

BAB 2

TINJAUAN PUSTAKA

Pada bab ini, akan dijelaskan tinjauan pustaka yang dijadikan landasan teori dan acuan dalam mengerjakan penelitian.

2.1 COVID-19

Virus korona sebenarnya sudah mulai diidentifikasi pada pertengahan tahun 1960an. Namun, virus korona saat itu, secara umum, hanya menyebabkan demam biasa. Virus korona mulai menjadi infeksi yang mematikan setelah *zoonotic coronaviruses* menyerang manusia pertama kali pada Februari 2003 yang menyebabkan penyakit SARS (*Severe Acute Respiratory Syndrome*) yang menyebar melalui kucing (Tahrus, 2020).

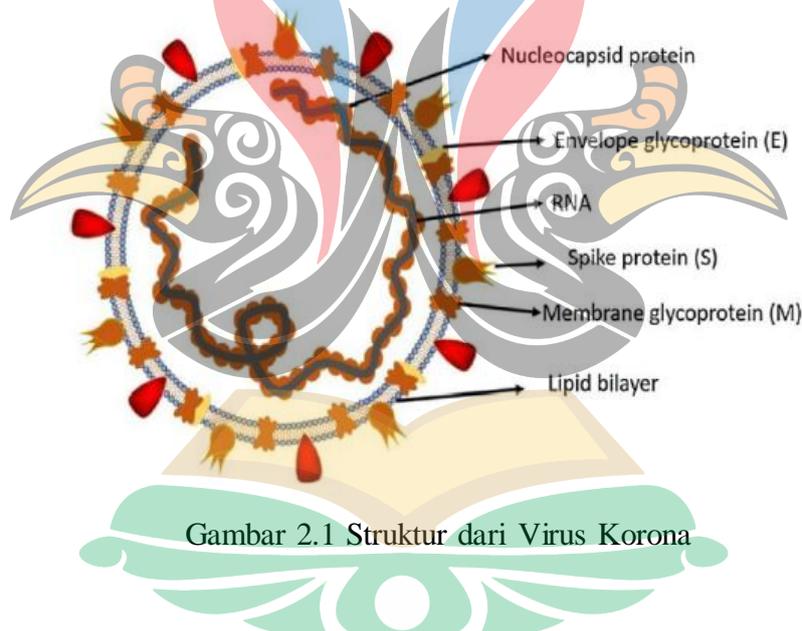
Virus korona berukuran kecil (memiliki diameter 65-125 nm) dan mengandung untaian RNA tunggal sebagai bahan nukleat, ukurannya berkisar 26-32 kbs pada satuan panjang. Virus ini awalnya hanya menginfeksi hewan sampai dunia dikagetkan bahwa virus ini menyerang manusia dan mengakibatkan penyakit pernafasan akut yang parah disebabkan oleh SARS-CoV pada tahun 2002 di Guangdong, Cina. Hanya satu dekade kemudian, jenis lain dari virus korona, yaitu MERS-CoV muncul di Timur Tengah.

Pada akhir 2019, China mengalami wabah virus korona baru yang menewaskan lebih dari 1.800 orang dan menginfeksi lebih dari 70.000 orang dalam kurun waktu 50 hari pertama epidemi. Virus ini dilaporkan menjadi kelompok virus korona baru, virus tersebut diberi nama virus korona Wuhan atau novel virus korona 2019 (2019-nCoV) oleh para peneliti di China. *International Commite on Taxonomy of Viruses* (ICTV) menamai virus ini sebagai SARS-CoV-2 dan penyakitnya sebagai COVID-19.

Sejarah mengatakan SARS-CoV pada tahun 2003 menginfeksi sekitar 8.098 orang dengan tingkat kematian 9% pada 26 negara di dunia. Pada sisi lain, COVID-19 menginfeksi 120.000 orang dengan tingkat kematian 2,9% pada 109 negara hingga Maret 2020. Hal tersebut menunjukkan bahwa laju transmisi

SARS-CoV-2 lebih tinggi dari SARS-CoV dan disebabkan oleh peristiwa rekombinasi genetik dari SARS-CoV-2 yang telah meningkatkan kemampuan transmisinya (Shereen dkk., 2020).

Pada tahun 2003, penduduk China mulai terinfeksi virus yang menyebabkan SARS di provinsi Guangdong. Virus ini dikonfirmasi sebagai anggota β -coronavirus dan diberi nama SARS-CoV. Struktur dari virus korona ditunjukkan pada Gambar 2.1. Pasien yang terinfeksi menunjukkan gejala pneumonia dengan alveolar yang menyebar di mana menyebabkan *Acute Respiratory Distress Syndrome* (ARDS). Awalnya penyakit SARS muncul di Guangdong, China dan kemudian menyebar cepat di seluruh dunia dengan lebih dari 8.000 orang yang terinfeksi dan 776 orang meninggal dunia (Shereen dkk, 2020).



Satu dekade kemudian pada tahun 2012, sepasang warga negara Arab Saudi didiagnosis terinfeksi virus korona lain. Virus yang terdeteksi dikonfirmasi sebagai anggota virus korona dan dinamai *Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus* (MERS-CoV). Organisasi kesehatan dunia melaporkan bahwa MERS-coronavirus menginfeksi lebih dari 2.428 orang dan membuat 838 orang meninggal dunia. MERS-CoV adalah subkelompok anggota β -coronavirus. Infeksi MERS-CoV dimulai dari cedera pernafasan atas ringan sementara, di mana perkembangannya menyebabkan penyakit pernafasan parah. Kesamaan

dengan SARS-CoV adalah pasien yang terinfeksi MERS-CoV menderita pneumonia dan diikuti dengan ARDS serta gagal ginjal.

Akhir tahun 2019, WHO diberitahu oleh pemerintah China tentang beberapa kasus pneumonia dengan etiologi asing. Wabah itu dimulai dari pasar makanan laut Hunan di Wuhan, China dan dengan cepat menginfeksi lebih dari 50 orang. Hewan hidup sering dijual di pasar makanan laut Hunan seperti kelelawar, katak, ular, burung, marmot dan kelinci. Pada 12 Januari 2020, Komisi Kesehatan Nasional Tiongkok merilis rincian lebih lanjut mengenai epidemi pneumonia. Dari analisis, berdasarkan urutan isolasi pasien, virus itu diidentifikasi sebagai *novel coronavirus* (nCoV). Bahkan, urutan genetik juga disediakan untuk diagnosis virus ini. Awalnya diduga pasien terinfeksi pneumonia yang diinduksi *coronavirus* di China mungkin telah mengunjungi pasar makanan laut di mana hewan hidup dijual atau menjadikan hewan hidup yang terinfeksi virus untuk dikonsumsi.

Kemudian investigasi selanjutnya mengungkapkan bahwa beberapa orang tertular bahkan tanpa catatan telah mengunjungi pasar makanan laut tersebut. Pengamatan ini menunjukkan bahwa virus ini memiliki kemampuan penyebaran dari manusia ke manusia yang kemudian dilaporkan lebih dari 100 negara di dunia. Penyebaran dari manusia ke manusia terjadi karena kontak dekat dengan orang yang terinfeksi, terkena batuk, bersin, tetesan pernafasan (*droplet*). Hal tersebut dapat menembus tubuh manusia melalui inhalasi pada hidung atau mulut (Shereen dkk., 2020).

2.2 Model Penyebaran Penyakit

Dalam memodelkan dinamika penyakit menular, dapat fokus pada populasi di mana hal tersebut terjadi. Pada model penyebaran penyakit menular, dapat diasumsikan bahwa N adalah jumlah total dari seluruh populasi dan bersifat konstan. Kemudian mengabaikan komplikasi yang mungkin terjadi dari populasi kelahiran baru atau imigrasi. Meskipun model yang lebih rumit dapat menjelaskan faktor-faktor tersebut, namun asumsi tersebut juga cukup masuk akal. Misalnya, jika memodelkan penyebaran *Brucellosis* dalam kawanan ternak selama jangka waktu tertentu, populasi ternak tidak mungkin mengalami penambahan anggota

baru. Kemudian dapat diasumsikan bahwa populasi yang diteliti bersifat homogen (semua anggota populasi berinteraksi satu sama lain pada tingkat yang sama). Hal ini berarti semua individu yang tidak terinfeksi menghadapi resiko yang sama terpapar virus penyakit dari mereka yang sudah terinfeksi.

Untuk mulai merumuskan model penyebaran penyakit pada waktu t maka jumlah populasi N dapat terbagi menjadi 3 (tiga) kategori, yaitu

S_t : Kelas yang rentan penyakit, mereka yang mungkin tertular penyakit tetapi belum terinfeksi

I_t : Kelas infeksi, mereka yang terinfeksi penyakit dan menular.

R_t : Kelas yang dihapus, mereka yang tidak bisa mendapatkan penyakit karena telah pulih secara permanen, imun yang kuat atau telah mati.

Asumsikan jumlah dari total dari setiap populasi adalah konstan maka berlaku sebagai berikut,

$$S_t + I_t + R_t = N \quad \text{untuk semua } t \quad (2.1).$$

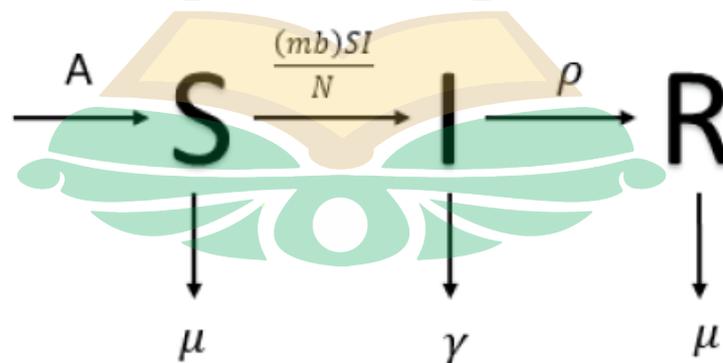
Perhitungan terhadap ukuran kelas infeksi I_t mungkin memberikan indikasi paling jelas dari wabah penyebaran penyakit, agar *epidemic* terjadi maka I_t harus meningkat. Peningkatan yang besar dalam waktu tertentu menunjukkan bahwa wabah dengan cepat menyebar, sementara peningkatan yang lebih kecil menunjukkan penyebaran lebih bertahap, sehingga besarnya perubahan dalam jumlah infeksi, ΔI , mengukur penyebaran virus dalam *epidemic*. Oleh karena itu, diharapkan grafik I_t meningkat karena semakin banyak jumlah populasi yang terinfeksi. Namun pada waktu tertentu, jika memungkinkan agar individu pulih atau sembuh sehingga kelas infeksi I_t mulai berkurang ($\Delta I \leq 0$). Kemudian, grafik I_t mulai menurun dan epidemi mulai mereda (Allman dan Rhodes, 2004).

2.3 Model SIR pada Penyebaran Penyakit COVID-19

Dalam membangun model sederhana penyebaran penyakit COVID-19 maka dapat berdasarkan tahapan-tahapan ketika seseorang yang awalnya sehat menjadi terinfeksi, dengan melibatkan tiga kompartemen dalam suatu populasi tertutup, yaitu *susceptible* (sehat tapi rentan), *infected* (positif terinfeksi), dan *recovery* (sembuh).

Sebelum mengkonstruksi model matematika pada transmisi COVID-19, akan dijelaskan asumsi yang digunakan pada model tersebut diantaranya adalah populasi yang dikaji bersifat tertutup, sehingga hanya terdapat transisi antar kompartemen, namun tidak ada migrasi populasi dari luar. Laju rekrutmen (A), peluang kontak terjadi (m), peluang banyaknya kontak terjadi (b), dan laju kesembuhan (ρ) akan ditentukan. Laju kematian alami (μ) pada kompartemen S dan R bernilai sama, sedangkan pada kompartemen I hanya terdapat laju kematian akibat penyakit (γ). Seseorang yang sudah sembuh diasumsikan tidak dapat terinfeksi kembali. Tidak adanya *treatment* dari luar seperti vaksin dan obat. Total populasi dinyatakan dengan $N = S + I + R$.

Berdasarkan asumsi-asumsi tersebut, maka dapat dibentuk diagram interaksi antar kompartemen seperti yang dijelaskan pada Gambar 2.2.



Gambar 2.2 Diagram Interaksi Antar Kompartemen

Secara matematis, diagram interaksi pada Gambar 2.2 dapat ditulis sebagai suatu sistem persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\frac{dS}{dt} = A - \frac{mb}{N}SI - \mu S, \quad (2.2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{mb}{N}SI - \rho I - \gamma I, \quad (2.3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \rho I - \mu R. \quad (2.4)$$

Pada persamaan di atas memiliki 2 (dua) titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit (*Disease Free Equilibrium*) dan titik ekuilibrium endemik (*Endemic Equilibrium*) sebagai berikut:

$$DFE = (S, I, R) = \left(\frac{A}{\mu}, 0, 0\right), \quad (2.5)$$

$$EE = (S^*, I^*, R^*) = \left(\frac{N(\rho+\gamma)}{mb}, \frac{Amb - \mu N(\rho+\gamma)}{mb(\rho+\gamma)}, \frac{\rho(Amb - \mu N(\rho+\gamma))}{mb(\rho+\gamma)\mu}\right). \quad (2.6)$$

dengan syarat eksis, yaitu $Amb > \mu N(\rho + \gamma)$ (Huda dkk., 2020).

2.4 *Travelling Wave* pada Suatu Sistem

Dalam model matematika penyebaran penyakit merupakan representasi bahwa adanya penyebaran penyakit yang terjadi pada suatu wilayah menuju wilayah yang lain. Populasi dari penyebaran penyakit dapat bertambah maupun berkurang melalui jalur-jalur khusus yang menghubungkan beberapa wilayah yang ada. Hal tersebut memungkinkan penyebaran penyakit dapat meluas dengan cepat di beberapa wilayah dan *travelling wave* dapat terjadi, di mana *travelling wave* menggambarkan suatu proses transisi. Proses transisi dari satu titik menuju titik lainnya adalah kasus yang sering muncul dalam beberapa situasi salah satunya dalam penyebaran penyakit (Volpert dkk., 2000).

Adapun langkah-langkah dalam menganalisis *travelling wave* pada suatu sistem seperti pada penelitian yang dilakukan oleh M. Nur Haqqul (2017) dengan judul penelitian “Analisis Bifurkasi dan *Travelling Wave* pada Model Penyebaran Virus Ebola”. Penelitian yang dilakukan melibatkan beberapa kompartemen atau populasi seperti $S(t)$ merupakan jumlah populasi individu yang rentan pada waktu t , $L(t)$ merupakan jumlah populasi individu *latent* yang terinfeksi pada waktu t namun belum menularkan virus, $I(t)$ merupakan populasi dari individu terinfeksi

pada waktu t yang dapat menularkan penyakit, $R(t)$ merupakan jumlah populasi individu yang mengalami proses penyembuhan dari penyakit.

Penelitian yang dilakukan juga mendefinisikan model persebaran virus ebola sebagai fluks (J) atas populasi-populasi pada sistem di mana,

$$J = -D \frac{\partial L}{\partial x}, \quad (2.7)$$

dengan $L(x, t)$ adalah jumlah populasi dari satu kelas tertentu dan D adalah koefisien difusifitas pada populasi yang konstan. Kemudian diperoleh,

$$\frac{\partial L}{\partial t} = -\frac{\partial J}{\partial x} = -\frac{\partial \left\{ -D \frac{\partial L}{\partial x} \right\}}{\partial x} = D \frac{\partial^2 L}{\partial x^2}, \quad (2.8)$$

di mana Persamaan (2.8) merupakan persamaan difusi yang selanjutnya akan ditambahkan pada model penyebaran penyakit virus ebola untuk setiap perubahan jumlah populasi.

Namun, perlu diperhatikan bahwa adanya kontak antara individu yang rentan dengan individu yang terinfeksi maupun individu *latent* dapat menyebabkan transmisi virus ebola pada individu yang rentan, namun penyebab utama penyebaran virus adalah adanya interaksi antara populasi *latent* maupun terinfeksi dalam suatu wilayah atau dari wilayah lain. Oleh karena itu, pengamatan model *travelling wave* dibatasi hanya untuk individu *latent* dan terinfeksi, sehingga dapat diasumsikan bahwa terdapat solusi dari persamaan pada individu *latent* dan terinfeksi yang berbentuk,

$$L(x, t) = L(x - ct), \quad (2.9)$$

$$I(x, t) = I(x - ct), \quad (2.10)$$

dengan c adalah kecepatan gelombang.

Pembentukan $L(u)$ dan $I(u)$ adalah langkah awal dalam melakukan analisis eksistensi *travelling wave*. Substitusi nilai $u = x - ct$ di mana merupakan

persamaan gelombang yang telah dimodifikasi terhadap persamaan pada individu *latent* dan terinfeksi dengan syarat batas yang diambil adalah sebagai berikut,

$$\frac{\partial L(0)}{\partial t} = \frac{\partial L(L)}{\partial t} = 0, \quad (2.11)$$

$$\frac{\partial I(0)}{\partial t} = \frac{\partial I(L)}{\partial t} = 0. \quad (2.12)$$

Setelah substitusi nilai u , maka didapatkan persamaan *travelling wave* atas individu L dan I , di mana persamaan tersebut akan dilinierisasi pada persekitaran 2 (dua) titik tetap yang didapatkan dari model penyebaran virus ebola dengan mensubstitusi titik tetap yang didapatkan ke dalam persamaan *travelling wave*. Hal tersebut dilakukan untuk mendapatkan sistem linier sehingga dapat diselidiki perilaku solusi dari sistem non-linier melalui sistem linier. Kemudian, untuk tahap terakhir dari analisis eksistensi *travelling wave*, yaitu mencari kecepatan minimal (c) dalam sistem yang ada (Haqqul, 2017).

2.5 Metode *Forward Time Centered Space* (FTCS)

Salah satu metode yang dilakukan untuk mengaproksimasi solusi dari masalah difusi adalah metode beda hingga *Forward Time Centered Space* (FTCS), di mana dengan memisalkan $u(x, t)$ merupakan solusi dari persamaan difusi. Metode FTCS mengaproksimasikan perubahan u terhadap waktu dengan menggunakan pendekatan beda maju atau *forward time difference*, yaitu

$$\left. \frac{\partial u}{\partial t} \right|_j^n = \frac{u_j^{n+1} - u_j^n}{\Delta t}, \quad (2.13)$$

dan perubahan u terhadap jarak atau posisi (*space*) menggunakan pendekatan beda tengah atau *centered space difference*, yaitu

$$\left. \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} \right|_j^n = \frac{u_{j+1}^n - 2u_j^n + u_{j-1}^n}{\Delta x^2}. \quad (2.14)$$

di mana indeks j merupakan representasi dari koordinat x (posisi) dan indeks n merupakan representasi dari koordinat t (waktu) (Kasbawati, 2011).

2.6 Penelitian Terdahulu

Berikut ini adalah rangkuman hasil penelitian terdahulu yang memiliki keterkaitan dengan penelitian yang telah dilakukan.

Tabel 2.1 Penelitian Terdahulu

No	Nama dan Tahun Publikasi	Hasil
1	Haqqul, 2017	<p>Metode: Analisis bifurkasi dan eksistensi <i>travelling wave</i> pada model penyebaran virus ebola.</p> <p>Hasil: Semakin besar tingkatan transmisi virus ebola maka akan semakin besar individu-individu yang mengidap penyakit ebola di mana penyebabnya adalah adanya kontak langsung antara individu yang terinfeksi dengan yang rentan penyakit.</p>
2	Huda dkk., 2020	<p>Metode: Analisis pengaruh <i>social distancing</i> pada transmisi COVID-19 dengan menggunakan model SIR.</p> <p>Hasil: Adanya jumlah kasus terinfeksi COVID-19 sebesar 43% dari populasi rentan jika tidak menerapkan <i>social distancing</i>, sedangkan ketika menerapkan <i>social distancing</i> jumlah kasus terinfeksi mencapai 32% dari populasi rentan.</p>