

## Penentuan *Effective Reproduction Number* COVID-19 dengan Metode *Particle Swarm Optimization* pada Enam Provinsi di Pulau Jawa

Aldi Eka Wahyu Widiyanto<sup>1</sup>, Julinar<sup>2</sup>, Karohmatul Amalia MS<sup>3</sup>, Venansius Ryan Tjahjono<sup>4</sup>

<sup>1,2,3</sup>Departemen Matematika, Fakultas Sains dan Analitika Data, Institut Teknologi Sepuluh Nopember

<sup>4</sup>Program Studi Magister Aktuaria, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Teknologi Bandung

e-mail: [aldiekaw@gmail.com](mailto:aldiekaw@gmail.com)<sup>1</sup>, [julinaromits@gmail.com](mailto:julinaromits@gmail.com)<sup>2</sup>, [karohmatul.amalia@gmail.com](mailto:karohmatul.amalia@gmail.com)<sup>3</sup>, [venansiusrt@gmail.com](mailto:venansiusrt@gmail.com)<sup>4</sup>

*Diajukan: 27 Januari 2021, Diperbaiki: 22 Juli 2023, Diterima: 29 Juli 2023*

### Abstrak

Penyakit COVID-19 pertama kali ditemukan di Wuhan, China. COVID-19 menular melalui cairan dari individu yang terinfeksi. Dalam 3 bulan sejak kemunculan pertama, COVID-19 telah menyebar ke 114 negara di dunia. Artinya penyakit ini memiliki tingkat penularan yang tinggi. Oleh karena itu, perlu dilakukan pemodelan untuk mengetahui penyebaran dari virus COVID-19 guna membantu dalam pengambilan kebijakan untuk menangani virus ini. Pada paper ini, model SIRD digunakan untuk memodelkan penyebaran COVID-19 di Indonesia dimana populasi dibagi menjadi empat kompartemen, yaitu *Susceptible-Infected-Recovered-Death*. Kami melakukan pendekatan stokastik pada model SIRD agar model lebih realistis. Data yang digunakan pada paper ini adalah data COVID-19 pada enam provinsi di Pulau Jawa. Metode *Particle Swarm Optimization* (PSO) digunakan untuk mengestimasi parameter model SIRD. Selanjutnya hasil estimasi parameter tersebut digunakan untuk menentukan tingkat penyebaran COVID-19 yang direpresentasikan dengan nilai *Effective Reproduction Number* ( $\mathcal{R}_t$ ). Berdasarkan hasil simulasi telah diperoleh nilai *real time*  $\mathcal{R}_t$  COVID-19 dari enam provinsi di Pulau Jawa. Nilai  $\mathcal{R}_t$  tersebut menunjukkan bahwa provinsi yang masih memiliki tingkat penyebaran COVID-19 tinggi adalah provinsi Jawa Barat dan DKI Jakarta. Untuk keempat provinsi yang lain, dapat diketahui bahwa tingkat penyebaran COVID-19 mulai menurun. Hasil estimasi memiliki nilai kesalahan *Mean Absolute Percentage Error* (MAPE) dibawah 10%, artinya estimasi tersebut memiliki tingkat akurasi yang tinggi.

**Kata Kunci:** COVID-19, MAPE, Model SIRD, Particle Swarm Optimization, Reproduction Number

### Abstract

*The COVID-19 disease was first discovered in Wuhan, China. COVID-19 is transmitted through droplets from an infected individual. In the 3 months since its first appearance, COVID-19 has spread to 114 countries worldwide, indicating a high transmission rate. Therefore, it is necessary to do modeling to understand the spread of the COVID-19 virus to assist in policy making to deal with this virus. In this paper, the SIRD model is used to model the spread of COVID-19 in Indonesia where the population is divided into four compartments, namely Susceptible-Infected-Recovered-Death. We utilize a stochastic approach to the SIRD model to make it more realistic. The data used in this paper is COVID-19 data from six provinces in Java. The Particle Swarm Optimization (PSO) method is employed to estimate the parameters of the SIRD model. The estimation results of these parameters are then used to determine the level of COVID-19 spread, represented by the value of the Effective Reproduction Number ( $\mathcal{R}_t$ ). Based on the simulation results, we obtained the real time  $\mathcal{R}_t$  value of COVID-19 in six provinces in Java. The*

*results indicate that the provinces with the highest level of COVID-19 spread are West Java and DKI Jakarta. On the other hand, the other four provinces show a decline in the spread of COVID-19. The estimation results show a Mean Absolute Percentage Error (MAPE) below 10%, indicating a high degree of accuracy.*

**Keywords:** COVID-19, MAPE, Particle Swarm Optimization, Reproduction Number, SIRD mode

## 1 Pendahuluan

Pada awal tahun 2020, dunia dikejutkan dengan kemunculan penyakit *Coronavirus Disease 2019* (COVID-19). Penyakit ini merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2. Badan kesehatan dunia, yaitu WHO, telah menyatakan COVID-19 sebagai pandemi karena telah menyebar secara global. Sementara itu, berdasarkan Keputusan Presiden Nomor 12 Tahun 2020, COVID-19 telah dinyatakan sebagai Bencana Nasional di Indonesia. Pemerintah dari seluruh negara di dunia berupaya penuh dalam penanganan COVID-19 di negara masing-masing.

Pendekatan matematis sudah sejak lama diterapkan untuk memodelkan penyebaran penyakit. Pada tahun 1927, Kermack dan McKendrick [1] mengusulkan model kompartemen *Susceptible-Infected-Recovered* (SIR). Model SIR membagi populasi menjadi tiga kompartemen yaitu individu rentan, individu terinfeksi, dan individu sembuh. Model ini cukup prediktif [2] untuk penyakit menular yang ditularkan dari manusia ke manusia, dimana individu yang sembuh memiliki resistansi untuk tertular kembali, seperti campak, gondok dan rubella. Seiring waktu terdapat beberapa pengembangan dari model SIR, antara lain *Susceptible-Infected-Susceptible* (SIS) [3], *Susceptible-Infected-Recovered-Susceptible* (SIRS) [4], *Susceptible-Exposed-Infected-Recovered* (SEIR) [5], dan *Susceptible-Infected-Recovered-Death* (SIRD) [6]. Model SIRD digunakan oleh Calafiore, dkk untuk memodelkan penyebaran COVID-19 di Italia [6]. Pendekatan pemodelan COVID-19 yang diusulkan dalam paper tersebut dapat membantu untuk mendapatkan model epidemi yang mampu menggambarkan fase penularan yang berbeda. Pada dasarnya kelima model kompartemen yang telah disebutkan bersifat deterministik, pendekatan stokastik dapat digunakan pada model agar lebih realistis.

Model-model kompartemen yang disebutkan memuat beberapa parameter. Parameter ini perlu diestimasi untuk dapat memodelkan penyebaran penyakit di suatu daerah. Putra dan Mutamar [7] menggunakan metode *Particle Swarm Optimization* (PSO) dalam mendapatkan parameter model SIR pada penelitiannya. Hasil penelitian tersebut menunjukkan bahwa parameter yang didapatkan dengan metode PSO memberikan hasil yang lebih baik daripada metode analitik dan metode Gauss-Newton. Hasan, dkk. [8] melakukan penelitian tentang COVID-19 dengan pendekatan *reproduction number* menggunakan model SIR. Nilai  $\mathcal{R}_t$  yang

dihasilkan dengan metode yang diusulkan dapat mengikuti dinamika model yang digunakan, sehingga memungkinkan untuk dikembangkan lebih lanjut jika model yang dipilih memiliki kompleksitas yang lebih tinggi.

*Basic reproduction number* ( $\mathcal{R}_0$ ) adalah ekspektasi jumlah kasus yang dihasilkan oleh satu kasus pada suatu populasi, dimana semua individu dianggap rentan terhadap infeksi [9]. Nilai  $\mathcal{R}_0$  menggambarkan seberapa cepat penyebaran kasus terjadi. Semakin besar nilainya, semakin cepat pula infeksi meluas. Dalam keadaan sesungguhnya, individu dalam suatu populasi tidak semuanya rentan. Beberapa individu mungkin kebal, misalnya daya tahan tubuhnya sangat baik, atau pernah mendapatkan infeksi yang berakibat kekebalan terhadap infeksi yang sama. Ekspektasi jumlah kasus yang dihasilkan dalam keadaan populasi saat ini disebut *effective reproduction number* ( $\mathcal{R}_t$ ) [10]. Nilai  $\mathcal{R}_t$  sangat baik dalam menggambarkan kondisi penyebaran penyakit di suatu populasi, sehingga  $\mathcal{R}_t$  dijadikan indikator transmisi suatu penyakit. Selain itu, nilai  $\mathcal{R}_t$  juga menggambarkan apakah suatu penyakit akan hilang dalam waktu tertentu, atau tidak akan hilang dan menjadi endemik. Oleh karena itu, penelitian ini mengusulkan penghitungan nilai  $\mathcal{R}_t$  penyebaran penyakit COVID-19 menggunakan metode PSO, dengan studi kasus pada enam provinsi di Pulau Jawa. Pulau Jawa dipilih sebab sekitar 56% penduduk Indonesia tinggal di Pulau Jawa. Selain itu, kasus COVID-19 di Indonesia pertama kali ditemukan di Pulau Jawa.

Data yang digunakan pada penelitian ini adalah data COVID-19 dari provinsi Jawa Timur, Jawa Tengah, Jawa Barat, DKI Jakarta, Yogyakarta, dan Banten. Data dimodelkan dengan model SIRD dan parameter model diestimasi menggunakan metode PSO, dengan tingkat akurasi diukur berdasarkan nilai *mean absolute percentage error* (MAPE). Simulasi dilakukan dengan menggunakan MATLAB versi 2020a. Pada tahap akhir simulasi diperoleh nilai  $\mathcal{R}_t$  dari enam provinsi tersebut.

## 2 Metode Penelitian

Pada penelitian ini, data yang digunakan adalah data kasus kumulatif harian COVID-19 pada enam provinsi di Pulau Jawa mulai tanggal 1 Mei 2020 hingga 19 Oktober 2020. Data ini diperoleh dari laman covid19.go.id. Data yang digunakan terdiri dari tiga kategori yaitu data jumlah kasus positif, jumlah kasus sembuh, dan jumlah kasus kematian.

### 2.1 Model SIRD (*Susceptible-Infected-Recovered-Death*)

Penyebaran penyakit dimodelkan menggunakan model SIRD dimana diperhitungkan kasus individu yang rentan penyakit (*susceptible*), terinfeksi (*infected*), sembuh (*recovered*), dan

meninggal (*death*). Pada keadaan sesungguhnya, adanya *noise* pada sistem mungkin saja terjadi. Umumnya, model deterministik mengabaikan adanya *noise* ini sehingga model kurang representatif. *Noise* dapat muncul karena faktor alam misalnya curah hujan, kelembaban, dan temperatur, serta faktor manusia misalkan kesalahan dalam pengukuran. Kehadiran *noise* seringkali tidak dapat diamati secara langsung sehingga menimbulkan ketidakpastian. Oleh karena itu perlu dilakukan pendekatan stokastik dengan memasukkan unsur keacakan pada model. Pada model matematika epidemi, khususnya model kompartemen, unsur keacakan yang sering ditambahkan adalah *Brownian motion* karena representasinya yang kontinu dan dapat menggambarkan transmisi secara acak antar kompartemen. Dengan menambahkan *Brownian motion* pada model SIRD maka diperoleh sistem persamaan diferensial stokastik sebagai berikut:

$$dS(t) = -\beta S(t)I(t) dt + \sigma_S dW_t \quad (1)$$

$$dI(t) = (\beta S(t)I(t) - (\gamma + \kappa)I(t)) dt + \sigma_I dW_t \quad (2)$$

$$dR(t) = \gamma I(t) dt + \sigma_R dW_t \quad (3)$$

$$dD(t) = \kappa I(t) dt + \sigma_D dW_t \quad (4)$$

dimana parameter  $\beta$ ,  $\gamma$ , dan  $\kappa$  yang masing-masing merupakan laju infeksi, laju penyembuhan, dan laju kematian. Pada model stokastik SIRD yang disajikan dalam Persamaan (1)-(4) terdapat parameter  $\sigma_S, \sigma_I, \sigma_R, \sigma_D$  yang merupakan nilai fluktuasi dari masing-masing kompartemen, dan  $W_t$  adalah *Brownian Motion*. Selanjutnya karena data pengukuran yang diperoleh berupa data diskrit maka Persamaan (1)-(4) didiskritisasi menggunakan skema Euler-Maruyama [11] sehingga diperoleh:

$$S_{i+1} = S_i - \beta S_i I_i \Delta t + \sigma_S \varepsilon \sqrt{\Delta t} \quad (5)$$

$$I_{i+1} = I_i + (\beta S_i I_i - (\gamma + \kappa) I_i) \Delta t + \sigma_I \varepsilon \sqrt{\Delta t} \quad (6)$$

$$R_{i+1} = R_i + \gamma I_i \Delta t + \sigma_R \varepsilon \sqrt{\Delta t} \quad (7)$$

$$D_{i+1} = D_i + \kappa I_i \Delta t + \sigma_D \varepsilon \sqrt{\Delta t} \quad (8)$$

dengan  $\varepsilon$  adalah bilangan acak berdistribusi Normal Standar. Model yang digunakan diasumsikan memiliki nilai awal  $S(0) = S_0$ , dimana  $S_0$  adalah jumlah individu yang rentan tertular pada awal waktu penyebaran penyakit. Nilai awal  $S_0$ , parameter  $\beta, \gamma, \kappa$  dan nilai fluktuasi  $\sigma_S, \sigma_I, \sigma_R, \sigma_D$  selanjutnya diestimasi menggunakan metode PSO.

## 2.2 Metode Particle Swarm Optimization

Metode *Particle Swarm Optimization* (PSO) dikembangkan oleh Kennedy dan Ebberhart pada tahun 1995 [12], [13]. Metode ini merupakan teknik optimasi yang didasarkan pada perilaku sosial dari pergerakan makhluk hidup, seperti burung atau ikan [14]. Dalam mencari makanan, sekawanan burung atau ikan akan menyebar, namun tetap saling berbagi informasi.

Artinya apabila ada salah satu burung atau ikan yang telah menemukan makanan, maka burung atau ikan tersebut akan menyampaikan informasi keberadaan makanan kepada kawannya. Selanjutnya sekawanan burung atau ikan akan berbondong-bondong pergi ke tempat keberadaan makanan tersebut. Dalam hal ini, tempat keberadaan makanan merupakan solusi yang optimal.

Pada metode PSO, populasi ikan atau burung disebut *swarm* dan tiap individu disebut *particle* (partikel). Banyaknya partikel pada *swarm* dinotasikan oleh  $n$ . Setiap partikel  $i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) memiliki dua informasi yaitu informasi posisi dan kecepatan pada waktu  $t$ , yang masing-masing dinotasikan oleh  $\mathbf{x}_i(t)$  dan  $\mathbf{v}_i(t)$ . Keduanya berupa vektor dimana tiap elemennya merepresentasikan parameter-parameter dari fungsi objektif  $f$  yang dioptimalkan. Pada paper ini,  $f$  adalah fungsi MAPE (Persamaan (13)) dan  $\mathbf{x}_i(t), \mathbf{v}_i(t)$  merupakan vektor berukuran 8 yang elemen-elemennya merepresentasikan posisi dan kecepatan untuk  $S_0, \beta, \kappa, \sigma_S, \sigma_I, \sigma_R$ , dan  $\sigma_D$ .

Setiap partikel  $i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) mengingat posisi terbaik miliknya sendiri sampai dengan waktu  $t$  yang dinotasikan oleh  $\mathbf{x}_i^*(t)$  dan posisi terbaik seluruh kawanan sampai dengan waktu  $t$  yang disebut *global best* dan dinotasikan oleh  $\mathbf{g}^*(t)$ . Pergerakan partikel  $i$  ( $i = 1, \dots, n$ ) dalam mencari solusi yang optimal cenderung acak namun tetap dipengaruhi oleh informasi posisi terbaik  $\mathbf{x}_i^*(t)$  dan  $\mathbf{g}^*(t)$ . Posisi awal semua partikel yaitu  $\mathbf{x}_i(t_0)$  ( $i = 1, \dots, n$ ) ditetapkan secara acak sedangkan kecepatan awal ditetapkan nol, yaitu  $\mathbf{v}_i(t_0) = \mathbf{0}, i = 1, \dots, n$ . *Update* nilai kecepatan tiap partikel ditentukan dengan formula sebagai berikut:

$$\mathbf{v}_i(t_{k+1}) = \theta \mathbf{v}_i(t_k) + \phi \epsilon_1 \odot [\mathbf{g}^*(t_k) - \mathbf{x}_i(t_k)] + \psi \epsilon_2 \odot [\mathbf{x}_i^*(t_k) - \mathbf{x}_i(t_k)] \quad (9)$$

dimana  $\epsilon_1$  dan  $\epsilon_2$  adalah vektor acak yang nilainya antara 0 dan 1. Parameter  $\phi$  dan  $\psi$  merupakan parameter akselerasi yang pada umumnya bernilai  $\phi \approx \psi \approx 2$ . Nilai  $\theta$  berada pada rentang 0 sampai dengan 1 [13].

Posisi awal dari semua partikel sebaiknya relatif berdistribusi seragam agar sampelnya dapat merepresentasikan semua daerah pencarian. *Update* nilai posisi tiap partikel ditentukan dengan formula berikut:

$$\mathbf{x}_i(t_{k+1}) = \mathbf{x}_i(t_k) + \mathbf{v}_i(t_{k+1}) \quad (10)$$

Berdasarkan Persamaan (9), nilai kecepatan  $\mathbf{v}_i(t)$  pada sebarang waktu  $t$  secara umum berada di  $[0, \infty)^8$ . Pada implementasinya, nilai ini dibatasi oleh kecepatan maksimum  $\mathbf{v}_{\max}$  sehingga nilai  $\mathbf{v}_i(t)$  pada sebarang waktu  $t$  berada di  $[0, \mathbf{v}_{\max}]^8$ . Algoritma PSO disajikan pada Algoritma 1.

### 2.3 *Reproduction Number*

*Basic reproduction number* ( $\mathcal{R}_0$ ), dibaca dengan “*R naught*”, merupakan suatu indikator dari penularan penyakit menular.  $\mathcal{R}_0$  merupakan jumlah rata-rata kasus sekunder yang dihasilkan

oleh satu kasus primer selama seluruh periode penularannya dalam populasi yang sepenuhnya rentan (*susceptible*). *Effective reproduction number* ( $\mathcal{R}_t$ ) merupakan jumlah rata-rata kasus sekunder per kasus primer pada waktu  $t$ , dimana bergantung dengan waktu karena penurunan pada individu yang rentan dan penerapan langkah-langkah pengendalian [15]. Nilai  $\mathcal{R}_0$  dan  $\mathcal{R}_t$  masing-masing dihitung menggunakan Persamaan (11) dan (12) berikut [16]:

$$\mathcal{R}_0 = S_0 \left( \frac{\beta}{\gamma + \kappa} \right), \quad (11)$$

$$\mathcal{R}_t = \left( \frac{S_t}{N_t} \right) \mathcal{R}_0, \quad (12)$$

dimana

$$N_t = S_t + I_t + R_t + D_t.$$

**Algoritma 1** Algoritma *Particle Swarm Optimization*

---

**Algoritma *Particle Swarm Optimization***

---

**Input:** fungsi objektif  $f$ , parameter akselerasi  $\phi, \psi$ , parameter  $\theta$ , banyaknya iterasi  $k$

**Output:** parameter optimal  $\mathbf{g}^*(t_k)$

1. **procedure** PSO( $f, \phi, \psi, \theta, k$ ):
  2.     Inisialisasi  $\mathbf{x}_i(t_0), i = 1, \dots, n$  secara acak;
  3.      $\mathbf{v}_i(t_0) \leftarrow \mathbf{0}, i = 1, \dots, n$ ;
  4.      $\mathbf{x}_i^*(t_0) \leftarrow \mathbf{x}_i(t_0), i = 1, \dots, n$ ;
  5.      $\mathbf{g}^*(t_0) \leftarrow \min \{f(\mathbf{x}_1^*(t_0)), \dots, f(\mathbf{x}_n^*(t_0))\}$ ;
  6.     **for**  $j$  dari 1 ke  $k$  **do**
  7.         **for**  $i$  dari 1 ke  $n$  **do**
  8.              $\mathbf{v}_i(t_j) \leftarrow \theta \mathbf{v}_i(t_{j-1}) + \phi \epsilon_1 \odot [\mathbf{g}^*(t_{j-1}) - \mathbf{x}_i(t_{j-1})] + \psi \epsilon_2 \odot [\mathbf{x}_i^*(t_{j-1}) - \mathbf{x}_i(t_{j-1})]$ ; # Update kecepatan dengan Persamaan (9)
  9.              $\mathbf{x}_i(t_j) \leftarrow \mathbf{x}_i(t_{j-1}) + \mathbf{v}_i(t_j)$  # Update posisi dengan Persamaan (10)
  10.            **if**  $\mathbf{x}_i^*(t_j) < \mathbf{x}_i^*(t_{j-1})$  **then**  $\mathbf{x}_i^*(t_j) \leftarrow \mathbf{x}_i^*(t_{j-1})$ ;
  11.            **else**  $\mathbf{x}_i^*(t_j) \leftarrow \mathbf{x}_i^*(t_j)$ ;
  12.            **end for**
  13.             $\mathbf{g}^*(t_0) \leftarrow \min \{f(\mathbf{x}_1^*(t_j)), \dots, f(\mathbf{x}_n^*(t_j))\}$ ; # Update global best
  14.     **end for**
  15. **end procedure**
- 

*Effective reproduction number* menyatakan ekspektasi jumlah kasus yang dihasilkan dalam keadaan populasi saat ini [10], sehingga semakin besar nilai  $\mathcal{R}_t$  akan semakin sulit pula untuk mengendalikan pandemi. Apabila  $\mathcal{R}_t < 1$ , artinya pandemi akan selesai dalam kurun waktu tertentu. Sebaliknya, apabila nilai  $\mathcal{R}_t > 1$ , maka infeksi akan dapat menyebar dalam suatu populasi. Apabila  $\mathcal{R}_t = 1$ , maka akan terjadi endemik, yang artinya infeksi hanya ditemukan di satu wilayah, namun tidak ditemukan di wilayah lain.

#### 2.4 Mean Absolute Percentage Error

Mean Absolute Percentage Error (MAPE) merupakan ukuran relatif yang mencakup karakteristik terbaik diantara berbagai kriteria akurasi [17]. Menurut Chen, Bloomfield & Fu, 2003 [18], Ren & Glasure, 2009 [19], Moreno, Pol, Abad & Blasco, 2013 [20], MAPE merupakan ukuran akurasi yang paling banyak digunakan dalam peramalan. MAPE dihitung menggunakan kesalahan absolut di setiap periode yang dibagi dengan nilai-nilai yang diamati yang terbukti untuk periode itu, yang kemudian diratakan [21]. Berikut adalah formulasinya:

$$MAPE = \frac{\sum |y_t - \hat{y}_t| y_t}{n} \times 100\%, \quad (13)$$

dimana  $y_t$  adalah nilai aktual,  $\hat{y}_t$  adalah nilai prediksi, dan  $n$  merupakan banyaknya data yang diestimasi. MAPE menunjukkan seberapa besar kesalahan dalam memprediksi dibandingkan dengan nilai sebenarnya. Semakin rendah persentase kesalahan MAPE, lebih akurat perkiraannya. Lewis, 1982 [22] menginterpretasikan nilai MAPE adalah sarana untuk menilai keakuratan ramalan, yang klasifikasinya ditampilkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Interpretasi Nilai MAPE

MAPE	Interpretasi
$\leq 10\%$	Perkiraan akuratnya tinggi
11% – 20%	Perkiraan yang baik
21% – 50%	Perkiraan wajar
$> 50\%$	Perkiraan tidak akurat

### 3 Hasil dan Pembahasan

Data kumulatif harian kasus terinfeksi, sembuh, dan meninggal dari enam provinsi di Pulau Jawa yang diperoleh dari laman resmi Satuan Tugas Penanganan COVID-19 digunakan sebagai masukan pada model SIRD stokastik diskrit yang diberikan oleh Persamaan (5)-(8). Estimasi parameter Persamaan (5)-(8) dilakukan menggunakan metode PSO yang diberikan oleh Algoritma 1. Parameter hasil estimasi ditampilkan pada Tabel 2.

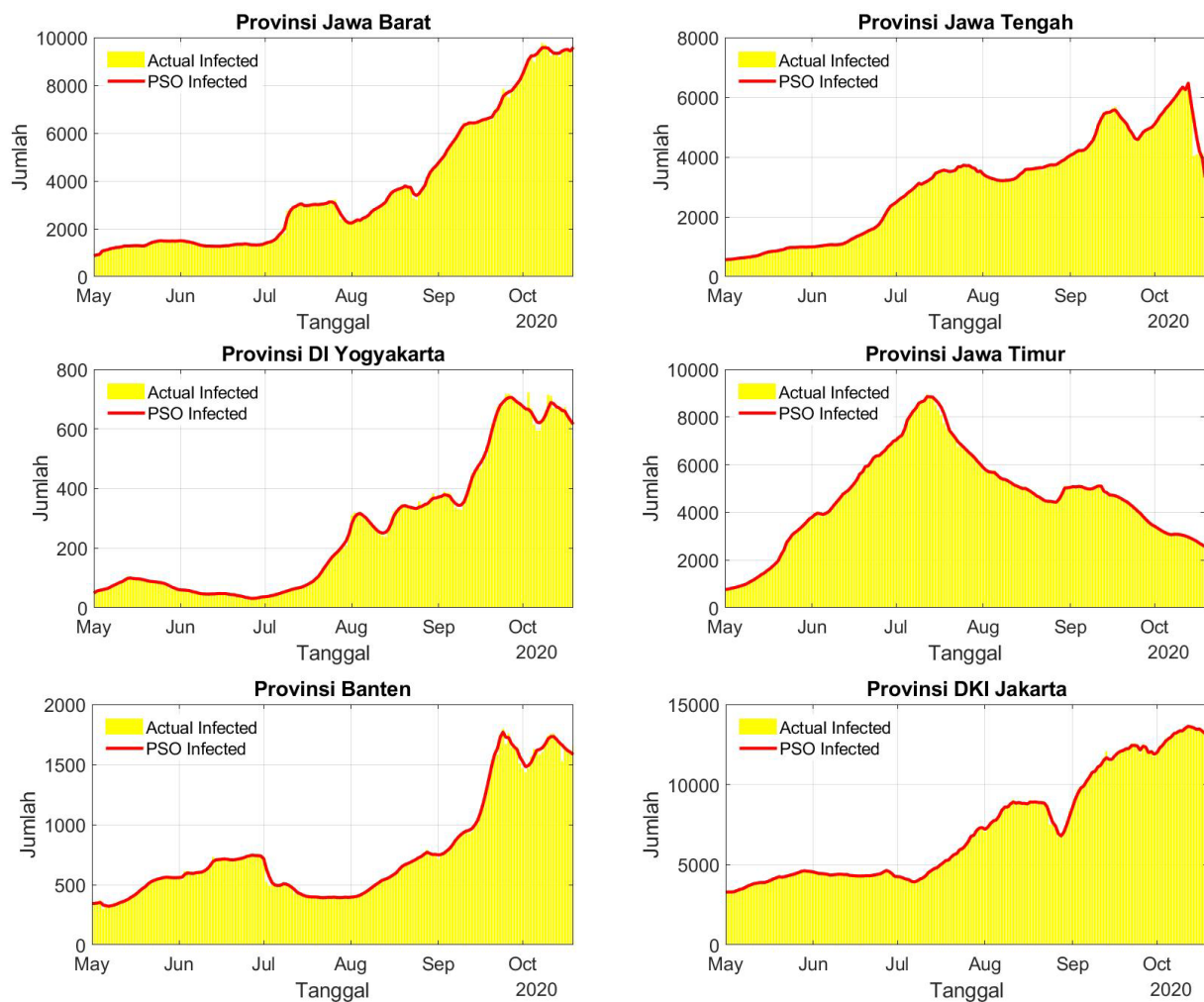
Tabel 2. Hasil Estimasi Parameter Model SIRD

Provinsi	Parameter			
	$S_0$	$\beta$	$\gamma$	$\kappa$
Banten	123830	$3.0 \times 10^{-7}$	0.026240101	0.001025291
DKI Jakarta	553166	$9.6097 \times 10^{-8}$	0.040955	0.0011282
Jawa Barat	121301	$4.2333 \times 10^{-7}$	0.020378978	0.00055761
Jawa Tengah	120988	$5.2218 \times 10^{-7}$	0.040135173	0.003663212

Provinsi	Parameter			
	$S_0$	$\beta$	$\gamma$	$\kappa$
DI Yogyakarta	73606	$1.1030 \times 10^{-6}$	0.05007119	0.001676882
Jawa Timur	99868	$1.0794 \times 10^{-6}$	0.05689684	0.004331079

Hasil simulasi data kumulatif harian COVID-19 dengan menggunakan model SIRD stokastik dan metode PSO pada enam provinsi di Pulau Jawa disajikan pada Gambar 1. Hasil estimasi parameter dari kasus kumulatif harian COVID-19 pada Provinsi Jawa Barat, Jawa Timur, dan DKI Jakarta yang ditampilkan pada Gambar 1 sangatlah baik. Terlihat bahwa grafik estimasi kasus infeksi COVID-19 dapat mengikuti pola data dari ketiga provinsi tersebut, apabila terdapat kenaikan kasus, maka kasus tersebut juga masih dapat dideteksi. Penurunan kasus pada akhir Agustus pada Provinsi DKI Jakarta juga dapat dideteksi pula. Pada Provinsi Jawa Tengah, DI Yogyakarta, dan Banten terlihat masih terdapat *gap* (jarak) yang cukup jelas antara data infeksi asli dengan grafik estimasinya. Kenaikan data yang terjadi secara spontan atau dengan cepat pada Provinsi DI Yogyakarta yang terjadi pada akhir bulan September dan awal Oktober masih belum dapat diikuti polanya. Penurunan sejumlah kurang lebih 1200 kasus infeksi dalam satu hari pada Provinsi Jawa Tengah yang terjadi pada pertengahan bulan Oktober juga masih belum dapat dideteksi, akan tetapi pada hari berikutnya grafik estimasi dapat mengikuti pola data





**Gambar 1.** Hasil Estimasi Jumlah Infeksi COVID-19

aslanya. Meskipun terdapat beberapa *gap*, hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa penggunaan metode *PSO* sangat bagus dalam mendapatkan atau mengestimasi parameter-parameter pada model stokastik SIRD. Estimasi yang baik ini terlihat jelas bahwa pada Gambar 1, dimana indikasinya adalah perolehan nilai MAPE yang disajikan pada Tabel 3. Terlihat bahwa keseluruhan nilai MAPE kurang dari 10%, dan bahkan mencapai kurang dari 1% untuk Provinsi Jawa Timur dan DKI Jakarta.

Tabel 3. Nilai MAPE Estimasi Jumlah Infeksi COVID-19

Provinsi	Jawa Barat	Jawa Tengah	DI Yogyakarta	Jawa Timur	Banten	DKI Jakarta
MAPE	1.35812%	1.25087%	3.08599%	0.92337%	1.79087%	0.68298%

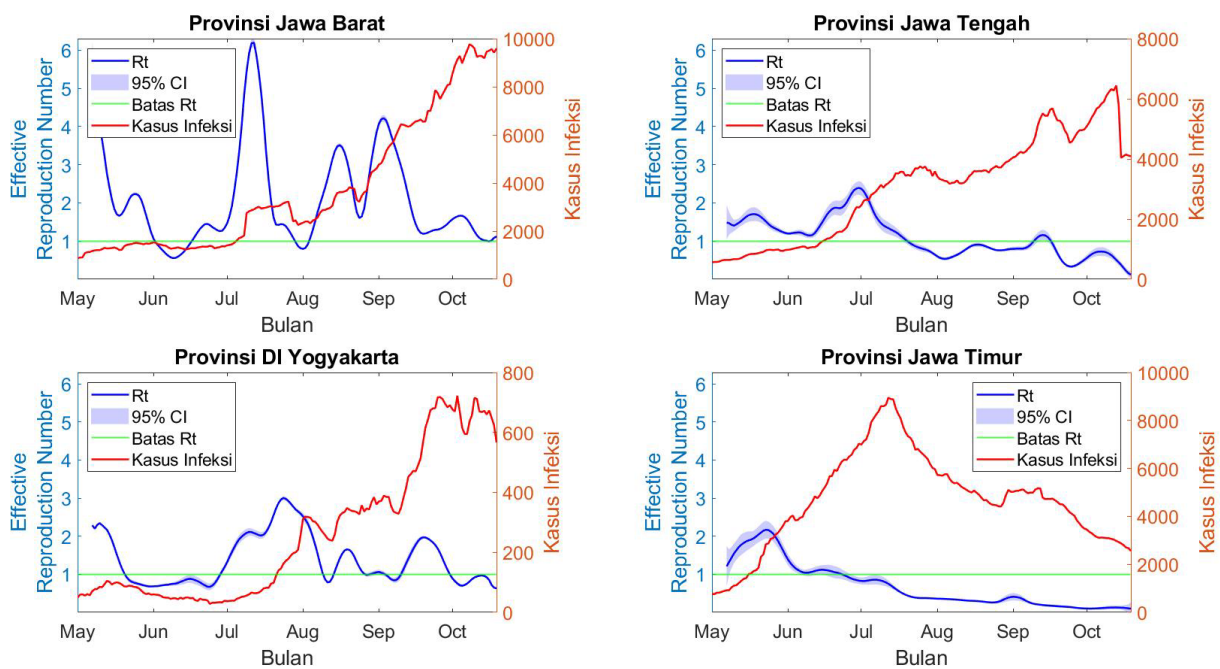
Parameter dari model SIRD stokastik yang telah diperoleh (Tabel 1) digunakan sebagai masukan pada formula *effective reproduction number* ( $\mathcal{R}_t$ ) pada Persamaan (6) untuk keenam provinsi di Pulau Jawa, dengan menggunakan sampling sebanyak 30 kali. Pada hasil sampling

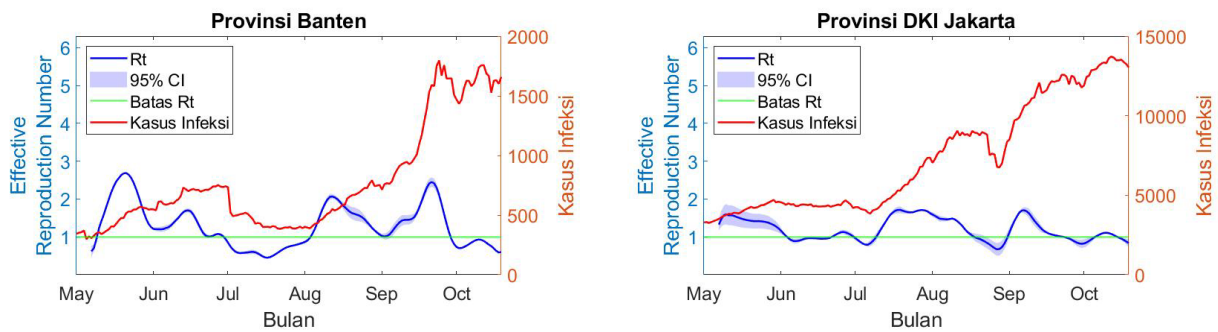
yang telah diperoleh, selanjutnya dilakukan *outlier analysis* guna menghilangkan *outlier* dari hasil sampling. Diberikan selang kepercayaan 95% untuk nilai  $\mathcal{R}_t$  yang didapatkan, sehingga dapat diformulasikan sebagai berikut

$$CI = \mathcal{R}_t \pm 1.96 \frac{\sigma}{\sqrt{30}}$$

dimana  $\sigma$  adalah standar deviasi dari 30 sampel.

Hasil perolehan nilai  $\mathcal{R}_t$  pada interval waktu 1 Mei 2020 hingga 19 Oktober 2020, disajikan pada Gambar 2. Pada Gambar 2, kurva berwarna biru, merah, dan hijau masing-masing menunjukkan nilai  $\mathcal{R}_t$ , jumlah kasus infeksi, dan ambang batas nilai  $\mathcal{R}_t$ . Pada sekitar grafik nilai  $\mathcal{R}_t$  juga terlihat warna biru muda yang menggambarkan selang kepercayaan 95%. Terlihat bahwa nilai  $\mathcal{R}_t$  mengikuti pola grafik jumlah kasus infeksi COVID-19. Apabila jumlah kasus infeksi mengalami peningkatan, maka nilai  $\mathcal{R}_t$  juga meningkat, begitu pula sebaliknya. Nilai  $\mathcal{R}_t$  dari Provinsi Jawa Timur dan juga Jawa Tengah yang diperoleh dari hasil simulasi, menunjukkan pada tanggal 19 Oktober 2020 nilainya hampir mendekati nol. Hal ini bukan berarti daerah tersebut dapat dikatakan aman, mengingat jumlah kasus infeksi yang tersisa masih diatas angka 2000 kasus. Dengan menggunakan hasil simulasi, maka dapat diketahui bahwa wilayah dengan penyebaran COVID-19 yang masih cukup tinggi adalah Provinsi Jawa Barat. Nilai  $\mathcal{R}_t$  dari penyebaran COVID-19 pada Provinsi DKI Jakarta mulai tanggal 1 Mei hingga 19 Oktober 2020 terlihat masih fluktuatif pada nilai  $\mathcal{R}_t = 1$ . Meskipun pada tanggal akhir simulasi nilainya sudah berada di bawah 1, namun masih terdapat kemungkinan besar nilainya akan naik melebihi 1.





**Gambar 2.** Grafik Nilai  $\mathcal{R}_t$  Enam Provinsi di Pulau Jawa

## 4 Simpulan

Tingkat penyebaran COVID-19 pada suatu wilayah dapat direpresentasikan dengan menggunakan nilai *Reproduction Number*. Objek penelitian pada paper ini adalah enam provinsi di Pulau Jawa karena mayoritas masyarakat Indonesia berada di Pulau Jawa. Estimasi nilai *Effective Reproduction Number* ( $\mathcal{R}_t$ ) dilakukan menggunakan metode *Particle Swarm Optimization*. Berdasarkan hasil simulasi dapat diketahui bahwa estimasi yang dihasilkan memiliki tingkat akurasi yang tinggi, dibuktikan dengan nilai MAPE yang berada di bawah 10%. Nilai  $\mathcal{R}_t$  yang diperoleh memiliki relasi dengan pergerakan jumlah kasus infeksi COVID-19. Apabila terjadi lonjakan kasus maka nilai  $\mathcal{R}_t$  cenderung meningkat. Dengan simulasi yang dilakukan, dapat diketahui tingkat penyebaran COVID-19 tiap harinya atau secara *real time*. Dapat diketahui hingga tanggal 19 Oktober 2020, provinsi yang masih memiliki tingkat penyebaran COVID-19 tinggi adalah provinsi Jawa Barat dan DKI Jakarta. Sedangkan untuk empat provinsi yang lain dapat diketahui bahwa tingkat penyebaran COVID-19 mulai menurun, namun bukan berarti provinsi tersebut dikatakan aman sebab angka infeksi masih cukup tinggi. Penulis berharap bahwa hasil simulasi penentuan  $\mathcal{R}_t$  menggunakan metode *Particle Swarm Optimization* dapat dijadikan acuan untuk menentukan kapan saat yang tepat untuk diberlakukannya Pembatasan Sosial Berskala Besar (PSBB) maupun kebijakan lain yang ditujukan untuk menekan jumlah kasus infeksi COVID-19. Penelitian selanjutnya diharapkan dapat mengembangkan metode *Particle Swarm Optimization* dalam mengestimasi tingkat penyebaran COVID-19 dengan tambahan pengendalian penyebaran penyakit seperti PSBB atau vaksin sehingga dapat memprediksi bagaimana tingkat penyebaran COVID-19 jika terdapat suatu pengendalian

## 5 Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Badan Pusat Statistik dan Gugus Tugas Percepatan Penanganan COVID-19 yang telah membantu kami dalam pengumpulan data untuk penelitian ini, dan juga berterimakasih kepada Departemen Matematika Institut Teknologi Sepuluh Nopember yang memberikan dukungan kepada kami dalam melakukan penelitian ini.

## 6 Daftar Pustaka

- [1] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, "A contribution to the mathematical theory of epidemics," *Proc. R. Soc. London. Ser. A, Contain. Pap. a Math. Phys. character*, vol. 115, no. 772, pp. 700–721, 1927.
- [2] W. Yang, D. Zhang, L. Peng, C. Zhuge, and L. Hong, "Rational evaluation of various epidemic models based on the COVID-19 data of China," *Epidemics*, vol. 37, p. 100501, 2021.
- [3] K. Deng and Y. Wu, "Dynamics of a susceptible–infected–susceptible epidemic reaction–diffusion model," *Proc. R. Soc. Edinburgh Sect. A Math.*, vol. 146A, pp. 929–946, Jul. 2016, doi: 10.1017/S0308210515000864.
- [4] Y. Kang and W. Wang, "A stochastic SIRS epidemic model with nonlinear incidence rate," *Appl. Math. Comput.*, vol. 305, pp. 221–240, Jul. 2017, doi: 10.1016/j.amc.2017.02.003.
- [5] M. H. A. Biswas, L. Paiva, and M. do R. De Pinho, "A SEIR Model for Control of Infectious Diseases with Constraints," *Math. Biosci. Eng. MBE*, vol. 11, Aug. 2014, doi: 10.3934/mbe.2014.11.761.
- [6] G. C. Calafiore, C. Novara, and C. Possieri, "A Time-Varying SIRD Model for the COVID-19 Contagion in Italy," *Annu. Rev. Control*, 2020, doi: <https://doi.org/10.1016/j.arcontrol.2020.10.005>.
- [7] S. Putra and Z. K. Mutamar, "Estimation of parameters in the SIR epidemic model using particle swarm optimization," *Am. J. Math. Comput. Model*, vol. 4, pp. 83–93, 2019.
- [8] A. Hasan *et al.*, "A new estimation method for COVID-19 time-varying reproduction number using active cases," *Sci. Rep.*, vol. 12, no. 1, p. 6675, 2022.
- [9] C. Fraser *et al.*, "Pandemic Potential of a Strain of Influenza A (H1N1): Early Findings," *Science*, vol. 324, pp. 1557–1561, May 2009, doi: 10.1126/science.1176062.
- [10] H. Susanto *et al.*, *How many can you infect? Simple (and naive) methods of estimating the reproduction number*. 2020.

- [11] M. Bayram, T. Partal, and G. Orucova Buyukoz, "Numerical methods for simulation of stochastic differential equations," *Adv. Differ. Equations*, vol. 2018, pp. 1–10, 2018.
- [12] J. Kennedy and R. Eberhart, "Particle swarm optimization," in *Proceedings of ICNN'95-international conference on neural networks*, 1995, vol. 4, pp. 1942–1948.
- [13] X.-S. Yang, *Nature-inspired optimization algorithms*. Academic Press, 2020.
- [14] Q. Bai, "Analysis of particle swarm optimization algorithm," *Comput. Inf. Sci.*, vol. 3, no. 1, p. 180, 2010.
- [15] H. Nishiura and G. Chowell, "The effective reproduction number as a prelude to statistical estimation of time-dependent epidemic trends," *Math. Stat. Estim. approaches Epidemiol.*, pp. 103–121, 2009.
- [16] G. Chowell, H. Nishiura, and L. M. A. Bettencourt, "Comparative estimation of the reproduction number for pandemic influenza from daily case notification data," *J. R. Soc. Interface*, vol. 4, no. 12, pp. 155–166, 2007.
- [17] S. Makridakis, "Accuracy measures: theoretical and practical concerns," *Int. J. Forecast.*, vol. 9, no. 4, pp. 527–529, 1993.
- [18] R. J. C. Chen, P. Bloomfield, and J. S. Fu, "An evaluation of alternative forecasting methods to recreation visitation," *J. Leis. Res.*, vol. 35, no. 4, pp. 441–454, 2003.
- [19] L. Ren and Y. Glasure, "Applicability of the Revised Mean Absolute Percentage Errors (MAPE) Approach to Some Popular Normal and Non-normal Independent Time Series," *Int. Adv. Econ. Res.*, vol. 15, no. 4, pp. 409–420, 2009, doi: 10.1007/s11294-009-9233-8.
- [20] J. J. M. Moreno, A. P. Pol, A. S. Abad, and B. C. Blasco, "Using the R-MAPE index as a resistant measure of forecast accuracy," *Psicothema*, vol. 25, no. 4, pp. 500–506, 2013.
- [21] U. Khair, H. Fahmi, S. Al Hakim, and R. Rahim, "Forecasting error calculation with mean absolute deviation and mean absolute percentage error," in *journal of physics: conference series*, 2017, vol. 930, no. 1, p. 12002.
- [22] C. D. Lewis, "Industrial and business forecasting methods: A practical guide to exponential smoothing and curve fitting," (*No Title*), 1982.