

MODEL DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERY (DTMC SIR) PADA POLA PENYEBARAN PENYAKIT DIFTERI

DISCRETE TIME MARKOV CHAIN SUSCEPTIBLE INFECTED RECOVERY (DTMC SIR) MODEL ON DIPHTHERIA SPREAD PATTERN

Maria Herlinda Adela^{1*}, Respatiwan², Yuliana Susanti³

^{1,2,3}Program Studi Statistika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Sebelas Maret, Jl. Ir Sutarmi 36, Ketingan, Jebres, Surakarta, Indonesia
Email korespondensi: adelamaria@student.uns.ac.id

ABSTRAK

Epidemi merupakan penyebaran penyakit yang muncul pada populasi di suatu daerah dan melebihi keadaan normal. Model matematika yang menggambarkan penyebaran penyakit dengan setiap individu sembuh dari infeksi penyakit mempunyai sistem kekebalan tubuh yang kuat sehingga tidak dapat terinfeksi penyakit yang sama adalah model *susceptible infected recovery (SIR)*. Model epidemi *SIR* terbagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok *susceptible (S)*, kelompok *infected (I)*, dan kelompok *recovered (R)*. Kelompok *susceptible (S)* merupakan kelompok individu yang sehat namun dapat terinfeksi penyakit, kelompok *infected (I)* merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit, dan kelompok *recovered (R)* merupakan kelompok individu yang sembuh dari penyakit. Penyebaran penyakit dapat dipandang sebagai proses stokastik. Proses stokastik yang mengikuti proses Markov dengan selang waktu diskrit dapat dikatakan sebagai *discrete time Markov chain susceptible recovery (DTMC SIR)*. Penyakit difteri disebabkan oleh infeksi bakteri *Corynebacterium diphtheria* yang menginfeksi saluran pernafasan. Penularan penyakit ini dapat melalui kontak secara langsung atau *droplet* dari individu yang terinfeksi. Difteri merupakan penyakit yang memiliki karakteristik model *DTMC SIR*. Paper ini membahas penerapan model epidemic *DTMC SIR* pada penyebaran penyakit difteri. Hasil pembahasan merupakan model epidemi *DTMC SIR* pada penyakit difteri di Indonesia dengan parameter laju kontak penularan $\beta = 0.6555348$ dan laju kesembuhan $\gamma = 0.558782$. Model disimulasikan menggunakan nilai awal $I(0) = 2$ dan $N = 100$ menunjukkan bahwa epidemi berakhir pada $t = 75$ karena sudah tidak ada individu terinfeksi lagi.

Kata kunci: Epidemi, *DTMC SIR*, Difteri

ABSTRACT

An epidemic is the spread of a disease that appears in a population in an area and exceeds normal circumstances. The mathematical model that describes the spread of the disease with each individual recovering from a disease infection has a strong immune system so that it cannot be infected with the same disease is the *susceptible infected recovery (SIR)* model. *SIR* epidemic model group the populations is divided into three groups namely *susceptible (S)*, *infected (I)*, and *recovered (R)*. The *susceptible* group (*S*) is a group of healthy individuals but can be infected with the disease, the *infected* group (*I*) is the group of individuals infected with the disease, and the *recovered* group (*R*) is a group of individuals recovering from the disease and cannot be reinfected with same disease. The spread of the disease can be seen as a stochastic process. The stochastic process that follows Markov process with discrete time lapse can be said to be

discrete time Markov chain susceptible recovery (DTMC SIR). Diphtheria is caused by a bacterial infection of *Corynebacterium diphtheria* that infects the respiratory tract. Transmission of the disease can be through direct contact or droplets from infected individuals. Diphtheria is a disease that has the characteristics of the DTMC SIR model. This paper discusses the application of the DTMC SIR epidemic model on the spread of diphtheria. The result of the discussion is an epidemic model of DTMC SIR in diphtheria disease in Indonesia with the parameter of contact rate of transmission $\beta = 0.6555348$ and the rate of recovery $\gamma = 0.558782$. Models simulated using the starting values $I(0)=2$ and $N=100$ show that the epidemic ended at $t=75$ because no individuals were infected anymore.

Keywords: Epidemic, DTMC SIR, Diphtheriae

1. Pendahuluan

1.1 Latar Belakang

Pada saat ini banyak terdapat penyakit menular yang berbahaya yang menular pada suatu daerah dan menyebabkan angka kematian yang tinggi. Penyakit menular itu diantaranya campak, hepatitis, TBC (Tuberculosis), cacar air, dan difteri. Penyakit tersebut memiliki risiko yang sangat berbahaya dan dapat menyebabkan epidemi. Penyebaran penyakit tersebut dapat melalui kontak antara individu satu dengan individu lainnya dengan laju penularan yang tinggi (Hethcote, 2000). Akibat dari penyakit menular pada individu yang terinfeksi dapat menyebabkan kematian.

Menurut Allen (2008), epidemi merupakan penyebaran penyakit yang muncul pada populasi di suatu daerah dan melebihi keadaan normal dalam waktu tertentu. Akibat dari epidemi tidak hanya angka kematian yang tinggi, namun menyebabkan kerugian finansial yang besar untuk biaya pengobatan dan perawatan. Penyakit ini dapat menyebar dan mengancam kelangsungan hidup manusia. Oleh karena itu, perlu dilakukan pengendalian. Salah satu langkah yang dapat dilakukan sebagai upaya pengendalian adalah dengan mempelajari pola penyebarannya. Sarana yang digunakan untuk mengetahui pola penyebaran penyakit adalah model matematika.

Menurut Hethcote (2000), model matematika yang menggambarkan penyebaran penyakit dengan setiap individu sembuh dari infeksi penyakit mempunyai sistem kekebalan tubuh yang kuat sehingga tidak dapat terinfeksi penyakit yang sama adalah model *susceptible infected recovery* (SIR). Pada model epidemi SIR populasi terbagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok *susceptible* (S), kelompok *infected* (I), dan

kelompok *recovered* (R). kelompok *susceptible* (S) merupakan kelompok individu yang sehat namun dapat terinfeksi penyakit, kelompok *infected* (I) merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit, dan kelompok *recovered* (R) merupakan kelompok individu yang sembuh dari penyakit.

Model epidemi SIR ditinjau secara probabilistik dan dilihat dari segi waktu ada dua jenis, yaitu model *continuous time Markov chain* (CTMC) dan model *discrete time Markov chain* (DTMC). Model epidemi CTMC SIR mengkaji perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu kontinu, sedangkan model epidemi DTMC SIR mengkaji perubahan jumlah individu terinfeksi dalam selang waktu diskrit. Model DTMC SIR mengandung parameter laju penularan dan laju kesembuhan. Jumlah individu terinfeksi pada suatu epidemi tidak dapat diprediksi dengan pasti, tetapi dapat dinyatakan dengan suatu fungsi probabilitas. Oleh karena itu, penyebaran epidemi dapat dipandang sebagai proses stokastik. Selain itu, jumlah individu yang terinfeksi pada waktu yang akan datang hanya dipengaruhi oleh jumlah individu saat ini dan dapat berubah-ubah pada waktu tertentu. Kejadian ini menunjukkan bahwa penyebaran epidemi merupakan suatu kejadian khusus dari proses stokastik, yaitu rantai Markov dengan waktu diskrit. Oleh karena itu, model DTMC SIR menggambarkan penyebaran epidemi dalam selang waktu diskrit.

Suatu epidemi dapat dinyatakan berakhir jika jumlah individu yang terinfeksi adalah nol. Model mempunyai asumsi minimal ada satu individu awal yang terinfeksi dan masing-masing yang individu saling independen. Salah satu penyakit yang dapat menyebabkan epidemi adalah difteri.

Difteri merupakan salah satu penyakit yang dapat menyebabkan epidemi. Penyakit ini disebabkan oleh infeksi bakteri *Corynebacterium diphtheria* yang menginfeksi saluran pernafasan. Penularan penyakit ini dapat melalui kontak secara langsung atau *droplet* dari individu yang terinfeksi (Bruescher E, 2016). Sebagian besar individu yang terinfeksi adalah anak-anak, usia dibawah 15 tahun. Penyakit difteri dapat dijumpai pada kawasan adat penduduk dengan tingkat sanitasi rendah.

Pada penelitian ini membahas pola penyebaran penyakit difteri yang ditinjau secara probabilistik dan simulasi model. Model yang akan digunakan adalah model *discrete time Markov chain susceptible infected recovered (DTMC SIR)* dengan menggunakan laju penularan dan laju kesembuhan dari penelitian Aryani dkk. (2020) tentang model *SVIR* pada penyebaran penyakit difteri di Indonesia.

1.2 Tinjauan Pustaka

Tuckwell and Williams (2005) melakukan penelitian pada model SIR secara probabilistik dengan populasi tetap dan kontak antar individu terjadi secara acak. Hasil penelitian yang diperoleh adalah model dapat mengetahui variabilitas yang besar dalam jumlah total individu yang terinfeksi dan total durasi epidemi. Hethcote (2000) menyebutkan bahwa model matematika dapat menggambarkan pola penyebaran penyakit.

Allen (2008) melakukan penelitian tentang model matematika *DTMC*, *CTMC*, dan *SDE* yang ditinjau secara probabilistik. Model matematika *DTMC* dan *CTMC* berdasarkan pada waktu diskrit dan kontinu, sedangkan model *SDE* didasarkan pada proses difusi dengan waktu kontinu. Allen (2008) juga membahas tentang durasi berakhirnya epidemi. Aryani dkk. (2020) dalam penelitiannya model epidemi *SVIR* (*Susceptible Vaccine Infected Recovery*) pada pola penyebaran penyakit difteri di Indonesia.

1.3 Landasan Teori

1.3.1 Proses Stokastik.

Parzen (1962), dan Taylor and Karlin (1998), menyebutkan bahwa proses stokastik merupakan kumpulan dari variabel random $\{X(t)|t \in T\}$ dengan T merupakan himpunan indeks. Jika $T = \{0,1,2,3, \dots\}$,

maka proses stokastik dinyatakan sebagai proses stokastik dengan waktu diskrit, sedangkan jika $T = \{0 < t < \infty\}$ maka proses stokastik dinyatakan sebagai proses stokastik dengan waktu kontinu.

1.3.2 Proses Markov.

Perubahan jumlah individu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* pada saat t_n hanya dipengaruhi oleh banyaknya individu *susceptible*, *infected*, dan *recovered* pada saat t_{n-1} . Proses kejadian ini menunjukkan bahwa penyebaran penyakit merupakan suatu kejadian khusus dari proses stokastik yaitu proses Markov. Menurut Parzen (1962) dan Karlin and Taylor (1998), suatu proses stokastik dikatakan sebagai proses Markov, jika diberikan suatu nilai $I(t)$, maka nilai $I(s)$ dengan $s > t$ tidak bergantung pada nilai $I(u)$ dengan $u < t$. Probabilitas bersyarat dari $I(t_n)$ dengan syarat $I(t_1), I(t_2), \dots, I(t_{n-1})$, hanya bergantung pada nilai $I(t_{n-1})$. Dapat dituliskan sebagai berikut

$$\begin{aligned} P[I(t_n) = i_n | I(t_1) = i_1, \dots, I(t_{n-1}) \\ = i_{n-1}] \\ = P[I(t_n) = i_n | I(t_{n-1}) = i_{n-1}] \end{aligned}$$

Suatu nilai I tertentu dikatakan sebagai suatu *state* dari proses stokastik $\{I(t), t \in T\}$ jika terdapat suatu t dalam himpunan waktu T sehingga probabilitas $P[i - h < I(t) < i + h]$ bernilai positif untuk $h > 0$. Himpunan nilai yang mungkin dari suatu proses stokastik disebut sebagai ruang *state*. Suatu proses Markov yang mempunyai ruang *state* diskrit disebut rantai Markov.

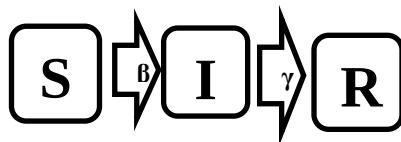
1.3.3 Model Epidemi SIR.

Pada model epidemi *SIR* populasi terbagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok *susceptible* (S), kelompok *infected* (I), dan kelompok *recovered* (R). kelompok *susceptible* (S) merupakan kelompok individu yang sehat namun dapat terinfeksi penyakit, kelompok *infected* (I) merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit, dan kelompok *recovered* (R) merupakan kelompok individu yang sembuh dari penyakit. Menurut Allen (2008), asumsi yang digunakan dalam model epidemi *SIR* adalah

1. Penyakit menyebar pada populasi tertutup yaitu tidak ada individu yang masuk maupun keluar dari populasi tersebut.
2. Populasi homogen.
3. Hanya ada satu penyakit yang menyebar dalam populasi tersebut.
4. Laju kelahiran dan laju kematian diabaikan.

Model epidemi *SIR* menggambarkan penyebaran infeksi suatu penyakit dari suatu kelompok individu yang rentan terhadap penyakit (*susceptible*) kemudian menjadi kelompok yang terinfeksi penyakit karena menjalin kontak dengan kelompok individu yang terinfeksi penyakit (*infected*), setelah itu individu menjadi sembuh dan mempunyai sistem kekebalan tubuh permanen dari penyakit yang sama sehingga tidak dapat terserang penyakit tersebut lagi (*recovered*).

Pada model *SIR*, penyebaran penyakit terjadi bila terdapat perpindahan individu dari kelompok *susceptible* (*S*) ke *infected* (*I*) dengan laju penularan sebesar β dan dari kelompok *infected* (*I*) ke *recovered* (*R*) dengan laju kesembuhan γ seperti yang ditunjukkan pada Gambar 1



Gambar 1 Skema Model *SIR*

Berdasarkan asumsi yang digunakan dalam model epidemi *SIR*, disebutkan bahwa populasi menyebar pada populasi tertutup yang berarti tidak ada individu masuk maupun keluar dari populasi atau dapat dikatakan sebagai populasi konstan, sehingga jumlah individu tersebut tetap atau $S(t) + I(t) + R(t) = N$, $\forall t$ dengan N adalah jumlah individu pada populasi.

1.3.4 Difteri.

Difteri adalah penyakit yang disebabkan oleh *Corynebacterium diphtheria*, suatu bakteri Gram positif fakultatif anaerob. Penyakit ini ditandai dengan sakit tenggorokan, demam, malaise dan pada pemeriksaan ditemukan pseudomembran pada tonsil, faring, dan rongga hidung. Difteri adalah penyakit yang ditularkan

melalui kontak langsung atau *droplet* dari individu yang terinfeksi (Bruescher E, 2016).

Penularan disebarkan melalui *droplet*, kontak langsung dengan sekresi saluran napas individu terinfeksi. Pada daerah endemis, 3%-5% orang sehat bisa sebagai pembawa bakteri difteri toksigenik. Bakteri *C. diphtheriae* dapat bertahan hidup dalam debu atau udara luar sampan dengan 6 bulan (Anonim, 2010).

Pencegahan secara umum dengan menjaga kebersihan dan memberikan pengetahuan tentang bahayanya difteri. Pada umumnya setelah individu terinfeksi penyakit ini, kekebalan terhadap penyakit ini sangat rendah sehingga perlu imunisasi.

2. Metode Penelitian

Berikut langkah-langkah yang perlu dilakukan untuk mencapai tujuan penelitian ini adalah

1. Menurunkan model *DTMC SIR*
 - a. Menjelaskan kejadian penyebaran penyakit pada model epidemi *DTMC SIR*
 - b. Menentukan asumsi model *DTMC SIR*
 - c. Menentukan probabilitas transisi model epidemi *DTMC SIR*
2. Menyimulasikan model *DTMC SIR* pada suatu pola penyebaran penyakit difteri
 - a. Menetapkan laju penularan dan laju kesembuhan
 - b. Mengasumsikan banyaknya populasi dan jumlah awal individu terinfeksi..
 - c. Menetapkan nilai awal untuk masing-masing parameter dan kelompok idividu.
 - d. Memberikan interpretasi pada hasil simulasi

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Model Epidemi *DTMC SIR*

Penyebaran penyakit terjadi jika terdapat kontak antara individu terinfeksi dengan individu yang rentan terhadap penyakit kemudian sembuh dan kebal terhadap penyakit tersebut, ini sesuai dengan karakteristik model matematika yaitu model *susceptible infected recovery*. Pada model epidemi *SIR* terbagi menjadi tiga kelompok yaitu kelompok *susceptible* (*S*) merupakan kelompok individu yang sehat namun dapat

terinfeksi penyakit, kelompok *infected* (I) merupakan kelompok individu yang terinfeksi penyakit, dan kelompok *recovered* (R) merupakan kelompok individu yang sembuh dari penyakit. Jumlah individu pada kelompok S , I , dan R pada waktu t masing-masing dinyatakan dengan $S(t)$, $I(t)$, dan $R(t)$. Populasi diasumsikan konstan, sehingga jumlah individu pada populasi tersebut tetap atau $S(t) + I(t) + R(t) = N$ dengan N adalah total jumlah individu pada populasi.

Model epidemi *DTMC SIR* mempunyai dua variabel random independen yaitu $S(t)$ dan $I(t)$, oleh karena itu model epidemic *DTMC SIR* disebut sebagai *bivariate process*. Variabel random $R(t) = N - S(t) - I(t)$ *bivariate process* $\{(S(t), I(t))\}_{t=0}^{\infty}$ mempunyai fungsi probabilitas bersama

$$p_{(s,i)}(t) = P[S(t) = s, I(t) = i]$$

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

Jumlah individu S dan I dapat berubah setiap waktu. Besarnya perubahan individu S pada selang waktu Δt adalah k dan besarnya perubahan individu I pada selang waktu Δt adalah j , maka perpindahan dari *state* s ke $s + k$ dan *state* i ke $i + j$ disebut transisi.

Probabilitas transisi dapat dituliskan sebagai:

$$P_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = P\{(\Delta S, \Delta I) = (k, j) | (S(t), I(t)) = (s, i)\}$$

dengan $\Delta S = S(t + \Delta t) - S(t)$

Asumsikan bahwa Δt dapat dipilih menjadi cukup kecil sehingga hanya terdapat satu perubahan *state* yang terjadi dalam interval waktu Δt , dengan Δt adalah satu kali periode infeksi.

Individu dari kelompok S berpindah kondisi menjadi kelompok I , yang berarti terjadi transisi dari *state* $S(s, i)$ ke *state* $(s - 1, i + 1)$. Perpindahan ini terjadi karena penularan penyakit dari individu I kepada Individu S . jika terdapat I individu dalam populasi N , maka probabilitas individu I melakukan kontak dengan individu S adalah $\frac{i}{N}$. jika laju kontak atau laju penularan adalah β , maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s - 1, i + 1)$ adalah

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

Individu dari kelompok I berpindah kondisi menjadi kelompok R , yang berarti terjadi transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$. Perpindahan ini terjadi karena individu I menjadi sembuh. Jika laju kesembuhan adalah γ , maka besarnya

probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s, i - 1)$ $P_{(s,i-1),(s,i)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t$ (2)

Jika individu di setiap kelompok tidak mengalami penambahan atau pengurangan, berarti tidak terjadi perubahan *state*, maka besarnya probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* (s, i) dalam interval waktu Δt adalah

$$P_{(s,i),(s,i)}(\Delta t) = 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \gamma i \right] \Delta t \quad (3)$$

Kemungkinan perpindahan individu dari *state* ke *state* yang lain hanya satu individu yang bertransisi dalam interval waktu yang sangat kecil. Oleh karena itu, dalam interval waktu Δt , besarnya probabilitas transisi dengan banyaknya individu yang berpindah lebih dari satu atau lebih adalah nol. Persamaan (1), (2), dan (3) merupakan probabilitas transisi model epidemi *DTMC SIR* yang ditulis sebagai:

$$P_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t & (k, j) = (-1, 1) \\ \gamma i \Delta t & (k, j) = (0, -1) \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \gamma i \right] \Delta t & (k, j) = (0, 0) \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases} \quad (4)$$

dengan

β = laju kontak atau penularan

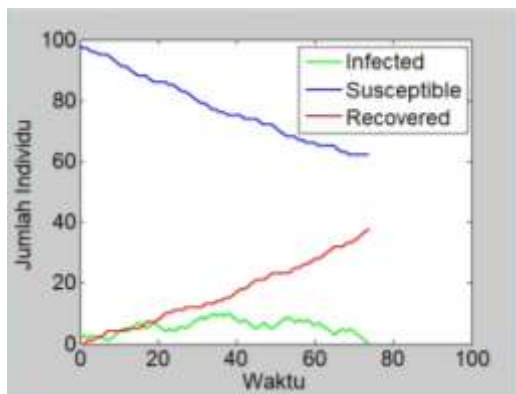
γ = laju kesembuhan

Model epidemi *DTMC SIR* adalah probabilitas transisi dari *state* (s, i) ke *state* $(s + k, i + j)$, dinyatakan dengan persamaan (4). Jumlah individu kelompok S, I dan R dapat ditentukan pada waktu tertentu dengan menggunakan persamaan (4), dan nilai awal diberikan terlebih dahulu.

3.2 Penerapan Model Epidemi *DTMC SIR*

Penerapan model epidemi *DTMC SIR* pada penyebaran penyakit difteri yang merujuk pada penelitian Aryani dkk (2019) dengan nilai parameter laju kontak atau penularan setiap tahunnya yaitu $\beta = 0.6555348$ yang berarti rata-rata 6555348 individu rentan yang menjadi terinfeksi dari setiap 10000000 kontak yang terjadi antara individu rentan dengan individu terinfeksi dan laju kesembuhan setiap tahunnya yaitu $\gamma = 0.558782$ yang berarti individu terinfeksi memiliki probabilitas kesembuhan dari penyakit difteri sebesar 0.558782. Asumsi yang digunakan dalam penerapan ini yaitu populasi konstan sebesar $N = 100$, serta laju kematian dan kelahiran diabaikan. Diberikan nilai awal

$I(0) = 2$, $S(0) = 98$, periode waktu $T = 100$, simulasi model *DTMC SIR* dengan parameter yang digunakan dibangkitkan menggunakan distribusi *uniform* karena memiliki probabilitas yang sama. Berdasarkan nilai parameter dan nilai awal yang diberikan, kemudian akan dilakukan penerapan untuk model epidemi *DTMC SIR* pada pola penyebaran penyakit difteri. Jumlah individu untuk masing-masing kelompok diplot untuk melihat pola penyebaran penyakit difteri, simulasi disajikan pada Gambar 2



Gambar 2. Penerapan Model *DTMC SIR* pada Pola Penyebaran Penyakit Difteri dengan $\beta = 0.6555348$ dan $\gamma = 0.558782$

Berdasarkan Gambar 2, terlihat bahwa jumlah individu kelompok *S* semakin lama semakin menurun dan jumlah individu kelompok *I* awalnya meningkat namun seiring berjalannya waktu jumlah terinfeksi menjadi nol yang berarti semakin lama individu yang terinfeksi akan sembuh dari penyakit difteri. Sedangkan jumlah individu kelompok *R* semakin lama meningkat karena banyak individu yang sembuh dari infeksi penyakit. Epidemi berakhir pada $t=75$ karena sudah tidak ada individu yang terinfeksi lagi, dengan nilai akhir untuk masing masing kelompok individu adalah $S(75) = 60$, $I(75) = 0$, dan $R(75) = 40$.

4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan dapat disimpulkan bahwa:

1. Model Epidemi *SIR* dinyatakan sebagai

$$P_{(s+k,i+j)(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{i}{N} s \Delta t & (k,j) = (-1,1) \\ \gamma i \Delta t & (k,j) = (0,-1) \\ 1 - \left[\beta \frac{i}{N} s + \gamma i \right] \Delta t & (k,j) = (0,0) \\ 0, & \text{yang lain.} \end{cases}$$

2. Penerapan model epidemi *DTMC SIR* pada pola penyebaran penyakit difteri dengan laju kontak dan laju kesembuhan yang merujuk pada penelitian Aryani dkk. (2019) disimpulkan bahwa epidemi akan berakhir pada saat $t=75$, karena sudah tidak ada lagi individu yang terinfeksi.

5. Daftar Pustaka

- Allen, L. J. (2008). An introduction to stochastic epidemic models. In *Mathematical epidemiology* (pp. 81-130). Springer, Berlin, Heidelberg.
- Aryani, I., dan Widyaningsih, P. (2020, February). Model Susceptible Vaccinated Infected Recovered (SVIR) dan Penerapannya pada Penyakit Difteri di Indonesia. In *PRISMA, Prosiding Seminar Nasional Matematika* (Vol. 3, pp. 156-162).
- Brauer, F., P. Driessche, and J. Wu. 2008. *Mathematical Epidemiology*, Springer.
- Buescher, E. (2016). Diphtheria (*Corynebacterium diphtheriae*). In Kliegman RM, Stanton BF, St Geme III JW, & Schor NF, *Nelson Textbook of Pediatrics* (pp. 1345-1351). USA: Elsevier.
- Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM review*, 42(4), 599-653.
- Parzen, E. 1962. *Stochastic Processes*. California: Holden-Day Inc.
- Taylor, Howard M, and Samuel K. 1998. *An Introduction to Stochastic Modelling*. 3rd. San Diego: Academic Press.
- Tuckwell, H. C., and Williams, R. J. (2007). Some properties of a simple stochastic epidemic model of SIR type. *Mathematical biosciences*, 208(1), 76-97.