

Model Matematika pada Penyebaran Penyakit Covid-19 dengan Pengaruh Vaksinasi di DKI Jakarta

Rifki Ristiawan¹, Annisa Ulya Solihah²

¹Department of Informatic, Universitas Indraprasta PGRI, Indonesia

²Department of Mathematics, Institut Sains & Teknologi Nasional, Indonesia

Article Info

Article history:

Received Aug 28 ,2022

Revised Jan 02 ,2023

Accepted Jan 10 ,2023

Keywords:

Mathematical Epidemiology
Spread Covid-19
Treatment and proportion
Basic reproduction ratio
Dynamical system

ABSTRACT

Coronavirus Disease 2019 or Covid-19 is a disease caused by a *coronavirus* that attacks the respiratory tract causing high fever, cough, flu, shortness of breath, and sore throat. In this paper we formulate a mathematical model of spread of Covid-19 with the effect of vaccination in DKI Jakarta. This model developed the SIR epidemic model into SVIR by adding a population of vaccinated individuals to prevent the spread of Covid-19. The population is divided into four classes: the vulnerable individual class, the vaccinated individual class, the Covid-19 infected individual class, and the recovered individual class. Construction of the models starts by making a flow chart of the spread of Covid-19 with the effect of vaccination. This model obtains two equilibrium points, namely the disease-free equilibrium (E^0) point and the endemic equilibrium point (E^*). Analysis of the system's stability around the equilibrium point gives the primary reproduction number (R_0). From the analysis results, the system around the disease-free equilibrium point is (E^0) locally asymptotically stable when $R_0 < 1$. Then a numerical simulation is carried out to provide a geometric picture related to the results that have been analyzed. The simulation results show that when conditions $R_0 < 1$ occur, the disease will disappear, and under conditions $R_0 > 1$, the disease will become epidemic. In regards to control strategy in field, this result could give a good understanding of means of slowing down the spread of covid-19.

Copyright © 2022 Universitas Indraprasta PGRI.
All rights reserved.

Corresponding Author:

Rifki Ristiawan,
Department of Informatic,
Universitas Indraprasta PGRI,
Jl. Nangka No. 58 C, Tanjung Barat, Jagakarsa, Jakarta Selatan.
Email: rifki.ristiawan@unindra.ac.id

1. PENDAHULUAN

Salah satu penyebab utama kematian di Dunia adalah penyakit menular. Penyakit menular bisa terjadi karena penyakit baru (*new emerging disease*) dan munculnya kembali penyakit menular yang lama (*re-emerging disease*). Faktor evolusi dari *microbial agent* seperti variasi genetik, rekombinasi, mutasi dan adaptasi, serta hubungan *microbial agent* dengan hewan perantara (*zoonotic encounter*) merupakan faktor yang mempengaruhi kemunculan dua masalah tersebut. Selain itu, terdapat beberapa faktor lain, seperti perubahan iklim dan lingkungan, penggunaan pestisida, penggunaan obat antimikrobia yang bisa menyebabkan resistensi dan penurunan penggunaan vaksin, perkembangan industri dan ekonomi, perpindahan masyarakat secara massal yang membawa wabah penyakit tertentu, dan perang seperti ancaman penggunaan bioterorisme atau senjata biologis [1].

Saat ini, dunia dikejutkan dengan kemunculan virus jenis baru yang belum pernah diidentifikasi sebelumnya pada manusia yaitu *Coronavirus Disease* atau COVID-19. *Coronavirus* merupakan keluarga besar virus yang menyebabkan penyakit mulai dari gejala ringan sampai berat. Ada setidaknya dua jenis *coronavirus* yang diketahui menyebabkan penyakit yang dapat menimbulkan gejala berat seperti *Middle East Respiratory*

Syndrome (MERS) dan *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS)[2]. COVID-19 merupakan virus jenis baru yang belum pernah diidentifikasi sebelumnya pada manusia. Virus corona yaitu zoonosis (ditularkan antara hewan dan manusia). Beberapa coronavirus yang dikenal beredar pada hewan namun belum terbukti menginfeksi manusia. Gejala atau dampak secara klinis biasanya muncul dalam 2 hari hingga 14 hari setelah paparan. Berdasarkan informasi yang dipublikasikan oleh WHO (*World Health Organization*) pada tanggal 11 Maret 2020 menyampaikan bahwa wabah penyakit Covid-19 (*Coronavirus Disease 2019*) yang pertama kali dilaporkan dari Wuhan, China pada tanggal 31 Desember 2019 [3].

Hanya dalam waktu singkat, COVID-19 kemudian menyebar ke beberapa negara Asia, seperti Korea, Singapura, Jepang, Malaysia, Hongkong, Taiwan, dll. Selain di China, muncul beberapa episentrum baru tempat di mana COVID-19 kemudian menyebar secara cepat, dalam skala yang luas dan menimbulkan banyak korban jiwa. WHO sudah menyampaikan bahwa Covid-19 dapat menular antar manusia (*human to human transmission*) dan menjadi wabah di seluruh dunia. Virus ini dapat menyebabkan infeksi pernapasan ringan hingga infeksi pernapasan berat. Infeksi tersebut dapat terjadi melalui droplet atau percikan air liur dari satu orang ke orang lain saat batuk atau bersin [2]. Covid-19 memiliki beberapa gejala mulai dari gejala ringan hingga gejala berat. Gejala ringan yang umum sering terjadi yaitu demam, batuk kering dan mudah lelah. Sedangkan gejala berat yang terjadi pada pasien yang terinfeksi Covid-19 yaitu seperti sesak nafas, kehilangan selera makan, kebingungan, nyeri atau terjadi tekanan pada dada dan demam dengan suhu di atas 38°C [3]. Kelompok resiko tinggi yang terinfeksi Covid-19 yaitu mencakup usia lanjut (lebih dari 60 tahun), anak-anak, wanita hamil dan penderita penyakit kronis (diabetes mellitus, hipertensi, penyakit jantung dan pernafasan, dan defisiensi immunitas) [4]. Berdasarkan data yang dipublikasikan oleh WHO pada tanggal 12 Januari 2022, total infeksi Covid-19 secara global sudah mencapai 308.458.509 kasus, dan sebanyak 5.429.595 orang meninggal dunia akibat Covid-19 [4].

Indonesia pertama kali mengkonfirmasi kasus Covid-19 pada tanggal 2 Maret 2020. Berdasarkan data dari Satgas Covid-19 pada tanggal 12 Januari 2022, total infeksi Covid-19 di Indonesia mencapai 4.268.097 kasus. Sebanyak 144.150 orang meninggal dunia akibat Covid-19 dan 4.166.962 lainnya sembuh dari virus corona. Dari 34 Provinsi yang ada di Indonesia, provinsi dengan angka penyebaran tertinggi adalah DKI Jakarta. Per tanggal 12 Januari 2022, pemerintah melaporkan jumlah kasus terinfeksi Covid-19 di DKI Jakarta mencapai 868.198 atau 20,3% dari jumlah terkonfirmasi nasional [5]. Merespon hal tersebut pemerintah dengan sigap mengambil langkah-langkah strategis untuk mencegah terjadinya penyebaran penyakit Covid-19 yang semakin meningkat. Salah satu upaya pencegahan yang dapat dilakukan pemerintah adalah dengan program vaksinasi.

Pemodelan matematika merupakan salah satu alat utama dalam perencanaan epidemik yang dapat membantu mempermudah penyelesaian masalah dalam kehidupan nyata, termasuk masalah pandemik COVID-19. Pemodelan matematika dapat membantu memahami dan mengidentifikasi hubungan penyebaran COVID-19 dengan berbagai parameter epidemiologi, membantu dalam perencanaan masa depan dan mempertimbangkan langkah-langkah pengendalian yang tepat. Dalam penelitian ini akan dibahas sebuah model matematika transmisi *Coronavirus Disease* (COVID-19). Model dirancang dengan mempertimbangkan faktor-faktor epidemiologi pada penyebaran COVID-19 hingga ditetapkannya kasus ini sebagai kasus pandemik, termasuk dengan mempertimbangkan data-data kasus yang terjadi di DKI Jakarta. Salah satu model matematika yang dapat diterapkan dalam simulasi penyebaran Covid-19 adalah model epidemi SIR (*Susceptible-Infected-Recovered*). Model epidemi SIR telah banyak diterapkan untuk memprediksi pola perilaku penyakit menyebar pada manusia terhadap waktu dalam suatu daerah. Model SIR juga tersedia dalam bentuk modifikasi yang disesuaikan dengan keadaan yang akan disimulasikan [6].

Telah banyak dilakukan penelitian penyebaran penyakit Covid-19 dengan model SIR, akan tetapi masih sedikit penelitian yang membahas tentang peran penting vaksinasi guna menangani penyebaran penyakit Covid-19, maka dari itu dalam penelitian ini akan dikembangkan model matematika penyebaran penyakit Covid-19 dengan pengaruh vaksinasi di DKI Jakarta. Model yang digunakan dalam penelitian ini adalah model SVIR. Model ini mengasumsikan individu diberikan vaksin sampai dosis kedua, individu yang telah di vaksinasi sebanyak dua dosis masih dapat tertular Covid-19 jika berinteraksi dengan individu terinfeksi Covid-19. Dari model tersebut akan dicari titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik untuk masing-masing kompartemen serta bilangan reproduksi dasar untuk mengidentifikasikan apakah penyakit menjadi endemik atau tidak. Selanjutnya akan dilakukan simulasi model, dengan nilai-nilai parameter yang diambil dari beberapa sumber.

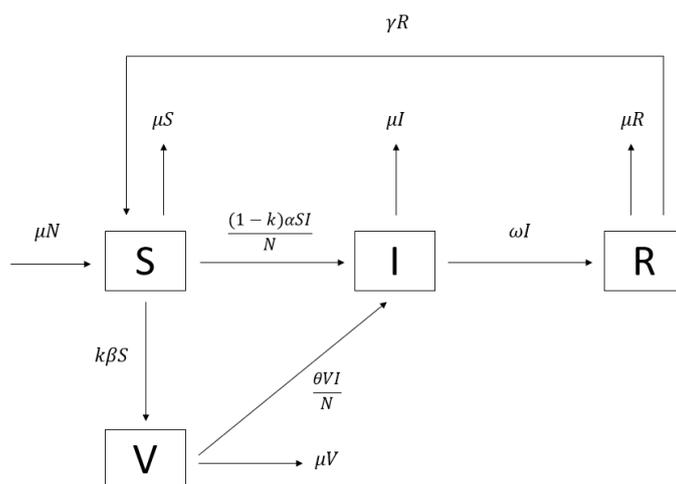
2. METODE

2.1 Formulasi Model

Model matematika pada penyebaran penyakit Covid-19 ini didasari dari studi literatur mengenai penyebaran penyakit Covid-19 dan dengan asumsi sebagai berikut:

1. Model yang digunakan dalam penyebaran penyakit Covid-19 adalah model SVIR (*Susceptible Vaccine Infected Recovered*) yang dibagi ke dalam empat kelas, yaitu: *Susceptible* (S) yaitu individu yang rentan terkena penyakit, *Vaccine* (V) yaitu individu yang sudah melakukan vaksinasi Covid-19 sebanyak dua kali, *Infected* (I) yaitu individu yang terinfeksi dan dapat menularkan penyakit, *Recovered* (R) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit.
2. Populasi diasumsikan tertutup, artinya tidak ada individu masuk ke dalam populasi atau keluar dari populasi (tidak ada migrasi). Total populasi diasumsikan konstan.
3. Tidak ada masa inkubasi atau laten.
4. Laju kelahiran dan kematian alami setiap satuan waktu diasumsikan sama.
5. Vaksinasi dilakukan sebanyak dua kali.
6. Individu rentan dapat terinfeksi Covid-19 karena berinteraksi dengan individu terinfeksi.
7. Individu yang telah divaksinasi sebanyak dua kali dapat terinfeksi Covid-19 karena berinteraksi dengan individu terinfeksi.
8. Individu yang terinfeksi dapat sembuh dari penyakit.
9. Individu yang telah sembuh dapat kembali menuju populasi individu rentan.

Secara sederhana, alur penyebaran penyakit Covid-19 digambarkan sebagai berikut:



Gambar 1. Diagram alur kompartemen penyebaran Covid-19 dengan pengaruh vaksinasi

Variabel dan parameter yang digunakan dalam model penyebaran penyakit Covid-19 dengan pengaruh vaksinasi disajikan dalam tabel 1 dan 2 berikut:

Tabel 1. Daftar variabel model penyebaran Covid-19

Variabel	Deskripsi
$N(t)$	Jumlah populasi individu pada waktu ke-t.
$S(t)$	Jumlah individu rentan terinfeksi pada waktu ke-t.
$V(t)$	Jumlah individu yang telah melakukan vaksinasi sebanyak dua kali pada waktu ke-t.
$I(t)$	Jumlah individu terinfeksi pada waktu ke-t.
$R(t)$	Jumlah individu yang sembuh setelah terinfeksi pada waktu ke-t.

Tabel 2. Daftar parameter model penyebaran Covid-19

Parameter	Deskripsi
μ	Laju kelahiran dan kematian alami.
α	Laju perpindahan dari individu rentan menjadi individu terinfeksi.
β	Laju perpindahan dari individu rentan menjadi individu yang telah melakukan vaksinasi.
k	Proporsi dari individu rentan menjadi individu yang telah melakukan vaksinasi.
θ	Laju perpindahan dari individu yang telah melakukan vaksinasi menjadi individu terinfeksi.
ω	Laju kesembuhan dari individu terinfeksi menjadi individu sembuh.
γ	Laju perpindahan dari individu sembuh menjadi individu rentan.

Model matematika penyebaran penyakit Covid-19 dengan pengaruh vaksinasi sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= \mu N + \gamma R - \mu S - k\beta S - (1-k)\alpha S \frac{I}{N} \\ \frac{dV}{dt} &= k\beta S - \mu V - \theta V \frac{I}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= (1-k)\alpha S \frac{I}{N} + \theta V \frac{I}{N} - \mu I - \omega I \\ \frac{dR}{dt} &= \omega I - \mu R - \gamma R \end{aligned} \tag{1}$$

Dengan $N = S + V + I + R$

Untuk mempermudah proses analisis model, maka terlebih dahulu dilakukan proses penskalaan pada sistem (1). Perhatikan $\dot{N} = 0$, sehingga N konstan. Misalkan $s = \frac{S}{N}$, $v = \frac{V}{N}$, $i = \frac{I}{N}$, $r = \frac{R}{N}$. Sistem (1) dapat diskala menjadi:

$$\begin{aligned} \dot{s} &= \mu + \gamma r - (\mu + k\beta + (1-k)\alpha i)s \\ \dot{v} &= k\beta s - (\mu + \theta i)v \\ \dot{i} &= ((1-k)\alpha s + \theta v - \mu - \omega)i \\ \dot{r} &= \omega i - (\mu + \gamma)r \end{aligned} \tag{2}$$

2.2 Analisis Model

Dalam bidang epidemiologi matematika, bilangan reproduksi dasar (R_0) adalah rata-rata banyaknya individu rentan yang terinfeksi secara langsung oleh individu lain yang telah terinfeksi dan masuk ke dalam populasi yang seluruhnya masih rentan [7]. Nilai R_0 yang diperoleh dapat mengindikasikan keadaan bagaimana suatu wabah (*epidemic*) mungkin terjadi. bilangan reproduksi dasar (R_0) pada model penyebaran penyakit Covid-19 dicari dengan menggunakan metode yang dikembangkan oleh Perasso[8]., bilangan reproduksi dasar (R_0) pada model ini adalah $\frac{(1-k)\alpha\mu+k\beta\theta}{(k\beta+\mu)(\mu+\omega)}$.

Selanjutnya dilakukan analisis terhadap model matematika pada sistem (2) untuk menentukan titik ekuilibrium. Untuk menentukan titik ekuilibriumnya, masing-masing persamaan pada sistem (2) dibuat menjadi nol.

$$\begin{aligned} \dot{s} = \mu + \gamma r - (\mu + k\beta + (1-k)\alpha i)s &= 0 \\ \dot{v} = k\beta s - (\mu + \theta i)v &= 0 \\ \dot{i} = ((1-k)\alpha s + \theta v - \mu - \omega)i &= 0 \\ \dot{r} = \omega i - (\mu + \gamma)r &= 0 \end{aligned} \tag{3}$$

Titik ekuilibrium bebas penyakit didapat ketika tidak ada penyakit dalam populasi. Agar memenuhi titik ekuilibrium bebas penyakit, maka tidak ada satupun individu yang terinfeksi sehingga $i = 0$.

Dari persamaan pertama sistem (3) diperoleh

$$\begin{aligned} \mu + \gamma r - (\mu + k\beta + (1-k)\alpha i)s &= 0 \\ \Leftrightarrow \mu + \gamma r - (\mu + k\beta + (1-k)\alpha(0))s &= 0 \\ \Leftrightarrow \mu + \gamma r - (\mu + k\beta)s &= 0 \\ \Leftrightarrow s = \frac{\mu}{k\beta + \mu} \end{aligned} \tag{4}$$

Dari persamaan kedua sistem (3) diperoleh

$$\begin{aligned} k\beta s - (\mu + \theta i)v &= 0 \\ \Leftrightarrow k\beta \left(\frac{\mu}{k\beta + \mu}\right) - (\mu + \theta(0))v &= 0 \\ \Leftrightarrow v = \frac{k\beta \left(\frac{\mu}{k\beta + \mu}\right)}{\mu} \\ \Leftrightarrow v = \frac{k\beta}{k\beta + \mu} \end{aligned} \tag{5}$$

Dari persamaan keempat sistem (3) diperoleh

$$\begin{aligned}
 \omega i - (\mu + \gamma)r &= 0 \\
 \Leftrightarrow \omega(0) - (\mu + \gamma)r &= 0 \\
 \Leftrightarrow r &= 0
 \end{aligned} \tag{6}$$

Dengan demikian diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit yaitu:

$$E^0(s, v, i, r) = \left(\frac{\mu}{k\beta + \mu}, \frac{k\beta}{k\beta + \mu}, 0, 0 \right)$$

Selanjutnya untuk menentukan titik keseimbangan endemik. Titik ekuilibrium endemik adalah titik ekuilibrium saat $i \neq 0$ atau saat penyakit menyebar dalam populasi [9]. Titik ekuilibrium endemik artinya di dalam populasi selalu terdapat individu yang terserang penyakit, dengan menggunakan program Wolfram Mathematica diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit adalah $E^* = (s^*, v^*, i^*, r^*)$, dengan:

$$\begin{aligned}
 s^* &= \frac{1}{2(-1+k)\alpha(-1+k)\alpha+\theta(\gamma+\mu)} (-\theta(\gamma + \mu)(\mu + \omega) - k\beta\theta(\gamma + \mu + \omega) + (-1 + k)\alpha((\theta - \mu)(\gamma + \mu) - \\
 &\quad (2\gamma + \mu)\omega) + \sqrt{(4(-1 + k)\alpha(-1 + k)\alpha + \theta)(\gamma + \mu)(\mu + \omega)(\theta(\gamma + \mu) - \gamma\omega) + (\theta(\gamma + \mu)(\mu + \\
 &\quad \omega) + k\beta\theta(\gamma + \mu + \omega) + (-1 + k)\alpha(-(\theta - \mu)(\gamma + \mu) + (2\gamma + \mu)\omega))^2}) \\
 v^* &= \frac{1}{2\theta(-1+k)\alpha+\theta(\gamma+\mu)} ((-1 + k)\alpha((\gamma + \mu)(\theta + \mu) + \mu\omega) + \theta((\gamma + \mu)(\mu + \omega) - k\beta(\gamma + \mu + \omega)) + \\
 &\quad \sqrt{(4(-1 + k)\alpha(-1 + k)\alpha + \theta)(\gamma + \mu)(\mu + \omega)(\theta(\gamma + \mu) - \gamma\omega) + (\theta(\gamma + \mu)(\mu + \omega) + k\beta\theta(\gamma + \mu + \\
 &\quad \omega) + (-1 + k)\alpha(-(\theta - \mu)(\gamma + \mu) + (2\gamma + \mu)\omega))^2}) \\
 i^* &= \frac{1}{2(-1+k)\alpha\theta(\gamma+\mu+\omega)} (\theta(\gamma + \mu)(\mu + \omega) + k\beta\theta(\gamma + \mu + \omega) + (-1 + k)\alpha((\theta - \mu)(\gamma + \mu) - \mu\omega) - \sqrt{(4(-1 + \\
 &\quad k)\alpha(-1 + k)\alpha + \theta)(\gamma + \mu)(\mu + \omega)(\theta(\gamma + \mu) - \gamma\omega) + (\theta(\gamma + \mu)(\mu + \omega) + k\beta\theta(\gamma + \mu + \omega) + (-1 + \\
 &\quad k)\alpha(-(\theta - \mu)(\gamma + \mu) + (2\gamma + \mu)\omega))^2}) \\
 r^* &= \frac{1}{2(-1+k)\alpha\theta(\gamma+\mu)(\gamma+\mu+\omega)} \omega \left((\gamma + \mu)((-1 + k)\alpha(\theta - \mu) + \theta(k\beta + \mu)) + (k\beta + \gamma)\theta + (\alpha - k\alpha + \theta)\mu \right) \omega - \\
 &\quad \sqrt{(4(-1 + k)\alpha(-1 + k)\alpha + \theta)(\gamma + \mu)(\mu + \omega)(\theta(\gamma + \mu) - \gamma\omega) + (\theta(\gamma + \mu)(\mu + \omega) + k\beta\theta(\gamma + \mu + \\
 &\quad \omega) + (-1 + k)\alpha(-(\theta - \mu)(\gamma + \mu) + (2\gamma + \mu)\omega))^2})
 \end{aligned}$$

Analisis kestabilan ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobian yang diperoleh melalui metode linearisasi sistem di sekitar titik-titik ekuilibrium dari sistem (2). Jika terdapat nilai eigen dengan bilangan riil positif, maka titik ekuilibrium tidak stabil dan jika semua nilai eigen bernilai negatif, maka titik ekuilibrium stabil [10]. Nilai eigen sendiri didapat dari akar persamaan karakteristik suatu matriks Jacobi.

Teorema 1. *Jika $R_0 < 1$, maka titik ekuilibrium bebas penyakit (E^0) stabil asimtotik lokal.*

Bukti. Pertama-tama, ditentukan matriks Jacobi J dari sistem (2). Berikut adalah matriks Jacobi J model matematika tersebut:

$$J = \begin{bmatrix} -i(1-k)\alpha - k\beta - \mu & 0 & -(1-k)s\alpha & \gamma \\ k\beta & -i\theta - \mu & -v\theta & 0 \\ i(1-k)\alpha & i\theta & (1-k)s\alpha + v\theta - \mu - \omega & 0 \\ 0 & 0 & \omega & -\gamma - \mu \end{bmatrix}$$

dengan mensubstitusikan nilai E^0 , maka diperoleh $J(E^0)$ sebagai berikut:

$$J(E^0) = \begin{bmatrix} -k\beta - \mu & 0 & -\frac{(1-k)\alpha\mu}{k\beta + \mu} & \gamma \\ k\beta & -\mu & -\frac{k\beta\theta}{k\beta + \mu} & 0 \\ 0 & 0 & -\mu + \frac{k\beta\theta}{k\beta + \mu} + \frac{(1-k)\alpha\mu}{k\beta + \mu} - \omega & 0 \\ 0 & 0 & \omega & -\gamma - \mu \end{bmatrix}$$

Untuk mendapatkan nilai eigen λ dari matriks $J(E^0)$, digunakan persamaan $(\lambda I - J(E^0)) = 0$, sehingga dari $\det[\lambda I - J(E^0)] = 0$ diperoleh persamaan karakteristik berikut:

$$(\lambda + \mu)(k\beta + \lambda + \mu)(\gamma + \lambda + \mu) \left(\lambda + \mu - \frac{k\beta\theta}{k\beta + \mu} - \frac{(1-k)\alpha\mu}{k\beta + \mu} + \omega \right) = 0 \tag{7}$$

dari persamaan (7) didapat jika $R_0 < 1$ maka semua akarnya bernilai negatif. Hal ini berarti bahwa sistem tersebut stabil asimtotik lokal pada titik E^0 .

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Simulasi Numerik

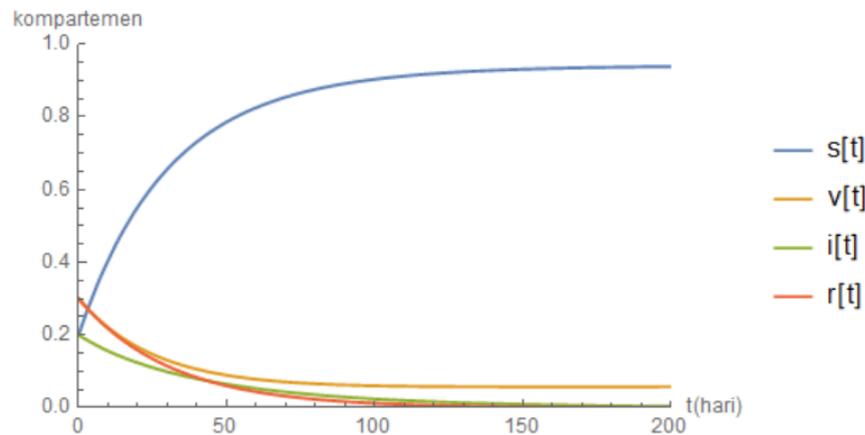
Kestabilan saat $R_0 < 1$

Tabel 3. Nilai-nilai parameter titik ekuilibrium bebas penyakit

Parameter	Nilai
μ	0.031342
k	0.867007
β	0.002222
α	0.1
θ	0.011111
ω	0.0006667
γ	0.001370

Berdasarkan nilai-nilai parameter pada Tabel 3 maka diperoleh bilangan reproduksi dasar dari sistem (2) adalah $R_0 = 0.411531$. Karena $R_0 < 1$ maka penyakit tidak akan menyebar, dengan kata lain untuk menjaga waktu tertentu populasi akan bebas penyakit. Titik ekuilibrium bebas penyakit adalah $E^0 = (s, v, i, r) = (0.942093, 0.0579073, 0, 0)$. Maka titik ekuilibrium bebas penyakit akan stabil asimtotik lokal.

Hasil simulasi di titik ekuilibrium bebas penyakit E^0 menggunakan program Wolfram Mathematica 11.3 berdasarkan parameter pada Tabel 3 dan dengan sembarang nilai awal $s(0) = 0.2, v(0) = 0.3, i(0) = 0.2, r(0) = 0.3$, ditampilkan dalam gambar berikut:



Gambar 2. Simulasi model saat $R_0 < 1$

Berdasarkan Gambar 2 terlihat bahwa dari hasil simulasi numerik untuk $R_0 < 1$ yang dilakukan menunjukkan adanya kecenderungan dari sistem menuju titik ekuilibrium bebas penyakit. Hal ini sesuai dengan analisis kestabilan yang telah dilakukan bahwa titik ekuilibrium stabil asimtotik lokal untuk $R_0 < 1$.

Kestabilan saat $R_0 > 1$

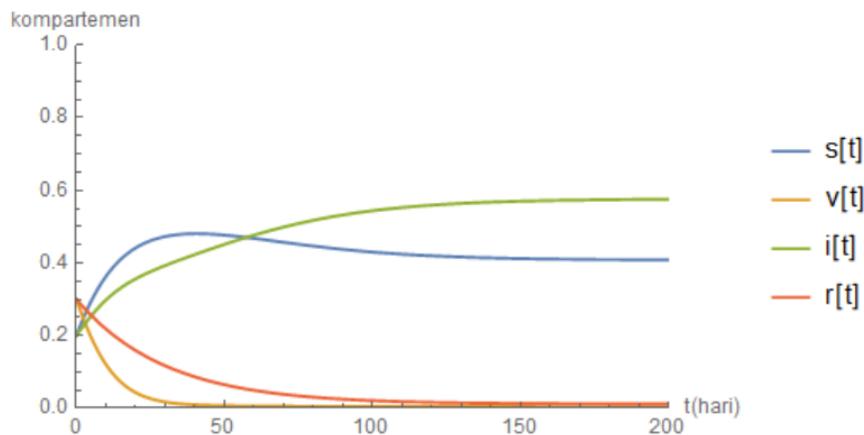
Jika nilai parameter α diperbesar dari nilai sebelumnya menjadi $\alpha = 0.57$ nilai parameter θ diperbesar dari nilai sebelumnya menjadi $\theta = 0.25$, dengan demikian diperoleh nilai-nilai parameter seperti berikut:

Tabel 4. Nilai-nilai parameter titik ekuilibrium endemik

Parameter	Nilai
μ	0.031342
k	0.867007
β	0.002222
α	0.57
θ	0.25
ω	0.0006667
γ	0.001370

Berdasarkan nilai-nilai parameter pada Tabel 4 maka diperoleh bilangan reproduksi dasar dari sistem (2) adalah $R_0 = 2.68343$. Karena $R_0 > 1$ maka penyakit akan meyebar atau dengan kata lain akan terjadi endemik. Nilai titik ekuilibrium endemik adalah $E^* = (s^*, v^*, i^*, r^*) = (0.407486, 0.0044752, 0.576293, 0.0117454)$.

Berdasarkan nilai-nilai parameter pada Tabel 4 dan dengan sembarang nilai awal $s(0) = 0.2, v(0) = 0.3, i(0) = 0.2, r(0) = 0.3$, maka diperoleh hasil simulasi di titik ekuilibrium endemik E^* sebagai berikut:



Gambar 3. Simulasi model saat $R_0 > 1$

Berdasarkan Gambar 3 terlihat bahwa dari hasil simulasi numerik untuk $R_0 > 1$ yang dilakukan menunjukkan adanya kecenderungan dari sistem menuju titik ekuilibrium endemik. Hal ini sesuai dengan analisis kestabilan yang telah dilakukan bahwa titik ekuilibrium tidak stabil untuk $R_0 > 1$.

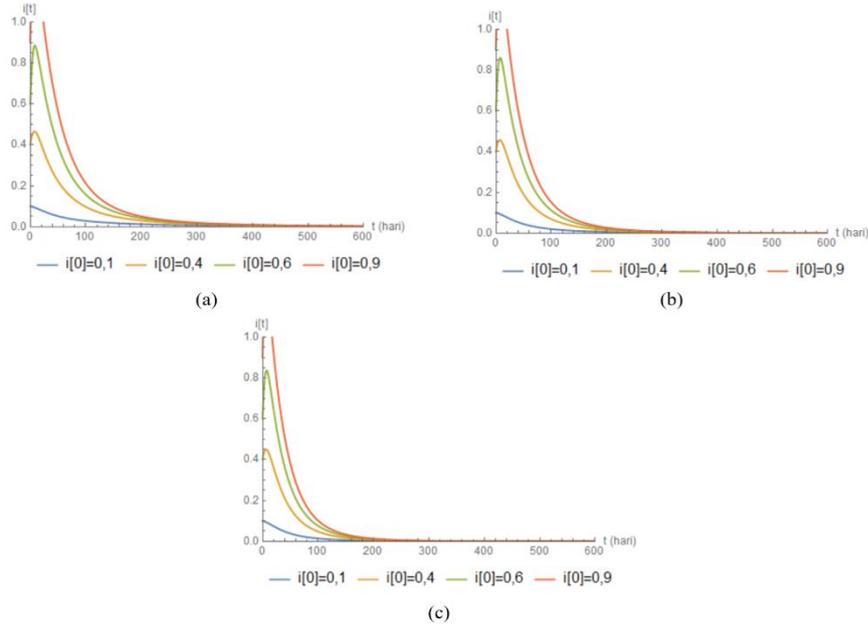
Efektifitas Penggunaan Vaksin

Selanjutnya akan dilakukan simulasi numerik untuk melihat efektivitas pada penggunaan vaksin. Pengaruh vaksinasi akan dianalisis rasio reproduksi dasar untuk tingkat vaksinasi lebih besar dari $k = 0.867007$ disajikan dalam tabel berikut:

Tabel 5. Pengaruh nilai k dengan $k > 87\%$ terhadap R_0

k	Rasio Reproduksi Dasar (R_0)
0.98	0.840408
0.99	0.678628
1	0.517062

Berikut adalah grafik untuk simulasi efektivitas penggunaan vaksin dengan tingkat vaksinasi $k > 87\%$



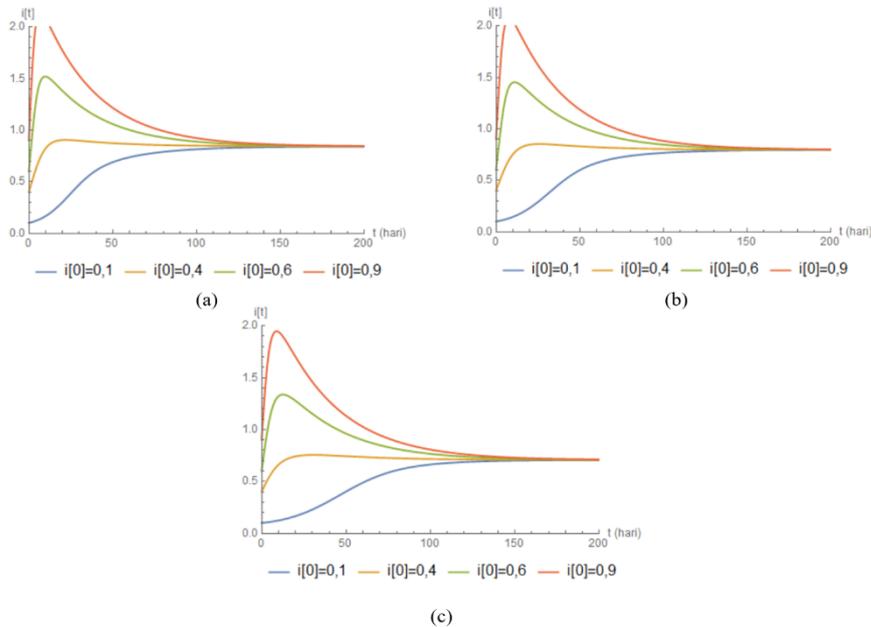
Gambar 4. (a) Simulasi titik i ketika $k = 0.98$, (b) Simulasi i ketika $k = 0.99$, (c) Simulasi i ketika $k = 1$

Selanjutnya akan dianalisis rasio reproduksi dasar untuk tingkat vaksinasi lebih kecil dari $k = 0.867007$ disajikan dalam tabel berikut:

Tabel 6. Pengaruh nilai k dengan $k < 87\%$ terhadap R_0

k	Rasio Reproduksi Dasar (R_0)
0.6	7.15111
0.7	5.45899
0.8	3.78958

Berikut adalah grafik untuk simulasi efektivitas penggunaan vaksin dengan tingkat vaksinasi $k < 87\%$



Gambar 5. (a) Simulasi titik i ketika $k = 0.6$, (b) Simulasi i ketika $k = 0.7$, (c) Simulasi i ketika $k = 0.8$

Berdasarkan gambar 4 dan gambar 5 jika semakin tinggi tingkat vaksinasi maka bilangan reproduksi dasar R_0 akan semakin menurun. Namun untuk $k < 87\%$ vaksinasi yang dilakukan belum berhasil membuat penyakit menghilang dari populasi karena nilai $R_0 > 1$. Agar penyebaran penyakit dapat dicegah dengan

sukses, maka $k > 87\%$ agar $R_0 < 1$ sehingga penyakit secara berangsur-angsur akan menghilang dari populasi. Jadi semakin besar tingkat vaksinasi maka akan semakin cepat penyakit menghilang dari populasi.

4. PENUTUP

Berdasarkan asumsi yang dimiliki, Berikut adalah model matematika penyebaran penyakit Covid-19 dengan pengaruh vaksinasi:

$$\frac{dS}{dt} = \mu N + \gamma R - k\beta S - (1-k)\alpha S \frac{I}{N} - \mu S$$

$$\frac{dV}{dt} = k\beta S - \theta V \frac{I}{N} - \mu V$$

$$\frac{dI}{dt} = (1-k)\alpha S \frac{I}{N} + \theta V \frac{I}{N} - \omega I - \mu I$$

$$\frac{dR}{dt} = \omega I - \gamma R - \mu R$$

dengan $N = S + V + I + R$

Dari model tersebut diperoleh dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit $E^0(s, v, i, r) = \left(\frac{\mu}{k\beta + \mu}, \frac{k\beta}{k\beta + \mu}, 0, 0\right)$ yang bersifat stabil asimtotik lokal saat $R_0 < 1$ dan titik ekuilibrium endemik $E^* = (s^*, v^*, i^*, r^*) = (0.407486, 0.0044752, 0.576293, 0.0117454)$ yang terindikasi bersifat stabil asimtotik lokal saat $R_0 > 1$. Berdasarkan hasil simulasi efektivitas pada penggunaan vaksin, semakin besar tingkat vaksinasi maka akan semakin cepat penyakit menghilang dari populasi, yang artinya penggunaan vaksin cukup efektif.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Kemenkes RI, "P2PTM_RAK2017.pdf." pp. 1–37, 2017. [Online]. Available: http://p2p.kemkes.go.id/wp-content/uploads/2017/12/P2PTM_RAK2017.pdf
- [2] A. Muntaha and E. S. Anwar, "Penerapan Model Matematika untuk Mencegah Penyebaran Covid-19 di Sektor Pendidikan Indonesia di Era New Normal," *J. Ilm. Pendidik. MAJU*, vol. 7, no. 2, pp. 83–88, 2020, [Online]. Available: <https://ejournal.stkipbbm.ac.id/index.php/mtk/article/view/492>
- [3] M. Manaqib, I. Fauziah, and E. Hartati, "Model Matematika Penyebaran COVID-19 dengan Penggunaan Masker Kesehatan dan Karantina," *Jambura J. Biomath.*, vol. 2, no. 2, pp. 68–79, 2021, doi: <https://doi.org/10.34312/jjbm.v2i2.10483>.
- [4] "WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard," *World Health Organization*, 2022. <https://covid19.who.int/> (accessed Jan. 12, 2022)
- [5] "Data sebaran perkembangan Covid-19," *Satuan Tugas Penanganan Covid-19*, 2022. <https://covid19.go.id/> (accessed Jan. 12, 2022).
- [6] L. I. Setiawan and S. Mungkasi, "Penyelesaian Model Epidemi SIR Menggunakan Metode Runge-Kutta Orde Empat Dan Metode Adams-Bashforth-Moulton," vol. 18, no. 2, pp. 55–61, 2021.
- [7] J. Giesecke, *Modern Infectious Disease Epidemiology Third Edition*. New York: Taylor & Francis Group, 2017.
- [8] A. Perasso, "An Introduction to The Basic Reproduction Number in Mathematical Epidemiology," *ESAIM Proc. Surv.*, vol. 62, no. September, pp. 123–138, 2018, doi: [10.1051/proc/201862123](https://doi.org/10.1051/proc/201862123).
- [9] A. D. B. Aez-s, "Tema," 2020, doi: [10.5540/tema.2020.021.03.0409](https://doi.org/10.5540/tema.2020.021.03.0409).
- [10] L. Wang, B. K. P. Horn, and G. Strang, "Eigenvalue and Eigenvector Analysis of Stability for a Line of Traffic," *Stud. Appl. Math.*, vol. 138, no. 1, pp. 103–132, 2017, doi: [10.1111/sapm.12144](https://doi.org/10.1111/sapm.12144).