

Model Matematika SEAIQR Transmisi Coronavirus Disease (COVID-19)

Resmawan¹, Lailany Yahya²

^{1,2}Jurusan Matematika, Fakultas MIPA Universitas Negeri Gorontalo
Jl. Prof. Dr. Ing. B.J. Habibie, Tilongkabila, Bone Bolango, Gorontalo, Indonesia

Email: resmawan@ung.ac.id, lailany.math@gmail.com

ABSTRAK

Karya ini memperkenalkan konstruksi model baru terkait transmisi Coronavirus Disease (COVID-19) dalam populasi manusia. Model matematika dikonstruksi dengan mempertimbangkan berbagai parameter epidemiologi yang paling mendekati kondisi yang sebenarnya. Dari model ini dapat diperoleh rekomendasi tertulis yang dapat dijadikan sebagai acuan bagi pihak-pihak terkait dalam mengambil kebijakan terkait penanganan dan antisipasi pandemik COVID-19.

Kata Kunci: Model Matematika; Coronavirus Disease; COVID-19

PENDAHULUAN

Coronavirus Disease menggemparkan dunia dengan penyebarannya yang begitu cepat. Penyebaran virus yang berawal dari Kota Wuhan Tiongkok ini menjadi topik perbincangan seluruh dunia ketika dalam waktu singkat mewabah ke seluruh dunia dan menelan ribuan korban jiwa dari berbagai negara.

Pemodelan matematika termasuk salah satu alat utama dalam perencanaan epidemik, termasuk masalah pandemik COVID-19. Pemodelan matematika dapat membantu memahami dan mengidentifikasi hubungan penyebaran COVID-19 dengan berbagai parameter epidemiologi, membantu dalam perencanaan masa depan dan mempertimbangkan langkah-langkah pengendalian yang tepat.

Meskipun belum begitu banyak, beberapa praktisi matematika telah merancang model matematika yang membahas transmisi COVID-19, diantaranya terdapat pada [1][2][3][4][5][6][7].

Pada tulisan ini, kami memperkenalkan model matematika yang baru dengan beberapa pertimbangan epidemiologi yang tidak digunakan pada model-model sebelumnya. Jika pada model sebelumnya hanya diasumsikan penyebaran virus terjadi ketika berinteraksi dengan individu yang telah positif terinfeksi COVID-19, maka pada model ini dipertimbangkan kasus penyebaran yang disebabkan oleh interaksi rentan dengan individu yang telah terpapar. Hal ini penting dipertimbangkan karena diduga banyak kasus penularan terjadi berasal dari interaksi dengan individu terpapar namun belum terdeteksi sebagai individu terinfeksi. Selain itu, model ini fokus pada pembahasan pola penyebaran virus diantara manusia setelah virus ini mewabah, sehingga variabel reservoir yang menjadi asal mula penyebaran virus ke manusia diabaikan. Pada model ini tidak lagi dipertimbangkan bagaimana virus ini menjangkiti manusia pada awal kasus, melainkan bagaimana virus ini menyebar melalui interaksi

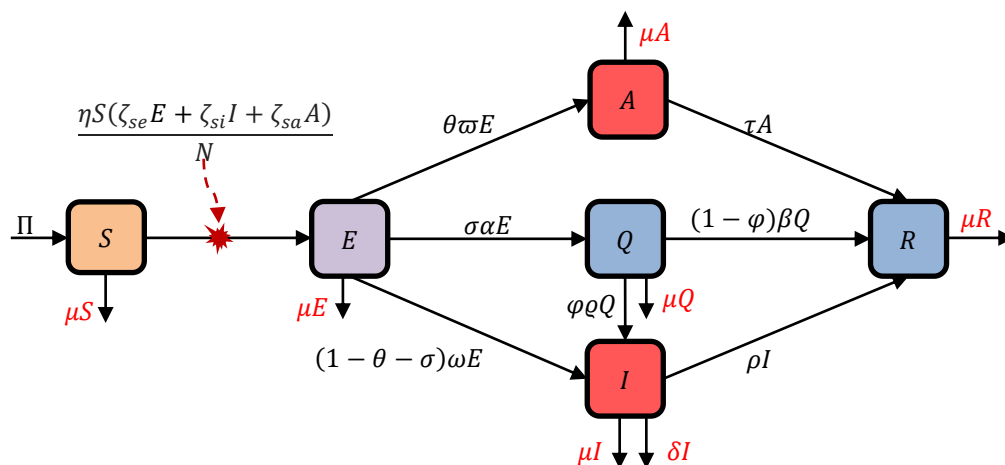
antar sesama manusia. Lebih lanjut, pada model ini ditambahkan parameter baru yang mewakili kasus kematian yang disebabkan karena virus, melihat realita banyaknya kasus kematian karena COVID-19. Adanya kasus karantina terhadap individu yang teridentifikasi telah terpapar COVID-19 juga dipertimbangkan dalam model ini.

KONSTRUKSI MODEL

Pada model ini total populasi manusia dinotasikan dengan $N(t)$ dibagi menjadi enam kelas, yaitu manusia rentan $S(t)$, manusia terpapar dalam masa inkubasi $E(t)$, manusia terinfeksi tanpa gejala klinis $A(t)$, manusia terinfeksi disertai gejala klinis $I(t)$, manusia yang dikarantina $Q(t)$ dan manusia yang pulih dari COVID-19 $R(t)$. Dengan demikian, total populasi dinyatakan dengan $N(t) = S(t) + E(t) + A(t) + I(t) + Q(t) + R(t)$.

Laju rekrutmen kelahiran dan tingkat kematian alami manusia masing-masing diberikan oleh parameter Π dan μ . Manusia rentan (S) akan terinfeksi melalui kontak yang cukup dengan individu rentan (E), individu terinfeksi dengan gejala klinis (I) maupun dengan individu terinfeksi tanpa gejala klinis (A), masing-masing sebesar $\eta\zeta_{se}SE$, $\eta\zeta_{si}SI$, dan $\eta\zeta_{sa}SA$ dimana η adalah peluang infeksi saat terjadi kontak antar individu. ζ_{se} , ζ_{si} , dan ζ_{sa} masing-masing menyatakan laju kontak antara individu rentan (S) kelompok individu E , I , dan A . Parameter θ dan σ , masing-masing adalah proporsi individu yang terinfeksi tanpa gejala klinis proporsi individu terpapar yang dikarantina, sementara parameter α menyatakan laju perpindahan individu terpapar ke individu yang dikarantina. Parameter ω dan ϖ masing-masing merepresentasikan tingkat transmisi setelah menyelesaikan masa inkubasi dan berpindah ke kelas I dan A . Individu yang dikarantina dapat berpindah ke kelas individu terinfeksi yang disertai gejala klinis dengan laju ϱ , dengan proporsi individu sebesar φ . Parameter τ, β, ρ masing-masing menyatakan tingkat pemulihan individu terinfeksi tanpa gejala klinis, individu dikarantina, dan individu terinfeksi disertai gejala klinis dan berpindah ke kelas individu yang telah pulih. Selanjutnya, tingkat kematian yang disebabkan oleh virus COVID-19 pada kelas I direpresentasikan dengan δ .

Secara skematis, pola penularan Coronavirus Disease (COVID-19) ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram kompartemen penyebaran Coronavirus Disease (COVID-19)

Berdasarkan diagram skematis penularan virus pada Gambar 6, diperoleh model dalam bentuk sistem persamaan diferensial sebagai berikut,

$$\frac{dS}{dt} = \Pi - \frac{\eta S(\zeta_{se}E + \zeta_{si}I + \zeta_{sa}A)}{N} - \mu S$$

$$\frac{dE}{dt} = \frac{\eta S(\zeta_{se}E + \zeta_{si}I + \zeta_{sa}A)}{N} - (\theta\omega + \sigma\alpha + \mu + \omega - \theta\omega - \sigma\omega)E$$

$$\frac{dA}{dt} = \theta\omega E - (\tau + \mu)A$$

$$\frac{dQ}{dt} = \sigma\alpha E - (\varphi\varrho + \beta - \beta\varphi + \mu)Q$$

$$\frac{dI}{dt} = (1 - \theta - \sigma)\omega E + \varphi\varrho Q - (\rho + \mu + \delta)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \tau A + (1 - \varphi)\beta Q + \rho I - \mu R$$

dengan kondisi awal:

$$S(0) = S_0 \geq 0, \quad E(0) = E_0 \geq 0, \quad A(0) = A_0 \geq 0, \\ Q(0) = Q_0 \geq 0, \quad I(0) = I_0 \geq 0, \quad R(0) = R_0 \geq 0.$$

Dinamika total populasi diperoleh dengan menjumlahkan lima persamaan pada model (1), menghasilkan

$$\frac{dN}{dt} = \Pi - \mu N - \delta I. \quad (2)$$

Wilayah invariant positif yang memenuhi untuk model (1) diberikan oleh

$$\Omega = \left\{ (S(t), E(t), A(t), Q(t), I(t), R(t)) \in R_+^6 : N(t) \leq \frac{\Pi}{\mu} \right\}. \quad (3)$$

PARAMETER MODEL

Variabel dan parameter model secara lengkap disajikan pada Tabel 1 dan Tabel 2.

Tabel 1. Variabel model matematika COVID-19

Varibel	Deskripsi
$S(t)$	Jumlah manusia rentan terhadap COVID-19 pada waktu t .
$E(t)$	Jumlah manusia yang terpapar COVID-19 pada waktu t .
$A(t)$	Jumlah manusia terinfeksi COVID-19 tanpa gejala klinis pada waktu t .
$Q(t)$	Jumlah manusia terpapar COVID-19 yang dikarantina pada waktu t .
$I(t)$	Jumlah manusia terinfeksi COVID-19 disertai gejala klinis pada waktu t .
$R(t)$	Jumlah manusia yang telah pulih dari COVID-19 pada waktu t .

Tabel 2. Parameter model matematika COVID-19

Parameter	Deskripsi
Π	Laju rekrutmen kelahiran
η	Peluang transmisi saat terjadi kontak
ζ_{se}	Laju kontak individu rentan dengan individu terpapar
α	Laju perpindahan individu terpapar ke individu karantina
σ	Proporsi individu terpapar yang dikarantina
ω	Laju transmisi setelah menyelesaikan masa inkubasi dan berpindah ke kelas terinfeksi dengan gejala klinis
ϖ	Laju transmisi setelah menyelesaikan masa inkubasi dan berpindah ke kelas terinfeksi tanpa gejala klinis
μ	Laju kematian alami
ζ_{si}	Laju kontak individu rentan dengan individu terinfeksi dengan gejala klinis
ρ	Laju pemulihan individu yang terinfeksi disertai gejala klinis dan berpindah ke kelas R
φ	Proporsi individu dikarantina yang terinfeksi disertai gejala klinis
ϱ	Laju perpindahan individu yang dikarantina ke individu terinfeksi dengan gejala klinis
β	Laju pemulihan individu yang dikarantina dan berpindah ke kelas R
θ	Proporsi individu yang terinfeksi tanpa gejala klinis
ζ_{sa}	Laju kontak individu rentan dengan individu terinfeksi tanpa gejala klinis
τ	Laju pemulihan individu yang terinfeksi tanpa gejala klinis dan berpindah ke kelas R
δ	Laju kematian yang disebabkan karena COVID-19 pada kelas individu yang terinfeksi disertai gejala klinis

PENUTUP

Diperoleh model matematika SEAQIR yang merepresentasikan pola penularan Coronavirus Disease (COVID-19) dengan melibatkan enam variabel yang mewakili status individu manusia terhadap COVID-19.

REFERENCES

- [1] B. Tang *et al.*, "Estimation of the Transmission Risk of the 2019-nCoV and Its Implication for Public Health Interventions," *Journal of Clinical Medicine*, vol. 9, no. 2, p. 462, 2020, doi: 10.3390/jcm9020462.
- [2] B. Tang *et al.*, "The effectiveness of quarantine and isolation determine the trend of the COVID-19 epidemics in the final phase of the current outbreak in China," *Int J Infect Dis*, 2020, doi: 10.1016/j.ijid.2020.03.018.
- [3] B. Tang, N. L. Bragazzi, Q. Li, S. Tang, Y. Xiao, and J. Wu, "An updated estimation of the risk of transmission of the novel coronavirus (2019-nCov)," *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 248–255, 2020, doi: 10.1016/j.idm.2020.02.001.
- [4] M. A. Khan and A. Atangana, "Modeling the dynamics of novel coronavirus (2019-nCov) with fractional derivative," *Alexandria Engineering Journal*, 2020, doi: 10.1016/j.aej.2020.02.033.

- [5] T. M. Chen, J. Rui, Q. P. Wang, Z. Y. Zhao, J. A. Cui, and L. Yin, "A mathematical model for simulating the phase-based transmissibility of a novel coronavirus," *Infectious Diseases of Poverty*, vol. 9, no. 1, pp. 1–8, 2020, doi: 10.1186/s40249-020-00640-3.
- [6] H. Sun, Y. Qiu, H. Yan, Y. Huang, Y. Zhu, and S. X. Chen, "Tracking and Predicting COVID-19 Epidemic in China Mainland," *medRxiv*, no. February, p. 2020.02.17.20024257, 2020, doi: 10.1101/2020.02.17.20024257.
- [7] T. Kuniya, "Prediction of the Epidemic Peak of Coronavirus Disease in Japan, 2020," *Journal of Clinical Medicine*, vol. 9, no. 3, p. 789, 2020, doi: 10.3390/jcm9030789.