MODEL STOKASTIK EPIDEMIK SIRS INSIDEN TAK LINEAR DENGAN VAKSINASI

*D. Afriansyah¹, H. Sumarno², I W. Mangku³

¹⁾ Prodi Ilmu dan Teknologi Pangan, Fakultas Teknologi Pangan dan Agroindustri, Universitas Mataram, Jl. Majapahit No. 62 Mataram dilla.afriansyah@unram.ac.id *corresponding author

^{2,3)} Departemen Matematika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Jl. Meranti, Kampus IPB Dramaga Bogor hadisumarno@apps.ipb.ac.id, wayanma@apps.ipb.ac.id

Abstrak

Matematika mempunyai peran penting dalam ilmu kesehatan salah satunya untuk membuat model penyebaran suatu penyakit. Salah satu penyakit yang dapat dibuat modelnya adalah penyakit difteri. Tujuan penelitian ini yakni memodifikasi model matematis difteri yang sudah ada menggunakan model stokastik continuous-time Markov chain (CTMC). Dalam penelitian ini pembahasan difokuskan pada peluang transisi, peluang wabah, dan bilangan reproduksi dasar. Bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) mewakili jumlah rata-rata individu rentan menjadi terinfeksi karena masuknya satu inividu terinfeksi ke dalam subpopulasi rentan. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$, maka hasil analisis memperlihatkan bahwa sistem populasi akan mengalami wabah penyakit, sedangkan jika $\mathcal{R}_0 < 1$, maka wabah penyakit tidak akan terjadi pada sistem populasi. Pada penelitian ini diperoleh model stokastik penyebaran penyakit difteri dengan dua fungsi yang berbeda yakni fungsi linear N dan fungsi tak linear $\alpha N + \beta I^2$. Namun, keduanya memberikan hasil yang serupa yakni tidak akan terjadi wabah di dalam sistem ketika $\mathcal{R}_0 < 1$. Jika tingkat vaksinasi meningkat, maka bilangan reproduksi dasar \mathcal{R}_0 menurun. Artinya semakin tinggi tingkat vaksinasi maka penyakit akan hilang di dalam sistem. Fungsi tak linear berpengaruh pada besarnya \mathcal{R}_0 dan peluang wabah bergantung pada nilai konstanta α yang diberikan. Semakin besar nilai α , maka \mathcal{R}_0 dan peluang wabah semakin kecil.

Kata kunci: bilangan reproduksi dasar, difteri, model epidemik, vaksinasi

1 Pendahuluan

Peran ilmu matematika salah satunya di dalam ilmu kesehatan adalah memodelkan penyebaran suatu penyakit dimana model ini terbagi menjadi dua yakni model yang bersifat stokastik dan deterministik. Model stokastik mempertimbangkan adanya pengaruh acak antar individu sehingga terdapat konsep peluang di dalamnya, sedangkan model deterministik tidak mempertimbangkan adanya pengaruh acak antar individu [1].

Model epidemik atau penyebaran penyakit paling sederhana yang dikembangkan oleh Kermack-Mckendrick pada tahun 1911 dikenal dengan nama SI (*Susceptible-Infected*), dimana populasi terbagi menjadi dua kompartemen yaitu populasi yang rentan

2020 Mathematics Subject Classification: 92D30, 65C30.

Diajukan: 11/05/2023, diterima: 26/06/2023.

(Susceptible) dan populasi yang terinfeksi (Infected). Pada tahun 1927 model SI diperluas menjadi model SIR (Susceptible-Infected-Recovered) yakni dengan menambahkan kompartemen untuk populasi yang sembuh (Recovered). Kemudian di tahun 1932, Kermack-Mckendrick kembali merumuskan model baru dimana individu yang terinfeksi dengan cepat kembali menjadi rentan setelah sembuh dari penyakit, dikenal dengan nama SIS (Susceptible-Infected-Susceptible). Jika individu yang telah sembuh tidak kembali menjadi rentan sampai kekebalannya hilang, maka diperoleh model SIRS (Susceptible-Infected-Recovered-Susceptible) [8].

Beberapa penelitian yang telah membahas dari beberapa model yang disebut di atasantara lain [6] dengan judul "Threshold Dynamics and Ergodicity of An SIRS Epidemic Model with Semi-Markov Switching", [3] dengan judul "Time-Optimal Control Strategies in SIR Epidemic Models", serta [4] dengan judul "A Stochastic SIRS Epidemic Model with Infectious Force under Intervention Strategies". Pada penelitian [4], dijelaskan bahwa penyakit yang dapat diteliti dengan model SIRS antara lain penyakit tetanus, polio, measles, difteri, hepatitis, , chickenpox, rubella, influenza dan AIDS. Pendekatan model stokastik yang digunakan yakni stochastic differential equation (SDE). Tujuan penelitian ini membahas model epidemik SIRS dengan menggunakan pendekatan continuous-time Markov chain (CTMC) dengan insiden tak linear serta penambahan perlakuan yakni vaksinasi.

2 Metode Penelitian

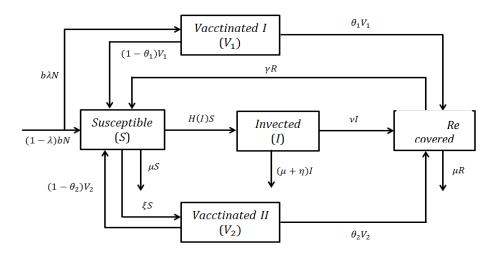
Penelitian ini dilakukan yakni dengan memodifikasi model yang dikembangkan oleh

[4] dengan langkah-langkah sebagai berikut.

- 1. Mengonstruksi model SIRS dengan pendekatan rantai Markov waktu kontinu (CTMC)
- 2. Menetapkan variabel model
- 3. Menentukan peluang transisi dan peluang terjadinya wabah
- 4. Melakukan simulasi numerik dengan software R

3 Model Matematika

Model ini dikembangkan dari model yang dibentuk oleh [4] yakni model SIRS, kemudian ditambahkan kompartemen *V* yakni vaksinasi sehingga skema model berubah menjadi seperti berikut ini.



Gambar 1. Diagram kompartemen model SIRS dengan vaksinasi.

Berdasarkan skema model SIRS di atas maka diperoleh sistem persamaan sebagai berikut.

$$\begin{split} \frac{dS}{dt} &= (1 - \lambda)bN + (1 - \theta_1)V_1 + (1 - \theta_2)V_2 + \gamma R - H(I)S - (\xi + \mu)S \\ \frac{dI}{dt} &= H(I)S - (\mu + \eta + v)I \\ \frac{dR}{dt} &= vI + \theta_1 V_1 + \theta_2 V_2 - (\mu + \gamma)R \\ \frac{dV_1}{dt} &= \lambda bN - \theta_1 V_1 - (1 - \theta_1)V_1 \\ \frac{dV_2}{dt} &= \xi S - \theta_2 V_2 - (1 - \theta_2)V_2 \end{split}$$

dengan

N : Total populasi (orang)

b: Laju kelahiran manusia (1/waktu)

β: Laju individu terinfeksi (1/waktu)

μ: Laju kematian individu secara alami (1/waktu)

 η : Laju kematian yang disebabkan oleh penyakit (1/waktu)

y: Laju individu yang kehilangan kekebalan dan menjadi rentan (1/waktu)

v: Laju individu imun (1/waktu)

 θ : Efektivitas penggunaan vaksin (1/waktu)

 λ : Rasio individu yang divaksin pada V_1 (tanpa satuan)

 ξ : Laju individu yang divaksin pada V_2 (1/waktu).

4 Hasil dan Pembahasan

4.1 Peluang Wabah

Wabah akan terjadi jika minimal terdapat satu individu yang terinfeksi atau jumlah individu terinfeksi semakin meningkat. Berdasarkan [2], dapat dirumuskan peluang wabah yang sesuai dengan model penelitian ini menggunakan probability generating function (pgf) proses bercabang berganda. Pada model SIRS dengan vaksinasi ini diasumsikan bahwa I(0) = 1, sehingga pgf untuk I adalah:

$$f(u) = \frac{(\mu + \eta + v) + HSu^2}{(\mu + \eta + v) + HS}$$

dimana $H(I) = \frac{\beta I}{a(I)}$ dengan g(I) adalah fungsi insiden infeksi yakni N dan αN + βI^2 .

Berdasarkan [2], untuk satu orang yang terinfeksi, maka terdapat dua kasus yakni kepunahan penyakit atau berkembangnya penyakit dengan begitu cepat (wabah penyakit) berdasarkan nilai bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) .

- Jika R₀ ≤ 1 maka peluang bebas penyakit dapat diperoleh lim P{I(t) = 0} = 1.
 Jika R₀ > 1 maka terdapat titik tetap f yang unik, f(q) = q, 0 < q < 1 yakni: $\mathbb{P}_0 = \lim_{t \to \infty} P\{I(t) = 0\} = q^i \operatorname{dengan} I(0) = i.$

Perhitungan peluang wabah dapat dicari secara analitik menggunakan persamaan \mathbb{P}_0 di atas. Perhitungan dilakukan untuk melihat seberapa besar peluang terjadinya wabah pada sistem dengan kondisi yang berbeda.

4.2 Peluang Transisi

Pada model stokastik epidemik SIRS dengan Vaksinasi terdapat empat peubah acak bebas yaitu S(t), I(t), $V_1(t)$, dan $V_2(t)$ karena $R(t) = N - S(t) - I(t) - V_1(t) - V_2(t)$ dimana N menyatakan ukuran total populasi konstan, dengan asumsi model ini memenuhi sifat Markov yaitu:

$$P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), V_1(t + \Delta t), V_2(t + \Delta t) | (S(0), I(0), V_1(0), V_2(0)), (S(\Delta t), I(\Delta t), V_1(\Delta t), V_2(\Delta t)), \dots, (S(t), I(t), V_1(t), V_2(t)) \} = P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), V_1(t + \Delta t), V_2(t + \Delta t) | (S(t), I(t), V_1(t), V_2(t)) \}$$

dengan peluang transisi pada waktu $(t + \Delta t)$ hanya bergantung pada waktu t. Jika $S(t), I(t), V_1(t), V_2(t) = (a, b, c, d) \operatorname{dan} S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), V_1(t + \Delta t), V_2(t + \Delta t) =$ (i, j, k, l), maka peluang transisi dari state (a, b, c, d) ke state (i, j, k, l) dapat dinyatakan dengan

$$\begin{split} P_{(a,b,c,d),(i,j,k,l)}(t+\Delta t,t) &= P\{S(t+\Delta t) = i, I(t+\Delta t) = j, V_1(t+\Delta t) = k, \\ V_2(t+\Delta t) &= l | S(t) = a, I(t) = b, V_1(t) = c, V_2(t) = d \} \end{split}$$

sehingga nilai peluang transisi tersebut dapat ditulis

$$[(1-\lambda)bN + \gamma R)]\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a+1,b,c,d) \\ (1-\theta_1)V_1\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a+1,b,c-1,d) \\ (1-\theta_2)V_2\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a+1,b,c,d-1) \\ H(I)S\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a-1,b+1,c,d) \\ \mu S\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a-1,b,c,d) \\ (\mu + \eta + \nu)I\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a,b-1,c,d) \\ \lambda bN\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a,b,c+1,d) \\ \theta_1V_1\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a,b,c-1,d) \\ \theta_2V_2\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a,b,c,d-1) \\ \xi S\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a-1,b,c,d+1) \\ 1 - Y(t)\Delta t + o(\Delta t), \qquad (i,j,k,l) = (a,b,c,d) \\ o(\Delta t), \qquad yang lainnya$$

dengan
$$Y(t) = (1 - \lambda)bN + \gamma R + (1 - \theta_1)V_1 + (1 - \theta_2)V_2 + H(I)S + \mu S(\mu + \eta + \nu)I + \lambda bN + \theta_1V_1 + \theta_2V_2 + \xi S$$

4.3 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) menyatakan jumlah rata-rata individu rentan menjadi terinfeksi karena adanya satu individu yang terinfeksi diperkenalkan ke dalam subpopulasi rentan. Sehingga wabah dapat terjadi ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Bilangan reproduksi dasar diperoleh menggunakan metode *the next generation matrix* [5] sehingga menghasilkan

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S}{g(0)(\mu + \eta + v)}$$

dengan g(0) merupakan fungsi g(I) saat nilai awal I = 0, dimana

$$S = \frac{\left[(1 - \lambda)(\gamma + \mu) + \lambda(2\gamma\theta_1 - \gamma + \mu\theta_1 - \mu) \right]bN}{\mu(\gamma + \mu + \xi\theta_2)}.$$

4.4 Simulasi Numerik

Simulasi numerik perlu dilakukan untuk menganalisis perilaku sistem. Simulasi terdiri dari beberapa skenario dengan cara nilai parameter model divariasikan sehingga terlihat perubahan perilaku yang terjadi di dalam sistem. Simulasi ini diperlukan untuk melihat bahwa infeksi akan menjadi wabah saat $\mathcal{R}_0 > 1$ dan akan menjadi bebas penyakit saat $\mathcal{R}_0 < 1$. Perubahan nilai pada \mathcal{R}_0 terjadi dengan cara parameter yang dianggap mempunyai pengaruh yang paling besar di dalam sistem diubah-ubah nilainya sehingga diharapkan menghasilkan intervensi yang dapat digunakan nantinya untuk mengurangi terjadinya penyebaran penyakit di dalam sistem. Simulasi numerik ini dilakukan dengan bantuan perangat lunak R.

4.5 Nilai Parameter

Pemilihan nilai parameter yang digunakan berdasarkan nilai parameter pada penyebaran penyakit difteri yang sesuai dengan model yang telah dibentuk. Adapun nilai parameter untuk penyebaran penyakit difteri ditunjukkan oleh Tabel 1 di bawah ini.

Parameter	Nilai	Satuan	Sumber
N	100	Orang	[1]
b	0.1	Tahun ⁻	[7]
β	0.57	Tahun ⁻	[9]
μ	1/70	Tahun ⁻	[9]
η	44/954	Tahun ⁻	Kemenkes
γ	1/15	Tahun ⁻	[9]
ν	365/14	Tahun ⁻	[9]
λ	0.6	-	Asumsi
$ heta_1$	0.9	Tahun ⁻	Asumsi
ξ	0.1	Tahun⁻ ¹	Asumsi
$ heta_2$	0.9	Tahun ⁻	Asumsi

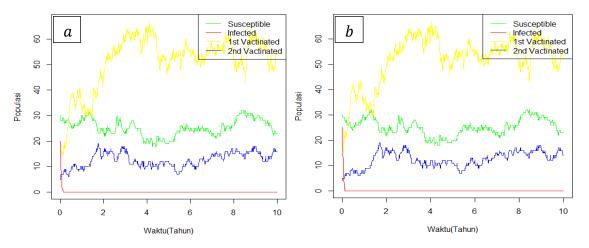
Tabel 1. Nilai Parameter Model SIRS pada Penyebaran Penyakit Difteri

Oleh karena simulasi ini bertujuan untuk melihat dinamika populasi pada sistem apabila beberapa kondisi berbeda diberikan, sehingga pemilihan beberapa kondisi yang diberikan dilakukan dengan mempertimbangkan bahwa meningkat ataupun menurunnya nilai parameter model dapat menyebabkan terjadinya wabah. Berdasarkan pertimbangan tersebut, sehingga dibentuk beberapa skenario dari masing-masing nilai fungsi g(I).

1. Fungsi Insiden Infeksi Linear g(I) = N

Skenario 1.1: Dinamika Populasi untuk Kondisi $\mathcal{R}_0 < 1$

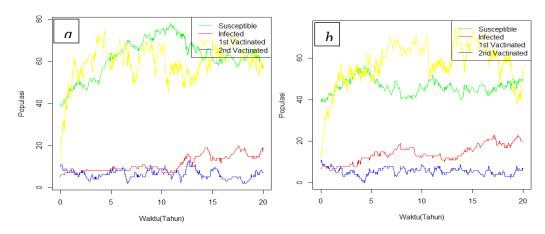
Skenario ini dilakukan untuk menunjukkan dinamika populasi yang terjadi pada sistem ketika $\mathcal{R}_0 < 1$ dengan $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S}{N(\mu + \eta + v)}$. Berdasarkan nilai parameter yang sesuai dengan Tabel 1, diperoleh $\mathcal{R}_0 = 0.0567367 < 1$ dan peluang wabahnya adalah 0 yang artinya penyakit tidak akan mewabah. Nilai awal untuk (S, I, V_1, V_2) yang digunakan pada skenario yakni a) (30,20,15,5) dan b) (30,25,15,5). Dinamika populasi pada sistem untuk skenario 1.1 dapat dilihat pada gambar berikut.



Gambar 2. *Sample path* skenario 1.1.

Skenario 1.2: Dinamika populasi untuk Kondisi $\mathcal{R}_0 > 1$

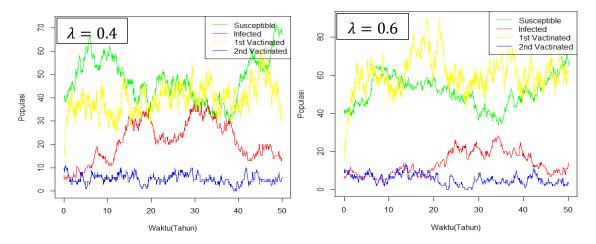
Pada skenario 1.2 ingin menunjukkan dinamika populasi yang terjadi pada sistem ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Simulasi numerik pada skenario ini terdapat nilai parameter yang diubah yakni v yang merupakan laju individu yang sudah imun dengan nilai awal 365/14 menjadi 3/14 sehingga diharapkan $\mathcal{R}_0 = 5.39743 > 1$. Berikut ini disajikan sample path dengan kondisi untuk (S, I, V_1, V_2) yang berbeda yakni a) (40,5,15,10) dengan peluang wabah 0.999782, dan b) (40,7,15,10) dengan peluang wabah 0.999993. Dinamika populasi pada sistem untuk skenario 1.2 dapat dilihat pada gambar berikut ini.



Gambar 3. Sample path untuk skenario 1.2

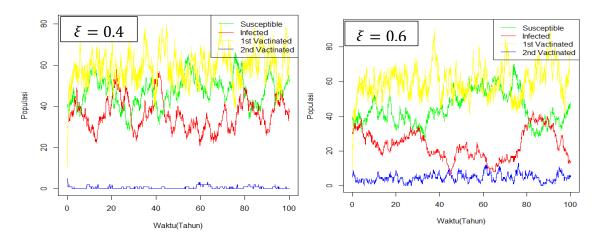
Skenario 1.3: Pengaruh Jumlah Individu yang Divaksin

Pada bagian pertama yakni skenario 1.3a, nilai parameter yang diubah adalah parameter λ yakni banyaknya individu (bayi) baru lahir yang divaksin selama setahun sedangkan nilai ξ tetap 0.1 dengan nilai awal untuk subpopulasi (S, I, V_1 , V_2) adalah (40,7,15,10) dengan peluang wabah sebesar 0.999993. Dinamika populasi pada sistem untuk skenario 1.3a dapat dilihat pada gambar berikut ini.



Gambar 4. *Sample path* skenario 1.3a.

Kemudian pada bagian kedua yakni skenario 1.3b, nilai parameter yang diubah adalah ξ yakni individu yang akan divaksinasi pada V_2 sedangkan nilai λ tetap 0.6. Dinamika populasi untuk skenario 1.3b adalah sebagai berikut.



Gambar 5. Sample path skenario 1.3b.

Berdasarkan Gambar 4 dan 5 di atas dapat dilihat bahwa individu pada subpopulasi *infected* (warna merah) dan subpopulasi *susceptible* (warna hijau) mengalami perubahan. Semakin besar proporsi individu yang divaksin maka banyaknya individu pada subpopulasi *susceptible* (rentan) menjadi semakin kecil atau menurun dan banyaknya individu pada subpopulasi *infected* (infeksi) semakin cepat berkurang atau wabah menghilang.

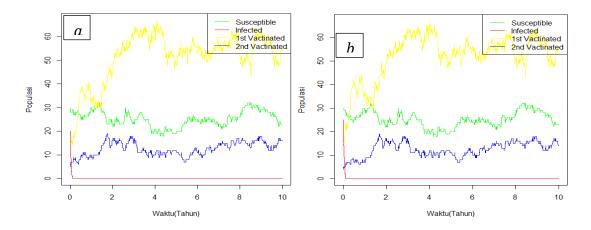
2. Fungsi Insiden Infeksi tak Linear $g(I) = \alpha N + \beta I^2$

Skenario 2.1: Dinamika Populasi untuk Kondisi $\mathcal{R}_0 < 1$

Pada skenario 2.1ingin menunjukkan dinamika populasi yang terjadi pada sistem saat $\mathcal{R}_0 < 1$ dengan $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta S}{g(0)(\mu + \eta + v)} \operatorname{dan} S = \frac{[(1 - \lambda)(\gamma + \mu) + \lambda(2\gamma\theta_1 - \gamma + \mu\theta_1 - \mu)]bN}{\mu(\gamma + \mu + \xi\theta_2)}$ sehingga

$$\mathcal{R}_0 = \frac{[(1-\lambda)(\gamma+\mu) + \lambda(2\gamma\theta_1 - \gamma + \mu\theta_1 - \mu)]\beta b}{\alpha\mu(\gamma+\mu+\xi\theta_2)(\mu+\eta+\nu)}$$

Berdasarkan perhitungan secara analitik diketahui bahwa \mathcal{R}_0 dipengaruhi oleh nilai awal α yang diberikan. Pada skenario ini $\alpha=3$ sehingga diharapkan $\mathcal{R}_0=0.018912$, sedangkan untuk peluang wabahnya adalah 0 berapapun nilai I yang diberikan. Nilai awal untuk (S,I,V_1,V_2) yang digunakan pada skenario dengan nilai a) (30,20,15,5) dan b) (30,25,15,5). Dinamika populasi dari skenario 2.1 dapat dilihat pada gambar berikut ini.

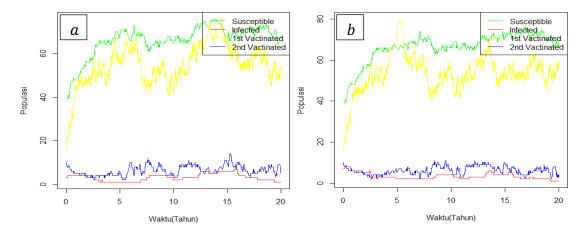


Gambar 6. Sample path skenario 2.1.

Gambar 6 menunjukkan bahwa populasi pada kompartemen I mengalami penurunan dan perlahan-lahan akan menghilang seiring berjalannya waktu atau perlahan menuju ke titik tetap bebas penyakitnya. Hal ini sesuai dengan hasil analitik yang diperoleh bahwa jika $\mathcal{R}_0 < 1$, maka peluang wabah yang dihasilkan adalah 0 yang artinya tidak akan terjadi wabah penyakit meskipun awalnya terdapat banyak individu terinfeksi pada sistem. Keempat sample path di atas menunjukkan bahwa berapapun nilai awal yang diberikan, maka tidak akan terjadi wabah penyakit di dalam sistem.

Skenario 2.2: Dinamika Populasi untuk Kondisi $\mathcal{R}_0 > 1$

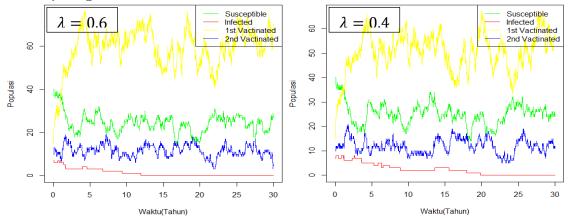
Pada skenario 2.2 ingin menunjukkan dinamika populasi yang terjadi pada sistem ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Untuk melakukan simulasi numerik pada skenario ini maka nilai parameternya diubah. Parameter yang diubah adalah v yakni laju individu yang sudah imun dengan nilai awal 365/14 menjadi 3/14 dan nilai $\alpha = 3$ sehingga diharapkan $\mathcal{R}_0 = 1.79914 > 1$. Berikut ini disajikan *sample path* dengan kondisi yang berbeda-beda untuk (S, I, V_1, V_2) yakni a) (40,5,15,10) dengan peluang wabah 0.946445, dan b) (40,7,15,10) dengan peluang wabah 0.983392. Dinamika populasi pada sistem untuk skenario 2.2 dapat dilihat pada gambar berikut ini.



Gambar 7. Sample path skenario 2.2.

Skenario 2.3: Pengaruh Jumlah Individu yang Divaksin

Pada bagian pertama yakni skenario 2.3a, nilai parameter yang diubah adalah parameter λ yakni banyaknya individu (bayi) baru lahir yang divaksin selama setahun. Sedangkan untuk nilai ξ yakni vaksinasi kedua tetap 0.5. Nilai awal yang digunakan pada skenario ini adalah (40,7,15,10) dan nilai $\alpha = 3$, maka $\mathcal{R}_0 = 1.79914 > 1$ dan peluang wabahnya adalah 0.983392. Dinamika populasi pada sistem untuk skenario 2.3a dapat dilihat pada gambar berikut ini.

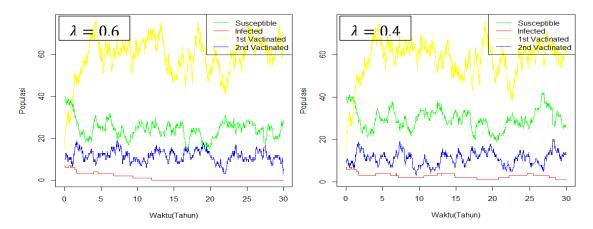


Gambar 8 Sample path skenario 2.3a.

Gambar 8 di atas menunjukkan perbedaan pemberian perlakuan pada individu (bayi) yang baru lahir yang akan divaksinasi dengan nilai masing-masing proporsi 0.4, 0.5, 0.6, dan 0.7 dengan nilai awal untuk subpopulasi S, I, V_1 , dan V_2 adalah (40,7,15,10). Berdasarkan gambar dapat dilihat bahwa individu pada subpopulasi *infected* (berwarna merah) mengalami penurunan berdasarkan semua *sample path* yang diberikan. Artinya, wabah akan menghilang dengan cepat jika semakin besar proporsi individu yang divaksin.

Pada bagian kedua yakni skenario 2.3b, dilakukan perubahan nilai parameter ξ yakni individu yang akan divaksinasi pada V_2 meliputi individu yang tidak pernah divaksin, atau sudah pernah divaksin lalu menjadi rentan, ataupun individu yang pernah sakit kemudian sembuh, dan kembali menjadi rentan dengan nilai masing-masing

proporsi yakni 0.4 dan 0.6 dengan nilai awal untuk subpopulasi S, I, V_1 , dan V_2 adalah (40,7,15,10). Sedangkan untuk nilai λ tidak diubah yakni tetap 0.6. Adapun dinamika populasi pada sistem untuk skenario 2.3b dapat dilihat pada gambar berikut ini.



Gambar 9 Sample path skenario 2.3b.

Berdasarkan Gambar 9 dapat dilihat bahwa individu pada subpopulasi *infected* (berwarna merah) dan subpopulasi *susceptible* (warna hijau) mengalami perubahan. Semakin besar proporsi ξ maka banyaknya individu pada subpopulasi *susceptible* (rentan) menjadi semakin kecil atau menurun dan banyaknya individu pada subpopulasi *infected* (infeksi) semakin cepat berkurang atau wabah menghilang.

Berdasarkan pembahasan di atas dapat dilihat bahwa ketika $\mathcal{R}_0 < 1$, berapapun nilai awal yang diberikan tidak memberikan pengaruh terhadap besarnya peluang wabah, dan besarnya peluang wabah adalah 0. Grafik yang dihasilkan pada Gambar 2 dan Gambar 6 juga menunjukkan subpopulasi individu terinfeksi (*infected*) sangat cepat menghilang dari sistem. Selain itu, terdapat perbedaan pada besarnya bilangan reproduksi dasar pada kedua fungsi. Untuk fungsi linear N besarnya $\mathcal{R}_0 = 0.0567367$ dan untuk fungsi tak linear $\alpha N + \beta I^2$ dengan $\mathcal{R}_0 = 0.018912$. Dapat dilihat besarnya \mathcal{R}_0 untuk fungsi linear pada kondisi ketika $\mathcal{R}_0 < 1$, lebih besar daripada \mathcal{R}_0 untuk fungsi tak linear, atau fungsi tak linear menyebabkan \mathcal{R}_0 semakin kecil.

Sebaliknya, nilai awal yang diberikan ketika $\mathcal{R}_0 > 1$, memberikan pengaruh terhadap besarnya peluang wabah. Dalam hal ini, nilai awal yang berpengaruh adalah I. Semakin besar nilai I yang diberikan, maka semakin besar pula peluang wabahnya. Semakin besar peluang wabah dalam suatu sistem, maka waktu bebas penyakitnya akan semakin lama seperti yang ditunjukkan pada Gambar 3 dan 7. Selain itu, terdapat perbedaan pada besarnya bilangan reproduksi dasar pada kedua fungsi. Untuk fungsi linear N besarnya $\mathcal{R}_0 = 5.39743$ dan untuk fungsi tak linear $\alpha N + \beta I^2$ dengan $\mathcal{R}_0 = 1.79914$. Dapat dilihat besarnya \mathcal{R}_0 untuk fungsi linear pada kondisi ketika $\mathcal{R}_0 > 1$, lebih besar daripada \mathcal{R}_0 untuk fungsi tak linear. Dengan kata lain fungsi tak linear memberikan pengaruh yakni menyebabkan \mathcal{R}_0 semakin kecil.

Kemudian, pada skenario 3 ingin melihat pengaruh jumlah individu yang divaksin terhadap dinamika populasi yakni dengan mengubah nilai parameter λ dan ξ . Sedangkan \mathcal{R}_0 pada skenario ini sesuai dengan \mathcal{R}_0 pada skenario ke 2 di masing-masing fungsi karena perubahan nilai λ dan ξ tidak memberikan pengaruh terhadap besarnya \mathcal{R}_0 .

Semakin tinggi rasio vaksinasi baik λ maupun ξ , maka waktu bebas penyakitnya akan lebih cepat.

5 Simpulan

Berdasarkan hasil penelitian diperoleh model stokastik penyebaran penyakit difteri dengan dua fungsi insiden infeksi yang berbeda yakni fungsi linear N dan fungsi tak linear $\alpha N + \beta I^2$. Kedua fungsi ini menunjukkan hasil yang serupa yakni tidak akan terjadi wabah di dalam sistem ketika $\mathcal{R}_0 < 1$. Hasil lain menunjukkan terlihat perbedaan pada besarnya \mathcal{R}_0 dan peluang wabah ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Sedangkan nilai awal I memengaruhi waktu bebas penyakitnya. Semakin besar nilai I yang diberikan maka semakin lama waktu bebas penyakitnya, dan sebaliknya. Selain itu, besarnya \mathcal{R}_0 akan semakin menurun jika semakin tinggi tingkat vaksinasinya. Artinya, wabah akan semakin cepat menghilang di dalam sistem jika semakin banyak individu yang divaksin, dan sebaliknya. Namun, terdapat perbedaan besarnya \mathcal{R}_0 yang dihasilkan oleh kedua fungsi dimana \mathcal{R}_0 fungsi linear N lebih besar daripada \mathcal{R}_0 fungsi tak linear $\alpha N + \beta I^2$ di semua skenario baik ketika $\mathcal{R}_0 < 1$ maupun ketika $\mathcal{R}_0 > 1$. Dengan kata lain, fungsi tak linear memberikan pengaruh yakni menyebabkan \mathcal{R}_0 semakin kecil.

Daftar Pustaka

- [1] Allen LJS. 2010. An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology: Ed ke-2. Texas (US): CRC Pr.
- [2] Allen LJS, Lahodny Jr GE. 2012. Extinction threshold in deterministic and stochastic epidemic models. *Biological Dynamics*. 590-611.
- [3] Caoni L, Bonacini E, Soresina C, Groppi M. 2017. Time optimal control strategies in SIR epidemic models. *Mathematical Biosciences*.
- [4] Cai Y, Kang Y, Banerjee M, Wang W. 2015. A stochastic SIRS epidemic model with infectious force under intervention strategies. *Journal Differential Equation*. 7463-7502.
- [5] Driessche PVD. 2017. Reproduction numbers of infectious disease models. *Infectious Disease Modelling*. 288-303.
- [6] Li D, Liu S, Cui J. 2018. Threshold dynamics and ergodicity of an SIRS epidemic model with semi-Markov switching. *Journal Differential Equation*. 3973-4017.
- [7] Lu Z, Chi X, Chen L. 2002. The effect of constant and pulse vaccination of SIR epidemic model with horizontal and vertical transmission. *Math Compute Model*. 1039-1057.
- [8] Ma Z, Li J. 2009. *Dinamical Modeling and Analysis of Epidemics*. Singapore: World Scientific Publishing.
- [9] Sornbundit K, Triampo W, Modchang C. 2017. Mathematical modeling of diptheria transmission in Thailand. *Computers in Biology and Medicine*. 162-168.