

# SIMULASI MODEL DTMC SEIR DENGAN PENGobatan PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT MALARIA DI INDONESIA

Aprilia Saniatul Rahmawati<sup>1\*</sup>, Respatiwan<sup>1</sup>, Hasih Pratiwi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam,  
Universitas Sebelas Maret

\*apriliasaniatul14@student.uns.ac.id

## ABSTRAK

Epidemi merupakan penyebaran penyakit menular yang berlangsung secara cepat pada suatu populasi tertentu dan dalam waktu yang singkat sehingga menyebabkan banyak kerugian baik finansial maupun kematian. Telah banyak studi di bidang matematika yang mempelajari fenomena epidemiologi, salah satunya adalah model epidemi *susceptible exposed infected recovered* (SEIR), yaitu menjelaskan pola penyebaran yang memperhatikan masa inkubasi. Cara pengendalian penyakit malaria adalah dengan melakukan pengobatan, maka penelitian ini ingin melakukan simulasi model epidemi SEIR dengan memperhatikan pengobatan. Model epidemi SEIR dengan pengobatan yang mengikuti proses Markov dengan waktu diskrit dapat disebut dengan *discrete time Markov chain* (DTMC) SEIR. Penelitian ini menyimulasikan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan dan tanpa pengobatan pada penyebaran penyakit malaria. Tujuan dari penelitian ini untuk melihat pola penyebaran penyakit malaria dengan model DTMC SEIR yang memperhatikan adanya pengobatan. Hasil dari penelitian ini diperoleh model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan yang disajikan dalam bentuk probabilitas transisi yang menunjukkan terjadinya perubahan jumlah individu pada kelompok *susceptible* (S), *exposed* (E), *infected* (I), *treatment* (T), dan *recovered* (R) pada setiap waktu. Selain itu, hasil dari simulasi model DTMC SEIR dengan pengobatan dan tanpa pengobatan menunjukkan bahwa waktu yang diperlukan untuk mencapai puncak epidemi pada simulasi model DTMC SEIR tanpa pengobatan terjadi lebih lambat. Pada simulasi model DTMC SEIR dengan pengobatan yang memperbesar laju pengobatan didapatkan jumlah individu terinfeksi dapat mencapai nol.

**Kata kunci:** Epidemi; Malaria; Pengobatan; DTMC SEIR

## ABSTRACT

*Epidemic is the rapid spread of an infectious disease in a certain population and in a short time, causing many losses, both financial and death. There are many studies in the field of mathematics that study epidemiological phenomena, including the SEIR epidemic model, which explains distribution patterns that increase the incubation period. The way to cure malaria is by carrying out treatment, so this study wants to simulate the SEIR epidemic model by paying attention to treatment. The SEIR epidemic model with treatment that follows the Markov process with discrete time can be called the discrete time Markov chain (DTMC) SEIR. This study simulates the DTMC SEIR epidemic model with treatment and without treatment in the spread of malaria. The aim of this study was to observe the pattern of malaria spread using the DTMC SEIR model which takes into account the availability of treatment. The results of this study obtained the DTMC SEIR epidemic model with treatment presented in the form of transition probabilities that show changes in the number of individuals in the susceptible (S), exposed (E), infected (I), treatment (T), and recovered (R) groups at each time. Then, the results from the DTMC SEIR model simulation with treatment and without treatment show that the time required to reach the epidemic peak in the DTMC SEIR model without treatment occurs more slowly. Simulation of the DTMC SEIR model with treatment that increases the rate of treatment, the number of infected individuals can reach zero.*

**Key words:** Epidemic; Malaria; Treatment; DTMC SEIR

## PENDAHULUAN

Penyakit malaria merupakan salah satu penyakit menular yang berbahaya dan menjadi masalah kesehatan di dunia termasuk Indonesia. Malaria dapat menyebabkan seseorang kehilangan kesempatan untuk menikmati hidup sehat. Hilangnya kesempatan ini ditandai dengan memburuknya kondisi kesehatan sehingga tidak produktif atau kasus yang lebih ekstrem dapat menyebabkan

kematian. Berdasarkan data dari WHO, penyakit malaria menempati peringkat ketiga sebagai penyakit paling mematikan di dunia dengan 2 hingga 3 juta kasus baru setiap tahunnya. Sedangkan di Indonesia, kasus malaria tercatat sebanyak 1,2 juta orang dengan angka kematian mencapai 100.000 setiap tahun (Kemenkes, 2024). Pada tahun 2022, jumlah orang terinfeksi yang ditemukan sebanyak 443.530 orang, berkurang dibandingkan dua puluh tahun yang lalu, tetapi jumlah orang yang terinfeksi mengalami stagnasi dalam 10 tahun terakhir (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2022). Hal ini mengindikasikan bahwa diperlukan stimulus yang lebih besar untuk menekan jumlah penderita malaria, diantaranya memastikan semua penderita malaria memiliki akses terhadap tes dan pengobatan.

Penyakit malaria sendiri disebabkan oleh parasit *plasmodium* yang ditularkan ke manusia lewat gigitan nyamuk *Anopheles* yang sudah terinfeksi (Dewi dkk., 2019). Indonesia merupakan salah satu negara di dunia yang memiliki jumlah spesies *Anopheles* terbanyak, yakni sedikitnya 26 spesies. Cara mengatasi penyakit malaria diantaranya adalah dengan melakukan pengobatan. Pemberian pelayanan pengobatan kepada penderita malaria saat ini diatur berdasarkan Keputusan Menteri Kesehatan No. 556 tahun 2019 tentang Pedoman Nasional Tata Laksana Malaria, pasien positif malaria berdasarkan hasil pemeriksaan laboratorium diberikan pengobatan ACT dengan dosis disesuaikan berat badan pasien (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2022). ACT (*Artemisinin-based Combination Therapy*) merupakan obat yang saat ini dinilai paling efektif dalam membunuh parasit malaria. Meskipun sudah dilakukan pengobatan, namun saat ini penyakit malaria masih terdapat di beberapa wilayah Indonesia, terutama bagian timur. Maka dari itu, diperlukan suatu metode untuk mengetahui pola penyebaran penyakit malaria agar bisa menentukan kebijakan yang tepat untuk mengatasi penyakit malaria.

Salah satu cara mengetahui pola penyebaran penyakit malaria adalah dengan model matematika. Model matematika sendiri dapat digunakan untuk memahami fenomena epidemiologi, adapun model matematika yang mempelajari pola penyebaran penyakit dengan karakteristik setiap individu yang terinfeksi akan sembuh dan memiliki sistem kekebalan tubuh adalah model *susceptible infected recovered* (SIR). Pada model epidemi SIR, individu yang terinfeksi akan memperoleh kekebalan dan memasuki kelas *recovered* (R) (Allen, 2008). Model epidemi SIR telah diterapkan pada beberapa penyakit pada masa kecil seperti cacar air, campak, dan gondok. Model SIR membagi populasi menjadi tiga kelompok, yaitu *susceptible* (S) sebagai kelompok yang berisi individu sehat namun rentan terhadap infeksi penyakit, *infected* (I) sebagai kelompok dengan individu terinfeksi penyakit, dan *recovered* (R) yaitu kelompok yang berisi individu sembuh dari infeksi penyakit.

Terdapat beberapa penelitian terdahulu yang telah menerapkan model matematika pada penyebaran penyakit malaria, diantaranya Yusnita & Siregar (2023) yang melakukan penelitian mengenai model epidemi SITS pada penyebaran penyakit Malaria di Kota Medan. Hasil dari penelitian tersebut adalah diperoleh bilangan reproduksi kurang dari satu yang artinya tidak terjadi epidemi pada populasi pengamatan. Selanjutnya ada penelitian dari Wedajo et al. (2020) yang dalam penelitiannya memodelkan epidemi SEIRS pada penyakit Malaria dengan *treatment* secara deterministik untuk manusia dan model SEI untuk nyamuk. Hasil penelitian tersebut didapatkan kesimpulan bahwa untuk mengurangi infeksi malaria adalah dengan pengurangan laju populasi manusia yang terinfeksi melalui pengobatan. Kemudian Ihsan dkk. (2021) juga melakukan penelitian mengenai model matematika SEIRS pada penyebaran penyakit malaria di Kabupaten Mimika. Hasil simulasi dari penelitian tersebut didapatkan kesimpulan bahwa pada penyebaran penyakit malaria semakin besar laju penanganan

pada penyakit malaria maka mengakibatkan populasi pada kelas *exposed* dan *infected* mengalami penurunan dan populasi pada *susceptible* dan *recovered* mengalami peningkatan.

Beberapa penyakit salah satunya malaria memiliki periode laten atau masa inkubasi, yaitu rentang waktu sejak sporozoit masuk ke tubuh manusia sampai timbulnya gejala klinis yang ditandai dengan demam. (Kemenkes, 2019). Periode tersebut memunculkan kelompok baru pada populasi, yaitu *Exposed*. Sehingga model SIR dikembangkan menjadi model SEIR (Sihotang dkk., 2019). Gejala awal yang muncul pada penderita malaria yaitu berupa demam, sakit kepala, menggigil, dan muntah-muntah. Pada individu yang tidak memiliki kekebalan, gejala ini akan muncul setidaknya tujuh hari setelah gigitan nyamuk *Anopheles* (Hamidah dkk., 2017). Oleh karena itu, penyebaran penyakit malaria dapat dikasi dengan menggunakan model SEIR. Sementara itu, penanganan penyebaran penyakit malaria memerlukan pemberian pengobatan yang tepat, sehingga pada pemodelan perlu memperhatikan adanya faktor pengobatan. Maka, pada penelitian ini membahas model epidemi stokastik SEIR dengan pengobatan pada penyebaran penyakit malaria. Model SEIR yang menambahkan kelompok pengobatan membagi populasi menjadi lima kelompok, yaitu kelompok rentan (*susceptible*), dalam masa inkubasi (*exposed*), terinfeksi (*infected*), dalam masa pengobatan (*treatment*), dan sembuh (*recovered*).

Penelitian ini membahas dan menyimulasikan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan pada pola penyebaran penyakit malaria. Diharapkan penelitian ini dapat bermanfaat untuk mengembangkan ilmu pengetahuan terkait model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan dan dapat memberikan informasi tentang pola penyebaran penyakit malaria.

## METODE PENELITIAN

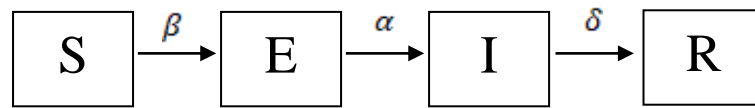
Pada penelitian ini metode yang digunakan adalah studi literatur yaitu dengan mempelajari teori dari karya ilmiah maupun referensi lain yang relevan untuk memperkuat landasan teori agar dapat membangun dan menyimulasikan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan. Pada penelitian ini akan membandingkan pola penyebaran penyakit malaria menggunakan model DTMC SEIR dan model DTMC SEIR dengan pengobatan. Langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Menurunkan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan yang terdiri dari,
  - a. menentukan asumsi- asumsi model DTMC SEIR dengan pengobatan,
  - b. menentukan parameter dan variabel yang digunakan dalam model DTMC SEIR dengan pengobatan,
  - c. menentukan probabilitas transisi dari model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan.
2. Melakukan simulasi dengan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan,
  - a. menetapkan nilai-nilai estimasi parameter laju kontak  $\beta$ , laju infeksi  $\alpha$ , laju pengobatan  $\theta$ , dan laju kesembuhan  $\gamma$ ,
  - b. menentukan populasi awal individu pada masing-masing kelompok,
  - c. menerapkan model DTMC SEIR dengan pengobatan pada penyebaran penyakit malaria,
  - d. menginterpretasikan hasil simulasi.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Penyebaran penyakit terjadi saat individu *susceptible* melakukan interaksi dengan individu *infected*, sehingga akan terinfeksi penyakit kemudian menjadi individu *exposed*. Individu yang terinfeksi

akan sembuh dan memiliki kekebalan terhadap suatu penyakit. Model epidemi untuk penyebaran penyakit yang mempertimbangkan kelompok *exposed* dan individu terinfeksi memiliki kekebalan adalah model SEIR. Penyebaran penyakit dengan model SEIR terjadi seperti pada Gambar 1.

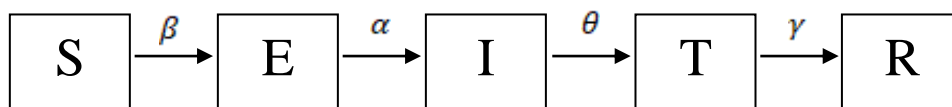


**Gambar 1.** Skema Model Epidemi SEIR Tanpa Pengobatan

Penyebaran penyakit dapat dikendalikan dengan adanya pengobatan. Pengobatan ini dilakukan terhadap individu yang sudah terinfeksi penyakit untuk mempercepat proses penyembuhan dan menekan penyebaran penyakit. Model epidemi SEIR yang mempertimbangkan pengobatan tersebut dikembangkan menjadi model epidemi SEIR dengan pengobatan. Asumsi-asumsi dalam model epidemi SEIR dengan pengobatan yaitu sebagai berikut:

1. Penyakit menyebar pada populasi bersifat tertutup.
2. Populasi bersifat homogen.
3. Hanya terdapat satu penyakit dalam populasi.
4. Tidak mempertimbangkan laju kelahiran dan kematian.
5. Setiap individu yang lahir akan memasuki kelas rentan,
6. Individu yang terinfeksi melakukan pengobatan.

Populasi pada model epidemi SEIR dengan pengobatan terdiri dari lima kelompok, yaitu *susceptible* (S), *exposed* (E), *infected* (I), *treatment* (T), dan *recovered* (R). Penyebaran penyakit dengan model SEIR dengan pengobatan terjadi apabila terdapat perpindahan individu dari kelompok *susceptible* ke kelompok *exposed* sebesar  $\beta$ , dari kelompok *exposed* ke kelompok *infected* sebesar  $\alpha$ , dari kelompok *infected* ke kelompok *treatment* sebesar  $\theta$ , dan dari kelompok *treatment* ke kelompok *recovered* sebesar  $\gamma$  seperti pada Gambar 2.



**Gambar 2.** Skema Model Epidemi SEIR dengan Pengobatan

Model DTMC SEIR dengan pengobatan memiliki lima variabel acak, yaitu  $S(t)$ ,  $E(t)$ ,  $I(t)$ ,  $T(t)$ , dan  $R(t)$ . Total populasi diasumsikan konstan sejumlah  $N$ , kemudian  $R(t) = N - S(t) - E(t) - I(t) - T(t)$ . Jika jumlah individu  $S(t) = s$ ,  $E(t) = e$ ,  $I(t) = i$ ,  $T(t) = t$  dengan  $s, e, i$ , dan  $t$  adalah *state*, dengan fungsi probabilitas bersama model DTMC SEIR dengan pengobatan seperti pada persamaan (1).

$$P_{(s,e,i,t)}(t) = P[S(t) = s, E(t) = e, I(t) = i, T(t) = t] \quad (1)$$

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

Apabila besarnya perubahan jumlah individu dari *susceptible* menjadi *exposed* dalam rentang waktu  $\Delta t$  dinyatakan dengan  $k$ , kemudian  $l$  menyatakan perubahan jumlah individu dari *exposed* menjadi *infected* dalam rentang waktu  $\Delta t$ . Besarnya perubahan jumlah individu dari *infected* ke *treatment* dalam rentang waktu  $\Delta t$  dinyatakan dengan  $m$  dan besarnya perubahan jumlah individu dari *treatment* menjadi *recovered* dalam rentang waktu  $\Delta t$  adalah  $n$ . Maka transisi model DTMC SEIR dengan pengobatan adalah dari state  $s$  ke  $s + k$ , dari state  $e$  ke  $e + l$ , dari state  $i$  ke  $i + m$ , dan dari state  $t$  ke  $t + n$ . Sehingga probabilitas transisi model DTMC SEIR dengan pengobatan dinyatakan seperti pada persamaan (2).

$$\begin{aligned}
 P_{(s+k,e+l,i+m,t+n),(s,e,i,t)}(\Delta t) &= P[(S(t + \Delta t), E(t + \Delta t), I(t + \Delta t), T(t + \Delta t)) \\
 &= (s + k, e + l, i + m, t + n) \mid (S(t), E(t), I(t), T(t)) = (s, e, i, t)]
 \end{aligned} \tag{2}$$

dengan  $\Delta t$  merupakan satu kali periode terinfeksi dan diasumsikan memiliki nilai cukup kecil, sehingga hanya terdapat satu individu yang berpindah dari state  $(s, e, i, t)$  ke  $(s + k, e + l, i + m, t + n)$ .

Ketika terjadi perpindahan individu dari kelompok *susceptible* ke *exposed* maka terjadi transisi dari state  $(s, e, i, t)$  ke  $(s - 1, e + 1, i, t)$  yang terjadi karena adanya penularan penyakit dari individu terinfeksi ke individu yang rentan, sehingga individu tersebut terkena penyakit namun terlebih dahulu mengalami masa inkubasi. Jika terdapat  $i$  individu yang terinfeksi pada populasi  $N$ , maka peluang individu terinfeksi melakukan kontak dengan individu yang rentan adalah  $\frac{i}{N}$ . Dengan laju kontak  $\beta$  maka peluang terjadinya peralihan dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke  $(s - 1, e + 1, i, t)$  adalah seperti pada persamaan (3).

$$P_{(s-1,e+1,i,t),(s,e,i,t)}(\Delta t) = \beta \frac{i}{N} s \Delta t \tag{3}$$

Apabila terjadi perubahan individu dari kelompok *exposed* ke kelompok *infected*, berarti terjadi transisi dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke  $(s, e - 1, i + 1, t)$ . Perubahan individu dari kelompok *exposed* ke kelompok *infected* terjadi karena individu tersebut telah melewati masa inkubasi sehingga memungkinkannya untuk menularkan penyakit kepada individu pada kelompok *susceptible*. Jika laju infeksi adalah  $\alpha$ , maka peluang terjadinya transisi dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke  $(s, e - 1, i + 1, t)$  didefinisikan dalam persamaan (4).

$$P_{(s,e-1,i+1,t),(s,e,i,t)}(\Delta t) = \alpha e \Delta t \tag{4}$$

Individu yang terinfeksi memerlukan pengobatan untuk pulih, maka terjadi perpindahan dari kelompok *infected* ke kelompok *treatment*. Jika besarnya laju pengobatan adalah  $\theta$ , maka peluang peralihan dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke  $(s, e, i - 1, t + 1)$  dinyatakan oleh persamaan (5).

$$P_{(s,e,i-1,t+1),(s,e,i,t)}(\Delta t) = \theta i \Delta t \tag{5}$$

Setelah individu terinfeksi menerima perawatan maka akan pulih dan terjadi transisi dari kelompok *treatment* ke kelompok *recovered*. Besar laju kesembuhan didefinisikan sebagai  $\gamma$  dan probabilitas transisi dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke  $(s, e, i, t - 1)$  dapat dilihat dalam persamaan (6).

$$P_{(s,e,i,t-1),(s,e,i,t)}(\Delta t) = \gamma t \Delta t \tag{6}$$

Jika tidak ada peningkatan atau penurunan jumlah individu dalam setiap kelompok pada rentang waktu  $\Delta t$ , artinya tidak ada perubahan dalam *state*. Oleh karena itu, probabilitas transisi dari keadaan  $(s, e, i, t)$  ke keadaan  $(s, e, i, t)$  dinyatakan oleh persamaan (7).

$$P_{(s,e,i,t),(s,e,i,t)}(\Delta t) = 1 - \left[ \beta \frac{i}{N} s + \alpha e + \theta i + \gamma t \right] \Delta t \tag{7}$$

Berdasarkan persamaan (1) sampai dengan persamaan (7) didapatkan probabilitas transisi model DTMC SEIR dengan pengobatan yang dinyatakan oleh persamaan (8).

$$P_{(s+k,e+l,i+m,t+n),(s,e,i,t)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t, & (k, l, m, n) = (-1, 1, 0, 0) \\ \alpha e \Delta t, & (k, l, m, n) = (0, -1, 1, 0) \\ \theta i \Delta t, & (k, l, m, n) = (0, 0, -1, 1) \\ \gamma t \Delta t, & (k, l, m, n) = (0, 0, 0, -1) \\ 1 - \left[ \beta \frac{i}{N} s + \alpha e + \theta i + \gamma t \right] \Delta t, & (k, l, m, n) = (0, 0, 0, 0) \\ 0, & \text{yang lain} \end{cases} \tag{8}$$

dengan  $S(0) > 0, E(0) > 0, I(0) > 0, T(0) > 0, R(0) \geq 0$ , serta  $\beta, \alpha, \theta$ , dan  $\gamma$  bernilai positif.

Penentuan estimasi parameter untuk simulasi model DTMC SEIR dengan pengobatan pada pola penyebaran penyakit malaria adalah dengan menggunakan data tahunan penyakit malaria tahun 2015 sampai dengan tahun 2022 untuk menghitung laju kontak  $\beta$  dan laju kesembuhan  $\delta$  pada model DTMC SEIR tanpa pengobatan. Kemudian laju pengobatan  $\theta$  dan laju kesembuhan  $\gamma$  untuk model DTMC SEIR dengan pengobatan dihitung menggunakan data tahunan penyakit malaria tahun 2022 yang diperoleh dari Kementerian Kesehatan Republik Indonesia (2022), sedangkan estimasi parameter laju infeksi  $\alpha$  akan mengacu pada penelitian Ihsan dkk. (2021). Selanjutnya, simulasi model DTMC SEIR dengan pengobatan ini menggunakan populasi yang konstan. Estimasi parameter yang akan digunakan untuk simulasi model disajikan pada Tabel 1.

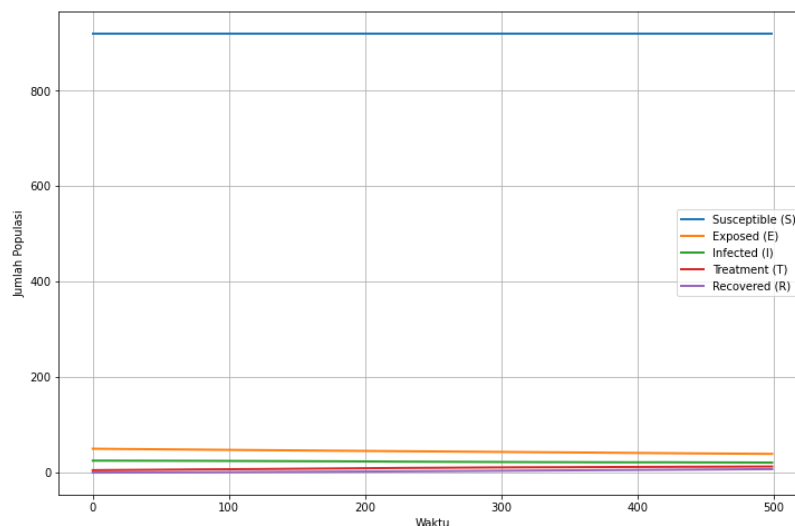
**Tabel 1.** Estimasi Parameter Awal Simulasi

Estimasi Parameter	Keterangan	Nilai	Satuan
$\hat{\beta}$	Laju kontak	$2,788 \times 10^{-6}$	Individu/hari
$\hat{\alpha}$	Laju infeksi	$9,8214 \times 10^{-4}$	Individu/hari
$\hat{\theta}$	Laju pengobatan	$2,5498 \times 10^{-3}$	Individu/hari
$\hat{\gamma}$	Laju kesembuhan untuk Model DTMC SEIR dengan Pengobatan	$2,9433 \times 10^{-3}$	Individu/hari
$\hat{\delta}$	Laju Kesembuhan untuk Model DTMC SEIR Tanpa Pengobatan	$2,7388 \times 10^{-3}$	Individu/hari
$N$	Total populasi	1.000	Individu
$S(0)$	Jumlah awal individu <i>susceptible</i>	920	Individu
$E(0)$	Jumlah awal individu <i>exposed</i>	50	Individu
$I(0)$	Jumlah awal individu <i>infected</i>	25	Individu

$T(0)$	Jumlah awal individu <i>treatment</i>	5	Individu
$R(0)$	Jumlah awal individu <i>recovered</i>	0	Individu
$t$	Waktu	500	Hari

Nilai laju kontak per-hari yang sebesar  $2,788 \times 10^{-6}$  dapat diartikan bahwa terdapat rata-rata 2.788 individu terpapar dari 1.000.000.000 individu rentan pada setiap harinya. Begitu pula dengan laju infeksi, artinya terdapat 982.140 individu terinfeksi dari 1.000.000.000 individu terpapar, dan seterusnya.

Hasil penerapan model epidemi DTMC SEIR dengan pengobatan (persamaan (8)) pada pola penyebaran penyakit malaria dengan estimasi parameter pada Tabel 1 ditunjukkan oleh Gambar 3.

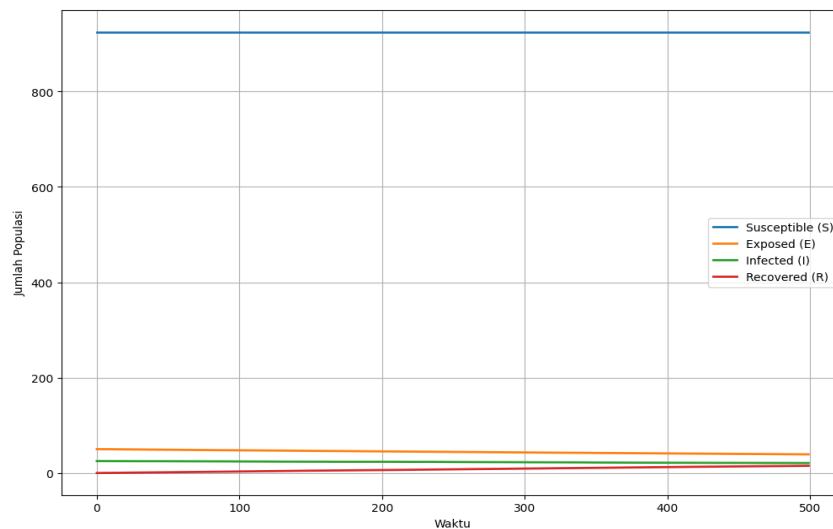


**Gambar 3.** Hasil Simulasi Model Epidemi DTMC SEIR yang memperhatikan pengobatan dengan  $\hat{\beta} = 2,788 \times 10^{-6}$ ,  $\hat{\alpha} = 9,8214 \times 10^{-4}$ ,  $\hat{\theta} = 2,5498 \times 10^{-3}$ , dan  $\hat{\gamma} = 2,9433 \times 10^{-3}$

Gambar 3 menunjukkan bahwa pola penularan malaria mengalami perubahan, namun tidak signifikan. Puncak wabah terjadi pada hari ke-4 dengan jumlah orang terinfeksi sebanyak 25 orang dan terendah pada hari ke-499 dengan jumlah orang terinfeksi sebanyak 21 orang. Pada pola sebaran ini, epidemi belum berakhir pada rentang waktu pengamatan karena jumlah individu yang terinfeksi menurun dengan sangat lambat dan belum mencapai angka nol, sehingga penyakit malaria tetap ada dalam populasi dalam jangka waktu yang lama.

Penelitian ini kemudian membandingkan model DTMC SEIR dengan pengobatan dengan model DTMC SEIR tanpa pengobatan. Pemodelan matematika SEIR untuk malaria telah dikaji sebelumnya oleh Ihsan dkk. (2021) dan Sulistioningias & Lestari (2018).

Simulasi model DTMC SEIR tanpa pengobatan dilakukan menggunakan estimasi parameter dan inisiasi populasi awal pada Tabel 1 dan diperoleh hasil simulasi seperti pada Gambar 4.

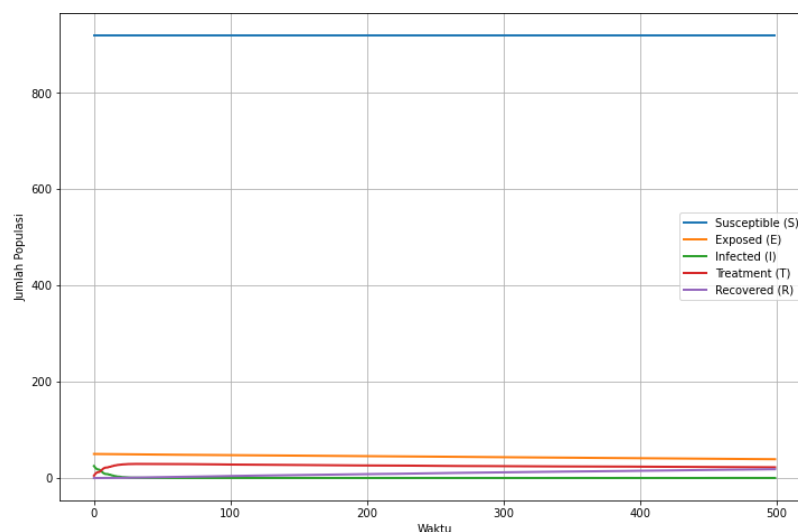


**Gambar 4.** Hasil Simulasi Model DTMC SEIR dengan  $\hat{\beta} = 2,788 \times 10^{-6}$ ,  $\hat{\alpha} = 9,8214 \times 10^{-4}$ , dan  $\hat{\delta} = 2,7388 \times 10^{-3}$

Hasil simulasi model DTMC SEIR pada Gambar 4 menunjukkan bahwa epidemi belum berakhir pada periode pengamatan. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-8 dengan jumlah individu terinfeksi 25 individu. Jumlah individu terinfeksi tersebut menurun seiring waktu, namun sangat perlahan sehingga memerlukan waktu yang sangat lama untuk mencapai akhir epidemi.

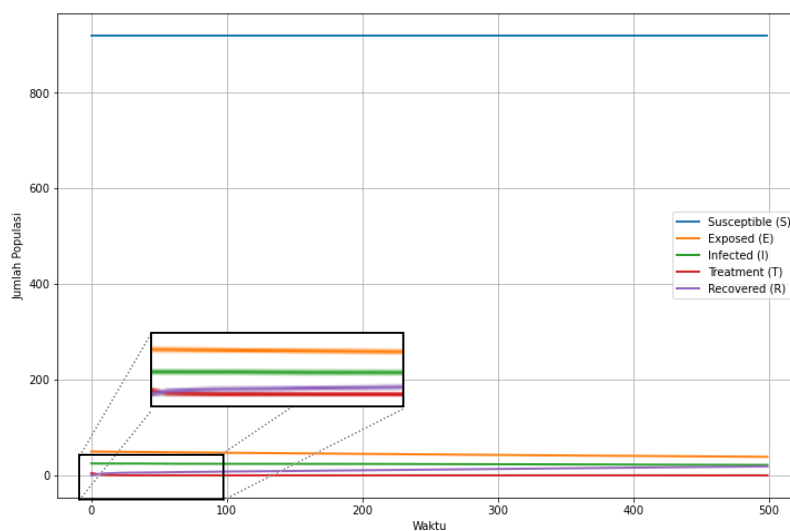
Berdasarkan hasil simulasi model DTMC SEIR dengan pengobatan dan tanpa pengobatan dapat disimpulkan bahwa epidemi belum bisa berakhir dalam rentang waktu pengamatan. Namun, simulasi dengan model DTMC SEIR tanpa pengobatan puncak epidemi terjadi 4 hari lebih lama dibandingkan simulasi dengan model DTMC SEIR yang memperhatikan pengobatan.

Penelitian ini selanjutnya melakukan simulasi menggunakan model DTMC SEIR dengan pengobatan yang memperbesar laju pengobatan  $\theta$  dan laju kesembuhan  $\gamma$ .



**Gambar 5.** Hasil Simulasi Model Epidemi DTMC SEIR yang memperhatikan pengobatan dengan  $\hat{\beta} = 2,788 \times 10^{-6}$ ,  $\hat{\alpha} = 9,8214 \times 10^{-4}$ ,  $\hat{\theta} = 0,25498$ , dan  $\hat{\gamma} = 2,9433 \times 10^{-3}$

Gambar 5 menunjukkan hasil simulasi ketika laju pengobatan  $\theta$  diperbesar. Jumlah individu terinfeksi dalam simulasi ini menurun tajam pada awal waktu dan kemudian berubah dengan stabil. Kemudian, individu dalam kelompok *treatment* (T) mengalami peningkatan di awal dan menurun secara perlahan setelah mencapai puncak. Sedangkan, individu yang sembuh mengalami peningkatan dari waktu ke waktu. Pada simulasi ini, karena tingkat pengobatan yang tinggi, individu yang terinfeksi menurun hingga mencapai nol pada hari ke-34. Individu yang terinfeksi penyakit tersebut berpindah ke dalam kelompok pengobatan sehingga jumlah individu terinfeksi mengalami penurunan dan jumlah individu dalam masa pengobatan mengalami kenaikan. Namun, epidemi penyakit belum dapat dinyatakan berakhir karena beberapa individu terinfeksi masih dalam masa pengobatan.



**Gambar 6.** Hasil Simulasi Model Epidemi DTMC SEIR yang memperhatikan pengobatan dengan  $\beta = 2,788 \times 10^{-6}$ ,  $\hat{\alpha} = 9,8214 \times 10^{-4}$ ,  $\hat{\theta} = 2,5498 \times 10^{-3}$ , dan  $\hat{\gamma} = 0,29433$

Gambar 6 menunjukkan hasil simulasi ketika laju kesembuhan  $\gamma$  diperbesar. Pada simulasi tersebut jumlah individu sembuh terus mengalami peningkatan sampai dengan 19 individu sembuh pada hari ke-500. Namun meskipun laju kesembuhan  $\gamma$  diperbesar, epidemi masih berlangsung selama rentang waktu pengamatan. Epidemi puncak pada simulasi tersebut terjadi pada hari ke-7 dengan 25 individu terinfeksi.

Berdasarkan simulasi yang telah dilakukan pada pola penyebaran penyakit malaria dengan membandingkan model DTMC SEIR dengan pengobatan dan tanpa pengobatan dapat disimpulkan bahwa waktu yang dibutuhkan untuk mencapai puncak epidemi pada simulasi dengan model DTMC SEIR tanpa pengobatan lebih lambat dibandingkan model DTMC SEIR dengan pengobatan. Pada model DTMC SEIR dengan pengobatan ketika laju pengobatan  $\theta$  diperbesar, maka jumlah individu terinfeksi dapat mencapai nol dan segera berpindah ke kelompok *treatment* (T). Sedangkan ketika laju kesembuhan  $\gamma$  yang diperbesar, epidemi belum bisa berakhir selama rentang waktu pengamatan.

## SIMPULAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan dari penelitian ini, dapat ditarik beberapa kesimpulan sebagai berikut:

1. Model DTMC SEIR dengan pengobatan berupa probabilitas transisi seperti pada persamaan (8).

2. Berdasarkan simulasi yang membandingkan model DTMC SEIR dengan pengobatan dan tanpa pengobatan dapat disimpulkan bahwa waktu yang diperlukan untuk mencapai puncak epidemi pada simulasi menggunakan model DTMC SEIR tanpa pengobatan lebih lambat dibanding menggunakan model DTMC SEIR dengan pengobatan. Pada simulasi menggunakan model DTMC SEIR dengan pengobatan, ketika laju pengobatan  $\theta$  diperbesar maka jumlah individu terinfeksi dapat mencapai nol, sedangkan ketika laju kesembuhan  $\gamma$  yang diperbesar, epidemi belum bisa berakhir selama rentang waktu pengamatan.

## UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Program Studi Statistika Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sebelas Maret atas dukungan dan fasilitas yang diberikan selama proses penyusunan artikel ini. Semoga hasil dari penelitian ini dapat bermanfaat bagi semua pihak.

## REFERENSI

- Allen, L. J. S. (2008). An Introduction to Stochastic Epidemic Models. In *Mathematical Epidemiology*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-540-78911-6>
- Dewi, G. A. N. Y. S., Gustawan, I. W., Utama, M. G. D. L., & Arhana, B. N. P. (2019). Karakteristik infeksi malaria pada anak di RSUD Dekai Papua April-Juni 2018. *Medicina*, 50(3), 488–492. <https://doi.org/10.15562/medicina.v50i3.711>
- Hamidah, N., Fatmawati, & Purwati, U. D. (2017). Analisis Model Matematika Penyebaran Koinfeksi Malaria-Tifus. (Eds.) *Peranan Matematika dan Sistem Informasi di Era Big Data untuk Menunjang Perkembangan Iptek di Indonesia: Seminar Nasional Matematika Dan Aplikasinya*, Diselenggarakan oleh Departemen Matematika Universitas Airlangga, 21 Oktober 2017 (hal. 87–96). Diakses dari <https://repository.unair.ac.id/114299/1/C33>
- Ihsan, H., Side, S., & Pagga, M. (2021). Pemodelan Matematika SEIRS Pada Penyebaran Penyakit Malaria di Kabupaten Mimika. *Journal of Mathematics, Computations, and Statistics*, 4(1), 21–29. <https://doi.org/10.35580/jmathcos.v4i1.20446>
- Kemendes. (2019). *Pedoman Nasional Pelayanan Kedokteran Tata Laksana Malaria*. Diakses dari [https://yankes.kemkes.go.id/unduhuan/fileunduhuan\\_1610416186\\_13796.pdf](https://yankes.kemkes.go.id/unduhuan/fileunduhuan_1610416186_13796.pdf)
- Kemendes. (2024). *Kemendes Luncurkan Peta Jalan Eliminasi Malaria dan Pencegahan Penularan Kembali di Indonesia*. Diakses dari <https://www.kemkes.go.id/id/rilis-kesehatan/kemendes-luncurkan-peta-jalan-eliminasi-malaria-dan-pencegahan-penularan-kembali-di-indonesia>
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. (2022). Laporan Tahunan 2022 Malaria. Diakses dari <https://www.bca.co.id/-/media/Feature/Report/File/S8/Laporan-Tahunan/20230216-bca-ar-2022-indonesia.pdf>
- Sihotang, W. D., Simbolon, C. C., Hartiny, J., Tindaon, D., & Sinaga, L. P. (2019). Analisis Kestabilan Model SEIR Penyebaran Penyakit Campak dengan Pengaruh Imunisasi dan Vaksin MR. *Jurnal Matematika, Statistika, Dan Komputasi*, 16(1), 107–113. <https://doi.org/10.20956/jmsk.v%vi%i.6594>
- Sulistingtias, E. S., & Lestari, D. (2018). Pemodelan Matematika Penyebaran Penyakit Malaria dengan Model SEIR. *Jurnal Kajian Dan Terapan Matematika*, 7(5), 1–11.

<http://journal.student.uny.ac.id/ojs/index.php/math/article/view/12444>

Wedajo, A. G., Koya, P. R., & Abaire, D. L. (2020). SEIRS Mathematical Model for Malaria with Treatment. *Mathematical Modelling and Applications*, 5(2), 105–117. <https://doi.org/10.11648/j.mma.20200502.16>

Yusnita, E., & Siregar, M. A. P. (2023). Analisis Dan Simulasi Model Susceptible Infective Treatment Recovery Pada Penyebaran Penyakit Malaria Di Kota Medan. *Lebesgue: Jurnal Ilmiah Pendidikan Matematika, Matematika Dan Statistika*, 4(2), 1358–1369. <https://doi.org/10.46306/lb.v4i2.407>

