



Analisis Model Epidemik Stokastik SEIQR Dengan Rantai Markov Waktu Kontinu

Wiwik Tri Hardianti^{1✉}

Fakultas Teknik & Informatika Universitas Bina Sarana Informatika

Email: wiwik.wkh@bsi.ac.id^{1✉}

Abstrak

Model epidemik adalah model matematika yang digunakan untuk menentukan perilaku penyebaran penyakit menular. Terdapat beberapa model epidemik, salah satunya adalah model SEIQR (Susceptible, Exposed, Infected, Quarantined, Recovered). Penelitian ini membahas mengenai model SEIQR secara stokastik dengan pendekatan rantai Markov waktu kontinu (CTMC) untuk memperoleh peluang transisi, bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0), nilai harapan banyaknya individu terinfeksi (m), dan peluang wabah. Selanjutnya dilakukan simulasi model stokastik SEIQR untuk menentukan penyebaran penyakit Covid-19. Simulasi dilakukan untuk mengetahui pengaruh peningkatan laju penularan penyakit Covid-19. Nilai peluang wabah lebih besar dari 0, jika $m > 1$. Nilai \mathcal{R}_0 , m , dan waktu bebas penyakit akan meningkat jika laju penularan penyakit meningkat.

Kata Kunci: *bebas penyakit, model epidemik, pendekatan CTMC, SEIQR, wabah.*

Abstract

An epidemic model is a mathematical model used to determine the behavior of the spread of infectious diseases. There are several epidemic models, one of which is the SEIQR model (Susceptible, Exposed, Infected, Quarantined, Recovered). This research discusses the stochastic SEIQR model with a continuous time Markov chain (CTMC) approach to obtain transition opportunities, the basic reproduction number (\mathcal{R}_0), the expected value of the number of infected individuals (m) and the outbreak probability. Next, a SEIQR stochastic model simulation was carried out to determine the spread of the Covid-19 disease. The simulation was carried out to determine the effect of increasing the rate of transmission of the Covid-19 disease. The outbreak probability value is greater than 0, if $m > 1$. The \mathcal{R}_0 , m , value and disease extinction will increase if the rate of disease transmission increases.

Keyword: *CTMC approach, disease extinction, epidemic model, SEIQR, outbreak.*

PENDAHULUAN

Ilmu matematika mempunyai peran di berbagai bidang, termasuk bidang kesehatan. Salah satu peran dari ilmu matematika dalam bidang kesehatan yaitu memodelkan perilaku penyebaran penyakit menular, dikenal dengan model epidemik. Model epidemik telah dipelajari secara intensif baik melalui pendekatan deterministik maupun stokastik. Model epidemik sering kali dinyatakan sebagai persamaan diferensial yang menggambarkan laju pertumbuhan sistem penularan penyakit.

Bernoulli 1760 menunjukkan bahwa vaksinasi cacar dapat meningkatkan harapan hidup di Perancis (Iannelli & Pugliese, 2014). Hamer (1906) mempelajari tentang model epidemik non-linearitas menggunakan model dinamik dalam waktu diskrit, yaitu peluang individu baru terinfeksi pada fase berikutnya sebanding dengan jumlah individu yang rentan dan terinfeksi saat ini. Ross kemudian mengembangkan model pada tahun 1908 dengan menggunakan model dinamik waktu kontinu (Andesson & Britton, 2000). Selanjutnya pada tahun 1911 Ross memperkenalkan model epidemik mengenai "*Simple Epidemic Model*" (Iannelli & Pugliese, 2014). Pada tahun 1927, Kermack dan McKendrick pertama kali menyajikan model epidemik lengkap mengenai penyebaran penyakit menular secara deterministik, sedangkan Kendall memperkenalkan model epidemik stokastik pada tahun 1956 (Britton, 2010).

Model epidemik yang dibahas dalam penelitian ini adalah model epidemik SEIQR (*Susceptible, Exposed, Infected, Quarantined, Recovered*). Pada model ini, populasi dibagi ke dalam beberapa subpopulasi, yaitu rentan (*Susceptible*), terpapar (*Exposed*), terinfeksi (*Infected*), terinfeksi yang dikarantina (*Quarantined*), dan sembuh (*Recovered*). Penelitian sebelumnya model SEIQR dibahas secara deterministik oleh Youssef *et al.* pada tahun 2022. Pada penelitian ini, Model SEIQR dikaji secara stokastik dengan pendekatan rantai markov waktu kontinu (CTMC), di mana akan ditentukan peluang transisi, peluang bebas penyakit, dan peluang wabah. Selanjutnya dilakukan simulasi numerik untuk penyakit Covid-19. Simulasi dilakukan untuk mengetahui pengaruh peningkatan laju penularan penyakit Covid-19 terhadap peluang wabah serta waktu bebas penyakit.

METODE PENELITIAN

Penelitian dilakukan dengan memodifikasi model SEIQR oleh Youssef *et al.* (2022) menggunakan model stokastik rantai markov waktu kontinu (CTMC). Langkah-langkah yang dilakukan adalah

1. Mengadopsi model SEIQR.
2. Menentukan parameter yang akan digunakan dalam model.

3. Menentukan peluang transisi, yaitu mengubah model deterministik menjadi model stokastik.
4. Menentukan bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) dengan *the next generation matrix* dan nilai harapan banyaknya individu terinfeksi (m) untuk menentukan peluang wabah melalui proses bercabang berganda.

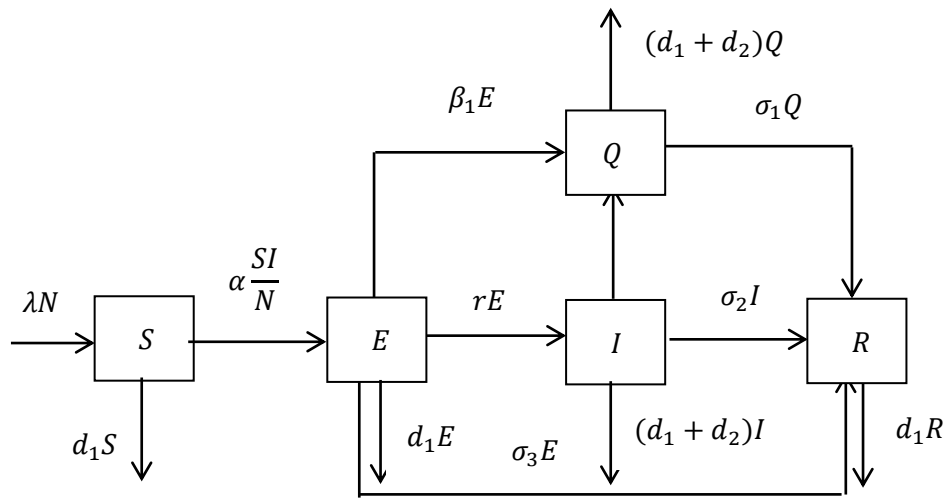
HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Matematika

Model matematika SEIQR menunjukkan model penyebaran penyakit dengan karantina. Model ini terdiri dari 5 subpopulasi, yaitu subpopulasi rentan (*Susceptible*), terpapar (*Exposed*), terinfeksi (*Infected*), dikarantina (*Quarantined*), dan sembuh (*Recovered*). Subpopulasi yang rentan adalah individu yang tidak terkena penyakit. Subpopulasi yang terpapar adalah individu yang telah tertular penyakit namun belum mampu menularkannya. Subpopulasi yang terinfeksi adalah individu yang tertular penyakit, juga dapat menularkan penyakit. Subpopulasi yang dikarantina adalah individu sakit yang melakukan karantina. Subpopulasi yang sembuh adalah individu yang telah sembuh dari penyakitnya. Asumsi dari model ini yaitu

1. Setiap individu yang lahir merupakan individu yang rentan terhadap penyakit, sehingga kelahiran pada subpopulasi S adalah kelahiran dengan laju λ
2. Individu pada subpopulasi S dapat tertular penyakit dari individu pada subpopulasi I , sehingga subpopulasi S dapat berpindah ke subpopulasi E dengan laju α
3. Individu pada subpopulasi E dapat berpindah ke subpopulasi I , ketika sudah mampu menularkan penyakit dengan laju r
4. Individu pada subpopulasi E dan I dapat berpindah ke subpopulasi Q jika melakukan karantina dengan laju berturut-turut β_1 dan β_2
5. Individu pada subpopulasi $E, I, I,$ dan Q berpindah ke subpopulasi R ketika sembuh dengan laju berturut-turut adalah $\sigma_3, \sigma_2,$ dan σ_1
6. Individu pada setiap populasi dapat mengalami kematian alami dengan laju d_1 dan individu pada subpopulasi I dan Q dapat mengalami kematian akibat penyakit dengan laju d_2

Diagram kompartemen model SEIQR oleh Youssef *et al.* (2022) ditunjukkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Diagram kompartemen model

Berdasarkan diagram di atas, diperoleh persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = \lambda N - \alpha \frac{SI}{N} - d_1 S$$

$$\frac{dE}{dt} = \alpha \frac{SI}{N} - rE - \beta_1 E - \sigma_3 E - d_1 E$$

$$\frac{dI}{dt} = rE - \beta_2 I - \sigma_2 I - d_1 I - d_2 I \quad 1$$

$$\frac{dQ}{dt} = \beta_1 E + \beta_2 I - \sigma_1 Q - d_1 Q - d_2 Q$$

$$\frac{dR}{dt} = \sigma_1 Q + \sigma_2 I + \sigma_3 E - d_1 R$$

dengan

λ	=	Laju kelahiran
β_1	=	Laju karantina subpopulasi E
β_2	=	Laju karantina subpopulasi I
d_1	=	Laju kematian alami
α	=	Laju penularan penyakit
d_2	=	Laju kematian akibat penyakit
r	=	Laju perpindahan dari subpopulasi E ke subpopulasi I
σ_1	=	Laju penyembuhan subpopulasi Q

σ_2	=	Laju penyembuhan subpopulasi I
σ_3	=	Laju penyembuhan subpopulasi E
N	=	Total populasi

Model Stokastik SEIQR dengan Rantai Markov Waktu Kontinu

Model stokastik SEIQR dengan rantai markov waktu kontinu dianalisis menggunakan peluang transisi dan peluang wabah. Perubahan total populasi diasumsikan mendekati 0. Akibatnya, diasumsikan nilai $R(t) = N(t) - S(t) - E(t) - I(t) - Q(t)$, sehingga terdapat lima variabel yang terdiri dari empat peubah acak, yaitu $S(t), E(t), I(t), Q(t)$, dan satu peubah yang nilainya dapat ditentukan secara pasti, yaitu $R(t)$. $N(t)$ adalah ukuran total populasi yang diasumsikan konstan sehingga $N(t) = N$ untuk setiap $t \geq 0$.

Peluang Transisi

Proses stokastik model ini memenuhi sifat Markov, yaitu proses pada waktu $t + \Delta t$ hanya bergantung pada proses satu langkah waktu sebelumnya, yaitu pada waktu t . Besarnya waktu Δt diasumsikan sangat kecil. Akibatnya perubahan individu S, E, I, Q paling banyak satu sepanjang interval waktu Δt . Misalkan pasangan terurut $(S(t), E(t), I(t), Q(t)) = (w, x, y, z)$ dan $((S(t + \Delta t), E(t + \Delta t), I(t + \Delta t), Q(t + \Delta t)) = (a, b, c, d))$, di mana $w, x, y, z, a, b, c, d = 0, 1, 2, \dots$ maka perpindahan dari state (w, x, y, z) ke state (a, b, c, d) adalah

$$P_{(w,x,y,z),(a,b,c,d)}(t, t + \Delta t) = P\{S(t + \Delta t) = w, E(t + \Delta t) = x, I(t + \Delta t) = y, Q(t + \Delta t) = z | (S(t) = a, E(t) = b, I(t) = c, Q(t) = d)\} \quad (2)$$

Peluang transisi yang terjadi sebagai berikut:

1. Peluang bertambahnya individu S pada selang waktu Δt yaitu:

$$P_{(a+1,b,c,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = \lambda N \Delta t + o(\Delta t) \quad (3)$$

2. Peluang berkurangnya individu S pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a-1,b+1,c,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = \left(\alpha \frac{SI}{N}\right) \Delta t + o(\Delta t) \quad (4)$$

3. Peluang berkurangnya individu S pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a-1,b,c,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = d_1 S \Delta t + o(\Delta t) \quad (5)$$

4. Peluang berkurangnya individu E yang mengakibatkan bertambahnya individu Q pada

selang waktu Δt yaitu:

$$P_{(a,b-1,c,d+1),(a,b,c,d)}(\Delta t) = \beta_1 E \Delta t + o(\Delta t) \quad (6)$$

5. Peluang berkurangnya individu E yang mengakibatkan bertambahnya individu I pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a,b-1,c+1,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = r E \Delta t + o(\Delta t) \quad (7)$$

6. Peluang berkurangnya individu E pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a,b-1,c,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = (d_1 + \sigma_3) E \Delta t + o(\Delta t) \quad (8)$$

7. Peluang berkurangnya individu I pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a,b,c-1,d),(a,b,c,d)}(\Delta t) = (d_1 + d_2 + \sigma_2) I \Delta t + o(\Delta t) \quad (9)$$

8. Peluang berkurangnya individu I yang mengakibatkan bertambahnya individu Q pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a,b,c-1,d+1),(a,b,c,d)}(\Delta t) = \beta_2 I \Delta t + o(\Delta t) \quad (10)$$

9. Peluang berkurangnya individu Q pada selang waktu Δt , yaitu:

$$P_{(a,b,c,d-1),(a,b,c,d)}(\Delta t) = (d_1 + d_2 + \sigma_1) Q \Delta t + o(\Delta t) \quad (11)$$

10. Peluang transisi selain dari kejadian 1 sampai 9 sebesar $(1 - \omega)\Delta t + o(\Delta t)$, dengan

$$\omega = \lambda N + \alpha \frac{SI}{N} + d_1 S + \beta_1 E + r E + (d_1 + \sigma_3) E + (d_1 + d_2 + \sigma_2) I + \beta_2 I + (d_1 + d_2 + \sigma_1) \quad (12)$$

Nilai $o(\Delta t)$ menyatakan nilai peluang yang sangat kecil, di mana $\lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0=0$ (Allen, 2010).

Peluang Wabah

Wabah akan terjadi ketika jumlah individu yang terinfeksi terus meningkat. Bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) dan nilai harapan banyaknya individu terinfeksi (m) digunakan sebagai ambang batas dalam menentukan terjadinya wabah. Keduanya menunjukkan jumlah rata-rata individu yang rentan terinfeksi karena satu individu terinfeksi. Secara deterministik, wabah terjadi ketika $\mathcal{R}_0 > 1$, sedangkan secara stokastik wabah terjadi ketika $m > 1$. \mathcal{R}_0 didapatkan dengan metode *the next generation matrix*. Penentuan \mathcal{R}_0 berdasar pada urutan subpopulasi E dan I . Berdasarkan persamaan (1) didapatkan.

$$\begin{aligned}\frac{dE}{dt} &= \alpha \frac{SI}{N} - rE - \beta_1 E - \sigma_3 E - d_1 E \\ \frac{dI}{dt} &= rE - \beta_2 I - \sigma_2 I - d_1 I - d_2 I\end{aligned}\quad (13)$$

Kemudian ditentukan matriks \mathcal{F} dan \mathcal{V} berdasarkan persamaan di atas

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \alpha \frac{SI}{N} \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\mathcal{V} = \begin{pmatrix} rE + \beta_1 E + \sigma_3 E + d_1 E \\ -rE + \beta_2 I + \sigma_2 I + d_1 I + d_2 I \end{pmatrix}$$

sehingga matriks F dan V adalah

$$F = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial I} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial I} \end{pmatrix}, V = \begin{pmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial I} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial E} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial I} \end{pmatrix}$$

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \alpha \frac{S}{N} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, V = \begin{pmatrix} r + \beta_1 + \sigma_3 + d_1 & 0 \\ -r & \beta_2 + \sigma_2 + d_1 + d_2 \end{pmatrix}.$$

The next generation matrix \mathbf{R} adalah

$$\mathbf{R} = \mathbf{FV}^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & \alpha \frac{S}{N} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} r + \beta_1 + \sigma_3 + d_1 & 0 \\ -r & \beta_2 + \sigma_2 + d_1 + d_2 \end{pmatrix}^{-1}.$$

Setelah disubstitusikan dengan titik tetap bebas penyakit dan ditentukan nilai eigen dominan dari matriks \mathbf{R} didapatkan

$$\mathcal{R}_0 = \frac{r\alpha\lambda}{d_1(d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2)(r + d_1 + \beta_1 + \sigma_3)}. \quad (14)$$

Nilai harapan banyaknya individu terinfeksi (m) diperoleh dengan proses bercabang berganda. Proses bercabang digunakan untuk menentukan peluang bebas penyakit dan peluang wabah dengan fungsi pembangkit peluang (pgf) (Allen & Lahodny, 2012). Pgf dari E memberikan nilai awal $E(0) = 1$, dan $I(0) = 0$ adalah

$$f_1(u_1, u_2) = \frac{(\beta_1 + d_1 + \sigma_3) + (ru_2)}{\beta_1 + d_1 + \sigma_3 + \alpha + r} \quad (15)$$

dan pgf untuk I dengan memberikan nilai awal $E(0) = 0$, dan $I(0) = 1$ adalah

$$f_2(u_1, u_2) = \frac{(\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2) + \alpha u_1 u_2}{\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2 + \alpha} \quad (16)$$

Selanjutnya ditentukan matriks $\mathbf{M} = [h_{ji}]$ yang merupakan suatu *matriks non negative*, dengan elemen $h_{ji} = \left. \frac{\partial f_i}{\partial u_j} \right|_{u=1} < \infty$ sehingga

$$\mathbf{M} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\alpha}{\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2 + \alpha} \\ r & \frac{\alpha}{\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2 + \alpha} \\ \frac{\beta_1 + d_1 + \sigma_3 + \alpha + r}{\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2 + \alpha} & \frac{\alpha}{\sigma_2 + \beta_2 + d_1 + d_2 + \alpha} \end{pmatrix}. \quad (17)$$

Kemudian ditentukan nilai eigen dominan matriks \mathbf{M} yang didefinisikan sebagai $\rho(\mathbf{M}) = m$ untuk memperoleh peluang bebas suatu penyakit

$$m = \frac{\alpha + \frac{\sqrt{\alpha} \sqrt{(4r + \alpha)d_1 + 4r(d_2 + \beta_2 + \sigma_2) + \alpha(5r + \alpha + \beta_1 + \sigma_3)}}{\sqrt{r + \alpha + d_1 + \beta_1 + \sigma_3}}}{2(\alpha + d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2)} \quad (18)$$

Terdapat titik tetap dengan membuat $f_i(q_1, q_2) = q_i, i = 1, 2$ dan menyelesaikan q_i sehingga diperoleh

$$q_1 = 1 - \frac{\alpha}{\alpha + d_1 + \beta_1 + \sigma_3}$$

Dan

$$q_2 = \frac{(d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2)(\alpha + d_1 + \beta_1 + \sigma_3)}{\alpha^2 + (d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2)(\alpha + d_1 + \beta_1 + \sigma_3)}$$

Jika diberikan nilai awal $E(0) = e$ dan $I(0) = i$, maka peluang terjadinya bebas penyakit adalah

$$P(I(t) = 0) = \begin{cases} 1, & m \leq 1 \\ q_1^e q_2^i, & m > 1 \end{cases}$$

dan peluang terjadinya wabah adalah

$$1 - P(I(t) = 0) = \begin{cases} 0, & m \leq 1 \\ 1 - q_1^e q_2^i, & m > 1. \end{cases}$$

Simulasi Numerik

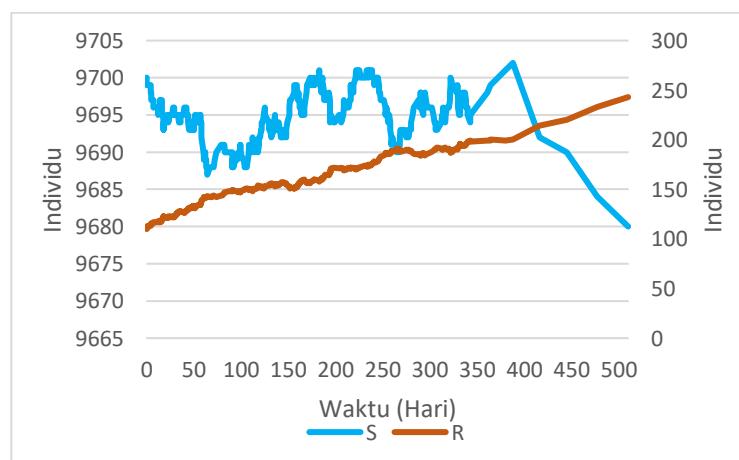
Simulasi dilakukan dengan menerapkan model dan memilih nilai parameter pada penyebaran Covid-19 menggunakan *software Mathematica* dan *R-Studio*. Hal yang ditentukan dalam simulasi ini: (1) Analisis penyebaran Covid-19 berdasarkan nilai parameter, (2) Pengaruh peningkatan laju transmisi (α). Nilai parameter untuk penyebaran penyakit Covid-19 ditunjukkan pada Tabel 1.

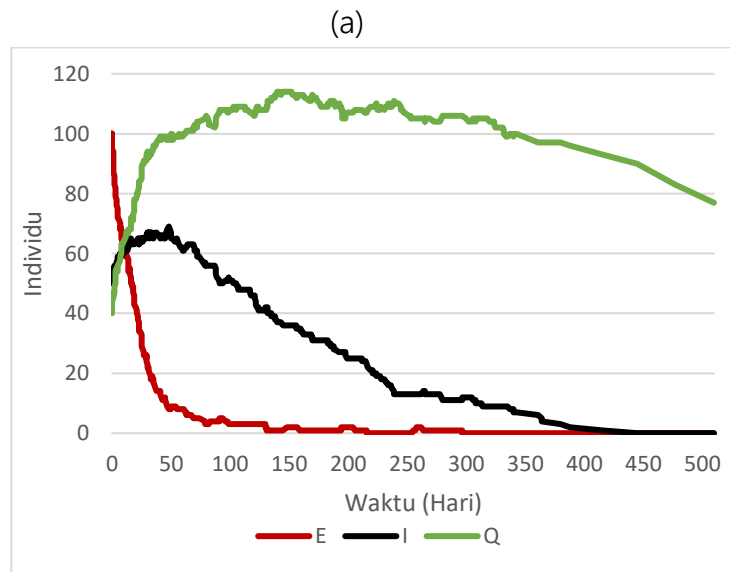
Tabel 1. Nilai parameter model SEIQR pada penyebaran penyakit Covid-19

Parameter	Nilai	Sumber
λ	3×10^{-5}	(Hardianti et al., 2022)
β_1	0,02	(Khan & Atangana, 2020)
β_2	0,005	(Van Den Driessche & Watmough, 2002)
d_1	3×10^{-5}	Asumsi
α	$6,7 \times 10^{-5}$	(Youssef et al., 2022)
d_2	$3,5 \times 10^{-7}$	(Ud Din et al., 2020)
r	0,02	Asumsi
σ_1	0,0015	Asumsi
σ_2	0,002	(Hethcote, 2000)
σ_3	0,004	Asumsi

Analisis Penyebaran Covid-19

Total populasi (N) yang disimulasikan sebanyak 10.000 yang terbagi ke dalam beberapa subpopulasi. Nilai awal dari subpopulasi $S(0) = 9.700$, $E(0) = 100$, $I(0) = 50$, $Q(0) = 40$, $R(0) = 110$. Dinamika populasi pada sistem disajikan pada Gambar 2 di bawah ini.





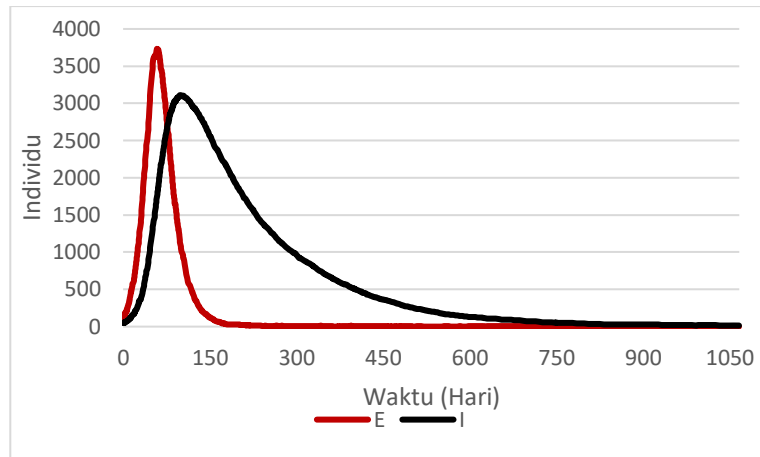
Gambar 2. Dinamika populasi penyebaran Covid-19.

Gambar 2 menunjukkan banyaknya individu terinfeksi (E, I, Q) akan menuju bebas penyakit (0) dengan berjalannya waktu. Jumlah individu pada subpopulasi rentan (S) akan cenderung berfluktuasi kemudian cenderung menurun, individu pada subpopulasi sembuh (R) akan terus meningkat. Dinamika individu pada subpopulasi terpapar (E) akan menuju 0 sekitar 216 hari, sedangkan individu pada subpopulasi terinfeksi (I) menuju 0 sekitar 445 hari. Jika kondisi tidak berubah, pada hari ke-445 tidak ada individu terinfeksi. Hal ini sesuai dengan hasil \mathcal{R}_0 , yaitu sebesar $0,00432892 < 1$ dan m sebesar $0,0703235 < 1$ sehingga tidak terdapat peluang wabah.

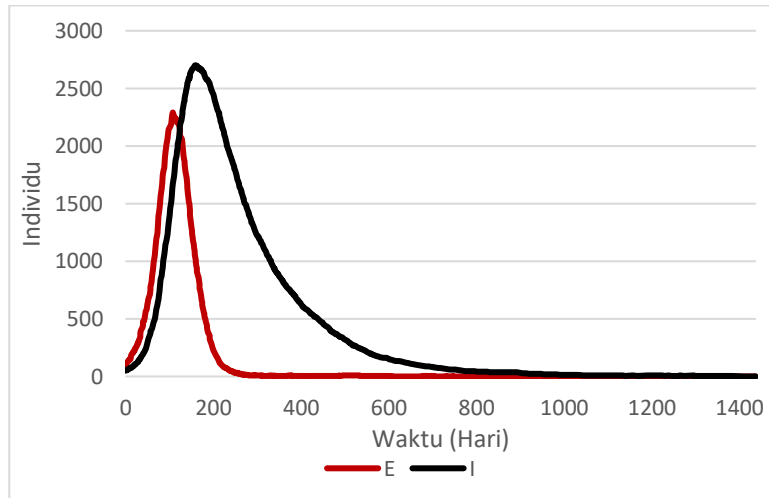
Pengaruh Peningkatan Laju Penularan Penyakit (α)

Simulasi ini dilakukan untuk melihat terjadi atau tidaknya wabah jika laju penularan penyakit meningkat, yaitu besarnya laju penularan meningkat dari $6,7 \times 10^{-5}$ menjadi "

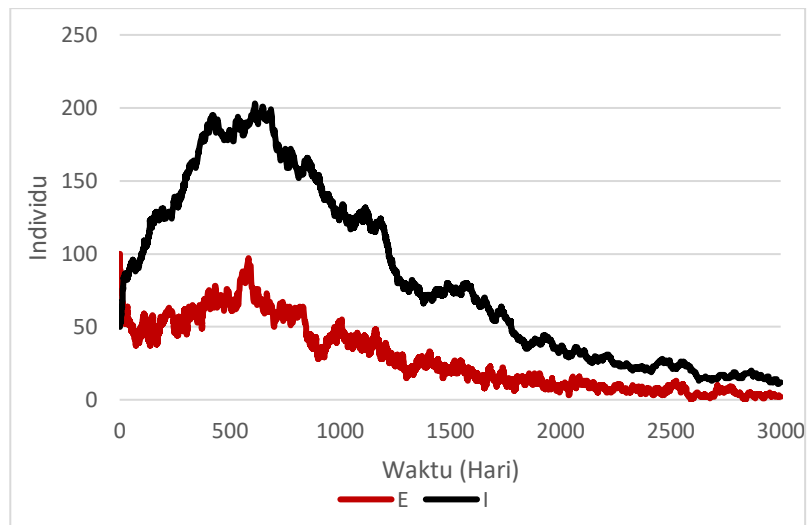
" $0,0067, 0,0201$, dan $0,0335$. Nilai parameter yang lain sama seperti yang ditunjukkan pada Tabel 1. Dinamika populasi untuk perubahan nilai parameter α ditunjukkan pada Gambar 3.



(a)



(b)



(c)

Gambar 3. Dinamika subpopulasi terpapar dan terinfeksi (a) $\alpha = 0,0067$ (b) $\alpha = 0,0201$ (c) $\alpha = 0,0335$.

Tabel 2. Perubahan nilai α terhadap \mathcal{R}_0 , m , dan peluang wabah

Nilai Parameter	\mathcal{R}_0	m	Peluang Wabah
0,0067	0,432892	0,745889	0
0,0201	1,29867	0,977289	0
0,0335	2,16446	1,03296	0,99

Tabel 2 menunjukkan bahwa peningkatan α menyebabkan nilai \mathcal{R}_0 dan m semakin besar. Ketika nilai $\alpha = 0,0201$, nilai $\mathcal{R}_0 > 1$, namun nilai $m < 1$ sehingga belum terdapat kemungkinan terjadi wabah. Untuk nilai $\alpha = 0,0335$, didapatkan nilai $\mathcal{R}_0 > 1$ dan $m > 1$ sehingga terdapat kemungkinan terjadi wabah dengan peluang 0,99.

SIMPULAN

Pada penelitian ini diperoleh peluang transisi dari model epidemik SEIQR stokastik dengan pendekatan rantai markov waktu kontinu. Model ini dapat digunakan untuk mengetahui dinamika penyebaran Covid-19. Hasil analisis menunjukkan semakin besar laju penularan penyakit akibat kontak dengan individu dari subpopulasi terinfeksi, maka semakin besar waktu bebas penyakit, bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0), dan nilai harapan banyaknya individu terinfeksi (m) yang kemudian berpengaruh pada peluang wabah dalam jangka panjang. Berdasarkan hasil penelitian ini, diharapkan dapat melakukan tindakan untuk mencegah penyebaran penyakit Covid-19 seperti mengurangi kontak antar individu yang memungkinkan penyebaran penyakit Covid-19.

DAFTAR PUSTAKA

- Allen, L. J. S. (2010). An introduction to stochastic processes with applications to biology, second edition. An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology, Second Edition, 1–461.
- Allen, L. J. S., & Lahodny, G. E. (2012). Extinction thresholds in deterministic and stochastic epidemic models. *Journal of Biological Dynamics*, 6(2), 590–611. <https://doi.org/10.1080/17513758.2012.665502>
- Andersson, H., & Britton, T. (2000). *Stochastic Epidemic Models and Their Statistical Analysis*. Springer-Verlag.
- Britton, T. (2010). Stochastic epidemic models: A survey. *Mathematical Biosciences*, 225(1), 24–35. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2010.01.006>
- Hardianti, W. T., Sumarno, H., & Sianturi, P. (2022). Sensitivity Analysis of SEIRS Model with

- Quarantine on the Spread of Covid-19. JTAM (Jurnal Teori Dan Aplikasi Matematika), 6(4), 1034. <https://doi.org/10.31764/jtam.v6i4.9627>
- Hethcote, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious. Society, 42(4), 599–653.
- Iannelli, M., & Pugliese, A. (2014). Mathematical modeling of epidemics. UNITEXT - La Matematica per Il 3 Piu 2, 79, 209–264. https://doi.org/10.1007/978-3-319-03026-5_8
- Khan, M. A., & Atangana, A. (2020). Modeling the dynamics of novel coronavirus (2019-nCov) with fractional derivative. Alexandria Engineering Journal, 59(4), 2379–2389. <https://doi.org/10.1016/j.aej.2020.02.033>
- Ud Din, R., Shah, K., Ahmad, I., & Abdeljawad, T. (2020). Study of transmission dynamics of novel COVID-19 by using mathematical model. Advances in Difference Equations, 2020(1). <https://doi.org/10.1186/s13662-020-02783-x>
- Van Den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. Mathematical Biosciences, 180(1–2), 29–48. [https://doi.org/10.1016/S0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/S0025-5564(02)00108-6)
- Youssef, H. M., Alghamdi, N., Ezzat, M. A., El-Bary, A. A., & Shawky, A. M. (2022). A proposed modified SEIQR epidemic model to analyze the COVID-19 spreading in Saudi Arabia. Alexandria Engineering Journal, 61(3), 2456–2470. <https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.06.095>