

# **SIMULASI MODEL EPIDEMI *CONTINUOUS TIME MARKOV CHAINS* *SUSCEPTIBLE VACCINATED EXPOSED INFECTED RECOVERED* PADA PENYEBARAN CACAR AIR**

**Aurellia Lintang Alis Kurniawati\***, Respatiwan, Hasih Pratiwi  
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sebelas Maret  
*email: aurellia2214@student.uns.ac.id*

## **ABSTRAK**

Cacar air merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus *Varicella-Zoster* dan dapat menyebar melalui kontak langsung dengan individu yang terinfeksi. Penelitian ini menggunakan model epidemi stokastik *Continuous Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Exposed Infected Recovered* (CTMC SVEIR) untuk mensimulasikan penyebaran cacar air. Model ini membagi populasi menjadi lima kelompok: rentan, divaksinasi, terpapar, terinfeksi, dan sembuh. Model CTMC SVEIR merepresentasikan probabilitas transisi individu antar kelompok dengan mempertimbangkan parameter seperti laju penularan, laju vaksinasi, tingkat kegagalan vaksinasi, serta laju kesembuhan. Simulasi dilakukan dengan mengubah parameter laju penularan dan laju vaksinasi untuk menganalisis dinamika epidemi. Hasil menunjukkan bahwa semakin besar laju penularan, semakin lama waktu mencapai puncak epidemi dan semakin banyak individu terinfeksi. Sementara semakin tinggi laju vaksinasi, jumlah individu terinfeksi cenderung lebih sedikit. Model ini memberikan wawasan baru tentang pentingnya efektivitas vaksinasi dalam mengendalikan penyebaran cacar air.

*Kata kunci: Continuous-Time Markov Chain; SVEIR; cacar air; vaksinasi; simulasi.*

## **ABSTRACT**

*Chickenpox is an infectious disease caused by the Varicella-Zoster virus and can be spread through direct contact with infected individuals. This study uses a Continuous Time Markov Chain Susceptible Vaccinated Exposed Infected Recovered (CTMC SVEIR) stochastic epidemic model to collect the spread of chickenpox. This model divides the population into five groups: susceptible, susceptible, exposed, infected, and recovered. The CTMC SVEIR model represents the probability of individual transitions between groups by considering parameters such as transmission rate, vaccination rate, vaccination failure rate, and recovery rate. Simulations were performed by changing the parameters of transmission rate and vaccination rate to analyze the dynamics of the epidemic. The results show that the higher the transmission rate, the longer the time to reach the peak of the epidemic and the more people are infected. While the vaccination rate is higher, the number of infected individuals tends to be fewer. This model provides new insights into the importance of vaccination effectiveness in controlling the spread of chickenpox.*

*Keywords: SVEIR; chickenpox; vaccination; simulation.*

## PENDAHULUAN

Penyakit menular tetap menjadi tantangan besar dalam kesehatan masyarakat, khususnya di negara-negara berkembang. Salah satu penyakit yang membutuhkan perhatian khusus adalah cacar air, yang disebabkan oleh virus *varicella-zoster*. Penyakit ini dapat memicu epidemi karena dengan mudah menyebar melalui kontak langsung jika tidak dikelola dengan baik (Cahyati, 2019). Meskipun program vaksinasi telah menurunkan prevalensi cacar air di berbagai negara, cakupan vaksinasi yang rendah dan kurangnya kesadaran masyarakat masih menjadi kendala signifikan, khususnya di negara berkembang seperti Indonesia.

Di Indonesia, epidemi cacar air masih sering dilaporkan, terutama pada anak-anak dan kelompok rentan dengan sistem imun yang lemah (Prihaningtyas, 2015). Berdasarkan data dari berbagai negara, terdapat perbedaan signifikan dalam epidemiologi cacar air, yang dipengaruhi oleh faktor geografis, kebijakan vaksinasi, dan tingkat kesadaran masyarakat (Freer & Pistello, 2018; Goh et al., 2019). Kasus cacar air paling banyak ditemukan pada anak-anak di negara-negara beriklim sedang seperti Amerika Serikat sedangkan di negara berkembang, tingginya angka penyebaran lebih sering disebabkan oleh rendahnya cakupan vaksinasi (Prasetya, 2020). Sejak program vaksinasi *varicella* diperkenalkan di berbagai negara, insidensi cacar air telah menurun secara signifikan (Ayoade & Kumar, 2022). Wilayah dengan cakupan vaksinasi yang tidak merata, seperti beberapa bagian Asia-Pasifik dengan angka kasus cacar air masih tinggi, terkhusus di kalangan anak-anak usia 5-9 tahun (Daulagala & Noordeen, 2018). Hal ini menegaskan bahwa salah satu penyebab utama berlanjutnya penyebaran penyakit ialah cakupan vaksinasi yang tidak merata, sehingga evaluasi strategi vaksinasi yang efektif dan berkelanjutan sangat diperlukan.

Model matematika berperan penting dalam memprediksi pola epidemi dan mengevaluasi dampak dari berbagai intervensi kesehatan, terutama pada konteks penyebaran penyakit menular. Salah satu pendekatan yang dapat diterapkan adalah model *Continuous-Time Markov Chain* (CTMC). Model ini mampu menggambarkan proses penyebaran penyakit dalam populasi, yang bergantung pada kejadian acak dan perubahan jumlah individu yang berbeda seiring waktu. Pada penelitian ini, model CTMC SVEIR (*susceptible, vaccinated, exposed, infected, recovered*) digunakan untuk mensimulasikan pola penyebaran cacar air, dengan mempertimbangkan efek vaksinasi.

Model SVEIR mampu menggambarkan proses stokastik dalam penyebaran penyakit dengan memetakan individu dalam populasi ke dalam lima kategori: rentan (*susceptible*), divaksinasi (*vaccinated*), terpapar (*exposed*), terinfeksi (*infected*), dan sembuh (*recovered*) (Moghadas & Gumel, 2006). Penelitian ini bertujuan untuk mensimulasikan dampak vaksinasi terhadap penyebaran cacar air dan mengidentifikasi parameter penting, seperti tingkat penularan dan efektivitas vaksin. Model CTMC SVEIR efektif dalam menganalisis skenario intervensi kesehatan untuk penyakit cacar air dengan tingkat penularan tinggi.

## **METODE**

Penelitian ini mencakup dua tahapan utama, yaitu menurunkan ulang model epidemi dan simulasi model. Berikut adalah langkah-langkah yang perlu dilakukan untuk mencapai tujuan penelitian ini:

1. Menurunkan ulang model epidemi CTMC SVEIR yang terdiri dari:
  - a. Menentukan asumsi, parameter, dan variabel yang diperlukan dalam model epidemi CTMC SVEIR,
  - b. Menentukan variabel random dan parameter,
2. Melakukan simulasi model epidemi CTMC SVEIR pada pola penyebaran penyakit cacar air yang terdiri dari:
  - a. Menetapkan asumsi dan nilai parameter laju kontak, laju vaksinasi, laju kegagalan vaksinasi, laju infeksi dan tingkat kesembuhan,
  - b. Menentukan jumlah awal individu dalam setiap kelompok  $S(0)$ ,  $V(0)$ ,  $E(0)$ ,  $I(0)$ , dan  $R(0)$ ,
  - c. Membangkitkan data dengan distribusi uniform untuk simulasi model epidemi CTMC SVEIR pada penyebaran penyakit cacar air dengan menggunakan software Google Colab,
  - d. Membuat plot dari simulasi model epidemi CTMC SVEIR pada penyakit cacar air,
  - e. Menginterpretasikan hasil yang diperoleh.

## **HASIL**

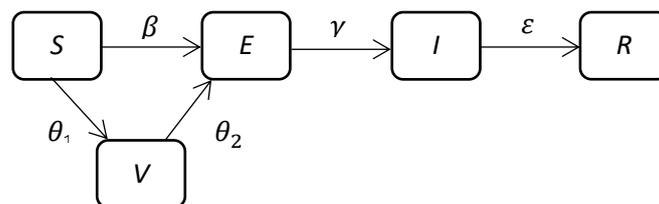
### 1. Model Epidemi CTMC SVEIR

Penyakit menyebar ketika individu yang rentan (*susceptible*) melakukan kontak langsung dengan individu yang terinfeksi, mengakibatkan masa inkubasi (*exposed*) sebelum muncul gejala dan penularan. Model SEIR, yang merupakan dasar dari model ini, membagi populasi ke dalam empat kelompok: *susceptible* (S), *exposed* (E), *infected* (I),

dan *recovered* (R). Model ini digunakan untuk mempelajari penyakit dengan masa inkubasi sebelum individu menjadi menular. Model SVEIR merupakan pengembangan dari SEIR, menambahkan faktor vaksinasi. Meskipun vaksin melindungi, kegagalan vaksinasi dapat membuat individu yang divaksinasi tetap berisiko terinfeksi. Individu yang sembuh akan memperoleh kekebalan permanen. Model SVEIR ini memberikan gambaran yang lebih lengkap dengan mempertimbangkan faktor vaksinasi serta potensi kegagalannya. Asumsi yang digunakan dalam model epidemi SVEIR adalah sebagai berikut.

- 1) Penyakit menyebar dalam populasi tertutup,
- 2) Populasi homogen, artinya setiap individu memiliki karakteristik yang sama,
- 3) Hanya terdapat satu penyakit yang menyebar di dalam suatu populasi,
- 4) Laju kelahiran dan kematian diabaikan,
- 5) Populasi yang telah melakukan vaksinasi bisa terinfeksi cacar air karena berinteraksi dengan populasi terinfeksi, namun gejala yang dialami tidak seberat populasi yang belum vaksinasi.

Model epidemi SVEIR membagi populasi menjadi lima kelompok: *susceptible* (S), *vaccinated* (V), *exposed* (E), *infected* (I), dan *recovered* (R). Individu S dapat terinfeksi dan berpindah ke E dengan laju penularan  $\beta$ . Vaksinasi mengalihkan individu S ke V dengan laju  $\theta_1$ , namun kegagalan vaksinasi menyebabkan mereka kembali ke E dengan laju  $\theta_2$ . Setelah inkubasi dengan laju  $\gamma$ , individu E menjadi I dan kemudian sembuh dengan laju  $\varepsilon$ , bergabung dengan kelompok R. Skema model ini dapat dilihat pada Gambar 1.



**Gambar 1.** Skema Model Epidemi SVEIR

Model epidemi CTMC SVEIR menjelaskan perubahan jumlah individu dalam kelompok *susceptible*, *vaccinated*, *exposed*, dan *recovered* pada waktu  $t$ . Model stokastik SVEIR menyatakan bahwa  $S(t)$ ,  $V(t)$ ,  $E(t)$ , dan  $I(t)$  merupakan variabel random. Nilai  $R(t)$  dihitung  $R(t) = N - S(t) - V(t) - E(t) - I(t)$ , dan  $N$  adalah total jumlah populasi. Jika jumlah individu  $S(t)$ ,  $V(t)$ ,  $E(t)$ , dan  $I(t)$  adalah  $s$ ,

$v$ ,  $e$ , dan  $i$  maka didapatkan fungsi probabilitas bersama dapat dituliskan pada persamaan (1) sebagai berikut:

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

Perubahan jumlah individu pada kelompok *susceptible*, *vaccinated*, *exposed*, dan *infected* terjadi seiring waktu, dengan perubahan pada selang waktu  $\Delta t$  adalah  $j$ ,  $k$ ,  $l$ , dan  $m$ . Probabilitas transisi state  $s$ ,  $v$ ,  $e$  dan  $i$  menjadi state  $s + j$ ,  $v + k$ ,  $e + l$ , dan  $i + m$  dalam selang waktu  $\Delta t$  dinyatakan pada persamaan (2)

$$\begin{aligned} P_{(s+j,v+k,e+l,i+m),(s,v,e,i)}(\Delta t) \\ = P[(S(t + \Delta t), V(t + \Delta t), E(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (s + j, v + k, e + l, \\ i + m) | (S(t), V(t), E(t), I(t)) = (s, v, e, i)] \end{aligned} \quad (2)$$

Perpindahan dari state  $(s, v, e, i)$  ke state  $(s-1, v, e+1, i)$ , menunjukkan bahwa individu berpindah dari kelompok *susceptible* ke kelompok *exposed*. Probabilitas kontak antar individu kelompok *infected* dengan individu kelompok *susceptible* adalah  $\frac{i}{N}$ ,  $i$  sebagai jumlah individu *infected* dalam populasi  $N$ . Jika lebih dari satu individu berpindah dalam selang waktu  $\Delta t$ , probabilitas transisi  $o(\Delta t)$  didefinisikan sebagai  $\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0$ .

Probabilitas transisi dengan laju kontak  $\beta$  dinyatakan pada persamaan (3)

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

Perpindahan dari state  $(s, v, e, i)$  ke state  $(s-1, v+1, e, i)$ , menunjukkan bahwa individu berpindah dari kelompok *susceptible* ke kelompok *vaccinated*. Probabilitas transisi dengan laju vaksinasi  $\theta$  dinyatakan pada persamaan (4)

$$P_{(s-1,v+1,e,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \theta_1 s \Delta t + o(\Delta t) \quad (4)$$

Perpindahan dari state  $(s, v, e, i)$  ke state  $(s, v-1, e+1, i)$ , menunjukkan bahwa individu berpindah dari kelompok *vaccinated* ke kelompok *exposed*. Probabilitas dengan laju kegagalan vaksinasi dinyatakan pada persamaan (5).

$$P_{(s,v-1,e+1,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \theta_2 v \Delta t + o(\Delta t) \quad (5)$$

Perpindahan dari state  $(s, v, e, i)$  ke state  $(s, v, e-1, i+1)$ , menunjukkan bahwa individu berpindah dari kelompok *exposed* ke kelompok *infected*. Probabilitas transisi dengan laju penularan  $\gamma$  dinyatakan pada persamaan (6)

$$P_{(s,v,e-1,i+1),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \gamma e \Delta t + o(\Delta t) \quad (6)$$

Perpindahan dari state  $(s, v, e, i)$  ke state  $(s, v, e, i-1)$ , menunjukkan bahwa individu berpindah dari kelompok *infected* ke kelompok *recovered*. Probabilitas transisi dengan laju kesembuhan  $\varepsilon$  dinyatakan pada persamaan (7)

$$P_{(s,v,e,i-1),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \varepsilon i \Delta t + o(\Delta t) \quad (7)$$

Ketika jumlah individu dalam setiap kelompok tetap, baik penambahan maupun pengurangan, perpindahan terjadi transisi dari state  $(s, v, e, i)$  ke state yang sama  $(s, v, e, i)$ . Probabilitas transisi dalam selang waktu  $\Delta t$  dapat dinyatakan persamaan (8)

$$P_{(s,v,e,i),(s,v,e,i)}(\Delta t) = 1 - \left[ \beta \frac{i}{N} s + \theta_1 s + \theta_2 v + \gamma e + \varepsilon i \Delta t \right] \Delta t + o(\Delta t) \quad (8)$$

Perpindahan individu dari satu *state* ke *state* lainnya terjadi dalam interval yang sangat kecil, sehingga hanya satu individu yang mungkin melakukan transisi. Oleh karena itu, probabilitas lebih dari satu individu melakukan transisi dalam interval waktu  $\Delta t$  adalah nol. Model epidemi stokastik CTMC SVEIR, yang disusun berdasarkan probabilitas transisi, dapat dirumuskan kembali dalam bentuk persamaan 9 berikut:

$$P_{(s+j,v+k,e+l,i+m),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t + o(\Delta t) & (j, k, l, m) = (-1, 0, 1, 0) \\ \theta_1 s \Delta t + o(\Delta t) & (j, k, l, m) = (-1, 1, 0, 0) \\ \theta_2 s \Delta t + o(\Delta t) & (j, k, l, m) = (0, -1, 1, 0) \\ \gamma e \Delta t + o(\Delta t) & (j, k, l, m) = (0, 0, -1, 1) \\ \varepsilon i \Delta t + o(\Delta t) & (j, k, l, m) = (0, 0, 0, -1) \\ 1 - \left[ \beta \frac{i}{N} s + \theta_1 s + \theta_2 v + \gamma e + \varepsilon i \right] \Delta t & (j, k, l, m) = (0, 0, 0, 0) \\ o(\Delta t) & \text{lainnya} \end{cases} \quad (9)$$

Berdasarkan model CTMC SVEIR yang telah diperoleh, dilakukan simulasi model yang terbentuk pada penyebaran penyakit cacar air menggunakan parameter  $\beta$ ,  $\gamma$ , dan  $\varepsilon$  yang merujuk pada penelitian Esson *et al* (2014), serta parameter  $\theta_1$  yang merujuk pada penelitian Edward *et al* (2014). Parameter  $\theta_2$  merepresentasikan laju kegagalan vaksinasi dengan asumsi efektivitas vaksin sebesar 90%. Nilai parameter  $\theta_2$  diperoleh dari hasil perkalian antara laju vaksinasi dan persentase kegagalan vaksin. Nilai parameter yang didapatkan berupa nilai parameter dalam satuan waktu tahunan. Oleh karena itu, untuk mendapatkan nilai parameter dalam satuan waktu harian, masing-masing nilai parameter dibagi dengan 365 hari. Nilai parameter yang digunakan pada penelitian ini disajikan pada Tabel 1.

**Tabel 1.** Parameter yang digunakan dalam simulasi model epidemi CTMC SVEIR pada penyakit cacar air

Parameter	Deskripsi	Nilai	Satuan
$\beta$	Laju kontak	$\beta = 7,12 \times 10^{-5}$	per hari
$\theta_1$	Laju vaksinasi	$\theta_1 = 1917 \times 10^{-2}$	per hari
$\theta_2$	Laju kegagalan vaksinasi	$\theta_2 = 1917 \times 10^{-3}$	per hari
$\gamma$	Laju infeksi	$\gamma = 9,86 \times 10^{-5}$	per hari
$\varepsilon$	Laju kesembuhan	$\varepsilon = 3,84 \times 10^{-5}$	per hari

Parameter yang telah diketahui, didapatkan probabilitas transisi untuk penyakit cacar air pada persamaan (10) berikut:

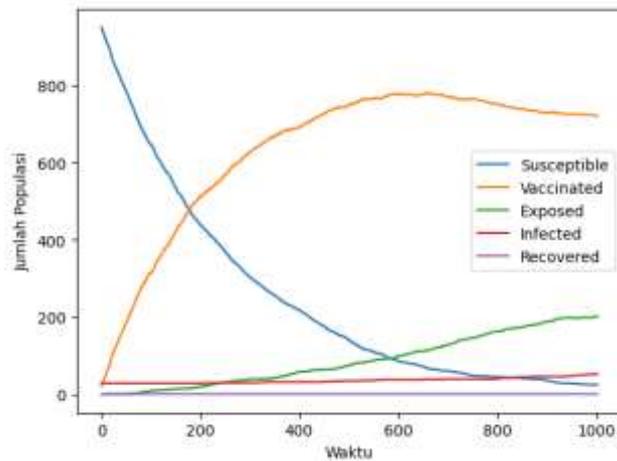
$$P_{(s+j,v+k,e+l,i+m),(s,v,e,i)}(\Delta t) = \begin{cases} 7,12 \times 10^{-5} \frac{i}{N} s \Delta t & (j, k, l, m) = (-1, 0, 1, 0) \\ 1917 \times 10^{-2} s \Delta t & (j, k, l, m) = (-1, 1, 0, 0) \\ 1917 \times 10^{-3} v \Delta t & (j, k, l, m) = (0, -1, 1, 0) \\ 9,86 \times 10^{-5} e \Delta t & (j, k, l, m) = (0, 0, -1, 1) \\ 3,84 \times 10^{-5} i \Delta t & (j, k, l, m) = (0, 0, 0, -1) \\ 1 - y & (j, k, l, m) = (0, 0, 0, 0) \\ o(\Delta t) & \text{lainnya} \end{cases} \quad (10)$$

dengan

$$y = \left[ 7,12 \times 10^{-5} \frac{i}{N} s + 1917 \times 10^{-2} s + 1917 \times 10^{-3} v + 9,86 \times 10^{-5} e + 3,84 \times 10^{-5} i \right] \Delta t$$

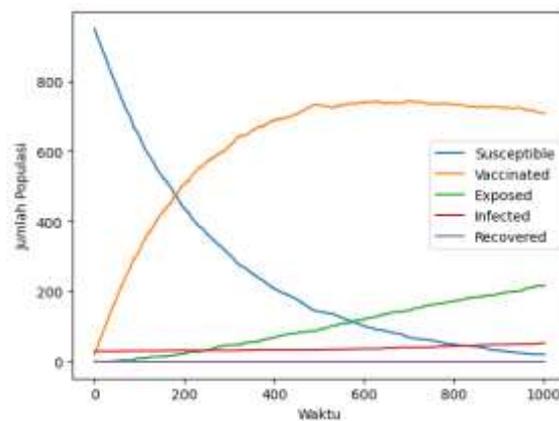
## 2. Simulasi CTMC SVEIR

Simulasi ini menggunakan ukuran populasi yang konstan, yaitu  $N = 1000$  dengan nilai awal  $S(0) = 1000$ ,  $V(0) = 20$ ,  $E(0) = 0$ ,  $I(0) = 30$ , dan  $R(0) = 0$ . Simulasi pertama dilakukan dengan mengubah nilai parameter laju kontak penularan ( $\beta$ ), yaitu  $\beta < \varepsilon$ ,  $\beta = \varepsilon$ , dan  $\beta > \varepsilon$ , serta laju kesembuhan ( $\varepsilon$ ) bernilai tetap.

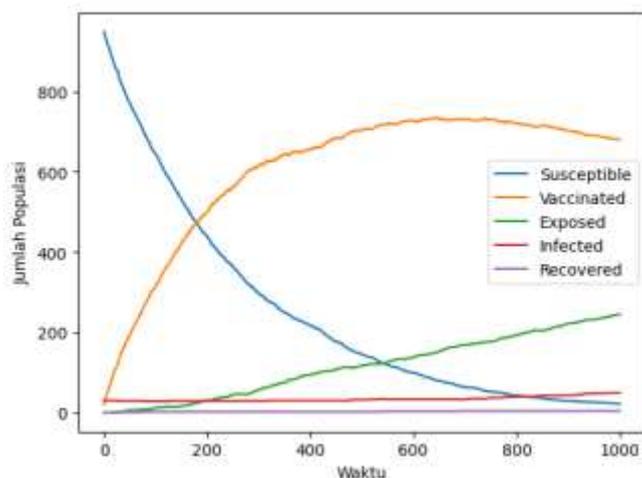


**Gambar 2.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\beta < \epsilon$

Gambar 2 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju penularan ( $\beta$ ) yang lebih kecil dari laju penyembuhan ( $\epsilon$ ). Simulasi ini memperlihatkan perubahan jumlah individu yang relatif kecil, dengan penurunan jumlah individu pada kelompok S, V, E, I serta R. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-989,88 dengan 52 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah adalah 29 individu pada hari ke-1,79. Berikutnya gambar 3 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju penularan ( $\beta$ ) yang sama dengan dari laju penyembuhan ( $\epsilon$ ), dengan perubahan yang serupa. Penurunan jumlah individu S, V, E, I serta R juga diamati, dan puncak epidemi terjadi pada hari ke-993,57 dengan 53 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah 30 individu pada hari ke-0,44.

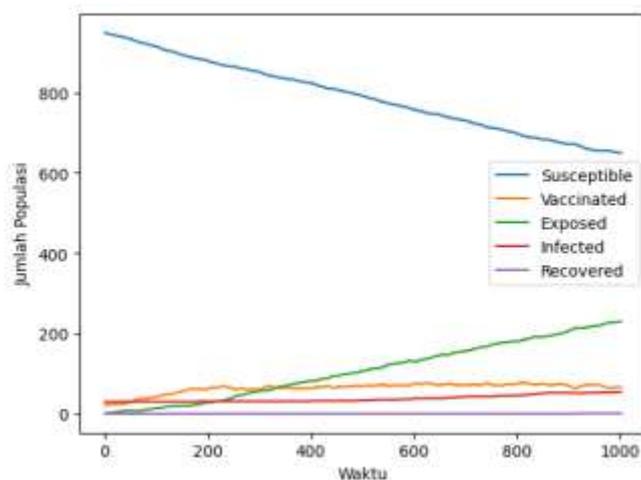


**Gambar 3.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\beta = \epsilon$



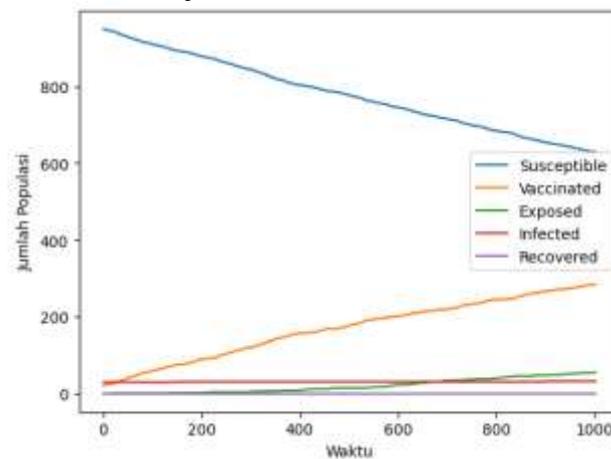
**Gambar 4.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\beta > \epsilon$

Gambar 4 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju penularan ( $\beta$ ) yang lebih besar dari laju penyembuhan ( $\epsilon$ ). Terjadi perubahan lebih signifikan, dengan penurunan jumlah individu S, V, E, I serta R. Puncak epidemi tercatat pada hari ke-979,62 dengan 49 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah 28 individu pada hari ke-79,18. Berdasarkan simulasi pertama yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa semakin besar laju penularan ( $\beta$ ) dibandingkan dengan laju penyembuhan ( $\epsilon$ ), semakin lama waktu yang dibutuhkan untuk mencapai puncak epidemi, dengan jumlah individu yang terinfeksi semakin besar. Pada simulasi pertama yang telah dilakukan, jumlah individu terinfeksi belum menyentuh angka nol sehingga pandemi belum berakhir.



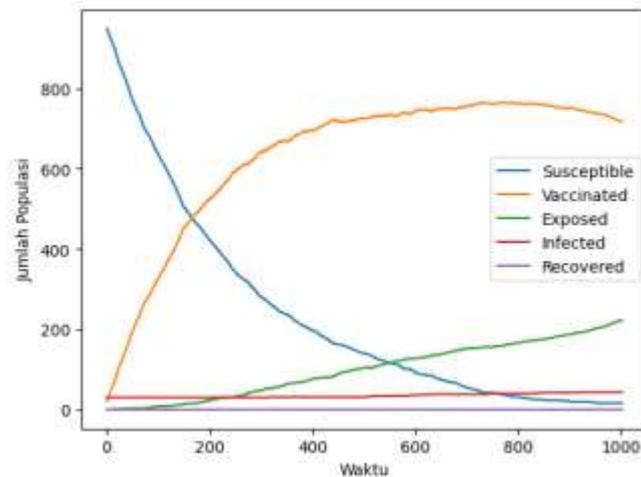
**Gambar 5.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\theta_1 < \theta_2$

Simulasi kedua dilakukan dengan mengubah nilai parameter laju vaksinasi ( $\theta_1$ ), yaitu  $\theta_1 < \theta_2$ ,  $\theta_1 = \theta_2$ , dan  $\theta_1 > \theta_2$ , serta laju kegagalan vaksinasi ( $\theta_2$ ) bernilai tetap. Gambar 5 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju vaksinasi ( $\theta_1$ ) yang lebih kecil dari laju kegagalan vaksinasi ( $\theta_2$ ). Hasil menunjukkan perubahan signifikan dengan penurunan jumlah individu pada kelompok S, V, E, I serta R. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-986,95 dengan 54 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah adalah 30 individu pada hari ke-1,03. Berikutnya gambar 6 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju vaksinasi ( $\theta_1$ ) yang lebih kecil dari laju kegagalan vaksinasi ( $\theta_2$ ) menunjukkan hasil simulasi serupa, dengan pola penurunan jumlah individu pada kelompok S, V, E, I, dan R. Puncak epidemi tercatat pada hari ke-898,03 dengan 32 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah tercatat 30 individu pada hari ke-0,93.



**Gambar 6.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\theta_1 = \theta_2$

Gambar 7 merupakan hasil simulasi dengan menggunakan nilai parameter laju vaksinasi ( $\theta_1$ ) yang lebih kecil dari laju kegagalan vaksinasi ( $\theta_2$ ) menunjukkan hasil simulasi yang berbeda, dengan penurunan pada kelompok S dan peningkatan pada kelompok V, E, I sementara kelompok R tetap rendah. Puncak epidemi terjadi pada hari ke-999,68 dengan 44 individu terinfeksi, sementara jumlah terendah tercatat 30 individu pada hari ke-0,48.



**Gambar 7.** Hasil Simulasi dengan nilai  $\theta_1 > \theta_2$

Berdasarkan simulasi kedua yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa semakin besar laju vaksinasi ( $\theta_1$ ) dibandingkan dengan laju kegagalan vaksinasi ( $\theta_2$ ), jumlah individu yang terinfeksi cenderung lebih sedikit dan waktu yang dibutuhkan untuk mencapai puncak epidemi tidak terpengaruh secara signifikan. Pada simulasi kedua yang telah dilakukan jumlah individu terinfeksi belum mencapai nol, yang menunjukkan bahwa epidemi belum berakhir.

## PEMBAHASAN

Penelitian ini menghadirkan kebaruan signifikan dalam pemodelan epidemi cacar air melalui CTMC SVEIR yang mengintegrasikan kegagalan vaksinasi, berbeda dengan model SEIR atau SIR sebelumnya. Dibandingkan dengan studi Moghadas & Gumel (2006) dan Nabti & Ghanbari (2021) yang fokus pada model deterministik, penelitian ini menawarkan simulasi stokastik yang lebih dinamis dengan mempertimbangkan parameter kegagalan vaksinasi. Temuan utama penelitian menunjukkan bahwa meskipun vaksinasi dapat menurunkan jumlah individu rentan, kegagalan vaksinasi tetap berperan penting dalam penyebaran penyakit, sejalan dengan observasi Freer & Pistello (2018). Kebaruan penelitian terletak pada penggunaan nilai parameter dengan asumsi efektivitas vaksin 90% dan simulasi komprehensif yang mengungkap dinamika epidemi yang lebih realistis, memberikan kontribusi metodologis dalam pemodelan epidemiologi dibandingkan penelitian sebelumnya.

## SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil dan pembahasan, dapat disimpulkan bahwa model epidemi CTMC SVEIR dapat dinyatakan dalam bentuk probabilitas transisi yang ditunjukkan pada persamaan (9). Simulasi model epidemi CTMC SVEIR pada penyebaran cacar air terdiri dari dua simulasi. Simulasi pertama menunjukkan bahwa semakin besar laju penularan ( $\beta$ ), semakin lama waktu yang dibutuhkan untuk mencapai puncak epidemi, dan jumlah individu yang terinfeksi semakin besar. Epidemi tidak berakhir karena individu yang sembuh tetap rentan terinfeksi ulang. Simulasi kedua menunjukkan bahwa semakin besar laju vaksinasi ( $\theta_1$ ), jumlah individu terinfeksi lebih sedikit, meskipun waktu menuju puncak epidemi tidak berubah signifikan. Epidemi tetap tidak berakhir karena individu terinfeksi tidak mencapai nol. Penelitian lanjutan disarankan untuk mengeksplorasi pengaruh kebijakan vaksinasi dengan efektivitas bervariasi. Model dapat diperluas dengan memasukkan faktor kelahiran dan kematian untuk hasil yang lebih realistis.

## DAFTAR PUSTAKA

- Ayoade, F., & Kumar, N. (2022). *Vaccination strategies and their impact on infectious disease control. Journal of Public Health Research, 11(2)*, 145-159.
- Cahyati, R. (2019). *Epidemiologi penyakit menular di Indonesia: Studi kasus cacar air*. Jakarta: Pustaka Medika.
- Daulagala, S., & Noordeen, F. (2018). Chickenpox epidemiology and vaccination strategies in the Asia-Pacific region. *Journal of Epidemiological Research, 7(3)*, 102-115.
- Edward, S., Kuznetsov, D., & Mirau, S. (2014). Modeling and stability analysis for a varicella zoster virus model with vaccination. *Applied and Computational Mathematics, 3(4)*, 150-162. <https://doi.org/10.11648/j.acm.20140304.16>
- Esson, A. B., Obeng-Denteh, W., Barnes, B., & Ntherful, G. E. (2014). Epidemiology of chickenpox in Agona West Municipality of Ghana. *Physical Sciences Research International, 2(1)*, 6-11.
- Freer, G., & Pistello, M. (2018). Varicella-zoster virus infection: Pathogenesis, immune response, and vaccine development. *Journal of Virology Research, 12(4)*, 245-258.
- Goh, K. T., Ang, L. W., & Chow, A. (2019). Chickenpox transmission dynamics and vaccine effectiveness in tropical regions. *Infectious Disease Journal, 25(3)*, 167-178.
- Nabti, M., & Ghanbari, B. (2021). The stochastic SVEIR epidemic model and its application to infectious disease control. *Journal of Mathematical Epidemiology, 9(2)*, 88-103.
- Prasetya, B. (2020). Analisis pola penyebaran cacar air di Indonesia berdasarkan data epidemiologi. *Jurnal Kesehatan Masyarakat, 15(1)*, 77-89.
- Prihaningtyas, T. (2015). Studi kasus efektivitas vaksin varicella di Indonesia. *Jurnal Kedokteran Indonesia, 10(2)*, 120-132.
- Siloam Hospitals. (n.d.). *Manfaat vaksin varicella*. Diakses pada 22 Januari 2025 dari <https://www.siloamhospitals.com/informasi-siloam/artikel/manfaat-vaksin-varicella>.