

ANALISIS NUMERIK MODEL SEIQRS-V UNTUK PENYEBARAN VIRUS PADA JARINGAN KOMPUTER

Febrian Yuwono¹, Viska Noviantri², Alexander A S. Gunawan³, Heri Ngarianto⁴

^{1,2,3} Mathematics Department, School of Computer Science, Bina Nusantara University,
Jakarta, Indonesia 11480

⁴ Computer Science Department, School of Computer Science, Bina Nusantara University, Jakarta,
Indonesia 11480

E-mail: ²viskanoviantri84@gmail.com, ³aagung@binus.edu, ⁴hngarianto@gmail.com

Abstrak

Analisis penyebaran virus komputer pada jaringan dilakukan untuk memperhitungkan penggunaan anti-virus secara efektif. Dalam penelitian ini, model komplementer SEIQRS-V (Susceptible - Exposed - Infectious - Quarantined - Recovered - Vaccinated) digunakan untuk menganalisis interaksi antara penyebaran virus komputer dalam jaringan dengan penggunaan anti-virus. Dengan menerjemahkan model komplementer ini menjadi sistem persamaan differensial, dapat diperoleh kondisi jaringan di setiap waktu. Selanjutnya digunakan metode numerik Runge-Kutta Fehlberg dan metode numerik Adam Bashforth Orde 3 untuk memecahkan persamaan diferensial yang didapat dan kemudian diimplementasikan ke dalam aplikasi untuk menganalisis kondisi dan kestabilan jaringan komputer. Aplikasi analisis ini dibuat untuk menampilkan jumlah komputer pada setiap kelompok dalam bentuk tabel, grafik dua dimensi, maupun grafik tiga dimensi. Berdasarkan analisis dari simulasi yang dilakukan, dapat disimpulkan kecepatan infeksi dari virus komputer berbanding lurus oleh β (tingkat kontak virus terhadap kelompok Susceptible). Selain itu, kecepatan penyembuhan dari virus komputer berbanding terbalik dengan δ (tingkat perpindahan dari kelompok Infectious ke kelompok Quarantined) dan η (tingkat perpindahan dari kelompok Infectious ke kelompok Recovered).

Kata kunci—Model SEIQRS-V, Model Komplementer, Metode Numerik, Metode Runge-Kutta Fehlberg, Metode Adam Bashforth.

Abstract

The spread of computer viruses on the network is analyzed to consider the use of anti-virus effectively. In this research, the complementary SEIQRS-V model (Susceptible - Exposed - Infectious - Quarantined - Recovered - Vaccinated) was used to analyze the interaction between the spread of computer viruses in the network and the use of anti-virus. By converting this complementary model into a system of differential equations, network conditions can always be obtained. Furthermore, Runge-Kutta Fehlberg numerical method and the Adam Bashforth 3rd Order numerical method are used to solve the differential equations and then implemented into the application to analyze the condition and stability of computer networks. This application is made to display the number of computers in each group in the form of tables, two-dimensional graphs, and three-dimensional graphs. Based on the analysis of the simulations, it can be concluded that the speed of infection of a computer virus is directly proportional to β (the level of virus contacts with the Susceptible group). In addition, the healing speed of a computer virus is inversely proportional to δ (the rate of displacement of the Infectious group to the Quarantined group) and η (the rate of displacement from the Infectious group to the Recovered group).

Keywords —SEIQRS-V Model, Complementary Model, Numerical Methods, Runge-Kutta Fehlberg Method, Adam Bashforth Methods.

1. PENDAHULUAN

Dalam penggunaan internet, tidak hanya terdapat manfaat, tapi juga terdapat ancaman bagi para penggunanya, salah satunya adalah virus komputer. Virus komputer dapat menyerang komputer dengan berbagai cara, seperti menyembunyikan data komputer, hingga membuat komputer tidak dapat digunakan. Sebagian besar virus komputer juga tergolong menular, di mana virus tersebut dapat menyebar ke komputer lain melalui berbagai sarana, salah satunya melalui jaringan komputer.

Salah satu cara untuk mencegah dan mengatasi virus komputer adalah dengan menggunakan anti-virus. Anti-virus adalah perangkat lunak atau aplikasi yang dapat mendeteksi keberadaan virus komputer, dan menghapus virus komputer. Akan tetapi, anti-virus yang efektif memiliki biaya yang tidak rendah, sehingga penggunaan anti-virus harus diperhitungkan, terutama dalam kegiatan perusahaan. Oleh karena itu, dilakukan analisis kondisi agar dapat menggunakan anti-virus dengan jumlah yang tepat. Analisis penyebaran virus komputer pada jaringan dapat dilakukan dengan menggunakan model komplementer yang juga digunakan dalam bidang kesehatan yaitu model SIR (*Susceptible-Infected-Removed*) yang dimodifikasi dengan menggunakan komputer, yaitu model SEIQRS (*Susceptible-Exposed-Infectious-Quarantined-Removed*), dan kemudian dilengkapi anti-virus menjadi model SEIQRS-V (*Susceptible-Exposed-Infectious-Quarantined-Removed-Vaccinated*). Dalam penelitian ini, model komplementer SEIQRS-V digunakan untuk menganalisis interaksi antara penyebaran virus komputer dalam jaringan dengan penggunaan anti-virus.

2. METODE PENELITIAN

Secara garis besar, penelitian untuk menganalisis kondisi jaringan agar dapat menggunakan anti-virus dengan jumlah yang tepat adalah dengan membuat model matematis sebagai model dasar dan acuan dalam penelitian ini. Model matematis yang digunakan adalah dengan model SEIQRS-V (*Susceptible – Exposed – Infectious – Quarantined – Recovered – Vaccinated*). Selanjutnya dilakukan analisa matematis terhadap permodelan matematis yang telah dibuat dengan menentukan karakteristik model matematis yang dihadapi. Untuk mencari solusi dari model matematis yang melibatkan persamaan diferensial yang banyak maka digunakan pendekatan numerik. Selain itu pendekatan numerik selaras dengan proses pengimplementasian model matematis ke dalam sistem aplikasi, karena sistem komputer tidak dapat menyelesaikan permasalahan matematis secara analitik.

Agar dapat digunakan secara luas, maka algoritma untuk memecahkan model matematis secara numerik diimplementasikan dengan menggunakan bahasa pemrograman Python dan antar muka program dibuat dengan menggunakan Qt Designer. Sebelum melakukan eksperimen lebih lanjut, dilakukan uji validasi terlebih dahulu pada program yang dibangun terutama terkait dengan perhitungan numerik. Proses uji validasi ini menggunakan data sekunder dari jurnal. Apabila hasil dari program sudah sesuai dengan hasil pada jurnal, maka program akan dikembangkan. Sedangkan bila belum sesuai, maka akan dilakukan pengecekan ulang mulai dari pemodelan matematika. Hal ini sesuai dengan proses prototyping, di mana iterasi langkah-langkah rekayasa piranti lunak terus dilakukan hingga hasil yang diinginkan tercapai.

Dan tahap selanjutnya, program sederhana atau prototype yang sebelumnya dibuat dan divalidasi akan dikembangkan sehingga menjadi program yang lebih lengkap. Pada tahap terakhir, dilakukan proses simulasi dengan menggunakan program yang telah disusun. Proses simulasi dilakukan dengan menggunakan data sekunder dari jurnal. Hasil dari simulasi tersebut kemudian akan dianalisa dan diambil kesimpulannya.

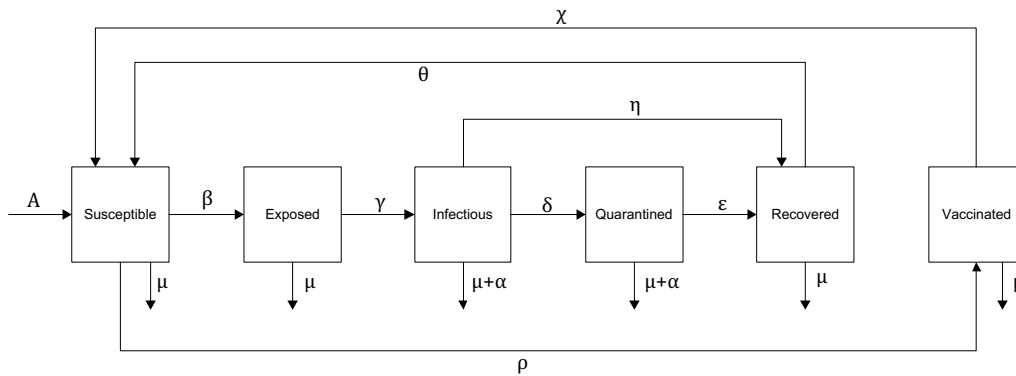
3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Model SEIQRS-V

Model komplementer SEIQRS-V merupakan modifikasi dari model komplementer SIR yang diciptakan oleh W.O. Kermack dan A.G. McKendrick (1927). Model ini mengelompokkan komputer-komputer ke dalam enam kelompok, yaitu:

- Susceptible (S): Kelompok komputer yang tidak terkena virus, namun rentan terhadap serangan virus.
- Exposed (E): Kelompok komputer yang sudah terkena virus, tapi belum menunjukkan pertanda akan menyebarkan virus ke komputer lain.
- Infectious (I): Kelompok komputer yang sudah terkena virus, dan dapat menyebarkan virus ke komputer lain pada jaringan yang sama.
- Quarantined (Q): Kelompok komputer yang dikarantina dari jaringan agar tidak menyebarkan virus ke komputer lain pada jaringan yang sama.
- Recovered (R): Kelompok komputer yang virusnya sudah dihapus, sehingga komputer tersebut sudah bebas dari virus.
- Vaccinated (V): Kelompok komputer yang sudah terpasang anti-virus, sehingga kebal terhadap virus-virus tertentu.

Setiap komputer dalam kelompok tersebut dapat berpindah dari satu kelompok ke kelompok lain, di mana jumlah dari seluruh komputer tersebut adalah N . ($S + E + I + Q + R + V = N$). Hubungan antara kelompok-kelompok dapat dilihat pada gambar2.



Gambar 1 Diagram Transmisi Model Komplementer SEIQRS-V

Dari gambar 1, hubungan antara setiap kelompok dalam model SEIQRS-V dapat digambarkan dengan sistem berikut.

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= A - \beta SI - \mu S - \rho S + \theta R + \chi V \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta SI - \mu E - \gamma E \\
 \frac{dI}{dt} &= \gamma E - \mu I - \alpha I - \delta I - \eta I \\
 \frac{dQ}{dt} &= \delta I - \mu Q - \alpha Q - \varepsilon Q \\
 \frac{dR}{dt} &= \varepsilon Q - \mu R - \theta R + \eta I \\
 \frac{dV}{dt} &= \rho S - \mu V - \chi V
 \end{aligned} \tag{1}$$

Keterangan:

$\frac{dS}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Susceptible* terhadap waktu

$\frac{dE}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Exposed* terhadap waktu

$\frac{dI}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Infectious* terhadap waktu

$\frac{dQ}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Quarantined* terhadap waktu

$\frac{dR}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Recovered* terhadap waktu

$\frac{dV}{dt}$: Perubahan jumlah komputer kelompok *Vaccinated* terhadap waktu

S : Jumlah komputer yang digolongkan *Susceptible*

E : Jumlah komputer yang digolongkan *Exposed*

I : Jumlah komputer yang digolongkan *Infectious*

Q : Jumlah komputer yang digolongkan *Quarantined*

R : Jumlah komputer yang digolongkan *Recovered*

V : Jumlah komputer yang digolongkan *Vaccinated*

A : Tingkat bertambahnya komputer ke dalam jaringan (kelompok *Susceptible*)

μ : Tingkat suatu komputer menjadi rusak bukan karena virus komputer

α : Tingkat suatu komputer menjadi rusak karena virus komputer

ρ : Koefisien tingkat pemberian anti-virus pada kelompok S (perpindahan kelompok S ke kelompok V)

β : Koefisien tingkat kontak virus terhadap kelompok S (perpindahan kelompok S ke kelompok E)

γ : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok E ke kelompok I

δ : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok I ke kelompok Q

η : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok I ke kelompok R

ε : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok Q ke kelompok R

θ : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok R ke kelompok S

χ : Koefisien tingkat perpindahan dari kelompok V ke kelompok S

Dari persamaan pertama pada sistem (1), dapat dilihat bahwa laju perubahan kelompok S terhadap waktu dipengaruhi oleh beberapa faktor, yaitu Tingkat bertambahnya komputer ke dalam jaringan (kelompok *Susceptible*), tingkat kontak virus terhadap kelompok S, tingkat suatu komputer menjadi rusak bukan karena virus komputer, tingkat pemberian anti-virus pada kelompok S, tingkat perpindahan dari kelompok R ke kelompok S, dan tingkat perpindahan dari kelompok V ke kelompok S. Dengan analogi yang sama, dapat diperoleh faktor yang mempengaruhi laju perubahan kelompok E, I, Q, R, dan V terhadap waktu.

3.2 Reproduction Number

Reproduction Number adalah jumlah ekspektasi dari suatu individu ketika pada populasi berisi individu yang rentan terhadap penyakit, ada individu yang terinfeksi masuk ke dalam

populasi tersebut dan menyebarkan penyakit. (Holme & Masuda, 2015). *Reproduction number* biasanya disimbolkan dengan R_0 . Apabila $R_0 < 1$, infeksi akan semakin berkurang seiring waktu berjalan, sebaliknya, apabila $R_0 > 1$, maka infeksi akan semakin bertambah seiring waktu berjalan.

Pada model SEIQRS-V, terdapat tiga kelompok yang terinfeksi virus, yaitu kelompok E, I, dan Q. Untuk menentukan *Reproduction Number*, diambil tiga persamaan dari kelompok yang bersangkutan, yaitu

$$\begin{aligned}\frac{dE}{dt} &= \beta SI - \mu E - \gamma E \\ \frac{dI}{dt} &= \gamma E - \mu I - \alpha I - \delta I - \eta I \\ \frac{dQ}{dt} &= \delta I - \mu Q - \alpha Q - \varepsilon Q\end{aligned}\quad (2)$$

Dengan mengubah ketiga persamaan menjadi linear, akan didapat

$$\begin{bmatrix} \frac{dE}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \\ \frac{dQ}{dt} \end{bmatrix} = (F - V) \begin{bmatrix} E \\ I \\ Q \end{bmatrix}\quad (3)$$

Di mana F adalah matriks tingkat infeksi virus komputer, dan V adalah matriks tingkat penularan virus komputer. Kedua matriks didefinisikan sebagai

$$\begin{aligned}F &= \begin{bmatrix} 0 & \beta & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \\ V &= \begin{bmatrix} \mu + \gamma & 0 & 0 \\ -\gamma & \mu + \alpha + \delta + \eta & 0 \\ 0 & -\delta & \mu + \alpha + \varepsilon \end{bmatrix}\end{aligned}\quad (4)$$

Dari persamaan (4), dapat ditentukan *Reproduction Number* (R_0) sebagai nilai eigen dominan dari $F \cdot V^{-1}$, yaitu

$$R_0 = \frac{\beta\gamma}{(\mu + \gamma)(\mu + \alpha + \delta + \eta)}\quad (5)$$

3.2.1 Titik Ekuilibrium

Titik ekuilibrium atau titik keseimbangan pada sistem (1) dapat dicapai apabila turunan pertama dari sistem tersebut bernilai nol, dan sistem tersebut menjadi:

$$\begin{aligned}0 &= A - \beta SI - \mu S - \rho S + \theta R + \chi V \\ 0 &= \beta SI - \mu E - \gamma E \\ 0 &= \gamma E - \mu I - \alpha I - \delta I - \eta I\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 0 &= \delta I - \mu Q - \alpha Q - \varepsilon Q \\
 0 &= \varepsilon Q - \mu R - \theta R + \eta I \\
 0 &= \rho S - \mu V - \chi V
 \end{aligned} \tag{6}$$

Sistem (1) dapat didefinisikan sebagai himpunan positif tetap dan tertutup $D = \{(S, E, I, Q, R, V); S, E, I, Q, R, V \geq 0: S + E + I + Q + R + V = N\}$. Himpunan D memiliki dua kemungkinan titik keseimbangan, yaitu titik keseimbangan bebas virus dan titik keseimbangan endemik.

3.2.2 Titik Keseimbangan Bebas Virus

Titik keseimbangan bebas virus dapat dicapai saat tidak ada virus pada jaringan komputer tersebut, sehingga jumlah komputer pada kelompok *Exposed* dan *Infectious* adalah nol, juga tidak ada komputer yang rusak karena virus ($E = 0, I = 0, \mu = 0$). Karena tidak ada komputer yang terinfeksi virus, maka tidak ada komputer yang berpindah menjadi kelompok *Quarantined* dan *Recovered*. Selain itu, dalam kondisi bebas virus juga tidak diperlukan anti-virus, sehingga dapat diasumsikan komputer pada kelompok *Vaccinated* adalah nol. Kondisi titik keseimbangan bebas virus dapat digambarkan dengan persamaan berikut.

$$\begin{aligned}
 S &= N \\
 E &= I = Q = R = V = 0
 \end{aligned} \tag{7}$$

3.2.3 Titik Kesimbangan Endemik

Kondisi endemik dari suatu infeksi virus adalah kondisi di mana infeksi tetap selalu ada dalam jaringan tanpa memerlukan tambahan infeksi dari luar. Hal ini ditandai dengan adanya kelompok yang terinfeksi virus ($E \neq 0$ dan $I \neq 0$). Dengan menggunakan metode substitusi dan eliminasi pada persamaan (6), didapat titik keseimbangan endemik sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 S^* &= \frac{(\mu + \gamma)(\mu + \alpha + \delta + \eta)}{\beta\gamma} = \frac{1}{R_0} \\
 E^* &= \frac{\mu + \alpha + \delta + \eta}{\gamma} I^* \\
 Q^* &= \frac{\delta}{\mu + \alpha + \varepsilon} I^* \\
 R^* &= \frac{\varepsilon\delta + \eta(\mu + \alpha + \varepsilon)}{(\mu + \theta)(\mu + \alpha + \varepsilon)} I^* \\
 V^* &= \frac{\rho}{(\mu + \chi)R_0} \\
 I^* &= \frac{(\mu + \theta)(\mu + \alpha + \varepsilon)[\mu^2 + (\rho + \chi)\mu - AR_0(\mu + \chi)]}{(\mu + \chi)[R_0\theta\varepsilon\delta + (\mu + \alpha + \varepsilon)(R_0\theta\eta - \beta\mu - \beta\theta)]}
 \end{aligned} \tag{8}$$

3.2.4 Perancangan Aplikasi

Untuk dapat menganalisis kondisi jaringan pada setiap waktu, dibutuhkan jumlah komputer pada masing-masing kelompok setiap waktu. Jumlah komputer setiap waktu didapat melalui solusi dari sistem (1). Salah satu metode yang dapat digunakan untuk mencari solusi

tersebut adalah metode Runge-Kutta Fehlberg. Diasumsikan persamaan differensial sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 fS(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dS}{dt} = A - \beta SI - \mu S - \rho S + \theta R + \chi V \\
 fE(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dE}{dt} = \beta SI - \mu E - \gamma E \\
 fI(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dI}{dt} = \gamma E - \mu I - \alpha I - \delta I - \eta I \\
 fQ(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dQ}{dt} = \delta I - \mu Q - \alpha Q - \varepsilon Q \\
 fR(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dR}{dt} = \varepsilon Q - \mu R - \theta R + \eta I \\
 fV(S, E, I, Q, R, V, t) &= \frac{dV}{dt} = \rho S - \mu V - \chi V
 \end{aligned} \tag{9}$$

Kemudian, untuk mencari solusi dari sistem (9), akan digunakan metode Runge-Kutta Fehlberg untuk sistem persamaan differensial yang dirumuskan sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 y_{k+1} &= y_k + \frac{25}{216} k_1 + \frac{1408}{2565} k_3 + \frac{2197}{4101} k_4 - \frac{1}{5} k_5 \\
 k_1 &= hf(t_k, y_k) \\
 k_2 &= hf\left(t_k + \frac{1}{4}h, y_k + \frac{1}{4}k_1\right) \\
 k_3 &= hf\left(t_k + \frac{3}{8}h, y_k + \frac{3}{32}k_1 + \frac{9}{32}k_2\right) \\
 k_4 &= hf\left(t_k + \frac{12}{13}h, y_k + \frac{1932}{2197}k_1 - \frac{7200}{2197}k_2 + \frac{7296}{2197}k_3\right) \\
 k_5 &= hf\left(t_k + h, y_k + \frac{439}{216}k_1 - 8k_2 + \frac{3680}{513}k_3 - \frac{845}{4104}k_4\right)
 \end{aligned} \tag{10}$$

Selain menggunakan *one-step method* (metode Runge-Kutta Fehlberg), solusi dari sistem (9) dapat dicari dengan menggunakan *multi-step methods*. Metode Adam Bashforth adalah salah satu *multi-step methods*. Metode Adam Bashforth untuk sistem persamaan differensial dapat dirumuskan sebagai berikut :

$$\begin{aligned}
 y_{n+3} &= y_{n+2} + h \left(\frac{23}{12} f(t_{n+2}, y_{n+2}) - \frac{4}{3} f(t_{n+1}, y_{n+1}) \right. \\
 &\quad \left. + \frac{5}{12} f(t_n, y_n) \right)
 \end{aligned} \tag{11}$$

Dalam perancangan aplikasi ini, menggunakan bahasa pemrograman Python dan PyQt sebagai Graphical User Interface-nya.

3.3. Simulasi

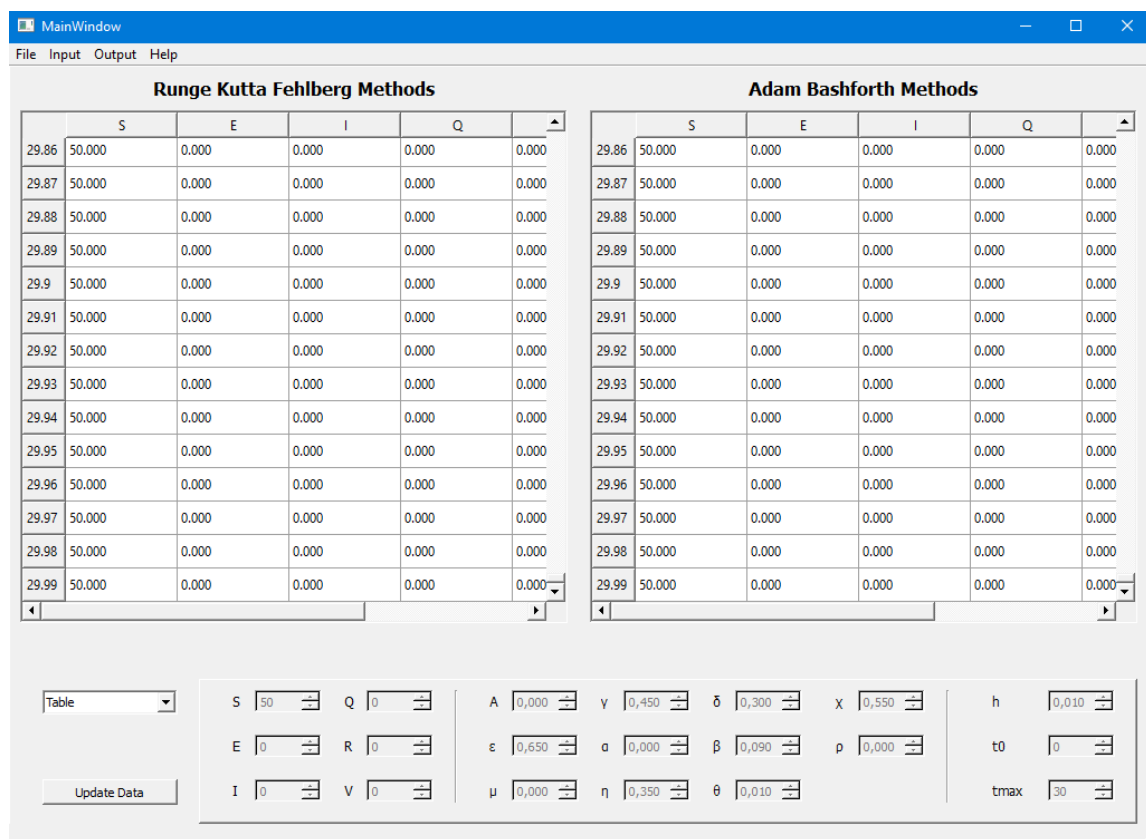
Pada subbab ini, akan dipaparkan hasil simulasi dengan menggunakan aplikasi yang dirancang. Simulasi ini bertujuan untuk menganalisis kondisi jaringan pada saat mencapai titik

ekuilibrium dan juga menganalisis kondisi yang mempengaruhi kecepatan infeksi dan penyembuhan dari virus komputer. Simulasi menggunakan data sekunder berupa nilai-nilai parameter pada sistem (1) yang diambil dari Kumar, Mishra, & Panda (2015). Simulasi yang dilakukan antara lain:

1. simulasi untuk menganalisis titik keseimbangan
2. simulasi untuk menganalisis faktor penyebaran dan penyembuhan virus komputer
3. simulasi untuk menganalisis selisih antara dua metode.

3.3.1. Simulasi Titik Keseimbangan Bebas Virus

Pada simulasi ini akan digunakan nilai awal $A = 0$, $\varepsilon = 0.65$, $\mu = 0$, $\gamma = 0.45$, $\alpha = 0$, $\eta = 0.35$, $\delta = 0.3$, $\beta = 0.09$, $\theta = 0.01$, $\chi = 0.55$, $\rho = 0$. Kondisi awal jaringan yang dianalisis adalah jaringan dengan 50 komputer susceptible dan tidak ada komputer pada kelompok lainnya. ($S = 50$, $E = 0$, $I = 0$, $Q = 0$, $R = 0$, $V = 0$).



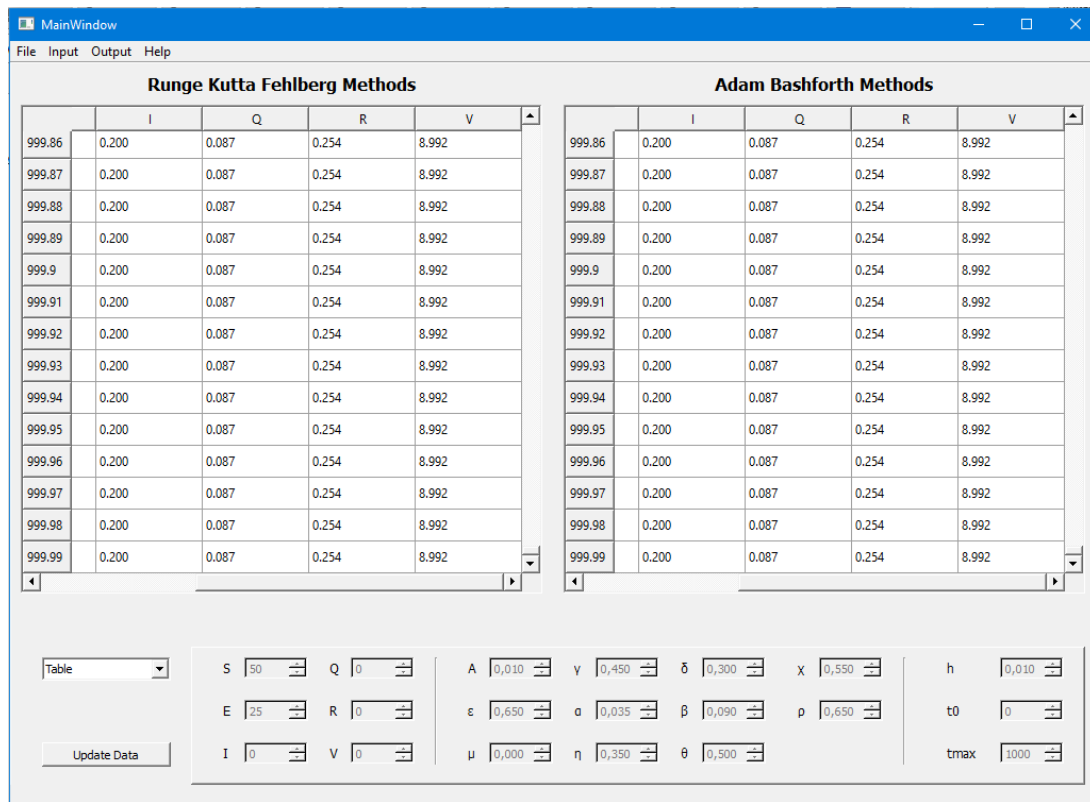
Gambar 2 Hasil Simulasi Titik Ekuilibrium Bebas Virus

Pada Gambar 2 dapat dilihat bahwa jaringan tersebut telah mencapai kondisi titik keseimbangan bebas virus, di mana tidak ada virus pada jaringan komputer tersebut. Akibatnya jumlah komputer pada kelompok Exposed dan Infectious adalah nol, dan juga tidak ada komputer yang rusak karena virus

3.3.2. Simulasi Titik Keseimbangan Endemik

Pada simulasi ini akan digunakan nilai awal $A = 0.01$, $\varepsilon = 0.65$, $\mu = 0$, $\gamma = 0.45$, $\alpha = 0.035$, $\eta = 0.35$, $\delta = 0.3$, $\beta = 0.09$, $\theta = 0.5$, $\chi = 0.55$, $\rho = 0.65$. Kondisi awal jaringan

yang dianalisis adalah jaringan dengan 50 komputer susceptible, 25 komputer exposed dan tidak ada komputer pada kelompok lainnya. ($S = 50$, $E = 25$, $I = 0$, $Q = 0$, $R = 0$, $V = 0$).



Gambar 3 Hasil Simulasi Titik Ekuilibrium Endemik

Kondisi endemik dari suatu infeksi virus adalah kondisi di mana infeksi tetap selalu ada dalam jaringan tanpa memerlukan tambahan infeksi dari luar. Pada Gambar 3 dapat dilihat bahwa jaringan tersebut telah mencapai kondisi titik keseimbangan endemik, diindikasikan semua kondisi dari *Infected* sampai dengan *Vaccinated* mempunyai nilai yang konstan.

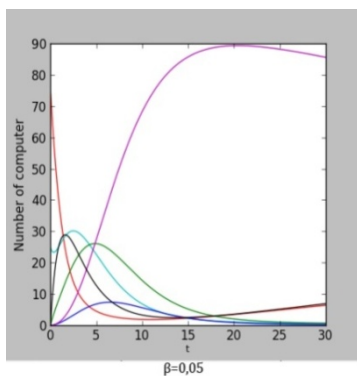
3.3.3. Simulasi Faktor Penyebaran dan Penyembuhan Virus Komputer

Pada simulasi ini akan digunakan nilai awal $A = 0.01$, $\varepsilon = 0.65$, $\mu = 0$, $\gamma = 0.45$, $\alpha = 0$, $\theta = 0.01$, $\chi = 0.55$, $\rho = 0.65$. Kondisi awal jaringan yang dianalisis adalah jaringan dengan 75 komputer susceptible, 25 komputer exposed dan tidak ada komputer pada kelompok lainnya. ($S = 75$, $E = 25$, $I = 0$, $Q = 0$, $R = 0$, $V = 0$). Untuk nilai β , δ , dan η akan menggunakan kombinasi dari nilai berikut:

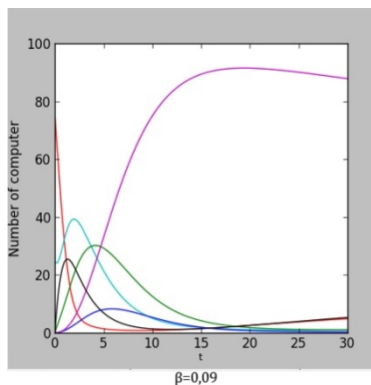
Tabel 1 Tabel Parameter untuk Nilai β , δ , dan η

β	0,05	0,09	0,13
δ	0,2	0,3	0,4
η	0,2	0,35	0,5

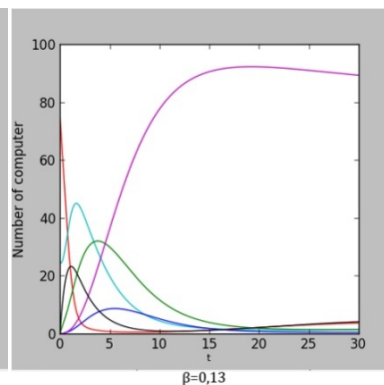
Untuk perbandingan hasil simulasi dari masing-masing parameter ditunjukkan pada gambar 4 hingga gambar 12.



Gambar 4 Grafik Hasil
Simulasi $\beta = 0,05$

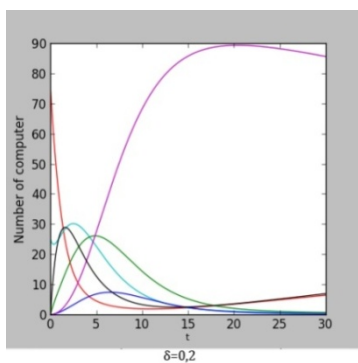


Gambar 5 Grafik Hasil
Simulasi $\beta = 0,09$

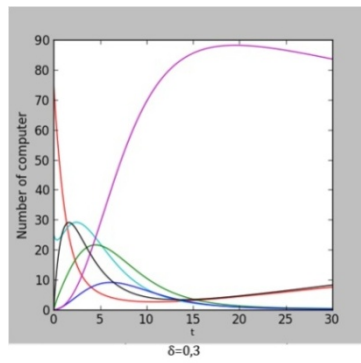


Gambar 6 Grafik Hasil
Simulasi $\beta = 0,13$

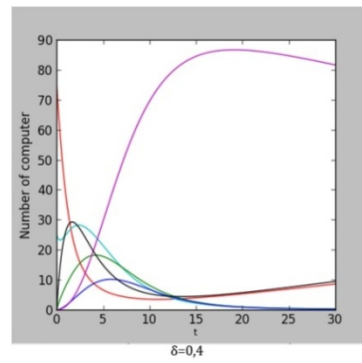
☒ Susceptible ☒ Exposed ☒ Infectious ☒ Quarantined ☒ Recovered ☒ Vaccinated



Gambar 7 Grafik Hasil
Simulasi $\delta = 0,2$

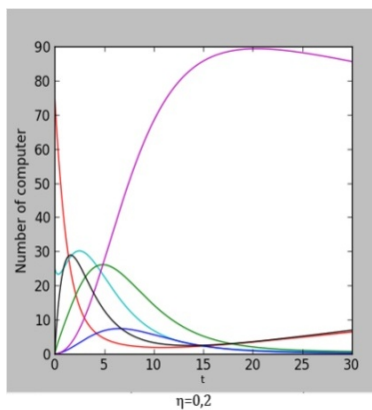


Gambar 8 Grafik Hasil
Simulasi $\delta = 0,3$

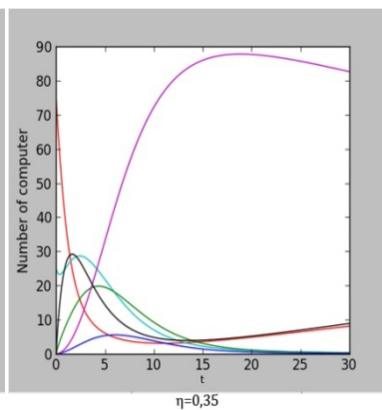


Gambar 9 Grafik Hasil
Simulasi $\delta = 0,4$

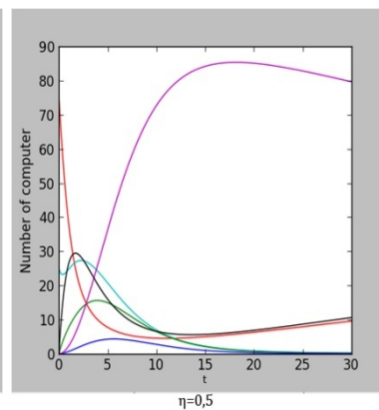
☒ Susceptible ☒ Exposed ☒ Infectious ☒ Quarantined ☒ Recovered ☒ Vaccinated



Gambar 10 Grafik Hasil
Simulasi $\eta = 0,2$



Gambar 11 Grafik Hasil Simulasi
 $\eta = 0,35$



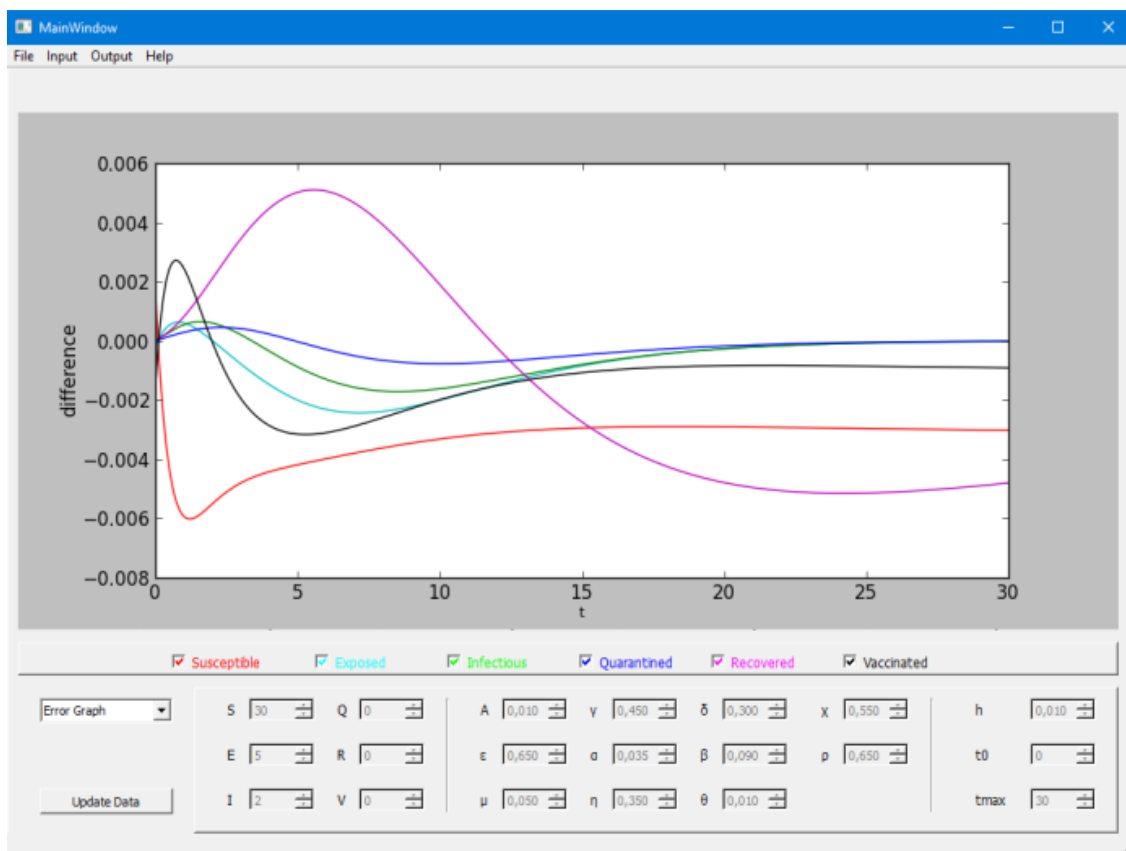
Gambar 12 Grafik Hasil Simulasi
 $\eta = 0,5$

☒ Susceptible ☒ Exposed ☒ Infectious ☒ Quarantined ☒ Recovered ☒ Vaccinated

Dari gambar 4 hingga gambar 6, dapat dilihat jika nilai β semakin tinggi, maka jumlah komputer pada kelompok *Exposed* pada tiap waktu akan semakin tinggi atau berbanding lurus. Selain itu, jika nilai δ dan η semakin tinggi, maka jumlah komputer pada kelompok *Exposed* dan *Infectious* pada tiap waktu akan semakin sedikit atau berbanding terbalik, sehingga penyebaran virus yang terjadi dalam jaringan komputer tersebut semakin sedikit.

3.3.4. Simulasi Selisih Antara Dua Metode

Pada simulasi ini akan digunakan nilai awal $A = 0.01$, $\varepsilon = 0.65$, $\mu = 0.05$, $\gamma = 0.45$, $\alpha = 0$, $\eta = 0.35$, $\delta = 0.3$, $\beta = 0.09$, $\theta = 0.01$, $\chi = 0.55$, $\rho = 0$. Kondisi awal jaringan yang dianalisis adalah jaringan dengan 30 komputer susceptible, 5 komputer exposed, 2 komputer infected dan tidak ada komputer pada kelompok lainnya. ($S = 30$, $E = 5$, $I = 2$, $Q = 0$, $R = 0$, $V = 0$).



Gambar 13 Grafik Hasil Simulasi Error Graph

Gambar 13 menunjukkan bahwa selisih antara metode Runge-Kutta Fehlberg dan metode Adam Bashforth kurang dari 0,01. Sehingga dapat disimpulkan bahwa kedua metode cukup akurat.

Pembahasan terhadap hasil penelitian dan pengujian yang diperoleh disajikan dalam bentuk uraian teoritik, baik secara kualitatif maupun kuantitatif. Hasil percobaan sebaiknya ditampilkan dalam berupa gambar ataupun tabel. Untuk gambar dapat mengikuti format untuk diagram dan gambar.

4. KESIMPULAN

Berdasarkan simulasi dan analisis yang telah dilakukan, Titik ekuilibrium bebas virus dicapai saat jumlah komputer pada kelompok *Exposed* dan kelompok *Infectious* bernilai nol ($E = 0, I = 0$). Sedangkan titik ekuilibrium endemik dicapai saat sistem sudah stabil. Selain itu, kecepatan infeksi dari virus komputer berbanding lurus oleh β (tingkat kontak virus terhadap kelompok *Susceptible*). Kemudian kecepatan penyembuhan dari virus komputer berbanding terbalik dengan δ (tingkat perpindahan dari kelompok *Infectious* ke kelompok *Quarantined*) dan η (tingkat perpindahan dari kelompok *Infectious* ke kelompok *Recovered*).

Saran untuk penelitian-penelitian selanjutnya adalah sebagai berikut ini:

1. Untuk penelitian berikutnya, diharapkan dapat menerapkan penundaan waktu dalam penggunaan anti-virus, sehingga dapat dianalisis pengaruh apabila anti-virus dipasang setelah waktu tertentu.
2. Untuk penelitian berikutnya, dapat dicari model komplementer yang merupakan modifikasi berbeda dengan SEIQRS-V (yang lebih mendekati keadaan atau kondisi nyata) untuk membandingkan hasil simulasinya.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Boyce, W. E., & DiPrima, R. C. (2001). *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- [2] Holme, P., & Masuda, N. (2015). *The Basic Reproduction Number as a Predictor for Epidemic Outbreaks in Temporal Networks*.
- [3] Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics*.
- [4] Kumar, M., Mishra, B. K., & Panda, T. C. (2015). Effect of Quarantine & Vaccination on Infectious Nodes in Computer Network.
- [5] Mathews, J. H., & Fink, K. K. (2004). *Numerical Methods Using Matlab (4th Edition)*. Pearson.
- [6] Mishra, B. K., & Jha, N. (2009). SEIQRS model for the transmission of malicious objects in computer network.
- [7] Pressman, R. S., & Maxim, B. R. (2015). *Software Engineering: A Practitioner's Approach Eighth Edition*. McGraw-Hill Education.
- [8] Riverbank Computing. (2016). *Riverbank Computing*. Dipetik July 18, 2016, dari riverbankcomputing.com: <https://riverbankcomputing.com/software/pyqt/intro>
- [9] Roberts, M. J., & Heesterbeek, H. (2003). THE LAW OF MASS ACTION IN EPIDEMIOLOGY: A HISTORY PERSPECTIVE.
- [10] Sen, M., & Powers, J. M. (2012). *Lecture Notes on Mathematical Methods*. Indiana: University of Notre Dame.
- [11] Shneiderman, B., & Plaisant, C. (2010). *Designing the User Interface: Strategies for Effective Human-Computer Interaction*. Pearson.
- [12] Trench, W. F. (2013). *Elementary Differential Equations*. Texas: Trinity University.