



## INTISARI

### ESTIMASI PARAMETER MODEL SURVIVAL DISTRIBUSI LOG-LOGISTIK DENGAN MENGGUNAKAN METODE BAYESIAN

Oleh

MAYA ANGRAINI

22/509485/PPA/06459

Analisis survival merupakan metode statistika yang digunakan untuk menganalisis waktu hingga terjadinya suatu peristiwa, seperti kematian atau kegagalan sistem. Salah satu distribusi yang sering digunakan dalam analisis survival adalah distribusi log-logistik, terutama karena fleksibilitasnya dalam memodelkan data yang memiliki pola hazard non-monoton. Penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi parameter model survival distribusi log-logistik pada data transplantasi kulit (skin graft) menggunakan pendekatan Bayesian dengan metode Markov Chain Monte Carlo (MCMC), khususnya algoritma Gibbs Sampling. Estimasi parameter dilakukan secara terpisah berdasarkan kelompok match 0 dan match 1. Proses MCMC dijalankan sebanyak 10.000 iterasi, dengan 2.000 iterasi pertama dibuang sebagai *burn-in*. Hasil estimasi parameter diperoleh bahwa nilai median parameter skala  $\gamma$  untuk match 0 lebih kecil dibanding match 1, hal ini menunjukkan bahwa pasien match 0 memiliki waktu kelangsungan hidup yang cenderung lebih pendek dibandingkan pasien match 1. Selain itu, nilai median parameter bentuk  $\beta$  untuk match 0 lebih besar daripada match 1, hal ini menunjukkan bahwa laju peningkatan risiko pada match 0 relatif lebih cepat dibandingkan match 1.

## ABSTRACT

### PARAMETER ESTIMATION OF LOG-LOGISTIC DISTRIBUTION SURVIVAL MODEL USING BAYESIAN METHOD

By

MAYA ANGRAINI

22/509485/PPA/06459

Survival analysis is a statistical method used to analyze the time until the occurrence of an event, such as death or system failure. One of the distributions frequently used in survival analysis is the log-logistic distribution, particularly due to its flexibility in modeling data with a non-monotonic hazard pattern. This study aims to estimate the parameters of the log-logistic survival model for skin graft transplantation data using a Bayesian approach with the Markov Chain Monte Carlo (MCMC) method, specifically the Gibbs Sampling algorithm. Parameter estimation was carried out separately for the match 0 and match 1 groups. The MCMC process was run for 10.000 iterations, with the first 2.000 iterations discarded as burn-in. The estimation results showed that the median value of the scale parameter  $\gamma$  for match 0 was smaller than that for match 1, indicating that patients in the match 0 group tend to have shorter survival times compared to those in the match 1 group. In addition, the median value of the shape parameter  $\beta$  for match 0 was larger than that for match 1, suggesting that the rate of risk increase in the match 0 group is relatively faster than in the match 1 group.