

Penyebaran penyakit menular: model *susceptible exposed infected quarantine recovered* (kasus covid-19 di Indonesia)

¹Eveline N.M Syuhefti, ² Purnami Widyaningsih, ³ Ririn Setiyowati

^{1,2,3} PS Matematika FMIPA Universitas Sebelas Maret

Email: evelinenatasya@student.uns.ac.id

Abstrak

COVID-19 merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus Severe Respiratory Syndrome Coronavirus -2. Menurut Worldometers, pada bulan Juli, Indonesia berada di urutan ke-4 di Asia dan ke-18 di dunia sebagai negara dengan kasus COVID-19 terbanyak. Dalam penelitian ini, diformulasikan model SEIQR pada penyebaran penyakit menular. Model yang diformulasikan berupa sistem persamaan diferensial nonlinear orde satu dengan variabel bebas t dan variabel terikat S , E , I , Q dan R . Selanjutnya, model tersebut diterapkan pada kasus COVID-19 di Indonesia menggunakan data bulanan bulan Maret 2020-Maret 2021. Pola penyebaran yang diperoleh menunjukkan bahwa puncak penderita COVID-19 terjadi pada bulan Agustus 2021 kemudian mengalami trend turun. Pada bulan Januari 2023 diperkirakan masih terdapat penderita COVID-19 sebanyak 2950105 individu. Oleh karena itu, perlunya meningkatkan program karantina dan mengurangi laju kontak agar jumlah individu terinfeksi mengalami penurunan.

Kata kunci: SEIQR; COVID-19; Indonesia.

Abstract

COVID-19 is an infectious disease caused by the Severe Respiratory Syndrome Coronavirus-2. According to Worldometers, in July, Indonesia is ranked 19th in the world and ranked 4th in Asia as the country with the most COVID-19 cases. In this research, the SEIQR model was formulated on the spread of infectious diseases. The SEIQR model is a first-order nonlinear differential equation system with the independent variable t and the dependent variables S , E , I , Q and R . Therefore, the model was applied to COVID-19 in Indonesia by the estimating the parameters values model based on monthly data for the period of March 2020-March 2021. The pattern of the spread of COVID-19 shows the show that the peak of COVID-19 sufferers occurred in August 2021 and then experienced a downward trend. Based on the application, in January 2023, there are still 2950105 cases of COVID-19. Therefore, it is necessary to increase the quarantine program and reduce the contact rate so that the number of infected individuals decreases.

Keywords: SEIQR; COVID-19; Indonesia.

A. Pendahuluan

Penyakit menular terjadi di seluruh dunia termasuk Indonesia. Penyakit menular disebabkan oleh mikroorganisme, virus, bakteri dan parasit. Penyebarannya secara langsung melalui kontak fisik maupun secara tidak langsung melalui udara. Oleh karena itu, diperlukan upaya pencegahan agar penyakit menular tidak semakin menyebar. Penyebaran penyakit menular dapat direpresentasikan dalam model *susceptible infected recovered* (SIR). Model SIR pertama kali diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick

(1927). Setiap individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi penyakit dikategorikan sebagai kelompok individu *susceptible* (S). Individu yang terinfeksi penyakit dikategorikan sebagai kelompok individu *infected* (I). Individu yang sembuh dari penyakit dikategorikan sebagai kelompok individu *recovered* (R). Kemudian, Hethcote (1989) mengonstruksikan model SIR . Pada model SIR tersebut, populasi diasumsikan konstan dengan tidak memasukkan faktor migrasi.

Istilah individu suspek merupakan individu dengan salah satu gejala/tanda infeksi saluran pernafasan akut (ISPA) dan pada 14 hari terakhir sebelum timbul gejala memiliki riwayat kontak dengan kasus konfirmasi COVID-19 (Kementerian Kesehatan RI, 2020). Individu suspek sudah memiliki gejala ISPA namun belum diketahui individu tersebut terinfeksi COVID-19 atau tidak. Oleh sebab itu, kelompok individu suspek dikategorikan sebagai individu *exposed* (E).

Penyakit menular COVID-19 dapat dicegah dan dikendalikan penyebarannya dengan program karantina. Karantina adalah upaya isolasi untuk mengurangi transmisi penyakit menular pada manusia (Kementerian Kesehatan RI, 2020). Karantina dilakukan pada kelompok individu *infected*. Selanjutnya pada tahun 2002, Hethcote dkk. (2002) mengembangkan model SIR dengan ditambahkan individu Q yaitu individu yang mengalami proses karantina. Kemudian model tersebut berubah menjadi model *susceptible infected quarantine recovered* ($SIQR$). Pada model tersebut, populasi diasumsikan konstan dan tidak memasukkan faktor migrasi. Berbeda dengan Hethcote dkk. (2002), Sastraredja dan Aryani (2020) mengonstruksi model $SIQR$ dengan mengasumsikan kelompok individu R memperoleh kekebalan sementara. Jika masa kekebalan tersebut telah berakhir maka kelompok individu R dapat rentan terinfeksi penyakit. Pada tahun 2020, Annas dkk. (2020) mengembangkan model SIR yang dikonstruksikan oleh Side (2015) menjadi model *susceptible exposed infected recovered* ($SEIR$) untuk pandemi COVID-19.

Pada tahun 2009, Jumpen dkk. (2009) meneliti model *susceptible exposed infected quarantine recovered* ($SEIQR$) pada penyakit influenza. Pada model tersebut, populasi diasumsikan konstan dan kelompok individu R memperoleh kekebalan permanen. Berbeda dengan Jumpen dkk. (2009), Sastraredja (2020) juga meneliti model $SEIQR$ pada penyakit COVID-19 dengan mengasumsikan kelompok individu *exposed* dapat kembali menjadi kelompok individu *susceptible*, kemudian dengan asumsi yang sama, bahwa individu *exposed* dapat sembuh (Jumpen dkk., 2009). Selain itu, laju kematian juga dibedakan menjadi dua yaitu laju kematian alami dan laju kematian karena penyakit COVID-19.

Pada penelitian ini diformulasikan model $SEIQR$ pada penyebaran penyakit menular. Sebelumnya pada tahun 2020, Sastraredja (2020) telah meneliti model $SEIQR$ pada penyebaran penyakit menular. Sama dengan Sastraredja (2020) populasi diasumsikan konstan tanpa adanya faktor migrasi dan individu E yang dinyatakan tidak terinfeksi diasumsikan rentan

terhadap penyakit sehingga dapat kembali menjadi individu kelompok *susceptible*. Berbeda dengan Jumpen dkk. (2009) dan Sastraredja (2020), pada penelitian ini individu E diasumsikan tidak mengalami kesembuhan secara langsung. Selanjutnya individu E yang dinyatakan tidak terinfeksi penyakit diasumsikan rentan. Kemudian, ditambahkan asumsi yang telah ada pada model $SEIQR$ yang dikonstruksikan Sastraredja (2020) yaitu laju kematian dibedakan menjadi laju kematian alami dan laju kematian karena penyakit COVID-19. Dengan demikian, model $SEIQR$ diterapkan pada penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia.

B. Metode Penelitian

Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah studi literatur dan terapan. Studi literatur dibagi menjadi dua bagian yaitu data penelitian dan langkah penelitian. Data penelitian yang digunakan berupa data sekunder bulanan dari bulan Maret 2020-Maret 2021 yang bersumber dari Gugus Tugas Percepatan Penanganan COVID-19 (2020), Corona Statistic (2020) dan Badan Pusat Statistik (2021). Langkah-langkah penelitian meliputi mengidentifikasi karakteristik penyakit menular, mengubah dan menambah asumsi model SIR (sebagai model dasarnya), membentuk individu kelompok E dan Q sehingga kelompok dalam modelnya adalah $SEIQR$, menambah parameter serta menentukan hubungan antara variabel dan parameter pada model $SEIQR$ yang terbentuk. Data bulanan pada bulan Maret 2020-Maret 2021 digunakan untuk mengestimasi nilai sembilan parameter, menentukan nilai awal model, sedangkan data bulan Maret 2021 digunakan untuk keakuratan model. Kemudian, menentukan penyelesaian sistem masalah nilai awal menggunakan metode Runge-Kutta orde empat. Penyelesaian pada bulan Maret 2021 dibandingkan dengan data real bulan yang sama. Berdasarkan penyelesaian model dibuat grafik penyelesaian dalam bentuk *scatter plot* untuk memperoleh pola penyebaran COVID-19 di Indonesia.

C. Hasil dan Pembahasan

Bagian ini menyajikan formulasi model $SEIQR$ dan penerapan model tersebut dalam penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia.

Model SIR dari Hethcote (2000) digunakan sebagai dasar pengonstruksian model ini. Hethcote (2000) mengembangkan model SIR klasik dengan mengasumsikan populasinya konstan sebesar N dan faktor migrasi tidak dipertimbangkan. Faktor yang mempengaruhi banyaknya individu dalam suatu populasi yaitu faktor kelahiran, kematian dan migrasi. Pada penelitian ini hanya memperhatikan faktor kelahiran dan kematian dengan populasi diasumsikan konstan, sedangkan faktor migrasi tidak dipertimbangkan. Oleh karena itu, laju kelahiran dan laju kematian bernilai sama. Mengacu pada model $SEIQR$ Sastraredja (2020), kematian dibedakan menjadi dua yaitu kematian secara alami dan kematian karena penyakit. Jika η adalah laju kematian alami maka banyaknya individu kelompok S , I ,

dan R berturut-turut berkurang ηS , ηI dan ηR . Jika μ adalah laju kematian karena COVID-19 maka banyaknya individu kelompok E , I dan Q berkurang sebesar μE , μI dan μQ .

Individu suspek COVID-19 yaitu individu dengan salah satu gejala/tanda ISPA dan memiliki riwayat kontak dengan individu yang sudah terkonfirmasi COVID-19 dalam waktu 14 hari terakhir. Individu kelompok *exposed* yang dinyatakan positif terinfeksi COVID-19 dibuktikan dengan pemeriksaan laboratorium (test RT-PCR) (Kementerian Kesehatan RI, 2020). Apabila hasil menunjukkan hasil yang negatif maka individu kelompok E menjadi individu kelompok *susceptible* kembali, jika hasilnya positif maka individu kelompok *exposed* menjadi individu kelompok *infected*. Berbeda dengan penelitian Sastraredja (2020), pada penelitian ini individu E diasumsikan tidak mengalami kesembuhan secara langsung. Selanjutnya individu E yang dinyatakan tidak terinfeksi penyakit diasumsikan menjadi individu sehat tetapi rentan. Jika θ adalah laju individu suspek yang tidak terinfeksi menjadi rentan maka banyaknya individu kelompok E berkurang sebesar θE dan banyaknya individu kelompok S bertambah sebesar θE . Sama dengan model Annas dkk. (2020), pada penelitian ini semua individu I telah melewati status suspek. Jika ω adalah laju infeksi maka banyaknya individu kelompok E berkurang sebesar ωE dan banyaknya individu kelompok I bertambah sebesar ωE .

Individu *infected* diberi penanganan berupa upaya karantina. Karantina merupakan proses mengurangi resiko penularan dan identifikasi dini COVID-19 melalui upaya pemisahan individu yang terkonfirmasi positif COVID-19 dengan individu sehat. Mengacu pada model $SIQR$ yang dikembangkan oleh Hethcote dkk. (2002), individu yang dikarantina dikategorikan sebagai kelompok individu *quarantine* (Q). Jika α adalah laju karantina maka banyaknya individu kelompok I berkurang sebesar αI dan individu kelompok Q bertambah sebesar αI . Individu I yang telah masuk ke dalam upaya karantina dimungkinkan sembuh. Jika δ adalah laju kesembuhan setelah karantina maka banyaknya kelompok individu Q berkurang sebesar δQ dan individu kelompok R bertambah sebesar δQ . Individu I dimungkinkan untuk sembuh apabila dikarantina atau isolasi mandiri. Jika γ adalah laju kesembuhan setelah terinfeksi maka banyaknya individu kelompok I berkurang sebesar γI dan individu kelompok R bertambah sebesar γI .

Pada tahun 2009, Jumpen dkk. (2009) meneliti model $SEIQR$ dengan mengasumsikan individu kelompok R memiliki kekebalan permanen. Sedangkan Sastraredja (2020) meneliti model $SEIQR$ dengan mengasumsikan individu kelompok R memiliki kekebalan sementara. Jika masa kekebalan tersebut berakhir maka individu R dapat rentan terinfeksi kembali. Sehingga individu R dapat kembali menjadi individu S . Sama dengan penelitian Sastraredja (2020), pada penelitian ini individu kelompok

R diasumsikan memiliki kekebalan sementara. Jika σ adalah laju imunitas maka banyaknya individu kelompok R berkurang sebesar σR sedangkan individu kelompok S bertambah sebesar σR . Selanjutnya, individu kelompok S dimungkinkan melakukan kontak dengan individu suspek dan individu yang terinfeksi. Untuk itu, pengaruh kontak antara individu kelompok S dan I berubah dari $\beta \frac{SI}{N}$ menjadi $\beta S \left(\frac{E+I}{N} \right)$. Dengan demikian, diperoleh model SEIQR pada penyebaran penyakit menular yang dituliskan sebagai

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \eta N - \beta S \left(\frac{E+I}{N} \right) - \eta S + \sigma R + \theta E, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta S \left(\frac{E+I}{N} \right) - (\omega + \eta + \mu + \theta) E, \\ \frac{dI}{dt} &= \omega E - (\alpha + \gamma + \eta + \mu) I, \\ \frac{dQ}{dt} &= \alpha I - (\delta + \eta + \mu) Q, \\ \frac{dR}{dt} &= \delta Q + \gamma I - (\eta + \sigma) R, \end{aligned} \tag{1}$$

dengan $S(0) \geq 0$, $E(0) \geq 0$, $I(0) > 0$, $Q > 0$, $R(0) \geq 0$, dan $\eta, \theta, \beta, \gamma, \omega, \alpha, \delta, \mu, \sigma > 0$. Kesembilan parameter berturut-turut adalah adalah laju kelahiran/kematian alami, laju suspek menjadi rentan, laju kontak, laju kesembuhan setelah terinfeksi, laju infeksi, laju karantina, laju kesembuhan setelah karantina, laju kematian karena penyakit, dan laju imunitas. Model (1) merupakan sistem persamaan diferensial nonlinear orde satu dengan variabel bebas t dan empat variabel terikat S, E, I, Q , dan R .

1. Penerapan

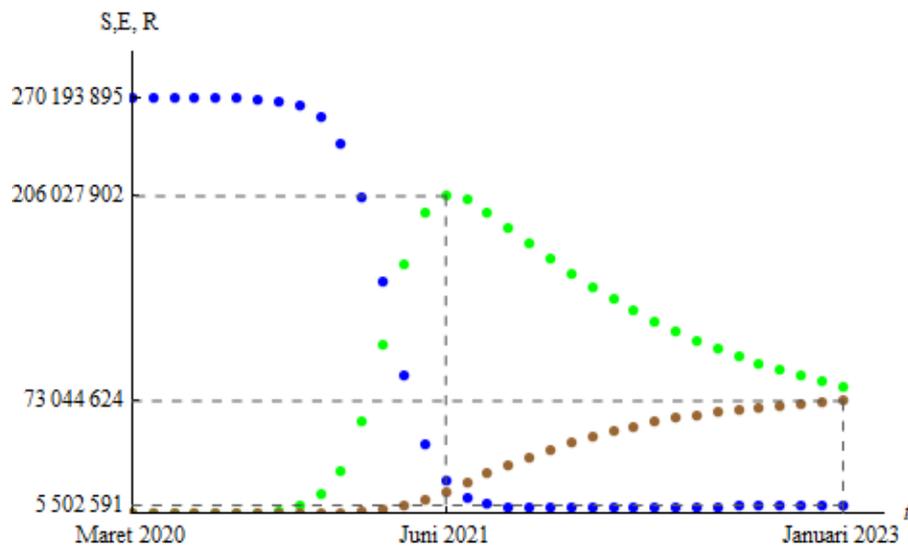
Model SEIQR (1) diterapkan pada penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia. Data bulan Maret 2020-Februari 2021 digunakan untuk mengestimasi parameter model, data pada bulan Maret 2021 digunakan untuk mengukur keakuratan model. Hasil estimasi nilai sembilan parameter $\eta = 0.001367$, $\theta = 0.007269$, $\beta = 1.009916$, $\gamma = 0.788459$, $\omega = 0.034960$, $\alpha = 0.199098$, $\delta = 0.856200$, $\mu = 0.031342$, dan $\sigma = 0.03$. Nilai parameter disubstitusikan ke dalam model (1) sehingga diperoleh model SEIQR pada penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia yaitu

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= 0.001367N - 1.009916S \left(\frac{E+I}{N} \right) - 0.001367S + 0.03R + 0.074939E, \\ \frac{dE}{dt} &= 1.009916S \left(\frac{E+I}{N} \right) - (0.074939)E, \\ \frac{dI}{dt} &= 0.034960E - (1.020267)I, \\ \frac{dQ}{dt} &= 0.199098I - (0.888910)Q, \\ \frac{dR}{dt} &= 0.856200Q + 0.788459I - (0.031367)R, \end{aligned} \tag{2}$$

Bulan Maret 2020 dijadikan sebagai nilai awal yaitu

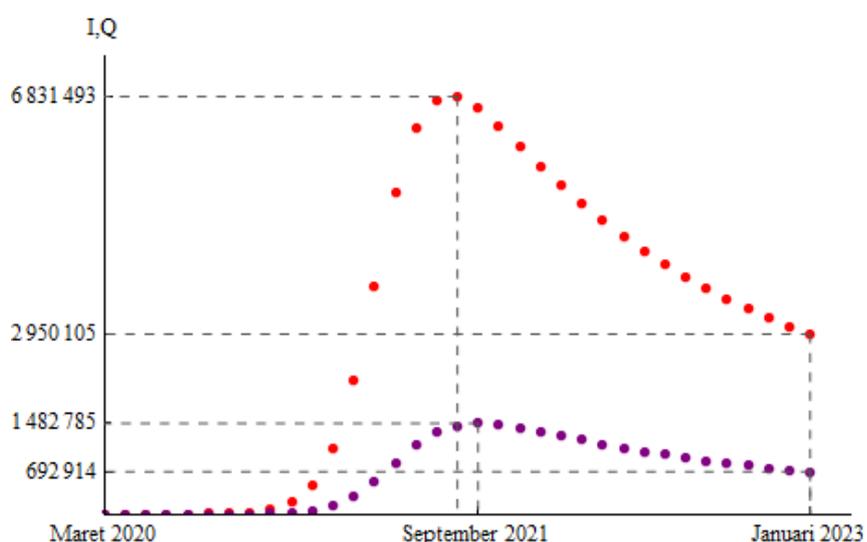
$$\begin{aligned} S(0) &= 270193895, E(0) = 3185, I(0) = 1528, \\ Q(0) &= 1331, R(0) = 81 \end{aligned} \tag{3}$$

Penyelesaian pendekatan sistem persamaan diferensial (2) dengan nilai awal (3) ditentukan penyelesaiannya menggunakan metode Runge-Kutta orde empat untuk periode 34 bulan pertama (Maret 2020-Januari 2023). Penyelesaian pada bulan Maret 2021 dibandingkan dengan banyaknya individu kelompok S , E , I , Q dan R pada bulan yang sama. Banyaknya individu pada masing-masing kelompok direpresentasikan dalam grafik yang menunjukkan pola penyebaran penyakit COVID-19.



Gambar 1. Scatter plot banyaknya individu kelompok S (biru), E (hijau) dan R (coklat)

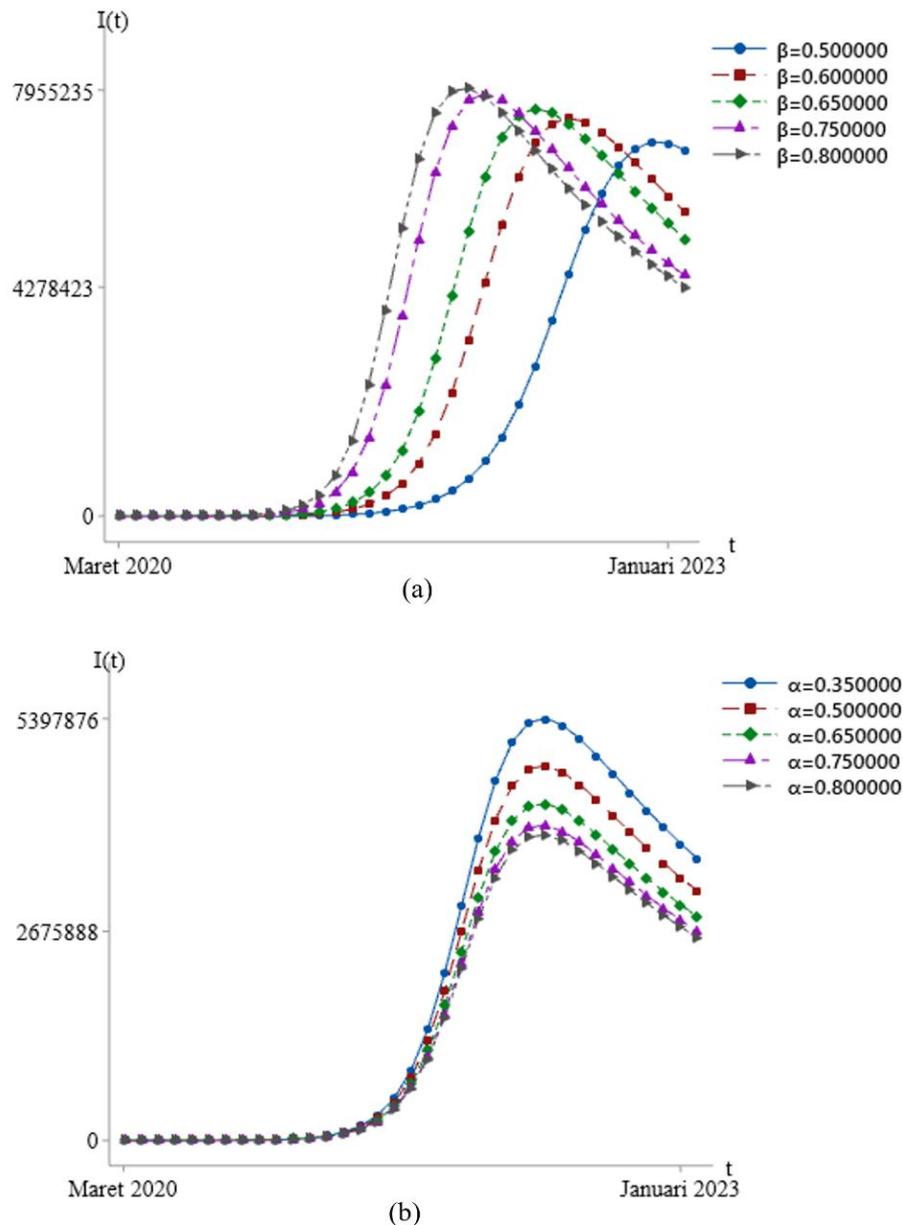
Gambar 1 menunjukkan pola penyebaran COVID-19 di Indonesia pada bulan Maret 2020-Januari 2023. Banyaknya individu S ditunjukkan pada Gambar 1 mengalami *trend* turun tiap bulannya hingga bulan Januari 2023 mencapai 5502591 individu. Sebaliknya, individu E mengalami *trend* naik dengan titik tertinggi pada bulan Juni 2021 mencapai 206027902 individu kemudian mengalami penurunan. Terlihat pada Gambar 2, individu Q mengalami *trend* naik pada bulan September 2021 dengan titik tertinggi mencapai 1482785 individu. Individu R mengalami *trend* naik tiap bulannya hingga 73044624 individu pada bulan Januari 2023.



Gambar 2. *Scatter plot* banyaknya individu kelompok I (merah) dan Q (ungu)

Gambar 2 menunjukkan individu I mengalami *trend* naik pada bulan Agustus 2021 dengan titik tertinggi mencapai 6831493 individu kemudian mengalami penurunan menjadi 2950105 individu pada bulan Januari 2023. Norm eror penyelesaian pendekatan untuk kelompok individu S , E , I , Q , dan R sebesar 159258030.

Oleh karena nilai norm eror penyelesaian dan individu yang terinfeksi masih cukup besar, maka dilakukan simulasi nilai parameter laju kontak (β) dan laju karantina (α). Simulasi dilakukan dengan meningkatkan laju karantina dan menurunkan laju kontak. Hasil simulasi β dan α ditunjukkan pada Gambar 3.



Gambar 3. Scatter plot banyaknya individu kelompok I dengan (a) 5 variasi nilai β dan (b) 5 variasi nilai α

Berdasarkan Gambar 3, banyaknya individu yang terinfeksi COVID-19 berkurang dengan menurunkan nilai β dari 1.009916 menjadi 0.650000 dan menaikkan nilai α dari 0.199098 menjadi 0.800000. Kemudian, nilai parameter baru disubstitusi ke model (2), diperoleh bahwa pada bulan Januari 2023 masih terdapat 2593218 individu yang terinfeksi COVID-19. Selanjutnya, diperoleh bahwa norm eror penyelesaian pendekatan untuk kelompok individu S , E , I , Q , dan R menjadi 1639874.087. Berdasarkan

simulasi, diprediksi bahwa pada tahun 2023 masih belum terbebas dari kasus COVID-19.

D. Simpulan

Berdasarkan hasil dan pembahasan diperoleh empat kesimpulan sebagai berikut.

1. Model SEIQR pada penyebaran penyakit menular adalah (1), yaitu system persamaan diferensial nonlinear orde satu dengan variabel bebas t dan variable terikat $S, E, I, Q,$ dan R .
2. Model SEIQR pada penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia, yaitu sistem (2).
3. Pola penyebaran COVID-19 di Indonesia pada bulan Maret 2020-Januari 2023 menunjukkan bahwa banyaknya individu yang sehat tetapi rentan terinfeksi adalah *trend* turun. Sedangkan individu sembuh mengalami *trend* naik.
4. Puncak penderita COVID-19 terjadi pada bulan Agustus 2021 kemudian mengalami *trend* turun. Pada tahun 2023 diperkirakan masih terdapat sebanyak 2950105 individu yang terinfeksi. Untuk mengurangi jumlah individu yang terinfeksi, dilakukan dengan mengurangi kontak dengan penderita dan meningkatkan karantina. Berdasarkan simulasi, dengan diturunkan β dari 1.009916 menjadi 0.650000 dan dinaikkan α dari 0.199098 menjadi 0.800000 secara bersama-sama serta parameter lainnya tetap maka terjadi penurunan jumlah individu infected menjadi 2593218 individu dengan norm eror penyelesaian pendekatan untuk kelompok individu $S, E, I, Q,$ dan R menjadi 1639874.087.

E. Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini didanai oleh RKAT PTNBH Universitas Sebelas Maret Tahun Anggaran 2021 melalui skema penelitian hibah grup riset (penelitian hgr-uns) dengan Nomor Kontrak: 260/UN27.22/HK.07.00/2021. Oleh karenanya ucapan terima kasih dan penghargaan yang tinggi penulis ucapkan kepada LPPM UNS.

F. Daftar Pustaka

- Annas, S., M. I. Pratama, M. Rifandi, W. Sanusi, & S. Side. (2020). Stability Analysis and Numerical Simulation of SEIR Model for Pandemic COVID-19 Spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals* **139**, 110072. doi:10.1016/j.chaos.2020.110072
- Badan Pusat Statistik. (2020). *Hasil Sensus Penduduk*. Diakses dari <https://bps.go.id/pressrelease/2021/01/21/1854/hasil-sensus-penduduk-2020.html> tanggal 24 April 2021.
- Hethcote, H. W, M. Zhiem, & L. Shengbing. (2002). Effect of Quarantine in Six Endemic Models for Infectious Disease, *Mathematical Biosciences*, 180. 141-160.
- Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases, *SIAM review* 42, no.4, 599-653.
- Hethcote, H. W. (1989). Three Basic Epidemiological Models. *Applied Mathematical Ecology*, 18, 119–144.
- Jumpen, W., B. Wiwatanapataphee, Y. H. Wu, & I. M. Tang. (2009). A SEIQR Model for Pandemic Influenza and Its Parameter Identification, *International Journal of Pure and Applied Mathematics*, 52, 247-265.
- Kementerian Kesehatan RI. (2020). *Pedoman Pencegahan dan Pengendalian Coronavirus Disease (COVID-19) Revisi ke-5*, Kementerian Kesehatan Republik Indonesia.
- Kermack, W. O. dan A. G. McKendrick. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, *Proceedings of the Royal Society of London* 115, 700-721.
- Sastraredja, S. (2020). Perkembangan Analisa Pemodelan COVID-19 di Indoensia dan Surakarta. Diakses dari <https://www.youtube.com/watch?v=t-OSNF2IaZE> tanggal 5 September 2020.
- Sastraredja, S. dan I. Aryani. (2020). COVID19: Ekonomi, Kedokteran dan Matematika. Diakses dari https://youtu.be/gl_y21SMuvM pada 5 September 2020.
- Side, S. (2015). A Susceptible Infected Recovered Model and Simulation for Transmission of Tuberculosis, *Journal of Computational and Theoretical Nanoscience: Advanced Science Letters*, **21(2)**, 137-139 doi:10.1166/asl.2015.5840
- World Bank. (2020). Birth and Death Rate, Crude. Diakses dari <https://www.data.worldbank.org> tanggal 10 September 2020.