



ESTIMASI PARAMETER PADA MODEL MATEMATIKA PENYEBARAN COVID-19 DI TUBAN, JAWA TIMUR

AHMAD ZAENAL ARIFIN^{1*}, MUHAMMAD FAHRUR ROZI², RIF'A ATUL HASANAH³, DIAN C.
RINI NOVITASARI⁴.

¹Program studi Matematika Universitas PGRI Ronggolawe, Tuban

^{2,3,4}Program studi Matematika, Universitas Islam Negeri Sunan Ampel, Surabaya

*Email: az_arifin@unirow.ac.id

ABSTRAK

COVID-19 merupakan penyakit yang disebabkan oleh *Coronavirus 2 Syndrome Acute Syndrome* (SARS-CoV-2). Penularan COVID-19 terjadi karena droplet yang dikeluarkan oleh orang yang terkena COVID-19. Penularan tersebut terjadi dengan cepat hingga meluas diberbagai daerah dipenjuru dunia. Salah satu daerah yang terdampak yaitu Kabupaten Tuban. Minimnya orang yang memperhatikan protokol kesehatan membuat penularan COVID-19 di Tuban semakin cepat. Berbagai tindakan yang tepat sangat dibutuhkan untuk mengatasi penyebaran COVID-19 di kota Tuban. Untuk memberikan tindakan yang tepat dibutuhkan sebuah analisa penyebaran penyakit dengan melihat beberapa parameter yang berpengaruh dalam penyebaran COVID-19. Pada penelitian ini dilakukan simulasi penyebaran COVID-19 menggunakan SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*) dengan menggunakan metode Runge-Kutta. Populasi Exposed digunakan sebagai populasi yang dicurigai dapat terinfeksi COVID-19. Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa estimasi parameter pada model matematika dapat memperkecil error yang ditunjukkan dengan MAPE yang kecil.

Kata Kunci: Covid-19, SEIR, Runge-Kutta, MAPE

ABSTRACT

COVID-19 is a disease caused by Coronavirus 2 Syndrome Acute Syndrome (SARS-CoV-2). Transmission of COVID-19 occurs due to droplets released by people who have COVID-19. The contagion occurs quickly to spread in various regions in all corners of the world. One of the affected areas is Tuban Regency. The lack of people who pay attention to health protocols makes the transmission of COVID-19 in Tuban faster. Various appropriate actions are urgently needed to overcome the spread of COVID-19 in the city of Tuban. To provide the right action, an analysis of the spread of the disease is needed by looking at several parameters that influence the spread of COVID-19. In this study, a simulation of the spread of COVID-19 was carried out using SEIR (Susceptible, Exposed, Infected, Recovered) using the Runge-Kutta method. The exposed population is used as a population suspected of being infected with COVID-19. The results of this study indicate that the parameter estimation in the mathematical model can reduce the error indicated by a small MAPE.

Keywords: Covid-19, SEIR, Runge-Kutta, MAPE

1 Pendahuluan

COVID-19 merupakan salah satu penyakit yang disebabkan oleh Coronavirus 2 Syndrome Acute Syndrome (SARS-CoV-2) [1], [2]. COVID-19 pertama kali diketahui muncul dari kota Wuhan, provinsi Hubei Cina. Kasus COVID-19 untuk pertama kalinya dilaporkan pada 31 Desember 2019 [3]. Setelah diidentifikasi terdapat beberapa gejala yang dapat digunakan untuk mengenali serangan dari COVID-19. Beberapa kasus covid dilaporkan dengan gejala batuk kering, sesak nafas, dan demam dengan suhu di atas 38 derajat celsius. Beberapa kasus dengan COVID-19 banyak menyebabkan kematian jika disertai dengan komplikasi penyakit lain yang mematikan.

Penyebaran COVID-19 juga tergolong sangat cepat, karena penyebaran COVID-19 yang begitu cepat dan tidak diiringi dengan pencegahan menggunakan vaksin membuat kasus COVID-19 menjadi kasus yang sangat penting untuk segera diatasi. Penularan COVID-19 terjadi melalui tetesan air liur yang keluar dari mulut maupun hidung yang biasa disebut dengan droplet[4]. Penularan COVID-19 dapat terjadi dengan kontak langsung dengan manusia atau dapat melalui benda yang terkena tetesan droplet dan terhirup oleh orang yang rentan tertular COVID-19.

Penularan COVID-19 yang begitu cepat hingga tanggal 18 Maret 2020 terdapat 159 negara terkonfirmasi melaporkan kasus positif COVID-19 [5]. Salah satu negara yang melaporkan kasus COVID-19 yaitu Indonesia. Tercatat pada tanggal 2 Maret 2020 untuk pertama kalinya Indonesia melaporkan dua kasus terkonfirmasi positif COVID-19 [6]. Pada tanggal 19 Juni 2020 kasus COVID-19 meluas hingga ke semua provinsi, dan menyebar di 345 kabupaten / kota di Indonesia [7]. Salah satu kabupaten yang terdampak yaitu kabupaten Tuban. Beberapa hari terakhir kabupaten tuban melaporkan penambahan kasus yang signifikan. Tanggal 19 Juni 2020 tercatat 88 kasus terkonfirmasi positif, 88 orang tercatat sebagai Pasien Dalam Pengawasan (PDP), dan 649 merupakan Orang Dalam Pemantauan (ODP) [8].

Pertambahan kasus COVID-19 di Kabupaten Tuban sangat penting untuk dikendalikan mengingat tuban merupakan salah satu daerah penghubung antar provinsi, selain itu, Pertambahan cluster penyebaran COVID-19 semakin meningkat, setelah ditemukan kasus baru di pasar Tambakboyo Kabupaten Tuban. Kemunculan cluster baru menunjukkan bahwa kesadaran masyarakat yang masih kurang dalam melaksanakan protokol Kesehatan[9]

Penanganan yang cepat dibutuhkan untuk menangani perkembangan dan pertumbuhan cluster COVID-19 di kabupaten Tuban. Salah satu cara yang dapat digunakan yaitu melihat pertumbuhan kasus di kabupaten tuban menggunakan pendekatan dari data yang sudah terkonfirmasi. Pendekatan yang dapat dilakukan diantaranya yaitu menggunakan model matematis. Model matematis dibuat dengan melihat laju pertumbuhan COVID-19. Model matematis diharapkan dapat membentuk sebuah garis regresi yang menyerupai pertumbuhan covid di kabupaten Tuban.

Pada penelitian sebelumnya model matematis telah digunakan untuk melihat sebaran dari beberapa penyakit. Penelitian sebelumnya menggunakan model matematis untuk melakukan prediksi pada penyebaran penyakit influenza, hepatitis, koinfeksi HIV-malaria maupun penyakit lainnya [10]–[12]. Pendekatan menggunakan matematis dapat membantu untuk melakukan perkiraan pertumbuhan penyakit tersebut di beberapa waktu kedepan. Selain itu dengan melihat model pertumbuhan penyakit dapat dilakukan langkah antisipasi atau langkah langkah pencegahan dalam memerangi beberapa penyakit yang sedang berkembang [13].

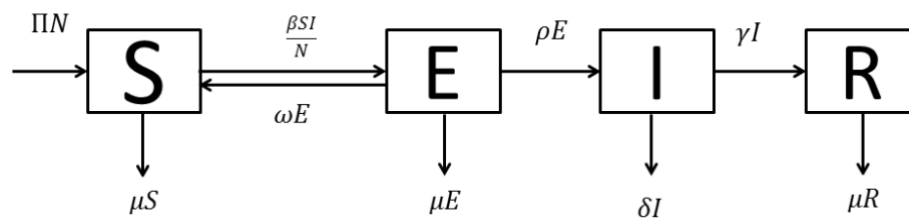
Kebanyakan dari model matematis yang digunakan yaitu model SIR (Susceptible, Infected, and Recovered). Pada penelitian ini model yang digunakan yaitu SEIR (Susceptible, Exposed, Infected, Recovery, and Died). Penggunaan populasi exposed sebagai populasi yang dicurigai terinfeksi COVID-19. Populasi exposed memungkinkan untuk kembali pada populasi Susceptible sebagai orang yang rentan terinfeksi COVID-19.

2 Tinjauan Pustaka

2.1 Model Matematis

Model matematis yang digunakan yaitu model SIR (*Susceptible, Infected, and Recovered*). Pada penelitian ini model yang digunakan yaitu SEIR (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*). Penggunaan populasi Exposed sebagai populasi yang dicurigai terinfeksi COVID-19. Populasi *Exposed* memungkinkan untuk kembali pada populasi Susceptible sebagai orang yang rentan terinfeksi COVID-19. Total populasi pada saat t disajikan pada persamaan (1).

$$\begin{aligned} N &= S + E + I + R, \\ \frac{dN}{dt} &= \frac{dS}{dt} + \frac{dE}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt}. \end{aligned} \quad (1)$$



Gambar 1. Model COVID-19 Tuban

Bedasarkan diagram pada gambar 1, model matematika COVID19 di Tuban dapat ditulis sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = \Pi N - \frac{\beta SI}{N} - \mu S + \omega E, \quad (2)$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - (\rho + \mu + \omega)E, \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \rho E - (\gamma + \delta)I, \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \quad (5)$$

Asumsikan bahwa $\mu \approx \gamma_D$ sehingga Persamaan (1) menjadi

$$\frac{dN}{dt} = (\Pi - \mu)N.$$

Diperoleh solusi eksak untuk $N(t) = e^{(\Pi - \mu)t}$ digunakan dalam proses penyederhanaan dan memenuhi hukum Cancelasi N. Persamaan (2)-(5) akan diubah kedalam bentuk nondimensional, sehingga menjadi:

$$S = sN, \quad E = eN, \quad I = iN, \quad R = rN.$$

$$\frac{dS}{dt} = \frac{d(sN)}{dt} = \Pi N - \frac{\beta(sN)(iN)}{N} - \mu(sN) + \omega(eN).$$

$$N \frac{ds}{dt} + s \frac{dN}{dt} = \Pi N - \beta siN - \mu(sN) + \omega(eN).$$

$$\frac{ds}{dt} = \Pi - \beta si - \mu s + \omega e. \quad (6)$$

Dengan cara yang sama didapatkan:

$$\frac{de}{dt} = \beta si - (\rho + \mu + \omega)e. \quad (7)$$

$$\frac{di}{dt} = \rho e - (\gamma + \delta)i. \quad (8)$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i - \mu r. \quad (9)$$

Pada Persamaan (6) sampai (9) variabel r tidak muncul pada persamaan lain, yang berarti bahwa jumlah individu pada kompartemen r tidak mempengaruhi laju perubahan jumlah individu pada kompartemen lainnya, maka persamaan r dapat diabaikan. Jadi persamaan yang akan digunakan hanya Persamaan (6) sampai (8).

2.2 Titik Kesetimbangan

Titik kesetimbangan terjadi saat tidak ada lagi penambahan atau pengurangan pasien. Kondisi ini terjadi pada saat laju sama dengan nol, artinya laju perubahan populasi rentan (s), terpapar (e), terinfeksi (i) dan sembuh (r) semua sama dengan nol. Terdapat dua titik kesetimbangan, yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan endemik.

2.2.1 Kesetimbangan Bebas Penyakit (ε_0)

Titik ini terjadi karena diasumsikan bahwa dalam suatu populasi tidak ada penyakit yang menular artinya tidak ada yang terpapar dan tidak ada yang terinfeksi ($e = 0$ dan $i = 0$). Dimisalkan titik kesetimbangan bebas penyakit yaitu $E_0 = (s_0, e_0, i_0)$

$$0 = \Pi - \beta s_0 i_0 - \mu s_0 + \omega e_0.$$

$$0 = \Pi - \beta s_0 (0) - \mu s_0 + \omega (0).$$

$$0 = \Pi - \mu s_0.$$

$$\mu s_0 = \Pi.$$

$$s_0 = \frac{\Pi}{\mu}.$$

Berdasarkan perhitungan di atas, diperoleh titik kesetimbangan bebas penyakit (ε_0)

$$\varepsilon_0 = (s_0, e_0, i_0) = \left(\frac{\Pi}{\mu}, 0, 0\right). \quad (10)$$

2.2.2 Titik Kesetimbangan Endemik (ε_1)

Titik ini terjadi karena diasumsikan bahwa dalam suatu populasi ada penyakit yang menular artinya ada yang terpapar dan ada yang terinfeksi ($e \neq 0$ dan $i \neq 0$). Dimisalkan titik kesetimbangan endemik yaitu $\varepsilon_1 = (s_1, e_1, i_1)$

Mencari titik e_1 dengan menggunakan Persamaan (8):

$$0 = \rho e_1 - (\gamma + \delta) i_1.$$

$$\rho e_1 = (\gamma + \delta) i_1.$$

$$e_1 = \frac{\gamma + \delta}{\rho} i_1. \quad (11)$$

$$\frac{e_1}{i_1} = \frac{\gamma + \delta}{\rho}.$$

Mencari titik s_1 dengan menggunakan Persamaan (7):

$$0 = \beta s_1 i_1 - (\rho + \mu + \omega) e_1.$$

$$\beta s_1 i_1 = (\rho + \mu + \omega) e_1.$$

$$s_1 = \frac{(\rho + \mu + \omega) e_1}{\beta i_1}.$$

$$s_1 = \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho}.$$

Mencari titik i_1 dengan menggunakan Persamaan (6):

$$0 = \Pi - \beta s_1 i_1 - \mu s_1 + \omega e_1.$$

$$\beta s_1 i_1 + \mu s_1 = \Pi + \omega e_1.$$

$$(\beta i_1 + \mu) s_1 = \Pi + \omega e_1.$$

$$(\beta i_1 + \mu) \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho} = \Pi + \omega \frac{(\gamma + \delta)}{\rho} i_1.$$

$$\frac{\beta i_1 (\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho} - \omega \frac{(\gamma + \delta)}{\rho} i_1 = \Pi - \mu \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho}.$$

$$(\rho + \mu) \frac{(\gamma + \delta)}{\rho} i_1 = \Pi - \mu \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho}.$$

$$(\rho + \mu) i_1 = \Pi - \mu \frac{(\rho + \mu + \omega)}{\beta}.$$

$$i_1 = \frac{\Pi \beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\beta(\rho + \mu)}.$$

Karena titik i_1 telah diketahui maka Persamaan (11) menjadi:

$$e_1 = \frac{(\gamma + \delta)}{\rho} i_1.$$

$$e_1 = \frac{(\gamma + \delta) \Pi \beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\rho \beta(\rho + \mu)}.$$

Berdasarkan perhitungan di atas, diperoleh titik kesetimbangan endemik (ε_1)

$$\varepsilon_1 = (s_1, e_1, i_1) = \left(\frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta \rho}, \frac{(\gamma + \delta) \Pi \beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\rho \beta(\rho + \mu)}, \frac{\Pi \beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\beta(\rho + \mu)} \right). \quad (12)$$

2.3 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar merupakan jumlah rata-rata infeksi baru yang dihasilkan oleh individu terinfeksi ke dalam populasi individu rentan (*Susceptible*). Dalam menentukan R_0 ini digunakan metode Driessche dan Watmough yang mana metode ini menggunakan titik kesetimbangan bebas penyakit dan persamaan yang digunakan yaitu persamaan populasi terinfeksi, yaitu:

$$\frac{de}{dt} = \beta si - (\rho + \mu + \omega)e.$$

$$\frac{di}{dt} = \rho e - (\gamma + \delta)i.$$

Pada Persamaan diatas didapatkan matriks F yang merupakan laju kemunculan infeksi baru pada populasi I dan didapatkan matriks V yang merupakan laju dari perpindahan individu keluar dari populasi I dikurangi laju dari perpindahan individu masuk ke dalam populasi I, sebagai berikut:

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} 0 & \beta si \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad \mathcal{V} = \begin{bmatrix} (\rho + \mu + \omega)e & 0 \\ -\rho e & (\gamma + \delta)i \end{bmatrix}.$$

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\partial(\beta si)}{\partial i} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad \mathcal{V} = \begin{bmatrix} \frac{\partial((\rho + \mu + \omega)e)}{\partial e} & 0 \\ \frac{\partial(-\rho e)}{\partial e} & \frac{\partial((\gamma + \delta)i)}{\partial i} \end{bmatrix}.$$

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \beta S \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \rho + \mu + \omega & 0 \\ -\sigma & (\gamma + \delta) \end{bmatrix}.$$

Setelah itu dicari *matrix next generation* ($G = FV^{-1}$), dimana V^{-1} merupakan matriks invers dari matriks V

$$V^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{1}{\rho + \mu + \omega} & 0 \\ \frac{\rho}{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)} & \frac{1}{(\gamma + \delta)} \end{bmatrix}.$$

Didapatkan matriks G sebagai berikut:

$$G = FV^{-1}$$

$$G = \begin{bmatrix} (\beta S) \frac{\rho}{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)} & (\beta S) \frac{1}{(\gamma + \delta)} \\ 0 & 0 \end{bmatrix}.$$

Persamaan karakteristik dari matriks G untuk memperoleh nilai eigen. Diperoleh persamaan karakteristik sebagai berikut:

$$-\lambda \left((\beta S) \frac{\rho}{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)} - \lambda \right).$$

Nilai R_0 merupakan nilai eigen dominan dari matriks G , sehingga didapatkan nilai \mathcal{R}_0 :

$$\mathcal{R}_0 = (\beta S) \frac{\rho}{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}.$$

Mesubtitusikan titik kesetimbangan bebas penyakit $\mathcal{E}_0 = (s_0, e_0, i_0) = \left(\frac{\Pi}{\mu}, 0, 0\right)$ yang diperoleh ke dalam \mathcal{R}_0 , sehingga diperoleh:

$$\mathcal{R}_0 = \left(\beta \left(\frac{\Pi}{\mu}\right) \right) \frac{\rho}{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}.$$

2.4 Analisis Kestabilan

Analisis kestabilan dilakukan untuk mengetahui laju penyebaran suatu penyakit. Pada penelitian ini dilakukan analisis kestabilan lokal pada titik kesetimbangan bebas penyakit (\mathcal{E}_0) dan titik kesetimbangan endemik (\mathcal{E}_1). Persamaan (6) samapai (9) akan dilinierisasi dengan menggunakan matriks Jacobian, diperoleh matriks Jacobian sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial s} & \frac{\partial f_1}{\partial e} & \frac{\partial f_1}{\partial i} \\ \frac{\partial f_2}{\partial s} & \frac{\partial f_2}{\partial e} & \frac{\partial f_2}{\partial i} \\ \frac{\partial f_3}{\partial s} & \frac{\partial f_3}{\partial e} & \frac{\partial f_3}{\partial i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\beta i - \mu & \omega & -\beta s \\ \beta i & -(\rho + \mu + \omega) & \beta s \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta) \end{bmatrix}.$$

Analisis kestabilan akan dilakukan disekitar titik kesetimbangan bebas penyakit. Substitusikan $\varepsilon_0 = (s_0, e_0, i_0)$ ke dalam matriks Jacobian yang telah diperoleh, sehingga didapatkan matriks Jacobian titik kesetimbangan bebas penyakit ($J(\varepsilon_0)$) sebagai berikut:

$$J(\varepsilon_0) = \begin{bmatrix} -\mu & \omega & -\beta \frac{\Pi}{\mu} \\ 0 & -(\rho + \mu + \omega) & \beta \frac{\Pi}{\mu} \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta) \end{bmatrix}. \quad (13)$$

Analisis kestabilan akan dilakukan disekitar titik kesetimbangan endemik. Substitusikan $\varepsilon_1 = (s_1, e_1, i_1)$ ke dalam matriks Jacobian yang telah diperoleh, sehingga didapatkan matriks Jacobian titik kesetimbangan bebas penyakit ($J(\varepsilon_1)$) sebagai berikut:

$$J(\varepsilon_1) = \begin{bmatrix} -\beta \frac{\Pi\beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\beta(\rho + \mu)} - \mu & \omega & -\beta \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta\rho} \\ \beta \frac{\Pi\beta - \mu(\rho + \mu + \omega)}{\beta(\rho + \mu)} & -(\rho + \mu + \omega) & \beta \frac{(\rho + \mu + \omega)(\gamma + \delta)}{\beta\rho} \\ 0 & \rho & -(\gamma + \delta) \end{bmatrix}. \quad (14)$$

2.5 Simulasi Numerik

Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan metode Runge Kutta Orde Empat. Metode ini merupakan salah satu metode yang paling banyak digunakan dalam menyelesaikan suatu persamaan diferensial dengan suatu galat pemotongan h^4 . Integrasi numeric metode Runge Kutta orde empat dinyatakan sebagai berikut:

$$S_{n+1} = S_n + \frac{h}{6}(k_{1S} + 2k_{2S} + 2k_{3S} + k_{4S}).$$

$$E_{n+1} = E_n + \frac{h}{6}(k_{1E} + 2k_{2E} + 2k_{3E} + k_{4E}).$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{h}{6}(k_{1I} + 2k_{2I} + 2k_{3I} + k_{4I}).$$

$$R_{n+1} = R_n + \frac{h}{6}(k_{1R} + 2k_{2R} + 2k_{3R} + k_{4R}).$$

Koefisien perbaikan (k_{1S}, \dots, k_{4R}) sebagai berikut:

$$k_{1S} = \Pi N - \frac{\beta S_n I_n}{N} - \mu S_n + \omega E_n.$$

$$k_{1E} = \frac{\beta S_n I_n}{N} - (\rho + \mu + \omega) E_n.$$

$$k_{1I} = \rho E_n - (\gamma + \delta) I_n.$$

$$k_{1R} = \gamma I_n - \mu R_n.$$

$$k_{2S} = \Pi N - \frac{\beta(S_n + \frac{h}{2}k_{1S})(I_n + \frac{h}{2}k_{1I})}{N} - \mu(S_n + \frac{h}{2}k_{1S}) + \omega(E_n + \frac{h}{2}k_{1E}).$$

$$k_{2E} = \frac{\beta(S_n + \frac{h}{2}k_{1S})(I_n + \frac{h}{2}k_{1I})}{N} - (\rho + \mu + \omega)(E_n + \frac{h}{2}k_{1E}).$$

$$k_{2I} = \rho(E_n + \frac{h}{2}k_{1E}) - (\gamma + \delta)(I_n + \frac{h}{2}k_{1I}).$$

$$k_{2R} = \gamma(I_n + \frac{h}{2}k_{1I}) - \mu(R_n + \frac{h}{2}k_{1R}).$$

$$k_{3S} = \Pi N - \frac{\beta(S_n + \frac{h}{2}k_{2S})(I_n + \frac{h}{2}k_{2I})}{N} - \mu(S_n + \frac{h}{2}k_{2S}) + \omega(E_n + \frac{h}{2}k_{2E}).$$

$$k_{3E} = \frac{\beta(S_n + \frac{h}{2}k_{2S})(I_n + \frac{h}{2}k_{2I})}{N} - (\rho + \mu + \omega)(E_n + \frac{h}{2}k_{2E}).$$

$$k_{3I} = \rho(E_n + \frac{h}{2}k_{2E}) - (\gamma + \delta)(I_n + \frac{h}{2}k_{2I}).$$

$$k_{3R} = \gamma(I_n + \frac{h}{2}k_{2I}) - \mu(R_n + \frac{h}{2}k_{2R}).$$

$$k_{4S} = \Pi N - \frac{\beta(S_n + hk_{3S})(I_n + hk_{3I})}{N} - \mu(S_n + hk_{3S}) + \omega(E_n + hk_{3E}).$$

$$k_{4E} = \frac{\beta(S_n + hk_{3S})(I_n + hk_{3I})}{N} - (\rho + \mu + \omega)(E_n + hk_{3E}).$$

$$k_{4I} = \rho(E_n + hk_{3E}) - (\gamma + \delta)(I_n + hk_{3I}).$$

$$k_{4R} = \gamma(I_n + hk_{3I}) - \mu(R_n + hk_{3R}).$$

2.6 Mean Absolute Percentage Error (MAPE)

Mean Absolute Percentage Error (MAPE) dihitung menggunakan kesalahan absolut pada setiap periode dibagi oleh nilai-nilai yang diamati yang terbukti untuk periode itu. Kemudian, rata-ratakan persentase tetap tersebut. Pendekatan ini berguna ketika ukuran atau ukuran variabel prediksi signifikan dalam mengevaluasi akurasi dari prediksi [14][15]. MAPE menunjukkan seberapa besar kesalahan dalam memprediksi dibandingkan dengan nilai sebenarnya.

$$MAPE = \frac{\sum \frac{|y_{akt} - y_{num}|}{y_{akt}}}{n} \quad (15)$$

Keterangan

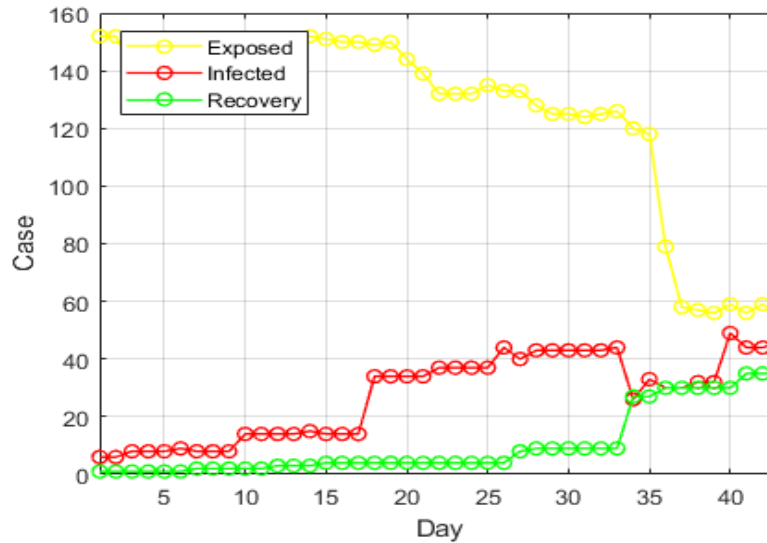
y_{akt} adalah data actual

y_{num} adalah data numerik

n adalah jumlah data

3 Analisis Data

Data yang digunakan merupakan data yang diambil dari tanggal 7 Mei 2020 sampai tanggal 19 Juni 2020[9]. Dengan pendefinisian jumlah populasi Exposed awal yaitu 151 kasus. Sedangkan untuk pendefinisian populasi yang terkonfirmasi positif dan sedang dirawat yaitu 2 orang. Populasi recovery didefinisikan berjumlah 1 orang sesuai dengan data pada tanggal 7 Mei 2020. Simulasi awal dilakukan inisialisasi terhadap beberapa parameter, diantaranya inisialisasi populasi awal (N_0) sebesar 1269494 [14], Transmition rate (β) sebesar 0.5944 [16], kematian alami (μ) sebesar 0.0141 [17], kelahiran alami (Π) sebesar 0.0107 [18], Negative COVID-19 Rate (ω) sebesar 0.0452, Positive COVID-19 (ρ) sebesar 0.01155, laju kesembuhan (γ) sebesar 0.0173, dan laju kematian (δ) sebesar 0.0085 [19]. Rate untuk melihat sebaran data dari tanggal 7 Mei hingga disajikan pada Gambar 2.

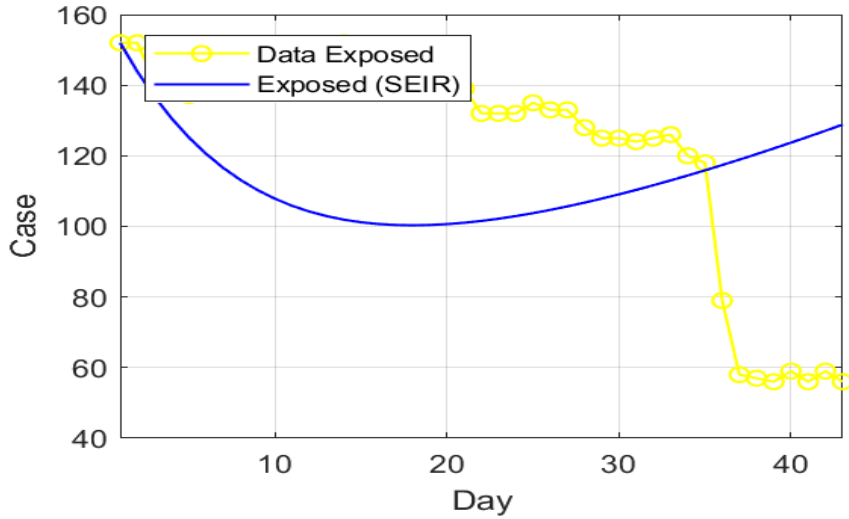


Gambar 2. Data Covid-19 Tuban

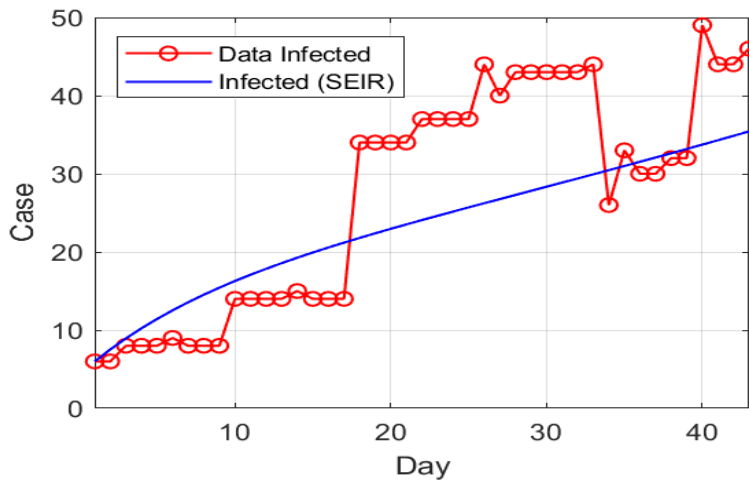
Gambar 2 menunjukkan bahwa rate penyebaran covid-19 pada kabupaten Tuban berada pada tingkat sedang. Jumlah orang-orang yang terpapar sampai pada hari ke 40 selalu berada pada tren menurun, meskipun data penambahan jumlah orang yang terinfeksi oleh Covid-19 juga naik. Tetapi, jumlah kenaikan perharinya tidak terlalu signifikan yaitu 1-7 orang per hari. Selain itu, jumlah orang-orang yang sembuh dari Covid-19 perharinya juga meningkat. Hal ini menyatakan bahwa perawatan/penanganan yang dilakukan oleh kabupaten Tuban cukup efisien.

4 Hasil dan Pembahasan

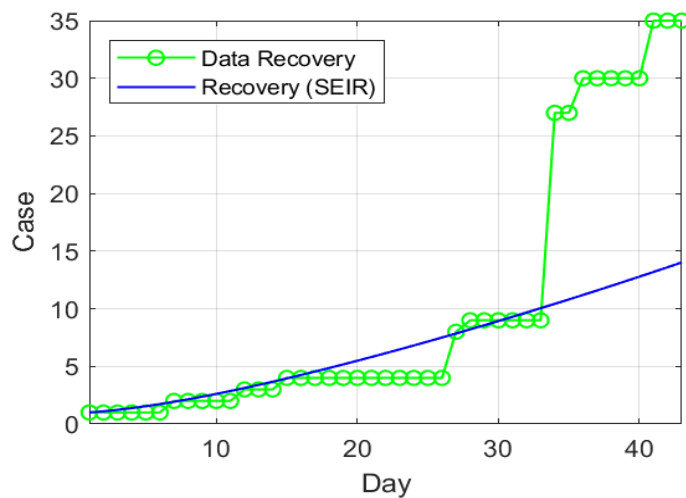
Melalui model matematis yang dibentuk didapatkan titik kesetimbangan bebas penyakit $\mathcal{E}_0 = (s_0, e_0, i_0) = (0.7597 \quad 0 \quad 0)$ dan titik kesetimbangan endemik $\mathcal{E}_1 = (s_1, e_1, i_1) = (0.4613 \quad 0.6810 \quad 0.3042)$. Titik kesetimbangan dikatakan stabil jika semua nilai eigen yang didapat dari matriks jacobian bernilai real negative. Nilai eigen dari matriks jacobian bebas penyakit pada Persamaan (13) yaitu $\lambda_1 = -0.0141, \lambda_2 = -0.1077, \lambda_3 = 0.0110$, hal ini menunjukkan bahwa titik kesetimbangan bebas penyakit tidak stabil. Nilai eigen dari matriks jacobian endemik pada Persamaan (14) yaitu $\lambda_1 = -0.1801 + 0.0000i, \lambda_2 = -0.0177 + 0.0085i, \lambda_3 = -0.0177 - 0.0085i$, hal ini menunjukkan bahwa titik kesetimbangan endemik stabil. Sedangkan bilangan reproduksi R_0 diperoleh sebesar 1.6470. Dilihat dari hasil analisis titik kesetimbangan dan nilai dari bilangan reproduksi dasar (R_0) > 1 maka dapat disimpulkan bahwa covid19 ini akan tetap ada di Tuban.



Gambar 3. Hasil Simulasi Populasi Exposed Covid-19 Tuban



Gambar 4. Hasil Simulasi Populasi Infacted Covid-19 Tuban



Gambar 5. Hasil Simulasi Populasi Recovery Covid-19 Tuban

Hasil simulasi dengan laju yang sudah diinisialisasi diawal didapatkan pada Gambar 3 sampai Gambar 5. Model yang dibentuk memiliki garis regresi yang berbeda dengan data

sebaran COVID di Kabupaten Tuban. Jika dihitung nilai error menggunakan MAPE, maka didapatkan nilai error dari model yang dibangun seperti pada Tabel 1.

Tabel 1. MAPE model SEIR terhadap data sebaran COVID-19 di Tuban

Populasi	Exposed (E)	Infacted (I)	Recovery (R)
MAPE	29.0125	75.6090	90.7833

Nilai error model dari MAPE tergolong bagus, tetapi untuk meminimalkan nilai MAPE dapat digunakan metode yang lain, seperti: metode MOPSO[20]–[22], MOGA[23]–[25], MO Firefly [26]–[28]. Ketiga metode tersebut dapat meminimalkan nilai MAPE dengan cara mengestimasi setiap parameter S, E, I, dan R. Disisi lain, perbaikan model terus dilakukan untuk menemukan Langkah konkrit yang dapat digunakan untuk menekan angka persebaran dan angka kematian akibat dari Covid-19. Langkah-langkah pemerintah seperti penerapan kebijakan pemerintah harus masuk dalam perbaikan model matematika. Kebijakan pemerintah yang dapat diterapkan antara lain: migrasi penduduk (perpindahan lokal, emigrasi, dan imigrasi), dan membuat model kontrol untuk meminimalkan angka kematian dan memaksimalkan angka kesembuhan.

5 Kesimpulan

Model matematika penyebaran penyakit adalah alat yang paling efektif untuk mempelajari evolusi waktu dan pola penyebaran penyakit, termasuk juga didalamnya adalah model matematika penyebaran virus Covid-19. Model Matematika Covid-19 dapat berbeda-beda disetiap negara bahkan daerah. Hal tersebut karena pola penyebaran atau mutasi virus yang sangat cepat. Berikut adalah model matematika penyebaran Covid-19 di daerah Tuban Jawa Timur

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \Pi N - \frac{\beta SI}{N} - \mu S + \omega E \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - (\rho + \mu + \omega)E \\ \frac{dI}{dt} &= \rho E - (\gamma + \delta)I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

MAPE digunakan untuk mengetahui tingkat error dari metode tersebut, Selain itu, cara untuk memperkecil MAPE adalah dengan melakukan estimasi parameter S, E, I, R. Dengan menggunakan model matematika tersebut, diperoleh hasil MAPE yang kecil.

Daftar Pustaka

- [1] A. E. Gorbalenya *et al.*, “Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses – a statement of the Coronavirus Study Group,” *bioRxiv*, 2020.
- [2] B. Robson, “Computers and viral diseases. Preliminary bioinformatics studies on the design of a synthetic vaccine and a preventative peptidomimetic antagonist against the SARS-CoV-2 (2019-nCoV, COVID-19) coronavirus,” *Comput. Biol. Med.*, no. February, p. 103670, 2020.
- [3] H. Lu, C. W. Stratton, and Y. Tang, “Outbreak of pneumonia of unknown etiology in Wuhan China: the mystery and the miracle,” *J. Med. Virol.*, 2020.
- [4] C. Sohrabi *et al.*, “World Health Organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19),” *International Journal of Surgery*. 2020.
- [5] WHO, “Novel Coronavirus (COVID-19) Situation,” *WHO (June 11)*, 2020. .
- [6] Ihsanuddin, “Fakta Lengkap Kasus Pertama Virus Corona di Indonesia,” *Kompas.com*, 2020.

- [7] BNPB, “Statistik Perkembangan COVID-19 Indonesia,” *Gugus Tugas Pecepatan Penanganan COVID-19 Republik Indonesia*, 2020. .
- [8] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, *Data dan Informasi Kesehatan Provinsi Jawa Timur*. 2013.
- [9] P. K. Tuban, “Kasus COVID-19 didominasi cluster pasar,” Tuban, 2020.
- [10] A. Huppert and G. Katriel, “Mathematical modelling and prediction in infectious disease epidemiology,” *Clin. Microbiol. Infect.*, vol. 19, no. 11, pp. 999–1005, 2013.
- [11] A. Goyal, L. E. Liao, and A. S. Perelson, “Within-host mathematical models of Hepatitis B virus infection: past, present, and future,” *Curr. Opin. Syst. Biol.*, vol. 18, pp. 27–35, 2019.
- [12] Fatmawati, Windarto, and L. Hanif, “Application of optimal control strategies to HIV-malaria co-infection dynamics,” in *Journal of Physics: Conference Series*, 2018.
- [13] Y. Long and L. Wang, “Global dynamics of a delayed two-patch discrete SIR disease model,” *Commun. Nonlinear Sci. Numer. Simul.*, 2020.
- [14] J. McKenzie, “Mean absolute percentage error and bias in economic forecasting,” *Econ. Lett.*, vol. 113, no. 3, pp. 259–262, 2011.
- [15] A. De Myttenaere, B. Golden, B. Le Grand, and F. Rossi, “Mean absolute percentage error for regression models,” *Neurocomputing*, vol. 192, pp. 38–48, 2016
- [16] [BPS] Badan Pusat Statistik, “Berita resmi statistik,” *Bps.Go.Id*, 2019.
- [17] Q. Lin *et al.*, “A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action,” *Int. J. Infect. Dis.*, vol. 93, pp. 211–216, 2020.
- [18] RI Kementrian Kesehatan, “Masalah Kesehatan Pada Lansia,” *Ditjen Yankes*, 2018.
- [19] Worldometers, “Indonesia Population,” *Worldometers.Info*. 2019.
- [20] P. K. Tuban, “Informasi tentang virus corona covid 19.” 2020.
- [21] S. N. Qasem and S. M. Shamsuddin, “Radial basis function network based on time variant multi-objective particle swarm optimization for medical diseases diagnosis,” *Appl. Soft Comput. J.*, 2011.
- [22] Z. Yong, Y. Li-juan, Z. Qian, and S. Xiao-yan, “Multi-objective optimization of building energy performance using a particle swarm optimizer with less control parameters,” *J. Build. Eng.*, vol. 32, p. 101505, 2020.
- [23] L. Cagnina, “A particle swarm optimizer for multi-objective optimization,” *J. Comput.*, 2005.
- [24] G. Ahn and S. Hur, “Efficient genetic algorithm for feature selection for early time series classification,” *Comput. Ind. Eng.*, vol. 142, no. February, p. 106345, 2020.
- [25] H. Harkat, A. E. Ruano, M. G. Ruano, and S. D. Bennani, “GPR target detection using a neural network classifier designed by a multi-objective genetic algorithm,” *Appl. Soft Comput. J.*, vol. 79, pp. 310–325, 2019.
- [26] P. Wang, X. Yan, and F. Zhao, “Multi-objective optimization of control parameters for a pressurized water reactor pressurizer using a genetic algorithm,” *Ann. Nucl. Energy*, vol. 124, pp. 9–20, 2019.
- [25] H. Wang *et al.*, “A hybrid multi-objective firefly algorithm for big data optimization,” *Appl. Soft Comput. J.*, 2018.
- [27] M. Singh, R. N. Patel, and D. D. Neema, “Robust tuning of excitation controller for stability enhancement using multi-objective metaheuristic Firefly algorithm,” *Swarm Evol. Comput.*, 2019.
- [28] L. Lv, J. Zhao, J. Wang, and T. Fan, “Multi-objective firefly algorithm based on compensation factor and elite learning,” *Futur. Gener. Comput. Syst.*, 2019.