

PEMETAAN PENYAKIT DEMAM BERDARAH DI KOTA BOGOR MENGGUNAKAN *POISSON MIXTURE MODEL*

¹I Gede Nyoman Mindra Jaya

¹Departement Statistika Universitas Padjajdaran

jay.komang@gmail.com

ABSTRAK. Pemetaan penyakit menjadi topik penting dalam bidang epidemiologi. *Standardized Morbidity Ratio* (SMR) dinilai tidak handal sebagai penaksir resiko relative khususnya pada area kecil. Banyak metode yang telah dikembangkan untuk mendapatkan taksiran resiko relative yang paling reliabel. Kehandalan dari penaksir resiko relative sangatlah penting karena informasi ini akan dijadikan rujukan untuk mengidentifikasi area-area yang harus menjadi prioritas penanggulangan penyakit. Salah satu metode tersebut adalah *Poisson Mixture Model*. Metode ini dinilai mampu menghasilkan pemetaan penyakit dengan pola spatial yang lebih jelas dibandingkan dengan SMR. Hasil pemetaan berupa kluster-kluster dari kluster dengan Resiko Relatif tinggi sampai kluster dengan resiko relatif rendah. *Deviance log likelihood* dijadikan dasar untuk menentukan ukuran kluster yang paling sesuai. Pada penelitian ini, metode *Poisson Mixture Model* diterapkan untuk mengidentifikasi pola penyebaran Penyakit Demam Berdarah di Kota Bogor Tahun 2012. Ditemukan 48 Kelurahan memiliki nilai Resiko Relatif lebih besar dari 1 dan yang paling besar adalah Kelurahan Tanah Sereal.

KataKunci : Pemetaan Penyakit, SMR, Poisson Mixture Model, Log Likelihood

1. PENDAHULUAN

Musim penghujan selalu diiringi dengan permasalahan kesehatan masyarakat. Salah satu penyakit yang banyak ditemui di Negara Tropis adalah penyebaran penyakit Demam

Berdarah Dengue (DBD). Penyakit DBD disebabkan oleh virus dengue yang dibawa oleh nyamuk *aedes aegypti* betina lewat air liur gigitan saat menghisap darah manusia [1].

Jawa Barat adalah salah satu Provinsi di Indonesia dengan angka kejadian DBD masuk dalam kategori Tinggi. Pada Tahun 2009 Jawa Barat menduduki posisi ke enam dengan angka kejadian tertinggi yaitu hampir 90 kasus ditemukan untuk 100.000 penduduk. Bogor salah satu Kota di Jawa Barat sebagai penyumbang terbesar kasus DBD di Jawa Barat [1]. Tercatat sebanyak 64 dari 68 kelurahan di Kota Bogor Endemis DBD [2]

Data yang dikumpulkan dalam riset umumnya mengandung variasi tidak terkecuali data data yang dikumpulkan dalam studi epidemiologi atau dunia kesehatan khususnya . Variasi yang melekat pada data seringkali disebabkan oleh berbagai faktor diantaranya adanya dependensi spasial, dan pengaruh dari variabel yang tidak terobservasi baik yang bersifat sistmatis maupun random. Identifikasi dan pemodelan variansi ini dapat dilakukan secara statistic [3]. Variansi yang terjadi pada data counting atau cacah berakibat pada terjadinya overdispersi yaitu nilai variansi berbeda dengan nilai rata-ratanya. Untuk penelitin spasial, overdispersi ini lebih sering terjadi pada kondisi data yang dikumpulkan dari area-area dengan variasi yang bebeda khususnya dari luas area, jumlah penduduknya serta berbagai faktor lainnya.

Pemetaan penyakit dalam studi epidemiologi menjadi salah satu topic riset yang sangat berkembang. Kebutuhan informasi yang reliabel tentang kelompok area atau area dengan resiko tinggi terjangkit suatu penyakit menjadi keharusan. Informasi ini akan dijadikan rujukan bagi pemerintah melalui dinas kesehatan untuk melakukan prioritas penanganan penyebaran penyakit

Ukuran Standardized Mortality / Morbidity Ratio (SMR) yang umumnya digunakan dalam pemetaan penyakit. Namun ukuran ini dapat memberikan informasi yang keliru dalam pemetaan penyakit, karena area-area kecil (*small area*) cenderung menginformasikan nilai resiko relative yang tinggi dan area besar cenderung memberikan informasi resiko relative yang kecil [4].

Kekuranghandalan dari SMR dalam menaksir resiko relative menjadi fokus peneliti. Beberapa peneliti telah mengusulkan berberapa metode alternative. Clayton dan Kaldor (1987) mengusulkan metode empirical Bayes Poisson-Gamma dan Poisson Lognormal. Metode ini diterapkan pada pemetaan kangker bibir di Skotlandia. Metode Empirical Bayes merupakan sebuah metode pemulusan dengan menghilangkan pengaruh faktor external yang menyebabkan terjadinya overdispersi. Metode Empirical Bayes memanfaatkan informasi area tetangga untuk meningkatkan kualitas penaksiran resiko relative. Clayton dan Kaldor (1987) menggunakan metode Maksimum Likelihood dalam menaksir parameter prior dalam empirical Bayes.

Marshall (1995) mengusulkan metode penaksir moment untuk menaksir parameter prior. Metode momen memberikan kemudahan dalam proses komputasi dibandingkan dengan metode yang diusulkan oleh Clayton dan Kaldor (1987). Marshall memperkenalkan penaksir Global dan penaksir local. Penaksir Global mengsumsikan resiko relative di suatu

area saling independen. Sedangkan metode local mengsumsikan resiko relative di suatu area saling mempengaruhi.

Schlattmann and Bohning (1993) mengusulkan satu pendekatan baru dengan metode *Poisson Mixture Model* atau juga dikenal dengan Nonparametric Maksimum Likelihood (NPML). Untuk menjelaskan variansi yang terjadi dalam data digunakan fungsi peluang mixture dari variabel yang teramati seperti variabel jumlah kasus pada suatu area. Pedefinisian fungsi peluang secara tepat dapat membantu mengidentifikasi dan memodelkan variansi secara tepat. Fungsi peluang dari jumlah kasus mengikuti distribusi Poisson dan dikatakan Nonparametric Mixture Model karena parameter λ sebagai parameter resiko relative dan parameter *proporsi* keanggotaan komponen tidak diketahui [6].

Kelebihan metode *Poisson Mixture Model* dibandingkan metode klasik adalah metode klasik yaitu memberikan visualisasi resiko relative yang lebih jelas dalam peta karena peta hanya tersusun dari k cluster. Metode ini mengasumsikan area dalam komponen memiliki resiko relative yang sama dan berbeda antara komponen.

Penelitian ini dilakukan dengan tujuan memetakan resiko relative penyakit DBD di Kota Bogor untuk mengidentifikasi kelompok area yang memiliki resiko tinggi.

2. METODE PENELITIAN

Data penelitian kasus DBD di Kota Bogor Tahun 2012 diperoleh dari Dinas Kesehatan Kota Bogor. Pada tahun 2012 ditemukan sebanyak 982 Kasus DBD dari total 1.004.831 penduduk yang mungkin terpapar DBD. Secara keseluruhan peluang seorang terjangkit DBD di Kota Bogor sangatlah kecil hanya sebesar 0.00098 sehingga kejadian DBD di Kota Bogor mengikuti distribusi Poisson.

Poisson Mixture Model

Schlattmann and Bohning (1993) memperkenalkan metode Poisson Mixture Model untuk menaksir parameter resiko relative. Metode ini didasarkan pada permasalahan konsistensi penaksir maksimum likelihood untuk parameter yang banyak. *Neyman-Scott problem*, menyatakan sulit mendapatkan taksiran parameter yang konsisten untuk banyak parameter dikaitkan dengan ukuran sampel yang kecil. Kiefer and Wolfowitz (1956) menunjukkan bahwa taksiran parameter yang konsisten mungkin diperoleh jika terdapat $\lambda_1, \dots, \lambda_k$ yang diasumsikan berasal dari sebuah populasi parameter dari distribusi P yang teridentifikasi dengan :

$$P = \begin{bmatrix} \lambda_1, \dots, \lambda_k \\ p_1, \dots, p_k \end{bmatrix}$$

.....(1)

P adalah fungsi distribusi yang tidak diketahui distribusi peluangnya sehingga dapat dinyatakan bahwa y_i berasal dari populasi dengan non parametric mixture density sebagai berikut :

$$f_{mixture}(y_i|\lambda_j, E_i) = \sum_{j=1}^k p_j f_j(y_i|\lambda_j, E_i); \sum_{j=1}^k p_j = 1, \text{ untuk } i = 1, 2, \dots, m$$

.....(2)

Dengan $p_j = P[\lambda = \lambda_j]$ yaitu proporsi keanggotaan masing-masing komponen. Untuk menaksir parameter λ_j dan p_j digunakan metode Non Parametric Maximum Likelihood (NPML). Untuk mendapatkan solusi dari metode NPML digunakan metode EM Algorithm [6].

Non Parametric Maximum Likelihood

Misalkan area yang diteliti terdiri dari k sub population dengan setiap sub population memiliki resiko relative sebesar $\lambda_j, j = 1, 2, \dots, k$ dengan ukuran setiap sub populasi sebesar p_j . Fungsi peluang Mixture Poisson dapat dituliskan sebagai berikut :

$$f_{mixture}(y_i|\lambda_j, E_i) = \sum_{j=1}^k p_j f_j(y_i|\lambda_j, E_i); \sum_{j=1}^k p_j = 1, \text{ untuk } i = 1, 2, \dots, m$$

.....(3)

Fungsi peluang di atas terdiri dari k sub population dengan sebanyak k parameter resiko relatif yang tidak diketahui dan sebanyak $k - 1$ bobot sub populasi p_1, \dots, p_{k-1} yang tidak diketahui.

Estimasi

Berbagai metode dikembangkan untuk menaksir parameter mixture model diantaranya metode grafik, metode momen, metode jarak minimum, metode maximum likelihood dan metode bayes. Namun tidak ada satupun metode yang memberikan formula eksplisit dalam menaksir parameter mixture model.

Metode Maximum Likelihood telah banyak digunakan dalam menaksir parameter mixture model dengan fungsi likelihood sebagai berikut :

$$L(\Theta; \mathbf{y}) = \prod_{i=1}^m f_{mixture}(y_i | \lambda_j, E_i) = \prod_{i=1}^m \sum_{j=1}^k p_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i) \quad \dots(4)$$

Umumnya lebih mudah dicari solusi dengan menggunakan fungsi log likelihoodnya :

$$l(\Theta; \mathbf{y}) = \sum_{i=1}^m \log(f_{mixture}(y_i | \lambda_j, E_i)) = \sum_{i=1}^m \log\left(\sum_{j=1}^k p_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i)\right) \quad \dots(5)$$

Tidak ada solusi tertutup untuk untuk memaksimalkan fungsi loglikelihood diatas karena adanya tanda sigma setelah log sebagai bentuk dari mixture model. Pendekatan non linear umumnya digunakan untuk mencari solusi untuk memaksimalkan fungsi log likelihood diatas .

Dempster, Laird, and Rubin (1977) memperkenalkan metode EM (Expectation Maximization) Algorithm untuk data hilang guna menaksir parameter mixture model.

Dalam penaksiran parameter, diasumsikan terdapat variabel laten \mathbf{Z} yang berpasangan dengan observasi \mathbf{y} . Variabel laten \mathbf{Z} merupakan variabel indicator dengan nilai $\{0,1\}$. Variabel ini diposisikan sebagai variabel missing dalam implementasi EM. Variabel observasi diasumsikan sebagai vairabel dengan missing label sehingga data yang lengkapnya adalah (\mathbf{y}, \mathbf{Z}) dengan setiap observasi diketahui keanggotaannya dalam kluster.

Misalkan indicator vector \mathbf{Z}_i berdimensi k dengan k menyatakan banyak komponen (*cluster*) sehingga label indicator dapat dituliskan (Z_{i1}, \dots, Z_{ik}) dengan $Z_{ij} = 1$ jika dan hanya jika $y_i \in \text{Group}_j$; dan 0, untuk kondisi lainnya sehingga mudah dipahami bahwa $\sum_{j=1}^k Z_{ij} = 1$ dan \mathbf{Z}_i diasumsikan diambil dari populasi berdistribusi multinomial untuk pengambilan satu sampel ($n = 1$) dengan k kategori dan peluang untuk setiap kategori p_1, \dots, p_k sehingga dapat ditulis fungsi peluangnya sebagai berikut :

$$\mathbf{Z}_i \sim f(\mathbf{Z}_i) = \text{Mult}(1, \mathbf{p}) = \frac{1}{Z_{i1}! \dots Z_{ik}!} \prod_{j=1}^k (p_j)^{Z_{ij}} = \prod_{j=1}^k (p_j)^{Z_{ij}} \quad \dots(6)$$

Dengan $\mathbf{p} = (p_1, \dots, p_k)'$. Banyak observasi yang masuk dalam komponen ke- k dapat diketahui dengan menjumlahkan vector \mathbf{Z}_{ij} untuk setiap j atau :

$$n_j = \sum_{i=1}^n Z_{ij} \text{ dan } \sum_{j=1}^k n_j = n \quad \dots(7)$$

Fungsi densitas gabungan $f(\mathbf{y}, \mathbf{Z})$ dapat diperoleh dari perkalian fungsi densitas bersyarat $f(\mathbf{y}|\mathbf{Z})$ dengan fungsi densitas marginal $f(\mathbf{Z})$. Ketika $Z_{ij} = 1$ maka $f(\mathbf{y}|\mathbf{Z}) = f_j(\mathbf{y})$ sehingga secara sederhana dapat dituliskan $f(\mathbf{y}|\mathbf{Z}) = \prod_{j=1}^k (f_j(\mathbf{y}))^{Z_{ij}}$ begitu juga untuk $Z_{ij} = 1$ maka $f(\mathbf{Z}) = p_j$ atau $f(\mathbf{Z}) = \prod_{j=1}^k (p_j)^{Z_{ij}}$. Sehingga,

$$f(\mathbf{y}, \mathbf{Z}) = f(\mathbf{y}|\mathbf{Z})f(\mathbf{Z}) = \prod_{j=1}^k [p_j f_j(\mathbf{y})]^{Z_{ij}} \quad \dots(8)$$

Perhatikan bahwa observasi y_i dapat dipertimbangkan diambil dari komponen ke- j dengan fungsi densitas $f_j(\mathbf{y})$ dan peluang p_j . Sehingga, dengan Teorema Bayes, dapat dihitung peluang observasi y_i akan masuk ke komponen- j jika y_i sudah terambil misalkan dinyatakan dengan τ_{ij}

$$\tau_{ij} = \Pr(y_i \in \text{Group}_j | y_i) = \frac{\Pr(y_i \in \text{Group}_j) \Pr(y_i | y_i \in \text{Group}_j)}{\Pr(y_i)}$$

$$\tau_{ij} = \frac{p_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i)}{\sum_{j=1}^k p_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i)} \quad \dots(9)$$

EM Algorithm

Dalam kaitan pemetaan penyakit $y_i \sim \text{Poisson}(\lambda_j, E_i)$ sehingga fungsi likelihood dari densitas bersama $f(\mathbf{y}, \mathbf{Z})$ dapat ditulis sebagai berikut :

$$L(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z}) \propto \prod_{i=1}^m \prod_{j=1}^k \left[p_j \frac{\exp(-E_i \lambda_j) (E_i \lambda_j)^{y_i}}{y_i!} \right]^{Z_{ij}}$$

Dengan fungsi loglikelihood nya adalah :

$$l(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z}) = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^k z_{ij} \left\{ \log p_j + \log \left(\frac{\exp(-E_i \lambda_j) (E_i \lambda_j)^{y_i}}{y_i!} \right) \right\} \quad \dots(10)$$

Tahap Expectation (E)

Pada tahap ini dicari ekspektasi dari fungsi loglikelihood $E_{\mathbf{Z}|\mathbf{y}}[l(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})]$. Perhatikan bahwa fungsi peluang dari $\mathbf{Z}|\mathbf{y}$ adalah Bernoulli sehingga :

$$\begin{aligned} E_{\mathbf{Z}|\mathbf{y}}(z_{ij}) &= 1 \times f_j(\mathbf{Z}_i|\mathbf{y}, E_i \lambda_j) + 0 \times f_j(\mathbf{Z}_i|\mathbf{y}, E_i \lambda_j) \\ &= 1 \times f_j(\mathbf{Z}_i|\mathbf{y}, E_i \lambda_j) \\ &= \frac{p_j f_j(\mathbf{Z}_i|\mathbf{y}, E_i \lambda_j)}{\sum_{j=1}^k p_j f_j(\mathbf{Z}_i|\mathbf{y}, E_i \lambda_j)} = \tau_{ij} \end{aligned}$$

Selanjutnya diperoleh :

$$E_{\mathbf{Z}|\mathbf{y}} \ln L(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z}) = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^k \tau_{ij} \left\{ \log p_j + \log \left(\frac{\exp(-E_i \lambda_j) (E_i \lambda_j)^{y_i}}{y_i!} \right) \right\} \quad \dots(11)$$

Dengan τ_{ij} menyatakan peluang observasi ke- i masuk ke group - j .

Tahap Maximization (M)

Tahap M pada algoritma EM adalah memaksimalkan $E_{\mathbf{Z}|\mathbf{y}} \ln L(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})$ yaitu dengan menurunkan fungsi $E_{\mathbf{Z}|\mathbf{y}} \ln L(\Theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})$ atas parameter-parameter yang akan ditaksir. Sehingga diperoleh :

$$p_j = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \tau_{ij} \text{ dan } \lambda_j = \frac{\sum_{i=1}^m \tau_{ij} y_i}{\sum_{i=1}^m \tau_{ij} E_i}$$

Secara umum algoritma untuk menaksi parameter p_j dan λ_j dapat dituliskan sebagai berikut :

1. Tetapkan nilai awal untuk p_j dan λ_j
 - a. Nilai p_j dapat ditetapkan sama sehingga $p_1 = p_2 = \dots = p_k = k/m$

b. Nilai λ_j - Uniform ($k, \min(SMR), \max(SMR)$)

2. Tahap *Expectation* : Menghitung ekspektasi dari loglikelihood(τ_{ij}) dengan formulasi

$$\tau_{ij} = \frac{P_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i)}{\sum_{j=1}^k P_j f_j(y_i | \lambda_j, E_i)} \text{ dengan } f_j(y_i | \lambda_j, E_i) = \frac{\exp(-E_i \lambda_j) (E_i \lambda_j)^{y_i}}{y_i!}$$

3. Tahap *Maximization* (M) : Memaksimumkan ekspektasi dari loglikelihood dengan nilai baru untuk p_j dan λ_j sebagai berikut :

$$p_j = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \tau_{ij} \text{ dan } \lambda_j = \frac{\sum_{i=1}^m \tau_{ij} y_i}{\sum_{i=1}^m \tau_{ij} E_i}$$

4. Ulangi tahap 2 dan 3 sampai diperoleh nilai taksiran yang konfergen

Menguji Banyak Komponen

Untuk menentukan banyak komponen yang mewaliki data dapat dilakukan dengan pengujian hipotesis sebagai berikut :

H_0 : Banyak komponen = k

H_1 : Banyak komponen = $k + 1$

Statistik uji yang digunakan adalah Likelihood Ratio test dengan formulasi sebagai berikut :

$$LRT = 2[l(\theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})^{(k+1)} - l(\theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})^{(k)}]$$

Kriteria uji yang digunakan adalah jika nilai LRT lebih besar dari nilai χ^2 maka hipotesis nol ditolak yang artinya banyak komponen $k + 1$ lebih sesuai.

3. HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

Taksiran resiko relative untuk data DBD di Kota Bogor Tahun 2012 dengan metode *Poisson Mixture Model* atau *Nonparametrik Maksimum Likelihood* diperoleh menggunakan bantuan Software R dengan package CAMAN. Hasil perhitungan disajikan pada Tabel di bawah ini :

Tabel 1. Taksiran Bobot dan Parameter Relative Risk Menggunakan Package CAMAN

Komponen	Bobot	Parameter	Log-Likelihood	LRT	Chi-Square
k	p_j	λ_j	$l(\theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})$		χ^2
	0.060	0.000			
4	0.275	0.446	-241.2365	4.8358	0.027875

Komponen	Bobot	Parameter	Log-Likelihood	LRT	Chi-Square
k	p_j	λ_j	$l(\theta; \mathbf{y}, \mathbf{Z})$		χ^2
	0.504	1.061			
	0.161	2.085			
	0.059	0.000			
	0.250	0.425			
5	0.486	1.005	-238.8186	11.4892	0.0007
	0.189	1.829			
	0.016	3.680			
	0.000	0.000			
	0.110	0.042			
6	0.270	0.556			
	0.438	1.067	-233.074		-
	0.167	1.886			
	0.016	3.688			

Hasil perhitungan menunjukkan bahwa banyak komponen 5 yang lebih sesuai untuk mewakili distribusi kasus DBD di Kota Bogor dengan pertimbangan bahwa absolute nilai loglikelihood nya lebih kecil dibandingkan 4 komponen dan hasil Chi-Square menunjukkan p.value kurang dari 0.05. Walaupun nilai absolute log-likelihood dari banyak komponen 6 lebih kecil dibandingkan 5 namun jika diperhatikan bobot p_1 sama dengan nol sehingga banyak komponen 5 lebih sesuai.

Hasil ini menginformasikan bahwa banyak kasus DBD yang ditemukan disetiap kelurahan di Kota Bogor berasal dari populasi dengan 5 subpopulasi dengan taksiran parameter resiko relative dan proporsi untuk setiap sub populasi disajikan sebagai berikut:

$$\vec{P} = \begin{bmatrix} 0.000 & 0.425 & 1.005 & 1.829 & 3.680 \\ 0.059 & 0.250 & 0.486 & 0.189 & 0.016 \end{bmatrix}$$

dan fungsi densitas mixture nya adalah sebagai berikut :

$$f_{mixture}(y_i | E_i \vec{\lambda}_j) = 0.059 f_1(y_i | E_i 0.000) + 0.250 f_2(y_i | E_i 0.425)$$

$$+0.486f_3(y_i|E_i;1.005) + 0.189f_4(y_i|E_i;1.829)$$

$$+0.189f_5(y_i|E_i;3.680)$$

Selanjutnya untuk taksira peluang posterior disajikan pada tabel di bawah ini :

Tabel 2. Taksiran Peluang Posterior dan Resiko Relatif

Kode Kelurahan	Peluang Posterior					Group	Resiko Relatif		Kode Kelurahan	Peluang Posterior					Group	Resiko Relatif	
	1	2	3	4	5		NPML	SMR		1	2	3	4	5		NPML	SMR
1	0.000	0.206	0.794	0.000	0.000	3	1.005	0.715	35	0.000	0.008	0.820	0.171	0.000	3	1.005	1.247
2	0.000	0.898	0.102	0.000	0.000	2	0.425	0.518	36	0.000	0.035	0.877	0.088	0.000	3	1.005	1.073
3	0.000	0.000	0.029	0.971	0.000	4	1.829	1.901	37	0.000	0.000	0.476	0.524	0.000	4	1.829	1.471
4	0.000	0.000	0.998	0.002	0.000	3	1.005	1.039	38	0.000	0.001	0.749	0.250	0.000	3	1.005	1.354
5	0.000	0.000	0.996	0.004	0.000	3	1.005	1.076	39	0.000	0.007	0.991	0.002	0.000	3	1.005	0.937
6	0.000	0.422	0.578	0.000	0.000	3	1.005	0.655	40	0.000	0.298	0.700	0.002	0.000	3	1.005	0.693
7	0.000	0.791	0.209	0.000	0.000	2	0.425	0.486	41	0.000	0.879	0.121	0.000	0.000	2	0.425	0.527
8	0.000	0.000	0.401	0.599	0.000	4	1.829	1.541	42	0.000	0.000	0.019	0.943	0.038	4	1.829	2.499
9	0.000	0.402	0.595	0.004	0.000	3	1.005	0.640	43	0.000	0.005	0.555	0.438	0.001	3	1.005	1.616
10	0.000	0.491	0.509	0.000	0.000	3	1.005	0.628	44	0.000	0.999	0.001	0.000	0.000	2	0.425	0.380
11	0.000	0.052	0.931	0.017	0.000	3	1.005	0.909	45	0.000	0.003	0.997	0.000	0.000	3	1.005	0.894
12	0.000	0.361	0.638	0.001	0.000	3	1.005	0.665	46	0.000	0.027	0.966	0.007	0.000	3	1.005	0.910
13	0.000	0.666	0.334	0.000	0.000	2	0.425	0.590	47	0.000	0.279	0.716	0.005	0.000	3	1.005	0.707
14	0.000	0.002	0.998	0.001	0.000	3	1.005	0.949	48	0.000	0.523	0.472	0.005	0.000	2	0.425	0.551
15	0.000	0.000	0.000	0.978	0.021	4	1.829	2.500	49	0.000	0.000	0.951	0.049	0.000	3	1.005	1.177
16	0.000	0.468	0.532	0.001	0.000	3	1.005	0.626	50	0.000	0.035	0.956	0.009	0.000	3	1.005	0.908
17	0.000	0.000	0.924	0.076	0.000	3	1.005	1.284	51	0.000	0.042	0.957	0.001	0.000	3	1.005	0.833
18	0.000	0.013	0.967	0.020	0.000	3	1.005	1.002	52	0.000	0.826	0.174	0.000	0.000	2	0.425	0.445
19	0.000	0.000	0.970	0.030	0.000	3	1.005	1.183	53	0.000	0.951	0.048	0.000	0.000	2	0.425	0.365
20	0.000	0.001	0.927	0.073	0.000	3	1.005	1.199	54	0.000	0.501	0.497	0.002	0.000	2	0.425	0.597
21	0.000	0.975	0.025	0.000	0.000	2	0.425	0.414	55	0.000	0.007	0.991	0.002	0.000	3	1.005	0.931
22	0.000	0.000	0.960	0.039	0.000	3	1.005	1.159	56	0.000	0.000	0.336	0.663	0.000	4	1.829	1.739
23	0.000	0.000	0.222	0.771	0.007	4	1.829	2.063	57	0.000	0.802	0.197	0.001	0.000	2	0.425	0.306

Kode Kelurahan	Peluang Posterior					Group	Resiko Relative		Kode Kelurahan	Peluang Posterior					Group	Resiko Relative	
	1	2	3	4	5		NPML	SMR		1	2	3	4	5		NPML	SMR
24	0.000	0.000	0.026	0.974	0.000	4	1.829	1.724	58	0.714	0.267	0.019	0.000	0.000	1	0.000	0.000
25	0.000	0.000	0.000	0.011	0.989	5	3.680	3.792	59	0.000	0.999	0.001	0.000	0.000	2	0.425	0.071
26	0.000	0.049	0.949	0.002	0.000	3	1.005	0.833	60	0.000	0.000	0.308	0.692	0.000	4	1.829	1.600
27	0.000	0.000	0.660	0.340	0.000	3	1.005	1.404	61	0.000	0.986	0.014	0.000	0.000	2	0.425	0.100
28	0.000	0.000	0.002	0.998	0.000	4	1.829	1.859	62	0.000	0.030	0.933	0.037	0.000	3	1.005	0.995
29	0.000	0.000	0.514	0.486	0.000	3	1.005	1.430	63	0.873	0.124	0.002	0.000	0.000	1	0.000	0.000
30	0.000	0.000	0.001	0.998	0.001	4	1.829	2.271	64	0.000	0.999	0.001	0.000	0.000	2	0.425	0.068
31	0.000	0.000	0.043	0.945	0.012	4	1.829	2.281	65	0.000	0.960	0.040	0.000	0.000	2	0.425	0.356
32	0.000	0.008	0.969	0.023	0.000	3	1.005	1.032	66	0.731	0.253	0.016	0.000	0.000	1	0.000	0.000
33	0.000	0.067	0.913	0.021	0.000	3	1.005	0.902	67	0.929	0.071	0.001	0.000	0.000	1	0.000	0.000
34	0.000	0.006	0.410	0.567	0.017	4	1.829	2.128	68	0.790	0.201	0.009	0.000	0.000	1	0.000	0.000

Hasil perhitungan menunjukkan bahwa kelurahan dengan resiko tinggi ditandai oleh nilai λ lebih besar dari 1. Persentase kelurahan dengan resiko tinggi dapat dihitung dengan menjumlahkan proporsi untuk resiko relative tinggi = $0.486 + 0.189 + 0.016 = 0.691$ atau 69.1% sedangkan persentase kelurahan dengan resiko rendah adalah 3.09%. Kelurahan dengan resiko rendah masuk dalam kelompok 1 dan 2 serta resiko tinggi masuk dalam kelompok 3,4 dan 5. Kelurahan dengan resiko rendah diantaranya adalah Kertamaya (66), Bojongkerja (67), Rancamaya (68). Sedangkan kelurahan dengan resiko sangat tinggi yaitu Tanah Sereal (25).

Statistik dari dua penaksir resiko relatif Nonparameterik Maksimum Likelihood (NPML) atau *Poisson Mixture Model* dan Maksimum Likelihood (SMR) disajikan pada Tabel di bawah ini :

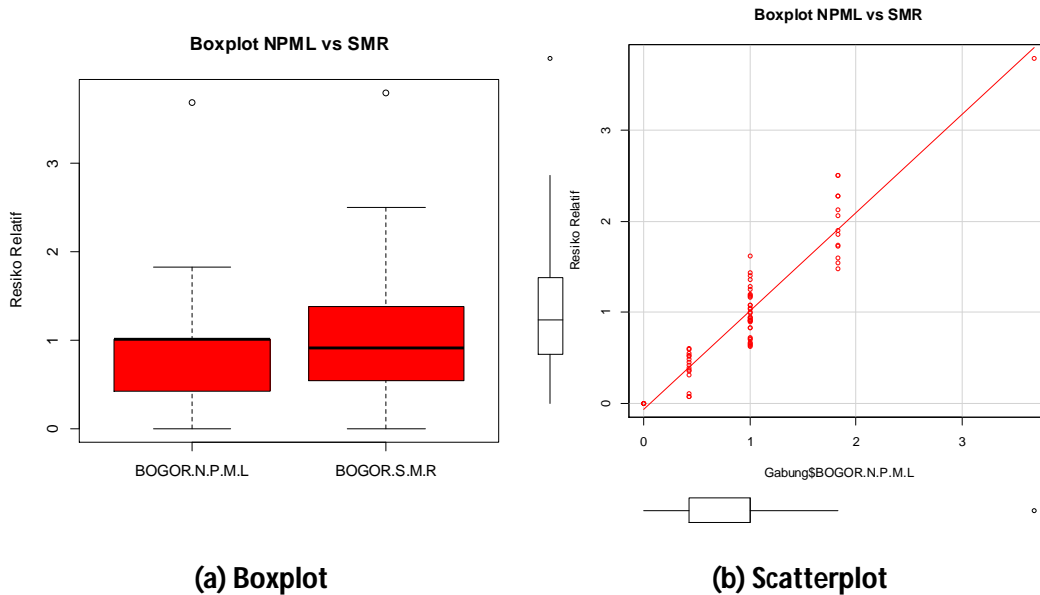
Tabel 3. Statistik Resiko Relatif

BOGOR . N . P . M . L	BOGOR . S . M . R
Min. : 0.000	Min. : 0.0000
1st Qu. : 0.425	1st Qu. : 0.5453
Median : 1.005	Median : 0.9094

Mean :1.000	Mean :1.0110
3rd Qu.:1.005	3rd Qu.:1.3663
Max. :3.680	Max. :3.7915

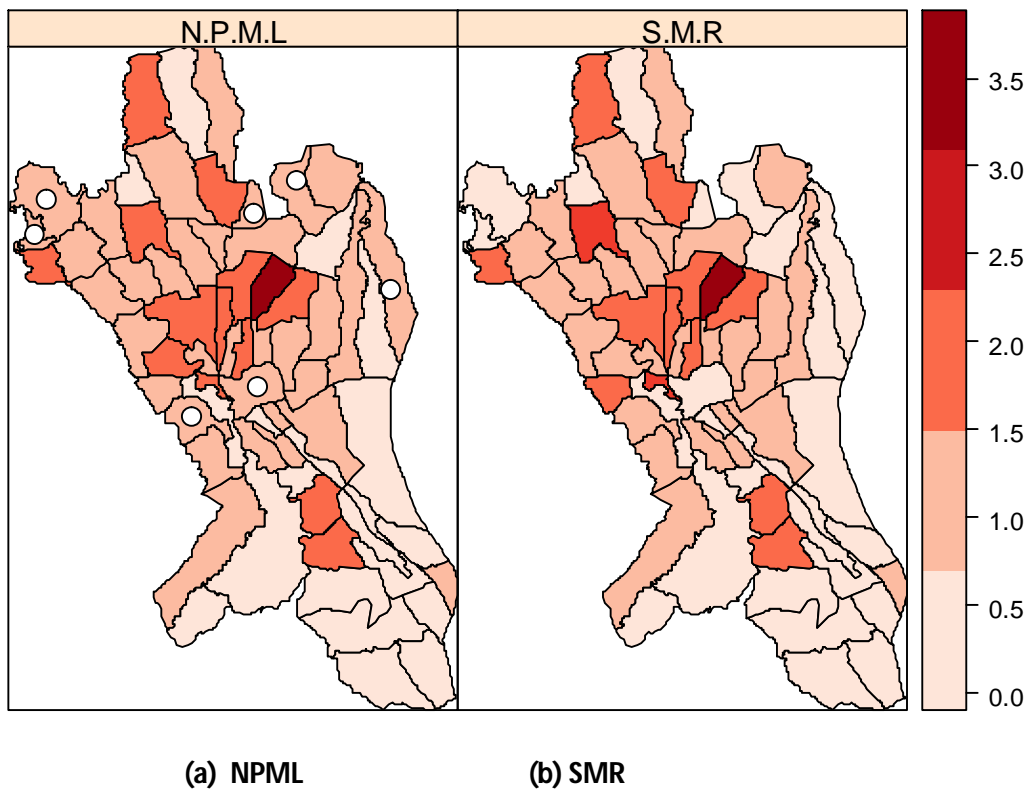
Statistik deskriptif menunjukkan bahwa nilai resiko relative maksimum untuk NPML lebih rendah dibandingkan SMR. Ini menunjukkan adanya pemulusan atas nilai SMR. Sedangkan nilai terendahnya sama yaitu 0.

Terlihat dengan jelas dari Grafik Boxplot dan Scatterplot di bawah adanya proses pemulusan dari penaksir SMR yang ditunjukkan dari nilai Rentang = K_3-K_1 untuk NPML yang lebih kecil dibandingkan dengan rentang SMR.



Gambar 1. Perbandingan Nilai Taksiran NPML dengan SMR

Pemetaan nilai resiko relative dari NPML dan SMR disajikan dalam peta berikut :



Gambar 2. Pemetaan Resiko Relatif

Secara umum terlihat pola yang sama antara peta NPML dengan SMR. Namun jika dicermati dengan lebih seksama terlihat adanya beberapa perbedaan yang nyata. Kelurahan yang memiliki perbedaan adalah kelurahan yang diberikan tanda lingkaran putih. Perbedaan ini terjadi lebih banyak pada kelurahan yang oleh estimator SMR ditaksir terlalu rendah, sehingga ini menjadi informasi yang sangat berharga untuk lebih focus pada kelurahan-kelurahan dengan resiko relative tinggi. Metode NPML menyatakan 48 kelurahan masuk dalam kategori tinggi dengan nilai resiko relative lebih besar dari 1 sedangkan SMR hanya 29 kelurahan.

4. SIMPULAN

Terdapat perbedaan hasil estimasi resiko relative antara metode NPML dengan ML. Metode NPML secara metodologi lebih baik dibandingkan dengan NPML karena mampu mengatasi adanya overdispersi. Namun demikian, metode ini masih memiliki kelemahan karena dalam pemodelannya tidak memperhatikan autokorelasi spasial yang terjadi. Namun demikian, metode ini menghasilkan pengelompokan area yang lebih memperjelas pola

spatial yang terjadi dalam data. Ditemukan 48 Kelurahan memiliki nilai Resiko Relatif lebih besar dari 1 dan yang paling besar adalah Kelurahan Tanah Sereal.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Soepardi, J. (2010). Buletin Jendela Epidemiologi (Vol. 2). Jakarta: Departemen Kesehatan RI.
- [2] [<http://www.tempo.co/read/news/2014/06/07/083583138/95-Persen-Kelurahan-di-Kota-Bogor-Endemis-DBD-03-02-2015>].
- [3] Chandrasekaran, K., & Arivarigan, G. (2006). Disease mapping using mixture distribution. *Indian J Med Res* , 123, 788-798.
- [4] Clayton, D., & Kaldor, J. (1987). Empirical Bayes Estimates of Age-Standardized Relative Risks for Use in Disease Mapping. *Biometrics* , 43, 671-681.
- [5] Marshall, R. J. (1991). Mapping Disease and Mortality Rates Using Empirical Bayes Estimators. *Journal of the Royal Statistical Society. Series C (Applied Statistics)* , 20 (2), 283-294.
- [6] Schlattmann, P., & Bohing, D. (1993). Mixture Models and Disease Mapping. *Statistics In Medicine* , 1943-1950.
- [7] Pringle, D. (1996). Mapping Disease Risk Estimates Based on Small Area : An Assessment of Empirical Bayes Technique. *The Economic Social Review*, 27 (4), 341-363.