

Prediksi Penyebaran COVID-19 dengan SIR Model

Fransina Natasha Cleopatra Repi¹, Viktor Vekky Ronald Repi²

¹ Program Studi Profesi Kedokteran, Fakultas Kedokteran, Universitas Kristen Maranatha, Bandung

² Prodi Teknik Fisika, Universitas Nasional, Jakarta

*Korespondensi penulis: vekky_repi@civitas.unas.ac.id

(Received: 25-07-312023; Revised: 28-07-2023; Accepted: 31-07-2023)

Abstract. *Coronavirus (COVID-19) is a pandemic that has affected more than 170 countries around the world. The number of infected patients and deaths has risen at an alarming pace in almost all affected countries. Governments around the world have been forced to take critical and difficult decisions as a measure to contain the spread of the disease. Forecasting techniques play a very important role in making accurate predictions. This study uses the Susceptible Infected and Recovered (SIR) model, which categorizes forecasting techniques into two types, namely stochastic theory / mathematical models and data science/machine learning techniques. Data collected from open source platforms is also important in forecasting. In this study, the data set was accessed from the WHO database. The calculation results show that the comparison of the model and all data sets has a high $R_0 > 0.98$. Model calculations from the beginning of the outbreak to May 5, 2020, were disclosed. The simulation predicts the outbreak will end on June 9, 2020, where the peak of the outbreak occurred on April 20, 2020. Simulations until May 19, 2020, predicted the outbreak would end on June 29, 2020 where the peak of the outbreak occurred on May 20, 2020.*

Keywords: COVID-19, modelling, prediction, susceptibility, infection, mathematical model.

ABSTRAK. *Coronavirus (COVID-19) adalah pandemi yang telah menyerang lebih dari 170 negara di seluruh dunia. Jumlah pasien yang terinfeksi dan meninggal telah meningkat dengan kecepatan yang mengkhawatirkan di hampir semua negara yang terkena dampak. Pemerintah di seluruh dunia telah dipaksa untuk mengambil keputusan kritis dan sulit sebagai langkah untuk menahan penyebaran penyakit. Teknik peramalan memainkan peran yang sangat penting dalam menghasilkan prediksi yang akurat. Pada penelitian ini menggunakan model *Susceptible Infected and Recovered* (SIR) yaitu mengkategorikan teknik peramalan menjadi dua jenis, yaitu teori stokastik / model matematika dan teknik sains data / pembelajaran mesin. Data yang dikumpulkan dari *platform open source* juga penting dalam peramalan. Dalam penelitian ini data set yaitu diakses dari data Base WHO. Hasil perhitungan menunjukkan bahwa perbandingan model dan semua kumpulan data memiliki $R_0 > 0.98$ yang tinggi. Perhitungan model dari awal wabah hingga 5 Mei 2020 diungkapkan. Simulasi memperkirakan wabah akan berakhir pada tanggal 9 Juni 2020 dimana puncak wabah terjadi pada tanggal 20 April 2020. Simulasi hingga 19 Mei 2020 memperkirakan wabah akan berakhir pada tanggal 29 Juni 2020 dimana puncak wabah terjadi pada 20 Mei 2020.*

Kata kunci: COVID-19, pemodelan, prediksi, suseptibilitas, infeksi, model matematis.

PENDAHULUAN

Dunia telah menghadapi pandemi secara berkala selama berabad-abad. Dampak dari pandemi ini selalu besar terhadap dunia dan sering kali mengubah situasi secara drastis. Bukan hanya sektor ekonomi yang terganggu, tetapi juga kekuatan dan moral dari negara-negara yang terkena dampak berat sering kali terkompromi. COVID-19 adalah penyakit baru yang telah menyebar menjadi pandemi. Penyakit ini pertama kali dilaporkan oleh

Organisasi Kesehatan Dunia (WHO) pada tanggal 31 Desember 2019 di Wuhan, China. Segera setelah wabah tersebut muncul di China, banyak negara menjadi terkena dampak pandemi COVID-19.

Menurut WHO, dari data yang diakses pada bulan April 2020, terdapat 634.835 kasus yang telah dikonfirmasi secara global, dengan 29.891 kematian yang telah tercatat hingga saat ini [1]. Seperti namanya, penyakit menular menyebar melalui agen patogen, seperti virus, bakteri, atau mikroorganisme lainnya. Contohnya adalah SARS dan COVID-19 [2], influenza Spanyol [3], HIV / AIDS [4], [5], influenza babi [6], [7]. Hingga saat ini, COVID-19 telah memengaruhi sebagian besar dari lebih dari 100 negara. [8]. Sepanjang sejarah epidemi ini, satu hal yang diamati adalah bahwa seiring berjalannya waktu, epidemi tersebut berkembang menjadi pandemi atau sering disebut sebagai wabah virus atau penyakit.

Gejala pra-klinis dan cara penanganannya masih belum sepenuhnya dipahami. Faktor penting lain yang perlu dipertimbangkan adalah banyak orang yang mengalami gejala pra-klinis tidak datang ke rumah sakit tepat waktu karena kelalaian atau takut dinyatakan positif terinfeksi penyakit tersebut. Jika seseorang mengalami gejala, mereka seharusnya segera mengambil langkah penanganan yang tepat. Tindakan ini dapat membantu menyelamatkan banyak nyawa. Jika wabah pada tahap awal berhasil dikendalikan di suatu negara, maka situasi tersebut dapat dicegah agar tidak berkembang menjadi pandemi.

Kapan pun pandemi terjadi, ekonomi dunia akan terkena dampak yang sangat buruk. Miliaran dolar diperlukan untuk mengatasi wabah dan mengembangkan vaksin untuk penyakit baru tersebut. Penelitian ini membahas model prediksi retrospektif untuk memahami penyebaran COVID-19 [9].

Dalam [10] menjelaskan pemodelan matematika dan dinamika dari novel coronavirus (2019-nCoV). Interaksi antara kelelawar dan inang yang tidak diketahui, serta antara masyarakat dan reservoir penularan (pasar makanan laut) telah dijelaskan oleh Khan dan rekan-rekannya. Mereka menyajikan hasil model matematis dan merumuskan model pecahan dengan mempertimbangkan kasus infeksi yang terjadi dari tanggal 21 Januari 2020 hingga 28 Januari 2020, serta menentukan parameter-parameter model. Dilanjutkan dengan menghitung jumlah reproduksi dasar (R_0) untuk data tersebut, diperoleh nilai R_0 sekitar 2.4829. Model pecahan kemudian dipecahkan secara numerik dan hasilnya disajikan dalam sejumlah grafik, yang dapat memberikan informasi yang berguna dalam upaya meminimalkan penyebaran infeksi. J. Wangping et al [11] melakukan prediksi menggunakan model SIR yang diperluas terkait tren epidemi COVID-19 di Italia dan membandingkannya dengan Hunan, China. Wangping dan rekan-rekannya menggunakan data deret waktu COVID-19 dari tanggal 22 Januari 2020 hingga 16 Maret 2020. Model penyakit menular dinamis (eSIR) yang mempertimbangkan efek tindakan intervensi yang berbeda pada berbagai periode digunakan untuk memprediksi tren epidemi di Italia. Estimasi jumlah reproduksi dasar dilakukan dengan metode Markov Chain Monte Carlo dan hasilnya disajikan dengan menggunakan rata-rata posterior yang dihasilkan serta interval kredibel 95%. Hunan, dengan populasi total yang sama dengan Italia, sejumlah 24 juta, digunakan sebagai perbandingan. Dalam model eSIR, angka reproduksi dasar untuk COVID-19 diperkirakan sebesar 4,10 (95% CI: 2,15–6,77) di Italia dan 3,15 (95% CI: 1,71–5,21) di Hunan, dengan total 30.086 kasus terinfeksi (95% CI: 7.920-81.869) yang terjadi di bawah kondisi blokade negara saat ini. Titik akhirnya adalah tanggal 25 April (95% CI: 30 Maret hingga 07 Agustus) di Italia. Jika blokade negara diterapkan 5 hari kemudian, jumlah kasus terinfeksi diperkirakan akan meningkat 1,50 kali lipat. Oleh karena itu, penelitian ini fokus pada prediksi pola penyebaran yang terkait dengan kelompok orang tertentu, serta menggunakan metode pembelajaran mesin dan simulasi prediksi dengan model prediksi sederhana [12], [13].

METODE PENELITIAN

Deskripsi Alur Penelitian

Model SIR adalah representasi dasar yang umum digunakan untuk menggambarkan penyebaran penyakit. Model SIR terdiri dari tiga kompartemen utama, yaitu Rentan (S), Terinfeksi (I), dan Sembuh/Meninggal (R). Setiap individu diklasifikasikan ke dalam salah satu dari kompartemen ini. Rentan (S): Individu dalam kompartemen ini tidak memiliki kekebalan terhadap penyakit dan belum terinfeksi. Dalam konteks penyakit yang belum memiliki vaksin, seluruh populasi dianggap sebagai rentan. Terinfeksi (I): Individu dalam kompartemen ini telah terinfeksi penyakit dan dapat menularkannya kepada individu rentan melalui kontak. Jumlah individu dalam kompartemen ini dapat berkurang ketika individu sembuh dari penyakit. Sembuh/Meninggal (R): Individu dalam kompartemen ini telah pulih dari penyakit atau meninggal karena penyakit. Mereka tidak lagi dapat menularkan penyakit kepada individu rentan.

Jumlah total individu dalam ketiga kompartemen ini tetap konstan dan sama dengan jumlah populasi awal. Model SIR dasar digambarkan dalam gambar 1, di mana parameter beta (β) menggambarkan tingkat penularan penyakit, dan parameter gamma (γ) menggambarkan tingkat pemulihan atau penghapusan.

Penting untuk diingat bahwa nilai β dan γ biasanya bukan konstan, melainkan fungsi dari tingkat pemulihan atau penghapusan. Dengan kata lain, mereka dapat berubah seiring waktu seiring dengan perkembangan penyakit dan tindakan pencegahan yang diambil oleh masyarakat.

Ini adalah parameter yang ingin kami optimalkan dan perkirakan agar kasus yang dilaporkan dan disimulasikan tidak berbeda secara signifikan. Terdapat tiga variabel keadaan, yaitu $S(0)$, $I(0)$, dan $R(0)$. Nilai awal $S(0)$ mewakili populasi komunitas yang terkena dampak wabah, sementara $I(0)$ adalah jumlah kasus yang dikonfirmasi awal yang dapat memiliki nilai berapa saja, tetapi tidak boleh nol. Jika waktu mulai penyebaran dan simulasi adalah sama, maka $R(0)$ dapat diatur menjadi nol.

Laju transmisi penyakit ini secara *monotonic* menurun seiring berjalannya waktu. Untuk mengukur kinerja dan fungsionalitas sistem yang telah dibuat, kami akan mengikuti tahapan penelitian yang dijelaskan dalam gambar 1.[14].



GAMBAR 1. Diagram Alur Model SIR.

Pola epidemi virus ini, dalam konteks pemodelan matematis [15], didasarkan pada perluasan model kompartemen yang sudah terkenal, yaitu model SIR (Rentan, Terinfeksi, Pulih). Tindakan sosial seperti *physical distancing*, penguncian wilayah, karantina, dan kesadaran masyarakat terhadap kesehatan global memengaruhi parameter dalam model ini. Parameter-parameter tersebut akhirnya dapat memengaruhi tingkat kematian dan jumlah kasus terkontaminasi aktif dari waktu ke waktu di dunia nyata. Seperti semua model matematika, kemampuan prediksi dari model ini terbatas oleh kualitas data yang tersedia dan level abstraksi yang digunakan untuk memodelkan masalah. Untuk memberikan pemahaman yang lebih mendalam kepada peneliti mengenai pola penyebaran penyakit epidemi, kami juga menyajikan pengantar singkat mengenai pemodelan sistem biologis, dan kode sumber Matlab untuk simulasi telah disediakan secara daring.

Dalam penelitian ini, kami memfokuskan pada analisis pola penyebaran virus dari sudut pandang pemodelan matematis. Penelitian ini didasarkan pada perluasan dari model kompartemen yang sudah dikenal, yaitu model SIR (*Susceptible-Infected-Recover*). Kami menunjukkan bagaimana tindakan sosial seperti *physical distancing*, penguncian regional, karantina, dan kesadaran masyarakat terhadap kesehatan global dapat memengaruhi

parameter dalam model ini. Perubahan parameter ini, pada akhirnya, dapat memengaruhi tingkat kematian dan jumlah kasus terkontaminasi aktif dari waktu ke waktu di dunia nyata. Seperti halnya dengan semua model matematis, kemampuan prediksi dari model ini dibatasi oleh kualitas data yang tersedia dan tingkat abstraksi yang digunakan dalam pemodelan masalah. Untuk memberikan pemahaman yang lebih luas kepada para peneliti mengenai pola penyebaran penyakit epidemi, kami juga menyajikan pengantar singkat mengenai pemodelan sistem biologis. Selain itu, kami telah menyediakan kode sumber Matlab untuk simulasi secara daring [15]. Persamaan model ini dapat ditemukan dalam referensi [16]:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}IS \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}IS - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

Dalam persamaan ini, kita memiliki variabel t yang merupakan waktu. $S(t)$ adalah jumlah individu yang rentan terhadap penyakit sebagai fungsi dari waktu t , $I(t)$ adalah jumlah individu yang terinfeksi sebagai fungsi waktu t , dan $R(t)$ adalah jumlah individu yang telah pulih sebagai fungsi waktu juga. Selain itu, $1/\gamma$ mewakili periode infeksi rata-rata. Dari persamaan 1, 2, dan 3, kita dapat menghitung jumlah total populasi N .

$$N = S + I + R = \text{count} \quad (4)$$

Pada kondisi awal adalah $S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0$

Dengan mengeliminasi I dari persamaan (1) dan persamaan (2) menghasilkan

$$S = S_0 \exp\left[-\frac{\beta}{N\gamma}(R - R_0)\right] \quad (5)$$

Dalam hal terdapat limit $t \rightarrow \infty$ jumlah orang rentan yang tersisa S_∞ adalah

$$S_\infty = S_0 \exp\left[-\frac{\beta}{N\gamma}(R_\infty - R_0)\right] \quad (6)$$

dimana R_∞ adalah jumlah akhir orang yang dipulihkan. Karena jumlah akhir orang yang terinfeksi adalah nol, dengan menggunakan persamaan (4) maka,

$$N = S_\infty + R_\infty \quad (7)$$

Dari persamaan (7) dan (6) bentuk R_∞ menjadi

$$R_\infty = N - S_0 \exp\left[-\frac{\beta}{N\gamma}(R_\infty - R_0)\right] \quad (8)$$

Untuk menggunakan model tersebut, kita harus mengestimasi parameter model β, γ dan nilai awal S_0 dan I_0 dari data yang tersedia (dengan $R_0 = 0$ dan $I_0 = C_1$).

Sekarang data yang tersedia adalah deret waktu dari jumlah total kasus C , yaitu

$$C = I + R \quad (9)$$

Kita dapat memperkirakan parameter dan nilai awal dengan meminimalkan perbedaan antara jumlah kasus aktual dan yang diprediksi, yaitu dengan meminimalkan

$$\|C_t - \hat{C}_t(\beta, \gamma, S_0)\|^2 = \min \quad (10)$$

Dimana $C_t = (C_1, C_2, \dots, C_n)$ diberi jumlah kasus di kali t_1, t_2, \dots, t_n dan $\hat{C}_t(\hat{C}_1, \hat{C}_2, \hat{C}_n)$ adalah perkiraan yang sesuai yang dihitung oleh model. Untuk perhitungan praktis menggunakan fungsi MATLAB *fminsearch* dan untuk integrasi persamaan model fungsi MATLAB *ode45*.

Pengolahan data Penelitian

Dalam penelitian ini dilakukan analisis kumpulan data COVID-19 yang mewakili kasus virus-positif yang dilaporkan pada 01 Juli 2020, diperoleh dari laman ourworldindata.org [17]. Kami akan melakukan analisis ekstraksi kasus COVID-19 yang dilaporkan di tiga negara besar, yaitu Indonesia, Amerika, India serta memplotnya secara individu untuk menampilkan perkembangan pandemi COVID-19 di masing-masing negara. Setelah itu, kami akan menerapkan model matematika SIR untuk melakukan analisis lebih lanjut [18]. Penelitian ini model SIR yang telah diimplementasikan dalam perangkat lunak MATLAB, yang tersedia di laman web resmi mathworks.com [19].

Penjelasan Program *Forecasting* epidemi coronavirus COVID19

Secara khusus, model ini mengasumsikan populasi yang konstan, dispersi orang yang seragam, dan tingkat pemulihan yang konsisten dari individu yang terinfeksi. Model ini berdasarkan pada data, sehingga perkiraannya sebanding dengan data yang tersedia. Proyeksi akan berubah seiring dengan munculnya data baru atau perubahan dalam data yang ada. Program `fitVirusCV19` memerlukan fungsi `fminsearch` dari Optimization Toolbox atau Statistical Toolbox. Selain itu, `fitVirusCV19` juga membutuhkan fungsi `lambertw`. Dalam Toolbox Symbolic Math yang telah diinstal, terdapat fungsi `lambertw` yang mensimulasikan perilaku dengan menyelesaikan persamaan $x = y * \exp(y)$. Fungsi `flambertw` juga dapat digunakan untuk mencari solusi dalam interval yang ditentukan $[-1e6, 1e6]$.

Generate data

Untuk menghasilkan fungsi `getData` dengan data harian, jalankan fungsi `importTotalCases` yang secara otomatis menghasilkan file data (dibuat oleh Igor Podlubny) bagi yang menggunakan MATLAB R2015a. Dengan menjalankan `importTotalCasesR15` menganalisis `analyseCV19` akan memplot evaluasi R_0 (nomor rep dasar), R (nomor rep.), $Clim$ (ukuran epidemi), N (ukuran populasi), dan parameter model beta dan gamma `calcR0` akan menghitung jumlah reproduksi dasar rata-rata selama 10 hari. Penggunaan: `analyseCV19(@getDataCountry)` % dari 14 hari yang berlalu `analyseCV19(@getDataCountry,10)` % dari 10 hari yang lalu `calcR0(@getDataCountry)` % default rata-rata 5 hari `calcR0(@getDataCountry,10)` % ditetapkan rata-rata 10 hari. Fungsi `fitVirusCV19` mengasumsikan bahwa data yang dilaporkan setiap hari adalah kasus baru yang terinfeksi. Jika kita berasumsi bahwa data harian yang dilaporkan adalah kasus baru yang dihapus, maka fungsi berikut harus digunakan `fitVirusCV19R(@getDataCountry)`. Fungsi ini memiliki opsi yang sama dengan `fitVirusCV19`.

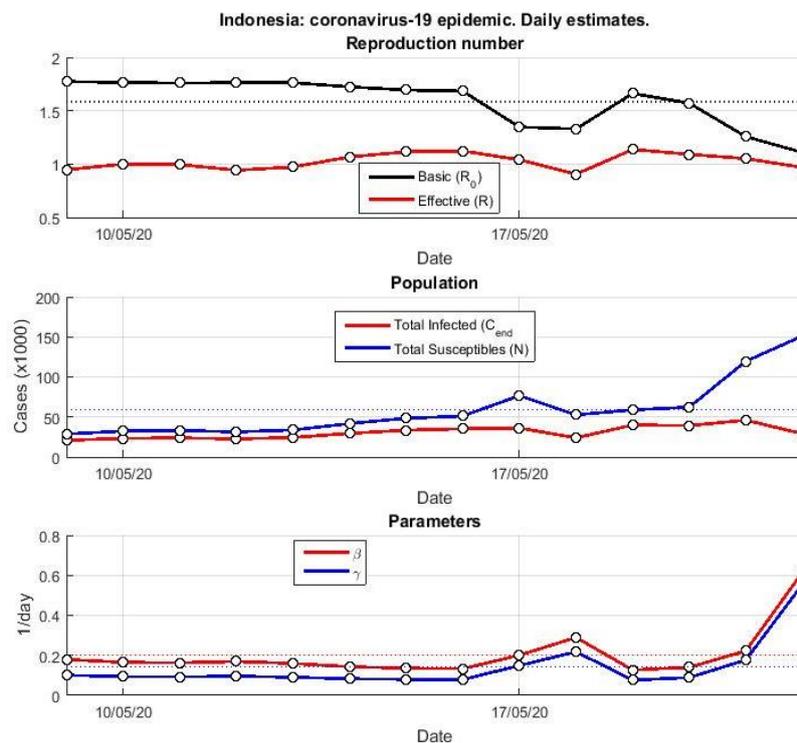
Tahap analisis

Pada program `analyseCV19` akan memplot evaluasi R_0 (nomor perwakilan dasar), R (nomor perwakilan), $Clim$ (ukuran epidemi), N (ukuran populasi), dan parameter model beta dan gamma. `calcR0` akan menghitung jumlah reproduksi dasar rata-rata selama 10 hari. Penggunaan program dengan asumsi untuk `analyseCV19(@getDataIndonesia)` % dari 14 hari yang berlalu, dari 10 hari yang berlalu, `calcR0(@getDataIndonesia)` % default rata-rata 5 hari dan `calcR0(@getDataIndonesia,10)` % ditetapkan rata-rata 10 hari. Fungsi `fitVirusCV19` mengasumsikan bahwa data yang dilaporkan setiap hari adalah kasus baru yang terinfeksi. Jika kita berasumsi bahwa data yang dilaporkan setiap hari adalah kasus baru yang dihapus, maka fungsi berikut harus digunakan: `fitVirusCV19R(@getDataIndonesia)`. Fungsi ini memiliki opsi yang sama dengan `fitVirusCV19`. Sumber data sebenarnya adalah data yang dilaporkan untuk setiap negara yang sesuai dengan fungsi `getData`. Dalam CV19, terdapat `fitVirusCV19`, `fitVirusCV19R`, dan fungsi `analyseCV19`. Sementara itu, folder data berisi fungsi `getData` yang dihasilkan oleh `importTotalCases` untuk berbagai negara.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Prediksi SIR

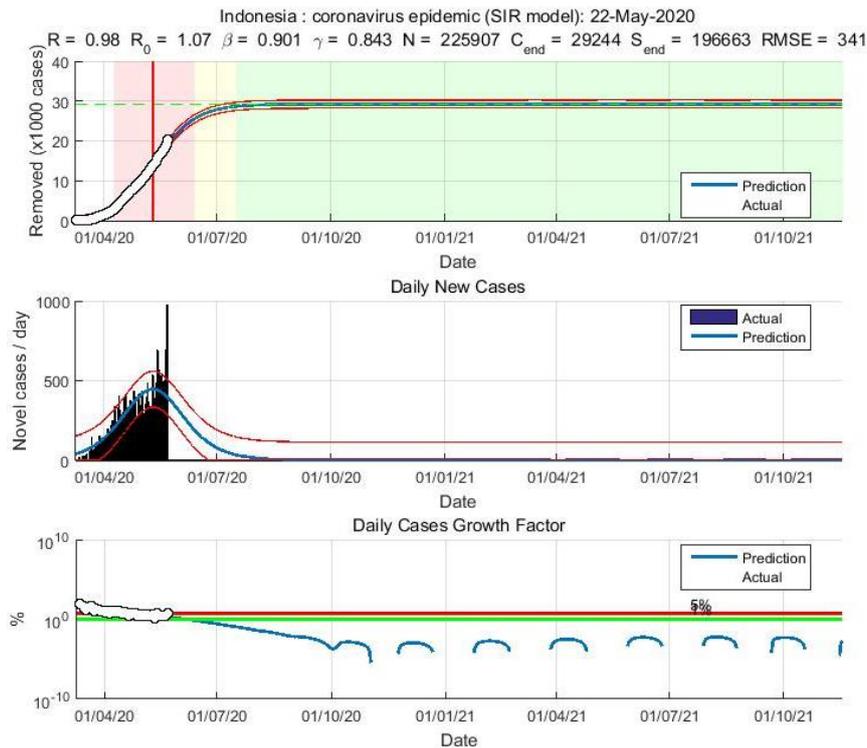
Prediksi epidemi COVID-19 (model SIR) diasumsikan sebagai representasi yang masuk akal dari fase epidemi satu tahap. Model ini khususnya mengasumsikan populasi yang konstan, pencampuran orang yang seragam, dan tingkat pemulihan yang seragam dari individu yang terinfeksi. Model ini didorong oleh data sehingga proyeksinya sesuai dengan data yang ada. Prediksi ini dibuat pada tanggal 7 Juni 2020, dengan data yang diambil dari tiga negara yang dianggap mewakili populasi terbesar di dunia, yaitu Indonesia, Amerika, dan India. Data ini diambil pada tanggal 7 Juni 2020, ketika jumlah kasus terinfeksi masih didasarkan pada keterbatasan tes laboratorium yang terutama menguji kasus dengan gejala berat. Sumber data untuk beberapa negara yang digunakan dalam penelitian ini dapat ditemukan pada laman worldometer. Dari hasil uji SIR diperoleh data dan prediksi serta nilai aktual terinfeksi secara statistik dengan karakteristik memperoleh nilai dekat.



GAMBAR 2. Perkiraan peningkatan jumlah kasus *epidemic corona* virus 19, garis merah adalah jumlah yang terinfeksi, sedangkan garis biru adalah data orang rentan.

Kasus terkonfirmasi pertama COVID-19 di Indonesia terjadi pada awal Maret 2020. Pada bulan April, pandemi memasuki tahap penyebaran di provinsi-provinsi besar yang memiliki mobilitas penduduk tinggi, seperti Jakarta, yang ditandai dengan peningkatan jumlah kasus baru.

Jumlah kasus terkonfirmasi ($C = I+R$) dan angka terkonfirmasi menggunakan data yang diperbarui hingga tanggal 20 Desember 2020 [21], dijelaskan dalam Gambar 2. Terlihat bahwa jumlah kasus tidak berkorelasi linear dengan jarak dari Jakarta, tempat kasus pertama dilaporkan. Provinsi-provinsi yang paling dekat dengan Jakarta, seperti Jawa Barat, Jawa Tengah, dan Jawa Timur, memiliki kasus lebih banyak. Sulawesi Selatan, meskipun terletak di pulau yang berbeda, memiliki populasi terbesar di bagian timur Indonesia. Sejak 23 April 2020, Jakarta menerapkan pembatasan sosial berskala besar, yang kemudian diikuti oleh provinsi-provinsi lain. Gambar 2 dan Gambar 3 menunjukkan bahwa pada 21 Mei 2020, kasus baru per hari mencapai puncak epidemi, dan beberapa provinsi mulai melonggarkan kebijakan pembatasan sosial berskala besar pada awal Juni.



GAMBAR 3. Pola prediksi SIR untuk Indonesia dengan menggunakan data runAnalysis, runMeR

Untuk analisis puncak penyakit, kami menjalankan model SIR berdasarkan data yang harus didefinisikan secara bertahap. Hasil perhitungan ditunjukkan pada Gambar 3 dan Gambar 4, menunjukkan bahwa perbandingan model dengan semua data kasus terkonfirmasi memiliki $R_0 > 0.98$, yang tinggi. Simulasi dari awal wabah hingga 5 Mei 2020 mengindikasikan bahwa wabah akan berakhir pada tanggal 9 Juni 2020, dengan puncak wabah pada tanggal 20 April.

Simulasi hingga 19 Mei 2020 memperkirakan wabah akan berakhir pada tanggal 29 Juni 2020, dengan puncak wabah pada tanggal 20 Mei 2020. Simulasi hingga 5 Mei 2020 menunjukkan bahwa peningkatan wabah akan berakhir pada tanggal 17 September, dengan puncak wabah pada tanggal 21 Mei 2020. Terakhir, simulasi hingga 6 Juni memprediksi bahwa titik jenuh akan terjadi lebih lambat dari tanggal 17 September 2020, dan puncak wabah akan terjadi pada tanggal 6 Juni 2020. Ini menunjukkan bahwa prediksi wabah saat ini sangat sulit dilakukan.

TABEL 1. Perbandingan epidemis model SIR untuk Indonesia, Amerika dan India periode 01/04 2020 hingga 01/10/21.

runCalcR0	Indonesia	USA	India
R ₀	1.413	1.878	2.490
stdR ₀	0.354	0.465	1.545
N	6180	7	42797
stdN	10883	2	58437
n-day	5	5	14
runMeR			
Day	75	114	81

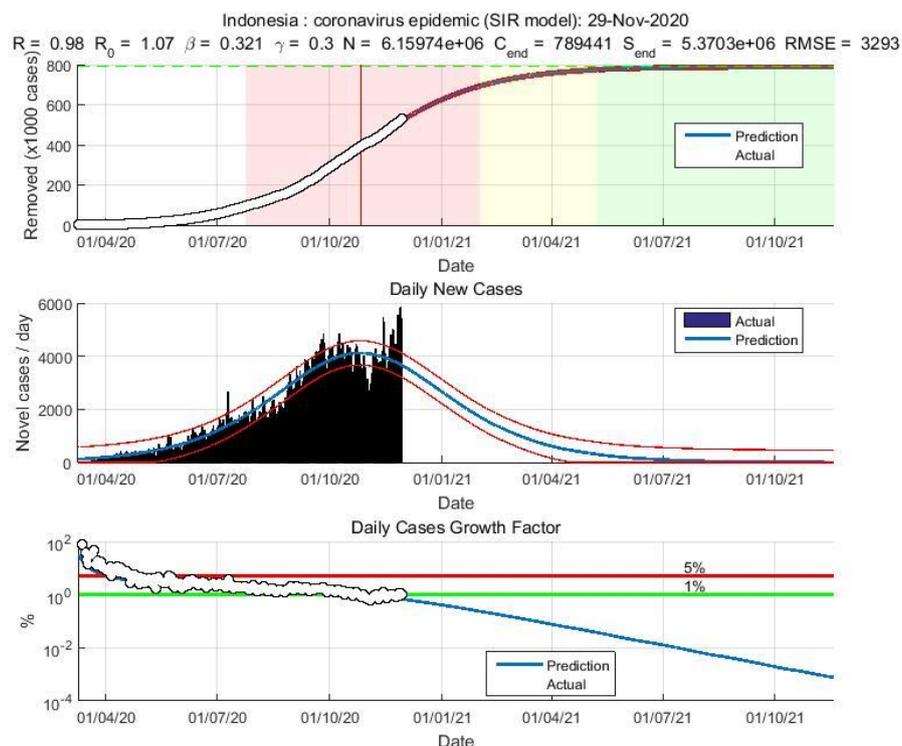
TABEL 2. Data rekapitulasi parameter hasil perhitungan model SIR untuk Indonesia, Amerika dan India periode 01/04 2020 hingga 01/10/21.

Parameter	Indonesia		USA	India
	01/04 2020	01/10/21		
Estimated the SIR model parameters				
Contact frequency (beta)	0.901 (1/day)	0.321 (1/day)	0.246 (1/day)	0.652 (1/day)

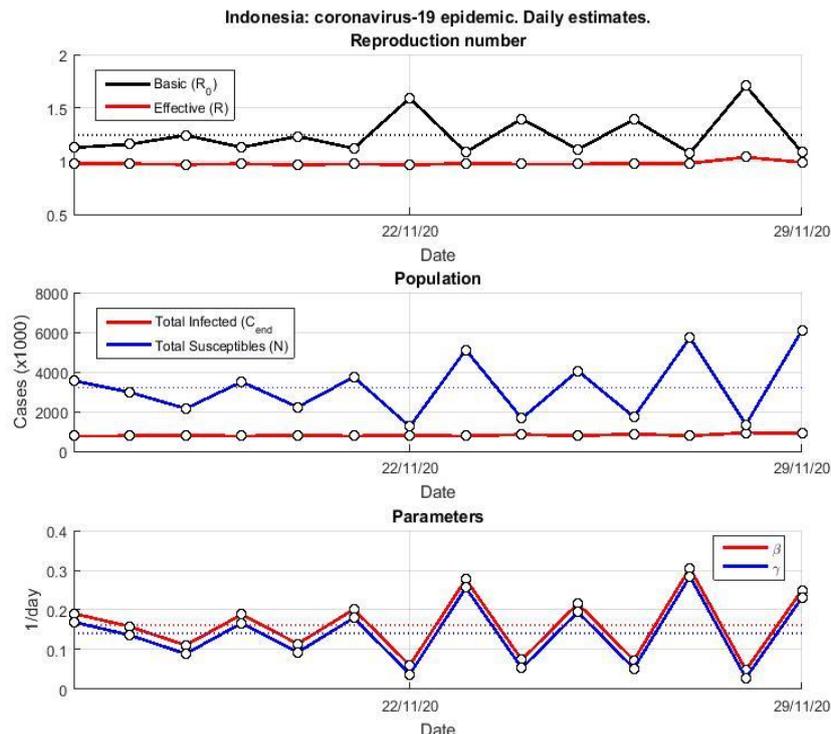
Removal frequency (γ)	0.843 (1/day)	0.3 (1/day)	0.01 (1/day)	0.573 (1/day)
Population size (N)	225906	6.15974e+06	3.66118e+06	1.13941e+06
Initial number of cases (I0)	46	411	4	54
Basic rep. number (R_0)	1.069	1.07	23.844	1.137
Reproduction number (R)	0.979	0.979	13.58	1.021
End reproduction number	0.931	0.933	0	0.874
Time between contacts (T_c)	1.1 (day)	3.1 (day)	4.1 (day)	1.5 (day)
Infectious period (T_r)	1.2 (day)	3.3 (day)	97.1 (day)	1.7 (day)
Final state				
Final number of cases	29243	789441	3.66118e+06	263932
Final number of susceptibles	196663	5.3703e+06	0	875482
Daily forecast for 23-May-2020		30-Nov-2020		
Total	NaN	NaN	1.5974e+06	121253
Increase	NaN	NaN	20111	2806
Estimated logistic model parameters				
Epidemic size (K)	27506 (cases)	752865 (cases)	3.58276e+06 (cases)	245503 (cases)
Epidemic rate (r)	0.0584133 (1/day)	0.0209016 (1/day)	0.235367 (1/day)	0.0787247 (1/day)
Initial doubling time	11.9 (day)	33.2 (day)	2.9 (day)	8.8 (day)
Estimated duration (days)				
Turning day	62	231	72	83
Acceleration phase	32 (days)	94 (days)	16 (days)	26 (days)
Deceleration phase	34 (days)	98 (days)	102 (days)	27 (days)
Total growth phase duration	66 (days)	192 (days)	118 (days)	53 (days)
Total epidemic duration	239 (days)	901 (days)	1525 (days)	254 (days)
Estimated datums				
Outbreak	09-Mar-2020	09-Mar-2020	30-Jan-2020	03-Mar-2020
Start of acceleration	09-Apr-2020	25-Jul-2020	26-Mar-2020	29-Apr-2020
Turning point	10-May-2020	26-Oct-2020	11-Apr-2020	25-May-2020
Start of steady growth	13-Jun-2020	01-Feb-2021	22-Jul-2020	21-Jun-2020
Start of ending phase	16-Jul-2020	08-May-2021	19-Sep-2020	17-Jul-2020
End of epidemic (5 cases)	06-Oct-2020	09-Jun-2022	30-Oct-2023	22-Oct-2020
End of epidemic (1 case)	03-Nov-2020	28-Aug-2022	03-Apr-2024	13-Nov-2020
Statistics (total cases)				
Number of observations	75	266	114	81
Degrees of freedom	71	262	110	77
Root Mean Squared Error	340.973	3292.97	4640.2	1047.21
R-Squared	0.997	1	1	0.999
Adjusted R-Squared	0.997	1	1	0.999
F-statistics vs. zero model	7304.38	200405	499033	25174.5
p-value	2.91242e-86	0	3.6445e-227	8.5816e-114
Statistics (daily new cases)				
Number of observations	74	265	113	80
Degrees of freedom	70	261	109	76
Root Mean Squared Error	112.653	455.571	3278.41	324.537
R-Squared	0.654	0.918	0.942	0.964
Adjusted R-Squared	0.632	0.917	0.94	0.962
F-statistics vs. zero model	37.3202	924.804	585.532	623.291
p-value	3.19123e-14	2.36655e-137	4.90868e-67	2.05859e-52
Method				
Total cases weight	0.5	0.5	0.5	0.5
Infection rate weight	0.5	0.5	0.5	0.5
Objective function value	1878.95	30168.7	41447.1	6966.12

Di beberapa negara dengan peraturan yang ketat dan kedisiplinan tinggi, model ini cukup akurat. Namun, di tempat lain, model SIR yang sederhana yang didasarkan pada data dapat mereproduksi dinamika wabah secara kualitatif dan kuantitatif, sehingga dapat digunakan untuk estimasi prediktif. Di Indonesia, dengan banyaknya pulau dan variasi awal wabah yang tidak seragam, prediksi secara keseluruhan menjadi lebih sulit. Namun, secara umum, dari Gambar 3, terdapat hubungan linier antara waktu mencapai titik jenuh dan jumlah kasus terkonfirmasi, yang tercermin dalam Gambar 4 dan Gambar 5. Kondisi ini dapat disebabkan oleh kebijakan pelonggaran pembatasan sosial berskala besar pada awal Juni, yang mengakibatkan peningkatan jumlah kasus harian.

Selain melakukan prediksi parameter-parameter dalam model SIR seperti beta dan gamma, kita juga dapat menggunakan data sebaran kasus terinfeksi yang sebenarnya. Dengan melakukan pencocokan kurva logistik pada sebaran data, kita dapat memperoleh nilai yang sesuai untuk beta dan gamma. Hasil prediksi SIR yang telah dilakukan dengan menggunakan pencocokan kurva logistik. Kurva prediksi ini menunjukkan penurunan kasus sejak awal pelaksanaan PPKM (Pemberlakuan Pembatasan Kegiatan Masyarakat) hingga perkiraan berakhirnya pandemi COVID-19 pada bulan September. Parameter yang dihasilkan adalah probabilitas terinfeksi (beta) sebesar 0.901 dan probabilitas sembuh (gamma) sebesar 0.843.



GAMBAR 4. Pola prediksi SIR (20-11-20) untuk Indonesia dengan menggunakan data runAnalysis, runMeR.



GAMBAR 5. Estimasi jumlah reproduksi covid19 periode sebelum dan setelah bulan November 2020.

Data aktual WHO mengenai total kasus kumulatif di Indonesia pada tanggal 28 Desember 2020 adalah 765,360 kasus, sementara jumlah kematian kumulatif pada tanggal tersebut adalah 22,734 kematian [20].

Akhir bulan Desember 2020, terjadi peningkatan kasus positif COVID-19 sebanyak 12.1% (42,029 menjadi 47,108 kasus). Selain itu, angka kematian pada pekan ini juga mengalami peningkatan sebesar 3.0% (1,007 menjadi 1,037 kematian dalam satu minggu). Sementara itu, angka kumulatif kesembuhan di tingkat nasional pada pekan ini mengalami kenaikan sebesar 16.8% (dari 28,918 menjadi 33,784 orang) jika dibandingkan dengan pekan sebelumnya. Total jumlah kematian per tanggal 30 Desember 2020 mencapai 19,880, yang merupakan 2.99% di atas rata-rata dunia sebesar 2.21%. Angka kesembuhan mencapai 541,811, atau 81.48%, yang melebihi rata-rata kesembuhan dunia sebesar 70.02%. Jumlah kasus aktif mencapai 103,239, yang berada di bawah rata-rata dunia sebesar 27.62%.

Dalam konteks kasus positif COVID-19 mingguan di tingkat nasional, terdapat peningkatan sebesar 12.1% dibandingkan dengan pekan sebelumnya. Secara keseluruhan, jumlah kematian nasional juga mengalami peningkatan sebesar 3.0% dalam satu minggu terakhir jika dibandingkan dengan pekan sebelumnya. Selain itu, tingkat kesembuhan secara nasional mengalami peningkatan sebesar 16.8% pada pekan terakhir dibandingkan dengan pekan sebelumnya [21].

Model dan Stabilitas Epidemologi COVID-19 menggunakan Model SIR

Populasi yang sehat, terinfeksi, dan sembuh terdapat dalam satu wilayah tertutup, di mana tidak ada pertukaran populasi dengan wilayah lain. Individu sehat dapat terpapar virus melalui interaksi dengan individu yang terinfeksi. Dalam skenario ini, individu yang terinfeksi dikarantina, tetapi mereka pernah berinteraksi dengan individu yang sehat, yang dapat mengakibatkan konversi langsung dari sehat menjadi terinfeksi. Baik individu yang terpapar maupun yang terinfeksi memiliki kemampuan penyembuhan. Proses penyembuhan dianggap seragam, dan individu yang telah sembuh diasumsikan kebal terhadap infeksi, sehingga tidak terjadi infeksi berulang. Model matematika yang digunakan dalam proses pemodelan adalah model SIR (*Susceptible-Infectious-Removed*).

Kami menggunakan istilah "*Removed*" dalam artikel ini karena kelompok populasi yang sudah terinfeksi mencakup individu yang sembuh (*Recovered*) dan yang meninggal (*Death*). Model yang dihasilkan merupakan sistem persamaan diferensial biasa nonlinear. Proses pemodelan didasarkan pada dinamika penyebaran infeksi.

Data yang tersedia masih mungkin memiliki bias dalam konteks model SIR karena adanya migrasi penduduk yang melanggar asumsi sifat tertutup pada model SIR. Oleh karena itu, kami menggunakan metode kuadrat terkecil dengan algoritma *Levenberg-Marquardt* untuk meningkatkan akurasi. Variabel dan parameter yang terlibat dalam model ini dapat ditemukan dalam tabel 3.

TABEL 3. Variabel yang digunakan dalam pemodelan.

Simbol	Definisi
$S(t)$	Populasi, <i>Susceptible</i> , populasi sehat yang rentan terkena virus
$I(t)$	Populasi <i>Infected</i> , populasi yang telah dikonfirmasi terinfeksi virus dengan menggunakan tes swab yang diuji melalui PCR
$R(t)$	Populasi <i>Removed</i> , populasi yang telah bebas dari virus, sembuh maupun meninggal
α	Laju suksesi infeksi dari populasi <i>Infected</i> pada populasi <i>Susceptible</i>
β	Proporsi kesembuhan (kematian) populasi <i>Infected</i>

Kontrol vaksinasi diterapkan dengan menggunakan pendekatan berdasarkan Prinsip Minimum *Pontryagin*. Data simulasi berisi kasus harian dari bulan September hingga Oktober 2020, dan parameter-parameter model diestimasi menggunakan metode kuadrat terkecil. Hasil simulasi terkait angka reproduksi dasar (R_0) menunjukkan bahwa jumlah populasi yang terinfeksi masih akan meningkat dalam rentang bulan tersebut karena $R_0 > 1$. Namun, laju pertumbuhan akan berkurang karena kurva R_0 terus menurun. Berdasarkan perhitungan harian R_0 , metode polinomial dan eksponensial memberikan perkiraan yang lebih baik daripada fungsi trigonometri. Selanjutnya, efek vaksinasi dalam model ini memainkan peran penting dalam meredakan pertumbuhan populasi yang terinfeksi. Hasil juga menunjukkan bahwa semakin efektif vaksinasi, semakin baik dalam menekan laju pertumbuhan populasi yang terinfeksi, sehingga menjaga tingkat populasi yang sehat tetap tinggi.

Prediksi matematis telah dilakukan terhadap prevalensi suatu penyakit dalam populasi, di mana individu tertentu dikeluarkan akibat penyakit, sementara individu baru diperkenalkan melalui kelahiran atau imigrasi. Asumsi dasar adalah bahwa efek kekebalan yang dihasilkan oleh penyakit dipertimbangkan, dan efek kematian dari penyebab lain diabaikan, serta tindakan terhadap penyakit tidak bergantung pada usia anak atau individu.

Sebagai studi kasus khusus, hasil telah diperoleh untuk populasi tertutup di mana tidak ada kematian yang terjadi dan tidak ada individu baru yang ditambahkan, tetapi individu yang telah terinfeksi memperoleh kekebalan dan kemudian dapat terinfeksi lagi. Dalam kondisi ini, kepadatan populasi ambang batas harus diatur sehingga penyakit tidak dapat bertahan dalam populasi.

Dalam kasus-kasus khusus lainnya yang kami teliti, imigrasi atau kelahiran individu baru diperkenalkan, dan dalam kasus umum, hanya ada satu penyakit yang relevan. Untuk mencapai kondisi di mana hanya satu penyakit yang mungkin ada dalam populasi, kepadatan populasi harus memenuhi persyaratan tertentu yang akan ditentukan oleh karakteristik infektivitas dan morbiditas penyakit tersebut. Peningkatan angka imigrasi atau angka kelahiran mengakibatkan peningkatan angka infeksi pada orang sehat dan juga persentase infeksi, persentase sakit, dan persentase kematian akibat penyakit. Hasil ini, tentu saja, merupakan konsekuensi penting dari asumsi kita bahwa penyakit adalah satu-satunya penyebab kematian.

Hasil yang lebih spesifik telah dicapai dengan menggantikan konstanta dalam tempat fungsi yang sebelumnya tidak ditentukan dalam teori umum. Selanjutnya, dalam kondisi ini, sifat dari keadaan mapan telah diselidiki secara lebih mendalam, dan telah terbukti bahwa dalam semua kasus, kecuali satu, keadaan mapan adalah yang stabil. Satu-satunya

pengecualian adalah bahwa gangguan akan menghasilkan osilasi periodik murni dalam keadaan tunak.

Analisis dinamika penyebaran COVID-19 di Indonesia telah dilakukan menggunakan model SIR berbasis data yang dikembangkan oleh Batista dengan bantuan kode Matlab. Model ini telah mengungkapkan beberapa temuan penting terkait dengan penyebaran COVID-19 di Indonesia. Salah satu temuan yang menarik adalah pergeseran dalam dinamika wabah, di mana puncak wabah sebelumnya ternyata lebih optimis daripada yang diperkirakan. Ini mengindikasikan bahwa situasi sebenarnya lebih serius daripada yang awalnya diperkirakan. Selain itu, model ini juga memberikan pemahaman tentang pergeseran ke arah saturasi seiring berjalannya waktu, yang mengindikasikan bahwa percepatan transmisi masih terjadi di Indonesia. Hal ini sangat penting untuk memahami sejauh mana penyebaran virus masih berlangsung dan untuk mengambil tindakan yang sesuai. Model SIR berbasis data terbukti sangat berguna dalam mengidentifikasi kondisi pandemi, yang mungkin tidak dapat terdeteksi oleh model yang lebih kompleks. Dengan memperkenalkan parameter penurunan nilai R, kita dapat memberikan panduan tentang kapan kita dapat mencapai kondisi normal baru. Hal ini sangat penting untuk perencanaan dan pengambilan keputusan yang tepat. Selain itu, mengembangkan model SIR berbasis data untuk setiap pulau atau provinsi di Indonesia adalah ide yang baik. Karena Indonesia terdiri dari banyak pulau dengan karakteristik yang berbeda-beda, memiliki model yang dapat disesuaikan dengan masing-masing wilayah dapat membantu dalam pengambilan keputusan yang lebih lokal dan akurat. Dengan demikian, penelitian ini membuka peluang untuk pengembangan lebih lanjut dalam pemahaman dan prediksi penyebaran COVID-19 di Indonesia atau adanya wabah dikemudian hari, serta memberikan landasan untuk pengambilan keputusan yang lebih baik dalam menghadapi pandemi.

KESIMPULAN

Hasil simulasi menggunakan Model SIR menunjukkan beberapa parameter statistik sebagai berikut: Jumlah pengamatan sebanyak 75 dengan tingkat kebebasan sebesar 71. RMSE sebesar 340.973, nilai *R-squared* adalah 0.997, *Adjusted R-squared* sebesar 0.997, dan *F-statistics vs. zero model* sebesar 7304.38. Hasil parameter statistik ini menunjukkan bahwa prediksi yang dihasilkan sangat mendekati data sebenarnya, menunjukkan efektivitas penggunaan Model SIR. Namun, perlu dicatat bahwa dalam model ini, beberapa variabel penting seperti intervensi Pemberlakuan Pembatasan Sosial Berskala Besar (PSBB) dan Pemberlakuan Pembatasan Kegiatan Masyarakat (PPKM) tidak dimasukkan. Meskipun demikian, hasilnya tetap menunjukkan tingkat akurasi yang tinggi.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis menyampaikan terimakasih pada Universitas Nasional atas dukungan dana penelitian melalui bantuan stimulus penelitian Universitas Nasional melalui SK. Rektor Unas No. 90 Tahun 2021. Program utilitas ini dikembangkan oleh Patrick Anderson. Perangkat lunak dan data ini dimaksudkan untuk tujuan pendidikan dan tidak dimaksudkan untuk penggunaan medis atau komersial. Penting untuk diingat bahwa model ini mungkin tidak mencakup semua aspek yang relevan, dan dapat gagal dalam menggambarkan fase awal atau tahap-tahap epidemi yang tidak dapat dijelaskan oleh model SIR.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] World Health Organization, "No Title." <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/#>
- [2] S. N. DeWitte, "Mortality risk and survival in the aftermath of the medieval Black Death," *PLoS One*, vol. 9, no. 5, 2014, doi: 10.1371/journal.pone.0096513.

- [3] N. M. Frieden, "The Russian cholera epidemic, 1892-93, and medical professionalization.," *J. Soc. Hist.*, vol. 10, no. 4, pp. 538–559, Jun. 1977, doi: 10.1353/jsh/10.4.538.
- [4] J. M. Ponnighaus and S. M. Oxborrow, "Construction projects and spread of HIV," *Lancet*, vol. 336, no. 8724, p. 1198, Nov. 1990, doi: 10.1016/0140-6736(90)92821-X.
- [5] S. Dixon, S. McDonald, and J. Roberts, "AIDS and economic growth in Africa: a panel data analysis," *J. Int. Dev.*, vol. 13, no. 4, pp. 411–426, May 2001, doi: 10.1002/jid.795.
- [6] C. Achonu, A. Laporte, and M. A. Gardam, "The financial impact of controlling a respiratory virus outbreak in a teaching hospital: lessons learned from SARS.," *Can. J. Public Health*, vol. 96, no. 1, pp. 52–54, 2005, doi: 10.1007/BF03404018.
- [7] M. Tizzoni *et al.*, "Real-time numerical forecast of global epidemic spreading: case study of 2009 A/H1N1pdm," *BMC Med.*, vol. 10, no. 1, p. 165, 2012, doi: 10.1186/1741-7015-10-165.
- [8] S. J. Fong, G. Li, N. Dey, R. Gonzalez-Crespo, and E. Herrera-Viedma, "Finding an Accurate Early Forecasting Model from Small Dataset: A Case of 2019-nCoV Novel Coronavirus Outbreak," *Int. J. Interact. Multimed. Artif. Intell.*, vol. 6, no. 1, p. 132, 2020, doi: 10.9781/ijimai.2020.02.002.
- [9] D. GREENHALGH and G. HAY, "Mathematical modelling of the spread of HIV/AIDS amongst injecting drug users," *Math. Med. Biol. A J. IMA*, vol. 14, no. 1, pp. 11–38, Mar. 1997, doi: 10.1093/imammb/14.1.11.
- [10] M. A. Khan and A. Atangana, "Modeling the dynamics of novel coronavirus (2019-nCov) with fractional derivative," *Alexandria Eng. J.*, pp. 2379–2389, 2020, doi: 10.1016/j.aej.2020.02.033.
- [11] J. Wangping *et al.*, "Extended SIR Prediction of the Epidemics Trend of COVID-19 in Italy and Compared With Hunan, China," *Front. Med.*, vol. 7, 2020, doi: 10.3389/fmed.2020.00169.
- [12] B. Hu and J. Gong, "Support Vector Machine based classification analysis of SARS spatial distribution," *Proc. - 2010 6th Int. Conf. Nat. Comput. ICNC 2010*, vol. 2, no. Icnc, pp. 924–927, 2010, doi: 10.1109/ICNC.2010.5583921.
- [13] N. Sultana and N. Sharma, "Statistical Models for Predicting Swine Flu Incidences in India," in *2018 First International Conference on Secure Cyber Computing and Communication (ICSCCC)*, 2018, pp. 134–138. doi: 10.1109/ICSCCC.2018.8703300.
- [14] Ismael Abdulrahman, "SimCOVID: Open-Source Simulation Programs for the COVID-19 Outbreak," *medRxiv Prepr.*, 2020, doi: https://doi.org/10.1101/2020.04.13.20063354.
- [15] R. Sameni, "Mathematical Modeling of Epidemic Diseases; A Case Study of the COVID-19 Coronavirus," *arXiv:2003.11371v3*, pp. 1–17, 2020, [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/2003.11371>
- [16] A. A. Toda, "Susceptible-Infected-Recovered (SIR) Dynamics of COVID-19 and Economic Impact," *arXiv:2003.11221v2*, pp. 1–15, 2020, [Online]. Available: <http://arxiv.org/abs/2003.11221>
- [17] E. M. and H. R. and L. R.-G. and C. A. and C. G. and J. H. and B. M. and S. D. and D. B. and E. O.-O. and M. Roser, "Coronavirus Pandemic (COVID-19)," *Our World in Data*, 2020. <https://ourworldindata.org/coronavirus>
- [18] M. Batista, "Estimation of the final size of the second phase of the coronavirus epidemic by the logistic model," *medRxiv Prepr.*, pp. 1–13, 2020, doi: <https://doi.org/10.1101/2020.03.11.20024901>.
- [19] M. Batista, "Estimation of coronavirus COVID-19 epidemic evaluation by the SIR

- model,” 2020. <https://www.mathworks.com/matlabcentral/fileexchange/74658-fitviruscovid19>. (accessed Jul. 01, 2020).
- [20] “No Title,” 2020. <https://covid19.who.int/table>
- [21] “No Title.” <https://covid19.go.id/p/berita/analisis-data-covid-19-indonesia-update-20-desember-2020>