

Analisis Model Stokastik Penularan Virus Hepatitis B

Arina Nur Laila*, Usman Pagalay, Heni Widayani

Program Studi Matematika, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim
Malang, Indonesia

arinanur215@gmail.com*, usmanpagalay@yahoo.co.id, heniwidayani@mat.uin-malang.ac.id

Abstrak

Penyebaran infeksi Virus Hepatitis B (VHB) banyak dikaji menggunakan model deterministik SIR, di mana individu yang sembuh dari infeksi akut memiliki kekebalan sementara terhadap virus. Namun, model deterministik ini menggunakan laju infeksi virus yang konstan di sepanjang waktu. Hal tersebut tidak sesuai dengan kenyataan di mana laju infeksi merupakan parameter acak yang bergantung waktu. Dalam penelitian ini dibahas mengenai analisis model stokastik penularan virus hepatitis B. Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengonstruksi model stokastik SIR dengan membagi laju infeksi menjadi dua yaitu laju infeksi akut dan kronis mengikuti proses Wiener. Model tersebut kemudian dicari solusi analitiknya mengacu pada formula Ito. Solusi analitik dan proses Wiener tersebut digambarkan dengan menyubstitusikan nilai parameter berupa laju infeksi akut dan kronis ($\beta + \alpha$), laju kesembuhan (γ), dan nilai awal ($S(0)$ dan $I(0)$) untuk memperoleh nilai *mean* (μ) dan standar deviasi (σ) dari $dS(t)$ dan $dI(t)$. Hasil dari simulasi menunjukkan bahwa banyaknya individu terinfeksi ($I(t)$) akan cepat berkurang apabila (γ) semakin besar namun akan cepat bertambah apabila ($\beta + \alpha$) dan ($I(0)$) semakin besar

Kata kunci: Model Stokastik SIR; Formula Ito; Virus Hepatitis B

Abstract

The spread of hepatitis B virus (HBV) infection has been widely studied using the deterministic SIR model, in which individuals who recover from acute infection have temporary immunity to the virus. However, this deterministic model uses a constant rate of viral infection over time. This is not in accordance with the fact that the infection rate is a random parameter that depends on time. This study discusses the analysis of the stochastic model of hepatitis B virus transmission. The purpose of this study is to construct the SIR stochastic model by dividing the infection rate into two, namely the rate of acute and chronic infection following the Wiener process. The model is then searched for an analytical solution referring to the Ito formula. The analytical solution and the Wiener process are described by substituting parameter values in the form of acute and chronic infection rates ($\beta + \alpha$), cure rate (γ), and initial values ($S(0)$ and $I(0)$) to obtain the *mean* value (μ), and the standard deviation (σ) of $dS(t)$ and $dI(t)$. The results of the simulation show that the number of infected individuals ($I(t)$) will decrease rapidly if (γ) is greater but will increase rapidly if ($\beta + \alpha$) and ($I(0)$) are greater.

Keywords: SIR Stochastic Model; Ito Formula; Hepatitis B Virus

PENDAHULUAN

Berbagai penelitian terkait penyakit menular terus dilakukan oleh berbagai pihak mulai dari peneliti dibidang kesehatan hingga peneliti dibidang matematika [1]. Model matematika merupakan model yang digunakan untuk mengetahui dinamika penularan suatu penyakit yang menular [2]. Berdasarkan derajat kepastiannya, kategori pemodelan matematika pada epidemi dibagi menjadi dua yaitu deterministik dan stokastik [3]. Suatu model apabila nilai dari variabelnya diketahui dengan pasti, maka disebut sebagai model deterministik. Sedangkan, apabila nilai variabel dari model tersebut tidak diketahui dengan pasti karena berupa variabel

acak maka disebut sebagai model stokastik. kedua model tersebut memiliki kekurangan dan kelebihan masing-masing, tetapi keduanya sama-sama dibutuhkan[4].

Hepatitis B merupakan suatu penyakit menular yang disebabkan oleh Virus Hepatitis B (VHB) yang menginfeksi hati yang menyerang semua kalangan di seluruh dunia [5]. Infeksi virus hepatitis B dapat menyebabkan peradangan hati akut atau kronis yang dapat berlanjut menjadi kanker hati [6]. Penelitian dari berbagai daerah di Indonesia menunjukkan angka yang sangat bervariasi bergantung pada tingkat endemisitas hepatitis B di tiap-tiap daerah [7]. Dalam beberapa literatur mengatakan bahwa individu yang sembuh dari infeksi hepatitis B akan memiliki kekebalan dan tidak dapat terinfeksi kembali. Dengan demikian, penularan VHB dapat dimodelkan dengan model epidemik SIR [8]. Model SIR membagi populasi manusia menjadi tiga yaitu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* [9].

Perubahan dari banyaknya individu rentan (*susceptible*), terinfeksi (*infected*) dan sembuh (*recovered*) itu tidak bisa diprediksi dengan pasti [10]. Hal tersebut menunjukkan bahwa Penyebaran virus hepatitis B dan penyakit menular lainnya merupakan suatu kejadian acak yang bergantung pada waktu. Dengan demikian, penyebaran penyakit ini termasuk pada proses stokastik di mana dalam model stokastik terdapat efek acak yang merupakan bagian dari model[11]. Proses stokastik merupakan suatu kejadian acak berdasarkan waktu yang secara kontinu terhadap perilaku yang berkaitan dengan peluang probabilitas [12]. Model stokastik berbentuk sistem Persamaan Diferensial Stokastik (PDS) yang dapat diperoleh dengan menambah sebuah suku gangguan yang bersifat acak pada sebuah persamaan diferensial deterministik [12]. PDS memuat fungsi deterministik berupa koefisien drift $\mu(X(t), t) dt$ (*mean*) dan fungsi stokastik berupa koefisien difusi $\sigma(X(t), t) dW(t)$ (standar deviasi) [12]. Penelitian sebelumnya dilakukan oleh [13] mengenai model stokastik dinamika penularan virus hepatitis B dengan model epidemi SIR menggunakan dua kelas populasi terinfeksi yakni terinfeksi akut dan kronis dan penelitian [14] membahas model stokastik SIR yang diterapkan pada penyebaran penyakit cacar air dengan menggunakan satu parameter untuk laju infeksi kelas rentan ke terinfeksi.

Berdasarkan penelitian sebelumnya, maka penelitian ini akan mengkaji tentang model stokastik penularan virus hepatitis B dengan membagi laju infeksi menjadi dua yaitu laju infeksi akut dan kronis, mencari solusi analitik dari model, serta membuat simulasi analitiknya

METODE

Metode yang penulis gunakan dalam penelitian ini yaitu studi literatur. Adapun langkah-langkah dalam penelitian ini sebagai berikut:

1. Konstruksi model stokastik penularan virus hepatitis B dengan langkah-langkah sebagai berikut:
 - a. Mencari probabilitas transisi dari $S(t)$ ke $I(t)$ dan $I(t)$ ke $R(t)$
 - b. Mencari *mean* (μ) dan standar deviasi (σ) dari $dS(t)$ dan $dI(t)$
 - c. Membentuk model stokastik penularan virus hepatitis B mengikuti proses Wiener
2. Mencari solusi analitik model stokastik penularan virus hepatitis B dengan mengacu pada formula Ito
3. Membuat simulasi analitik model stokastik penularan virus hepatitis B dengan langkah-langkah sebagai berikut:
 - a. Menyubstitusikan nilai parameter [13] pada solusi analitik dari model untuk mendapatkan nilai *mean* dan standar deviasi
 - b. *Plotting* solusi dan proses Wiener berdasarkan nilai *mean* dan standar deviasi yang diperoleh
 - c. Mencari parameter yang berpengaruh terhadap tinggi rendahnya tingkat penularan virus hepatitis B dengan nilai parameter yang divariasikan
 - d. Interpretasi hasil simulasi

HASIL DAN PEMBAHASAN

Konstruksi Model Stokastik Penularan Virus Hepatitis B dengan Laju Infeksi Akut dan Laju Infeksi Kronis

Model stokastik penularan VHB pada penelitian ini menggunakan model epidemik SIR dengan membagi laju infeksi menjadi dua yaitu laju infeksi akut (α) dan laju infeksi kronis (β) dengan laju kesembuhan (γ). Banyaknya individu yang rentan dan individu yang terinfeksi hepatitis B pada waktu yang akan datang hanya dipengaruhi oleh banyaknya individu yang rentan dan terinfeksi pada waktu saat ini. Hal ini menunjukkan bahwa penularan penyakit hepatitis B merupakan suatu proses Markov pada waktu yang kontinu di mana proses Markov waktu kontinu merupakan salah satu proses stokastik. Di mana banyaknya individu yang rentan terinfeksi penyakit pada waktu t ($S(t)$) dan individu yang terinfeksi pada waktu t ($I(t)$) mengikuti proses Wiener ($W(t)$). karena merupakan proses Markov maka langkah pertama yaitu mencari probabilitas perubahan keadaan (*state*) dari individu yang rentan ke individu yang terinfeksi.

Misalkan *state* dari banyaknya individu yang rentan pada waktu t , $S(t)$, adalah m , *state* dari banyaknya individu yang terinfeksi pada waktu t , $I(t)$, adalah n . Banyaknya perubahan ini terjadi setiap waktu pada individu rentan terinfeksi penyakit dan individu terinfeksi yang berada dalam interval waktu $t = [0, \infty)$. Jika besarnya perubahan yang terjadi pada individu yang rentan pada interval waktu Δt adalah g dan besarnya perubahan yang terjadi pada individu yang terinfeksi pada interval waktu Δt adalah h , maka perpindahan keadaan (*state*) m ke $m + g$ dan n ke $n + h$ disebut dengan transisi (peralihan). Dengan demikian probabilitas perubahan dari banyaknya individu pada transisi tersebut disebut dengan probabilitas transisi yang dapat dituliskan sebagai berikut:

$$p_{(m,n),(m+g,n+h)}(\Delta t) = p[(S(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (m + g, n + h) | (S(t), I(t)) = (m, n)]. \quad (1)$$

Terdapat tiga kemungkinan transisi yang terjadi pada $I(t)$ selama Δt yaitu transisi $I(t)$ dari $S(t)$, $I(t)$ sembuh menjadi $R(t)$, $I(t)$ tetap pada kondisi $I(t)$ dengan asumsi individu yang bertransisi hanya satu. Kemungkinan yang pertama yaitu Ketika individu tersebut melakukan transisi (m, n) ke $(m - 1, n + 1)$, maka terjadi perpindahan dari individu yang rentan (S) ke individu yang terinfeksi (I) sebanyak satu karena adanya infeksi. Jika laju infeksi hepatitis B akut (β), laju infeksi hepatitis B kronis (α), maka probabilitas transisi dari (m, n) ke $(m - 1, n + 1)$ adalah:

$$p_{(m,n),(m-1,n+1)} = \frac{(\beta + \alpha)mn}{N} \Delta t + o(\Delta t) \quad (2)$$

Diasumsikan bahwa $o(\Delta t) \rightarrow 0$, dengan $o(\Delta t)$ adalah kemungkinan individu yang bertransisi pada interval waktu (Δt) lebih dari satu individu.

Kemungkinan yang kedua yaitu ketika terjadi transisi (m, n) ke $(m, n - 1)$ maka menunjukkan bahwa banyaknya individu yang terinfeksi berkurang sebanyak satu karena adanya kesembuhan dari individu yang terinfeksi dengan laju kesembuhan sebesar γ , maka probabilitas transisi (m, n) ke $(m, n - 1)$ adalah:

$$p_{(m,n),(m,n-1)} = \gamma n \Delta t + o(\Delta t). \quad (3)$$

Kemungkinan yang ketiga yaitu ketika transisi (m, n) ke (m, n) maka menunjukkan bahwa individu yang terinfeksi tetap berada dalam keadaan (*state*) (m, n) karenanya tidak terjadi penambahan dari individu rentan yang terinfeksi maupun pengurangan karena adanya kesembuhan dari individu yang terinfeksi, sehingga besarnya probabilitas transisi dari (m, n) ke (m, n) adalah:

$$p_{(m,n),(m,n)} = 1 - \left(\frac{(\beta + \alpha) mn}{N} + \gamma n \right) \Delta t + o(\Delta t) \quad (4)$$

Probabilitas transisi yang digunakan untuk membuat model stokastik penularan virus hepatitis B adalah probabilitas transisi (2) dan probabilitas transisi (3) seperti pada persamaan berikut:

$$p_{(m,n),(m+g,n+h)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{(\beta + \alpha) mn}{N} \Delta t + o(\Delta t), & (g, h) = (-1, 1) \\ \gamma n \Delta t + o(\Delta t), & (g, h) = (0, -1) \end{cases} \quad (5)$$

Probabilitas transisi (4) tidak diperlukan dalam perhitungan nilai *mean* dan standar deviasi dari laju perubahan populasi *S* dan *I* tidak ada penambahan jumlah individu rentan maupun terinfeksi selama interval waktu Δt .

diasumsikan bahwa perubahan individu yang rentan pada waktu t ($\Delta S(t)$) dan perubahan individu yang terinfeksi pada waktu t ($\Delta I(t)$) berdistribusi normal atau disebut juga dengan distribusi gauss yang memiliki bentuk $\Delta X(t) \sim N(\mu(X)\Delta t, \sigma^2(X)\Delta t)$ sehingga

$$\begin{aligned} \Delta S(t) &\sim N(\mu(S)\Delta t, \sigma^2(S)\Delta t) \\ \Delta I(t) &\sim N(\mu(I)\Delta t, \sigma^2(I)\Delta t) \end{aligned} \tag{6}$$

Dengan perubahan dari banyaknya suatu individu mengikuti proses Wiener $W(t)$. Dengan demikian, bentuk dari model stokastik SIR yang mengikuti proses Wiener dapat dirumuskan dengan mengikuti persamaan $dX(t) = \mu(X(t), t) dt + \sigma(X(t), t) dW(t)$ [15] berikut:

$$\begin{aligned} dS(t) &= \mu(S(t), t)dt + \sigma(S(t), t)dW(t) \\ dI(t) &= \mu(I(t), t)dt + \sigma(I(t), t)dW(t) \end{aligned} \tag{7}$$

Selanjutnya perhitungan *mean* dan standar deviasi sebagai suku gangguan yang bersifat acak. Perhitungan nilai *mean* secara umum diperoleh dengan menjumlahkan perkalian antara transisi dan probabilitas transisinya (5) sedangkan menghitung nilai standar deviasi yaitu dengan menghitung nilai variansi terlebih dahulu dengan mengalikan probabilitas transisi dan kuadrat dari transisinya (5) didapatkan nilai *mean* dan standar deviasi sebagai berikut:

$$E[\Delta X] = \begin{bmatrix} -\frac{(\beta + \alpha) mn}{N} \\ \frac{(\beta + \alpha) mn}{N} - \gamma n \end{bmatrix} \text{ dan } \sigma(\Delta X) = \begin{pmatrix} -\sqrt{\frac{(\beta + \alpha) mn}{N}} & 0 \\ \sqrt{\frac{(\beta + \alpha) mn}{N}} & -\sqrt{\gamma n} \end{pmatrix} \tag{8}$$

Sehingga diperoleh

$$\begin{pmatrix} \mu(S(t), t) \\ \mu(I(t), t) \end{pmatrix}_{2 \times 1} = \begin{pmatrix} -\frac{(\beta + \alpha) mn}{N} \\ \frac{(\beta + \alpha) mn}{N} - \gamma n \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma(S(t), t) \\ \sigma(I(t), t) \end{pmatrix}_{2 \times 2} = \begin{pmatrix} -\sqrt{\frac{(\beta + \alpha) mn}{N}} & 0 \\ \sqrt{\frac{(\beta + \alpha) mn}{N}} & -\sqrt{\gamma n} \end{pmatrix} \tag{9}$$

Substitusikan persamaan (9) ke persamaan (7). Dengan demikian, diperoleh bentuk dari model stokastik penularan virus hepatitis B adalah sebagai berikut :

$$\begin{aligned} dS(t) &= -\frac{(\beta + \alpha)S(t)I(t)}{N} dt - \sqrt{\frac{(\beta + \alpha)S(t)I(t)}{N}} dW(t) \\ dI(t) &= \left(\frac{(\beta + \alpha)S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t) \right) dt + \left(\sqrt{\frac{(\beta + \alpha)S(t)I(t)}{N}} - \sqrt{\gamma I(t)} \right) dW(t) \end{aligned} \tag{10}$$

Solusi Analitik Model Stokastik Penularan Virus Hepatitis B

Diketahui model stokastik penularan virus hepatitis B (10) mengikuti persamaan (7). Sedangkan proses Ito memiliki bentuk [16]

$$dX(t) = \mu(X, t) dt + \sigma(X, t) dW(t) \tag{11}$$

Dan solusi Ito memiliki bentuk [17] sebagai berikut:

$$X(t) = X_0 + \int_0^t \mu(X, t) dt + \int_0^t \sigma(X, t) dW(t), \quad t > 0 \tag{12}$$

Dengan demikian model stokastik penularan virus hepatitis B memenuhi Proses Ito. Berikut penyelesaiannya:

Misalkan $F = \ln x$, perubahan dari fungsi F oleh formula Ito yaitu memenuhi

$$dF = \frac{\partial F}{\partial t} dt + \frac{\partial F}{\partial x} dX(t) + \frac{1}{2} \sigma^2 \frac{\partial^2 F}{\partial x^2} dt. \quad (13)$$

Substitusikan persamaan (10) ke persamaan (13) diperoleh

$$dF = \left(\frac{\partial F}{\partial t} + \frac{\partial F}{\partial x} \mu + \frac{1}{2} \sigma^2 \frac{\partial^2 F}{\partial x^2} \right) (X(t), t) dt + \left(\sigma \frac{\partial F}{\partial x} \right) (X(t), t) dW(t) \quad (14)$$

Digunakan $F = \ln x$, agar didapatkan turunan-turunan dari fungsi F terhadap X dan t sebagai berikut:

$$\frac{\partial \ln x}{\partial x} = \frac{1}{x}, \quad \frac{\partial^2 \ln x}{\partial x^2} = -\frac{1}{x^2}, \quad \frac{\partial \ln x}{\partial t} = 0 \quad (15)$$

Substitusikan $F = \ln x$ ke persamaan (14) sehingga didapatkan

$$d \ln x = \left(\frac{\partial \ln x}{\partial t} + \mu \frac{\partial \ln x}{\partial x} + \frac{1}{2} \sigma^2 \frac{\partial^2 \ln x}{\partial x^2} \right) (X(t), t) dt + \sigma \frac{\partial \ln x}{\partial x} (X(t), t) dW(t) \quad (16)$$

Substitusikan persamaan pada (15) ke persamaan (16) menggunakan persamaan (14) didapatkan hasil berikut

$$d \ln x = \left(\mu - \frac{1}{2} \sigma^2 \right) (X(t), t) dt + \sigma (X(t), t) dW(t) \quad (17)$$

Mencari solusi analitik dari $x(t)$ dengan mengintegrasikan persamaan (17) didapatkan

$$\int_0^t d \ln x = \int_0^t \left(\mu - \frac{1}{2} \sigma^2 \right) dt + \int_0^t \sigma dWt$$

$$\ln x(t) - \ln x(0) = \left(\mu - \frac{1}{2} \sigma^2 \right) t + \sigma W(t) \quad (18)$$

Persamaan (18) dapat ditulis ulang dalam bentuk

$$x(t) = x(0) \exp \left[\left(\mu - \frac{1}{2} \sigma^2 \right) t + \sigma W(t) \right] \quad (19)$$

Persamaan (19) merupakan solusi umum dari model stokastik (10). Sehingga, untuk $x(t) = (S(t), I(t))$ dan $x(0) = (S(0), I(0))$ substitusikan μ dan σ yang sesuai pada persamaan (9) ke persamaan (19), sehingga didapatkan solusi dari $S(t)$ dan $I(t)$ adalah sebagai berikut

$$S(t) = S(0) \exp \left[\left(\frac{1}{2} \left(-\frac{(\beta + \alpha) S(t)I(t)}{N} \right) \right) t + \left(-\sqrt{\frac{(\beta + \alpha) S(t)I(t)}{N}} \right) W(t) \right]$$

$$I(t) = I(0) \exp \left[\left(\frac{1}{2} \left(\frac{(\beta + \alpha) S(t)I(t)}{N} - \gamma I(t) \right) \right) t + \left(-\sqrt{\frac{(\beta + \alpha) S(t)I(t)}{N}} - \sqrt{\gamma I(t)} \right) W(t) \right] \quad (20)$$

Simulasi Analitik Model Stokastik Penularan Virus Hepatitis B

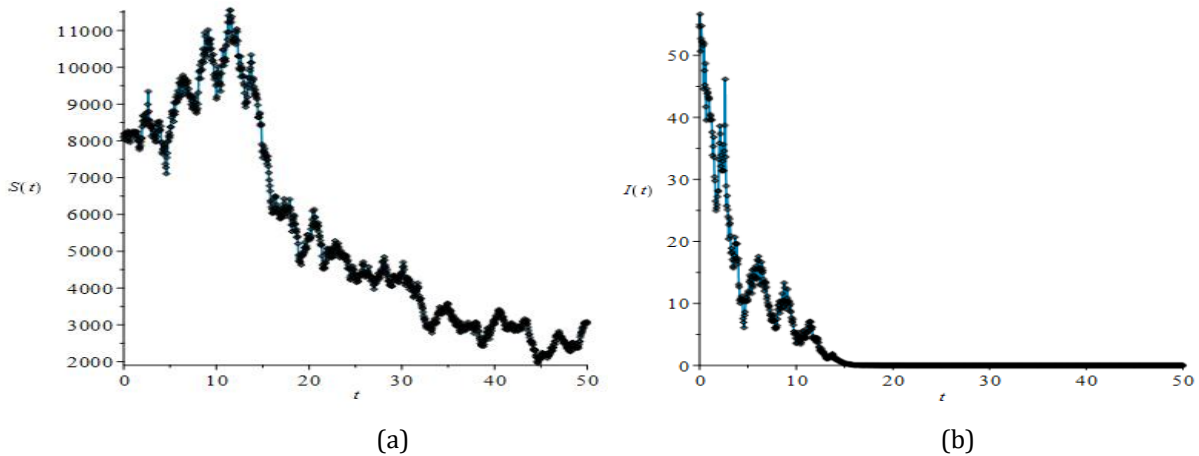
Simulasi analitik model stokastik penularan virus hepatitis B terdiri dari dua simulasi yakni simulasi solusi dan simulasi proses Wiener ($W(t)$). parameter yang digunakan yaitu laju infeksi akut $\beta = 0,6$, laju infeksi kronis $\alpha = 0,5$ dan laju kesembuhan penyakit $\gamma = 0,4$ untuk $N = 100$ dengan nilai awal $S(0) = 90$ dan $I(0) = 40$ [13]. Setelah mensubstitusikan nilai parameter ke dalam model (10) diperoleh:

$$dS(t) = -0.011 S(t)I(t)dt - \sqrt{0.011 S(t)I(t)} dW(t)$$

$$dI = 0.011 S(t)I(t) - 0.4 I(t)dt + \left(\sqrt{0.011 S(t)I(t)} - \sqrt{0.4 I(t)} \right) dW(t) \quad (21)$$

Nilai *mean* (μ) dan standar deviasi (σ) inilah yang akan digunakan untuk menggambarkan simulasi solusi dan proses Wiener.

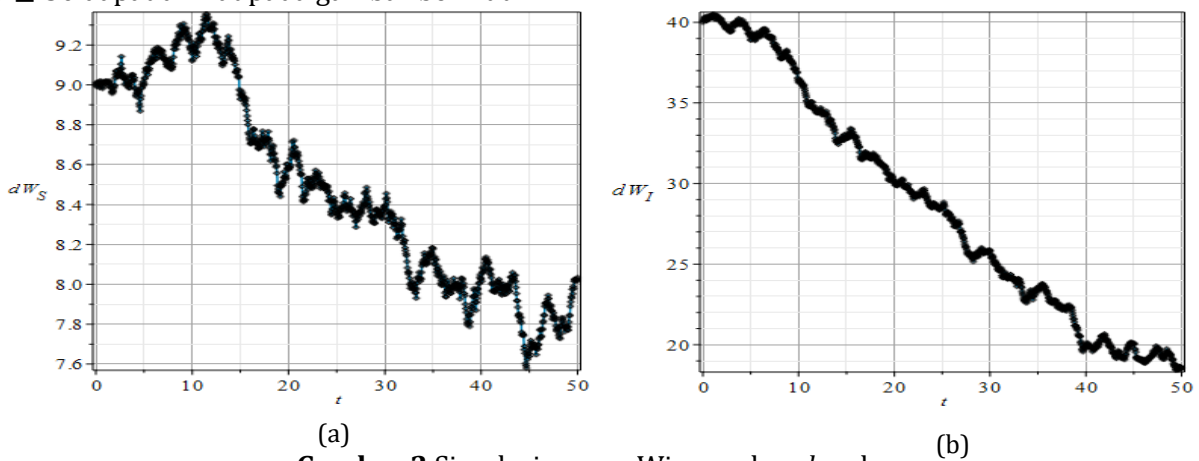
Dengan demikian didapatkan hasil simulasi solusi (20) berdasarkan (21) dalam interval waktu $0 \leq t \leq 50$ adalah sebagai berikut:



Gambar 1 Simulasi solusi model stokastik penularan VHB

Gambar 1 (a) menunjukkan bahwa banyaknya individu yang rentan pada waktu t dengan mengikuti proses Wiener akan berfluktuasi naik turun karena adanya pengaruh acak dan kemungkinan individu yang rentan akan terinfeksi virus hepatitis B masih tetap terus terjadi karena dipengaruhi faktor-faktor tertentu selama epidemi tersebut masih ada. Sedangkan, gambar 1 (b) menunjukkan bahwa banyaknya individu yang terinfeksi dengan seiring bertambahnya waktu akan semakin berkurang karena adanya kesembuhan dari individu yang terinfeksi dan akan terus menurun sampai pada nilai 0 yang menunjukkan penyakit hepatitis B tersebut sudah tidak menyebar dan selanjutnya pada waktu seterusnya akan stabil tidak mengalami perubahan. Dengan demikian dapat disimpulkan bahwa terjadinya infeksi virus hepatitis B dapat dihentikan oleh faktor dan cara – cara tertentu sehingga epidemi tersebut dapat punah dan tidak menyebar kembali.

Hasil simulasi proses Wiener dari banyaknya individu yang rentan terhadap virus hepatitis B dan banyaknya individu yang terinfeksi berdasarkan (21) dalam interval waktu $0 \leq t \leq 50$ dapat dilihat pada gambar berikut



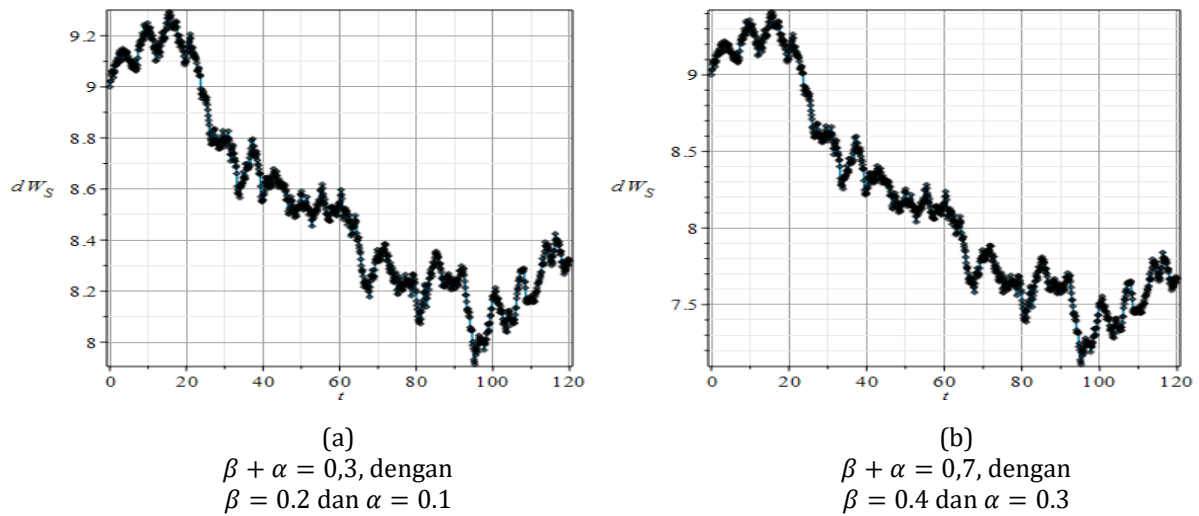
Gambar 2 Simulasi proses Wiener dW_S dan dW_I

Gambar 2 (a) menunjukkan pergerakan acak dari banyaknya individu yang rentan pada waktu t . Pada gambar tersebut terlihat bahwa banyaknya individu yang rentan akan menurun seiring berjalannya waktu karena adanya infeksi virus yang menyebabkan individu rentan menjadi individu terinfeksi. Sedangkan, gambar 2 (b) menunjukkan pergerakan acak dari banyaknya individu yang terinfeksi pada waktu t . Dari gambar tersebut terlihat bahwa banyaknya individu yang terinfeksi dengan seiring bertambahnya waktu akan semakin berkurang karena adanya kesembuhan.

Besar kecilnya laju infeksi akut (β), laju infeksi kronis (α), laju kesembuhan (γ), dan nilai awal ($I(0)$) serta waktu (t) akan memiliki pengaruh terhadap besar kecilnya penularan virus hepatitis B. Untuk melihat pengaruh tersebut, model (3.14) akan disimulasikan sebagai berikut:

1. Apabila laju infeksi akut (β) dan laju infeksi kronis (α) dibuat variasi nilai berupa

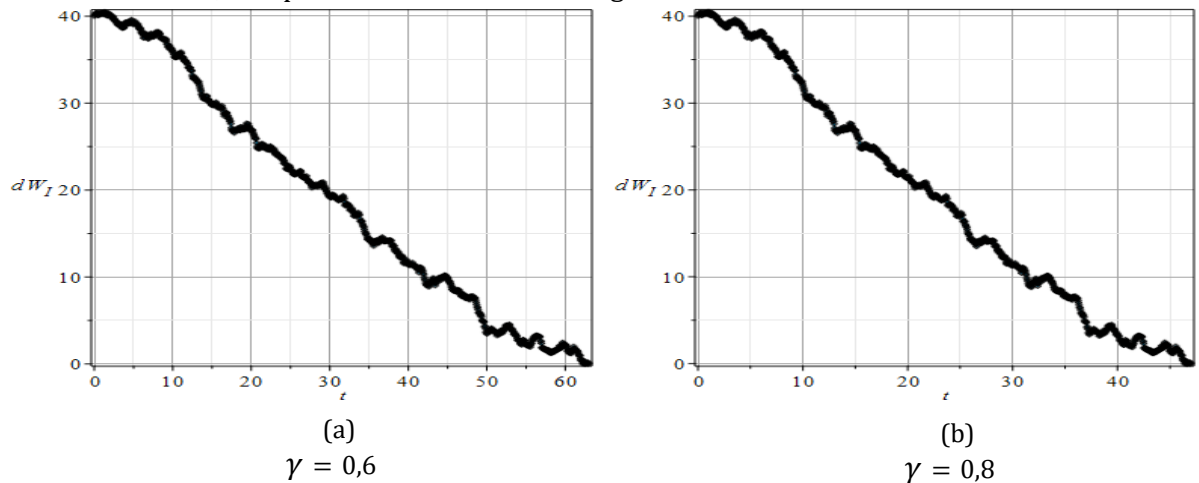
$(\beta = 0.2; \alpha = 0.1)$ dan $(\beta = 0.4; \alpha = 0.3)$ di mana nilai ini menunjukkan laju infeksi akut dan kronis $(\beta + \alpha)$ semakin besar dengan nilai awal $(S(0) = 90)$, diperoleh hasil simulasi sebagai berikut



Gambar 3 simulasi proses Wiener dengan variasi nilai β dan α .

gambar 3 (a) dan 3 (b) bahwa apabila nilai pada laju infeksi akut dan kronis $(\beta + \alpha)$ semakin besar maka banyaknya individu yang rentan akan semakin berkurang dengan waktu yang cepat karena banyaknya perubahan yang terjadi pada individu rentan menjadi individu terinfeksi, hal ini mengakibatkan individu yang terinfeksi akan semakin meningkat.

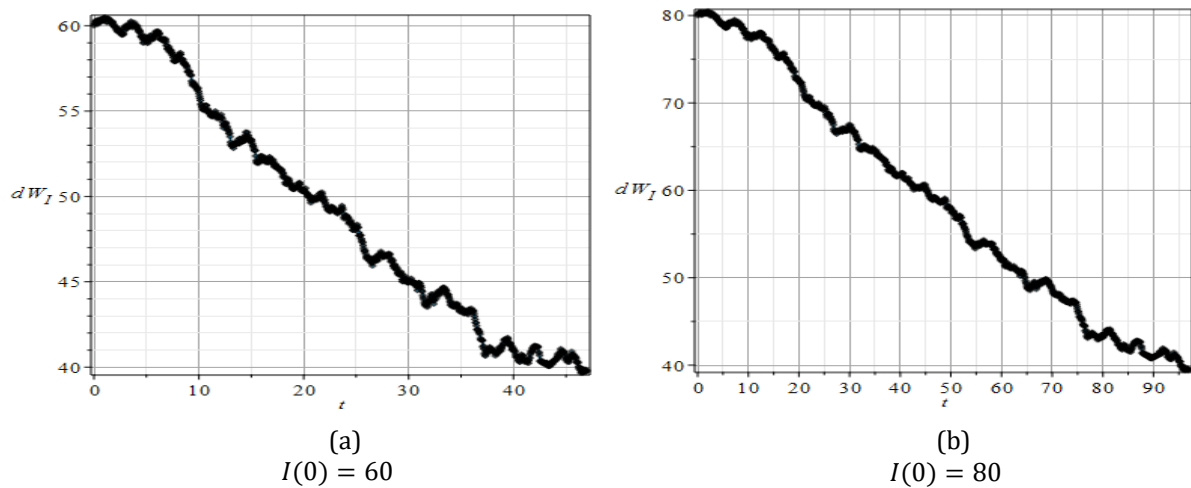
- Apabila nilai laju infeksi akut $(\beta = 0,6)$, laju infeksi kronis $(\alpha = 0,5)$ dan nilai awal $(I(0) = 40)$ sedangkan laju kesembuhan (γ) bernilai 0.6, dan 0.8 di mana nilai ini menunjukkan (γ) semakin besar, didapatkan hasil simulasi sebagai berikut



Gambar 4 simulasi proses Wiener dengan variasi nilai γ . $(\beta = 0,6$ dan $\alpha = 0,5)$

Gambar 4 (a) dan 4 (b) menunjukkan bahwa apabila nilai pada laju kesembuhan (γ) semakin besar maka banyaknya individu yang terinfeksi akan cepat berkurang. Hal ini mengartikan bahwa semakin besar laju kesembuhan maka banyaknya individu terinfeksi akan semakin berkurang.

- Apabila nilai laju infeksi akut $(\beta = 0,6)$, laju infeksi kronis $(\alpha = 0,5)$ dan laju kesembuhan $(\gamma = 0,4)$. Sedangkan nilai awal $(I(0))$ bernilai 60 dan 80 di mana nilai ini menunjukkan nilai awal $(I(0))$ semakin besar, didapatkan hasil simulasi sebagai berikut



Gambar 5 simulasi proses Wiener dengan variasi nilai $I(0)$. ($\beta = 0,6; \alpha = 0,5$ dan $\gamma = 0,4$)

Gambar 5 (a) dan 5 (b) menunjukkan bahwa nilai awal ($I(0)$) mempengaruhi banyaknya individu yang terinfeksi. Semakin besar nilai awal ($I(0)$), maka banyaknya individu terinfeksi juga akan semakin tinggi dan waktu yang dibutuhkan untuk menjadi individu sembuh akan semakin lama.

KESIMPULAN

Hasil simulasi analitik dari solusi menunjukkan bahwa kemungkinan individu yang rentan akan terinfeksi virus hepatitis B masih tetap terus terjadi selama epidemi tersebut masih ada dan banyaknya individu yang terinfeksi dengan seiring bertambahnya waktu akan terus menurun sampai pada nilai 0 yang menunjukkan penyakit hepatitis B tersebut sudah tidak menyebar. Apabila laju infeksi akut dan kronis ($\beta + \alpha$) semakin besar maka banyaknya individu yang rentan akan semakin cepat berkurang sehingga jumlah individu terinfeksi akan cepat bertambah. Apabila nilai pada laju kesembuhan (γ) semakin besar maka banyaknya individu yang terinfeksi akan semakin cepat berkurang sehingga jumlah individu terinfeksi akan cepat berkurang. Semakin besar nilai awal ($I(0)$) maka banyaknya individu terinfeksi akan semakin tinggi sehingga membutuhkan waktu lama untuk individu terinfeksi menjadi individu sembuh.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] DarmawatiD., NurW., & MusafiraM. (2019). *Penaksiran Parameter Model SIS Stokastik Penyebaran Penyakit Malaria Dengan Metode Stepest Descent*. *SAINTIFIK*, 5(2), 145-146.
- [2] 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.
- [3] Banks, Jerry, et al., 2001. *Third Edition Discrete-Event System Simulation*, New Jersey: Prentice Hall
- [4] Nåsell, I. 2002. *Stochastic Models of Some Endemic Infections*. *Mathematical Biosciences*, 179: 1-19
- [5] Widoyono. 2011. *Penyakit Tropis Epidemiologi, Penularan, Pencegahan dan Pemberantasannya*. Edisi ke-2. Jakarta: Erlangga
- [6] Mustofa, S., Kurniawati, E. *Hepatitis B :PanduanBagiDokterUmum*. Aura printing& Publishing, Bandar Lampung.(2013).
- [7] Soewignjo, S., 2008. *Hepatitis Virus B Edisi 2*. Penerbit Buku Kedokteran Egc, Jakarta.
- [8] Hethcote, H. W., *The Mathematics Of Infections Diseases*, *SIAM Review* 42 (2000), No. 4, 599-653

- [9] Kermack, W. O.; McKendrick, A. G. (1927). "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics". *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 115 (772): 700
- [10] Parzen, E., *Stochastic Processes*, Holden-Day Inc., United State of America, 1962
- [11] Ndi, M. Z. (2018). *Pemodelan Matematika Dinamika Populasi Dan Penyebaran Penyakit Teori, Aplikasi, Dan Numerik*. Deepublish.
- [12] Klebaner, F.C. 1998. *Introduction To Stochastic Calculus With Applications*. London: Imperial College Press
- [13] T. Khan, II Hyo Jung & Gul Zaman. 2019. *A stochastic model for the transmission dynamics of hepatitis B virus*, *Journal of Biological Dynamics*, 13:1, 328-344
- [14] Yunita, Felin. 2013. *Model Stokastik Susceptible Infected Recovered (SIR)*. Other thesis, Universitas Sebelas Maret
- [15] Karlin, Samuel & Taylor, Howard M. (1998). *An Introduction to Stochastic Modeling*, Academic Press
- [16] Hull, J.C. 2003. *Option Future and Other Derivative*. Toronto: Prentice Hall
- [17] Kloeden, P.E., and E. Platen. 1999. *Application of Mathematics Stochastic Modelling and Applied Probability. Numerical Solution of Stochastic Differential Equations*. New York: Springer