

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Landasan Teori

2.1.1 HIV

Human Immunodeficiency Virus (HIV) adalah virus yang menyerang sistem kekebalan tubuh manusia, khususnya sel *Cluster of differentiation 4*, yang merupakan bagian penting dari sistem kekebalan tubuh (Govindaraj et al., 2023; Masenga et al., 2023). HIV melemahkan kemampuan tubuh untuk melawan infeksi dan penyakit lainnya. HIV dapat berkembang menjadi *Acquired Immunodeficiency Syndrome* (AIDS), suatu kondisi yang ditandai dengan kerusakan berat pada sistem kekebalan tubuh dan rentan terhadap berbagai infeksi lainnya.

HIV ditularkan melalui kontak langsung dengan cairan tubuh yang mengandung virus, seperti darah, air mani, cairan vagina, dan air susu ibu (ASI) (Sundareshan et al., 2024). Penularan paling umum terjadi melalui hubungan seksual tanpa pengaman dengan seseorang yang terinfeksi, berbagi jarum suntik, serta dari ibu ke anak. Penularan HIV juga dapat terjadi melalui transfusi darah atau produk darah yang terkontaminasi, namun kini jarang terjadi di negara-negara yang memiliki sistem transfusi darah yang aman. Penularan melalui hubungan seksual menjadi salah satu faktor risiko utama, khususnya di kalangan remaja dan populasi dengan perilaku berisiko tinggi seperti pekerja seks dan pengguna narkoba suntik.

2.1.2 Hepatitis B & C

Hepatitis B dan C adalah infeksi virus yang menyerang hati dan dapat menyebabkan peradangan pada organ tersebut. Hepatitis B disebabkan oleh *Hepatitis B Virus* (HBV), sementara Hepatitis C disebabkan oleh *Hepatitis C Virus* (HCV). Kedua jenis hepatitis ini dapat mengakibatkan komplikasi serius seperti sirosis hati, kanker hati, dan gagal hati jika tidak ditangani dengan baik (Ringehan et al., 2017).

Hepatitis B ditularkan melalui kontak dengan darah atau cairan tubuh yang terinfeksi, termasuk melalui hubungan seksual tanpa pelindung, penggunaan jarum suntik yang tidak steril, serta dari ibu ke anak selama proses persalinan maupun ASI. Berbeda dengan Hepatitis B, Hepatitis C lebih sering ditularkan melalui darah, terutama di kalangan pengguna narkoba suntik yang berbagi jarum, serta melalui transfusi darah yang tidak aman. Penularan seksual dari ibu ke anak berpeluang kecil pada Hepatitis C, namun tetap mungkin terjadi (Hebo et al., 2019).

2.1.3 Bayesian Model

Pemodelan Bayesian adalah pendekatan statistik yang didasarkan pada Teorema Bayes, yang menggabungkan informasi apriori (*prior*) dengan data observasi (*likelihood*) untuk menghasilkan distribusi posterior (Van de Schoot et al., 2021). Pendekatan ini berbeda dari metode statistik frekuentis tradisional, yang biasanya hanya menggunakan informasi dari data observasi. Pada pemodelan Bayesian, peneliti dapat memasukkan informasi awal atau keyakinan sebelum data diperoleh, yang kemudian diperbarui setelah data tersedia. Pendekatan Bayesian memberikan distribusi posterior yang mencerminkan ketidakpastian dalam estimasi parameter. Pemodelan ini banyak digunakan dalam berbagai bidang ilmu, termasuk dalam epidemiologi. Pemodelan ini digunakan untuk mengestimasi prevalensi penyakit dengan mempertimbangkan ketidakpastian dan variasi spasial (Aswi et al., 2019; Wang et al., 2024). Teorema Bayes sering dituliskan sebagai

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta), \quad (2.1)$$

di mana

$p(\theta|y)$ = Distribusi probabilitas posterior

$p(y|\theta)$ = Fungsi likelihood

$p(\theta)$ = Distribusi probabilitas prior

(Blangiardo et al., 2013).

2.1.4 Bayesian Multivariate Spatial M-Models

Model multivariat memiliki potensi untuk memberikan estimasi risiko yang lebih baik dibandingkan dengan model univariat lama. Misalkan Y_{ij} , e_{ij} , dan r_{ij} secara berturut-turut meyimbolkan jumlah kejadian yang diamati, jumlah kejadian yang di ekspektasikan, dan risiko relatif kejadian di wilayah ke- i pada kasus ke- j

$$Y_{ij} | r_{ij} \sim \text{Poisson}(\mu_{ij} = e_{ij} \cdot r_{ij}), \quad (2.2)$$

$$\log \mu_{ij} = \log e_{ij} + \log r_{ij}, \quad (2.3)$$

di mana

$$\log(r_{ij}) = \alpha_j + \sum_{k=1}^n \beta_{jk} x_{ik} + \theta_{ij}, \quad (2.4)$$

dalam bentuk matriks, model dapat ditransformasi

$$\log \mathbf{r} = (\mathbf{I}_j \otimes \mathbf{1}_n) \boldsymbol{\alpha} + \sum_{k=1}^n ((\mathbf{I}_j \otimes \mathbf{X}_k) \boldsymbol{\beta}_k) + \boldsymbol{\theta}, \quad (2.5)$$

di mana $\mathbf{r} = (\mathbf{r}'_1, \dots, \mathbf{r}'_j)'$ merupakan vektor risiko relative dengan $\mathbf{r}_j = (\mathbf{r}_{1j}, \dots, \mathbf{r}_{nj})'$ untuk $j = 1, \dots, J$, $\mathbf{I}_j$ adalah $J \times J$ matriks identitas, $\mathbf{1}_n$ adalah vektor satuan dengan panjang n (Urdangarin et al., 2024). Vektor intersepsi khusus kejadian dan koefisien regresi dilambangkan dengan $\boldsymbol{\alpha} = (\alpha_j, \dots, \alpha_j)'$ dan $\boldsymbol{\beta}_k = (\beta_{k1}, \dots, \beta_{kj})'$. Yang terakhir, $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\theta}'_1, \dots, \boldsymbol{\theta}'_j)'$ di mana $\boldsymbol{\theta}_j = (\theta_{1j}, \dots, \theta_{nj})'$ adalah vektor efek acak spasial dari kasus kejadian ke- j . Ketergantungan dalam dan antar kasus kejadian direpresentasikan melalui matriks kovarians dari efek acak spasial. Secara khusus distribusi prior berikut dengan kernel Gaussian $p(\boldsymbol{\theta}) \propto \exp(-\frac{\tau}{2} \boldsymbol{\theta}' \boldsymbol{\Omega}_\theta \boldsymbol{\theta})$ diasumsikan untuk $\boldsymbol{\theta}$ dengan matriks presisi

$$\boldsymbol{\Omega}_\theta = (\boldsymbol{\Sigma}_b^{-1} \otimes \mathbf{I}_n) \text{Blockdiag}(\boldsymbol{\Omega}_1, \dots, \boldsymbol{\Omega}_J), \quad (2.6)$$

di mana $\mathbf{M}$ adalah akar kuadrat dari matriks kovariansi $J \times J$ antara kasus yang simetris dan positif definit $\boldsymbol{\Sigma}_b$ (kovariansi antar kasus), yaitu $\boldsymbol{\Sigma}_b = \mathbf{M}' \mathbf{M}$,

dengan $\Sigma_b \sim \text{Wishart}(J, \sigma^2 I_J)$, dan Ω_j adalah matriks presisi spasial untuk kasus kejadian ke- j . Semua elemen matriks kovariansi antara kasus kejadian Σ_b tidak diketahui dan harus diestimasi (Urdangarin et al., 2024). Simbol Ω_j dapat menjadi matriks presisi dari prior iCAR, pCAR atau BYM2. Perbedaan karakteristik masing-masing prior dapat dilihat pada Tabel 2.1.

Tabel 2.1. Perbedaan Prior Spasial

Prior	Ω_j
iCAR	$D_w - W$
pCAR	$D_w - \lambda W$
BYM2	$\lambda(D_w - W)^{-1} + (1 - \lambda)I_n$

Sumber: MacNab, 2022

$W = (w_{il})$ merupakan representasi matrik ketetanggaan spasial, dengan $w_{il} = 1$ mengindikasikan hubungan tetangga antara area ke- i dan ke- l dan 0 sebaliknya, $D_w = \text{diag}(w_{1+}, \dots, w_{n+})$, di mana elemen diagonal w_{i+} menunjukkan jumlah tetangga untuk area ke- i , λ merupakan parameter ketergantungan spasial, dan I_n merupakan matrik identitas berdimensi n (MacNab, 2022).

2.1.5 INLA

Integrated Nested Laplace Approximation (INLA) adalah metode numerik yang digunakan untuk melakukan inferensi Bayesian dalam model hierarkis yang kompleks, terutama dalam model Gaussian laten (Berild et al., 2022; Martino & Riebler, 2020; Van Niekerk et al., 2023). INLA dikembangkan sebagai alternatif dari metode Monte Carlo Markov Chain (MCMC) yang biasanya digunakan dalam analisis Bayesian tetapi membutuhkan waktu komputasi yang lama dan sumber daya yang besar (Rue et al., 2009). INLA menawarkan solusi yang lebih efisien dengan menggunakan pendekatan Laplace Approximation untuk menghitung distribusi posterior dari parameter model. Proses ini mencakup penilaian distribusi posterior secara terintegrasi melalui pendekatan yang berlapis,

sehingga memungkinkan peneliti untuk mengurangi kompleksitas komputasi secara signifikan.

Salah satu keunggulan utama dari INLA adalah kemampuannya untuk menangani model yang memiliki struktur spasial dan temporal yang kompleks. INLA juga memungkinkan untuk memperkirakan distribusi posterior dengan cepat dan akurat tanpa memerlukan simulasi yang intensif seperti yang dibutuhkan dalam MCMC. Selain itu, INLA memiliki kemampuan untuk menangani berbagai jenis data, seperti data point-referenced dan areal data, serta berbagai tipe model, termasuk model regresi, model spasial, dan model longitudinal. INLA banyak digunakan dalam berbagai bidang penelitian. Contohnya, dalam epidemiologi, INLA digunakan untuk pemodelan penyebaran penyakit menular dengan mempertimbangkan faktor spasial dan temporal (Lindgren & Rue, 2015).

Langkah pertama model Gaussian laten dalam kerangka Bayesian adalah dengan mengidentifikasi distribusi data yang diamati $y = y_1, \dots, y_n$. Umumnya pendekatan terdiri distribusi untuk y_i yang ditandai dengan parameter ϕ_i atau biasanya mean $E(y_i)$ yang didefinisikan sebagai fungsi prediktor aditif terstruktur η_i melalui fungsi tautan $g(\cdot)$, sehingga $g(\phi_i) = \eta_i$. Prediktor linier aditif η_i didefinisikan sebagai:

$$\eta_i = \beta_0 + \sum_{m=1}^M \beta_m x_{mi} + \sum_{l=1}^L f_l(z_{li}), \quad (2.8)$$

Di mana β_0 adalah intersep; $\beta = \{\beta_1, \dots, \beta_M\}$ adalah koefisien linear dari kovariat $x = (x_1, \dots, x_M)$; dan $f = \{f_1(\cdot), \dots, f_L(\cdot)\}$ adalah kumpulan fungsi yang didefinisikan dalam bentuk himpunan kovariat $z = (z_1, \dots, z_L)$. Sementara itu, $f_l(\cdot)$ dapat diasumsikan dalam bentuk efek nonlinier kovariat, tren waktu & efek season, intersepsi acak dan kemiringan, serta efek acak spasial maupun temporal (Blangiardo & Cameletti, 2015).

Semua komponen laten (tidak dapat diamati) untuk inferensi dalam sekumpulan parameter bernama θ yang didefinisikan sebagai $\theta = \{\beta_0, \beta, f\}$.

Selain itu, disimbolkan dengan $\boldsymbol{\psi} = \{\psi_1, \dots, \psi_K\}$ untuk vektor hiperparamter K. Asumsi independensi kondisional memungkinkan distribusi untuk n pengamatan (semua berasal dari keluarga distribusi yang sama) diberikan oleh likelihood:

$$p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\psi}) = \prod_{i=1}^n p(y_i|\theta_i, \boldsymbol{\psi}). \quad (2.9)$$

Fokus pertama yaitu distribusi posterior hiperparameter $\boldsymbol{\psi}$ yang dapat diperoleh dengan mengintegrasikan $\boldsymbol{\theta}$ dari distribusi posterior gabungan:

$$p(\boldsymbol{\psi}|\mathbf{y}) = \frac{p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\psi}|\mathbf{y})}{p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}, \mathbf{y})} \propto \left(\frac{p(\mathbf{y}|\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\psi})p(\boldsymbol{\theta})p(\boldsymbol{\psi})}{p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}, \mathbf{y})} \right), \quad (2.10)$$

Komponen $p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}, \mathbf{y})$ tidak diketahui secara eksak, sehingga perlu pendekatan Laplace. Karena $\boldsymbol{\theta}$ saling menghilangkan pada pembilang dan penyebut, maka dipilihlah bentuk paling praktis yaitu $\boldsymbol{\theta}_n$ mode posterior $p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}, \mathbf{y})$. Dalam perhitungan $p(\boldsymbol{\psi}|\mathbf{y})$ akan dilakukan suatu grid iterasi untuk mencapai nilai yang konvergen dengan menggunakan Newton Raphson.

Fokus kedua yaitu evaluasi distribusi posterior marginal parameter $p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}, \mathbf{y})$. Distribusi tersebut dapat diperoleh dengan mengintegrasikan $\boldsymbol{\psi}$ dari posterior gabungan $p(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\psi}|\mathbf{y})$ melalui rata-rata tertimbang terbatas persamaan:

$$p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y}) \propto \sum_j p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\psi}_j, \mathbf{y})p(\boldsymbol{\psi}_j|\mathbf{y}) \Delta_j, \quad (2.11)$$

dimana Δ_j merupakan lebar grid. Nilai $p(\boldsymbol{\theta}|\mathbf{y})$ juga akan dicari menggunakan iterasi grid hingga nilai yang didapat konvergen.

2.1.6 Laplace Approximation

Pendekatan alternatif untuk integrasi Monte Carlo (MC) berbasis simulasi adalah perkiraan analitik dengan metode Laplace (Moraga, 2019). Misalkan untuk menghitung integral berikut:

$$\int f(x)dx = \int \exp(\log f(x)) dx, \quad (2.12)$$

di mana $f(x)$ adalah fungsi kerapatan dari variabel acak X . Sementara itu, $\log f(x)$ direpresentasikan melalui ekspansi deret Taylor yang dievaluasi dalam $x = x_0$:

$$\log f(x) \approx \log f(x_0) + (x - x_0) \frac{\partial \log f(x)}{\partial x} \Big|_{x=x_0} + \frac{(x - x_0)^2}{2} \frac{\partial^2 \log f(x)}{\partial x^2} \Big|_{x=x_0} \cdot \quad (2.13)$$

Apabila x_0 diatur sama dengan mode $x^* = \operatorname{argmax}_x \log f(x)$, maka $\frac{\partial \log f(x)}{\partial x} \Big|_{x=x^*} = 0$ dan aproksimasinya menjadi:

$$\log f(x) \approx \log f(x^*) + \frac{(x - x^*)^2}{2} \frac{\partial^2 \log f(x)}{\partial x^2} \Big|_{x=x^*} \cdot \quad (2.14)$$

Integral tersebut lalu diaproksimasi sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \log f(x) &\approx \int \exp \left(\log f(x^*) + \frac{(x - x^*)^2}{2} \frac{\partial^2 \log f(x)}{\partial x^2} \Big|_{x=x^*} \right) dx \\ &= \exp(\log f(x^*)) \int \exp \left(\frac{(x - x^*)^2}{2} \frac{\partial^2 \log f(x)}{\partial x^2} \Big|_{x=x^*} \right) dx, \end{aligned} \quad (2.15)$$

di mana integrand dapat dikaitkan dengan kepadatan distribusi normal.

Pengaturan $\sigma^{2*} = -\frac{1}{\frac{\partial^2 \log f(x)}{\partial x^2} \Big|_{x=x^*}}$, akan diperoleh:

$$\int f(x)dx \approx \exp(\log f(x^*)) \int \exp \left(-\frac{(x - x^*)^2}{2\sigma^{2*}} \right) dx. \quad (2.16)$$

2.1.7 Uji Multikolinearitas

Multikolinearitas adalah kondisi di mana terjadi korelasi kuat antara variabel bebas atau antar variabel bebas yang tidak bersifat saling bebas (Chan et al., 2022; Shrestha, 2020). Hal ini dapat menyebabkan tingginya variabel pada sampel, sehingga standar error besar dan koefisien regresi yang tidak akurat. Pada penelitian ini, uji multikolinearitas yang digunakan adalah Variance Inflation Factor (VIF). VIF adalah ukuran yang digunakan untuk mendeteksi tingkat multikolinearitas di antara variabel independen dalam model regresi. VIF mengukur seberapa besar varians dari estimasi koefisien regresi meningkat karena adanya multikolinearitas dengan variabel independen lainnya. Nilai $VIF > 10$ mengidentifikasi adanya masalah multikolinearitas yang tinggi (Kim, 2019). VIF dihitung dengan rumus:

$$VIF_i = \frac{1}{1 - R_i^2}, \quad (2.17)$$

di mana R_i^2 adalah koefisien determinasi dari regresi variabel independen ke- i terhadap semua variabel independen lainnya dalam model. Nilai R_i^2 yang mendekati 1 menunjukkan korelasi tinggi, yang berarti adanya multikolinearitas, sehingga menghasilkan nilai VIF yang tinggi. Sebaliknya, jika R_i^2 mendekati 0, VIF akan mendekati 1, menunjukkan tidak adanya multikolinearitas.

2.1.8 Uji Autokorelasi Spasial

Autokorelasi spasial adalah ukuran yang menunjukkan hubungan antara nilai-nilai variabel yang terdistribusi di ruang geografis (Mohd Sairi et al., 2020; Sun & Zhang, 2023). Secara sederhana, autokorelasi spasial mengukur hubungan suatu variabel di suatu lokasi dengan variabel yang sama di lokasi tetangganya. Pola ini sangat penting dalam analisis data spasial karena mengindikasikan bahwa data yang diambil dari satu lokasi tidak sepenuhnya independen dari data di lokasi lainnya. Autokorelasi spasial dapat bersifat positif, di mana lokasi-lokasi yang berdekatan

memiliki nilai yang serupa, atau negatif, di mana lokasi-lokasi berdekatan memiliki nilai yang berbeda.

Pada analisis data spasial, penting untuk menguji autokorelasi spasial karena dapat mempengaruhi validitas dari hasil analisis statistik. Uji autokorelasi yang akan digunakan dalam penelitian adalah Moran's I (Chen, 2023; Wang et al., 2023). Moran's I adalah salah satu uji yang paling sering digunakan untuk mengukur autokorelasi spasial secara global. Moran's I mengukur derajat korelasi spasial antara nilai-nilai data yang berdekatan, dengan nilai yang berkisar antara -1 (autokorelasi negatif sempurna) hingga +1 (autokorelasi positif sempurna). Sedangkan nol menunjukkan tidak adanya autokorelasi spasial. Statistik uji untuk menentukan signifikansi dan menguji hipotesis, dapat dihitung menggunakan rumus:

$$Z = \frac{I - E(I)}{\sqrt{Var(I)}} \quad (2.18)$$

di mana I adalah nilai Indeks Moran, $E(I)$ adalah harapan dari Indeks Moran, dan $Var(I)$ adalah varians dari Indeks Moran. Sementara itu, untuk menghitung Indeks Moran (I) dapat menggunakan rumus

$$I = \frac{n \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij} (x_i - \bar{x})(x_j - \bar{x})}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij}}, \quad (2.19)$$

di mana n adalah banyak lokasi pengamatan, x_i adalah nilai pengamatan pada lokasi ke- i , x_j adalah nilai pengamatan pada lokasi ke- j , $\bar{x}$ adalah rata-rata nilai pengamatan, dan w_{ij} adalah elemen matriks pembobot antara lokasi i dan j .

2.1.9 RMSE

Root Mean Square Error (RMSE) adalah salah satu metrik evaluasi yang umum digunakan untuk mengukur tingkat kesalahan dalam model statistik maupun pembelajaran mesin. Secara matematis, RMSE dapat dihitung dengan rumus:

$$RSME = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2} \quad (2.20)$$

di mana y_i adalah nilai observasi, $\hat{y}_i$ adalah nilai prediksi, dan n adalah jumlah observasi (Chai & Draxler, 2014). RMSE memberikan hasil dalam satuan yang sama dengan variabel yang diamati, sehingga metrik ini menjadi mudah diinterpretasikan. Salah satu keunggulan RMSE adalah sensitivitasnya terhadap kesalahan yang besar. Hal ini menjadikannya metrik utama dalam banyak studi ilmiah yang menekankan deteksi atau perhatian terhadap outlier atau nilai prediksi yang jauh dari observasi.

2.2 Penelitian Terdahulu

Penelitian-penelitian terdahulu dapat ditinjau pada Tabel 2.2.

Tabel 2.2. Penelitian-penelitian Terdahulu

No	Penulis,Tahun	Judul	Metode	Hasil
1	(Das et al., 2018)	Detecting spatial clusters of HIV and hepatitis coinfections	Poisson diskrit model, pemindaian spasial Kulldorff dalam perangkat lunak SaTScan untuk mendeteksi kelompok penyakit	• Rincian demografis mengungkapkan bahwa 72,19% dari populasi yang terinfeksi bersama adalah laki-laki, 26,51% adalah perempuan, dan 1,30% adalah transgender. • Mayoritas yang signifikan (84,64%) dari individu yang terinfeksi bersama adalah orang Afrika-Amerika. • Cara penularan koinfeksi ini dikategorikan diantaranya pria yang berhubungan seks dengan pria (MSM) (32,86%) dan pengguna narkoba injeksi (IDU) (27,16%). • Terdapat tiga cluster spasial yang signifikan untuk populasi yang terinfeksi HIV dan Hepatitis, yang menunjukkan area berisiko tinggi terkena kedua penyakit. • Perbedaan ras, kekurangan ekonomi, dan kurangnya pendidikan menonjol dalam kelompok yang terinfeksi bersama, menunjukkan bahwa faktor-faktor ini dapat berkontribusi pada tingkat infeksi bersama yang lebih tinggi.
2	(Kerubo et al., 2015)	Hepatitis B, Hepatitis C and HIV-1 Coinfection in Two Informal Urban Settlements in Nairobi, Kenya.	Multiple Regresi Logistik	• Prevalensi HIV, HBV dan HCV masing-masing adalah 20,4%, 13,3% dan 0,76% pada saat penelitian. • Status perkawinan bercerai, Pendidikan, dan Kelompok Usia 20-24 dan 30-39 menunjukkan hubungan signifikan dengan infeksi HIV • Pada Hepatitis B & C yang berpengaruh hanya tempat tinggal yang berpengaruh signifikan • Koinfeksi HIV dan HBV terjadi pada 56 individu (4,26%) sedangkan HIV-1 dan HCV terdeteksi pada 6 subjek (0,46%).

					Hanya dua orang dari 1308 (0,15%) yang berhubungan dengan ketiga virus bersama-sama.
3	(Shull et al., 2022)	A Multivariate Spatiotemporal Model for County Level Mortality Data in the Contiguous United States	Bayesian Binomial dengan INLA, tambahan kovariat, efek acak spasial BYM, evaluasi model dengan DIC	Multivariat Spatiotemporal	• Model dengan penambahan kovariat memberikan representasi terbaik dalam pemodelan tingkat kematian pada pria dan wanita. • Pola spasial data tampak sangat mirip, di mana cenderung ada kematian yang lebih tinggi di Selatan. • Tren temporal mortalitas untuk pria dan wanita semakin meningkat. • Faktor yang berpengaruh terhadap tingkat kematian pria dan wanita, yaitu persentase edukasi, persentase pernikahan, dan rata-rata ukuran rumah tangga.
4	(Vicente et al., 2020)	Bayesian inference multivariate spatio-temporal areal models using INLA: analysis of gender-based violence in small areas	Bayesian Models dengan INLA, efek acak spasial iCAR, pCAR, LCAR, BYM evaluasi model dengan DIC, WAIC, dan Logarithmic Score (LS)	Multivariat M-Spatiotemporal	• Peningkatan risiko pemerkosaan diamati dari tahun 2003 hingga 2014. Peningkatan ini sangat luar biasa sejak tahun 2010 dan seterusnya. • Risiko kematian mahar cenderung stabil di tahun-tahun terakhir. • Sebagian besar distrik timur menunjukkan risiko rendah untuk kedua kejahatan. • Dalam beberapa tahun periode (terutama 2003 dan 2010), sebagian besar daerah tidak menunjukkan risiko tinggi. Namun, pada akhir periode, hampir semua daerah memiliki risiko tinggi kecuali beberapa distrik di bagian timur Uttar Pradesh. Mengenai kematian mas kawin, sebagian besar daerah berisiko tinggi terletak di bagian tengah-barat negara bagian. • Hasil yang diperoleh menggunakan INLA lebih efisien secara komputasi daripada MCMC WinBUGS.

Sumber: diolah oleh peneliti

Beberapa penelitian sebelumnya yang mengkaji HIV serta Hepatitis B & C, seperti studi yang dilakukan oleh Das et al., 2018 dan Kerubo et al., 2015, dengan metode yang beragam. Das menggunakan model Poisson Diskrit, sementara Kerubo mengaplikasikan Multiple Regresi Logistik. Namun, kedua penelitian ini belum mempertimbangkan faktor prediktor seperti dimensi topografi dan sektor pariwisata, serta belum menerapkan pemodelan yang mempertimbangkan efek spasial. Bahkan, dalam penelitian Das, variabel prediktor hanya dianalisis secara deskriptif tanpa pembuktian statistik yang lebih lanjut. Pada penelitian ini akan dikembangkan model dengan mempertimbangkan efek spasial, serta melibatkan tambahan faktor prediktor yang mencakup dimensi topografi, sosiodemografi, dan pariwisata.

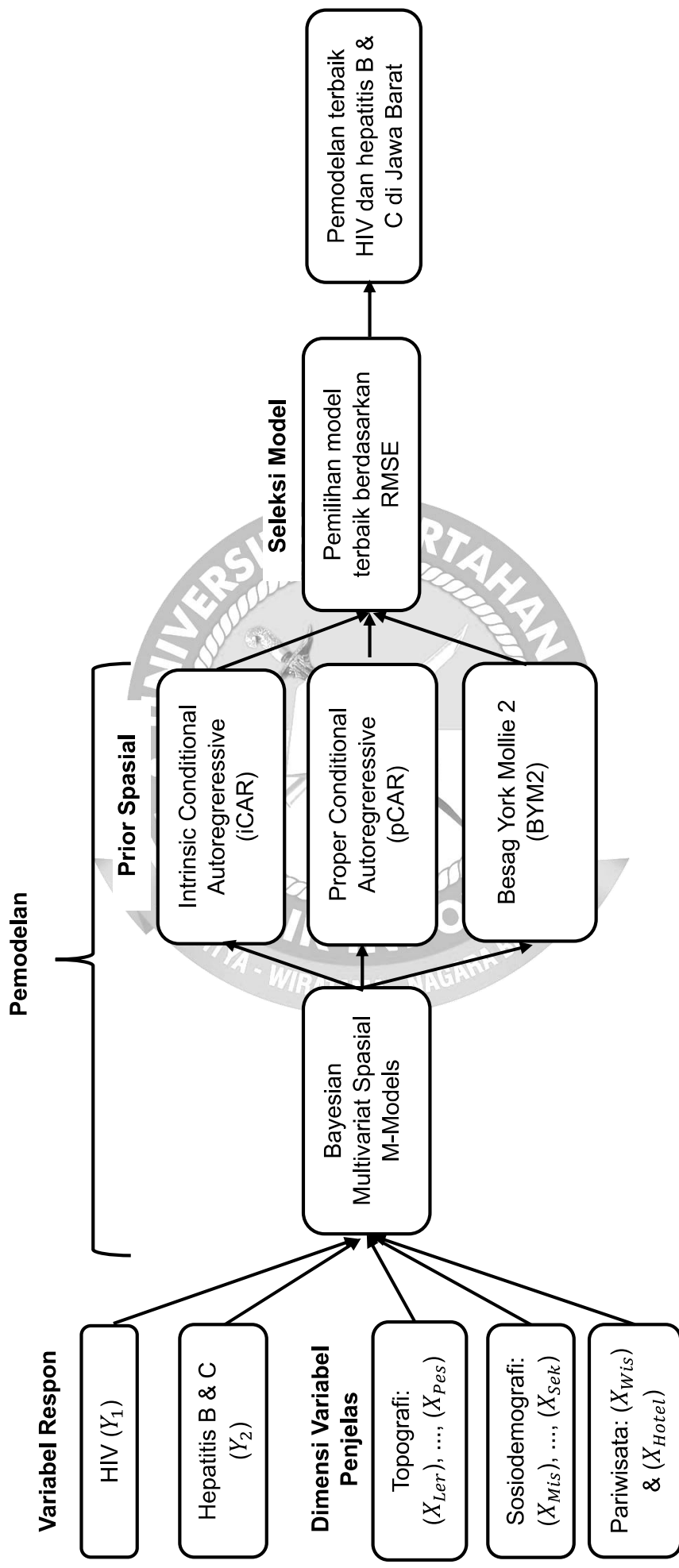
Sementara itu, penelitian terdahulu yang menerapkan pendekatan Multivariat Spasial INLA, seperti penelitian oleh Shull et al., 2022 dan Vicente et al., 2020 pada berbagai kasus yang berbeda. Shull mengkaji tingkat kematian pria dan wanita dengan menggunakan pendekatan prior BYM, namun tanpa melakukan perbandingan terlebih dahulu untuk menentukan prior efek spasial yang paling sesuai dengan datanya. Sementara itu, Vicente, yang meneliti kasus pemerkosaan dan kematian akibat mahar, belum memasukkan variabel-variabel prediktor yang mungkin berpengaruh signifikan terhadap kedua fenomena yang dianalisis. Pada penelitian ini akan dilakukan perbandingan beberapa prior spasial untuk memilih prior terbaik sesuai kasus yang diteliti. Selain itu, penelitian ini juga akan memasukkan variabel-variabel prediktor untuk mengidentifikasi signifikansi pengaruh terhadap HIV dan hepatitis B & C.

2.3 Kerangka Pemikiran

Penelitian ini melibatkan dua variabel respons, yaitu jumlah kasus HIV/AIDS (Y_1) dan jumlah kasus hepatitis B & C (Y_2), serta sepuluh variabel penjelas yang dikelompokkan dalam tiga dimensi, yaitu topografi, sosiodemografi, dan pariwisata. Seluruh variabel dimodelkan

menggunakan pendekatan Bayesian Multivariat Spasial M-Models dengan tiga prior spasial, yaitu iCAR, pCAR, dan BYM2. Model-model tersebut akan dievaluasi menggunakan kriteria seleksi RMSE, untuk menentukan model terbaik yang kemudian digunakan dalam analisis lebih lanjut dan interpretasi hasil pemodelan. Lebih jelasnya, kerangka pemikiran dalam penelitian ini dapat dilihat pada Bagan 2.1.





Bagan 2.1. Kerangka Pemikiran

Sumber: diolah oleh peneliti