t \in [0, \infty)$ dengan $Z(0) = 1$. Sehingga kumpulan dari peubah acak $\{B_n | n \in \mathbb{N}^+\}$ dengan $B_0 = 1$, yang merupakan penempelan proses BGW yang dibuat pada beberapa distribusi diskrit $\{f(n) | n \in \mathbb{N}^+\}$ dengan *probability generating function* dari $h(u)$ yang berdasar pada model *life histories* \mathcal{H} . Misalkan himpunan ω , $C = [Z(t) = 0 \text{ untuk } t > 0]$ yang menunjukkan kepunahan pada waktu kontinu dan misalkan himpunan ω , $B = [X_n = 0 \text{ untuk } n > 0]$ yang menunjukkan kepunahan dari penempelan proses BGW. Sehingga diperoleh

$$\mathbb{P}[A | Z(0) = 1] = \mathbb{P}[B | B_0 = 1] \quad (20)$$

Sehingga, ketika *probability generating function* $h(s)$ didefinisikan pada proses \mathcal{H} , maka hasil *threshold* untuk proses CMJ waktu kontinu adalah **Teorema 1**

Teorema 1

Misalkan $f(0) > 0$.

- (i) Jika $m \leq 1$, maka $z = 1$.
- (ii) Tetapi, jika $m > 1$, maka $0 < z < 1$ dan merupakan akar terkecil dari persamaan $u = h(u)$ pada $(0,1)$

(Mode & Sleeman, 2000: 174).

e. Mencari distribusi dari proses penginfeksian

Misalkan $\mathcal{H} = (T, K)$ adalah model *life cycle*. *Life cycle* adalah suatu proses perubahan bentuk dari suatu keadaan ke keadaan yang lain. Misalkan $G(t)$ fungsi distribusi dari peubah acak T yang didefinisikan dengan $G(t) = P[T \leq t]$ untuk $t \in [0, \infty)$. Misalkan $g(t) = G'(t)$ yang didefinisikan sebagai f.k.p. dari T . Diasumsikan $G(0) = 0, G(t) = 1$ jika $t \rightarrow \infty$, dan semua model pada $g(t)$ kontinu di $(0, \infty)$. Misalkan *probability generating function* dari proses K adalah

$$f(u, t) = E[u^{K(t)}] \quad (21)$$

dengan $u \in [0,1]$ dan $t \in [0, \infty)$. Proses K kontinu sampai akhir periode penginfeksian dan untuk menghitungnya dimisalkan terdapat fungsi $A(t)$ yang didefinisikan untuk semua $t \in [0, \infty)$.

Mode & Sleeman (2000:176) mengatakan bahwa jika $T > t$ maka

$$A(t) = K(t) \quad (22)$$

Akan tetapi, jika $T \leq t$, maka

$$A(t) = K(T) \quad (23)$$

Maka *probability generating function* dari $A(t)$ adalah $h(u, t) = E[u^{A(t)}]$ untuk $u \in [0,1]$ dan $t \in [0, \infty)$.

Probabilitas suatu kejadian yang terjadi saat $[T > t]$ adalah $1 - G(t)$. Sehingga persamaan (22) merupakan *probability generating function* dari $A(t)$. Sehingga $h(u, t) = f(u, t)$. Kemudian, untuk suatu kejadian yang terjadi pada saat $[T \leq t]$, probabilitas T terjadi pada interval waktu $x \in [0, t]$. Menurut definisi pada f.k.p., suatu kejadian T didefinisikan sebagai $\mathbb{P}(0 < T < t) = \int_0^t g(x)dx$ dengan probabilitas fungsi pembangkit dari $A(t)$ adalah persamaan (23) yaitu $f(u, x)$. Maka menurut Mode & Sleeman (2000:176) fungsi pembangkit dari $A(t)$ adalah $h(u, t) = (1 - G(t))f(u, t) + \int_0^t f(u, x)g(x)dx$.

Misalkan pada saat $t \in [0, \infty)$, fungsi mean dari proses K adalah $v(t) = E[K(t)]$ dan fungsi mean dari proses A adalah $m(t) = E[A(t)]$. Jika $T > t$ maka $m(t) = v(t)$. Akan tetapi, jika $T \leq t$, maka $m(t) = v(T)$.

Probabilitas suatu kejadian yang terjadi pada $[T > t]$ adalah $1 - G(t)$ dan mean dari $A(t)$ adalah $v(t) = m(t)$. Kemudian, untuk suatu kejadian yang terjadi pada saat $[T \leq t]$, probabilitas T terjadi pada interval waktu $x \in [0, t]$. Sehingga menurut definisi pada f.k.p., peluang suatu kejadian T didefinisikan $\mathbb{P}(0 < T < t) = \int_0^t g(x)dx$ ngan mean dari $A(t)$ adalah $v(t)$, maka diperoleh

$$m(t) = (1 - G(t))v(t) + \int_0^t v(x)g(x)dx \quad (24)$$

Didefinisikan fungsi kontinu untuk proses $t \in (0, \infty)$ yang merupakan densitas dari fungsi mean dari proses K dengan $b(t) = \frac{dv(t)}{dt}$ menunjukkan kecepatan individu yang terinfeksi yang memiliki lama penginfeksian individu rentan sebesar t . Kemudian dari persamaan (24), diperoleh fungsi mean dari proses A yang didefinisikan untuk $t \in (0, \infty)$ yaitu

$$m(t) = (1 - G(t))v(t) + \int_0^t v(x)g(x)dx = \int_0^t (b(x)(1 - G(x)) dx \quad (25)$$

Jumlah total individu rentan yang terinfeksi oleh individu yang terinfeksi selama periode penginfeksiannya, diberikan oleh peubah acak,

$$A = \lim_{t \rightarrow \infty} A(t) \quad (26)$$

Sehingga *probability generating function* dari A adalah

$$h(u) = E[u^H] = \lim_{t \rightarrow \infty} h(u, t)$$

$$= \int_0^\infty f(u, t)g(x)dx \tag{27}$$

Menggunakan teorema kekonvergenan pada persamaan (27) yang konvergen pada $(0, \infty)$ maka

$$m = E[A] = \int_0^\infty (b(x)(1 - G(x)) dx \tag{28}$$

Misalkan $\{B_n | n \in \mathbb{N}^+\}$ adalah proses BGW waktu diskrit yang ditempelkan atau dimasukkan pada proses CMJ waktu kontinu $\{Z(t) | t \in [0, \infty)\}$. Kemudian, untuk penempelan proses tersebut, peubah acak A mengambil bagian dari peubah acak X yang digunakan untuk membangun proses BGW. Berdasarkan **Teorema 1** maka parameter ambang batas (*threshold*) untuk proses CMJ adalah nilai ekspektasi dari persamaan (28) yang biasanya disebut dengan R_0 . Sehingga

$$R_0 = E[A] = \int_0^\infty (b(x)(1 - G(x)) dx \tag{29}$$

Misalkan $Z(0) = 1$ dan untuk $t > 0$ dimisalkan fungsi acak $Z_I(t)$ menunjukkan jumlah total individu rentan yang terinfeksi pada interval $(0, t]$ dan $Z_R(t)$ menunjukkan jumlah total individu yang terinfeksi berpindah menjadi individu yang sembuh pada interval $(0, t]$. Kemudian, jumlah total individu yang terinfeksi pada waktu $t > 0$ adalah $Z(t) = Z_I(t) - Z_R(t)$. Untuk $t > 0$, didefinisikan $M(t) = E[Z(t)]$, $M_I(t)$, $M_R(t)$ yang menunjukkan mean dari fungsi acak $Z(t)$, $Z_I(t)$, dan $Z_R(t)$ berturut-turut. Misal $Y(t) = 1 - G(t)$ yang menunjukkan fungsi dari keberlangsungan dari durasi periode penginfeksian.

Saat $t > 0$, individu yang terinfeksi awal masih menjadi individu yang terinfeksi dengan probabilitas $J(t)$. Kemudian, selama kurun waktu $(0, t]$ individu yang terinfeksi pertama mungkin melakukan kontak penginfeksian dengan individu rentan. Jika beberapa kontak dibuat pada saat $x \in (0, t]$, maka jumlah yang diharapkan dari $B(t)$ berkembang dari kontak tersebut menjadi $M(t - x)$ dan dengan rata-rata jumlah dari beberapa kontak pada selang waktu yang kecil x yaitu $b(x)J(x)dx$. Maka

$$M(t) = J(t) + \int_0^t b(x)J(x)M(t - x)dx \tag{30}$$

Kemudian

$$M_I(t) = 1 + \int_0^t b(x)J(x)M_I(t - x)dx \tag{31}$$

$$M_R(t) = L(t) + \int_0^t b(x)J(x)M_R(t - x)dx \tag{32}$$

Misalkan r adalah bilangan positif sehingga

$$\int_0^\infty e^{-rx} b(x)J(x)dx = 1 \tag{33}$$

dan misalkan integral,

$$\int_0^\infty xe^{-rx} b(x)J(x)dx \tag{34}$$

berhingga. Kemudian

$$\lim_{t \rightarrow \infty} e^{-rt}M(t) = \frac{\int_0^\infty e^{-rt}J(t)dt}{\int_0^\infty te^{-rt}b(x)J(x)dx} = c \neq 0 \tag{35}$$

Kemudian, akan digunakan proses penempelan model proses BGW waktu diskrit pada proses CMJ waktu kontinu.

Misalkan $\{E_n | n = 1, 2, \dots\}$ yang menunjukkan peubah acak yang independen dan berdistribusi sama dengan range $[0, \infty)$, yang menunjukkan waktu tunggu antar kontak. Misalkan peubah acak $\{E_n | n = 1, 2, \dots\}$ memiliki f.k.p kontinu $l(x)$ pada selang $(0, \infty)$ dan memiliki fungsi distribusi $L(x)$. Jika sebuah penginfeksian terjadi pada saat $t = 0$, maka waktu tunggu untuk kontak yang pertama adalah $T_1 = E_1$. Waktu tunggu untuk kontak ke- n yaitu $T_n = E_1 + E_2 + \dots + E_n$.

Misalkan $l_n(t)$ merupakan f.k.p dari peubah acak T_n . Kemudian, untuk $t > 0$ fungsi distribusi untuk peubah acak tersebut adalah $L_n(t) = \mathbb{P}[T_n \leq t] = \int_0^t f_n(x)dx$. Misalkan $l_1(t) = l(x)$, kemudian untuk $n > 1$, $\{l_n(t) | n = 1, 2, \dots\}$ dapat diperoleh secara berulang untuk $t > 0$ berdasarkan rumus,

$$l_n(t) = \int_0^t l_{n-1}(t - x)l(x)dx \tag{36}$$

Untuk seorang individu yang terinfeksi saat $t = 0$, dimisalkan fungsi acak $V(t)$ yang menunjukkan jumlah kontak seorang individu rentan dengan individu yang terinfeksi pada selang waktu $(0, t]$ untuk $t > 0$. Kemudian $V(t) \geq n$ jika dan hanya jika $T_n \leq t$. Oleh karena itu, untuk $n \geq 1$, $\mathbb{P}[V(t) \geq n] = \mathbb{P}[T_n \leq t] = L_n(t)$. Tetapi, menurut Mode & Sleeman (2000:181),

$\mathbb{P}[V(t) \geq n] = \mathbb{P}[C(t) = n] + \mathbb{P}[C(t) \geq n + 1]$ yang menyatakan secara tidak langsung bahwa

$$\mathbb{P}[V(t) = n] = L_n(t) - L_{n+1}(t) \tag{37}$$

untuk $n \geq 1$. Untuk kasus $n = 0$, akan ditunjukkan $V(t) = 0$ jika dan hanya jika $T_1 = L_1 > t$, sehingga

$$\mathbb{P}[V(t) = 0] = \mathbb{P}[T_1 > t] = 1 - L_1(t).$$

Kontak antara individu yang terinfeksi dengan individu rentan mungkin saja bukan merupakan proses penginfeksian (individu rentan dapat tidak terinfeksi). Misalkan $\{\eta_i | i = 1, 2, \dots\}$ merupakan indikator Bernoulli dengan $\eta_i = 1$ menunjukkan individu rentan tertular penyakit dari individu yang telah terinfeksi. Sedangkan $\eta_i = 0$ menunjukkan tidak terjadi proses penginfeksian atau individu rentan tidak terinfeksi oleh individu yang telah terinfeksi. Misalkan proses V dan η_i independen. Maka proses K didefinisikan dengan $K(t) = \sum_{i=1}^{C(t)} \eta_i$ dimana $K(t) = 0$ jika $V(t) = 0$. Menurut Mode & Sleeman (2000:182), $E[\eta_i] = p$ untuk setiap $i \geq 1$, sehingga diperoleh

$$E[K(t)|V(t)] = V(t)p \tag{38}$$

Didefinisikan $E[V(t)] = \sum_{n=1}^\infty \mathbb{P}[V(t) \geq n] = \sum_{n=1}^\infty L_n(t)$ konvergen untuk setiap

$t \in (0, \infty)$. Dengan menggunakan ekspektasi pada persamaan (38), diperoleh

$$v(t) = E[V(t)]p = (\sum_{n=1}^{\infty} L_n(t))p \quad (39)$$

Kemudian, densitas dari fungsi ekspektasi persamaan (39) memiliki bentuk

$$b(t) = \frac{dv(t)}{dt} = (\sum_{n=1}^{\infty} l_n(t))p \text{ untuk } t \in (0, \infty) \quad (40)$$

Untuk kasus waktu kontinu, densitas pada persamaan (40) memiliki bentuk yang konstan ketika $f(x)$, f.k.p. dari waktu tunggu antar kontak berdistribusi eksponensial. Untuk $y \in [0,1]$ dan $t \in [0, \infty)$, dimisalkan *probability generating function* dari proses V dengan $f_V(u, t) = E[u^{V(t)}]$. Menurut Mode & Sleeman (2000:183) misalkan $q = 1 - p$, karena $E[u^{n_i}] = pu + q$ untuk setiap $i = 1, 2, \dots$, maka persamaan (38) menjadi

$$E[u^{K(t)}|V(t)] = (pu + q)^{V(t)}.$$

Sehingga *probability generating function* dari proses K didefinisikan dengan

$$l(y, t) = E[(pu + q)^{V(t)}] = l_V(pu + q, t).$$

Misalkan $l(x) = \lambda e^{-\lambda x}$ untuk $x \in [0, \infty)$ dan $\lambda > 0$. Sehingga transformasi Laplace dari $l(x)$ adalah

$$\hat{l}(y) = \int_0^{\infty} e^{-yx} l(x) dx = \frac{\lambda}{\lambda + y}$$

untuk $y \geq 0$. Seperti yang diketahui, variabel E berdistribusi eksponensial, maka peubah acak E juga berdistribusi gamma. Sehingga diperoleh transformasi Laplace dari f.k.p tersebut adalah

$$\hat{g}(y) = \int_0^{\infty} e^{-yx} g(x) dx = \left(\frac{\gamma}{\gamma + y}\right)^{\alpha}$$

yang didefinisikan untuk $y \geq 0$. Untuk $y \geq 0$, transformasi Laplace dari penjumlahan T_n dari peubah acak yang independen dan berdistribusi sama adalah,

$$\hat{l}_n(y) = \int_0^{\infty} e^{-yt} l_n(t) dt = \left(\frac{\lambda}{\lambda + y}\right)^n \quad (41)$$

Dipunyai f.k.p. dari peubah acak T_n berdistribusi gamma dengan parameter indeks $\alpha = n$, dengan parameter skala $\gamma = \lambda$. Fungsi distribusi yang sesuai dengan f.k.p. dari T_n didefinisikan sebagai berikut.

$$P[T_n \leq t] = L_n(t) = \frac{\lambda^n}{\Gamma(n)} \int_0^t x^{n-1} e^{-\lambda x} dx \quad (42)$$

Ketika $n = 1$, maka

$$L_1(t) = \frac{\lambda^1}{\Gamma(1)} \int_0^t x^{1-1} e^{-\lambda x} dx = 1 - e^{-\lambda t}$$

Sehingga untuk $n \geq 1$ dan $t \geq 0$,

$$L_n(t) = 1 - e^{-\lambda t} \sum_{v=0}^{n-1} \frac{(\lambda t)^v}{v!}.$$

Sehingga persamaan (37) menjadi

$$\mathbb{P}[C(t) = n] = L_n(t) - L_{n+1}(t) = e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^n}{n!}$$

Seperti yang telah diasumsikan, bahwa waktu tunggu antar kontak merupakan peubah acak eksponensial yang independen dan berdistribusi identik, proses V merupakan proses

Poisson dengan parameter $\lambda > 0$. Berdasarkan persamaan (37), f.k.p. dari proses K adalah

$$l(y, t) = e^{\lambda t(py+q-1)} = e^{\lambda tp(y-1)} \quad (43)$$

Untuk setiap $y \in [0, \infty)$. Oleh sebab itu, proses K juga merupakan proses Poisson. Fungsi rata-rata (*mean*) dari proses K adalah

$$v(t) = \lambda tp \quad (44)$$

dengan densitas konstan, diperoleh

$$b(t) = \frac{dv(t)}{dt} = \lambda p \quad (45)$$

f. Mencari nilai R_0 dengan kecepatan penginfeksian konstan

Menurut Mode & Sleeman (2000:186) ketika $b(t) = \lambda p$ untuk setiap $t \geq 0$, maka ambang batas (*threshold*) dari parameter

$$R_0 = \lambda p \int_0^{\infty} (1 - G(t)) dt$$

Jika ekspektasi,

$$\mu = E[T] = \int_0^{\infty} t g(t) dt$$

berhingga, maka dengan menggunakan integral parsial diperoleh

$$\mu = \int_0^{\infty} t g(t) dt = \int_0^{\infty} (1 - G(t)) dt.$$

Kemudian, menurut Mode & Sleeman (2000:186), jika kecepatan penginfeksian konstan, maka R_0 memiliki bentuk yang sederhana, yaitu $R_0 = \lambda p \mu$. Diketahui peubah acak T berdistribusi eksponensial dengan skala parameter $\gamma > 0$ maka

$$G(t) = \mathbb{P}[T \leq t] = 1 - e^{-\gamma t} \text{ untuk } t \in [0, \infty)$$

sehingga R_0 mempunyai bentuk

$$R_0 = \lambda p \int_0^{\infty} e^{-\gamma t} dt = \frac{\lambda p}{\gamma}.$$

Persamaan (7) dapat ditulis dalam persamaan diferensial autonomus sebagai berikut.

$$\begin{aligned} \frac{d\hat{S}}{dt} &= -\frac{\lambda p}{N} \hat{S} \hat{I} + \beta \hat{R} \\ \frac{d\hat{I}}{dt} &= \frac{\lambda p}{N} \hat{S} \hat{I} - \hat{I} \gamma \\ \frac{d\hat{R}}{dt} &= \hat{I} \gamma - \beta \hat{R} \\ \hat{S} + \hat{I} + \hat{R} &= N. \end{aligned} \quad (46)$$

Eksistensi dari persamaan diferensial dicari dengan membuat nol sisi kanan dari system. Dari sistem persamaan diperoleh

$$\begin{aligned} -\frac{\lambda p}{N} \hat{S} \hat{I} + \beta \hat{R} &= 0 \\ \frac{\lambda p}{N} \hat{S} \hat{I} - \hat{I} \gamma &= 0 \\ \hat{I} \gamma - \beta \hat{R} &= 0 \\ \hat{S} + \hat{I} + \hat{R} &= N \end{aligned} \quad (47)$$

Dari persamaan kedua diperoleh $\hat{I} = 0 \vee \hat{S} = \frac{\gamma N}{\lambda p}$.

Untuk kasus $\hat{I} = 0$ diperoleh $\hat{R} = 0$. Sehingga $\hat{S} = N$. Untuk kasus $\hat{I} \neq 0$. Diperoleh bahwa $\hat{I} + \hat{R} > 0$ apabila $\frac{\lambda p}{\gamma} > 1$. Sehingga diperoleh

$$R_0 = \frac{\lambda p}{\gamma}.$$

Jadi nilai R_0 yang diperoleh dengan menggunakan persamaan diferensial autonomus

sama dengan nilai R_0 yang diperoleh dengan analisis menggunakan *branching process*.

Dari persamaan (11) dan nilai R_0 diperoleh persamaan

$$\frac{dI(t)}{dt} = \left(\frac{\hat{S}(t)R_0}{N} - 1 \right) \hat{I}(t)\gamma. \quad (48)$$

Pada persamaan (48) dapat dilihat bahwa berdasarkan penyisipan model deterministik, kenaikan maupun penurunan pada populasi tidak hanya bergantung pada R_0 akan tetapi juga bergantung pada $\frac{\hat{S}(t)}{N}$, yang merupakan bagian dari populasi yang termasuk individu rentan. Kemudian, menurut Mode & Sleeman (2000: 261) jika $\frac{R_0\hat{S}(t)}{N} > 1$, maka jumlah individu yang terinfeksi meningkat. Jika $\frac{R_0\hat{S}(t)}{N} < 1$, maka jumlah individu yang terinfeksi menurun. Jika $\frac{R_0\hat{S}(t)}{N} = 1$ maka tidak ada perubahan jumlah pada populasi.

g. Simulasi Model

Penjelasan makna nilai-nilai parameter, nilai λ menunjukkan jumlah rata-rata individu yang terinfeksi menginfeksi individu rentan, p menunjukkan peluang individu rentan terinfeksi oleh individu yang terinfeksi, β menunjukkan jumlah rata-rata individu yang sudah sembuh dapat menjadi individu rentan, dan γ menunjukkan jumlah rata-rata individu yang terinfeksi sembuh.

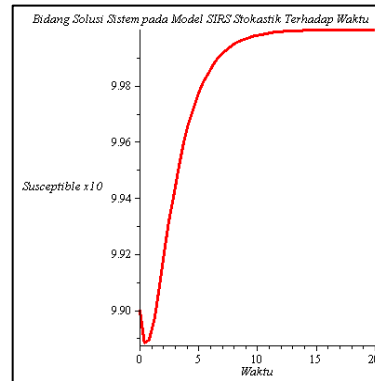
1) Simulasi saat $R_0 < 1$

Nilai-nilai parameter yang digunakan untuk simulasi disajikan pada Tabel 1.

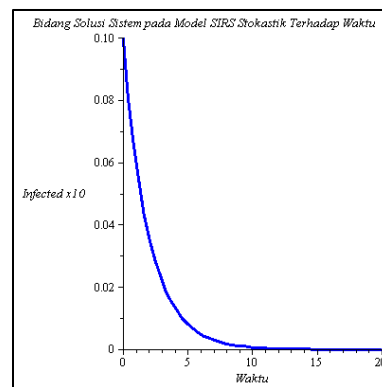
Tabel 1. Daftar Nilai Awal untuk Parameter-Parameter dan Variabel-Variabel untuk kasus $R_0 < 1$

Parameter	Nilai
λ	5
p	0,01
β	1
γ	1

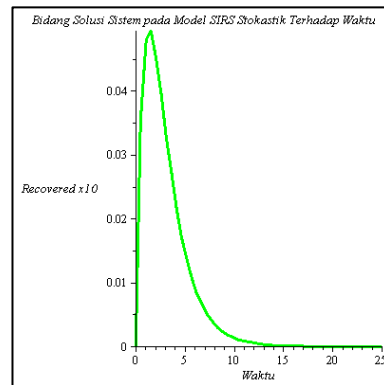
Kondisi awal dari jumlah individu rentan, individu yang terinfeksi, dan individu yang sembuh masing-masing adalah 9,9, 0,1, dan 0 (dikali 10 individu). Sehingga diperoleh nilai $R_0 = \frac{\lambda p}{\gamma} = \frac{5 \cdot 0,01}{1} = 0,05$. Hasil simulasi dapat dilihat pada **Gambar 2** berikut ini.



a) Grafik $\hat{S}(t)$ terhadap t untuk keadaan bebas endemik



b) Grafik $\hat{I}(t)$ terhadap t untuk keadaan bebas endemik



c) Grafik $\hat{R}(t)$ terhadap t untuk keadaan bebas endemik

Gambar 2. Grafik simulasi model saat bebas endemik

Gambar 2a) menunjukkan bahwa jumlah individu rentan pada awalnya mengalami penurunan hingga titik waktu menunjukkan kurang dari 1 hari, kemudian grafik mengalami kenaikan hingga titik waktu menunjukkan hari ke-13. Kemudian dimulai dari hari ke-13 jumlah individu rentan menjadi konstan atau tidak berubah. Kenaikan jumlah individu rentan dikarenakan berkurangnya jumlah individu yang terinfeksi dan individu yang sembuh kembali

menjadi individu rentan. Pada Gambar 2b) menunjukkan jumlah individu yang terinfeksi semakin menurun hingga titik waktu menunjukkan kurang dari 15 hari. Kemudian dimulai dari hari ke-15, grafik jumlah individu yang terinfeksi menunjukkan jumlah yang konstan pada titik 0 atau dapat dikatakan individu yang terinfeksi menjadi hilang. Pada Gambar 2c) menunjukkan bahwa jumlah individu yang sembuh meningkat hingga titik waktu menunjukkan hari ke-2, Kemudian dimulai dari hari ke-2 hingga titik waktu menunjukkan kurang dari hari ke-15, grafik jumlah individu yang sembuh menurun. Kemudian, jumlah individu yang sembuh tidak berubah atau konstan dimulai dari titik waktu yang menunjukkan kurang dari hari ke-15. Hal ini dikarenakan individu yang terinfeksi tidak menginfeksi individu rentan kembali atau individu yang terinfeksi habis dan seiring berjalannya waktu, individu yang sembuh kembali menjadi individu rentan.

2) Simulasi saat $R_0 > 1$

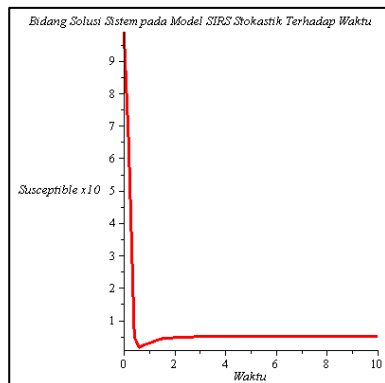
Nilai-nilai parameter yang digunakan untuk simulasi disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Daftar Nilai Awal untuk Parameter-Parameter dan Variabel-Variabel untuk kasus $R_0 > 1$

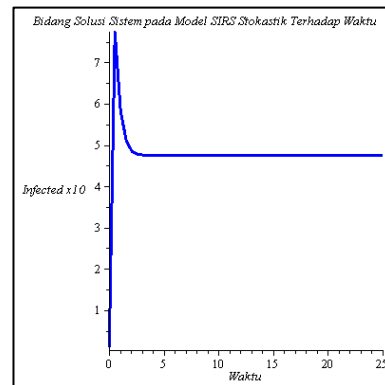
Parameter	Nilai
λ	5
p	0,4
β	1
γ	1

Kondisi awal jumlah individu rentan, individu yang terinfeksi, dan individu yang sembuh masing-masing adalah 9,9, 0,1, dan 0 dikalikan 10 individu. Sehingga diperoleh nilai $R_0 = 2$.

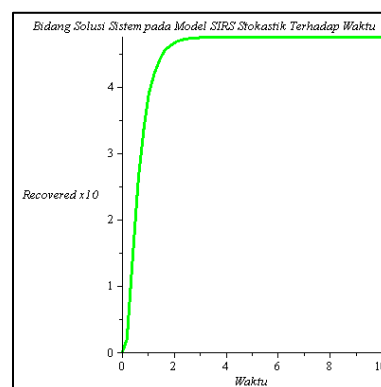
Hasil simulasi dapat dilihat pada Gambar 3 berikut ini.



a) Grafik $\hat{S}(t)$ terhadap t untuk keadaan saat endemik



b) Grafik $\hat{I}(t)$ terhadap t untuk keadaan saat endemik



c) Grafik $\hat{R}(t)$ terhadap t untuk keadaan saat endemik

Gambar 3 Grafik simulasi model saat endemik

Gambar 3a) menunjukkan bahwa jumlah individu rentan mengalami penurunan dan pada titik waktu yang hampir mendekati hari ke-1 jumlah individu rentan mulai konstan. Hal ini disebabkan oleh banyaknya individu rentan yang terinfeksi penyakit dan sedikitnya jumlah individu rentan yang sembuh. Gambar 3b) menunjukkan bahwa jumlah individu yang terinfeksi meningkat tajam di hari pertama kemudian mengalami penurunan hingga hari ke-3. Dimulai dari titik waktu yang menunjukkan hari ke-3 jumlah individu yang terinfeksi menjadi konstan. Gambar 3c) menunjukkan bahwa jumlah individu yang sembuh mengalami kenaikan hingga titik waktu ke-3. Dari titik waktu yang menunjukkan hari ke-3 jumlah individu yang sembuh menjadi konstan. Hal ini dikarenakan banyaknya individu yang terinfeksi yang sembuh dan sedikitnya individu yang sembuh yang kembali menjadi individu rentan.

h. Simpulan dan Saran

Dari pembahasan yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa model epidemic SIRS stokastik untuk penyakit influenza sebagai berikut.

$$S_d(t + h) = S_d(t) - B(t + h) + W(t + h)$$

$$\begin{aligned} I_d(t+h) &= I_d(t) + B(t+h) - D(t+h) \\ R_d(t+h) &= R_d(t) + D(t+h) - W(t+h) \\ N(t+h) &= S_d(t) + I_d(t) + R_d(t) \end{aligned}$$

dengan

$$B(t) \sim \text{Bin}(S_d(t), P(t))$$

$$D(t) \sim \text{Bin}(I_d(t), p_R)$$

$$W(t) \sim \text{Bin}(R_d(t), p_R)$$

sehingga diperoleh $N(t+h) = N$.

Penyelipan model deterministik pada model stokastik membentuk persamaan

$$\frac{d\hat{S}(t)}{dt} = -\hat{S}(t)\lambda \frac{\hat{I}(t)p}{N} + \hat{R}(t)\beta$$

$$\frac{d\hat{I}(t)}{dt} = \hat{S}(t)\lambda \frac{\hat{I}(t)p}{N} - \hat{I}(t)\gamma$$

$$\frac{d\hat{R}(t)}{dt} = \hat{I}(t)\gamma - \hat{R}(t)\beta$$

Dari model epidemi SIRS stokastik untuk penyebaran penyakit influenza pada penulisan ini diperoleh nilai $R_0 = \frac{\lambda p}{\gamma}$. Pada saat $R_0 < 1$ maka epidemik punah atau berakhir. Saat $R_0 \geq 1$ maka epidemik terjadi. Berdasarkan simulasi model dengan angka $R_0 = \frac{\lambda p}{\gamma}$ dengan nilai λ dan γ yang tetap dan nilai p yang berubah, diperoleh hasil bahwa jika nilai $R_0 < 1$ maka populasi individu rentan akan bertambah dan populasi individu yang terinfeksi akan berkurang bahkan hilang. Kemudian, jika $R_0 > 1$ maka populasi individu rentan akan berkurang dan populasi individu yang terinfeksi akan bertambah. Hal ini menunjukkan bahwa semakin besar peluang individu rentan terinfeksi oleh individu yang terinfeksi dengan jumlah rata-rata individu yang terinfeksi menularkan penyakit kepada individu rentan dan jumlah rata-rata individu yang terinfeksi sembuh bernilai konstan maka semakin besar pula jumlah individu rentan yang terinfeksi.

DAFTAR PUSTAKA

- Casagrandi, R., L. Bolzoni, S. A. Levin & V. Andreasen. 2006. The SIRC Model and Influenza A. *Mathematical Biosciences*, 200: 152-169.
- Hay, A., V. Gregory, A. Douglas, & Y. Lin. 2001. The Evolution of Human Influenza Viruses. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 356(1416):1861-1870.
- Lekone, P.E., & B. F. Finkenstädt. 2006. Statistical Inference in a Stochastic Epidemic SEIR Model with Control Intervention: Ebola as a Case Study. *Biometrics*, 62 : 1170-1177.

Mode, C. J. & C.K. Sleeman. 2000. *Stochastic Processes in Epidemiology*. Singapore: World Scientific.

Nåsell, I. 2002. Stochastic Models of Some Endemic Infections. *Mathematical Biosciences*, 179: 1-19.

Praptono. 1986. *Materi Pokok Pengantar Proses Stokastik I*. Jakarta: Karunika.

World Health Organization. 2009. *Influenza (Seasonal)*, WHO REPORT 2009.