



Munich Personal RePEc Archive

# **ESTIMATION OF COVID-19 REPRODUCTIVE NUMBER (CASE OF INDONESIA)**

Fajar, Muhammad

Badan Pusat Statistik-Statistics Indonesia

28 March 2020

Online at <https://mpra.ub.uni-muenchen.de/105099/>  
MPRA Paper No. 105099, posted 16 Dec 2021 04:19 UTC

# ESTIMATION OF COVID-19 REPRODUCTIVE NUMBER CASE OF INDONESIA

(*Estimasi Angka Reproduksi Novel Coronavirus (COVID-19) Kasus Indonesia*)

Muhammad Fajar<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Badan Pusat Statistik

Email: mfajar@bps.go.id

## ABSTRAK

Tujuan studi ini adalah untuk mengestimasi angka reproduksi COVID-19, cakupan vaksinasi dan melakukan peramalan 20 hari kedepan, yang berguna sebagai untuk langkah antisipasi pandemik COVID-19. Manfaat penelitian sebagai bahan pertimbangan dalam upaya menghentikan penyebaran COVID-19. Metode yang digunakan dalam penelitian adalah model SIR, *exponential growth rate*, *maximum likelihood*, *time dependent*, dan *bayesian sequential* untuk mengestimasi angka reproduksi COVID-19, dan untuk peramalan menggunakan *extreme learning machine* (ELM). Adapun data yang digunakan dalam penelitian adalah data jumlah kumulatif individu (kasus) terkonfirmasi positif COVID-19 yang bersumber dari [www.covid19.go.id](http://www.covid19.go.id). Penelitian ini menghasilkan beberapa kesimpulan antara lain: (1) bahwa nilai  $R_0$  adalah 1.728 ( $> 1$ ) dan nilai  $R$  berkisar antara 2.892 hingga 5.667 ( $> 1$ ), artinya bahwa jumlah individu terinfeksi COVID-19 akan semakin meningkat hingga suatu saat nanti akan mencapai titik stabil, (2) Banyaknya individu yang perlu dilakukan vaksinasi (jika para ahli menemukan vaksin COVID-19) berdasarkan  $R_0 (V_{R_0})$  adalah sebesar 42.145%, dan cakupan vaksinasi berdasarkan  $R (V_R)$  dari empat metode berkisar antara 75% hingga 86%, dan (3) hasil peramalan untuk 20 hari ke depan dengan menggunakan ELM, diperoleh informasi bahwa jumlah kasus ini akan terus meningkat sampai pada titik dimana pergerakan jumlah kumulatif individu (kasus) terkonfirmasi COVID-19 stabil (tidak ada trend).

**Kata kunci:** COVID-19, angka reproduksi, cakupan vaksinasi, peramalan.

## ABSTRACT

*The purpose of this study is to estimate the COVID-19 reproduction rate, vaccination coverage and forecast the next 20 days, which is useful as an anticipatory step for the COVID-19 pandemic. The benefits of research as a consideration in efforts to stop the spread of COVID-19. The method used in the study is the SIR model, exponential growth rate, maximum likelihood, time-dependent, and sequential bayesian to estimate COVID-19 reproduction rates, and to forecast using extreme learning machines (ELM). The data used in this study is the cumulative number of individual (cases) confirmed positive COVID-19 sourced from [www.covid19.go.id](http://www.covid19.go.id). This study produced several conclusions, including: (1) that the  $R_0$  value was 1.728 ( $> 1$ ) and the  $R_1$  value ranged from 2.892 to 5.667 ( $> 1$ ), meaning that the number of individuals infected with COVID-19 would increase until one day it would reach a stable point, (2) The number of individuals vaccination (if experts find COVID-19 vaccine) based on  $R_0 (V_{R_0})$  is 42.145%, and vaccination coverage based on  $R (V_R)$  from four methods ranges from 75% to 86%, and (3) forecasting results for the next 20 days using ELM, obtained information that the number of cases will continue to increase to the point where the cumulative movement of the individual (cases) confirmed COVID-19 is stable (no trend).*

**Keywords:** COVID-19, reproductive number, vaccination coverage, forecasting.

## PENDAHULUAN

Penyakit Novel Coronavirus 2019 (COVID-19) adalah penyakit menular yang disebabkan oleh SARS-CoV-2, salah satu jenis coronavirus [6]. Virus ini dapat menyebabkan Pneumonia, yaitu peradangan pada jaringan Paru yang menyebabkan gangguan pertukaran oksigen, akibatnya pernapasan menjadi sesak. Penderita COVID-19 dapat mengalami demam, batuk kering, dan kesulitan bernapas.

COVID-19 telah menyebar ke 196 Negara, sebanyak 414,179 kasus terkonfirmasi positif dan sebanyak 18,440 meninggal dunia dari kasus terkonfirmasi positif [13]. Sementara itu, COVID-19 pertama kali terkonfirmasi di Indonesia pada 2 Maret 2020 di Indonesia dan per 25 Maret telah terjadi secara kumulatif sebanyak 790 kasus terkonfirmasi positif (secara kumulatif), diantaranya 58 meninggal, 31 sembuh, dan 701 dalam perawatan [14]. Sebanyak 89.75% kasus positif COVID-19

di Indonesia berasal dari pulau Jawa, dengan Provinsi DKI Jakarta merupakan kasus positif COVID-19 terbanyak sebesar 463 kasus positif, disusul Provinsi Jawa Barat dan Banten berturut-turut sebesar 73 dan 67 kasus positif [14].

Karena transmisi COVID-19 dari manusia ke manusia telah dikonfirmasi [7] dan mobilitas manusia juga merupakan sebagai faktor penguat persebaran COVID-19, sehingga diperlukan suatu informasi dalam hal ini adalah angka reproduksi dasar COVID-19 yang berguna untuk melihat laju persebaran COVID-19 pada tahap awal. Oleh karena itu, dalam paper ini, penulis mengestimasi angka reproduksi COVID-19 dan cakupan vaksinasi serta peramalan 20 hari kedepan, yang berguna sebagai untuk langkah antisipasi pandemik COVID-19.

## METODE

### Sumber Data

Data yang digunakan dalam penelitian ini adalah data harian jumlah kumulatif kasus terkonfirmasi positif COVID-19 di Indonesia per yang bersumber dari [www.covid19.go.id](http://www.covid19.go.id).

### Angka Reproduksi Dasar ( $R_0$ )

Angka reproduksi dasar adalah rata-rata banyaknya individu rentan yang terinfeksi (kasus sekunder) secara langsung oleh individu lain yang telah terinfeksi (kasus primer) dalam populasi yang masih rentan [5]. Jadi,  $R_0$  mengandung informasi penyebaran wabah penyakit menular. Jika  $R_0 < 1$ , mengindikasikan bahwa suatu penyakit menular pada suatu ketika tidak akan berhenti mewabah bahkan menghilang dengan sendirinya (Titik ekuilibrium non-endemik tersebut ini bersifat stabil global asimtotik, artinya untuk setiap jumlah individu yang terinfeksi pada awal waktu namun seiring waktu akan hilang dengan sendirinya). Namun, jika  $R_0 > 1$ , mengindikasikan bahwa maka jumlah individu terinfeksi akan terus bertambah hingga mencapai titik ekuilibriumnya.  $R_0$  tidak mencerminkan pergerakan epidemic dari waktu ke waktu (time varying).  $R_0$  adalah suatu angka reproduksi ketika tidak ada kekebalan dari paparan atau vaksinasi sebelumnya, atau tidak ada intervensi yang disengaja untuk pengendalian penularan penyakit.

### Angka Reproduksi ( $R$ )

Angka Reproduksi ( $R$ ) merujuk pada angka reproduksi efektif dimana terdapat intervensi ataupun imunitas pada penyakit menular tersebut [ $R$ }. Angka reproduksi efektif ( $R$ ) adalah jumlah rata-rata kasus sekunder terinfeksi pada populasi yang terdiri dari inang yang rentan dan yang tidak rentan. Ketika individu-individu homogen dan bercampur secara seragam,  $R$  didefinisikan sebagai jumlah rata-rata infeksi yang dihasilkan selama periode pada satu infeksi. Jika  $R > 1$ , maka jumlah kasus akan meningkat, seperti pada awal epidemi. Namun, jika  $R < 1$ , maka mengindikasikan penurunan jumlah kasus.

### Metode Estimasi Angka Reproduksi

Berikut beberapa metode estimasi angka reproduksi, yaitu

#### - Pendekatan Model Susceptibel Infected Recovered (SIR)

Pada model ini, populasi dibagi menjadi 3 kelompok, yaitu *Susceptible* ( $S$ ), *Infected* ( $I$ ), dan *Recovered* ( $Rec$ ). Total keseluruhan populasi adalah  $N = S + I + Rec$ . *Susceptible* ( $S$ ) dalam pemodelan SIR merupakan individu yang tidak terinfeksi tetapi dapat tertular oleh penyakit, sehingga golongan ini memiliki kemungkinan untuk terinfeksi dan berpindah ke kelas *Infected* ( $I$ ). *Infected* ( $I$ ) merupakan individu yang dapat menularkan penyakit pada individu *susceptible* (rentan). Waktu yang diperlukan oleh penderita infeksi penyakit disebut periode penyakit. Setelah melalui periode penyakit, maka individu akan sembuh dan berpindah ke kelas *Recovered* ( $Rec$ ). *Recovered* ( $Rec$ ) merupakan individu yang telah sembuh dari penyakit atau kebal dalam kehidupannya. Asumsi dalam model ini adalah: (1). Populasi konstan ( $Z$ ), (2). Laju kelahiran sama dengan laju kematian, (3). Perubahan individu susceptible dan infected proporsional terhadap jumlah populasi, (4). Individu yang terinfeksi diasumsikan dapat kembali sembuh dengan peluang

konstan sepanjang waktu, (5) kecepatan konstan dalam hal transmisi penularan dan pemulihan, dan (6). Diasumsikan juga bahwa sekali seorang individu telah terinfeksi dan kemudian telah pulih, maka individu tersebut tidak akan terjangkit kembali karena adanya kekebalan tubuh yang kuat.

Model SIR sebagai berikut [8]:

$$\frac{ds}{dt} = -\theta\tilde{S}\tilde{I} \quad (1)$$

$$\frac{d\tilde{I}}{dt} = \theta\tilde{S}\tilde{I} - v\tilde{I} \quad (2)$$

$$\frac{d\tilde{R}}{dt} = v\tilde{I} \quad (3)$$

$$\tilde{S} = \frac{S}{Z}, \tilde{I} = \frac{I}{Z}, \tilde{R} = \frac{Rec}{Z}$$

dengan  $\theta = \tau\bar{c}$  adalah kecepatan kontak efektif,  $v$  adalah kecepatan pemulihan (*Recovered*). Diasumsikan kecepatan kontak dan kecepatan pemulihan konstan. Ini berarti rata-rata durasi infeksi ( $d$ ) adalah  $d = v^{-1}$ .

Epidemi terjadi jika banyak individu yang terinfeksi meningkat, yang berarti  $d\tilde{I}/dt > 0$ .

$$\theta\tilde{S}\tilde{I} - v\tilde{I} > 0$$

$$\frac{\theta\tilde{S}\tilde{I}}{v} > \tilde{I} \quad (4)$$

Pada tahap awal epidemi, diasumsikan semua individu rentan tertular ( $\tilde{S} = 1$ ) sehingga persamaan (4) menjadi:

$$\frac{\theta\tilde{I}}{v} > \tilde{I} \quad (5)$$

$$\frac{\theta}{v} = R_0 > 1, \quad (6)$$

sehingga angka reproduksi dasar adalah rasio kecepatan kontak terhadap rata-rata durasi infeksi.

#### - Exponential Growth Rate

Tingkat pertumbuhan eksponensial (*exponential growth rate*) selama fase awal wabah dapat dikaitkan dengan rasio reproduksi awal [10]. Angka reproduktif suatu penyakit dengan pendekatan EGR adalah:

$$R = \frac{1}{M(-r)} \quad (7)$$

dengan  $M(\cdot)$  adalah *moment generative function* (MGF, fungsi pembangkit momen) dari suatu distribusi tertentu, dalam hal ini adalah distribusi Gamma, sedangkan  $r$  adalah tingkat pertumbuhan yang didefinisikan oleh perubahan per individu (orang) dalam banyaknya kasus baru per unit waktu. Parameter  $r$  diestimasi dengan regresi Poisson.

#### - Maximum Likelihood

Diasumsikan bahwa banyaknya kasus sekunder yang terjadi mengikuti distribusi Poisson. Misalkan diberikan  $N_0, N_1, \dots, N_T$  kasus terjadi selama unit waktu berurutan dan  $w$  adalah parameter dari

suatu *generation time distribution*<sup>1</sup>, maka angka reproduksi efektif diestimasi dengan memaksimalkan fungsi *likelihood* ( $LL(R)$ ) [12].

$$R = \text{Maximum } (LL(R)) = \text{Maximum } \left( \sum_{t=1}^T \log \frac{e^{-\mu_t} \mu_t^{N_t}}{N_t!} \right) \quad (8)$$

dengan

$$\mu_t = R \sum_{i=1}^t N_{t-1} w_i \quad (9)$$

$w$  diestimasi dengan memaksimalkan fungsi *likelihood* dari *generation time distribution*.

#### - Time Dependent

Metode time dependent [11] digunakan untuk menghitung angka reproduksi dengan mencari nilai mean dari semua jaringan transmisi yang berkorespondensi dengan kasus yang diobservasi.

$$R_t = \frac{1}{N_t} \sum_{\{t_j=t\}} R_j \quad (10)$$

dengan

$$R_j = \sum_j p_{ij} \quad (11)$$

$$p_{ij} = \frac{N_i w(t_i - t_j)}{\sum_{i \neq k} N_i w(t_i - t_k)} \quad (12)$$

Anggap individu (kasus)  $i$  dan individu (kasus)  $j$  pada masing-masing waktu  $t_i$  dan  $t_j$ , probabilitas transmisi infeksi dari kasus  $i$  kepada kasus  $j$ .

#### - Bayesian Sequential

Pada metode ini diasumsikan  $R$  adalah sebuah variabel random dari sebuah distribusi tertentu. Oleh sebab itu dibutuhkan suatu informasi atas distribusi  $R$  yang disebut *prior* [1].

$$P(R|N_0, \dots, N_{t+1}) = \frac{P(N_{t+1}|R, N_0, \dots, N_t)P(R|N_0, \dots, N_t)}{P(N_0, \dots, N_{t+1})} \quad (13)$$

$P(R|N_0, \dots, N_{t+1})$  adalah distribusi posterior dari  $R$ ,  $P(N_{t+1}|R, N_0, \dots, N_t)$  adalah fungsi likelihood dari  $N_{t+1}$  (dengan  $N_{t+1}$  berdistribusi Poisson dengan mean  $N_t e^{(\gamma(R-1))}$  dan  $\gamma^{-1}$  adalah durasi rata-rata periode infeksi), dan  $P(R|N_0, \dots, N_t)$  adalah distribusi prior dari  $R$ . Dari persamaan (13) dapat diketahui bahwa distribusi prior yang digunakan pada untuk waktu  $t$  merupakan distribusi posterior  $R$  pada waktu  $t-1$ . Estimasi Bayesian dari  $R$  adalah mean dari distribusi posterior  $R$  dengan catatan telah terjadi konvergensi pada persamaan (13).

### Cakupan Vaksinasi ( $V$ )

Cakupan vaksinasi dihitung berdasarkan angka reproduksi, baik dari  $R_0$  maupun  $R$ , yaitu sebagai berikut [2]:

$$V_{R_0} = 1 - \frac{1}{R_0}$$

$$V_R = 1 - \frac{1}{R}$$

$V_{R_0}$  dan  $V_R$  adalah proporsi individu yang harus divaksin.

<sup>1</sup> Gap waktu (jeda waktu) antara infeksi dari kasus primer dengan infeksi kasus sekunder, dimana kasus sekunder disebabkan tertular dari kasus primer. Diasumsikan serial interval (hari) penularan COVID-19 di Indonesia sama dengan kasus di Cina, dengan mean sebesar 7.5 hari dan standar deviasi sebesar 3.4 hari, serta distribusi serial interval berdistribusi Gamma [9].

## Extreme Learning Machine (ELM)

Dalam meramalkan<sup>2</sup> dengan input series data pendek, dalam hal ini jumlah kumulatif kasus COVID-19 di Indonesia, penulis menggunakan ELM. *Extreme learning machine* adalah sebuah algoritma pembelajaran untuk *feedforward neural network* dengan lapisan tunggal tersembunyi (*single hidden layer feedforward neural network*). ELM digunakan untuk pelatihan *single hidden layer feedforward neural network* (SLFN) dapat secara adaptif mengatur banyaknya neuron pada hidden layer dan secara acak menetapkan penimbang (*weight*) input  $\mathcal{W}$  dan bias  $b_i$  pada hidden layer, penimbang *hidden layer* diperoleh dengan metode *least square* [4].

Misalkan dilakukan proses pelatihan sebuah SLFN dengan  $\mathcal{K}$  *hidden neuron* dan sebuah vektor fungsi aktivasi  $\mathcal{g}(\check{x}) = (\mathcal{g}_1(\check{x}), \mathcal{g}_2(\check{x}), \dots, \mathcal{g}_{\mathcal{K}}(\check{x}))$  untuk proses pembelajaran  $\mathcal{N}$  sampel  $(\check{x}_i, \mathcal{p}_i)$ , dengan  $\check{x}_i = [\check{x}_{i1}, \check{x}_{i2}, \dots, \check{x}_{in}]'$  dan  $\mathcal{p}_i = [\mathcal{p}_{i1}, \mathcal{p}_{i2}, \dots, \mathcal{p}_{in}]'$ . Jika SLFN dapat mengaproksimasi  $\mathcal{N}$  sampel tersebut tanpa eror (zero error), maka:

$$\sum_{j=1}^{\mathcal{N}} \|\mathcal{y}_j - \mathcal{p}_j\| = 0, \quad (14)$$

dengan  $\mathcal{y}_j$  adalah nilai aktual output dari SLFN. Terdapat juga parameter  $\beta_i = [\beta_{i1}, \dots, \beta_{im}]'$ ,  $\mathcal{w}_i = [\mathcal{w}_{i1}, \dots, \mathcal{w}_{im}]'$  dan  $b_i$  yang saling dihubungkan dalam:

$$\sum_{i=1}^{\mathcal{K}} \beta_i \mathcal{g}_i(\mathcal{w}_i \check{x}_j + b_i) = \mathcal{p}_j, \quad j = 1, \dots, \mathcal{N}, \quad i = 1, \dots, \mathcal{K} \quad (15)$$

$\mathcal{w}_i$  adalah vektor penimbang yang mengkoneksikan *hidden neuron* ke-  $i$ ,  $\beta_i$  adalah vektor penimbang yang menghubungkan *hidden neuron* ke-  $i$  dan *output neuron*, dan  $b_i$  adalah nilai ambang pada *hidden neuron* ke-  $i$ . Persamaan (15) dapat ditulis menjadi:

$$\mathbf{H}\beta = \mathcal{T} \quad (16)$$

dengan  $\mathbf{H} = \{h_{ij}\}$  adalah matriks output dari *hidden layer*,  $h_{ij} = \mathcal{g}(\mathcal{w}_j \check{x}_i + b_j)$  melambangkan output dari hidden neuron ke-  $j$  yang bersesuaian dengan  $\check{x}_i$ ,  $\beta = [\beta_1, \dots, \beta_{\mathcal{K}}]$  adalah matriks penimbang output, dan  $\mathcal{T} = [\mathcal{p}_1, \dots, \mathcal{p}_{\mathcal{N}}]'$  adalah matriks target.

Penentuan penimbang output (penimbang yang menghubungkan hidden layer ke output) sesederhana dengan menemukan solusi kuadrat terkecil (*least square*) pada sistem linear yang diberikan. Solusi dari sistem linear (16) adalah:

$$\hat{\beta} = \mathbf{H}^+ \mathcal{T} \quad (17)$$

dengan  $\mathbf{H}^+$  adalah matriks Moore-Penrose *generalized inverse* dari  $\mathbf{H}$ . Solusi dari persamaan (16) adalah unik dan memiliki jarak terpendek dibandingkan solusi lainnya. Sebagaimana pada referensi [4], ELM cenderung menghasilkan kinerja baik secara umum seiring peningkatan kecepatan pembelajaran dengan menggunakan metode Moore-Penrose *Generalized Inverse*.

Algoritma ELM<sup>3</sup> dapat diringkas menjadi empat langkah, yaitu:

1. Definisikan banyaknya *hidden neuron* ( $\mathcal{K}$ ), kemudian tentukan secara acak nilai inisial untuk  $\beta_i$  dan  $b_i$ .
2. Kalkulasikan matriks  $\mathbf{H}$ .
3. Berdasarkan persamaan (17), hitunglah penimbang output  $\hat{\beta}$ .
4. Kemudian hasil peramalan  $\hat{\mathcal{T}}$  dihitung dengan:

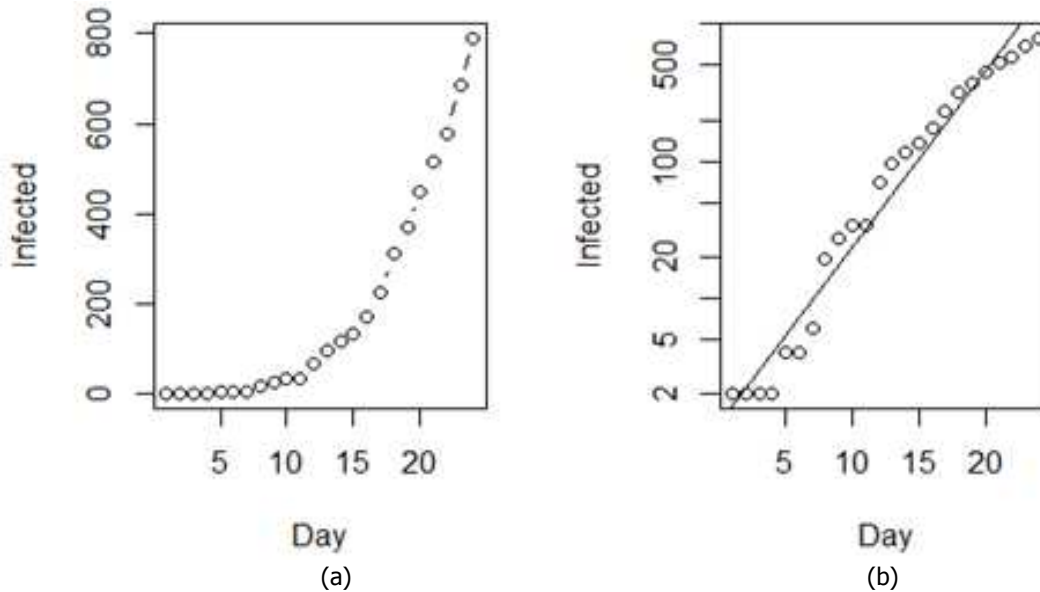
$$\hat{\mathcal{T}} = \mathbf{H} \hat{\beta} \quad (18)$$

<sup>2</sup> Penulis melakukan peramalan jumlah kumulatif kasus COVID-19 pada 20 hari ke depan sejak data terakhir diperoleh.

<sup>3</sup> Dalam proses algoritma penulis menerapkan 10000 iterasi dengan set.seed(1986), dan penentuan jumlah *hidden layer* maupun banyaknya *neuron* dilakukan secara otomatis oleh package R nfnfor.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Perkembangan jumlah individu terkonfirmasi positif penularan COVID-19 di Indonesia sejak diumumkan 2 Maret 2020 hingga 25 Maret 2020 meningkat drastis, pola pergerakan jumlah akumulatif individu terkonfirmasi positif meningkat secara eksponensial (lihat gambar 1.(a)). Hal ini mengindikasikan penularan COVID-19 begitu cepat.



Gambar 1. (a). plot jumlah kumulatif orang yang terinfeksi COVID-19 (data asli) per hari, (b). plot jumlah kumulatif individu (kasus) yang terinfeksi COVID-19 (data ditransformasi dengan  $\log_{10}$ ) per hari

Untuk melihat perkembangan COVID-19, salah satunya dengan informasi angka reproduksi sebagai indikatornya. Berikut estimasi angka reproduksi COVID-19 dengan berbagai metode yang disajikan pada tabel 1 berikut:

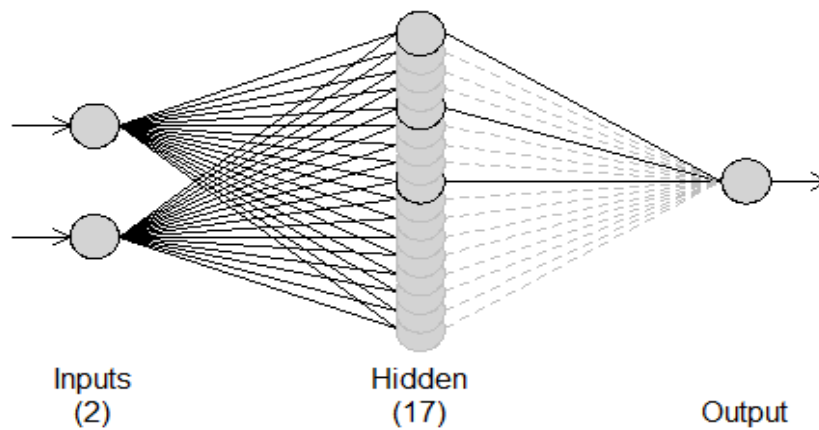
Tabel 1. Hasil Estimasi Angka Reproduksi

Metode	$R_0$	$R$	$V_{R_0}$	$V_R$
Model SIR	1.728462		0.421451	
Exponential Growth Rate		4.655613		0.785206
Maximum Likelihood		4.143258		0.758644
Time Dependent		5.667372		0.823551
Bayesian Sequential		2.891739		0.854187

sumber: penulis

Berdasarkan tabel 1 dapat diperoleh informasi bahwa nilai  $R_0$  adalah 1.728 dan nilai  $R$  berkisar antara 2.892 hingga 5.667 (gabungan dari empat metode). Walaupun demikian, angka reproduksi COVID-19 bernilai lebih dari 1, artinya bahwa jumlah individu terinfeksi COVID-19 akan semakin meningkat hingga suatu saat nanti akan mencapai titik stabil. Interpretasi lainnya adalah bahwa COVID-19 telah mewabah dan makin menyebar. Namun, sebelum mencapai titik ekuilibrium perlu dilakukan intervensi agar kondisi tersebut lebih cepat tercapai. Oleh karena itu, banyaknya individu yang perlu dilakukan vaksinasi (jika para ahli menemukan vaksin COVID-19) berdasarkan  $R_0$  ( $V_{R_0}$ ) adalah sebesar 42.145%, dan cakupan vaksinasi ( $V_R$ ) berdasarkan  $R$  dari empat metode berkisar antara 75% hingga 86%.

Dalam proses peramalan, struktur ELM yang terbentuk adalah dua *neuron input*, satu *hidden layer* terdiri atas 17 *neuron*, dan satu output, seperti divisualkan gambar 2



Gambar 2. Struktur ELM yang digunakan dalam peramalan

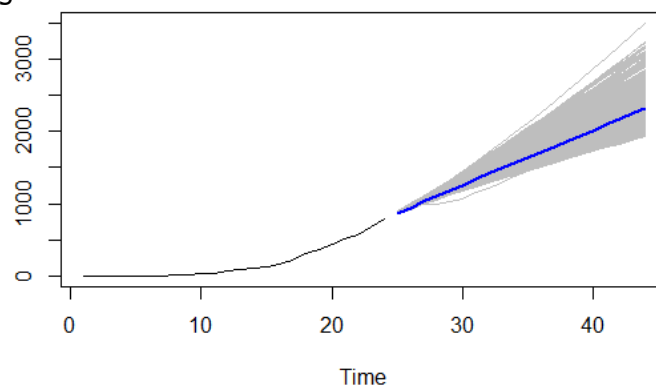
Struktur ELM ini memberikan nilai MSE (berdasarkan data input terhadap data prediksinya) sebesar  $\beta$ . Adapun hasil peramalan Berdasarkan hasil pembahasan dapat ditarik kesimpulan bahwa  $\beta$  yang diturunkan dari median memiliki MSE sebesar 299.2519 dan hasil peramalan jumlah kumulatif kasus COVID-19 untuk 20 hari ke depan adalah sebagai berikut:

Tabel 2. Hasil Peramalan Jumlah Kumulatif Individu (kasus) Terkonfirmasi Positif COVID-19

Tanggal	Jumlah individu (kasus) kumulatif	Tanggal	Jumlah individu (kasus) kumulatif
3/26/2020	869	4/5/2020	1638
3/27/2020	943	4/6/2020	1714
3/28/2020	1024	4/7/2020	1789
3/29/2020	1106	4/8/2020	1864
3/30/2020	1183	4/9/2020	1938
3/31/2020	1259	4/10/2020	2013
4/1/2020	1335	4/11/2020	2088
4/2/2020	1412	4/12/2020	2163
4/3/2020	1488	4/13/2020	2238
4/4/2020	1563	4/14/2020	2313

sumber: penulis

Berdasarkan hasil peramalan untuk 20 hari ke depan dengan menggunakan ELM, diperoleh informasi bahwa jumlah kasus ini akan terus meningkat (secara visual disajikan pada gambar 3). Hal ini berkoherensi dengan angka reproduksi pada pembahasan sebelumnya. Pada Tabel 2 diperoleh informasi pada 28 Maret 2020 diramalkan jumlah kumulatif individu (kasus) terkonfirmasi COVID-19 mencapai angka ribuan. Indikasi penyebaran COVID-19 menurun bahkan berhenti, jika jumlah kumulatif individu (kasus) terkonfirmasi COVID-19 stabil (terbentuk garis horizontal, tidak trend meningkat) seiring waktu.



Gambar 3. Visual peramalan jumlah kumulatif (kasus) terkonfirmasi positif COVID-19 untuk 20 hari ke depan. Garis biru menunjukkan nilai peramalan.



## KESIMPULAN

Berdasarkan hasil pembahasan dapat ditarik kesimpulan bahwa nilai  $R_0$  adalah 1.728 dan nilai  $R$  berkisar antara 2.892 hingga 5.667, artinya bahwa jumlah individu terinfeksi COVID-19 akan semakin meningkat hingga suatu saat nanti akan mencapai titik stabil. Banyaknya individu yang perlu dilakukan vaksinasi (jika para ahli menemukan vaksin COVID-19) berdasarkan  $R_0$  ( $V_{R_0}$ ) adalah sebesar 42.145% (dari model SIR) dan cakupan vaksinasi berdasarkan  $R$  ( $V_R$ ) dari empat metode berkisar antara 75% hingga 86%. Berdasarkan hasil peramalan untuk 20 hari ke depan dengan menggunakan ELM, diperoleh informasi bahwa jumlah kasus ini akan terus meningkat sampai pada titik dimana pergerakan jumlah kumulatif individu (kasus) terkonfirmasi COVID-19 stabil (tidak ada trend)

## DAFTAR PUSTAKA

1. Bettencourt, L. M. A., Ribeiro, R. M. 2008. Real time bayesian estimation of the epidemic potential of emerging infectious diseases. PLoS One, 3(5): e2185. DOI:10.1371/journal.pone.0002185.
2. Bridges, C. B., Harper, S. A., Fukuda, K., Uyeki, T. M., Cox, N. J., Singleton, J.A. 2004. Prevention and control of influenza. Recommendations of the advisory committee on immunization practices (ACIP). MMWR Recomm Rep 53(RR-6): 1-40.
3. Chen, N., Zhou, M., Dong, X., Qu, J., Gong, F., et al. 2020. Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in Wuhan, China: a descriptive study. The Lancet 395 (10223): 507–513. DOI:10.1016/S0140-6736(20)30211-7.
4. Ding, S., Zhao, H., Zhang, Y., Xu, X., Nie, Ru. 2013. Extreme learning machine: algorithm, theory and applications. Artificial Intelligence Review 44(1): 103-115.
5. Giesecke, J. 2002. *Modern Infectious Disease Epidemiology, second edition*. Florida: CRC Press.
6. Gorbalenya, A. E., Baker, S. C., Baric, R.S., de Groot, R. J., Drosten, C., et al. 2020. Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: The species and its viruses - a statement of the Coronavirus Study Group. biorXiv. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.02.07.937862>.
7. Huang, C. L., Wang, Y. M., Li, X. S., Ren, L. L., Zhao, J. P., et al. 2020. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. The Lancet 395 (10223): 497-506. DOI:[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(20\)30183-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(20)30183-5)
8. Jones, J. H. 2007. Notes on  $R_0$ . <https://web.stanford.edu/~jhj1/teachingdocs/Jones-on-R0.pdf>
9. Li, Q., Guan, X. H., Wu, P., Wang, X. Y., Zhou, L., Tong, Y. Q., et al. 2020. Early transmission dynamics in Wuhan, China of novel coronavirus-infected pneumonia. New England Journal of Medicine. DOI: 10.1056/NEJMoa2001316
10. Wallinga. J., Lipsitch, M. 2007. How generation intervals shape the relationship between growth rates and reproductive numbers. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 274(1609): 599-604.
11. Wallinga, J., Teunis, P. 2004. Different epidemic curves for severe acute respiratory syndrome reveal similar impacts of control measures. American Journal of Epidemiology 160 (6): 509-516.

12. White, L.F., Wallinga, J., Finelli, L., Reed, C., S. Riley, S., Lipsitch, M., Pagano, M. 2009. Estimation of the reproductive number and the serial interval in early phase of the 2009 Influenza A/H1N1 pandemic in the USA. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 3(6): 267-276.
13. WHO. 2020. Coronavirus disease 2019 (COVID-19) Situation Report–65. [https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200325-sitrep-65-covid-19.pdf?sfvrsn=2b74edd8\\_2](https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200325-sitrep-65-covid-19.pdf?sfvrsn=2b74edd8_2)
14. [www.covid19.go.id](http://www.covid19.go.id). Diakses 25 Maret 2020 pukul 18:00 WIB