



# Prediksi puncak pandemi Covid-19 di Indonesia dengan model SIR

## Prediction of the peak Covid-19 pandemic in Indonesia using SIR model

Bambang Ari Wahyudi, Irma Palupi<sup>\*)</sup>

Program Studi Informatika, Fakultas Informatika, Universitas Telkom  
Jl. Telekomunikasi Terusan Buah Batu, Bandung, Indonesia 40257

**Cara sitasi:** B. A. Wahyudi and I. Palupi, "Prediksi puncak pandemi Covid-19 di Indonesia dengan model SIR," *Jurnal Teknologi dan Sistem Komputer*, vol. 9, no. 1, pp. 49-55, 2021. doi: [10.14710/jtsiskom.2020.13877](https://doi.org/10.14710/jtsiskom.2020.13877), [Online].

**Abstract** – This research implements the Susceptible, Infected, and Removed (SIR) model to predict the Covid-19 outbreak in Indonesia. The government official data, consisting of infected, dead, and recovered, are used as actual data to interpolate the model through matching data with minimum mean squared error (MSE). The study uses one of the Quasi-Newton search methods, the Broyden, Fletcher, Goldfarb, and Shanno (BFGS) algorithm, to determine the interaction coefficient's optimal value in the model with the minimum MSE value. Based on data as of July 18, 2020, it predicts that the peak of the infected number will be in October 2020 with around 14 % of the total population infected, and the MSE of 18.42 is relative to the period of the actual data. Meanwhile, the basic reproduction rate is calculated to be 2.035 from the model, where it is underestimated about 29 % compared to the relative basic reproduction rate from the provided actual data.

**Keywords** – SIR model; BFGS; MSE; pandemic prediction; Covid-19

**Abstrak** – Penelitian ini menyajikan penggunaan model Susceptible, Infected, and Removed (SIR) untuk memprediksi kondisi penularan Covid-19 di Indonesia. Data resmi pemerintah yang terdiri dari kasus positif, meninggal, dan sembuh digunakan sebagai data aktual untuk menginterpolasi model, melalui metode pencocokan data dengan minimum mean squared error (MSE). Salah satu metode pencarian Quasi-Newton yaitu algoritme Broyden, Fletcher, Goldfarb, and Shanno (BFGS) digunakan untuk menentukan nilai optimal koefisien interaksi pada model dengan nilai MSE minimum. Berdasarkan data per 18 Juli 2020, model memprediksi bahwa puncak penambahan kasus positif infeksi akan terjadi pada bulan Oktober dengan jumlah mendekati 14% persen total populasi dan galat MSE 18,42, relatif terhadap periode data aktual. Tingkat penyebaran diestimasi dengan nilai 2,035 dimana lebih kecil 29 % dibandingkan dengan tingkat penyebaran relatif dari data aktual.

**Kata kunci** – model SIR; BFGS; MSE; prediksi pandemik; Covid-19

### I. PENDAHULUAN

Penyakit corona virus (Covid-19) adalah penyakit menular yang disebabkan oleh jenis baru virus corona. Sebagian orang yang terinfeksi akan mengalami penyakit pernapasan ringan hingga berat. Virus Covid-19 ini dapat menular dari manusia ke manusia melalui percikan batuk/bersin (droplet), tidak melalui udara [1]. Pada saat ini, tidak ada vaksin atau perawatan khusus untuk Covid-19. Penyebaran Covid-19 yang sangat mudah menyebabkan penyakit tersebut menjadi suatu bencana nasional bagi Indonesia [2]. Per Juli 2020, total kasus kematian yang disebabkan oleh Covid-19 sebanyak 600.496 jiwa dari total kasus sebanyak 14.243.592 kasus di seluruh dunia [3].

Covid-19 pertama kali menyebar di negara China tepatnya pada provinsi Wuhan dan Hubei. Penyebaran yang sangat cepat dari virus ini membuat karantina terjadi di wilayah tersebut. Kelompok penyebaran kasus Covid-19 di wuhan berasal dari salah satu pasar hewan. Virus corona umumnya terdapat pada satwa liar namun ketika virus itu menyerang manusia dan menyebar kembali diantara manusia maka virus itu menjadi virus baru yang berbahaya.

Penyebaran Covid-19 sangat masif di seluruh dunia. Tiga negara yang memiliki dampak terbesar akibat pandemic corona ini adalah USA dimana jumlah pasien Covid-19 3.773.207 jiwa, negara Brazil dengan jumlah pasien Covid-19 2.049.140 jiwa, dan India jumlah pasien Covid-19 1.054.771 jiwa berdasarkan data pada tanggal 18 Juli 2020 [3].

Penyebaran pandemik Covid-19 ini juga menyebar di Asia Tenggara. Negara Indonesia menjadi salah satu negara yang memiliki kasus terbesar di Asia Tenggara. Penyebaran virus corona sangat sulit dideteksi sehingga menjadi salah satu penyebab terus meningkatnya pasien Covid-19. Jumlah pasien corona di Asia Tenggara dapat dilihat pada Gambar 1 [3].

Pemodelan matematis terhadap suatu pandemik dapat dimodelkan dengan mengetahui informasi populasi yang menjadi *susceptible*, *infected*, dan *removed* (SIR) [4]. Metode pemodelan pandemik

<sup>\*)</sup> Penulis korespondensi (Irma Palupi)  
Email: [irmapalupi@telkomuniversitas.ac.id](mailto:irmapalupi@telkomuniversitas.ac.id)

melalui model dinamik banyak digunakan untuk memodelkan penyebaran suatu penyakit di suatu wilayah. Beberapa kajian terkait pola sebaran penyakit, seperti demam berdarah, SARS, dan Chikungunya, menggunakan model ini untuk menganalisis pola penularannya [5]-[8]. Untuk kasus Covid-19, beragam kajian telah dilakukan untuk memprediksi penyebarannya di berbagai negara dengan berbagai metode, seperti pada [9]-[14]. Secara umum, prediksi dilakukan dengan dua macam pendekatan, yaitu pendekatan model statistik [10]-[12], dan pendekatan dengan model deterministik SIR dengan variasi-variasinya [13]-[15].

Beragam bentuk model dinamik telah dikembangkan untuk memprediksi kondisi penyebaran Covid-19, yang pada dasarnya merupakan pengembangan dari model SIR. Walaupun memiliki struktur model sederhana, model SIR dinilai paling sesuai untuk prediksi berbasis data dibandingkan dengan model lain yang lebih kompleks [16]. Kelebihan menggunakan model deterministik ini di antaranya adalah lebih mudah untuk ditambahkan skenario penanganan, seperti faktor karantina dan *lockdown*, seperti yang dilakukan pada [17], yang menunjukkan bahwa tindakan isolasi di rumah dan karantina sangat dianjurkan sebagai tindakan pencegahan penyebaran Covid-19. Kajian ini bertujuan melakukan prediksi kapan terjadinya puncak penyebaran virus Covid-19 di Indonesia menggunakan pemodelan dinamik dengan sistem persamaan diferensial biasa berdasarkan informasi SIR dari data hingga 18 Juli 2020.

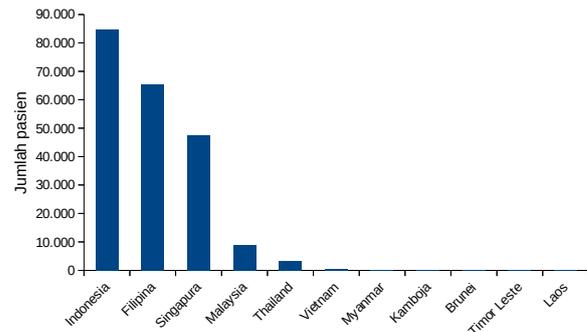
## II. METODE PENELITIAN

Model SIR merupakan model pertumbuhan dinamik untuk menggambarkan sebaran yang biasanya digunakan untuk memodelkan penyebaran infeksi suatu penyakit [4]. Data model SIR pada penelitian ini terdiri dari *Susceptible* (S), *Infectious* (I), dan *Remove* (R). *Susceptible* (S) menunjukkan jumlah populasi yang ada karena setiap orang yang ada pada populasi dapat terkena suatu penyakit. *Infectious* (I) menunjukkan jumlah orang yang sudah terinfeksi suatu penyakit. *Remove* (R) diperoleh dari jumlah orang yang sudah sembuh dan meninggal akibat suatu penyakit.

### A. Model SIR

Model SIR menggambarkan sistem dinamik tiga fungsi, yaitu  $S(t)$ ,  $I(t)$ , dan  $R(t)$ , yang masing-masing merupakan jumlah populasi yang *susceptible*, *Infected*, dan *removed*. Total populasi  $N(t)$  bisa konstan maupun dinamik seiring waktu dan memenuhi  $N(t)=S(t)+I(t)+R(t)$  [8]. Antar jenis populasi dalam model terjadi interaksi, yaitu interaksi S dengan I yang mengakibatkan laju positif untuk I dan negatif untuk S. Pertumbuhan jumlah R terjadi bersamaan dengan pengurangan laju jumlah I yang dimodelkan terjadi secara eksponensial negatif [18].

SIR digunakan untuk memodelkan penyebaran yang disebabkan suatu penyakit spesifik pada populasi di area tertentu dan dapat digunakan untuk memprediksi



Gambar 1. Penyebaran Covid-19 di Asia Tenggara

kemungkinan jika suatu penyakit menjadi wabah sehingga analisis tindakan preventif untuk mengontrol penyebarannya dapat dilakukan. Dalam model, setiap individu dalam populasi dapat berubah dari *susceptible* ke *infected*, dari *infected* ke *removed*. Seperti karakteristik pada flu, diasumsikan penyebaran Covid-19 sangat cepat dibandingkan dengan pengaruh kelahiran dan kematian (demografi) pada populasi total sehingga parameter tingkat kelahiran dan kematian tidak dilibatkan dalam model dan total populasi  $N(t)=N$  adalah konstan.

Model sistem dinamik SIR tanpa demografi diberikan pada Persamaan 1 [19], [20]. Koefisien  $\beta$  tidak berdimensi dan menyatakan tingkat penambahan jumlah *infected* akibat interaksi orang yang *infected* dan *susceptible*. Koefisien  $\gamma$  menyatakan laju penambahan jumlah yang *removed* dan terdiri dari kasus sembuh dan meninggal.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS; \frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I; \frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (1)$$

Variabel S, I, R memenuhi  $S(t)+I(t)+R(t)=N \forall t>0$  dan diasumsikan konstan karena rasio tingkat kelahiran kecil dibandingkan dengan total populasi dalam selang waktu observasi. Pergerakan infeksi dapat terlihat pada nilai rasio yang disebut sebagai angka tingkat penyebaran terinfeksi  $R_0$  yang dihitung dengan Persamaan 2. Nilai ini menggambarkan tingkat penyebaran dasar. Jika satu orang terinfeksi berada di antara *susceptible*, maka secara rata-rata akan ada sebanyak  $R_0$  dari *susceptible* yang menjadi terinfeksi per satuan waktu.

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (2)$$

Tingkat penyebaran menyatakan jumlah infeksi baru yang ditularkan dari satu orang terinfeksi di antara populasi *susceptible* [15]. Model ini merupakan model persamaan diferensial biasa non-linear orde 1. Koefisien  $\beta$  dan  $\gamma$  perlu untuk diketahui agar sesuai dengan data pada suatu area kajian tertentu. Untuk memperoleh nilai koefisien pada model, pencocokkan data dengan model dilakukan dengan menggunakan ukuran *mean squared error* (MSE). Estimasi koefisien pada model memiliki masalah optimisasi seperti dalam Persamaan 3. Parameter  $T$  merupakan jumlah hari pada data aktual, sedangkan

nilai  $I(t)$  dan  $R(t)$  memenuhi sistem dinamik SIR. Variabel yang dilibatkan dalam error hanya kasus *infected* dan *removed* saja, dikarenakan S, I, dan R memenuhi  $S(t) = N - I(t) - R(t), \forall t$ . Selain itu, dalam proses pencocokan dengan data aktual, nilai aktual untuk *infected* dan *removed* merupakan data yang menjadi fokus dan dapat dikonfirmasi.

$$\min_{\beta, \gamma} \delta(S, I, R; \beta, \gamma) = \min_{\beta, \gamma} \frac{1}{T} \sum_{t=0}^T \left\{ (I_{data}(t) - I(t))^2 + (R_{data}(t) - R(t))^2 \right\} \quad (3)$$

Permasalahan merupakan fungsi kuadratik dan solusi  $\beta$  dan  $\gamma$  yang memenuhi merupakan titik stasioner dengan kondisi sesuai Persamaan 3. Metode yang digunakan untuk menentukan solusi pada penelitian ini adalah metode Quasi-Newton menggunakan algoritme pencarian secara iteratif dengan algoritme Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno (BFGS) seperti dalam [21]. BFGS merupakan metode iteratif untuk permasalahan optimasi nonlinear tanpa kendala.

$$\nabla \epsilon(S, I, R; \beta, \gamma) = \left( \frac{\partial \epsilon}{\partial \beta}, \frac{\partial \epsilon}{\partial \gamma} \right)^t = 0. \quad (4)$$

## B. Tingkat reproduksi dasar

Tingkat reproduksi dasar menunjukkan jumlah kasus sekunder yang akan muncul disebabkan oleh satu kasus terinfeksi dalam populasi *susceptible*, yang dapat memberikan gambaran tentang tingkat penyebaran. Nilai tingkat reproduksi dasar  $R_0$  tidak memiliki dimensi dan pada model dinamik SIR dihitung dengan Persamaan 4. Tingkat reproduksi relatif terhadap waktu  $R_0(t)$  dapat diadaptasi dari persamaan tersebut dan dapat dihitung dengan Persamaan 5.

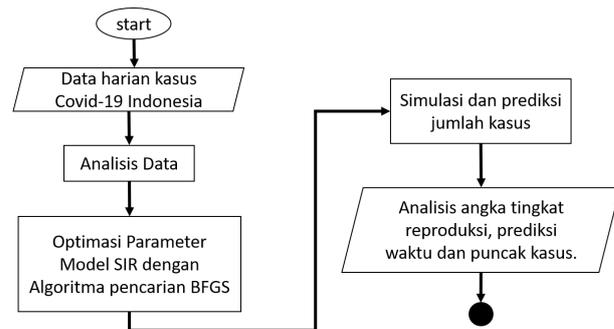
$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

$$R_0(t) = \frac{\beta}{\gamma} \approx \frac{1}{R(t+1) - R(t)} \left( \frac{S(t+1)}{S(t)} - 1 \right), \forall t \quad (6)$$

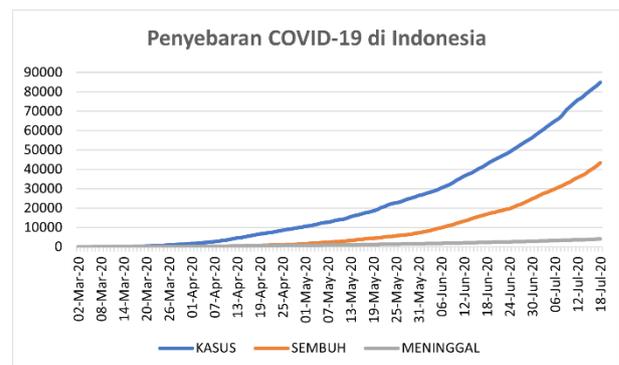
Jika diberikan informasi aktual mengenai data *susceptible*, *infected*, dan *removed* dalam periode waktu  $[0, T]$  maka tingkat reproduksi efektif  $\hat{R}_0 := \frac{1}{T} \sum_{t=0}^T R_0(t)$  dapat menjadi nilai pembanding untuk  $R_0$  dari model SIR, dan dapat diinterpretasikan sebagai kondisi tingkat penyebaran rata-rata yang diperoleh dari data lapangan.

## C. Analisis dan perancangan sistem

Gambaran umum dari proses prediksi pandemik Covid-19 di Indonesia terdiri tiga tahap utama, yaitu analisis data, tahap optimasi parameter model SIR dengan algoritme pencarian BFGS, dan tahap simulasi dan prediksi jumlah kasus (Gambar 2). Pada tahap awal dilakukan analisis awal data yang digunakan ketika melakukan pemodelan SIR. Data yang digunakan adalah data kasus Covid-19 yang terjadi di Indonesia dari mulai tanggal 2 Maret 2020 sampai dengan tanggal 18 Juli



Gambar 2. Gambaran umum sistem



Gambar 3. Jumlah penyebaran Covid-19 di Indonesia

2020<sup>1</sup>. Data penyebaran Covid-19 dinyatakan pada Gambar 3. Jumlah kasus Covid-19 terbaru sudah melebihi angka pasien Covid-19 di Cina. Kasus pasien Covid-19 di Indonesia adalah 84.882 jiwa, sedangkan di Cina berjumlah 83.644 jiwa [3].

Pada pemodelan SIR harus ditentukan nilai dari masing-masing komponen berdasarkan data yang ada. Data *Infected* (I) diperoleh dari data jumlah kasus aktif Covid-19, sedangkan data *Removed* (R) diperoleh dari jumlah data pasien Covid-19 yang sembuh dan meninggal. Nilai *suspected* merupakan jumlah total populasi dikurangi *infected* dan *removed*.

Berdasarkan proyeksi jumlah penduduk 2020 dari data SUPAS 2015, jumlah penduduk Indonesia diproyeksikan 269,6 juta jiwa. Nilai inilah yang akan digunakan sebagai nilai total populasi (N) pada simulasi dengan model SIR. Gambar 4 merupakan grafik nilai S, I, dan R dalam periode data aktual dari 2 Maret 2020 sampai dengan 18 Juli 2020. Jumlah *infected* masih naik, dan belum terlihat mencapai titik balik (Gambar 4b). Model SIR digunakan untuk memprediksi waktu titik balik terjadi.

Tahap optimasi parameter model SIR adalah pencarian nilai beta ( $\beta$ ) dan gamma ( $\gamma$ ) yang merupakan koefisien pada model SIR. Algoritme BFGS-B digunakan untuk mencari nilai  $\beta$  dan  $\gamma$ . Dengan menggunakan metode tersebut, diperoleh model SIR dengan nilai MSE minimum. Semakin kecil nilai MSE yang di peroleh (mendekati 0), maka model semakin

<sup>1</sup> Kawalcovid19, "Peta kasus Covid-19 di Indonesia," 2020. <https://experience.arcgis.com/experience/bf4eb5d76e98423c865678e32c8937d4>

merepresentasikan data aktual sehingga hasil prediksi akan semakin dekat. Setelah nilai koefisien beta ( $\beta$ ) dan gamma ( $\gamma$ ) yang optimal diperoleh, langkah selanjutnya adalah melakukan prediksi untuk mengetahui waktu puncak dari penyebaran Covid-19 di Indonesia berdasarkan kondisi saat ini (per 18 Juli 2020), dan mengetahui jumlah perkiraan puncak penambahannya.

### III. HASIL DAN PEMBAHASAN

#### A. Simulasi dan prediksi SIR

Data aktual S, I, dan R dari tanggal 2 Maret 2020 sampai dengan 18 Juli 2020 digunakan untuk dicocokkan dengan model sehingga dapat diperoleh nilai estimasi untuk koefisien-koefisien dalam model, yaitu  $\beta$  dan  $\gamma$ . Model tidak berdimensi dengan pengali  $N$  untuk setiap jumlah populasi I, S, dan R.

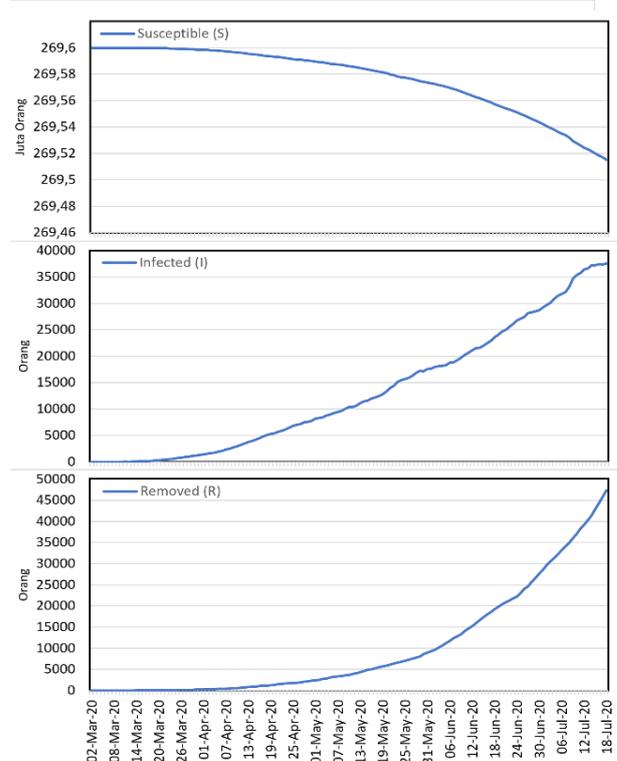
Gambar 4 menunjukkan data aktual yang digunakan dalam penelitian ini, yang terdiri dari “jumlah kasus aktif” (terinfeksi), “sembuh”, dan “meninggal”. Populasi dalam “jumlah kasus aktif” merupakan data aktual untuk *infected*, sedangkan nilai aktual untuk *removed* terdiri dari jumlah “sembuh” dan “meninggal”. Asumsi total populasi selama masa observasi adalah  $N$ , memberikan nilai aktual untuk *susceptible*, yaitu  $N - \text{jumlah kasus} - \text{sembuh} - \text{meninggal}$ . Untuk mengestimasi nilai koefisien  $\beta$  dan  $\gamma$ , dilakukan optimasi fungsi  $\delta(\cdot)$  pada Persamaan 3 agar minimal terhadap  $\beta$  dan  $\gamma$ . Algoritme optimisasi dengan metode pencarian solusi BFGH.

Pada tahap optimasi parameter model SIR, diperoleh nilai estimasi untuk  $\beta$  dan  $\gamma$ , yaitu  $\hat{\beta}$  bernilai 0,000103995361383969 dan  $\hat{\gamma}$  5,110288596585217e-05. Nilai fungsi objektif adalah  $\delta(S, I, R; \beta = \hat{\beta}, \gamma = \hat{\gamma}) \approx 18,42$ . Nilai ini merupakan nilai MSE yang merupakan nilai galat yang paling kecil.

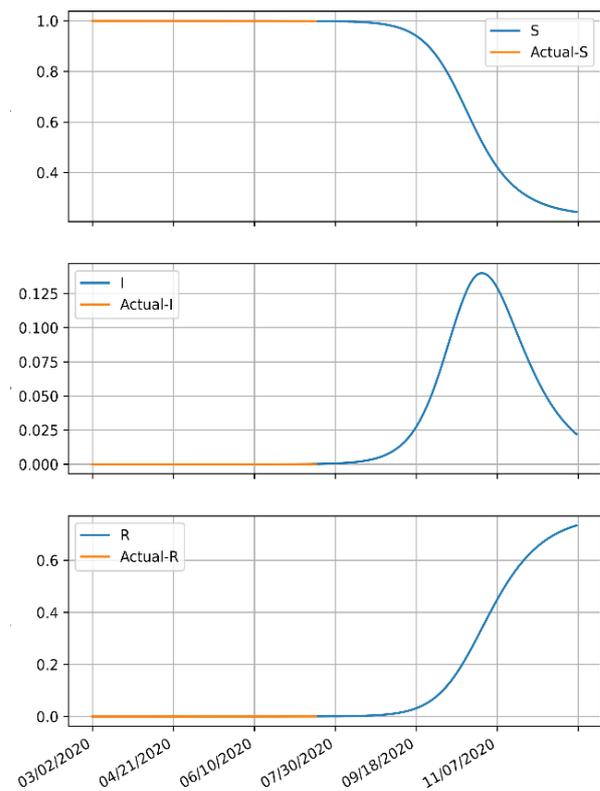
Model SIR untuk Covid-19 di Indonesia dibuat berdasarkan nilai  $\beta$  dan  $\gamma$  tersebut. Dari model tersebut dilakukan prediksi terhadap puncak Covid-19 di Indonesia. Gambar 5 menunjukkan perbandingan nilai aktual SIR (merupakan data asli dari tanggal 2 Maret 2020 sampai dengan 18 Juli 2020) dengan nilai dari model SIR (model ini melakukan prediksi hingga Januari 2021).

Hasil prediksi model SIR memiliki kemiripan yang cukup baik dengan nilai aktual S, I, dan R. Nilai aktual S, I, dan R digambarkan dengan warna biru, sedangkan nilai prediksi dari model digambarkan dengan garis oranye. Data aktual yang digunakan adalah data dalam rentang waktu antara bulan Maret sampai dengan Juli 2020, sedangkan prediksi dilakukan dari bulan Juli 2020 sampai dengan bulan Januari 2021. Dengan membandingkan nilai hasil prediksi dengan data aktual, maka diperoleh nilai galat absolut untuk S, I, dan R yang nilainya memiliki kecenderungan naik. Hasil galat mutlak untuk S, I, dan R dapat dinyatakan pada Gambar 6.

Untuk mengetahui puncak pandemik yang akan terjadi dapat dilihat melalui grafik dengan data *Infected* (I). Puncak pada grafik *Infected* (I) memberitahukan



Gambar 4. Persebaran *susceptible* (S), *Infected* (I), dan *removed* (R).



Gambar 5. Grafik nilai S, I, dan R dengan data aktual dan hasil simulasi prediksi dengan model. Angka jumlah kasus disajikan dalam skala  $N$  (total populasi Indonesia).

bahwa pada saat tersebut akan terjadi jumlah maksimum pasien Covid-19. Berdasarkan Gambar 5, dapat diketahui puncak pandemik Covid-19 akan terjadi pada tanggal 29 Oktober 2020.

### B. Angka tingkat reproduksi dasar

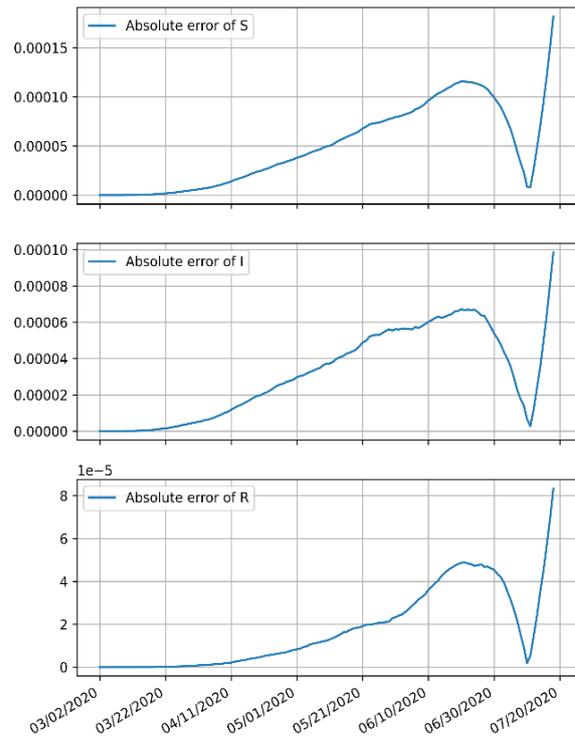
Berdasarkan informasi dari WHO tingkat penyebaran Covid-19 di Tiongkok adalah 1,4 sampai dengan 2,5 [15]. Angka ini sebelumnya menjadi acuan bagaimana agresi virus dalam menginfeksi. Keadaan di Indonesia sampai dengan waktu observasi dilakukan dengan model SIR dapat dihitung angka tingkat reproduksi dasar penyebaran Covid-19 di Indonesia adalah  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = 2,035$  menggunakan Persamaan 2.

Tingkat penyebaran relatif harian  $R_0(t)$  untuk jangkauan waktu observasi yang dilakukan, yaitu  $[0, T]$ , dinyatakan pada Gambar 7. Dengan demikian, angka tingkat reproduksi efektif  $\hat{R}_0$  dengan kondisi aktual per 18 Juli 2020, dapat dihitung untuk periode  $[0, T]$ , yaitu 2,89. Nilai  $T$  merupakan jangkauan waktu observasi harian, dimulai dari tanggal 2 Maret 2020 sampai dengan 18 Juli 2020. Nilai  $\hat{R}_0$  sedikit lebih tinggi dibandingkan dengan estimasi  $R_0$  yang diperoleh dari model. Hal ini menunjukkan bahwa nilai  $R_0$  dari model sedikit *underestimate* dengan galat 0,845 dibandingkan dengan nilai reproduksi dasar dari data aktual, atau sekitar 29 % lebih kecil.

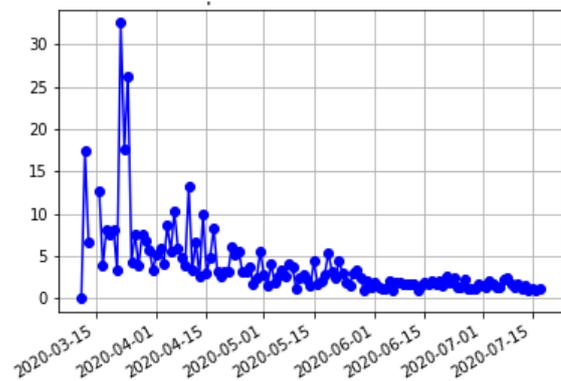
Merujuk hasil statistik pada [15], diperoleh rata-rata  $R_0$  di beberapa negara adalah sekitar 3,28 dengan median dan interkuartil secara berturut-turut bernilai 2,79 dan 1,16. Semua hasil tersebut tentu saja cenderung lebih tinggi dibandingkan perkiraan WHO, yaitu sekitar 1,95 (median). Perkiraan nilai  $R_0$  sangat bergantung pada metode saintifik dan validitas asumsi yang digunakan. Selain itu, semakin lengkap data seiring waktu, maka galat yang terjadi akan semakin kecil sehingga nilai  $R_0$  menjadi lebih jelas menggambarkan tingkat penyebaran Covid-19 yang terjadi saat ini.

Pada Gambar 5 terlihat bahwa jumlah terinfeksi diperkirakan akan mencapai puncaknya pada tanggal 29 Oktober 2020, yaitu sebanyak 14 % dari total populasi penduduk Indonesia. Perolehan ini berbeda signifikan dengan prediksi puncak akan terjadi di bulan Maret 2020. Hasil penelitian tersebut diperoleh dengan menggunakan model kurva Richard untuk pertumbuhan, dengan menggunakan data pada awal masa penyebaran Covid-19. Sebagai acuan yang lain dalam [9], model SEIR memprediksi bahwa puncak Covid-19 yang terjadi di Brazil, Turki, dan South Africa tercapai setelah tidak lebih dari tiga bulan semenjak awal kemunculan kasus. Estimasi parameter pada model prediksi sejenis SIR, kurva Richard, dan SEIR juga sangat bergantung kepada data aktual yang digunakan untuk pencocokan model.

Kondisi laju penambahan kasus harian diprediksikan seperti terlihat pada Gambar 8. Perbandingan jumlah penambahan kasus baru harian berdasarkan simulasi perhitungan model SIR dan data aktual dapat terlihat



Gambar 6. Galat mutlak prediksi nilai susceptible, infected, dan removed.

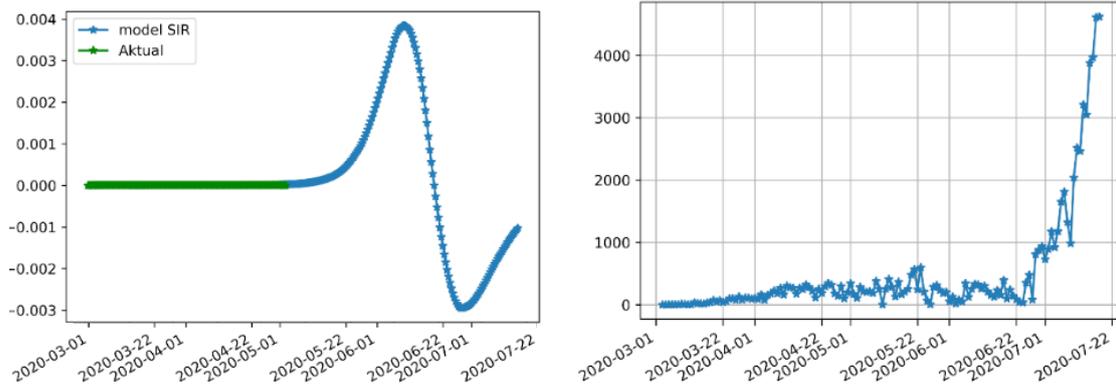


Gambar 7. Laju reproduksi Covid-19 di Indonesia

pada Gambar 8(a), dengan nilai galat RMSE 829. Gambar 8(b) memperlihatkan galat mutlak harian model terhadap data aktual. Angka penambahan kasus harian model SIR menjadi terlalu tinggi pada bulan Juli dibandingkan data aktual. Bagaimanapun, keterbatasan *opened data* resmi yang akurat dapat menjadi penyebab nilai prediksi menjadi terlalu tinggi dibandingkan data aktual. Hal ini perlu kajian lebih lanjut, karena faktanya kasus baru dapat terjadi dengan situasi tanpa gejala yang tidak dilaporkan [16].

### IV. KESIMPULAN

Penelitian ini telah melakukan prediksi jumlah kasus terinfeksi penyakit Covid-19 melalui model sistem



**Gambar 8.** Laju penambahan kasus terinfeksi perhari: a) Perbandingan model SIR dan data aktual, dan b) galat mutlaknya.

dinamik SIR. Estimasi koefisien pada model SIR mengacu pada data aktual dari tanggal 2 Maret 2020 sampai dengan 18 Juli 2020. Dari model ini, dapat diprediksi bahwa puncak Covid-19 akan terjadi pada tanggal 29 Oktober 2020 dengan hampir 14 % dari total populasi penduduk Indonesia 269,6 juta jiwa.

Model ini dapat menjadi pertimbangan untuk evaluasi pelaporan data di lapangan terkait dengan validitasnya terhadap situasi riil. Selain itu, model yang dibangun tidak memperhitungkan bentuk geografis negara Indonesia yang merupakan kepulauan, dan tidak memasukkan pengaruh tindakan preventif yang mungkin direncanakan ke depan oleh pemerintah. Jadi, dalam hal ini, prediksi hanya berdasarkan kepada data jumlah kemunculan kasus akumulasi seluruh daerah, untuk kasus positif terinfeksi, kematian, dan sembuh. Kajian lebih lanjut masih perlu dilakukan untuk hal tersebut di atas.

#### DAFTAR PUSTAKA

- [1] Kementerian Kesehatan Republik Indonesia, "Pedoman Pencegahan dan Pengendalian Coronavirus Disease (Covid-19) - Rev 4," *Kementerian Kesehatan Republik Indonesia*, 2020. [Online]. Available: <https://www.kemkes.go.id/>. [Accessed: Nov. 30, 2020]
- [2] Kementerian Sekretariat Negara RI, "Penetapan bencana nonalam penyebaran corona virus disease 2019 (COVID -19) sebagai bencana nasional," *Kementerian Sekretariat Negara RI*, KEPPRES No 12 Tahun 2020, 2020. [Online]. Available: <https://jdih.setneg.go.id/Produk>. [Accessed: Nov. 30, 2020]
- [3] Worldometers, "Covid-19 Coronavirus Pandemic", *Worldometers.info*, July 2020. [Online]. Available: <https://www.worldometers.info/coronavirus/>. [Accessed: July. 18, 2020]
- [4] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, "A contribution to the mathematical theory of epidemics," in *Proceedings of the Royal Society A, Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, vol. 115, no. 772, pp. 700-721, 1927. doi: [10.1098/rspa.1927.0118](https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118)
- [5] L. Yakob and A. Clements, "A mathematical model of chikungunya dynamics and control: the major epidemic on Réunion island," *PLoS ONE*, vol. 8, no. 3, pp. e57448, 2013. doi: [10.1371/journal.pone.0057448](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057448)
- [6] J. Jafaruddin, S. Indratno, N. Nuraini, A. Supriatna, and E. Soewono, "Estimation of the basic reproductive ratio for dengue fever at the take-off period of dengue infection," *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, vol. 2015, pp. 1-14, 2015. doi: [10.1155/2015/206131](https://doi.org/10.1155/2015/206131)
- [7] Y. Hsieh, J. Lee, and H. Chang, "SARS epidemiology modeling," *Emerging Infectious Diseases*, vol. 10, no. 6, pp. 1165-1167, 2004. doi: [10.3201/eid1006.031023](https://doi.org/10.3201/eid1006.031023)
- [8] H. Adamu, M. Muhammad, A. M. Jingsi, and M. Usman, "Mathematical modelling using improved SIR model with more realistic assumptions," *International Journal of Engineering and Applied Sciences*, vol. 6, no. 1, pp. 64-69, 2019. doi: [10.31873/ijeas.6.1.22](https://doi.org/10.31873/ijeas.6.1.22)
- [9] S. Djilali and B. Ghanbari, "Coronavirus pandemic: A predictive analysis of the peak outbreak epidemic in South Africa, Turkey, and Brazil," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 138, 109971, 2020. doi: [10.1016/j.chaos.2020.109971](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109971)
- [10] R. Salgotra, M. Gandomi, and A. Gandomi, "Time series analysis and forecast of the covid-19 pandemic in india using genetic programming," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 138, 109945, 2020. doi: [10.1016/j.chaos.2020.109945](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109945)
- [11] M. Yousaf, S. Zahir, M. Riaz, S. Hussain, and K. Shah, "Statistical analysis of forecasting Covid-19 for upcoming month in Pakistan," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 138, 109926, 2020. doi: [10.1016/j.chaos.2020.109926](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109926)
- [12] Z. Yang et al., "Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of Covid-19 in China under public health interventions," *Journal of Thoracic Disease*, vol. 12, no. 3, pp. 165-174, 2020. Available: [10.21037/jtd.2020.02.64](https://doi.org/10.21037/jtd.2020.02.64)

- [13] K. Roosa et al., "Real-time forecasts of the Covid-19 epidemic in China from February 5th to February 24th, 2020," *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 256-263, 2020. Available: [10.1016/j.idm.2020.02.002](https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.02.002)
- [14] D. Fanelli and F. Piazza, "Analysis and forecast of Covid-19 spreading in China, Italy and France," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 134, 109761, 2020. doi: [10.1016/j.chaos.2020.109761](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109761)
- [15] Y. Liu, A. Gayle, A. Wilder-Smith, and J. Rocklöv, "The reproductive number of Covid-19 is higher compared to SARS coronavirus," *Journal of Travel Medicine*, vol. 27, no. 2, taaa021, pp. 1-4, 2020. doi: [10.1093/jtm/taaa021](https://doi.org/10.1093/jtm/taaa021)
- [16] W. Roda, M. Varughese, D. Han and M. Li, "Why is it difficult to accurately predict the Covid-19 epidemic?," *Infectious Disease Modelling*, vol. 5, pp. 271-281, 2020. doi: [10.1016/j.idm.2020.03.001](https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.03.001)
- [17] B. Mishra et al., "Covid-19 created chaos across the globe: Three novel quarantine epidemic models," *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 138, 109928, 2020. doi: [10.1016/j.chaos.2020.109928](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109928)
- [18] A. Godio, F. Pace, and A. Vergnano, "SEIR modeling of the Italian epidemic of SARS-CoV-2 using computational swarm intelligence," *International Journal of Environmental Research and Public Health*, vol. 17, no. 10, 3535, 2020. doi: [10.3390/ijerph17103535](https://doi.org/10.3390/ijerph17103535)
- [19] S. Pathak, A. Maiti, and G. Samanta, "Rich dynamics of an SIR epidemic model," *Nonlinear Analysis: Modelling and Control*, vol. 15, no. 1, pp. 71-81, 2010. doi: [10.15388/na.2010.15.1.14365](https://doi.org/10.15388/na.2010.15.1.14365)
- [20] F. Brauer, P. Driessche, and J. Wu, *Mathematical Epidemiology*. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2008.
- [21] D. Saputro and P. Widyaningsih, "Limited memory Broyden-Fletcher-Goldfarb-Shanno (L-BFGS) method for the parameter estimation on geographically weighted ordinal logistic regression model (GWOLR)," In *AIP Conference Proceedings*, vol. 1868, 040009, 2017. doi: [10.1063/1.4995124](https://doi.org/10.1063/1.4995124)
- [22] N. Nuraini, K. Khairudin and M. Apri, "Modeling simulation of Covid-19 in Indonesia based on early endemic data", *Communication in Biomathematical Sciences*, vol. 3, no. 1, pp. 1-8, 2020.