

Model Matematika Penyebaran Penyakit COVID-19 dengan Vaksinasi, Isolasi Mandiri, dan Karantina Rumah Sakit

IRMA FAUZIAH, MUHAMMAD MANAQIB, MAGHVIROTUL AZIZAH

Program Studi Matematika, Fakultas Sains dan Teknologi,
UIN Syarif Hidayatullah Jakarta
Jl. Ir H. Juanda No.95, Ciputat, Tangerang Selatan, Banten 15412
Email: Irma.fauziah@uinjkt.ac.id, muhammad.manaqib@uinjkt.ac.id,
maghvirotul.azizah17@mhs.uinjkt.ac.id

Abstrak

Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) adalah penyakit menular yang disebabkan oleh SARS-CoV-2, salah satu jenis coronavirus. Penyakit ini mengakibatkan pandemi sejak awal tahun 2020 hingga pertengahan tahun 2023. Salah satu cara untuk menjelaskan solusi dari permasalahan dalam dunia nyata adalah memodelkan matematika. Penelitian ini mengembangkan model SEIR untuk memodelkan penyebaran penyakit COVID-19 dengan menambahkan faktor penggunaan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit. Dari model matematika yang dibentuk selanjutnya dianalisis kestabilan titik ekuilibrium dan dilakukan simulasi numerik. Diperoleh dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit dan titik ekuilibrium endemik. Titik ekuilibrium bebas penyakit stabil asimtotik lokal ketika bilangan reproduksi dasar kurang dari satu ($R_0 < 1$) dan titik ekuilibrium endemik ada jika bilangan reproduksi dasar lebih dari satu $R_0 > 1$. Simulasi numerik titik ekuilibrium bebas penyakit dilakukan untuk memberikan gambaran geometris terkait hasil yang telah dianalisis dengan nilai parameter yang diambil dari beberapa sumber. Hasil simulasi numerik sejalan dengan analisis yang dilakukan. Dari hasil analisis sensitifitas parameter model diperoleh laju karantina memiliki pengaruh yang signifikan terhadap pengendalian COVID-19.

Kata kunci: COVID-19, Vaksinasi, Karantina, Titik Ekuilibrium, Bilangan Reproduksi Dasar.

Abstract

Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) is an infectious disease caused by SARS-CoV-2, a type of coronavirus. This disease caused a pandemic from early 2020 to mid-2023. One way to explain solutions to real-world problems is by mathematical modeling. This research develops an SEIR model to simulate the spread of COVID-19 by incorporating factors such as vaccination, self-isolation, and hospital quarantine. The stability of the equilibrium points of the developed mathematical model is then analyzed, followed by numerical simulations. Two equilibrium points are obtained: the disease-free equilibrium and the endemic equilibrium. The disease-free equilibrium is locally asymptotically stable when the basic reproduction number is less than one ($R_0 < 1$), and the endemic equilibrium exists if it is greater than one ($R_0 > 1$). Numerical simulations of the disease-free equilibrium are conducted to provide a geometric representation of the analyzed results, using parameter values sourced from various references. The results of the numerical simulations align with the analysis. The sensitivity analysis of the model parameters reveals that the quarantine rate significantly impacts the control of COVID-19.

Keywords: COVID-19, Vaccinate, Quarantine, Equilibrium Point and Basic Reproduction Number.

1. PENDAHULUAN

Akhir tahun 2019 dunia sedang diguncangkan oleh ancaman pandemi virus corona. Virus corona jenis baru yaitu SARS-CoV-2 pada akhir tahun 2019 di temukan pertama kali di Wuhan [1]. Virus corona sudah pernah menyebabkan epidemik sebelumnya dengan morbiditas dan mortalitas cukup tinggi, yaitu *Severe Acute Respiratory Syndrome* (SARS-CoV) dan *Middle East Respiratory Syndrome* (MERS-Cov) [2]. *Corona Virus Disease-2019* (COVID-19) adalah penyakit yang menyerang sistem pernapasan yang disebabkan oleh virus SARS-CoV-2. Infeksi COVID-19 dapat menimbulkan gejala ringan, sedang hingga berat gejala klinis utama yang muncul, yaitu demam (Suhu $> 38^{\circ}\text{C}$), batuk, hingga kesulitan bernapas [3]. Pemahaman mendalam tentang penyebaran dan karakteristik virus serta dampak kesehatan masyarakat yang disebabkan oleh COVID-19 menjadi sangat penting. Pemodelan matematika dapat menggambarkan penyebaran suatu penyakit dalam masyarakat, sehingga dapat digunakan sebagai dasar untuk mitigasi dan merencanakan respons yang efektif dalam suatu epidemi.

Pemodelan matematika telah terbukti menjadi alat yang baik dalam memahami dinamika penyebaran penyakit infeksi, termasuk COVID-19. Dengan menggunakan model matematika, kita dapat mengestimasi dampak dari berbagai strategi intervensi, meramalkan tren penyebaran virus di masa mendatang, dan menginformasikan keputusan kebijakan kesehatan yang tepat [4,5]. Langkah-langkah seperti vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit tidak hanya dipandang sebagai tindakan pencegahan, tetapi juga didukung oleh analisis matematis yang mendalam. Model matematika klasik oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927 [6] dan penelitian lebih baru tentang strategi mitigasi pandemi influenza oleh Ferguson dkk. [7] membahas tentang kontribusi utama model matematika dalam membentuk pendekatan pengendalian penyakit menular.

Pandemi COVID-19 telah memperlihatkan pentingnya model matematika dalam merancang kebijakan kesehatan yang efektif. Penggunaan model matematika dalam meramalkan penyebaran awal COVID-19 di Italia oleh Remuzzi dan Remuzzi [8] menegaskan

peran pemodelan dalam memberikan panduan bagi pembuat kebijakan. Andersen, dkk. [9] menganalisis dinamika penyakit dalam populasi dengan strategi vaksinasi periodik memperlihatkan bagaimana model matematika membantu memahami dampak efektivitas vaksinasi dalam memutus rantai penularan. Dengan demikian, tidak dapat disangkal bahwa pemodelan matematika bukan hanya alat analisis, tetapi juga kompas berharga dalam merumuskan kebijakan kesehatan yang tepat seperti COVID-19.

Beberapa penelitian terkait model penyebaran penyakit COVID-19, diantaranya [10] yang melakukan penelitian model matematika COVID-19 dengan model sederhana SIR (Susceptible Infected Recovered). Lalu ada penelitian [11] yang mengembangkan model SEQIR yaitu manusia rentan $S(t)$, populasi yang sedang melakukan imigran $E(t)$, manusia terinfeksi disertai gejala klinis $I(t)$, manusia yang dikarantina $Q(t)$, dan manusia yang pulih $R(t)$ dengan membagi kompartemen quarantine menjadi dua kompartemen yaitu karantina di rumah atau isolasi mandiri dan karantina di rumah sakit dan terdapat parameter kematian akibat penyakit. Selanjutnya penelitian yang dilakukan [12] pada penelitian ini mengembangkan model SEIR dengan menambahkan kompartemen I_c , I_a , I_h dan Q dimana kompartemen I_h merupakan individu yang sudah terinfeksi yang dirawat di rumah sakit, I_a adalah individu yang terinfeksi secara asimtotik, I_c adalah individu terinfeksi yang sudah sangat kritis dan kompartemen Q adalah karantina. Kemudian ada penelitian [13] yang membahas penyakit sejenis dengan COVID-19 yaitu MERS-CoV yang mengembangkan model SEIR dengan penggunaan masker kesehatan dan vaksinasi dimana kompartemen S dan I dibagi menjadi dua kompartemen yaitu pengguna masker kesehatan dan tidak menggunakan masker kesehatan. Selanjutnya penelitian [14] pemodelan penyakit COVID-19 yang menggunakan model SEIR dengan menambahkan kompartemen V (vaksinasi), Q (karantina), dan D (kematian akibat penyakit), penelitian tersebut mengasumsikan individu yang sudah sembuh dari penyakit dapat kembali menjadi individu rentan dan mendapatkan vaksinasi.

Dalam penelitian ini, akan dikembangkan model matematika penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit dengan menggunakan model SVEIQR, dimana subpopulasi Quarantine (Q) dibagi menjadi dua subpopulasi yaitu subpopulasi yang melakukan karantina di rumah atau isolasi mandiri (Q_1) dan subpopulasi yang melakukan karantina di rumah sakit (Q_2).

2. MODEL MATEMATIKA

Pada penelitian ini akan dibentuk model matematika COVID-19 dengan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit. Populasi dibagi kedalam tujuh kompartemen: *Susceptible* (S) yaitu individu yang rentan terkena penyakit, *Vaccine* (V) yaitu individu yang sudah melakukan vaksinasi COVID-19 sebanyak dua kali, *Exposed* (E) yaitu individu yang tertular penyakit tetapi belum menunjukkan tanda-tanda mengidap penyakit dan belum dapat menularkan penyakit (individu laten), *Infected* (I) yaitu individu yang terjangkit dan dapat menularkan penyakit, Quarantine (Q) yaitu individu yang melakukan karantina, dimana di kompartemen ini dibagi menjadi dua subpopulasi yaitu individu yang melakukan karantina di rumah atau isolasi mandiri (Q_1) dan individu yang melakukan karantina di rumah sakit (Q_2), dan Removed (R) yaitu individu yang telah sembuh dari penyakit dan individu yang kebal setelah divaksinasi. Jumlah individu pada masing-masing kompartemen pada waktu ke- t disimbolkan $S(t) \geq 0, V(t) \geq 0, E(t) \geq 0, I(t) \geq 0, Q_1(t) \geq 0, Q_2(t) \geq 0, R(t) \geq 0$. Untuk penyederhanaan dituliskan $S(t) = S, V(t) = V, E(t) = E, I(t) = I, Q_1(t) = Q_1, Q_2(t) = Q_2$, dan $R(t) = R$. N adalah total populasi, dengan $N = S + V + E + I + Q_1 + Q_2 + R$.

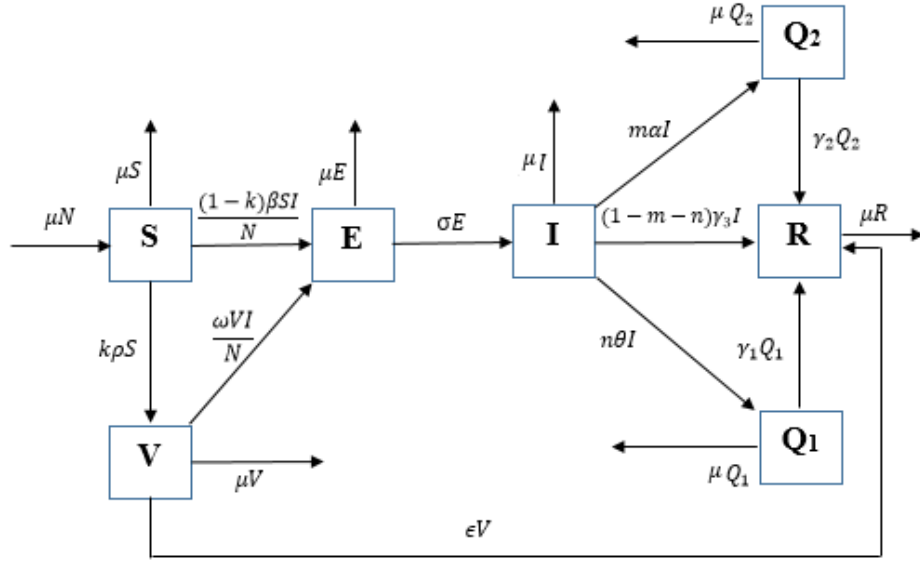
Dalam pembentukan model, kami menggunakan asumsi : (1) kematian akibat penyakit diabaikan, (2) populasi diasumsikan Homogen, artinya setiap individu mempunyai peluang yang sama untuk melakukan kontak dengan individu lainnya, (3) populasi diasumsikan tertutup, artinya tidak ada individu yang masuk ke dalam populasi atau keluar dari populasi (tidak ada migrasi) total populasi diasumsikan konstan, (4) individu yang telah melakukan vaksinasi dapat terinfeksi COVID-19 karena efikasi vaksin tidak 100%. (5) Sebagian individu

yang telah melakukan vaksinasi kebal terhadap COVID-19 sebesar efikasi vaksin, (6) laju kelahiran dan kematian alami setiap satuan waktu diasumsikan sama, (7) infeksi virus terjadi ketika individu rentan berinteraksi dengan individu yang terinfeksi baik secara langsung maupun tidak langsung, (8) individu yang terinfeksi akan melakukan isolasi mandiri atau karantina di rumah sakit, (9) individu yang telah sembuh mempunyai kekebalan terhadap COVID-19.

TABEL 1. Daftar parameter model penyebaran COVID-19 dengan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit

No	Parameter	Definisi	Syarat	Satuan
1.	μ	Laju kelahiran dan kematian alami.	$0 \leq \mu \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
2.	ρ	Laju perpindahan dari individu rentan menjadi individu yang telah melakukan vaksinasi.	$0 \leq \rho \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
3.	k	Proporsi dari individu rentan menjadi individu yang melakukan vaksinasi.	$0 \leq k \leq 1$	
4.	ω	Laju perpindahan dari individu yang melakukan vaksinasi menjadi individu laten.	$0 \leq \omega \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
5.	β	Laju perpindahan dari individu rentan menjadi individu laten setelah terinfeksi oleh individu terinfeksi.	$0 \leq \beta \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
6.	α	Laju perpindahan dari individu terinfeksi menjadi individu yang melakukan karantina di rumah sakit.	$0 \leq \alpha \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
7.	m	Proporsi dari individu terinfeksi menjadi individu yang melakukan karantina di rumah sakit.	$0 \leq m \leq 1$	
8.	θ	Laju perpindahan dari individu terinfeksi menjadi individu yang melakukan isolasi mandiri.	$0 \leq \theta \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
9.	n	Proporsi dari individu terinfeksi menjadi individu yang melakukan isolasi mandiri.	$0 \leq n \leq 1$	
10.	σ	Laju perpindahan dari individu laten menjadi individu terinfeksi.	$0 \leq \sigma \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
11.	γ_1	Laju perpindahan dari individu yang melakukan isolasi mandiri ke individu Removed.	$0 \leq \gamma_1 \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
12.	γ_2	Laju perpindahan dari individu yang melakukan karantina di rumah sakit ke individu Removed.	$0 \leq \gamma_2 \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
13.	γ_3	Laju perpindahan dari individu terinfeksi ke individu Removed.	$0 \leq \gamma_3 \leq 1$	$\frac{1}{hari}$
14.	ϵ	Laju perpindahan individu yang telah melakukan vaksinasi dan tidak terinfeksi ke individu Removed.	$0 \leq \epsilon \leq 1$	$\frac{1}{hari}$

Berdasarkan asumsi pembentukan model tersebut dapat disusun skema penyebaran penyakit COVID-19 dengan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit pada diagram transfer Gambar 1.



GAMBAR 1. Diagram transfer model penyebaran penyakit COVID-19.

Model matematika dari diagram transfer di atas dapat dituliskan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= \mu N - \left(\mu + k\rho + \frac{(1-k)\beta I}{N} \right) S \\
 \frac{dV}{dt} &= k\rho S - \left(\mu + \frac{\omega I}{N} + \epsilon \right) V \\
 \frac{dE}{dt} &= \frac{(1-k)\beta SI}{N} + \frac{\omega VI}{N} - (\mu + \sigma) E \\
 \frac{dI}{dt} &= \sigma E - (\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3) I \\
 \frac{dQ_1}{dt} &= n\theta I - (\mu + \gamma_1) Q_1 \\
 \frac{dQ_2}{dt} &= m\alpha I - (\mu + \gamma_2) Q_2 \\
 \frac{dR}{dt} &= \gamma_1 Q_1 + \gamma_2 Q_2 + (1-m-n)\gamma_3 I + \epsilon V - \mu R
 \end{aligned} \tag{1}$$

Dari sistem (1) diperoleh $\frac{dN}{dt} = 0$, sehingga $N(t) = a$ untuk a bilangan bulat positif, karena $N(t)$ konstan. Sistem (1) dapat dibentuk dalam model *non-dimensional*, untuk menyederhanakan Sistem (1) proporsi banyaknya individu masing-masing kompartemen dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$s = \frac{S}{N}, v = \frac{V}{N}, e = \frac{E}{N}, i = \frac{I}{N}, q_1 = \frac{Q_1}{N}, q_2 = \frac{Q_2}{N}, r = \frac{R}{N} \tag{2}$$

Karena variabel R tidak muncul dalam persamaan lain, maka persamaan R untuk sementara dapat diabaikan dari sistem. Diperoleh sistem *non-dimensional* enam persamaan berikut.

$$\begin{aligned}
\frac{ds}{dt} &= \mu - (\mu + k\rho + (1-k)\beta i) s \\
\frac{dv}{dt} &= k\rho s - (\mu + \omega i + \epsilon) v \\
\frac{de}{dt} &= ((1-k)\beta s + \omega v) i - (\mu + \sigma) e \\
\frac{di}{dt} &= \sigma e - (\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3) i \\
\frac{dq_1}{dt} &= n\theta i - (\mu + \gamma_1) q_1 \\
\frac{dq_2}{dt} &= m\alpha i - (\mu + \gamma_2) q_2
\end{aligned} \tag{3}$$

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1. Analisis Model. Analisis model dilakukan dengan analisis kestabilan titik ekuilibrium model. Titik kesetimbangan diperoleh dengan membuat persamaan pada Sistem (3) sama dengan nol. Pertama, menentukan titik ekuilibrium bebas penyakit yaitu tidak terdapat penyakit di dalam populasi, sehingga $i = 0$. Diperoleh titik ekuilibrium bebas penyakit dari Sistem (3) sebagai berikut:

$$E_1(s, v, e, i, q_1, q_2) = \left(\frac{\mu}{\mu + k\rho}, \frac{k\rho\mu}{(\mu + k\rho)(\mu + \epsilon)}, 0, 0, 0, 0 \right)$$

Kemudian menentukan bilangan reproduksi dasar (R_0) dari Sistem (3) dengan menggunakan matriks generasi selanjutnya. Langkah – langkah penentuan R_0 Sistem (3) sebagai berikut:

- (1) Mengambil persamaan-persamaan yang menggambarkan kasus terinfeksi baru dan perubahan dalam kompartemen infeksi dari sistem. Selanjutnya sistem ini disebut subsistem terinfeksi. Pada Sistem (3), subsistem yang terinfeksi adalah e, i, q_1 , & q_2 .
- (2) Melakukan linearisasi terhadap subsistem terinfeksi pada titik ekuilibrium bebas penyakit. Sistem linear ini direpresentasikan dengan Matriks Jacobi (J) sebagai berikut.

$$J_{(s,e,i,q_1,q_2)} = \begin{bmatrix} -(\mu + \sigma) & (1-k)\beta \left(\frac{\mu}{\mu+k\rho} \right) + \omega \left(\frac{k\rho\mu}{(\mu+k\rho)(\mu+\epsilon)} \right) & 0 & 0 \\ \sigma & -(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3) & 0 & 0 \\ 0 & n\theta & -(\mu + \gamma_1) & 0 \\ 0 & m\alpha & 0 & -(\mu + \gamma_2) \end{bmatrix}$$

- (3) Dekomposisi matriks Jacobi J menjadi $J = F - V$, dengan F adalah matriks transmisi dan V adalah matriks transisi.

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \frac{(1-k)(\mu+\epsilon)\mu\beta+k\rho\mu\omega}{(\mu+k\rho)(\mu+\epsilon)} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$V = \begin{bmatrix} (\mu + \sigma) & 0 & 0 & 0 \\ -\sigma & (\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3) & 0 & 0 \\ 0 & -n\theta & (\mu + \gamma_1) & 0 \\ 0 & -m\alpha & 0 & (\mu + \gamma_2) \end{bmatrix}$$

dengan

$$g = (\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3), \quad u = (\mu + \sigma), \quad x = (\mu + k\rho), \quad y = (\mu + \epsilon).$$

- (4) Hitung R_0 dengan $R_0 = \rho(FV^{-1})$

$$R_0 = \frac{(1-k)(\mu + \epsilon)\mu\beta\sigma + \sigma k\rho\mu\omega}{(\mu + k\rho)(\mu + \epsilon)(\mu + \sigma)(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3)}.$$

Selanjutnya akan dicari titik ekuilibrium endemik. Titik ekuilibrium endemik artinya di dalam populasi terdapat individu yang terserang penyakit, sehingga diperoleh I pada titik ekuilibrium endemik adalah $I^* > 0$. Diperoleh titik ekuilibrium endemik Sistem (3) adalah $E_2 = (s^*, v^*, e^*, i^*, q_1^*, q_2^*)$ dengan

$$\begin{aligned} s^* &= \frac{\mu}{\mu + k\rho + (1-k)\beta i^*} \\ v^* &= \frac{k\rho\mu}{(\mu + k\rho + (1-k)\beta i^*)(\mu + \omega i + \epsilon)} \\ e^* &= \frac{((1-k)\beta\mu(\mu + \omega i + \epsilon) + \omega k\rho\mu)i}{(\mu + k\rho + (1-k)\beta i^*)(\mu + \omega i + \epsilon)(\mu + \sigma)} \\ i^* &= \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a} \\ q_1^* &= \frac{n\theta i^*}{(\mu + \gamma_1)} \\ q_2^* &= \frac{m\alpha i^*}{(\mu + \gamma_2)} \end{aligned} \quad (4)$$

dan i^* adalah solusi dari

$$ai^{*2} + bi^* + c = 0 \quad (5)$$

$$a = (\mu + \sigma)(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3)(1-k)\beta\omega$$

$$b = (\mu + k\rho)(\mu + \sigma)(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3)\omega + (\mu + \epsilon)(\mu + \sigma)$$

$$(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3)(1-k)\beta - (1-k)\beta\mu\sigma$$

$$c = (\mu + k\rho)(\mu + \epsilon)(\mu + \sigma)(\mu + m\alpha + n\theta + (1-m-n)\gamma_3)(1-R_0)$$

Teorema 3.1.

- (1) Jika $R_0 < 1$ maka Sistem (3) hanya memiliki satu titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit E_1 .
- (2) Jika $R_0 > 1$ maka Sistem (3) memiliki dua titik ekuilibrium, yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit E_1 dan titik ekuilibrium endemik E_2 .

BUKTI. Eksistensi titik ekuilibrium ditunjukkan oleh tiap elemennya positif. Diperhatikan bahwa setiap elemen dari E_1 jelas positif, maka E_1 ada tanpa syarat. Sehingga pembuktian Teorema 1 cukup dibuktikan titik ekuilibrium endemik E_2 ada jika $R_0 > 1$. Diperhatikan $s^*, v^*, e^*, q_1^*, q_2^*$ pada titik ekuilibrium endemik $E_2 = (s^*, v^*, e^*, i^*, q_1^*, q_2^*)$ positif jika $i^* > 0$. Setiap parameter dalam model ini positif, $0 \leq m + n \leq 1$, dan $0 \leq k \leq 1$ maka $a > 0$. Berdasarkan *Descartes Rules of Sign*, sebuah polinomial akan memiliki akar positif sebanyak perubahan tanda yang terjadi pada koefisien persamaan tersebut [15]. Dengan $R_0 > 1$ didapat nilai $c < 0$ maka terdapat setidaknya satu akar positif pada Persamaan (5). Dengan demikian didapat nilai $i^* > 0$ jika $R_0 > 1$. Terbukti Teorema 1 benar.

Teorema 3.2. Jika $R_0 < 1$ maka titik ekuilibrium bebas penyakit $E_1 \left(\frac{\mu}{\mu+k\rho}, \frac{k\rho\mu}{(\mu+k\rho)(\mu+\epsilon)}, 0, 0, 0, 0 \right)$ stabil asimtotik lokal.

BUKTI. Analisis kestabilan ditentukan berdasarkan nilai eigen dari matriks Jacobian $J_{(E_1)}$ yang diperoleh melalui metode linearisasi sistem di sekitar titik-titik ekuilibrium E_1 . Diperoleh persamaan karakteristik dari matriks Jacobian $J_{(E_1)}$ adalah

$$(\lambda + \mu + \gamma_1)(\lambda + \mu + \gamma_2)(\lambda + \mu + k\rho)(\lambda + \mu + \epsilon)P = 0 \quad (6)$$

dengan

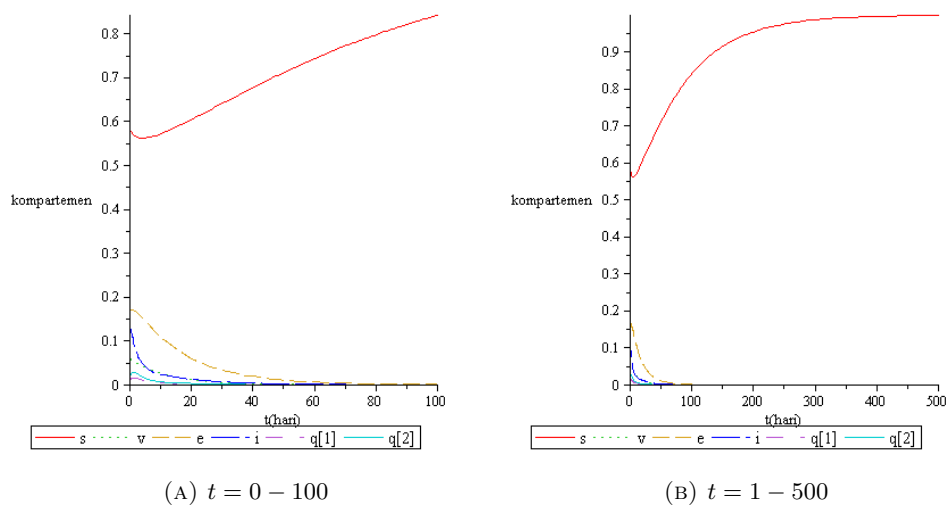
$$P = (\lambda + \mu + \sigma)(\lambda + g) - \sigma[(1-k)\beta s + \omega v], \quad (7)$$

$g = (\mu + m\alpha + n\theta + (1 - m - n)\gamma_3)$, $s = \frac{\mu}{\mu + k\rho}$ dan $v = \frac{k\rho\mu}{(\mu + k\rho)(\mu + \epsilon)}$. Diperoleh $\lambda_1 = -(\mu + \gamma_1)$, $\lambda_2 = -(\mu + \gamma_2)$, $\lambda_3 = -(\mu + k\rho)$ dan $\lambda_4 = -(\mu + \epsilon)$. Karena setiap parameter dalam model ini positif maka $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$, dan λ_4 negatif. Selanjutnya tanda dari bagian real dua nilai eigen polinomial P dibuktikan negatif dengan kriteria Routh-Hurwitz. Persamaan (9) dapat ditulis $P = a_0\lambda^2 + a_1\lambda + a_2$, dengan $a_0 = 1$, $a_1 = \mu + \sigma + g$, dan $a_2 = (\mu + \sigma)g - \frac{(1-k)\sigma\beta\mu}{\mu + k\rho} - \frac{k\rho\mu\omega}{(\mu + k\rho)(\mu + \epsilon)} = (\mu + \sigma)g(1 - R_0)$. Berdasarkan kriteria Routh-Hurwitz bagian riil akar-akar polinomial derajat dua P negatif jika $a_1 > 0$ dan $a_2 > 0$. Jelas bahwa $a_1 > 0$ dan $a_2 > 0$ jika $R_0 < 1$. Diperoleh jika $R_0 < 1$ maka polinomial P memenuhi kriteria Routh-Hurwitz sehingga terbukti bagian real dua nilai eigen polinomial P negatif. Karena semua nilai eigen matriks Jakobi $J_{(E_1)}$ negatif maka titik ekuilibrium bebas penyakit E_1 stabil asimtotik lokal.

3.2. Simulasi Numerik. Simulasi dilakukan dengan menggunakan bantuan Maple 2020 dan parameter-parameter yang digunakan diperoleh dari penelitian-penelitian sebelumnya serta asumsi terkait penyakit COVID-19 yang disajikan pada Tabel 2.

TABEL 2. Nilai parameter yang digunakan dalam simulasi

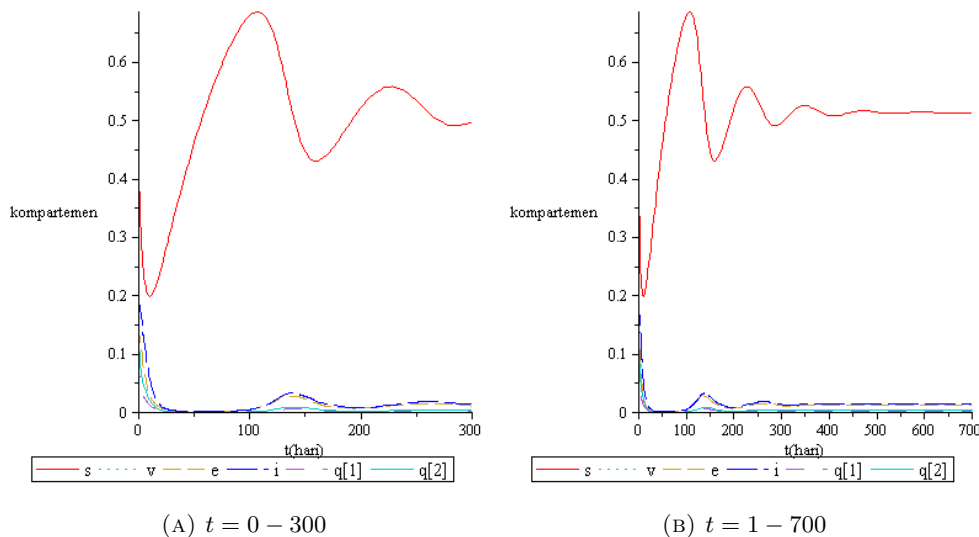
Parameter	Nilai	Satuan	Referensi
μ	0.0125	$\frac{1}{hari}$	[16]
β	0.2	$\frac{1}{hari}$	[10]
σ	0.071428571	$\frac{1}{hari}$	[17]
ρ	0.002197802198	$\frac{1}{hari}$	[18]
k	0.000077	$\frac{1}{hari}$	[19]
ω	0.0111111	$\frac{1}{hari}$	[19]
ϵ	0.071428557143	$\frac{1}{hari}$	[19]
θ	0.2173913043	$\frac{1}{hari}$	[20]
α	0.94	$\frac{1}{hari}$	[21]
m	0.2		asumsi
n	0.45		asumsi
γ_1	0.8	$\frac{1}{hari}$	[22]
γ_2	0.6	$\frac{1}{hari}$	[22]
γ_3	0.27	$\frac{1}{hari}$	[21]



GAMBAR 2. Simulasi sistem (3) menuju titik ekuilibrium bebas penyakit

Berdasarkan Gambar 2 populasi individu rentan naik, hingga hari ke-500 mencapai titik 0.9999864618 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang telah divaksinasi menurun, hingga hari ke-130 mencapai titik 0.000002016339313 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu laten menurun, hingga hari ke-100 menuju 0 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu terinfeksi menurun, hingga hari ke-100 menuju 0 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang melakukan isolasi mandiri menurun, hingga hari ke-80 menuju 0 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang melakukan karantina di rumah sakit awalnya menurun, hingga pada hari ke-80 menuju 0 dan stabil pada titik tersebut. Jadi dapat disimpulkan penyakit akan menghilang dari populasi setelah hari ke-500 jika $R_0 < 1$.

Selanjutnya akan dilakukan simulasi numerik untuk $R_0 > 1$. Jika nilai parameter β dan σ diperbesar berturut-turut menjadi 0.85 dan 0.5. Berdasarkan nilai – nilai parameter diatas maka diperoleh bilangan reproduksi dasar $R_0 = 1.944974188 > 1$ dan nilai titik ekuilibrium endemik $E_2 = (s^*, v^*, i^*, e^*, q_1^*, q_2^*) = (0.4126399840, 0.0000008297339516, 0.01432571817, 0.02093406024, 0.003343505628, 0.006054774346)$. Diperoleh hasil simulasi seperti berikut:



GAMBAR 3. Simulasi Sistem (3) titik ekuilibrium endemik

Berdasarkan Gambar 3 populasi individu rentan naik dan menurun, hingga hari ke-700 mencapai titik 0.4126399840 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang telah divaksinasi naik dan menurun, hingga hari ke-800 mencapai titik 0.0000008297339516 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu laten menurun dan naik kembali, hingga hari ke-600 mencapai titik 0.01432571817 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu terinfeksi menurun dan naik kembali, hingga hari ke-600 mencapai titik 0.02093406024 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang melakukan isolasi mandiri menurun dan naik kembali, hingga hari ke-550 mencapai titik 0.003343505628 dan stabil pada titik tersebut. Populasi individu yang melakukan karantina di rumah sakit awalnya menurun dan naik kembali, hingga pada hari ke-550 mencapai titik 0.006054774346 dan stabil pada titik tersebut. Simulasi dapat disimpulkan pada akhirnya penyakit akan tetap dalam populasi jika $R_0 > 1$.

3.3. Analisis Sensitivitas. Analisis sensitivitas digunakan untuk mengidentifikasi parameter mana yang memiliki pengaruh paling signifikan pada nilai R_0 yang kemudian dijadikan intervensi. Parameter yang berdampak paling tinggi pada R_0 menunjukkan bahwa parameter tersebut memiliki pengaruh yang paling dominan terhadap epidemi atau dalam

penyebaran penyakit *COVID* – 19. Analisis sensitivitas dihitung dengan menurunkan persamaan R_0 terhadap parameter p [23].

$$C_p^{R_0} = \frac{\partial R_0}{\partial p} \times \frac{p}{R_0} \quad (8)$$

Dengan menggunakan rumus pada persamaan (8) dan nilai parameter pada Tabel 1. dihasilkan indeks sensitivitas setiap parameter dalam bilangan reproduksi dasar R_0 yang ditampilkan pada Tabel 3.

TABEL 3. Indeks sensitivitas parameter

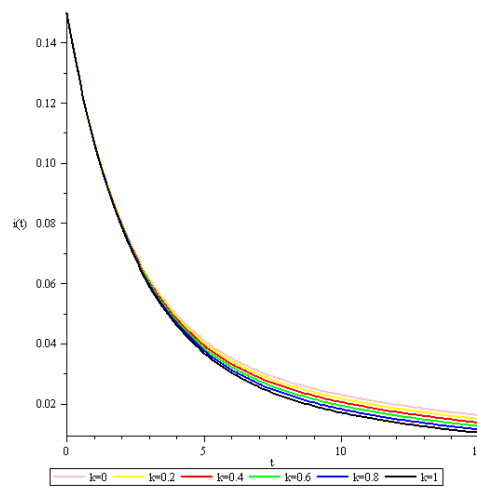
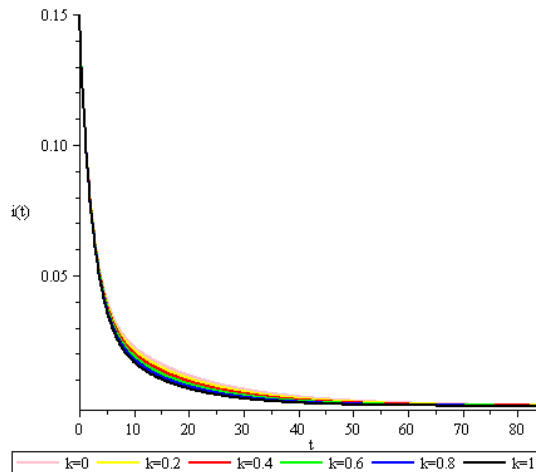
Parameter	Indeks sensitivitas
β	+0.9999998981
α	-0.5512212536
m	-0.3928917446
θ	-0.2294630566
γ_3	-0.1899954108
μ	-0.1782441574
σ	+0.1489361705
n	+0.05553005977
k	-0.00008221059025
ρ	-0.00001220569702
ω	$+1.018438163 \times 10^{-7}$
ϵ	$-8.802834744 \times 10^{-8}$

Indeks sensitivitas pada Tabel 3. secara berurutan menunjukkan parameter yang berpengaruh tertinggi hingga rendah. Berturut-turut lima parameter yang paling berpengaruh β (laju kontak), α (laju karantina rumah sakit), m (proporsi karantina rumah sakit), θ (laju isolasi mandiri), dan γ_3 (laju kesembuhan individu terinfeksi). Parameter dengan nilai indeks sensitivitas positif artinya jika nilai parameter tersebut meningkat dan nilai parameter yang lain tetap maka nilai bilangan reproduksi dasar akan meningkat dan sebaliknya ketika nilai tersebut menurun maka nilai bilangan reproduksi dasar akan menurun. Contohnya indeks sensitivitas dari parameter β sebesar 0.9999 artinya ketika parameter β diperbesar (atau diperkecil) sebesar 10% maka nilai R_0 akan meningkat (atau menurun) sebesar 9.99%. Sedangkan indeks sensitivitas negatif artinya jika nilai parameter tersebut meningkat dan nilai parameter yang lain tetap maka nilai bilangan reproduksi dasar akan menurun dan sebaliknya ketika nilai parameter tersebut menurun maka nilai bilangan reproduksi dasar akan meningkat. Contohnya indeks sensitivitas α sebesar 0.5512 ketika parameter α diperbesar (atau diperkecil) sebesar 10% maka nilai R_0 akan menurun (atau meningkat) sebesar 5.512%.

Analisis lebih lanjut akan dilakukan simulasi numerik untuk melihat efektivitas pada penggunaan vaksin, isolasi mandiri dan karantina rumah sakit, dengan mengubah nilai parameter terkait. Nilai parameter untuk proporsi vaksin (k) yang disimulasikan dan hasil simulasi disajikan pada Tabel 4. dan Gambar 4.

TABEL 4. Efektivitas penggunaan vaksin

k	R_0	Penyakit menghilang hari ke -
0	0.3992548689	80
0.2	0.3086658783	77
0.4	0.2240293471	75
0.6	0.1447772474	72
0.8	0.07041159698	70
1	0.0004939853880	65

(A) $t = 0 - 15$ (B) $t = 1 - 80$ GAMBAR 4. Simulasi subpopulasi i ketika $k = 0$, $k = 0.2$, $k = 0.4$, $k = 0.6$, $k = 0.8$, dan $k = 1$

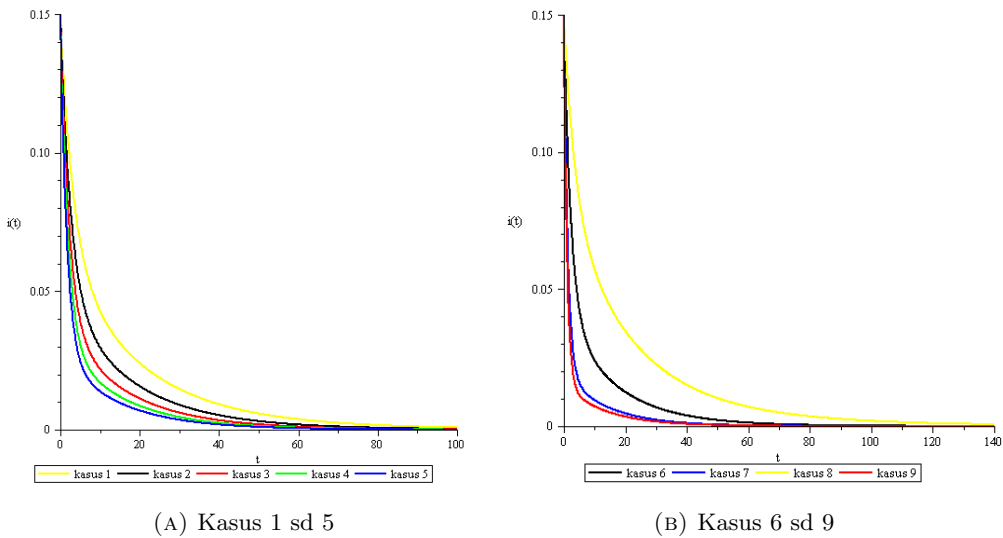
Berdasarkan Tabel 4. dan Gambar 4. seiring dengan proporsi vaksinasi yang meningkat nilai R_0 semakin menurun dan penyakit menghilang dari populasi semakin cepat. Awalnya jika tidak ada satupun individu yang divaksinasi diperoleh $R_0 = 0.3992548689$ dan penyakit

menghilang pada hari ke-80. Jika semua individu divaksinasi diperoleh $R_0 = 0.0004939853880$ dan penyakit menghilang pada hari ke-65. Hasil ini mengindikasikan bahwa vaksinasi mempercepat penyakit menghilang dari populasi tetapi tanpa vaksinasi pun penyakit akan tetap menghilang. Hal ini dikarenakan model yang dikembangkan bahwa kekebalan terhadap COVID-19 didapatkan tidak hanya dari vaksinasi tetapi juga dari setelah sembuh dari terinfeksi COVID-19 sesuai dengan karakteristik COVID-19.

Nilai parameter untuk simulasi kasus proporsi individu terinfeksi karantina rumah sakit (m) dan isolasi mandiri (n) hasilnya disajikan pada Tabel 5. dan Gambar 5.

TABEL 5. Efektivitas isolasi mandiri dan karantina rumah sakit

Kasus	m	n	$1 - m - n$	R_0	Penyakit menghilang hari ke -
1	0	0	1	0.6024685822	97
2	0.125	0.15	0.75	0.4731991071	92
3	0.250	0.250	0.50	0.3896033454	88
4	0.375	0.375	0.25	0.3311092927	82
5	0.50	0.50	0	0.2878867154	55
6	0.25	0.75	0	0.4145660168	102
7	0.75	0.25	0	0.2205063858	50
8	0	1	0	0.7403384611	135
9	1	0	0	0.1786849076	48



GAMBAR 5. Simulasi efektivitas isolasi mandiri dan karantina rumah sakit

Berdasarkan Tabel 5 dan Gambar 5 dari simulasi kasus 1-5 menunjukkan bahwa seiring dengan meningkatnya proporsi individu terinfeksi yang melakukan isolasi mandiri atau karantina rumah sakit, nilai R_0 semakin menurun dan penyakit menghilang dari populasi semakin cepat. Awalnya jika semua individu terinfeksi melakukan isolasi mandiri atau karantina rumah sakit diperoleh $R_0 = 0.6024685822$ dan penyakit menghilang pada hari ke-97. Jika semua individu terinfeksi tidak melakukan isolasi mandiri atau karantina rumah sakit diperoleh $R_0 = 0.2878867154$ dan penyakit menghilang pada hari ke-55. Hasil ini mengindikasikan bahwa isolasi mandiri dan karantina rumah sakit mempercepat penyakit menghilang dari populasi.

4. SIMPULAN

Model matematika penyebaran COVID-19 dengan vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina di rumah sakit adalah model SVEIQR dimana kompartemen Q terbagi menjadi isolasi mandiri dan karantina di rumah sakit. Model yang diperoleh berupa sistem persamaan diferensial biasa dengan tujuh persamaan dan tujuh variabel tak bebas yang bergantung terhadap waktu. Sistem memiliki dua titik ekuilibrium yaitu titik ekuilibrium bebas penyakit $E_1(s, v, e, i, q_1, q_2) = \left(\frac{\mu}{\mu+k\rho}, \frac{k\rho\mu}{(\mu+k\rho)(\mu+\epsilon)}, 0, 0, 0, 0\right)$ yang memiliki kestabilan titik ekuilibrium stabil asimtotik lokal saat $R_0 < 1$ dan titik ekuilibrium endemik $E_2(s^*, v^*, e^*, i^*, q_1^*, q_2^*)$ yang eksistensinya bergantung pada R_0 yaitu ada jika $R_0 > 1$.

Model matematika penyebaran COVID-19 tersebut memiliki bilangan reproduksi dasar $R_0 = \frac{\mu\sigma[(1-k)(\mu+\epsilon)\beta+k\rho\omega]}{(\mu+k\rho)(\mu+\epsilon)(\mu+\sigma)(\mu+m\alpha+n\theta+(1-m-n)\gamma_3)}$. Berdasarkan hasil simulasi efektivitas pada penggunaan vaksin, isolasi mandiri dan karantina rumah sakit, penyakit akan semakin cepat menghilang ketika proporsi vaksinasi, isolasi mandiri, dan karantina rumah sakit di perbesar, artinya penggunaan vaksin, isolasi mandiri, dan karantina rumah sakit cukup efektif dalam pengendalian penyebaran COVID-19. Berdasarkan hasil analisis kestabilan titik ekuilibrium bebas penyakit dan simulasi numerik disimpulkan penyakit akan hilang jika $R_0 < 1$ dan akan menetap pada populasi jika $R_0 > 1$. Berdasarkan hal tersebut langkah yang dapat dilakukan supaya penyakit tidak menjadi wabah adalah dengan mengurangi kontak antara individu terinfeksi dengan individu rentan (β), meningkatkan laju individu yang melakukan karantina di rumah sakit (α) dan isolasi mandiri (θ), meningkatkan proporsi individu yang divaksinasi (k) dan laju individu yang melakukan vaksinasi (ρ) di wilayah yang sedang terjangkit COVID-19.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] L. T. Phan et al., 'Importation and human-to-human transmission of a novel coronavirus in Vietnam', New England Journal of Medicine, vol. 382, no. 9, pp. 872–874, 2020.
- [2] Fathiyah Isbaniah and Agus Dwi Susanto, 'Pneumonia Corona Virus Infection Disease-19 (COVID-19)', Journal Of The Indonesian Medical Association, vol. 70, no. 4, pp. 87–94, 2020, doi: 10.47830/jinma-vol.70.4-2020-235.
- [3] H. A. Diah Handayani, Dwi Rendra Hadi, Fathiyah Isbaniah, Erlina Burhan, 'Penyakit Virus Corona 2019', JURNAL RESPIROLOGI INDONESIA, vol. 40, no. 3, pp. 119–129, 2020.
- [4] A. J. Kucharski et al., 'Early dynamics of transmission and control of COVID-19: A mathematical modelling study', 2020. doi: 10.1101/2020.01.31.20019901.
- [5] J. T. Wu, K. Leung, and G. M. Leung, 'Nowcasting and Forecasting the Potential Domestic and International Spread of the 2019-nCoV Outbreak Originating in Wuhan, China: A Modeling Study', 2020. doi: 10.1097/01.ogx.0000688032.41075.a8.
- [6] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, 'A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics', Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character, vol. 115, no. 772, pp. 700–721, Feb. 1927, [Online]. Available: [http : //www.jstor.org/stable/94815](http://www.jstor.org/stable/94815)
- [7] N. M. Ferguson, D. A. T. Cummings, C. Fraser, J. C. Cajka, P. C. Cooley, and D. S. Burke, 'Strategies for mitigating an influenza pandemic', Nature, vol. 442, no. 7101, pp. 448–452, 2006.
- [8] A. Remuzzi and G. Remuzzi, 'COVID-19 and Italy: what next?', The lancet, vol. 395, no. 10231, pp. 1225–1228, 2020.
- [9] M. E. Andersen, V. Y. Fevrier, R. J. Harris, and M. West, 'Discrete-time modeling of disease dynamics in populations with a periodic vaccination strategy', J Biol Dyn, vol. 14, no. 1, pp. 238–270, 2020.
- [10] B. H. Prasad, 'MATHEMATICAL STUDY ON COVID-19 WITH SIR EPIDEMIC', vol. IX, no. V, pp. 177–184.
- [11] B. K. Mishra et al., 'COVID-19 created chaos across the globe: Three novel quarantine epidemic models', Chaos Solitons Fractals, vol. 138, p. 109928, 2020, doi: [https : //doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109928](https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109928).
- [12] A. Ali, F. S. Alshammari, S. Islam, M. A. Khan, and S. Ullah, 'Modeling and analysis of the dynamics of novel coronavirus (COVID-19) with Caputo fractional derivative', Results Phys, vol. 20, p. 103669, 2021.
- [13] M. Manaqib, I. Fauziah, and M. Mujiyanti, 'Mathematical model for MERS-COV disease transmission with medical mask usage and vaccination', InPrime: Indonesian Journal of Pure and Applied Mathematics, vol. 1, no. 2, pp. 97–109, 2019.

- [14] B. H. Foy, B. Wahl, K. Mehta, A. Shet, G. I. Menon, and C. Britto, 'Comparing COVID-19 vaccine allocation strategies in India: A mathematical modelling study', *International Journal of Infectious Diseases*, vol. 103, pp. 431–438, 2021.
- [15] R. R. Musafir, A. Suryanto, and I. Darti, 'Dynamics of COVID-19 Epidemic Model with Asymptomatic Infection , Quarantine , Protection and Vaccination', vol. 4, no. 2, pp. 106–124, 2021, doi: 10.5614/cbms.2021.4.2.3.
- [16] Badan Pusat Statistik, 'Hasil Sensus Penduduk 2020'. [Online]. Available: [https : //www.bps.go.id/pressrelease/2021/01/21/1854/hasil-sensus-penduduk-2020.html](https://www.bps.go.id/pressrelease/2021/01/21/1854/hasil-sensus-penduduk-2020.html).
- [17] A. B. Gumel, E. A. Iboi, C. N. Ngonghala, and E. H. Elbasha, 'A primer on using mathematics to understand COVID-19 dynamics: Modeling, analysis and simulations', *Infect Dis Model*, vol. 6, pp. 148–168, 2021.
- [18] N. Inayah, M. Manaqib, and M. F. Fadillah, 'Mathematics Model of COVID-19 with Two-Stage Vaccination, Symptomatic, Asymptomatic, and Quarantine Individuals', *CAUCHY: Jurnal Matematika Murni dan Aplikasi*, vol. 7, no. 3, pp. 370–383, Oct. 2022, doi: 10.18860/ca.v7i3.15188.
- [19] Kementrian Kesehatan, 'Vaksinasi COVID-19 Nasional', [https : //vaksin.kemkes.go.id/#/vaccines](https://vaksin.kemkes.go.id/#/vaccines).
- [20] S. Zhao et al., 'Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019-nCoV) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak', *International Journal of Infectious Diseases*, vol. 92, pp. 214–217, 2020, doi: 10.1016/j.ijid.2020.01.050.
- [21] F. Ndairou, I. Area, J. J. Nieto, and D. F. M. Torres, 'Mathematical modeling of COVID-19 transmission dynamics with a case study of Wuhan', *Chaos Solitons Fractals*, vol. 135, p. 109846, 2020.
- [22] C.-C. Zhu and J. Zhu, 'Dynamic analysis of a delayed COVID-19 epidemic with home quarantine in temporal-spatial heterogeneous via global exponential attractor method', *Chaos Solitons Fractals*, vol. 143, p. 110546, 2021.
- [23] R. Resmawan and L. Yahya, 'Sensitifty Analysis of Mathematical Model of Coronavirus Disease (COVID-19) Transmission', *Cauchy*, vol. 6, no. 2, p. 91, 2020, doi: 10.18860/ca.v6i2.9165.