

## BAB 5

### KESIMPULAN DAN SARAN

#### 5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil analisis yang telah dipaparkan pada bab-bab sebelumnya, ditarik kesimpulan-kesimpulan berikut:

1. Hasil estimasi nilai risiko relatif penyebaran COVID-19 menggunakan model SMR menunjukkan bahwa DKI Jakarta dan DI Yogyakarta memiliki nilai risiko relatif yang sangat tinggi atau tinggi hampir di setiap bulan.
2. (a) Hasil estimasi nilai risiko relatif penyebaran COVID-19 menggunakan model Poisson-gamma dari setiap provinsi di Indonesia sama dengan hasil estimasi yang dilakukan menggunakan model SMR.  
(b) Hasil estimasi nilai risiko relatif penyebaran COVID-19 menggunakan model log-normal dari setiap provinsi di Indonesia sama dengan hasil estimasi yang dilakukan menggunakan model SMR dan Poisson-gamma.  
(c) Hasil estimasi nilai risiko relatif penyebaran COVID-19 menggunakan model BYM dari setiap provinsi di Indonesia sama dengan hasil estimasi yang dilakukan menggunakan model SMR, Poisson-gamma, dan log-normal.  
(d) Hasil estimasi nilai risiko relatif penyebaran COVID-19 menggunakan model *Mixture* dari setiap provinsi di Indonesia lebih besar daripada menggunakan model lainnya.  
(e) Berdasarkan nilai DIC, model *mixture* adalah model yang paling cocok digunakan pada data COVID-19 di Indonesia.
3. Hasil pemetaan ekspektasi nilai risiko relatif terhadap standar deviasi nilai risiko relatif menunjukkan bahwa semakin besar nilai risiko relatif, semakin besar simpangannya.
4. Hasil estimasi bilangan reproduksi dasar menggunakan metode GMR untuk setiap bulannya pada setiap provinsi kebanyakan berada di atas ambang batas, dan pada bulan September dan Oktober 2021 hampir seluruh provinsi memiliki hasil estimasi bilangan reproduksi dasar di bawah ambang batas (menuju titik kesetimbangan bebas penyakit).
5. Hasil estimasi bilangan reproduksi dasar menggunakan model SIR berada di atas ambang batas, dan Papua memiliki banyak bilangan reproduksi dasar yang sangat tinggi.
6. Hasil pemetaan nilai risiko relatif dari model SMR, Poisson-gamma, log-normal, dan BYM adalah sama, sedangkan model *mixture* menghasilkan peta yang cenderung berwarna lebih gelap. Hasil pemetaan bilangan reproduksi dasar menggunakan model SIR lebih bervariasi daripada hasil estimasi bilangan reproduksi dasar menggunakan metode GMR. Nilai risiko relatif digunakan untuk risiko persebaran COVID-19 di suatu provinsi, sedangkan bilangan reproduksi dasar sebagai ambang batas keberadaan COVID-19 di suatu provinsi.

#### 5.2 Saran

Saran-saran untuk penelitian selanjutnya adalah:

1. menghitung estimasi nilai risiko relatif harian karena kasus COVID-19 setiap harinya cukup banyak;

2. menggunakan model epidemik lainnya untuk menghitung estimasi bilangan reproduksi dasar, seperti model SIRD;
3. melakukan pencocokan data dengan model epidemik yang digunakan.

## DAFTAR PUSTAKA

- [1] HK.01.07/MENKES/413/2020 (2020) *Pedoman Pencegahan dan Pengendalian COVID-19*. Jakarta, Indonesia.
- [2] Joyosemito, I. S. dan Nasir, N. M. (2021) Gelombang kedua pandemi menuju endemi COVID-19: Analisis kebijakan vaksinasi dan pembatasan kegiatan masyarakat di Indonesia. *Jurnal Sains Teknologi dalam Pemberdayaan Masyarakat*, **2**.
- [3] Saraswati, I., Muzdalifah, A., Herawati, A. R., dan Kismartini, K. (2021) Implementation of restrictions on community activities (PPKM) policy analysis level 1-4 in dealing with the COVID-19 outbreak in Indonesia. *International Journal of Social Service and Research*, **1**, 203–210.
- [4] Sahoo, P. (2013) *Probability and Mathematical Statistics*. University of Louisville, Kentucky, US.
- [5] Heumann, C., Schomaker, M., dkk. (2016) *Introduction to Statistics and Data Analysis*. Springer, Cham, Switzerland.
- [6] Ross, S. (2010) *A First Course in Probability*, 8th edition. Pearson, New Jersey.
- [7] Lawson, A. B., Browne, W. J., dan Rodeiro, C. L. V. (2003) *Disease Mapping with WinBUGS and MLwiN*. John Wiley & Sons, Chichester.
- [8] Lawson, A. B. (2018) *Bayesian Disease Mapping: Hierarchical Modeling in Spatial Epidemiology*, 3rd edition. Chapman and Hall/CRC, Boca Raton.
- [9] Brooks, S. (1998) Markov chain Monte Carlo method and its application. *Journal of the Royal Statistical Society: Series D (the Statistician)*, **47**, 69–100.
- [10] Venugopal, D. dan Gogate, V. (2012) On lifting the Gibbs Sampling algorithm. *Advances in Neural Information Processing Systems*, **25**.
- [11] Ma, Z. dan Li, J. (2009) *Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics*. World Scientific, Singapore.
- [12] Lawson, A. B., Biggeri, A., Böhning, D., Lesaffre, E., Viel, J.-F., Clark, A., Schlattmann, P., dan Divino, F. (2000) Disease mapping models: An empirical evaluation. *Statistics in Medicine*, **19**, 2217–41.
- [13] Yong, B., Kristiani, F., dan Irawan, R. (2016) Analisis risiko relatif penyebaran penyakit demam dengue di Kota Bandung menggunakan model poisson: Studi kasus data RS Santo Borromeus. *CR Journal*, **2**.
- [14] Kristiani, F., Yong, B., dan Irawan, R. (2016) Relative risk estimation of dengue disease in Bandung, Indonesia, using Poisson-gamma and BYM models considering the severity level. *Jurnal Teknologi*, **78**.

- 
- [15] Jamshidi, B., Rezaei, M., Kakavandi, M., dan Zargaran, S. J. (2020) Modeling the number of confirmed cases and deaths from the COVID-19 pandemic in the UK and forecasting from April 15 to May 30, 2020. *Disaster Medicine and Public Health Preparedness*, **15**, 1–7.
- [16] McAloon, C., Collins, Á., Hunt, K., Barber, A., Byrne, A. W., Butler, F., Casey, M., Griffin, J., Lane, E., McEvoy, D., dkk. (2020) Incubation period of COVID-19: A rapid systematic review and meta-analysis of observational research. *BMJ open*, **10**.
- [17] Chen, Y., Lu, P., dan Chang, C. (2020) A time-dependent SIR model for COVID-19. *IEEE Transactions on Network Science and Engineering*, **7**.
- [18] BPS (2021) Jumlah penduduk hasil proyeksi menurut provinsi dan jenis kelamin (ribu jiwa), 2018-2020. <https://www.bps.go.id/indicator/12/1886/1/jumlah-penduduk-hasil-proyeksi-menurut-provinsi-dan-jenis-kelamin.html>. 2 September 2021.
- [19] kawalCOVID19.id (2022) Statistik COVID-19 seluruh Indonesia. <https://datastudio.google.com/s/n7qMaN4IWF>. 1 Februari 2022.
- [20] Hartemink, N., Purse, B., Meiswinkel, R., Brown, H. E., De Koeijer, A., Elbers, A., Boender, G.-J., Rogers, D., dan Heesterbeek, J. (2009) Mapping the basic reproduction number (R0) for vector-borne diseases: a case study on bluetongue virus. *Epidemics*, **1**, 153–161.