INNOVATIVE: Journal Of Social Science Research
Volume 4 Nomor 6 Tahun 2024 Page 3135-3143
E-ISSN 2807-4238 and P-ISSN 2807-4246
Website: https://j-innovative.org/index.php/Innovative

Analisis Sensitivitas Model Epidemik Seir pada Penyebaran Penyakit dengan Karantina

Wiwik Tri Hardianti
Universitas Bina Sarana Informatika
Email: wiwik.wkh@bsi.ac.id [1]

Abstrak

Model epidemik dalam matematika adalah representasi matematis yang digunakan untuk menggambarkan dan menganalisis penyebaran penyakit infeksi dalam populasi. Penelitian ini membahas tentang penyebaran penyakit menggunakan model SEIR dengan karantina (Q) yang dikembangkan oleh Youssef et al. (2022). Model dianalisis dengan menentukan titik tetap, bilangan reproduksi dasar. Selanjutnya dilakukan analisis sensitivitas untuk menentukan seberapa besar pengaruh perubahan nilai parameter terhadap dinamika penyebaran penyakit. Hasil penelitian menunjukkan bahwa parameter yang dapat dikontrol dan mempunyai pengaruh yang signifikan adalah laju penularan dan laju karantina. Peningkatan laju penularan menyebabkan peningkatan penyebaran penyakit, sedangkan peningkatan laju karantina menyebabkan penurunan penyebaran penyakit.

Kata Kunci: *Analisis Sensitivitas, Bilangan Reproduksi Dasar, Karantina, SEIQR*

Abstract

The epidemic model in mathematics is a mathematical representation used to describe and analyze the spread of infectious diseases in a population. This study discusses the spread of disease using the SEIR model with quarantine (Q) developed by Youssef et al. (2022). The model is analyzed by determining the equilibrium points and the basic reproduction number. A sensitivity analysis is then conducted to determine the extent to which changes in parameter values affect the dynamics of disease spread. The results of the study show that the controllable parameters with significant influence are the transmission rate and the quarantine rate. An increase in the transmission rate leads to an increase in disease spread, while an increase in the quarantine rate leads to a decrease in disease spread.
Keywords: *Sensitivity Analysis, Basic Reproduction Number, Quarantine, SEIQR.*

PENDAHULUAN

Model epidemiologi adalah alat penting yang digunakan untuk memahami dan memprediksi penyebaran penyakit menular dalam suatu populasi. Sejak pengembangan model epidemi dimulai, beberapa jenis model telah dikembangkan, antara lain model SIR (susceptible-infection-recovery), SEIR (susceptible-expose-infection-recovery), dan model SIS (susceptible-infection-susceptible). Model SIR yang diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 merupakan salah satu model paling dasar untuk menjelaskan penyebaran penyakit. Model ini membagi populasi menjadi tiga kategori: rentan (S), terinfeksi (I), dan pulih (R) (2). Dalam model ini, tingkat transisi antar kategori ditentukan oleh parameter seperti kecepatan transfer dan tingkat pemulihan (3).

Model SEIR menambahkan subpopulasi terpapar (E), yang mencakup individu yang telah terpapar virus tetapi belum menunjukkan gejala. Ini sangat relevan untuk Covid-19, mengingat periode inkubasi yang bervariasi dan kemungkinan penularan dari individu yang tidak menunjukkan gejala (4). Di samping itu, dalam penyakit Covid-19, juga terdapat kelompok atau subpopulasi yang dikarantina, sehingga ditambahkan subpopulasi karantina (Q). Dengan demikian, model yang lebih sesuai adalah SEIQR.

Pada penelitian ini, akan membahas model epidemik SEIQR pada penyebaran penyakit Covid-19 oleh Youssef *et al.* (2022) yang selanjutnya dilakukan analisis sensitivitas. Analisis sensitivitas dalam konteks model SEIQR bertujuan untuk mengevaluasi sejauh mana perubahan dalam parameter model, seperti tingkat penularan, tingkat karantina, dan tingkat pemulihan, mempengaruhi hasil epidemiologis, seperti jumlah kasus infeksi dan waktu puncak infeksi. Dengan memahami sensitivitas model terhadap parameter-

parameter ini, peneliti dapat mengidentifikasi faktor-faktor kunci yang berkontribusi pada penyebaran penyakit dan merumuskan strategi intervensi yang lebih efektif (5).

METODE PENELITIAN

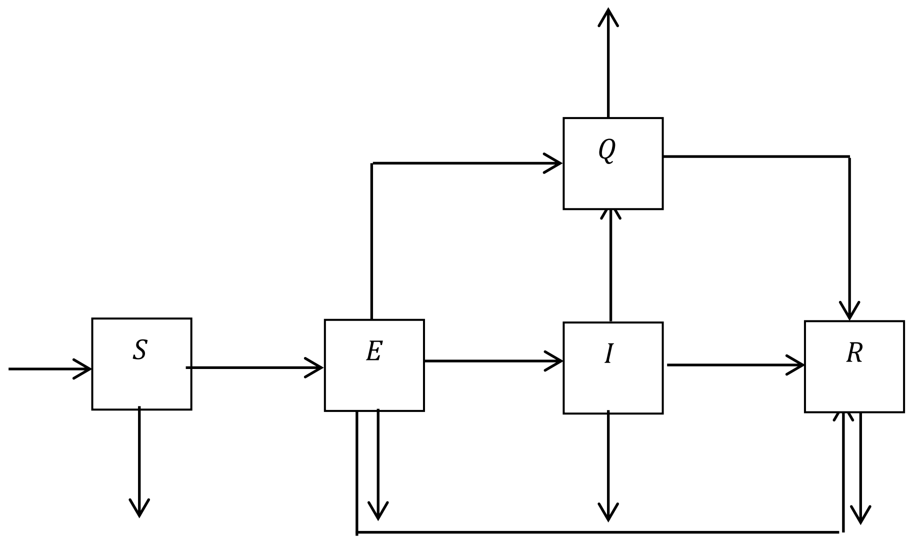
Langkah-langkah yang dilakukan dalam penelitian ini adalah:

1. Mengonstruksi model SEIQR oleh Youssef *et al.* (2022) dalam penentuan penyebaran penyakit Covid-19.
2. Menentukan titik tetap serta bilangan reproduksi dasar.
3. Menentukan nilai parameter model.
4. Menentukan nilai indeks sensitivitas setiap parameter untuk menjelaskan pengaruh perubahan parameter terhadap nilai bilangan reproduksi dasar serta dinamika populasi dalam sistem.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Model Matematika

Model matematika SEIQR untuk penyebaran Covid-19 terdiri dari lima subpopulasi: rentan (S), terpapar (E), terinfeksi (I), dikarantina (Q) , dan pulih (R). Subpopulasi yang rentan adalah kelompok yang tidak terinfeksi. Subpopulasi yang terpapar terdiri dari kelompok yang tertular penyakit tetapi tidak dapat menularkannya. Subpopulasi yang terinfeksi adalah kelompok yang dapat tertular suatu penyakit dan menularkan penyakit. Subpopulasi yang dikarantina terdiri dari individu sakit yang terisolasi, baik mandiri atau dirawat. Berikut diagram kompartemen model:



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

Persamaan diferensial diagram di atas adalah:

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

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

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

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

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

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 (6).

Titik Tetap dan Bilangan Reproduksi dasar

Penentuan titik tetap dilakukan dengan mencari penyelesaian dari persamaan (1) dan memenuhi

$$\frac{dS}{dt} = \frac{dE}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dQ}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0 \qquad (2)$$

Dari persamaan (2) didapatkan titik tetap, salah satunya yaitu titik tetap bebs penyakit. Titik tetap bebas penyakit adalah titik tetap ketika tidak ada individu yang terinfeksi ($E = I = 0$) sehingga diperoleh:

$$\bar{S} = \frac{\lambda N}{d_1}$$
$$\bar{E} = 0$$
$$\bar{I} = 0$$
$$\bar{Q} = 0$$
$$\bar{R} = 0.$$

Wabah terjadi ketika banyak yang terkena penyakit menular lebih banyak dari biasanya dalam kurun waktu tertentu pada kelompok populasi tertentu. Dalam menentukan ambang batas terjadinya wabah dapat menggunakan bilangan reproduksi dasar $(\mathcal{R}_0)$. $\mathcal{R}_0$ adalah rata-rata jumlah individu yang akan terinfeksi oleh satu individu yang terinfeksi dalam populasi yang sepenuhnya rentan. $\mathcal{R}_0$ didapatkan dengan metode *the next generation matrix.* Berikut beberapa kategori nilai $\mathcal{R}_0$:

1. Jika $\mathcal{R}_0 < 1$: Setiap individu yang terinfeksi, rata-rata, menularkan penyakit ke kurang dari satu orang. Ini menunjukkan bahwa wabah cenderung mereda dan akan hilang seiring waktu.
2. Jika $\mathcal{R}_0 = 1$: Penyakit akan tetap ada dalam populasi, tetapi tidak akan menyebar secara signifikan.
3. Jika $\mathcal{R}_0 > 1$: Penyakit akan menyebar dengan cepat dalam populasi, dan wabah cenderung terjadi (7).

Nilai $\mathcal{R}_0$ pada model SEIQR persamaan (1) adalah

$$\boldsymbol{\mathcal{R}_0} = \frac{\boldsymbol{r\alpha\lambda}}{\boldsymbol{d_1(d_1+d_2+\beta_2+\sigma_2)(r+d_1+\beta_1+\sigma_3)}} \qquad (3)\ (6)$$

Analisis Penyebaran Penyakit Berdasarkan Parameter

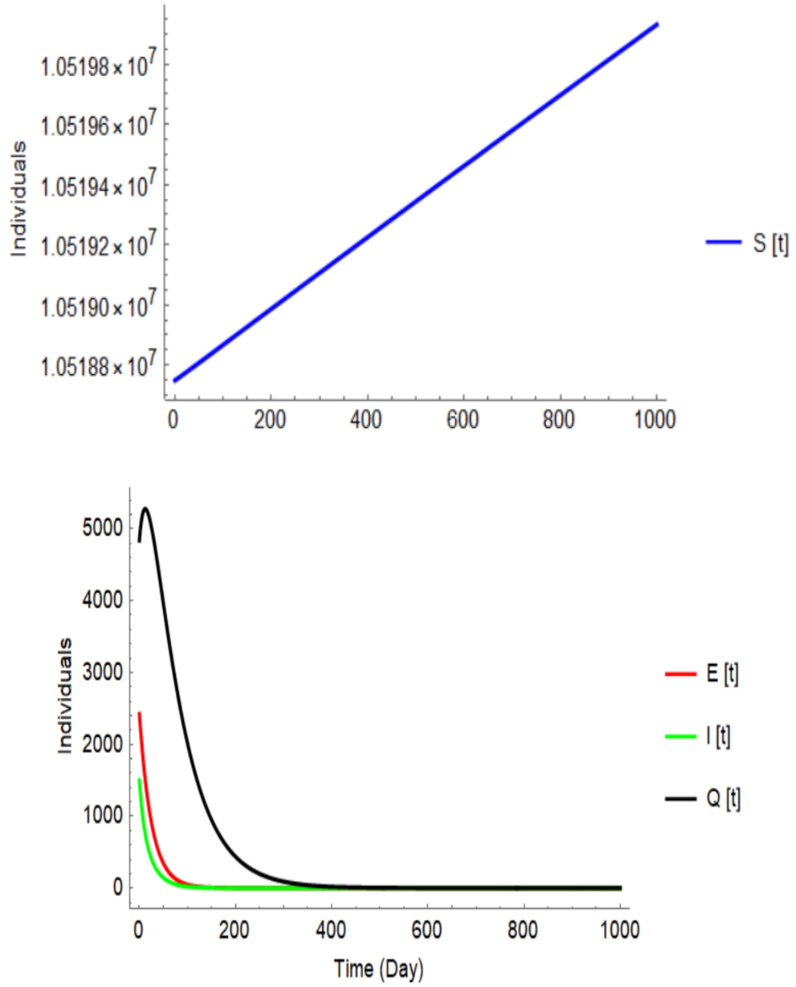
Pada simulasi ini menggunakan nilai awal $S(0) = 10518750$, $E(0) = 2423$, $I(0) = 1500$, $Q(0) = 1500$, $R(0) = 31267$, dengan total populasi $N = 10558781$. Berikut nilai parameter yang digunakan untuk simulasi:

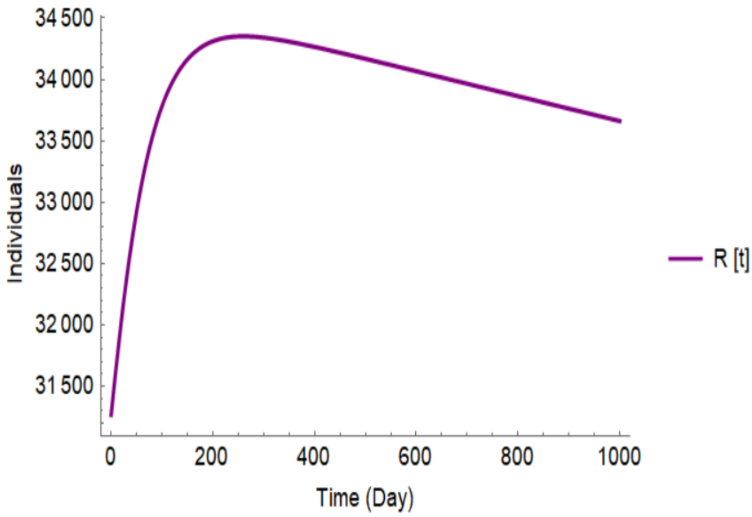
Tabel 1. Nilai Parameter

Parameter	Nilai	Sumber
λ	3×10^{-5}	(6)
β_1	$0,005$	Asumsi
β_2	$0,1$	(9)
d_1	3×10^{-5}	Asumsi
α	$6,7 \times 10^{-5}$	(1)
d_2	$0,0097$	(9)

r	$0{,}03$	Asumsi
σ_1	$0{,}006$	Asumsi
σ_2	$0{,}0015$	Asumsi
σ_3	$0{,}004$	(6)

Berdasarkan nilai parameter pada Tabel 1, didapatkan dinamika populasi yang ditunjukkan pada Gambar 2.





Gambar 2. Dinamika Populasi

Berdasarkan Gambar 2, banyaknya subpopulasi S cenderung meningkat. Berbeda halnya subpopulasi E dan I cenderung menurun. Subpopulasi Q mengalami peningkatan pada awalnya kemudian menurun, sedangkan subpopulasi R meningkat kemudian menurun. Pada kasus ini didapatkan nilai $\mathcal{R}_0 = 0{,}000462994 < 1$, sehingga tidak terjadi wabah dalam jangka panjang (penyakit akan menghilang).

Analisis Sensitivitas

Analisis sensitivitas menilai bagaimana perubahan parameter model mempengaruhi nilai $\mathcal{R}_0$ (11). Indeks sensitivitas $\gamma_p^{\mathcal{R}_0}$ didefinisikan sebagai:

$$\boldsymbol{\gamma_p^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial p} \times \frac{p}{\mathcal{R}_0}}$$

Dengan p adalah nilai parameter model. Contoh perhitungan dalam menentukan nilai indeks sensitivitas parameter β_2 dan σ_2 adalah

$$\gamma_{\beta_2}^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \beta_2} \times \frac{\beta_2}{\mathcal{R}_0}$$
$$= -\frac{\beta_2}{d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2}$$
$$\gamma_{\sigma_2}^{\mathcal{R}_0} = \frac{\partial \mathcal{R}_0}{\partial \sigma_2} \times \frac{\sigma_2}{\mathcal{R}_0}$$
$$= -\frac{\sigma_2}{d_1 + d_2 + \beta_2 + \sigma_2}$$

Indeks sensitivitas untuk setiap parameter ditunjukkan pada Tabel 2.

Tabel 3. Indeks sensitivitas parameter

Parameter	Indeks Sensitivitas
λ	1
β_1	$-0{,}128107$

β_2	$-0{,}899038$
d_1	$-1{,}00104$
α	1
d_2	$-0{,}0872067$
r	$0{,}23136$
σ_2	$-0{,}0134856$
σ_3	$-0{,}102485$

Tabel 2 menunjukkan bahwa setiap parameter memberikan pengaruh yang berbeda terhadap $\mathcal{R}_0$. Indeks sensitivitas parameter $\lambda, \alpha,$ dan r bernilai positif sehingga peningkatan parameter tersebut dapat meningkatkan nilai $\mathcal{R}_0$. Berbeda dengan parameter $\beta_1, \beta_2, d_1, d_2, \sigma_2,$ dan σ_3 bernilai negatif, sehingga peningkatan parameter tersebut dapat menurunkan nilai $\mathcal{R}_0$. Parameter yang mempunyai pengaruh besar terhadap perubahan nilai $\mathcal{R}_0$ adalah d_1, α, λ dan β_2. Beberapa parameter yang dapat dikendalikan adalah laju penularan (α) dan laju karantina pada individu terinfeksi (β_2).

Parameter β_1 dan β_2 memiliki indeks sensitivitas berturut-turut adalah $-0{,}128107$ dan $-0{,}899038$. Artinya, peningkatan nilai β_1 sebesar 10% akan menurunkan nilai $\mathcal{R}_0$ sebesar $1{,}28107\%$. peningkatan nilai β_2 sebesar 10% akan menurunkan nilai $\mathcal{R}_0$ sebesar $8{,}99038\%$. Parameter α dan r mempunyai indeks sensitivitas berturut-turut adalah 1 dan 0.23136. Hal ini mempunyai arti peningkatan nilai α sebesar 10% akan meningkatkan nilai $\mathcal{R}_0$ sebesar 10%. Peningkatan nilai r sebesar 10% akan meningkatkan nilai $\mathcal{R}_0$ sebesar 2.3136%.

SIMPULAN

Model SEIQR dapat menjelaskan karekteristik penyebaran penyakit Covid-19. Berdasarkan nilai awal yang dipilih, didapatkan nilai bilangan reproduksi dasar $(\mathcal{R}_0)$ sebesar $0{,}000462994$ sehingga penyakit akan menghilang seiring waktu. Walaupun begitu, analisis sensitivitas perlu dilakukan untuk menentukan strategi pengendalian yang efektif untuk mencapai kondisi bebas penyakit lebih cepat dicapai. Hasil penelitian menunjukkan bahwa parameter paling berpengaruh yang dapat dikendalikan adalah penularan (α) dan laju karantina pada individu terinfeksi (β_2). Laju penularan (α) mempunyai hubungan positif dengan $\mathcal{R}_0$. Sebaliknya, laju karantina pada individu terinfeksi (β_2) mempunyai hubungan negatif dengan $\mathcal{R}_0$. Penentuan indeks sensitivitas membantu peneliti dan pengambil kebijakan mengembangkan strategi pencegahan dan pengendalian penyakit. Berdasarkan hasil penelitian, usaha yang dapat dilakukan adalah menurunkan laju penularan dan meningkatkan laju karantina untuk individu yang terinfeksi, baik di rumah atau di rumah sakit.

DAFTAR PUSTAKA

Youssef HM, Alghamdi N, Ezzat MA, El-Bary AA, Shawky AM. A proposed modified SEIQR epidemic model to analyze the COVID-19 spreading in Saudi Arabia. Alexandria Eng J [Internet]. 2022;61(3):2456–70. Available from: https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.06.095

Allen LJS. An introduction to stochastic processes with applications to biology, second edition. An Introd to Stoch Process with Appl to Biol Second Ed. 2010;1–461.

Zhang T, Teng Z. On a nonautonomous SEIRS model in epidemiology. Bull Math Biol. 2007;69(8):2537–59.

Heesterbeek H, Anderson R, Andreasen V, Bansal S, De D, Dye C, et al. of global health. 2015;347(6227).

Liu Y, Gayle AA, Wilder-Smith A, Rocklöv J. The reproductive number of COVID-19 is higher compared to SARS coronavirus. J Travel Med. 2020;27(2):1–4.

Hardianti WT. Analisis Model Epidemik Stokastik SEIQR Dengan Rantai Markov Waktu Kontinu. 2024;4:13669–81.

Turner K. Introduction to Infectious Disease Modelling. Sex Transm Infect. 2011;87(1):21–21.

Khan MA, Atangana A. Modeling the dynamics of novel coronavirus (2019-nCov) with fractional derivative. Alexandria Eng J [Internet]. 2020;59(4):2379–89. Available from: https://doi.org/10.1016/j.aej.2020.02.033

Hardianti WT, Sumarno H, Sianturi P. Sensitivity Analysis of SEIRS Model with Quarantine on the Spread of Covid-19. JTAM (Jurnal Teor dan Apl Mat. 2022;6(4):1034.

Hethcote HW. The Mathematics of Infectious. Society. 2000;42(4):599–653.

Chitnis N, Hyman JM, Cushing JM. Determining important parameters in the spread of malaria through the sensitivity analysis of a mathematical model. Bull Math Biol. 2008;70(5):1272–96.