

KAJIAN SIMULASI MODEL SIR - NUTS PENYEBARAN COVID-19 DI JAKARTA

Bagus Nuryasin^{1, a)}, Mutia Delina²

^{1,2}*Program Studi Fisika, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas
Negeri Jakarta, Jl. Rawamangun Muka, Jakarta 13220, Indonesia*

Email: ^{a)} nuryasinbagus@gmail.com

Abstrak

Studi ini bertujuan untuk mengetahui pengaruh kebijakan pembatasan sosial berskala besar pada masa transisi. Kami menggunakan model SIR sederhana dengan parameter estimasi menggunakan NUTS HMC untuk mengukur penyebaran COVID-19 di Jakarta baru-baru ini dan memperkirakan jumlah kasus positif aktif serta jumlah total kasus kumulatif di masa depan. Kami menggunakan data dari dashboard situs pemantau penyebaran COVID-19 milik Pemerintah Provinsi DKI Jakarta. Hasil yang diperoleh dari simulasi ini menunjukkan jika kebijakan tidak berubah hingga awal Maret 2021, jumlah kasus positif aktif yang dilaporkan setiap hari akan naik eksponensial dan memuncak di pertengahan Februari 2021 serta akan meluruh eksponensial di akhir Februari 2021. Hal ini dapat dijadikan acuan bagi pemerintah dalam mempertimbangkan kebijakan selanjutnya sebagai upaya menghentikan penyebaran COVID-19 di Jakarta.

Kata-kata kunci: COVID-19, Jakarta, Model SIR, NUTS

Abstract

This study aims to determine the effect of large-scale social restriction policies during the transition period. We used a simple SIR model with estimated parameters using the NUTS HMC to measure the recent spread of COVID-19 in Jakarta and estimated the number of active positive cases as well as the total number of cumulative cases in the future. We use data from the dashboard of the site to monitor the spread of COVID-19 owned by the DKI Jakarta Provincial Government. The results obtained from this simulation show that if the policy does not change until early March 2021, the number of active positive cases reported daily will increase exponentially and peak in mid-February 2021 and will decay exponentially at the end of February 2021. This can be used as a reference for the government in considering further policies as an effort to stop the spread of COVID-19 in Jakarta.

Keywords: COVID-19, Jakarta, Model SIR, NUTS

PENDAHULUAN

Pada Desember 2019, kasus pertama pneumonia yang penyebabnya tidak diketahui dilaporkan dari Wuhan, Cina. Sementara itu, kasus-kasus tersebut diidentifikasi sebagai infeksi jenis baru virus corona, yang disebut SARS – CoV – 2, dan penyakit yang ditimbulkannya disebut Coronavirus Disease 2019 (COVID – 19). Pada awal Januari 2020, virus tersebut menyebar ke daratan China dan mencapai provinsi lain dan sekarang COVID-19 menjadi sebuah pandemi yang terjadi di banyak negara di seluruh dunia (*Pertanyaan Jawaban Terkait COVID-19 Untuk Publik*, n.d.).

Pada 2 Maret 2020, Presiden Joko Widodo mengonfirmasi dua kasus pertama COVID-19 di Indonesia melalui pernyataan yang disiarkan televisi. Pada 2 April 2020, lebih dari 900 kasus dilaporkan di Jakarta; sejak itu, jumlah kasus mulai meningkat secara eksponensial. Pada 9 April, di bawah Peraturan Gubernur Nomor 33 Tahun 2020, Pemerintah Provinsi DKI Jakarta memberlakukan Pembatasan Sosial Skala Besar (PSBB) di Jakarta untuk pertama kalinya (*Situs Pemantau Covid-19 Jakarta*, n.d.). Pada 6 Juni, Pemerintah Provinsi DKI Jakarta memutuskan Jakarta memasuki PSBB Transisi karena kasus harian positif Covid-19 mulai melandai. Pemerintah Provinsi DKI Jakarta memutuskan untuk memberlakukan kembali PSBB mulai 14 September karena lonjakan kasus COVID-19 yang tinggi. Pada 12 Oktober, Pemerintah Provinsi DKI Jakarta menerapkan PSBB Transisi hingga sekarang.

Beberapa studi mencoba melakukan pemodelan matematis untuk memahami mekanisme penyebaran COVID-19. Beberapa diantaranya ialah menggunakan model Susceptible-Infected-Recoverd (SIR) yang telah dikombinasikan dengan pencocokan (curve fitting) dengan metode kurva logistik (Batista, 2020). Karena beberapa kasus terdapat variabel tambahan seperti faktor rawat inap, faktor infeksi asimtomatik, faktor karantina dan sebagainya, maka menggunakan modifikasi model SIR (Aldila et al., 2020; Annas et al., 2020). Beberapa studi juga menggunakan estimasi parameter dengan pendekatan statistik yang melibatkan metode Markov Chain Monte Carlo (MCMC) (Chatterjee et al., 2020; Zu et al., 2020). Selain model SIR, penyebaran COVID-19 dapat diprediksi secara statistik menggunakan pendekatan deret waktu (Ceylan, 2020; Chakraborty & Ghosh, 2020).

Dalam penelitian ini, kami menggabungkan model SIR sederhana dengan parameter estimasi dengan NUTS HMC yang mempertimbangkan kebijakan pemerintah khususnya PSBB Transisi. Model tersebut kemudian digunakan untuk mengukur penyebaran COVID-19 di Jakarta baru-baru ini dan memperkirakan jumlah kasus positif aktif serta jumlah total kasus kumulatif di masa depan. Dengan demikian, diharapkan model ini menjadi salah satu acuan bagi pemerintah dalam mempertimbangkan kebijakan selanjutnya sebagai upaya menghentikan penyebaran COVID-19 di Jakarta.

METODE PENELITIAN

COVID-19 merupakan kasus pandemik yang menyebar lintas benua namun model penyebarannya mengikuti pola epidemik. Salah satu model penyebaran epidemik adalah model SIR. Walaupun model SIR mudah dipahami dengan baik secara umum, tantangan utamanya adalah memperkirakan parameter model khusus untuk wabah COVID-19 berdasarkan data yang telah dilaporkan, dan menggunakannya untuk prediksi. Untuk itu, kami menggabungkan pendekatan dari data yang telah dilaporkan dengan NUTS HMC untuk menghitung distribusi

parameter posterior dan mengambil sampelnya untuk prediksi. Sederhananya, pertama-tama kami memperkirakan distribusi parameter yang paling menggambarkan situasi yang dilaporkan, dan kemudian kami menggunakan banyak sampel dari distribusi parameter ini untuk mengembangkan persamaan model dan dengan demikian memprediksi perkembangannya.

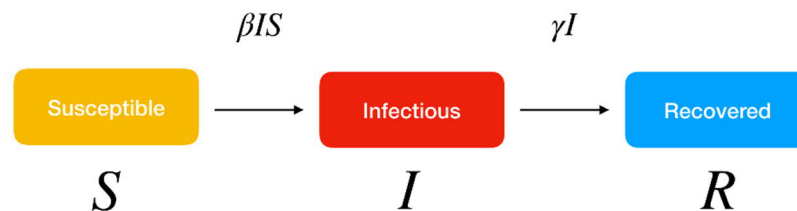
Data COVID-19 DKI Jakarta

Jakarta, ibu kota Indonesia, dengan populasi 10,770,487 jiwa dan tingkat pertumbuhan penduduk 1.24% pada tahun 2020 yang dapat diatur menjadi nilai N atau $S(0)$ (*BPS Provinsi DKI Jakarta*, n.d.). Berdasarkan Peraturan Gubernur Jakarta No. 88/2020, pada tanggal 12 Oktober 2020 sampai 17 Januari 2021, Pemerintah Provinsi DKI Jakarta menerapkan Pembatasan Sosial Berskala Besar pada Masa Transisi (PSBB Transisi)

Data yang digunakan berasal dari dashboard situs pemantau penyebaran COVID-19 milik Pemerintah Provinsi DKI Jakarta <https://corona.jakarta.go.id/id> (*Situs Pemantau Covid-19 Jakarta*, n.d.). Data dimasukkan dari tanggal 12 November 2020 hingga 2 Januari 2021. Rentang tanggal ini dipilih dikarenakan rentang tanggal terbaik untuk mengestimasi parameter model.

Model Susceptible Infected Recovered (SIR)

Model SIR merupakan salah satu model kompartemen yang menggambarkan dinamika penyakit epidemik. Model tersebut membagi populasi menjadi beberapa bagian. Setiap bagian diharapkan memiliki karakteristik yang sama. SIR mewakili tiga bagian, yaitu: populasi rentan terinfeksi S (Susceptible), populasi terinfeksi I (Infected) dan populasi yang telah sembuh dari terinfeksi R (Recovered). Model SIR dapat digambarkan melalui sebagai berikut:



Gambar 1. Diagram interaksi antar kompartemen model SIR

Model SIR tidak mempertimbangkan waktu inkubasi virus dan efek angka kematian atau angka kelahiran karena model tersebut mengasumsikan periode penyakit yang masih berlangsung jauh lebih pendek daripada umur manusia. Ini memberi tahu kita pentingnya mengetahui dua parameter, β dan γ . Model SIR dapat dinyatakan dalam sistem persamaan diferensial nonlinear sebagai berikut (Hethcote, 2000).

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\lambda \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \lambda \frac{SI}{N} - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \mu I\end{aligned}\tag{1}$$

Sebagai catatan, selama fase awal epidemi hanya sebagian kecil dari populasi yang terinfeksi (I) atau pulih (R), dan dengan demikian $S \approx N \gg I$ sedemikian rupa sehingga $S / N \approx 1$. Oleh karena itu, persamaan diferensial untuk yang terinfeksi tereduksi menjadi persamaan linier sederhana, menunjukkan pertumbuhan eksponensial

$$\frac{dI}{dt} = (\lambda - \mu)I \text{ dengan penyelesaian } I(t) = I(0) \cdot \exp((\lambda - \mu)t) \quad (2)$$

Dengan λ adalah parameter laju penularan suatu penyakit melalui kontak, μ adalah parameter laju kesembuhan dari infeksi penyakit, dan N adalah jumlah populasi. Begitu orang sembuh, mereka mendapat kekebalan. Tidak ada kesempatan bagi mereka untuk kembali rentan lagi.

Karena data diskrit dalam waktu ($\Delta t = 1$ hari), persamaan diferensial di atas dengan langkah waktu diskrit,

$$\begin{aligned} S_t - S_{t-1} &= -\lambda \Delta t \frac{S_{t-1}}{N} I_{t-1} \approx -I_t^{\text{new}} \\ R_t - R_{t-1} &= \mu \Delta t I_{t-1} \approx R_t^{\text{new}} \\ I_t - I_{t-1} &= \left(\lambda \frac{S_{t-1}}{N} - \mu \right) \Delta t I_{t-1} \approx I_t^{\text{new}} - R_t^{\text{new}} \end{aligned} \quad (3)$$

Selain itu, kami menyertakan modulasi mingguan untuk memperhitungkan laporan huruf kecil di sekitar akhir pekan yang selanjutnya terkumpul selama seminggu. Untuk memodelkan variasi sistematis laporan kasus selama seminggu, kami menyesuaikan kasus yang baru dilaporkan dengan pecahan pelaporan

$$\begin{aligned} C_t &= I_t \cdot (1 - f(t)), \text{ dengan} \\ f(t) &= (1 - f_w) \cdot \left(1 - \left| \sin \left(\frac{\pi}{7} t - \frac{1}{2} \Phi_w \right) \right| \right) \end{aligned} \quad (4)$$

Dimana f_w adalah amplitud modulasi mingguan dan Φ_w adalah fase modulasi mingguan.

No U Turn Sampler Hamiltonian Monte Carlo (NUTS HMC)

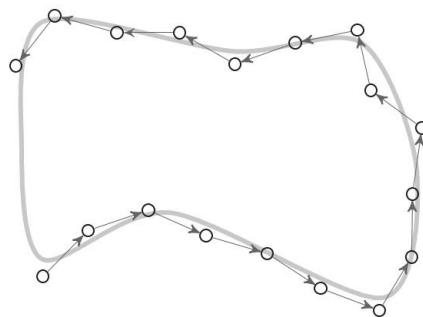
Hamiltonian Monte Carlo (HMC) merupakan variasi dari Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yang menggunakan dinamika Hamiltonian daripada distribusi probabilitas untuk membangun rantai Markov, yang menyebabkan eksploitasi distribusi target terjadi dengan iterasi yang lebih sedikit. Dinamika Hamiltonian dapat digunakan untuk mendeskripsikan bagaimana suatu benda bergerak dalam suatu sistem, seperti bola yang ditempatkan pada tanjakan tanpa gesekan dan, saat turun, mengubah energi potensial menjadi energi kinetik hingga mencapai titik terendah dari tanjakan, tempat ia naik dan mengubah energi kinetik menjadi energi potensial.

Gerak benda dijelaskan oleh lokasinya \mathbf{x} dan momentum \mathbf{p} pada suatu waktu t . Untuk setiap \mathbf{x} ada energi potensial terkait $U(\mathbf{x})$ dan untuk setiap \mathbf{p} ada energi kinetik terkait $K(\mathbf{p})$. Energi total sistem didefinisikan sebagai jumlah energi potensial dan kinetik, yaitu,

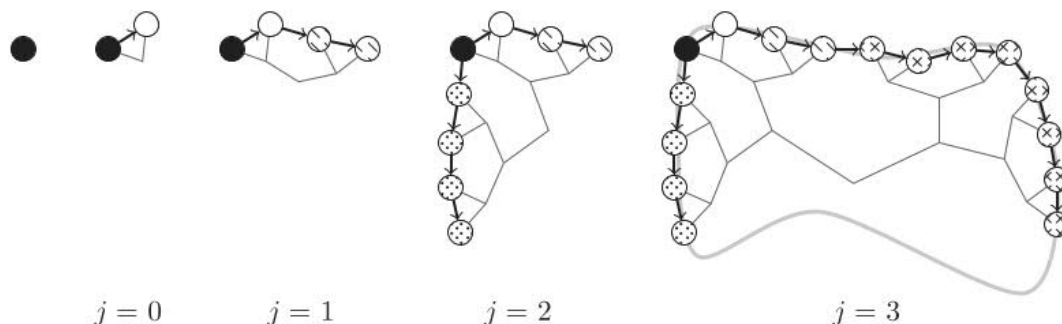
$$H(\mathbf{x}, \mathbf{p}) = U(\mathbf{x}) + K(\mathbf{p}) \quad (5)$$

Dimana $H(\mathbf{x}, \mathbf{p})$ disebut Hamiltonian dan konstan karena sistem tertutup. Pada contoh bola di tanjakan, Hamiltonian konstan jika tidak ada gesekan.

Metode HMC menggunakan variabel lokasi \mathbf{x} untuk mewakili variabel yang menarik (parameter model) dan variabel momentum \mathbf{p} sebagai variabel tambahan yang memungkinkan dinamika Hamiltonian beroperasi. Dua parameter metode didefinisikan pengguna: nomor langkah L dan ukuran langkah δ . Kemudian, untuk setiap iterasi, metode HMC menghasilkan langkah L (\mathbf{x}, \mathbf{p}) dengan ukuran langkah δ , sesuai dengan Gambar 1. Deskripsi metode HMC yang lebih detail dapat ditemukan di Informasi Pendukung serta di (Neal, 2012).



Gambar 2. Ilustrasi lintasan metode HMC. Catatan: langkah L dibuat dengan ukuran langkah δ mengelilingi $H(\mathbf{x}, \mathbf{p})$ untuk mendapatkan status rantai selanjutnya. Langkah terakhir yang dihasilkan dipilih untuk menjadi keadaan rantai Markov berikutnya dengan probabilitas penerimaan yang serupa dengan probabilitas penerimaan Metropolis.



Gambar 3. Contoh konstruksi pohon biner diadaptasi dari Hoffman dan Gelman (2014). Catatan: Dalam setiap langkah, algoritme menggandakan node, secara acak memilih satu arah (maju atau mundur). Pada gambar ini, arah yang dipilih untuk empat penggandaan adalah maju (simpul putih), maju (simpul dengan garis), ke belakang (simpul bertitik), dan maju (simpul silang).

Menurut Hoffman dan Gelman (2014), kinerja metode HMC sangat sensitif terhadap kedua parameter tersebut. Pilihan yang salah dari parameter ini dapat menyebabkan masalah, seperti simulasi yang tidak akurat, tingkat penolakan yang tinggi, atau perhitungan langkah lebih dari yang diperlukan. Untuk menghilangkan kebutuhan himpunan L , Hoffman dan Gelman (2014) mengusulkan algoritma NUTS, yang merupakan perluasan dari metode HMC. Dalam setiap iterasi, algoritma NUTS membangun pohon simpul yang terdiri dari subpohon dari prosedur

rekursif, sehingga subpohon dengan dua kali simpul dari subpohon sebelumnya dibuat dalam iterasi yang sama dalam arah acak (maju atau mundur). Dengan kata lain, subpohon j ($j = 0, 1, 2, \dots$) dihasilkan dengan 2^j node ke arah $v_j \sim \text{Uniform}(\{-1, +1\})$, mundur jika $v_j = -1$ dan maju jika $v_j = +1$. Gambar 2 memberikan contoh konstruksi subpohon ini (Hoffman & Gelman, 2014).

Simpul ke- k ($\mathbf{x}(k)$, $\mathbf{p}(k)$), untuk $k = 1, 2, \dots, 2^j$, dari subpohon ke- j dipilih dengan probabilitas

$$\gamma = \frac{\mathbb{I}[u \leq \exp\{-U(\mathbf{x}_{(k)}) - K(\mathbf{p}_{(k)})\}]}{\sum_{h=1}^k \mathbb{I}[u \leq \exp\{-U(\mathbf{x}_{(h)}) - K(\mathbf{p}_{(h)})\}]} \quad (6)$$

Pada akhir pembangunan subpohon ke- J , simpul yang memilikinya akan dipilih sebagai calon status rantai baru dengan probabilitas

$$\frac{n'}{n} = \frac{\sum_{h=1}^{2^J} \mathbb{I}[u \leq \exp\{-U(\mathbf{x}_{(h)}) - K(\mathbf{p}_{(h)})\}]}{\sum_{j=0}^J \sum_{h=1}^{2^j} \mathbb{I}[u \leq \exp\{-U(\mathbf{x}_{(h)}) - K(\mathbf{p}_{(h)})\}]} \quad (7)$$

Sebuah pohon dibangun sampai salah satu ujung lintasan mulai surut, berbelok ke ujung lainnya. Jadi, kandidat saat ini adalah status rantai baru.

Estimasi parameter model dengan NUTS

Untuk melakukan estimasi parameter model, kami memperkirakan set parameter model $\theta = \{\lambda, \mu, \sigma, I_0, f_w, \Phi_w\}$ menggunakan inferensi Bayesian dengan HMC. Parameter σ adalah faktor skala untuk kemungkinan $p(\hat{C}|\theta)$ antar pengamatan data dan model (lihat di bawah). Implementasi kami bergantung pada paket python PyMC3 (Salvatier et al., 2016) dengan NUTS (No-U-Turn Sampling) (Hoffman & Gelman, 2014). Struktur pendekatan kami adalah sebagai berikut:

Inisialisasi rantai Markov melalui inferensi variasional. Posterior didekati oleh distribusi Gaussian yang mengabaikan korelasi antara parameter melalui inferensi variasional diferensiasi otomatis, yang telah diterapkan dalam PyMC3. Dari distribusi ini, empat titik awal untuk empat rantai diambil sampelnya.

Fase burn-in. Setiap rantai melakukan 500 langkah burn-in (tuning) menggunakan NUTS, yang tidak direkam. Ini berfungsi sebagai kesetimbangan untuk mengambil sampel dari distribusi kesetimbangan di langkah berikutnya.

Fase pengambilan sampel. Setiap rantai melakukan 1000 langkah, yang digunakan untuk memperkirakan distribusi posterior. Untuk memastikan bahwa rantai diseimbangkan dan diambil sampelnya dari seluruh distribusi posterior, kami memverifikasi bahwa statistik R-hat di bawah 1.05, yang diterapkan di PyMC3. Pemeringkatan uji diagnostik R-hat yang dinormalisasi untuk kurangnya konvergensi dengan membandingkan varian dalam rantai dan antar rantai: Untuk varian dalam rantai yang identik dan antar-rantai R-hat menjadi 1, menunjukkan konvergensi. Untuk rantai yang terkonvergensi dengan baik, sampel yang

dihasilkan akan mendeskripsikan data dunia nyata dengan baik, sehingga prediksi yang konsisten dapat dilakukan dalam fase prediksi.

Prediksi menggunakan sampel HMC. Untuk prediksi, kami mengambil semua sampel dari langkah HMC dan melanjutkan integrasi waktu sesuai dengan skenario prediksi berbeda yang dijelaskan di bawah ini. Perhatikan bahwa keseluruhan prosedur menghasilkan kumpulan prediksi - sebagai lawan dari prediksi tunggal yang hanya akan didasarkan pada satu set parameter (yang sebelumnya dioptimalkan).

Detail pengambilan sampel HMC. Setiap langkah HMC memerlukan untuk mengusulkan seperangkat parameter baru θ , untuk menghasilkan deret waktu (deterministik penuh) dari kasus baru terinfeksi $C(\theta) = \{C_t(\theta)\}$ dengan panjang yang sama dengan data dunia nyata yang diamati $\hat{C} = \{\hat{C}_t\}$, dan menerima atau menolak θ . Dalam kasus kami, implementasi NUTS (dalam PyMC3) pertama kali mengusulkan satu set parameter baru θ berdasarkan algoritme berbasis gradien lanjutan dan kemudian menerima atau menolaknya sehingga sampel yang dihasilkan mencerminkan distribusi posterior.

$$p(\theta|\hat{C}) \propto p(\hat{C}|\theta) \cdot p(\theta) \quad (8)$$

di mana $p(\hat{C}|\theta)$ adalah kemungkinan untuk data yang diberikan parameter dan $p(\theta)$ adalah distribusi parameter sebelumnya (lihat di bawah). Kemungkinan mengukur kesamaan antara hasil model dan rangkaian waktu dunia nyata yang tersedia. Di sini, kemungkinan adalah produk atas kemungkinan lokal yang mengukur kesamaan antara hasil model untuk satu titik waktu t , $C_t(\theta)$, dan titik data dunia nyata yang sesuai \hat{C}_t . Kami memilih distribusi Student- t karena ini menyerupai distribusi Gaussian di sekitar rata-rata tetapi menampilkan ekor yang berat, yang membuat HMC lebih kuat sehubungan dengan pencilan (Lange et al., 1989), dan dengan demikian membuat noise.

$$p(\hat{C}|\theta) \sim Student T_{v=4} \left(rata - rata = C_t(\theta), lebar = \sigma \cdot \sqrt{C_t(\theta)} \right) \quad (9)$$

Lebar kasus dibuat oleh *noise* observasi melalui subsampling acak (Wilting & Priesemann, 2018), menghasilkan varian yang sebanding dengan rata-rata. Kemungkinan kami mengabaikan *noise* apa pun dalam proses dinamis, karena model SIR bersifat deterministik, tetapi pada prinsipnya dapat diperluas untuk memasukkan *noise* dari dinamika penyebaran stokastik (Di Santo et al., 2017; Muñoz, 2018).

Untuk mengestimasi parameter model SIR dengan laju infeksi stasioner dengan modulasi pelaporan mingguan, kami memilih prior informatif berikut.

Tabel 1. Distribusi prior pada parameter model untuk model SIR dengan modulasi pelaporan mingguan.

Parameter	Variabel	Distribusi Prior
Laju infeksi	λ	LogNormal(log(0.2),0.5)
Laju sembuh	μ	LogNormal(log(1/8),0.2)
Amplitude modulasi mingguan	f_w	Beta(mean = 0.7, std = 0.17)
Fase modulasi mingguan	Φ_w	vonMises(mean = 0, κ = 0.01)
Infeksi awal	I_0	HalfCauchy(100)
Faktor skala	σ	HalfCauchy(10)

Untuk laju sembuh, diasumsikan distribusi prior log-normal prior $\mu \sim \text{LogNormal}(\log(1/8), 0.2)$ dengan median waktu pemulihan 8 hari (Maier & Brockmann, 2020). Perhatikan bahwa laju sembuh menjelaskan laju sembuh orang yang terinfeksi yang dirawat intensif dan isolasi diri.

Untuk laju infeksi, diasumsikan distribusi prior log-normal prior $\lambda \sim \text{LogNormal}(\log(0.2), 0.5)$ dengan median 0,2 dengan asumsi PSBB Transisi telah mengurangi laju infeksi. Karena kami belum dapat mengetahui faktor reduksi yang tepat, kami menganggap telah terjadi pengurangan laju infeksi. Dengan cara ini, untuk $\lambda - \mu$ sebesar 0,02 dan untuk bilangan reproduksi dasar ($R_0 = \lambda / \mu$) sebesar 1,125.

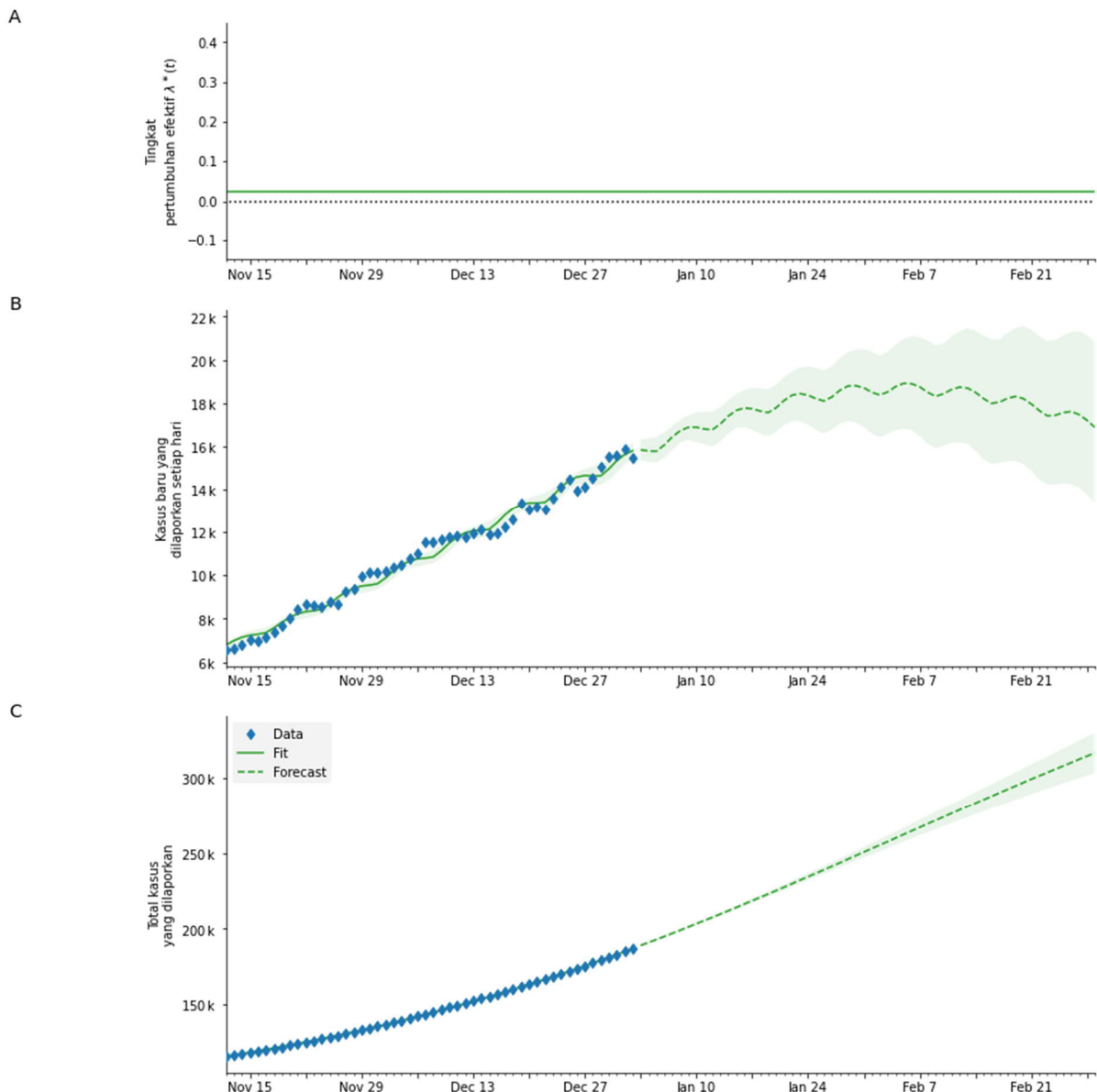
Jumlah tes yang dilakukan dan dilaporkan bervariasi secara teratur selama seminggu dan terutama selama akhir pekan. Untuk memperhitungkan variasi periodik ini, kami memodulasi jumlah kasus yang disimpulkan dengan nilai absolut dari fungsi sinus dengan total periode 7 hari. Kami memilih fungsi ini karena merupakan osilasi non-simetris, menyesuaikan variasi kasus mingguan pada tingkat fenomenologis. Untuk amplitudo modulasi kami memilih Beta informatif lemah sebelum: $fw \sim \text{Beta}(\text{mean} = 0.7, \text{std} = 0.17)$ dan untuk fase distribusi melingkar yang hampir datar: $\Phi w \sim \text{vonMises}(\text{mean} = 0, \kappa = 0.01)$

Parameter model yang tersisa dibatasi oleh prior yang tidak informatif, dalam praktiknya distribusi Half-Cauchy (Gelman, 2006). Distribusi half-Cauchy $\text{HalfCauchy}(x, \beta) = 2 / \pi \beta [1 + (x / \beta)^2]$ pada dasarnya distribusi prior datar dari nol ke $O(\beta)$ dengan berat ekor di luar. Dengan demikian, β hanya menetapkan urutan besaran yang tidak boleh dilampaui untuk parameter tertentu. Kami memilih jumlah orang yang awalnya terinfeksi dalam model $I_0 \sim \text{HalfCauchy}(100)$ dengan asumsi urutan besarnya $O(100)$ dan di bawahnya. Sebagai tambahan, kami memilih faktor skala dari fungsi lebar kemungkinan sebagai $\sigma \sim \text{Half Cauchy}(10)$; pilihan ini berarti bahwa varians dalam angka yang dilaporkan dapat mencapai faktor 100 lebih besar dari angka yang dilaporkan sebenarnya.

HASIL SIMULASI DAN PEMBAHASAN

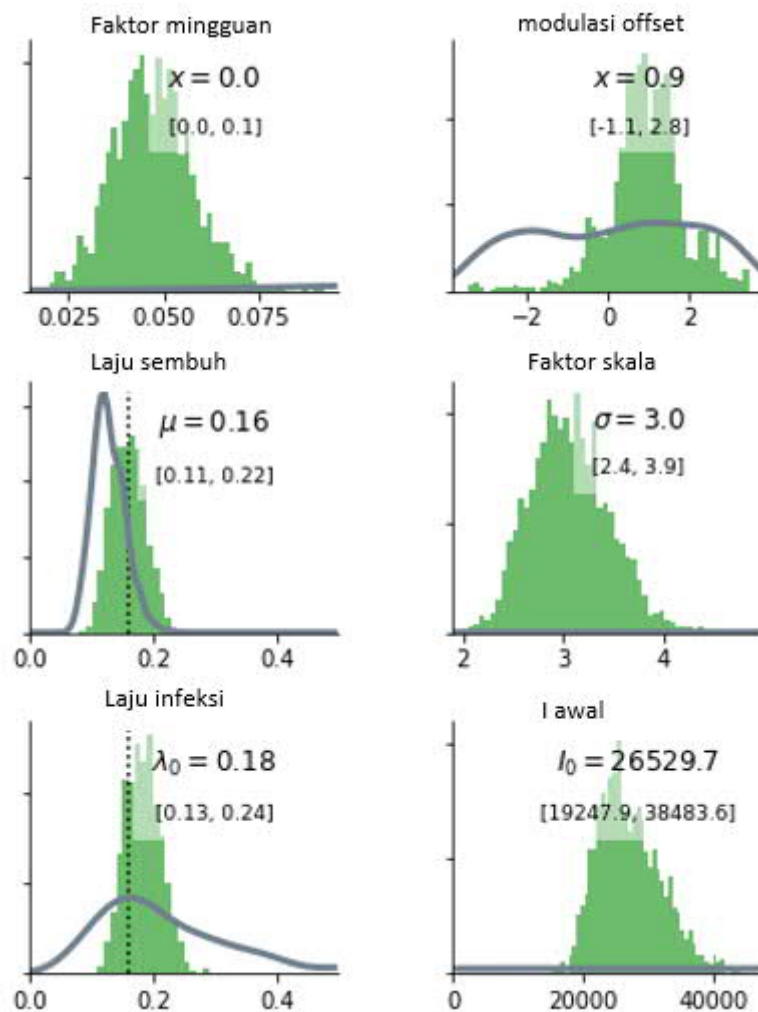
Kami melakukan estimasi parameter model SIR sederhana menggunakan pengambilan sampel NUTS HMC (Gambar 4 dan 5). Kami memilih model SIR sederhana, karena sejumlah kecil titik data awal gelombang ke-3 wabah epidemi. Dengan jumlah titik data yang rendah, hanya sejumlah parameter yang dapat dibatasi secara efektif. Parameter utamanya adalah laju infeksi λ , laju sembuh μ , dan jumlah orang yang tertular awal I_0 . Kami memilih prior informatif berdasarkan pengetahuan yang tersedia untuk λ dan μ , dan kami memilih prior yang tidak informatif untuk parameter yang tersisa (Metode).

Data sampai
2021/01/02



Gambar 4. Hasil estimasi parameter model dari data COVID-19 Jeakarta (berlian biru) hingga 2 Januari A: Estimasi model bergantung waktu dari laju penyebaran efektif $\lambda^*(t)$. B: Perbandingan kasus baru yang dilaporkan harian dan modelnya (garis solid hijau untuk hasil estimasi dengan interval kredibel 95%, garis putus-putus untuk prediksi model median dengan 95% CI). C: Perbandingan total kasus yang dilaporkan dan model (representasi yang sama seperti di B).

Sebagai perkiraan median, kami memperoleh laju penyebaran $\lambda = 0.18$, $\mu = 0.16$, dan $I_0 = 26529.7$ (Gambar 5). Dikonversi menjadi bilangan reproduksi dasar $R_0 = \lambda / \mu$, kami menemukan median $R_0 = 1.125$. Secara keseluruhan, model menunjukkan kesesuaian yang baik dengan kasus baru (Gambar 4 A) dan kasus kumulatif (Gambar 4 B) yang menunjukkan pertumbuhan eksponensial. Data yang diamati jelas informatif tentang λ , I_0 dan σ (ditunjukkan oleh perbedaan antara prior (garis abu-abu) dan posteriors (histogram) pada Gambar 5). Namun, μ sangat ditentukan oleh pilihan parameter kami sebelumnya (histogram cocok walaupun sedikit bergeser dengan garis abu-abu pada Gambar 5). Hal ini diharapkan terjadi pada fase awal gelombang ke-3 pandemi, yang didominasi oleh pertumbuhan eksponensial.



Gambar 5. Distribusi prior (garis abu-abu) dan posteriors (histogram hijau) dari semua parameter model; nilai di kurung kotak menunjukkan median dan interval kredibel 95% dari posterior.

Selama jumlah infeksi dan kesembuhan kecil dibandingkan dengan ukuran populasi, jumlah infeksi aktif per hari dapat diperkirakan dengan pertumbuhan eksponensial (Gambar 4) dengan laju pertumbuhan efektif $\lambda^* = \lambda - \mu$ (lihat Metode). Akibatnya, λ dan μ tidak dapat diperkirakan secara independen. Ini sangat menunjukkan bahwa laju pertumbuhan λ^* adalah parameter bebas yang relevan dengan median $\lambda^* = 0.02$ (Gambar 5). Dengan demikian, parameter kontrol dinamika dalam fase eksponensial adalah laju pertumbuhan (efektif): Jika laju pertumbuhan lebih besar dari nol ($\lambda > \mu$), nomor kasus bertambah secara eksponensial; jika laju pertumbuhan lebih kecil dari nol ($\lambda < \mu$), pemulihan mendominasi dan kasus baru menurun. Dua dinamika yang berbeda (masing-masing superkritis dan subkritis) dipisahkan oleh titik kritis pada $\lambda^* = 0$ ($\lambda = \mu$).

Jika kebijakan pemerintah PSBB Transisi diperpanjang hingga awal Maret 2021, jumlah kasus positif aktif yang dilaporkan setiap hari akan naik eksponensial dan memuncak di pertengahan Februari 2021 dengan jumlah kasus positif aktif sebanyak hampir 20 ribu kasus serta akan meluruh eksponensial di akhir Februari 2021, jumlah total kasus kumulatif yang dilaporkan sebanyak hampir 300 ribu kasus di pertengahan Februari 2021 dan tingkat pertumbuhan yang efektif akan konstan. Hasil kami menunjukkan bahwa model ini saat ini

cukup baik untuk gelombang ke-3 penyebaran COVID-19 di Jakarta: Meskipun kami mendapatkan prior yang cukup luas pada laju infeksi, kami memperoleh distribusi posterior yang relatif sempit dan sedikit bergeser pada laju sembuh (Gambar 5). Adapun juga pemerintah harus berhati-hati dan cermat dalam menerapkan PSBB dan PSBB Transisi, terutama dalam hal kapan harus dimulai. Kesalahan dalam memprediksi kapan harus mulai PSBB dapat memengaruhi ekonomi dan PSBB Transisi dapat memengaruhi munculnya gelombang pandemi ke-4.

KESIMPULAN

Sebagai kesimpulan, pendekatan NUTS HMC yang disajikan memungkinkan untuk mengukur penyebaran COVID-19 di Jakarta baru-baru ini dan - dikombinasikan dengan kebijakan PSBB Transisi - untuk memperkirakan kasus di masa depan. Selama pandemi ini, penting untuk menghindari terlalu percaya diri pada kapabilitas model untuk prediksi data jangka panjang. Banyak asumsi yang dibuat dalam studi ini untuk menyederhanakan model tanpa mengorbankan tujuan utama.

Meskipun banyak fitur penting ditemukan dari model yang diterapkan dalam studi ini, beberapa keterbatasan masih dapat ditemukan, dan cara alternatif untuk memperbaiki model harus dikembangkan. Salah satu keterbatasan dalam studi ini adalah model yang diterapkan tidak mencakup penyebaran spasial COVID-19, kemungkinan kambuh bagi individu yang sembuh, dan skenario jika kebijakan pemerintah berubah. Studi lebih lanjut di bidang ini diperlukan untuk mengatasi keterbatasan ini dan pemodelan yang lebih baik diperlukan untuk memahami dan mengantisipasi hasil pandemi COVID-19.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada para dosen prodi Fisika FMIPA Universitas Negeri Jakarta, terutama Ibu Mutia Delina selaku dosen mata kuliah Simulasi Fisika atas kesempatan dan bantuannya dalam melakukan studi ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Aldila, D., Khoshnaw, S. H. A., Safitri, E., Anwar, Y. R., Bakry, A. R. Q., Samiadji, B. M., Anugerah, D. A., GH, M. F. A., Ayulani, I. D., & Salim, S. N. (2020). A mathematical study on the spread of COVID-19 considering social distancing and rapid assessment: The case of Jakarta, Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110042.
- Annas, S., Isbar Pratama, M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. (2020). Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110072.
- Batista, M. (2020). Estimation of the final size of the second phase of the coronavirus COVID 19 epidemic by the logistic model. *MedRxiv*, 2020.03.11.20024901.
- BPS Provinsi DKI Jakarta. (n.d.). Retrieved January 10, 2021, from <https://jakarta.bps.go.id/>
- Ceylan, Z. (2020). Estimation of COVID-19 prevalence in Italy, Spain, and France. *Science of the Total Environment*, 729.
- Chakraborty, T., & Ghosh, I. (2020). Real-time forecasts and risk assessment of novel coronavirus (COVID-19) cases: A data-driven analysis. *Chaos, Solitons and Fractals*, 135, 109850.
- Chatterjee, K., Chatterjee, K., Kumar, A., & Shankar, S. (2020). Healthcare impact of

- COVID-19 epidemic in India: A stochastic mathematical model. *Medical Journal Armed Forces India*, 76(2), 147–155.
- Di Santo, S., Villegas, P., Burioni, R., & Muñoz, M. A. (2017). Simple unified view of branching process statistics: Random walks in balanced logarithmic potentials. *Physical Review E*, 95(3), 032115.
- Gelman, A. (2006). Prior distributions for variance parameters in hierarchical models (Comment on Article by Browne and Draper). In *Bayesian Analysis*.
- Hethcote, H. W. (2000). Mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653.
- Hoffman, M. D., & Gelman, A. (2014). The no-U-turn sampler: Adaptively setting path lengths in Hamiltonian Monte Carlo. *Journal of Machine Learning Research*.
- Lange, K. L., Little, R. J. A., & Taylor, J. M. G. (1989). Robust statistical modeling using the t distribution. *Journal of the American Statistical Association*, 84(408), 881–896.
- Maier, B. F., & Brockmann, D. (2020). Effective containment explains subexponential growth in recent confirmed COVID-19 cases in China. *Science*, 368(6492), 742–746.
- Muñoz, M. A. (2018). Colloquium: Criticality and dynamical scaling in living systems. *Reviews of Modern Physics*, 90(3), 031001.
- Neal, R. M. (2012). MCMC using Hamiltonian dynamics. *Handbook of Markov Chain Monte Carlo*, 113–162.
- Pertanyaan jawaban terkait COVID-19 untuk publik. (n.d.). Retrieved July 19, 2020, from <https://www.who.int/indonesia/news/novel-coronavirus/qa-for-public>
- Salvatier, J., Wiecki, T. V., & Fonnesbeck, C. (2016). Probabilistic programming in Python using PyMC3. *PeerJ Computer Science*, 2016(4), e55.
- Situs Pemantau Covid-19 Jakarta. (n.d.). Retrieved January 10, 2021, from <https://corona.jakarta.go.id/id>
- Wilting, J., & Priesemann, V. (2018). Inferring collective dynamical states from widely unobserved systems. *Nature Communications*, 9(1), 1–7.
- Zu, J., Li, M., Li, Z., Shen, M., Xiao, Y., & Ji, F. (2020). Epidemic Trend and Transmission Risk of SARS-CoV-2 after Government Intervention in the Mainland of China: A Mathematical Model Study. *SSRN Electronic Journal*.