

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Coronavirus Disease-2019 (COVID-19) merupakan salah satu penyakit menular yang disebabkan *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2* (SARS-CoV-2). Menurut (Phan et al., 2020) penyebaran virus corona terjadi secara langsung dari satu individu ke individu lain akibat droplet atau cipratan liur dari seseorang yang terinfeksi. Walaupun dengan ukuran virus yang sangat kecil yaitu 120 nanometer, dalam satu lingkungan dengan satu orang saja yang terinfeksi, seseorang tersebut mampu menularkan virus corona dengan cepat. Setahun setelah COVID-19 pertama kali dikonfirmasi di Indonesia, menurut data (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2021) pada tanggal 17 April 2021 menunjukkan terdapat sejumlah 1.599.763 kasus terkonfirmasi positif COVID-19 dengan total pasien sembuh 1.450.192 dan terdapat 43.328 orang meninggal dunia.

Upaya penerapan protokol kesehatan diterapkan demi menekan lonjaknya kasus yang terjadi. Mulai 13 Januari 2021 program vaksinasi COVID-19 di Indonesia mulai dilakukan. Vaksinasi dilakukan dalam 2 tahapan karena suntikan vaksin COVID-19 berkaitan langsung dengan pembentukan antibodi dan mutasi virus corona dalam tubuh manusia. Untuk vaksin Sinovac yang dikembangkan oleh *Sinovac Research and Development Co., Ltd* jumlah dosis yang ditetapkan adalah 0,5 ml dengan selang waktu antara pemberian vaksin tahap pertama dan tahap vaksin kedua adalah 14 hari. (Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, 2021). Selain mengutamakan penerapan protokol kesehatan, dalam penanganan pandemik ini sejumlah penelitian mulai dikembangkan. Dalam bidang matematika, model matematika dikembangkan untuk mempelajari sifat, dinamika serta efek yang ditimbulkan dari penyebaran COVID-19

sesuai dengan perkembangan karakteristik COVID-19 yang ditemukan dilapangan, baik dari sisi pola penyebarannya maupun cara untuk mengantisipasi penularannya.

Pada awal terjadinya wabah, beberapa riset dilakukan untuk membahas model matematika penyebaran penyakit COVID-19. Oleh Djakaria, I dan Saleh, SE (2021), penelitian dilakukan untuk menemukan model peramalan terbaik dengan parameter smoothing yang sesuai dan memberikan prediksi atau hasil peramalan data COVID-19. Selain itu, kajian mengenai estimasi angka reproduksi dasar juga dilakukan dalam penelitian ini. Oleh Bastian (2021), dalam penelitiannya dilakukan peramalan kasus Covid-19 menggunakan algoritma SIR (Susceptible, Infectious, Recovered), Exponential Moving Average dan Single Exponential Smoothing. Kemudian dilakukan perbandingan dari ketiga algoritma tersebut, mana yang paling sesuai untuk peramalan penyebaran penyakit COVID-19 di Indonesia. Selanjutnya dalam memprediksi jumlah pasien COVID-19 dan durasi pandemi COVID-19 di Indonesia, Rustan (2020), menggunakan model SEIR yang dimodifikasi (*Susceptible, Exposed, Infected, Recovered*) dengan mempertimbangkan faktor individu yang melakukan karantina dan isolasi dan beberapa asumsi seperti populasi yang konstan dan homogen, pasien yang sudah sembuh tidak dapat tertular, dan penyebarannya hanya terjadi dari manusia ke manusia. Disamping itu, pengembangan analisis model juga dilakukan. Oleh Resmawan (2021), Model dikonstruksi dengan melibatkan tiga kelas penyebab infeksi, yaitu kelas manusia terpapar, kelas manusia terinfeksi tanpa gejala klinis dan kelas manusia terinfeksi disertai gejala klinis, adapun dinamika transmisi COVID-19 di analisis dengan melibatkan intervensi karantina. Oleh Abdy (2021), model matematika dibangun dengan membagi populasi manusia menjadi tiga kelas subpopulasi, yaitu: *suspected* (S), *infected* (I), dan *recovered* (R) dengan mempertimbangkan faktor vaksinasi, pengobatan, kepatuhan dalam melaksanakan protokol kesehatan, dan penyebaran virus corona. Selain itu, kajian mengenai estimasi angka reproduksi dasar juga dilakukan oleh Fajar (2020), dalam penelitiannya digunakan model SIR, exponential growth rate, maximum likelihood,

time dependent, dan bayesian sequential untuk mengestimasi angka reproduksi COVID-19, dan menggunakan extreme learning machine (ELM) untuk peramalan.

Berdasarkan penelitian yang telah dilakukan sebelumnya, kajian model epidemik mengenai penyebaran penyakit COVID-19 dengan pendekatan stokastik belum banyak dilakukan. Dengan karakteristik mengaitkan kejadian akan datang dengan kejadian sebelumnya, pendekatan stokastik bisa menjadi solusi lain dengan mempertimbangkan faktor waktu kejadian. Pada penelitian ini dikembangkan model stokastik dengan pendekatan *Continuous Time Markov Chain* (CTMC) untuk mempelajari dinamika penyebaran penyakit COVID-19. Model yang dikembangkan mengacu pada penelitian Abdy (2021) dengan memodifikasi menambahkan dua kelas subpopulasi yang mewakili individu yang telah di vaksin, yaitu vaksinasi tahap 1 (V_1) dan vaksinasi tahap 2 (V_2). Selain itu, peluang terjadinya wabah berdasarkan tingkat efektivitas vaksinasi COVID-19 dan efektivitas pemberian pengobatan/treatment juga dipertimbangkan dengan tujuan agar model yang di bentuk lebih merepresentasikan keadaan atau fakta yang berlaku di lapangan. Terakhir, pada penelitian ini akan dilakukan simulasi numerik untuk merepresentasikan model berdasarkan asumsi-asumsi yang diberikan.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dari penelitian ini antara lain :

1. Bagaimana menentukan bilangan reproduksi dasar model epidemik SIRV dengan total populasi tidak konstan?
2. Bagaimana mengkonstruksi model epidemik SIRV stokastik dengan pendekatan rantai Markov waktu kontinu (CTMC)?
3. Bagaimana menentukan peluang transisi dan peluang wabah dari model epidemik SIRV?
4. Bagaimana simulasi numerik model epidemik SIRV stokastik?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini antara lain :

1. Menentukan bilangan reproduksi dasar model epidemik SIRV dengan total populasi tidak konstan
2. Mengkonstruksi model epidemik SIRV stokastik dengan pendekatan rantai Markov waktu kontinu (CTMC)
3. Menentukan peluang transisi dan peluang wabah dari model epidemik SIRV
4. Melakukan simulasi numerik model epidemik SIRV stokastik untuk mengetahui efektivitas pemberian vaksin.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini antara lain :

1. Diharapkan dapat menjadi referensi baru dalam pengembangan ilmu matematika dibidang pemodelan epidemik.
2. Memberikan informasi tentang hasil penelitian sehingga dapat digunakan dalam pengambilan kebijakan untuk mengatasi dan menanggulangi penyebaran penyakit menular yang disebabkan *Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus-2* (SARS-CoV-2)
3. Dapat digunakan sebagai bahan rujukan untuk penelitian selanjutnya.