

Estimasi Parameter Model SIR dengan Algoritma Genetik

Darmawati¹, Wahyudin Nur², Zaiful Nur

¹Program Studi Matematika, Universitas Sulawesi Barat, Indonesia

e-mail: ¹darmath@unsulbar.ac.id, ¹wahyudin.nur@unsulbar.ac.id, ³zaifulnurmath@gmail.com

Abstrak. Model SIR merupakan salah satu model deterministik dasar dalam matematika epidemiologi. Sejak diperkenalkan oleh Kermack dan McKendrick, model deterministik terus mengalami perkembangan sesuai dengan karakteristik kasus yang dimodelkan. Perkembangan model deterministik dapat dilihat dari jumlah kompartemen, parameter, maupun teori dasar persamaan modelnya. Saat ini, model deterministik tidak hanya menggunakan persamaan diferensial biasa, namun juga menggunakan persamaan diferensial delay ataupun persamaan diferensial fraksional. Meskipun demikian, dalam beberapa kasus model klasik SIR tetap relevan digunakan untuk memperoleh gambaran penyebaran penyakit. Dalam makalah ini, penulis mengestimasi parameter model SIR menggunakan data Demam Berdarah. Model tersebut merupakan sistem persamaan diferensial biasa sehingga dalam estimasinya menggunakan metode penyelesaian persamaan diferensial biasa. Dalam hal ini, penulis menggunakan metode Runge Kutta Orde 4. Untuk optimasi nilai errornya, penulis menggunakan salah satu metode heuristik yang terkenal dengan nama algoritma genetika. Algoritma genetika yang digunakan adalah algoritma genetika biner. Selain hasil estimasi, penulis juga memberikan beberapa simulasi untuk melihat pengaruh intervensi terhadap penyebaran demam berdarah.

Kata kunci: algoritma genetika, estimasi parameter, model SIR

Abstract. The Susceptible, Infectious, Recovered SIR model is one of the basic deterministic models in mathematical epidemiology. Since it was introduced by Kermack and McKendrick, the deterministic model has continued to develop according to the characteristics of the case being modeled. The development of deterministic models can be seen from the number of compartments, parameters, and the basic theory of the model equations. At present, deterministic models do not only use ordinary differential equations, but also use differential delay equations or fractional differential equations. However, in some cases, the classic SIR model remains relevant to be used to obtain a picture of the spread of the disease. In this paper, the authors estimate the SIR model parameters using Dengue Fever data. It is a system of ordinary differential equations so in its estimation that it uses the method of solving ordinary differential equations. In this case, the author uses the Runge Kutta Order 4. For the optimization of the error value, the writer uses one of the heuristic methods which is well known as the genetic algorithm. It used a binary genetic algorithm. In addition, to the estimation results, the authors also provide several simulations to see the effect of the intervention on the spread of dengue fever.

Keywords: genetic algorithm, parameter estimation, SIR model

I. PENDAHULUAN

Pandemi telah beberapa kali terjadi sepanjang perkembangan peradaban manusia dimuka bumi. Beberapa penyakit pandemic yang pernah terjadi adalah flu Spanyol (1918-1919) yang menewaskan 50.000,000 manusia, Black Death (1346-2350) yang menewaskan sepertiga penduduk Eropa, dan smallpox [1]. Selain penyakit pandemik tersebut, ada satu penyakit yang selalu merenggut nyawa hingga jutaan manusia pertahun. Penyakit tersebut adalah Demam Berdarah. Demam berdarah adalah penyakit yang menular yang dibawa oleh vektor (nyamuk *Aedes Aegypti*). Jumlah kasus demam berdarah sangat tinggi, yakni lebih dari 50 juta kasus

dalam satu tahun [2]. Salah satu teknik untuk mempelajari fenomena penyebaran penyakit adalah dengan memodelkannya kedalam matematika. Model matematika dapat digunakan untuk memahami fenomena yang terjadi di sekeliling kita. Meskipun hasilnya tidak akurat 100%, namun model yang baik memungkinkan kita memperoleh gambaran tentang sesuatu hal sehingga dapat menjadi acuan dalam pengambilan keputusan [3].

II. MODEL MATEMATIKA DAN ALGORITMA GENETIK

Beberapa model matematika DBD telah dibahas secara mendalam oleh Andraud dalam [4]. Kebanyakan model memang melakukan analisis secara kualitatif untuk melihat

prilaku solusi model, tetapi telah ada peneliti yang melakukan estimasi parameter model dengan memanfaatkan data yang tersedia [5]. Secara garis besar, model matematika terkait penyakit demam berdarah dapat berbentuk Model Host-Vektor [6]. Pada awalnya, model Host Vektor sebenarnya digunakan untuk mengkaji penyebaran penyakit malaria [7]. Namun, prinsip dasar model ini tetap dapat digunakan dalam penyakit demam berdarah karena penyakit demam berdarah disebarkan oleh vektor nyamuk. Untuk memudahkan analisis dan estimasi parameter model, dalam makalah ini penulis menggunakan model standar (Model SIR Klasik) seperti yang digunakan dalam [5] namun dengan sedikit modifikasi. Model yang digunakan oleh penulis dalam makalah ini adalah sebagaimana berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= aN - bSI - aS \\ \frac{dI}{dt} &= bSI - fI - aI - eI \\ \frac{dR}{dt} &= fI - aR \end{aligned} \tag{1}$$

dengan tingkat kelahiran a tingkat penularan penyakit antar manusia b , tingkat kematian a , tingkat kesembuhan f , dan tingkat kematian karena sakit e . Model di atas merupakan system persamaan diferensial sehingga solusi numeriknya harus ditentukan dengan metode penyelesaian untuk persamaan diferensial. Metode yang akan digunakan adalah Metode Runge Kutta Orde 4. Diantara beberapa metode penyelesaian persamaan diferensial biasa, RK orde 4 karena memiliki akurasi yang tinggi [8] merupakan metode yang paling Adapun pada proses optimasi errornya penulis menggunakan Algoritma Genetika Biner. Algoritma biner dipilih karena banyaknya alternatif masukan awal yang bisa diubah. Meskipun demikian, algoritma biner kurang cocok digunakan untuk menaksir model yang memiliki jumlah parameter yang banyak [9].

Sebelum menghitung fungsi biaya yang dalam hal ini adalah errornya (MAPE), hal yang lebih dulu dilakukan adalah menentukan solusi model dengan menggunakan runge kutta orde 4.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

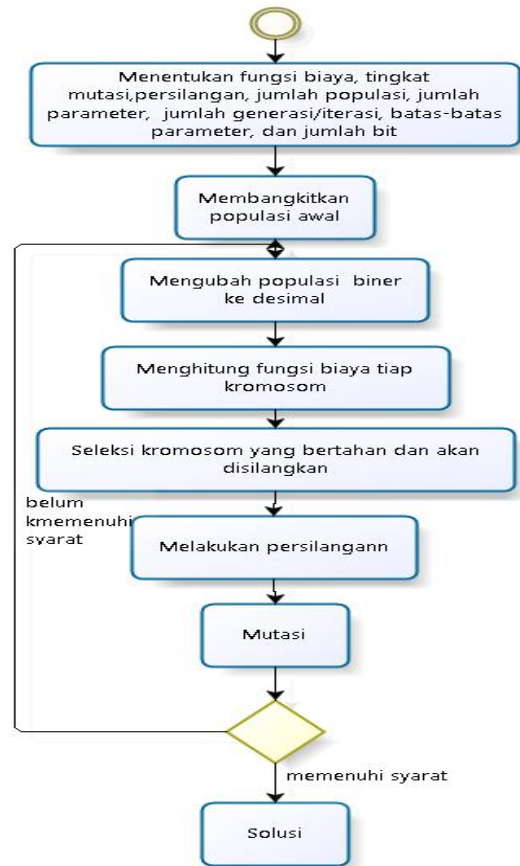
3.1 Data dan Nilai Awal

Dalam melakukan estimasi parameter, penulis menggunakan data mingguan kasus demam berdarah yang terjadi di New Caledonia yang terjadi 2018-2019 (WHO) seperti pada Tabel 1[10].

3.2 Hasil Estimasi

Berikut merupakan hasil estimasi yang dilakukan dengan memberikan perubahan pada data inputan program. Selang pencarian parameter adalah $[0,1]$. Fokus kita adalah

mencari parameter model yang akan menghasilkan solusi bersesuaian dengan data kasus DBD. Dengan kata lain, fokus kita adalah bagian error dan kesesuaian antara kurva populasi terinfeksi dengan kurva data riil nya. Hasil estimasi terbaik adalah pada estimasi ke-14.



Gambar 1. Diagram Alir Algoritma Genetika Biner

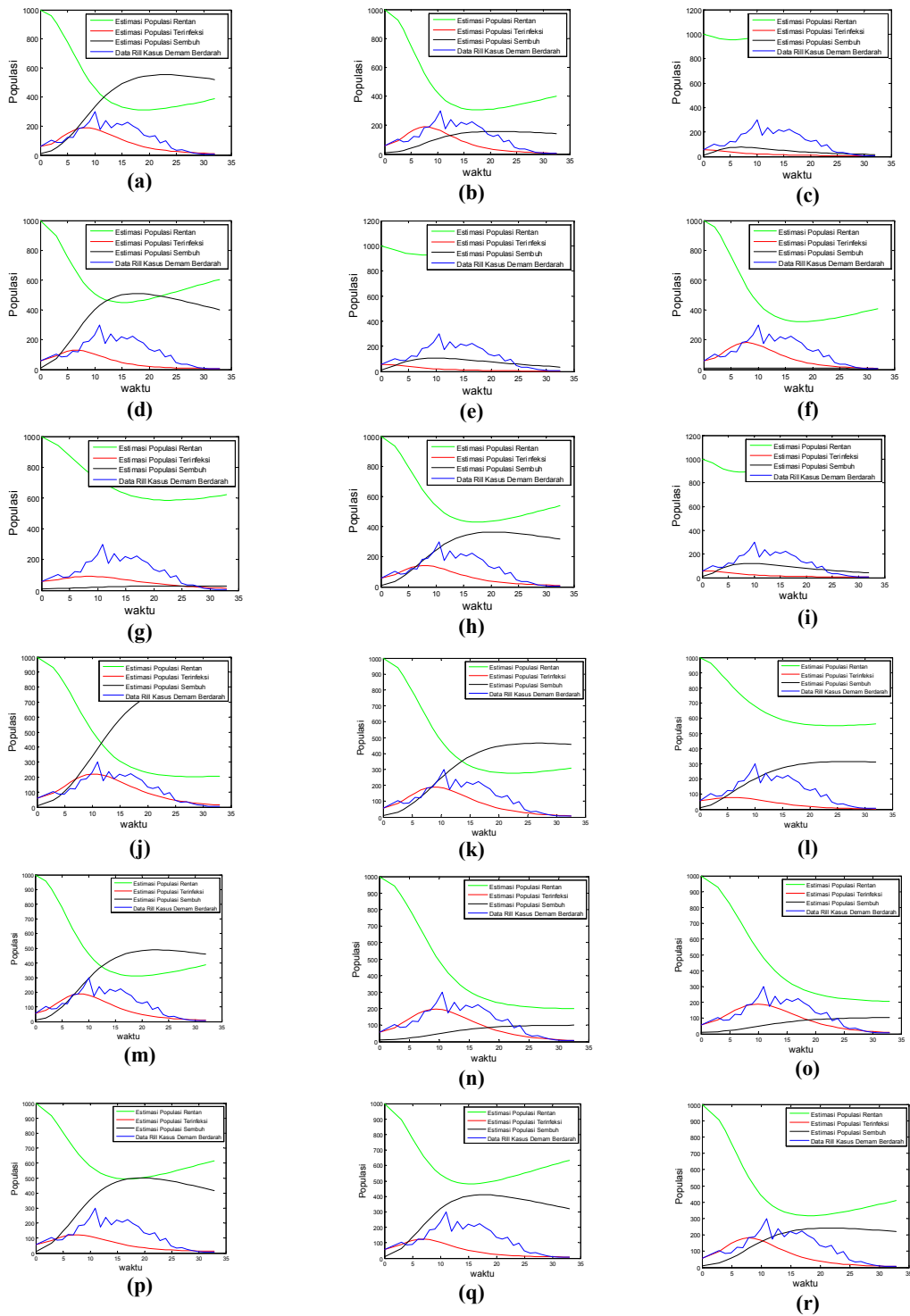
Tabel 1. Jumlah Penderita DBD di New Caledonia

Minggu ke-	Jumlah Kasus Demam Berdarah
1	58
2	103
3	86
4	88
5	123
.....
.....
19	136
20	124
21	135
22	84
.....
.....
28	15
29	11
30	6
31	6
32	6

Kita akan menggunakan $S(0)=1000$ dan $R(0)=10$.

Tabel 2. Hasil Estimasi Model

Est.	Input	Hasil Estimasi	Error	Est.	Input	Hasil Estimasi	Error
1	npop= 16 nbit= 5 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 1000 Step 1	Parameter a = 0.015625 Parameter b = 0.70313 Parameter e = 0.078125 Parameter f = 0.26563	Mape Error = 0.40241	12	npop= 128 nbit= 10 xover rate= 0.6 Muration Rate= 0.3 Generasi= 1500 Step 1	Parameter a = 0.049316 Parameter b = 0.87451 Parameter e = 0.22412 Parameter f = 0.31006	Mape Error = 0.61593
2	npop= 16 nbit= 5 xover rate= 0.4 Muration Rate= 0.2 Generasi= 1000 Step 0.5	Parameter a = 0.015625 Parameter b = 0.76563 Parameter e = 0.29688 Parameter f = 0.078125	Mape Error = 0.44499	13	npop= 16 nbit= 5 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 2000 Step 1	Parameter a = 0.015625 Parameter b = 0.70313 Parameter e = 0.10938 Parameter f = 0.23438	Mape Error = 0.40241
3	npop= 16 nbit= 5 xover rate= 0.6 Muration Rate= 0.3 Generasi= 1500 Step 1	Parameter a = 0.23438 Parameter b = 0.79688 Parameter e = 0.015625 Parameter f = 0.57813	Mape Error = 0.71678	14	npop= 16 nbit= 10 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 2000 Step 0.5	Parameter a = 0.00048828 Parameter b = 0.59814 Parameter e = 0.26123 Parameter f = 0.030762	Mape Error = 0.3255
4	npop= 32 nbit= 10 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 1000 Step 0.1	Parameter a = 0.027832 Parameter b = 0.87549 Parameter e = 0.062012 Parameter f = 0.44873	Mape Error = 0.53445	15	npop= 16 nbit= 15 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 1000 Step 0.05	Parameter a = 1.5259e-05 Parameter b = 0.56248 Parameter e = 0.25002 Parameter f = 0.031265	Mape Error = 0.34523
5	npop= 32 nbit= 10 xover rate= 0.4 Muration Rate= 0.2 Generasi= 1000 Step 0.5	Parameter a = 0.099121 Parameter b = 0.59326 Parameter e = 0.04541 Parameter f = 0.49268	Mape Error = 0.78886	16	npop= 16 nbit= 10 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.2 Generasi= 2000 Step 0.1	Parameter a = 0.031738 Parameter b = 0.74951 Parameter e = 0.022949 Parameter f = 0.42139	Mape Error = 0.52898
6	npop= 32 nbit= 10 xover rate= 0.6 Muration Rate= 0.3 Generasi= 1500 Step 1	Parameter a = 0.016113 Parameter b = 0.75049 Parameter e = 0.37549 Parameter f = 0.00048828	Mape Error = 0.4168	17	npop= 16 nbit= 10 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.1 Generasi= 3000 Step 0.01	Parameter a = 0.031738 Parameter b = 0.84424 Parameter e = 0.12549 Parameter f = 0.37549	Mape Error = 0.5361
7	npop= 64 nbit= 15 xover rate= 0.4 Muration Rate= 0.1 Generasi= 500 Step 0.1	Parameter a = 0.022476 Parameter b = 0.55412 Parameter e = 0.35567 Parameter f = 0.019608	Mape Error = 0.59234	18	npop= 16 nbit= 15 xover rate= 0.2 Muration Rate= 0.2 Generasi= 1000 Step 0.1	Parameter a = 0.01564 Parameter b = 0.75002 Parameter e = 0.25002 Parameter f = 0.12502	Mape Error = 0.45618
8	npop= 64 nbit= 15 xover rate= 0.5 Muration Rate= 0.2 Generasi= 1000 Step 0.5	Parameter a = 0.025131 Parameter b = 0.73692 Parameter e = 0.16167 Parameter f = 0.24974	Mape Error = 0.48366	-	-	-	-
9	npop= 64 nbit= 15 xover rate= 0.6 Muration Rate= 0.3 Generasi= 1500 Step 1	Parameter a = 0.12502 Parameter b = 0.85945 Parameter e = 0.1328 Parameter f = 0.57805	Mape Error = 0.69503	-	-	-	-
10	npop= 128 nbit= 10 xover rate= 0.4 Muration Rate= 0.1 Generasi= 500 Step 0.1	Parameter a = 0.003418 Parameter b = 0.55615 Parameter e = 0.0014648 Parameter f = 0.25049	Mape Error = 0.42744	-	-	-	-
11	npop= 128 nbit= 10 xover rate= 0.5 Muration Rate= 0.2 Generasi= 1000 Step 0.5	Parameter a = 0.0083008 Parameter b = 0.64502 Parameter e = 0.12549 Parameter f = 0.19189	Mape Error = 0.36997	-	-	-	-



Gambar 2. (a)-(r) pencocokan kurva estimasi ke-1-18

IV. KESIMPULAN

Model Persamaan Diferensial Penyebaran Penyakit demam Berdarah dapat diselesaikan dengan menggunakan metode Runge Kutta Orde 4. Agar dapat melakukan penaksiran parameter, Runge Kutta Orde 4 harus

dipadukan dengan metode optimasi seperti Algoritma Genetika. Menaksir parameter dengan menggunakan algoritma genetika memungkinkan untuk mencoba beberapa nilai awal parameter sekaligus dengan menambah jumlah populasi. Mutasi dapat digunakan agar

pencariannya lebih variative dan tidak terjebak pada solusi lokal.

REFERENSI

- [1] F. Brauer, "Mathematical Epideiology: Past,Present,Future," Infectious Disease Modelling, 2016.
- [2] S.B. Halstead, "Dengue: The Lancet," 370, pp. 1644-1652, 2007.
- [3] F. Giordano, First Course in Mathematical Modeling, USA: Brooks/Cole Cengage Learning, 2007.
- [4] M. Andraud, N. Hens, C. Marais, dan P. Beutels, "Dynamic Epidemiological Models for Dengue Transmission: A Systematic Review of Structural Approaches," *Plos One*, 2002.
- [5] A. Pandey, A. Mubayi, dan J. Medlock, "Comparing Vektor Host and SIR Models for Dengue Transmission," in *Mathematical Biosciences*, vol. 246, No.2, pp. 252-259, 2013.
- [6] W, Nur, H, Rachman, N. M. Abdal, M. Abdy, "SIR Model Analysis for Transmission of Dengue Fever Disease with Climate Factors Using Lyapunov Function," in Proc. ICSMTR, Makassar, Indosesia, 2018.
- [7] R. Ross , "Some Priori Pathometric equations," in *Br Med J*,1, 1915.
- [8] S.C. Chapra dan R.P. Canale, Numerical Method for Engginer, New york: McGraw Hill, 2015.
- [9] R.L. Haupt dan S.E. Haupt, Practical Genetic Algorithm, New Jersey: John Wiley & Sons, Inc., 2004.
- [10] WHO, "Dengue and severe dengue," (online) Avalaible at URL: <http://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>, (Diakses pada bulan September 2019).